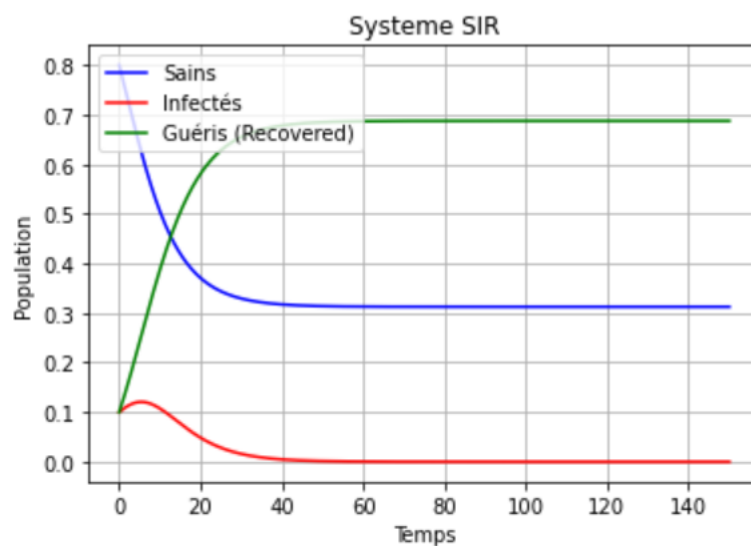


# ***Rapport ARE VIRAL***



***Prof. Sidi Mahmoud***

***KABER***

***Groupe G2***

***ScFo 21.5***

***Etudiants:***

***Campan Ina***

***Danila Catalina***

***Kiraly Dorka***

## Sommaire

<b>Chapitre I. INTRODUCTION.....</b>	<b>3</b>
<i>Une courte histoire des épidémies .....</i>	<i>3</i>
<i>Les infections humaines .....</i>	<i>6</i>
 <b>Chapitre II. LE MODÈLE SIR.....</b>	 <b>9</b>
<i>Les outils mathématiques .....</i>	<i>9</i>
<i>Modélisation. Outils informatiques .....</i>	<i>11</i>
<i>Exemples applications .....</i>	<i>13</i>
 <b>Chapitre III. LE MODÈLE SEIR.....</b>	 <b>14</b>
<i>Les outils mathématiques .....</i>	<i>14</i>
<i>Exemples applications .....</i>	<i>16</i>
 <b>Chapitre IV. CONCLUSION .....</b>	 <b>17</b>
 <b>Chapitre V. BIBLIOGRAPHIE.....</b>	 <b>19</b>

## Chapitre I. INTRODUCTION

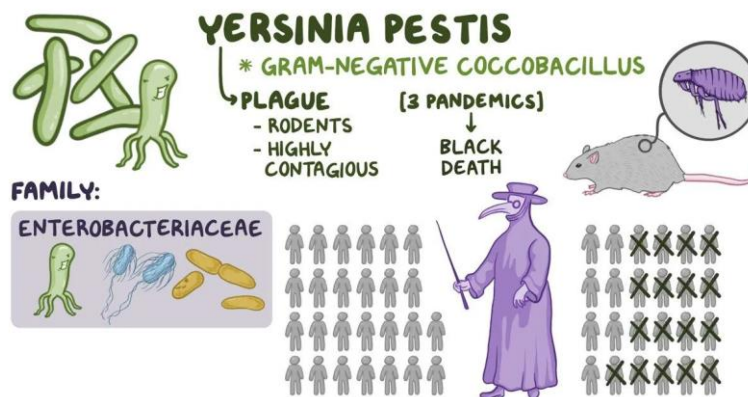
### Une courte histoire des épidémies

#### A. La peste noire

L'origine de la peste est considérée comme étant probablement de l'Asie, d'où la pandémie pouvait s'étendre vers l'Europe, par les voies commerciales et dans des navires de commerce vers 1346.

Médecin, bactériologiste et explorateur franco-suisse Alexandre Yersin a découvert en 1894 le bacille de la peste appelé *Yersinia pestis*.

Cette bactérie était transportée par les puces proliférant sur les rats et autres petits rongeurs.



En effet, ces parasites ont fait apparaître de nouvelles bactéries dans le corps humain qui provoquent d'abord l'élargissement des ganglions lymphatiques du cou, de l'aîne et des aisselles, puis dans la circulation sanguine menant à une septicémie.

Il y avait plusieurs modes de contamination comme une infection pouvait être causée par voie aérienne lors de l'inhalation ou par la manipulation des corps de personnes décédées. Les symptômes de la peste bubonique comprenaient un assombrissement de la peau dû à un manque d'oxygène, de sorte qu'on a commencé à appeler la maladie la mort noire.

Les symptômes les plus fréquents étaient aussi la faiblesse, une forte fièvre, des muqueuses sanglantes et des douleurs thoraciques.



