



CentraleSupélec

PROJET DE MODÉLISATION

GROUPE 195

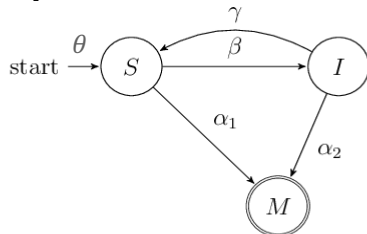
Modélisation de la propagation d'une épidémie (sujet du groupe 197)

Travail à partir de la référence bibliographique « **Modéliser la propagation d'une épidémie** » de Hugo Falconet et Antoine Jego sous la direction d'Amandine Veber et Vincent Calvez

Modélisation à état continu

Modèle SIS à 2 compartiments

Description du modèle



$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= \theta N - \alpha_1 S - \frac{\beta}{N} SI + \gamma I \\ \frac{dI}{dt} &= \frac{\beta}{N} SI - \gamma I - \alpha_2 I \end{aligned}$$

Le modèle présenté dans le document est le **modèle simplifié SIS** : les équation et l'automate ci-dessus décrivent succinctement une version légèrement modifiée que nous avons décidé d'étudier dans un souci de réalisme (choix de α_1 , α_2 et θ de manière indépendante).

Analyse du modèle

Il s'agit d'un système de 2 EDO à 2 inconnues non linéaires : le théorème de

Cauchy-Lipschitz appliqué à $\begin{pmatrix} S \\ I \end{pmatrix} \in [1, +\infty[^2 \mapsto \begin{pmatrix} (\theta + \gamma)I + (\theta - \alpha_1)S - \frac{\beta}{S+I}SI \\ \frac{\beta}{S+I}SI - (\gamma + \alpha_2)I \end{pmatrix}$ de

classe C^∞ fournit l'existence d'une **unique solution** sur \mathbb{R}_+^2 avec (S_0, I_0) fixés. Cette solution n'est cependant **pas exprimable analytiquement** et il faut se référer à des simulations pour des calculs en tout généralité.

Hypothèse simplificatrice

Supposons que l'épidémie n'affecte pas le taux de mortalité, d'où $\alpha_1 = \alpha_2$ (maladie bénigne). On a alors $\frac{dN}{dt} = (\theta - \alpha)N$ et $\frac{dI}{dt} = K_1 I - K_2 e^{K_3 t} I^2$, puis, par changement de variable, on obtient $I(t) = \frac{I_0(K_1 + K_3)e^{K_1 t}}{I_0 K_2 (e^{(K_1 + K_3)t} - 1) + K_1 + K_3}$:

$I(t)$	$K_1 + K_3 > 0$ (1) $I(t) \sim \frac{K_1 + K_3}{K_2} e^{-K_3 t}$	$K_1 + K_3 < 0$ (2) $I(t) \sim \frac{I_0(K_1 + K_3)}{K_1 + K_3 - I_0 K_2} e^{K_1 t}$
(2) $K_1 > 0$ (1) $K_3 > 0$		
(2) $K_1 = 0$ (1) $K_3 = 0$		
(2) $K_1 < 0$ (1) $K_3 < 0$		

Notations

S : individus sains
I : individus infectés
M : individus morts
N : population totale (**I** + **S**)

α : taux de mortalité (α_1 si l'individu est sain, α_2 sinon)
 θ : taux de natalité
 β : taux de contact
 γ : taux de guérison

$(S_0, I_0) \in [1, +\infty[^2$: conditions initiales fixées

R_0 : nombre d'infections moyen dues à un individu malade

$$K_1 = \beta - \gamma - \alpha$$

$$K_2 = \frac{\beta}{(S_0 + I_0)}$$

$$K_3 = \alpha - \theta$$

Les allures de $I(t)$ sont obtenues à l'aide d'une calculatrice graphique avec des paramètres arbitraires vérifiant les contraintes (les résultats du simulateur, plus généraux, sont présentés dans les prochaines sections)

