

Simulation of the spread of COVID-19 in 2020

June 1, 2024

Elaboré par: Nour Sfar

1 Introduction

A- Contexte :

Plusieurs modèles mathématiques existent pour simuler la propagation d'une épidémie dans une population tels que: le modèle SIS, le modèle SIR et le modèle SEIR ect...

Ces modèles prennent en compte divers facteurs tels que la contagiosité de la maladie, le taux de vaccination, les mesures de contrôle et la structure de la population.

B- Cas d'utilisation :

Les modèles de propagation d'épidémie sont utilisés à diverses fins, notamment : - Prédire l'évolution d'une épidémie en cours - Évaluer l'efficacité de différentes interventions de santé publique - Identifier les populations les plus à risque - Planifier les ressources et les infrastructures sanitaires - Développer des stratégies de communication et de sensibilisation

C- Importance des modèles :

Les modèles de propagation d'épidémie sont des outils essentiels pour comprendre et maîtriser les maladies infectieuses, ils permettent aux décideurs de prendre des décisions éclairées fondées sur des données et des simulations. En améliorant notre compréhension de la dynamique des épidémies, nous pouvons mieux nous préparer à les affronter et à protéger la santé publique.

D- Objectif :

Nous entreprenons une simulation des données relatives à la propagation du virus Covid-19 pour l'année 2020 en utilisant les équations du modèle SIR . Par la suite, nous comparons ces données simulées avec les données empiriques en utilisant l'estimation de Monte Carlo.

2 Modélisation

2.1 Importation des bibliothèques nécessaires

```
[5]: import pandas as pd
import numpy as np
from scipy.integrate import odeint

import plotly.graph_objects as go
```

2.2 Définition du modèle SIR stochastique

Le modèle SIR est un modèle épidémiologique simple mais puissant utilisé pour étudier la propagation des maladies infectieuses dans une population. Il divise la population en trois compartiments :

1. **Susceptibles (S)** : Ce groupe représente les individus qui peuvent contracter la maladie s'ils entrent en contact avec des individus infectés. Au début d'une épidémie, la plupart des individus sont dans cette catégorie car ils n'ont pas encore été exposés au pathogène.
2. **Infectés (I)** : Ce groupe comprend les individus infectés qui peuvent transmettre la maladie aux individus susceptibles avec lesquels ils entrent en contact. Au fil du temps, le nombre d'individus infectés augmente puis diminue à mesure qu'ils guérissent ou décèdent.
3. **Rétablis (R)** : Ce groupe représente les individus qui ont été infectés et se sont rétablis. Ils ne peuvent pas être infectés à nouveau (dans la plupart des cas) et ne peuvent plus transmettre la maladie.

Le modèle SIR repose sur un ensemble d'équations différentielles ordinaires qui décrivent les taux de changement des populations dans chaque compartiment en fonction des taux de transmission et de récupération de la maladie. Les paramètres clés du modèle comprennent le taux de transmission β et le taux de récupération γ .

Ce modèle est souvent utilisé pour estimer l'évolution temporelle de l'épidémie, prédire le nombre total d'infections, et évaluer l'efficacité des interventions de santé publique telles que la vaccination ou la distanciation sociale.

Soit $S(t)$, $I(t)$, et $R(t)$ les nombres de personnes dans les compartiments Susceptibles, Infectés, et Rétablis respectivement, à un moment t .

Les équations différentielles qui décrivent l'évolution des populations dans chaque compartiment sont les suivantes :

1. **Taux de changement des Susceptibles $S(t)$:**

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \cdot \frac{S(t) \cdot I(t)}{N}$$

2. **Taux de changement des Infectés $I(t)$:**

$$\frac{dI}{dt} = \beta \cdot \frac{S(t) \cdot I(t)}{N} - \gamma \cdot I(t)$$

3. **Taux de changement des Rétablis $R(t)$:**

$$\frac{dR}{dt} = \gamma \cdot I(t)$$

où : - $N = S(t) + I(t) + R(t)$ est la taille totale de la population constante. - β est le taux de transmission de la maladie, défini comme le nombre moyen de contacts par personne par unité de temps, multiplié par la probabilité de transmission lors d'un contact entre un individu infecté et un individu susceptible. - γ est le taux de guérison ou le taux de récupération de la maladie, représentant le taux auquel les individus infectés se rétablissent ou meurent. - Les équations

différentielles décrivent les taux de changement des populations dans chaque compartiment en fonction des interactions entre les différents groupes de population.

Ces équations peuvent être résolues numériquement pour estimer l'évolution de l'épidémie dans le temps, en utilisant des conditions initiales appropriées pour $S(0)$, $I(0)$, et $R(0)$. Les résultats peuvent être utilisés pour prédire la propagation de la maladie et évaluer l'efficacité des interventions de santé publique.

```
[6]: def SIR_model(N, beta, gamma, initial_infected):  
    # Initialisation des compartiments  
    S = N - initial_infected  
    I = initial_infected  
    R = 0  
  
    # Listes pour enregistrer les résultats  
    S_list = [S]  
    I_list = [I]  
    R_list = [R]  
  
    # Temps total de simulation  
    total_time = 187  
    dt = 1 # Pas de temps  
  
    # Boucle de simulation  
    for t in np.arange(0, total_time, dt):  
        # Calcul des taux de changement  
        infection_rate = beta * I * S / N  
        recovery_rate = gamma * I  
  
        # Mise à jour des compartiments  
        dS = -infection_rate * dt  
        dI = (infection_rate - recovery_rate) * dt  
        dR = recovery_rate * dt  
  
        S += dS  
        I += dI  
        R += dR  
  
        # Enregistrer les résultats  
        S_list.append(S)  
        I_list.append(I)  
        R_list.append(R)  
  
    return S_list, I_list, R_list
```