Pour le traitement de cette maladie, les médecins de la peste prescrivent ce que l'on croyait être des concoctions protectrices et des antidotes contre la peste, se faisaient témoins testamentaires et pratiquaient des autopsies. En outre, ils portaient un costume très particulier : ils se couvraient de la tête aux pieds avec un masque doté d'un long bec d'oiseau rempli d'herbes et de parfums. On attribue l'invention de ce costume à Charles de Lorme, un médecin français.

En outre, avec l'isolation et le confinement, le nombre des infections pouvaient être réduit avant l'apparition des antibiotiques.

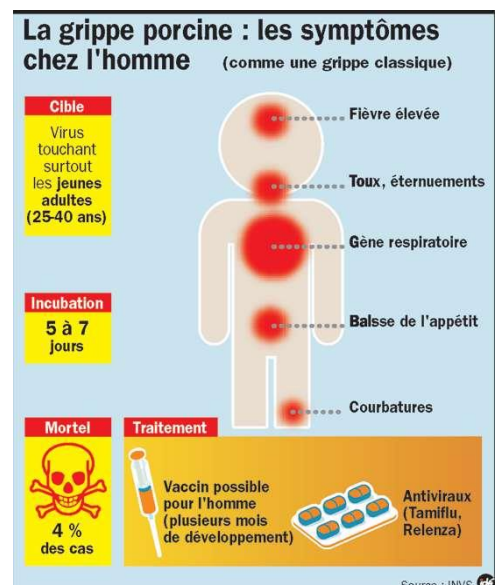
Par conséquent, cette pandémie a fait 25 millions de victimes humaines sur une population totale d'environ 75 millions d'habitants, et a causé la mort d'un tiers des Européens.



### **B. La grippe porcine**

La grippe porcine est une maladie respiratoire provoquée par un virus grippal infectant les cochons. Elle est courante chez les porcs, avec une estimation de 25 % des animaux atteints à l'échelle mondiale, avec un taux de morbidité élevé, mais celui de mortalité assez faible. La grippe se caractérise par les symptômes de type rhume comme : un pic de fièvre, de la toux, la perte d'appétit et une respiration difficile guérit spontanément en 7 à 10 jours.

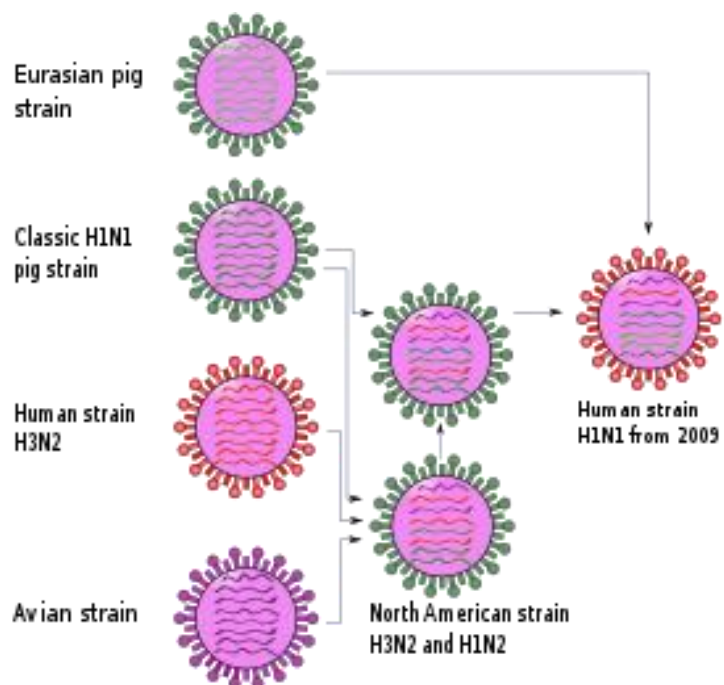
~ 4 ~



La grippe porcine a provoqué plusieurs épidémies à travers les années:

- 1918 : pandémie humaine (La grippe de 1918 chez les humains a été associée au virus de la grippe A (H1N1) et la grippe est aussi apparue chez les porcs).
- 1976 : épidémie de grippe aux États-Unis
- 1988 : zoonose (En septembre 1988, un virus de grippe porcine a tué une femme et infecté plusieurs personnes.)
- 1998 : épidémie de grippe porcine aux États-Unis
- 2007 : épidémie de grippe chez les porcs aux Philippines
- 2009 : épidémie chez les humains

La grippe porcine est due à des virus grippaux, virus à ARN appartenant à la famille des Orthomyxoviridae endémiques des porcs, au genre Alpha Influenzavirus et au sous-type H1N1 ou H3N2 le plus souvent. Les espèces affectées sont le porc, l'homme et rarement, chez les oiseaux, comme la sauvagine par exemple. Après que les sources et transmission de l'infection sont le virus qui est excrété dans le milieu extérieur par les malades ou porteurs du virus sous forme d'aérosols, ou dans les sécrétions nasales ou trachéobronchiques. Le virus peut aussi être transmis de façon indirecte par les véhicules, le lisier, les trottoirs etc.