Modélisation à état continu

Exploitation et complexification du modèle

Une étude de stabilité (hypothèse simplificatrice)

$$\text{Points d'équilibre : } K_1 I - K_2 I^2 = 0 \Rightarrow \begin{cases} I = 0 \\ \text{ou} \\ I = \frac{K_1}{K_2} \end{cases}$$

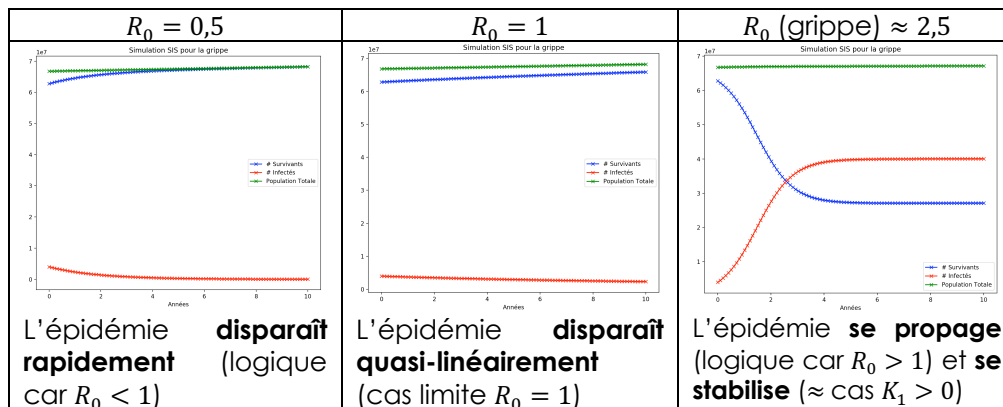
$$\text{Système linéarisé autour de } I_{\text{eq}} \in \left\{0, \frac{K_1}{K_2}\right\} : \frac{d\tilde{I}}{dt} = (K_1 - 2K_2 I_{\text{eq}})\tilde{I}$$

Stabilité des points d'équilibre :

- $Sp\left(J_{I \rightarrow K_1 I - K_2 I^2}(0)\right) = \{K_1\}$ et $Sp\left(J_{I \rightarrow K_1 I - K_2 I^2}\left(\frac{K_1}{K_2}\right)\right) = \{-K_1\}$
- Si $K_1 > 0$, **0 est instable** alors que $\frac{K_1}{K_2}$ **est exponentiellement stable** et les résultats inverses sont vrais si $K_1 < 0$ (l'épidémie disparaît si les décès et les guérisons dépassent la propagation et se stabilise sinon).

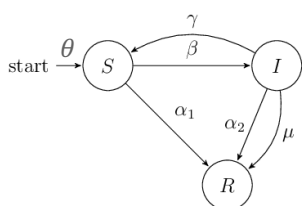
Exploitation en fonction de R_0

- Période moyenne d'infection : $\int_0^\infty u(t)dt$ avec $u(t)$ le nombre d'individus infectés à l'origine et l'étant encore à l'instant t . On a alors $\frac{du}{dt} = -(\gamma + \alpha_2)u$ d'après l'automate donc $\int_0^\infty u(t)dt = \frac{1}{\gamma + \alpha_2}$.
- Résultats du simulateur



Les résultats obtenus sont en adéquation avec l'intuition que l'on a de R_0 et sont **cohérents** avec le modèle établi. Comment cela se fait-il que la grippe ne se stabilise pas en réalité ? **Immunités, tranches d'âge et variations de $\gamma(t)$.**

Le modèle SIR



Notons qu'il existe un modèle à **3 compartiments** plus élaboré que le modèle SIS précédent (R contenant les individus ayant acquis une immunité, les individus isolés ou décédés). Les équations demeurent les mêmes mais à présent **on compte R** dans le calcul de la population totale, ce qui complexifie les calculs et les simulations.