2.3 Test

```
[7]: #beta et gamma et initial_infected en 22/01/2020 (données fournis par le WHO)
beta, gamma, confirmed= 0.35, 0.1, 555

# Appeler la fonction SIR_model et assigner les valeurs de retour
S, I, R = SIR_model(7820000000, beta, gamma, confirmed)

# Define the time points
start_date = "2020-01-22"
end_date = "2020-07-27"
num_days = pd.date_range(start=start_date, end=end_date)
t = np.arange(0, len(num_days), 1)

# Tracer les résultats
fig = go.Figure()

fig.add_trace(go.Scatter(x=t, y=S, mode='lines', name='Susceptibles',
    ↪line=dict(color='blue', width=2)))
fig.add_trace(go.Scatter(x=t, y=I, mode='lines', name='Infectés',
    ↪line=dict(color='red', width=2)))
fig.add_trace(go.Scatter(x=t, y=R, mode='lines', name='Récupérés',
    ↪line=dict(color='green', width=2)))

fig.update_layout(
    xaxis=dict(title='Temps (jours)'),
    yaxis=dict(title='Nombre de personnes'),
    title="Modèle SIR de la propagation d'une maladie",
    showlegend=True,

    paper_bgcolor='white', # Dark paper color
    font=dict(color='black') # Font color
)

fig.show()
```

2.4 Comparaison avec des données réelles :

2.4.1 Implémentation de la méthode de simulation Monte Carlo

```
[8]: def MC_estim(y, level=0.95):
    delta = np.mean(y)
    s2 = np.var(y) / (len(y)-1) # Variance empirique
    e_delta = np.percentile(np.random.normal(0, 1, 10000), 100 * (1 + level) /
    ↪2) * np.sqrt(s2)

    # Retourne un DataFrame avec les valeurs demandées
```

```

    return {'value': delta, 'var': s2, 'IC.inf': delta - e_delta, 'IC.sup':
    ↪ delta + e_delta, 'level': level}

```

2.4.2 Importation des données :

```
[9]: df= pd.read_csv("day_wise.csv")
```

```
[10]: test=df.copy()
```

```
[11]: test.columns
```

```
[11]: Index(['Date', 'Confirmed', 'Deaths', 'Recovered', 'Active', 'New cases',
           'New deaths', 'New recovered', 'Deaths / 100 Cases',
           'Recovered / 100 Cases', 'Deaths / 100 Recovered', 'No. of countries'],
          dtype='object')
```

```
[12]: test=test.drop(columns=['Active','New cases','New deaths', 'New recovered',
    ↪ 'Deaths / 100 Cases','Recovered / 100 Cases', 'Deaths / 100 Recovered', 'No.
    ↪ of countries'])
```

S : Susceptible (= Population - Confirmed)

I : Infected (=Confirmed - Recovered - Fatal)

R : Recovered or Fatal (= Recovered + Fatal)

```
[13]: test
```

```
[13]:
```

	Date	Confirmed	Deaths	Recovered
0	2020-01-22	555	17	28
1	2020-01-23	654	18	30
2	2020-01-24	941	26	36
3	2020-01-25	1434	42	39
4	2020-01-26	2118	56	52
..
183	2020-07-23	15510481	633506	8710969
184	2020-07-24	15791645	639650	8939705
185	2020-07-25	16047190	644517	9158743
186	2020-07-26	16251796	648621	9293464
187	2020-07-27	16480485	654036	9468087

[188 rows x 4 columns]

2.4.3 Comparaison :

```
[14]: N_reel=7820000000 #population du monde en 2020
C_r=test['Confirmed'].sum()
R_r=test['Recovered'].sum()
F_r=test['Deaths'].sum()
```

```
S_reel= N_reel - C_r
I_reel= C_r - R_r - F_r
R_reel= R_r + F_r
```

```
[15]: S_estim=MC_estim(S)
print("Valeur reel de S:", S_reel)
print("Estimation de S:", S_estim['value'])
print("Intervalle de confiance: [", S_estim['IC.inf'], " ; ", S_estim['IC.
↪sup'], " ]")
```

Valeur reel de S: 6991491518
 Estimation de S: 3171394286.485011
 Intervalle de confiance: [2680910517.2758183 ; 3661878055.694204]

```
[16]: R_estim=MC_estim(R)
print("Valeur reel de S:", R_reel)
print("Estimation de S:", R_estim['value'])
print("Intervalle de confiance: [", R_estim['IC.inf'], " ; ", R_estim['IC.
↪sup'], " ]")
```

Valeur reel de S: 431793132
 Estimation de S: 4244561645.158933
 Intervalle de confiance: [3759887357.289896 ; 4729235933.02797]

```
[17]: I_estim=MC_estim(I)
print("Valeur reel de S:", I_reel)
print("Estimation de S:", I_estim['value'])
print("Intervalle de confiance: [", I_estim['IC.inf'], " ; ", I_estim['IC.
↪sup'], " ]")
```

Valeur reel de S: 396715350
 Estimation de S: 404044068.35605574
 Intervalle de confiance: [294348589.2072055 ; 513739547.504906]

3 Conclusion

Les résultats des données simulées montrent une certaine divergence par rapport aux données empiriques, ce qui est cohérent étant donné que le modèle SIR est moins sophistiqué que d'autres modèles. Néanmoins, ces résultats demeurent très intéressants et pourraient être améliorés en intégrant d'autres paramètres significatifs à l'aide de modèles plus complexes.

4 Bibliographie

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7321055/>
<https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019>