L'Organisation mondiale de la santé, tient depuis la détection du virus un décompte des décès imputables, de manière confirmée, au moins en partie à la grippe A H1N1. Celui-ci s'élevait le 4 juin 2010, à 18 138 morts. Cependant, les tests qui mènent à ces confirmations ne sont pas menés de façon systématique. L'afflux de ces confirmations varie donc d'un pays à l'autre et d'une période à l'autre et peuvent conduire à une sous-estimation significative du nombre de cas réels. Les estimations du nombre total de morts tombent généralement dans les marges des morts des gripes saisonnières (250 000 - 500 000 morts toute souches confondues).

Une estimation publiée en juin 2012 fait état de 280 000 morts : 201 200 morts de causes respiratoires et 83 300 de causes cardiovasculaires pendant la première année.



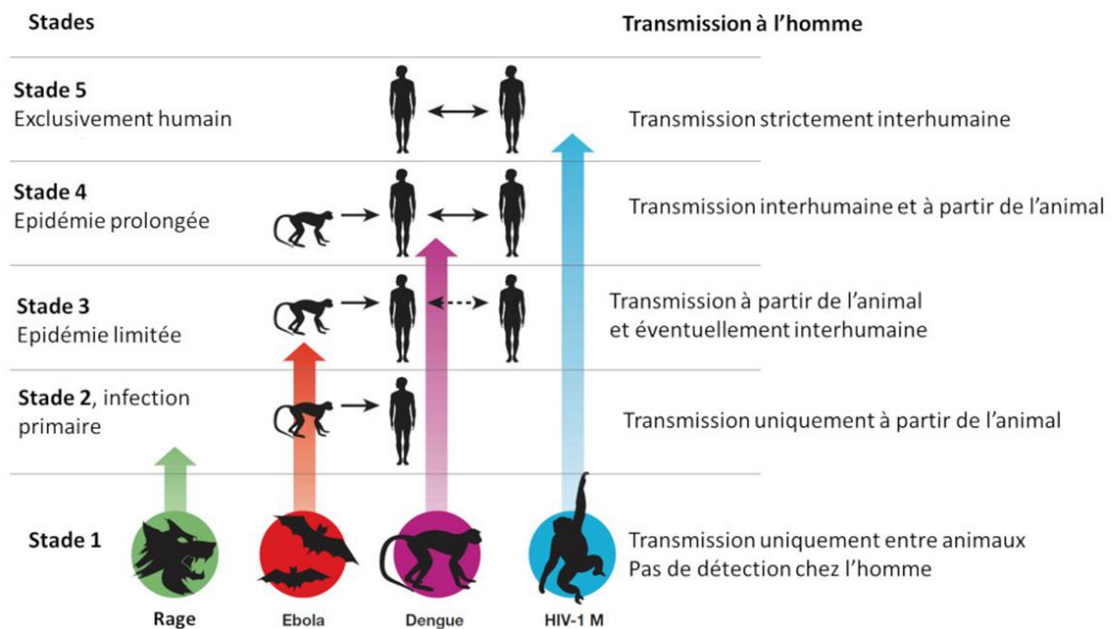
## Chapitre I. INTRODUCTION

### Les infections humaines

En termes simples, une maladie infectieuse signifie l'invasion d'un ou plusieurs micro-organismes ou agent infectieux dans le corps humain, qui ensuite se multiplient dans un tissu, suivie de la réaction de l'organisme pour guérir. Les principaux agents infectieux sont classés dans : les virus, les bactéries, les parasites, les champignons ou encore les protozoaires.

En ce qui concerne le classement des maladies, on peut identifier les types suivants: **ORL** (oto-rhino-laryngologie) – par exemple, l'otite –, **respiratoires** – avec la pneumonie –, **de la peau** – candidose –, **digestives** – E. coli –, **sexuellement transmissibles** – VIH.

Dans la figure suivante, on peut remarquer un graphe avec 4 types de maladie et leur évolution, concernant la propagation parmi la population.