Notations

Afin de pouvoir effectuer des calculs à la main, on supposera $\alpha = \theta$, ie $K_3 = 0$ (modèle SIS simple du document) pour l'étude de stabilité, ce qui permet d'obtenir une matrice indépendante du temps et d'appliquer le théorème de Lyapunov

$R_0 = \frac{\beta}{\gamma + \alpha_2}$ car un individu en infecte β par unité de temps et que la période d'infection est de $\frac{1}{\gamma + \alpha_2}$

Les valeurs utilisées dans les simulations sont issues des statistiques françaises (Wikipédia en 2017) :

$$\begin{aligned} \alpha_1 &= 0,0091 \\ \alpha_2 &\approx 0,003125 \text{ (grippe)} \\ \theta &= 0,0113 \\ \gamma &\approx 1 - \alpha_2 \\ S_0 + I_0 &= 66,77 \times 10^6 \\ I_0 &\approx 4 \times 10^6 \end{aligned}$$

...

Modélisation à événements discrets

Définition formelle et premiers résultats

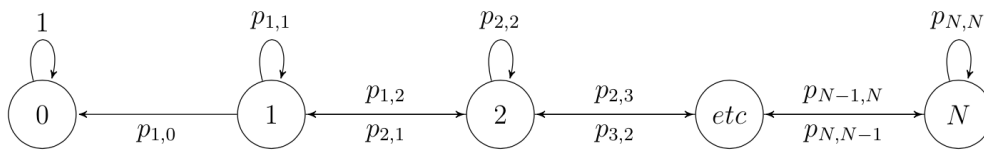
Le modèle probabiliste

Modéliser la propagation d'une épidémie d'un **point de vue probabiliste** est plus judicieux puisque les transitions ne sont **pas systématiques** et que des **effets de hasard** peuvent apparaître dans les petites populations. On utilise alors des chaînes de Markov et des probabilités discrètes :

$$\mathbb{P}(I_{n+1} = j \mid I_n = i) = \begin{cases} \begin{array}{ll} \text{Guérison et mort} & 0, \quad \text{si } j \in \mathbb{N} \setminus \{i-1, i, i+1\} \\ \text{Infection} & (\alpha + \gamma)i\Delta_t, \quad \text{si } j = i-1 \\ & \frac{\beta i(N-i)}{N}\Delta_t, \quad \text{si } j = i+1 \end{array} \\ 1 - \left(\frac{\beta i(N-i)}{N} + (\alpha + \gamma)i \right) \Delta_t, \quad \text{si } j = i \end{cases}$$

Système complet

On peut enfin visualiser les différentes transitions sous forme de **l'automate probabiliste** suivant (visualisation classique d'un chaîne de Markov) :



où $p_{i,j}$ est égal à $\mathbb{P}(I_{n+1} = j \mid I_n = i)$

Quelques résultats

L'exploitation du modèle discret n'étant pas exigée, nous indiquons simplement, à titre culturel, des **résultats provenant du document source** permettant de montrer le parallèle entre les cas continus et discrets :

$$R_0 < 1 \Rightarrow \lim_{N \rightarrow \infty} \tau = \frac{-\ln(1-R_0)}{\beta\Delta_t} \quad (\text{l'épidémie se stabilise p.s.})$$

$$R_0 = 1 \Rightarrow \tau \sim \frac{\ln(N)}{2\beta\Delta_t} \quad (\text{cas limite})$$

$$R_0 > 1 \Rightarrow \tau \sim \frac{\sqrt{2\pi R_0^N} e^{-(1-\frac{1}{R_0})N}}{(1-\frac{1}{R_0})\sqrt{N}\beta\Delta_t}$$

(l'épidémie n'est **jamais éradiquée**, **croissance exponentielle** de τ)

Notations

...

On reviendra dans cette section au modèle simplifié proposé dans le document dans un souci de clarté ($\alpha_1 = \alpha_2 = \theta$)

Δ_t : pas de temps (> 0)

$t_n = n\Delta_t$

I_n : nombre d'individus infectés à l'instant t_n

$T = \inf\{n \geq 0 \mid I_n = 0\}$: instant auquel l'épidémie est éradiquée

$\tau = \mathbb{E}(T \mid I_0 = 1)$

...

Quitte à diminuer Δ_t , on pourra le choisir assez petit pour qu'au plus un individu change d'état en un intervalle de temps et de sorte à respecter l'appartenance des probabilités à $[0,1]$