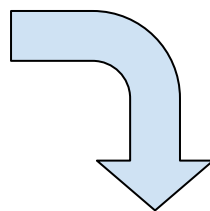
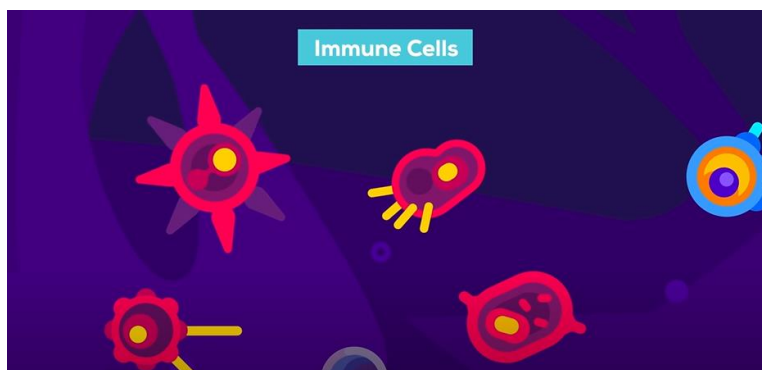
Pour ce rapport, un intérêt particulier est mené sur le stade 4 – celui d'une épidémie. Dans la première section, on a vu des détails sur deux épidémies qui ont marqué l'histoire récente et assez récente. D'un point de vue scientifique, si une maladie s'étend rapidement à une part importante de la planète, on parle alors de pandémie. Une différence importante est qu'une épidémie n'est qu'une pandémie « en devenir » : elle se limite à une région géographique très particulière.



Revenant au niveau cellulaire, les virus sont de types, en fonction de la nature du génome: ADN ou ARN. Les virus doivent pénétrer dans une cellule pour l'infecter afin de se répliquer et donc survivre.

Quand un virus se réplique chez l'homme, son organisme réagit car il identifie les molécules du virus comme

étrangères. Une bonne réponse immunitaire n'est pas garantie, selon la nature du virus. [10] Dans quelques images, on veut la dynamique de la multiplication.



Passage aux  
cellules infectées



Brièvement, par rapport aux traitements préventifs, on retrouve les gestes « barrières » (se laver les mains, conserver une distance, rester à la maison au moindre symptôme etc.), se faire tester/dépister, se vacciner si possible.

Les traitements appliqués aux malades, selon leurs situations, sont les antibiothérapies (qui a permis de vaincre les maladies infectieuses jusqu'à l'apparition des bactéries multi-résistantes), les phagothérapies (dans les épidémies de peste et de choléra), ou encore les antirétroviraux (pour le VIH).

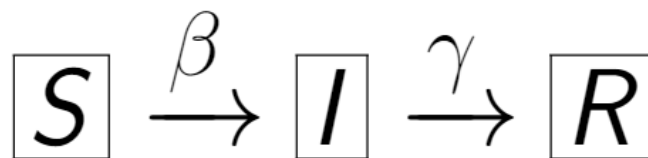


## Chapitre II. LE MODÈLE SIR

### Les outils mathématiques

Le modèle SIR est un modèle classique de transmission de maladies au sein d'une population. Il peut être modifié pour tenir compte de plusieurs dynamiques démographiques importantes, telles que le taux de mortalité, l'immigration ou le taux de natalité, le rétablissement et l'immunité - mais même le modèle le plus élémentaire a de puissantes applications en santé publique.

Le modèle SIR divise les individus de la population en divers états possibles appelés compartiments : les individus sensibles à la maladie (S), les individus infectés (I) et les individus retirés ou rétablis (R). La classe retirée compte les individus qui ne sont pas infectés et non sensibles ; en d'autres termes, des individus immunisés / mis en quarantaine.



Ici,  $\beta$  représente le *taux de transmission*, c'est-à-dire le taux de personnes saines qui deviennent infectées et  $\gamma$  le *taux de guérison*.

La relation fondamentale du modèle SIR est la suivante :

$$N = S(t) + I(t) + R(t)$$

où  $N$  est la taille totale de la population, considérée comme constante ;  $S(t)$  est la taille de la population sensible ;  $I(t)$  est la taille de la population infectée ; et  $R(t)$  est la taille de la population retirée.

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = -\beta SI \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I \end{array} \right.$$

- $dS/dt$  : taux de variation de la susceptibilité par rapport au temps
- $dI/dt$  : taux de variation des infectés par rapport au temps
- $dR/dt$  : taux de variation des retirés par rapport au temps

On doit également fixer des conditions initiales.

On définit le temps 0 comme le moment où l'épidémie potentielle commence. Après on suppose que le nombre d'individus susceptibles et d'individus infectés sont supérieurs à zéro; sinon, la propagation de la maladie ne serait pas possible. Si on suppose que personne n'est immunisée au départ, on peut définir la valeur de la population 'supprimée' égale à 0 au temps 0:

$$S(0)=S_0 >0, \quad I(0)=I_0 >0, \quad R(0)=0$$

En connaissant les valeurs des paramètres, on peut voir si l'infection se propage et le nombre maximum d'individus qu'on estime être infectés.

La question qu'on doit poser pour étudier une maladie c'est toujours ce qui va se passer en temps long? L'épidémie va-t-elle s'éteindre ou s'étendre?

À l'aide des outils mathématiques et informatiques on peut analyser comment on peut passer d'un compartiment de l'autre et après déduire les conclusions.

## Chapitre II. LE MODÈLE SIR

### Modélisation. Outils informatiques

Pour mieux comprendre le sujet de recherche, le logiciel utilisé a été Jupyter Notebook, avec le langage de programmation Python. Le système SIR a été premièrement étudié sur une population constante à tout moment.

Dans un premier cas, on regarde les paramètres (en pourcentage de population):

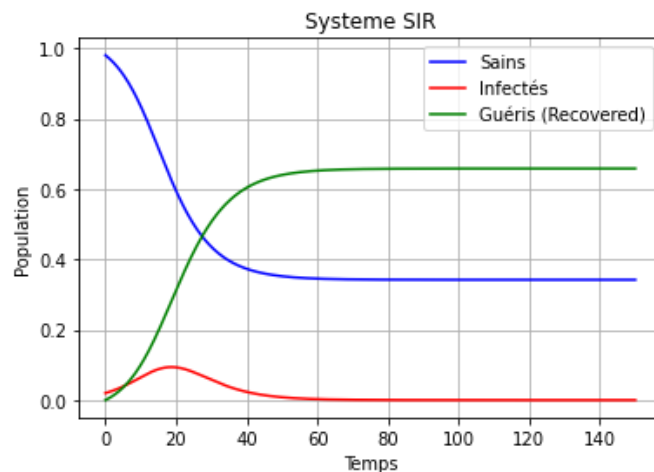
$$S = 0.98$$

$$I = 0.2$$

$$R = 0$$

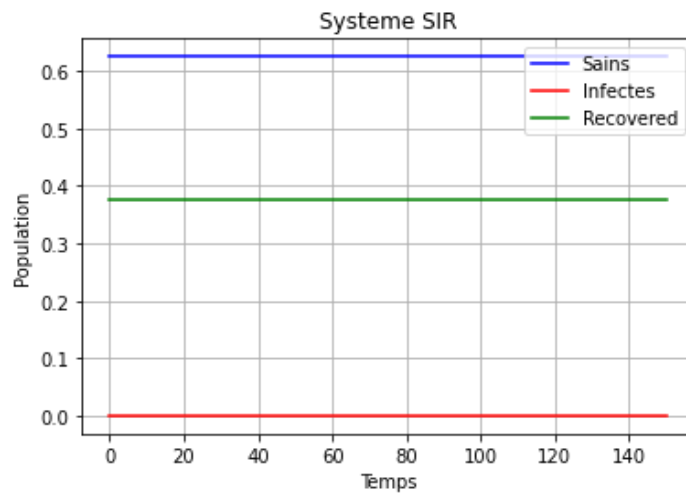
$$\alpha = 0.4 \text{ et } \beta = 0.25$$

Due au fait que  $S$  à l'instant initial est plus grand que le rapport des paramètres, on a malheureusement le développement d'une épidémie:



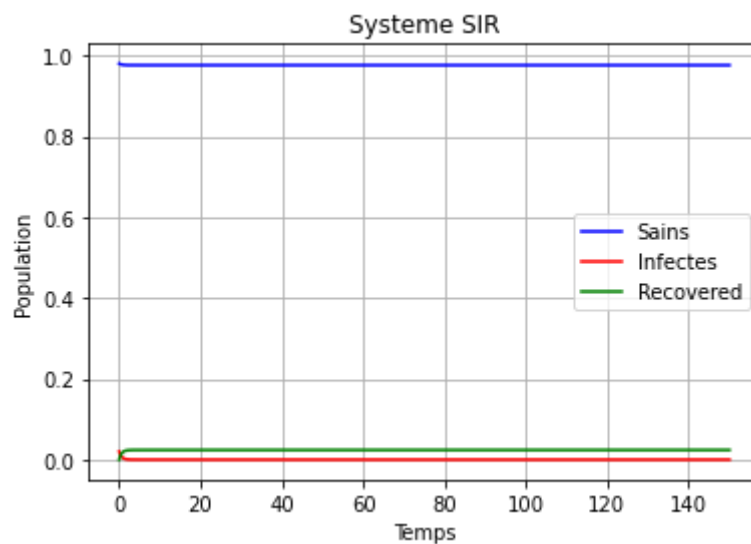
En ce qui concerne les points d'équilibre,  $S$  va tendre vers le rapport entre  $\beta$  et  $\alpha$ , aussi appelé l'inverse de  $R_0$ , et  $I$  va tendre vers 0.

On peut visualiser dans le graphe suivant les courbes "d'équilibre", gardant toujours les mêmes paramètres  $\alpha$  et  $\beta$ .



Le deuxième cas va concerner un indice  $R$  plus grand que la proportion des personnes saines à l'instant initial. Ici, la pandémie va s'atteindre.

Pour  $\alpha = \frac{1}{3}$  et  $\beta = 2$ , en gardant les proportions de la population:



Pour une approche plus réaliste, des paramètres qui décrivent la dynamique de la population (taux de naissance ou mortalité) puissent être ajoutés. Dans ce cas, le nombre total de la population n'est plus constant.

## Chapitre II. LE MODÈLE SIR

### Exemples applications

Après avoir étudié le modèle SIR d'un point de vue informatique et mathématique, on voulait voir quelques exemples concrets d'utilisation de ce modèle. On a utilisé les sources qu'on a découvert au cours de la recherche documentaire, plus précisément les sites web Primo de SU, Web of Science, MathSciNet etc.

Ainsi, on a trouvé un article concernant l'épidémie la plus récente - COVID-19 en Cameroun, où le modèle SIR est utilisé sur une recherche économique(1) et un article en anglais sur le virus Ebola nommée "Un modèle mathématique du virus Ebola basé sur le modèle SIR"(2):

1. D. Kemajou Njatang, « Impact économique de la COVID-19 au Cameroun: Les résultats du modèle SIR-macro », *African Development Review*, vol. 33, n° S1, p. S126-S138, 2021, doi: [10.1111/1467-8268.12516](https://doi.org/10.1111/1467-8268.12516).

L'objectif de cet article est d'analyser l'impact économique de la pandémie de COVID-19 au Cameroun. Ici sont utilisées deux extensions du modèle SIR-macro, qui est une combinaison entre le modèle d'épidémiologie SIR et le modèle des Cycles Réels (RBC), afin de prendre en compte les décisions économiques des personnes non-infectées, infectées et guéries de la maladie comme facteurs explicatifs de la propagation de la pandémie.

2. Chen, W. A Mathematical Model of Ebola Virus Based on SIR Model. in *Industrial Information Integration 2015 International Conference on Industrial Informatics - Computing Technology, Intelligent Technology* 213–216 (2015). doi:[10.1109/ICIICII.2015.135](https://doi.org/10.1109/ICIICII.2015.135).

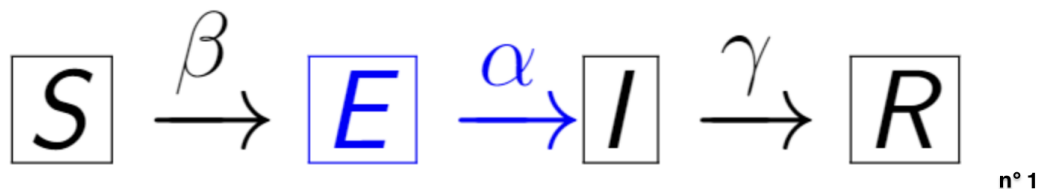
Le virus Ebola peut provoquer une maladie grave, c'est une maladie infectieuse mortelle sans traitement et populaire en Afrique de l'Ouest comme la Guinée, la Sierra Leone et le Libéria. Dans cet article, le modèle épidémique SIR est utilisé pour décrire la tendance de la propagation d'Ebola et pour effectuer l'analyse de la propagation. Les résultats s'avèrent utiles et efficaces pour contrôler les influences de la propagation d'Ebola.

## Chapitre III. LE MODÈLE SEIR

### Les outils mathématiques

Le modèle SEIR est un modèle régi par quatre équations différentielles du 1er ordre (image n°2) et est un peu plus élaboré que le modèle SIR, parce qu'il prend en compte trois hypothèses de plus, la démographie de la population en particulier.

La population totale  $N(t)$  évolue au cours du temps  $t$ .



Ces équations sont composées de 4 populations liées en elles (image n°1):

**S** : personnes saines (susceptible)

**E** : personnes exposées non infectieuses (exposed), qui ne sont pas contagieuses

**I** : personnes infectées (infected)

**R** : personnes retirées (removed), guéries

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t)I(t) \\ \frac{dE(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) - \alpha E(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = \alpha E(t) - \gamma I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t) \end{array} \right.$$

n°2

La relation  $S + E + I + R = 1$  est la population totale considérée, qui évolue au cours du temps.

–  $\beta$  représente le taux de transmission, (le taux de personnes saines qui deviennent infectées)

–  $\alpha$  est le taux d'incubation

–  $\gamma$  représente le taux de guérison, (le taux de personnes infectées qui deviennent retirées).

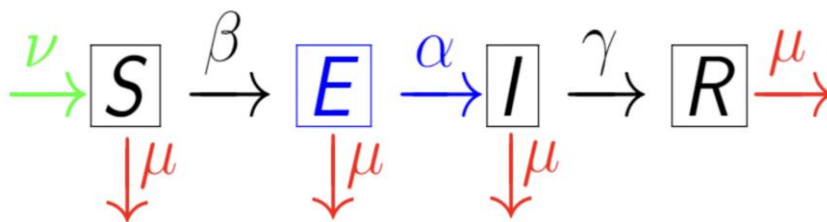


Ainsi, on a le taux de natalité  $\nu$  de la population. Les personnes sont supposées naître saines, on ajoute alors un terme  $\nu N(t)$  à la première ligne, comme en image n°3.



$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t)I(t) + \nu N(t) \\ \frac{dE(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) - \alpha E(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = \alpha E(t) - \gamma I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t) \end{cases}$$

n°3

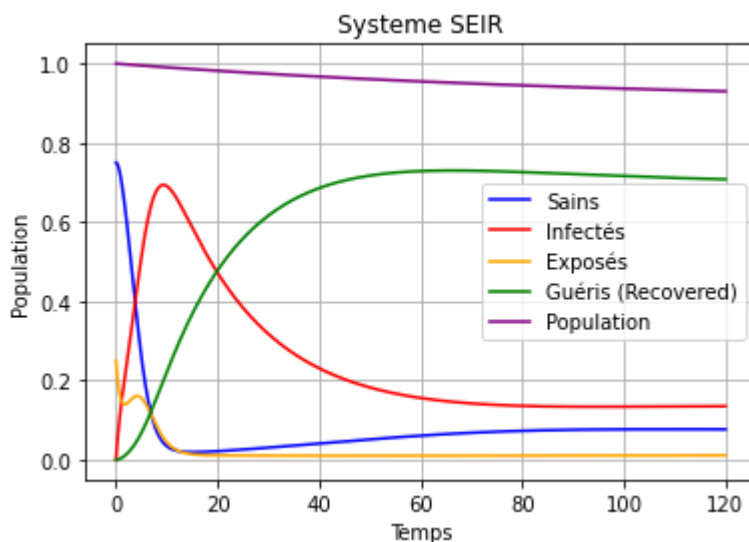


$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t)I(t) + \nu N(t) - \mu S(t) \\ \frac{dE(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) - \alpha E(t) - \mu E(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = \alpha E(t) - \gamma I(t) - \mu I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t) - \mu R(t) \end{cases}$$

n°4

De plus, on peut ajouter le taux de mortalité  $\mu$  de la population. C'est-à-dire qu'une personne pouvant décéder quel que soit son état (S, E, I ou R) et de cause non liée avec l'épidémie, on retire donc ces personnes de chaque ligne (soit  $-\mu S(t)$ , soit

$-\mu E(t)$ , soit  $-\mu I(t)$ , soit  $-\mu R(t)$  selon la sous-population considérée) pour obtenir les équations de l'image n°4.



Les paramètres utilisés pour cet exemple sont :

- $\nu = 0.009$
- $\mu = 0.01$
- $\alpha = 0.75$
- $\beta = 0.8$
- $\gamma = 0.05$
- proportions

initiales : 75% Sains et 25% Exposés

## Chapitre III. LE MODÈLE SEIR

### Exemples applications

Pour le modèle SEIR, on a cherché différents articles pour montrer comment on peut appliquer ces outils mathématiques et informatiques au quotidien. Les sources qu'on a utilisées se trouvent sur le moteur de recherche académique Google Scholar.

1. Wintachai, Phitchayapak, and Kiattisak Prathom. 'Stability Analysis of SEIR Model Related to Efficiency of Vaccines for COVID-19 Situation'. *Heliyon*, vol. 7, no. 4, Apr. 2021, p. e06812. *ScienceDirect*, <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2021.e06812>.

Cet article vise à formuler et analyser une modélisation mathématique du modèle SEIR, pour le COVID-19 avec les principaux paramètres de taux de vaccination, efficacité des vaccins prophylactiques et thérapeutiques. La stabilité globale et locale du modèle est étudiée ainsi que la simulation numérique. La stabilité locale des points d'équilibre est classée et une fonction est construite pour analyser la stabilité globale de l'équilibre sans maladie basée sur deux situations, les États-Unis et l'Inde.

2. Franco, Nicolas. 'COVID-19 Belgium: Extended SEIR-QD Model with Nursing Homes and Long-Term Scenarios-Based Forecasts'. *Epidemics*, vol. 37, Dec. 2021, p. 100490. *ScienceDirect*, <https://doi.org/10.1016/j.epidem.2021.100490>.

Dans cet article, on peut voir la modélisation de l'évolution de COVID-19 en Belgique avec un modèle compartimental par rapport à l'âge. Ce modèle accorde une attention particulière aux maisons de retraite qui sont représentées comme des entités distinctes de la population.

Suite à la propagation de la pandémie de COVID-19 et la mise en place des vaccinations, plusieurs interventions non pharmaceutiques telles que le confinement, la quarantaine et des mesures de distanciation physique ont été imposées afin de réduire la transmission de la maladie. Les modèles mathématiques sont des outils importants pour estimer l'impact de ces interventions, pour suivre l'évolution actuelle de l'épidémie au niveau national et pour estimer les conséquences potentielles à long terme d'un assouplissement des mesures.

## ***Chapitre IV. CONCLUSION***

### **Ina Campan:**

Les ateliers ARE ont constitué pour moi une opportunité de mieux connaître les enjeux du monde actuel. C'est la diversité des projets proposés qui m'a étonné, l'ARE Viral étant mon choix suite à l'approche des deux disciplines qui m'attirait le plus: l'analyse et la programmation "interactive", visuelle - ici, avec Python. J'ai appris comment lier des notions avancées des deux disciplines et surtout comment démarrer mes propres recherches, en utilisant les ressources vastes de l'université.

En définitive, l'étude des épidémies reste un grand défi pour l'humanité, afin de mieux prévenir dans l'avenir des situations comme celle de la propagation du Covid-19. Tenant compte des enjeux climatiques récents, il reste toujours le risque de la réapparition d'une nouvelle épidémie, mais, ayant les connaissances nécessaires, des méthodes plus efficaces peuvent être appliquées pour y faire face.

En ce qui me concerne, un but final après un Bac+8 est de travailler dans la recherche, d'où le choix d'un cours ARE a été vraiment utile.

### **Catalina Danila:**

De nos jours et depuis des siècles les épidémies ont décimé des populations entières. Donc, il est devenu nécessaire pour l'homme de pouvoir maîtriser la propagation de ces virus.

Les séances d'ARE Viral m'ont appris les modalités mathématiques et informatiques d'analyser une épidémie en détails qui est un aspect assez inconnu dans le traitement des épidémies. Avec l'aide de notre professeur d'ARE, j'ai découvert que ces deux disciplines pouvaient jouer un rôle aussi important que la médecine dans l'éradication d'un virus.

De plus, l'ensemble des ateliers ARE m'a attiré par leur diversité: recherche documentaire, cours, TP, parce qu'on a appris beaucoup de choses pour pouvoir faire en général un recherche scientifique.

En résumé, pour moi, l'assimilation des nouvelles connaissances de la part d'ARE était plus facile en faisant des projets et des recherches documentaires et aussi très utile pour ma formation professionnelle. Maintenant, ayant les connaissances reçues dans le cadre de cet UE, je sais que je suis plus prête en cas d'apparition d'une nouvelle épidémie, que j'étais en 2019 quand l'épidémie de COVID-19 a commencé.

**Dorka Kiraly:**

J'ai choisi l'ARE Viral dans le but d'approfondir mes connaissances mathématiques et informatiques. D'après moi c'était toujours intéressant de suivre les événements d'aujourd'hui et avec les séances de cet atelier, j'ai obtenu une meilleure compréhension par exemple de la situation de Covid-19.

Ce cours m'a donné la possibilité d'approcher les enjeux de l'actualité d'un point de vue complètement différent qu'avant. L'analyse des divers modèles épidémiques, le traitement des données avec Python m'ont permis de visualiser les solutions. Ce fait m'a beaucoup motivé comme j'aime voir les applications des outils mathématiques dans la vie quotidienne.

En plus, j'ai trouvé tellement utile la recherche documentaire pour mes futures études comme je voudrais travailler dans le monde scientifique et l'usage correct des sources est indispensable pour les projets appropriés.

Enfin je pense que les exercices ont été très bénéfiques pour les autres matières et j'ai particulièrement aimé faire des devoirs en groupe également.

## **Chapitre V. BIBLIOGRAPHIE**

### **Introduction:**

<https://www.geo.fr/histoire/la- peste-noire-histoire-dune-epidemie-meurtriere-204081>  
<https://sante.lefigaro.fr/sante/maladie/peste/quel-mode-contamination>  
<https://www.canada.ca/fr/sante-publique/services/maladies/peste/symptomes-peste.html>  
<https://www.nationalgeographic.fr/sciences/2020/03/pourquoi-les-medecins-de-la-peste-portaient-ils-ces-droles-de-masques>  
<https://fr.wikipedia.org/wiki/Flagellant>  
<https://www.oie.int/fr/maladie/grippe-porcine>  
<https://www.futura-sciences.com/sante/definitions/medecine-grippe-5420/>  
<https://www.encyclopedie-environnement.org/sante/pandemies-virales-ere-moderne/>  
<https://www.youtube.com/watch?v=BtN-goy9VOY>  
<https://www.encyclopedie-environnement.org/sante/pandemies-virales-ere-moderne/>

### **Modèle SIR:**

[http://web.simmons.edu/~grigorya/390/projects/Charlotte-Kaitlin\\_Epidemics.pdf](http://web.simmons.edu/~grigorya/390/projects/Charlotte-Kaitlin_Epidemics.pdf)  
<http://images.math.cnrs.fr/Modelisation-d-une-epidemie-partie-1.html?lang=fr>  
[https://sorbonne-universite.primo.exlibrisgroup.com/discovery/search?vid=33BSU\\_INST:33BSU](https://sorbonne-universite.primo.exlibrisgroup.com/discovery/search?vid=33BSU_INST:33BSU)  
<https://www.webofscience.com/wos/woscc/full-record/WOS:000361749700131>

### **Modèle SEIR:**

<http://images.math.cnrs.fr/Modelisation-d-une-epidemie-partie-2.html?lang=fr>  
<https://www.passeurdinformations.fr/calculs.htm>