



REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE
MINISTRE DE L'ENSEIGNEMENT SUPERIEUR ET DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE

UNIVERSITE ABOU-BEKR BELKAID - TLEMCCEN

MEMOIRE

Présenté à :

FACULTE DES SCIENCES – DEPARTEMENT DE PHYSIQUE

Pour l'obtention du diplôme de :

MASTER EN PHYSIQUE

Spécialité : Physique Computationnelle

Par :

Mr BENDI OUIS NOUR EL ISLEM

Sur le thème :

Modèle Compartmental de Prédiction d'une épidémie entre deux groupes d'individus

Soutenu publiquement le 29 juin 2021 à Tlemcen devant le jury composé de :

MERAD	Abdelkrim	Professeur	Université de Tlemcen	Président
SENOUDI	Assia Rachida	Maitre de Conférences A	Université de Tlemcen	Encadrant
BABA AHMED	Nassim	Maitre de Conférences A	Université de Tlemcen	Examineur

Année Universitaire : 2020 ~ 2021

Remerciements

En premier lieu, je tiens à remercier profondément mon encadreur Dr SENOUDI Assia Rachida qui ma guidé tout au long de cette étude; je tiens à exprimer ma reconnaissance pour son soutien, les encouragements et pour les discussions constructives qu'elle m'a apporté; j'ai réellement apprécié de travailler à ses cotés.

J'adresse aussi mes remerciements à toute l'équipe de formation du Master Physique computationnelle notamment Monsieur Abdelhak Chikhaoui, monsieur Mohammed Reda Boufatah et Monsieur Nabil Brahmi.

Je tiens également à remercier les enseignants qui ont accepté de participer à mon jury de mémoire de Master Computationnelle:

Le Professeur Abdel Elkrim MERAD pour m'avoir fait l'honneur de présider ce jury ainsi que pour le temps qu'il a bien voulu m'accorder, qu'il trouve ici toute ma reconnaissance.

J'adresse mes plus sincères remerciements au Dr Nassim BABA AHMED d'avoir bien voulu être l'examineur de ce travail, qu'il sache aussi toute ma reconnaissance.

Enfin, je réserve des remerciements très particuliers à mes parents, ma famille et mes amis en leur exprimant ici toute ma gratitude pour leurs soutiens sans limites, sans lesquels ce travail n'aurait pu être réalisé.

Je remercie aussi mes camarades qui ont contribué de façon directe ou indirecte dans la réussite de ce travail.

A tous, Merci ...

Sommaire

Chapitre I : Modèles mathématiques pour la dynamique d'évolution d'une épidémie.....	1
Introduction du chapitre 1	2
I. Généralités.....	2
I.1. Définition d'une épidémie.....	2
I.2. Histoire des épidémies.....	3
II. Avantages de la modélisation prédictive.....	8
III. Quelques modèles mathématiques de prédiction	9
III.1 Modèles déterministes:.....	9
III.1.1 Modèle bi-compartimental : (Susceptibles, Infectives)	10
III.1.2 Modèle SI stochastique: (Susceptibles, Infectives).....	12
III.1.3 L'estimation du nombre de reproduction (R0) :.....	14
III.1.4 Modèle SIS (Susceptibles, Infectives, Susceptibles) :.....	14
III.1.5 Modèle simple SIR (Susceptibles, Infectives, Recovered).....	16
III.1.6. Modèle simple SIR étendu	17
III.2 Modèles Stochastiques individus-centrés	19
Conclusion du chapitre 1.....	19
Chapitre II: Méthode de résolution, schéma numérique de Runge Kutta	20
Introduction du chapitre 2	21
I. Méthode de résolution numérique.....	21
I.1. Algorithme de Runge Kutta d'ordre 4	21
I.2. Principe de la méthode :.....	21
I.3. Principe de la programmation numérique :.....	22
I.4. Algorithme numérique RK4 :.....	22
II. Code Python.....	23
Conclusion du chapitre 2.....	26
Chapitre II: Résultats de la simulation numérique et interprétations	27
Introduction du chapitre 3	28
I. Données liées au modèle SIR.....	29
I.1. Taux d'infection et taux de rétablissement	29
II. Résultats numériques.....	30
Conclusion du chapitre 3.....	36

Introduction générale

Les maladies infectieuses (contagieuses) est un sujet qui a été toujours préoccupant, vue l'augmentation des résistances bactériennes et l'apparition de nouveaux pathogènes. Le monde a connu plusieurs types d'épidémie, notamment le choléra qui a fait plus de 100000 morts par an, la grippe espagnole, la grippe asiatique Les maladies infectieuses sont la cause d'environ 25% des décès dans le monde.

Ces deux dernières années ont vu la pandémie du Covid-19 qui a fait des victimes dans plusieurs coins du monde malgré la nette amélioration dans les conditions dans le domaine de la santé et l'existence de traitements efficaces.

Une menace comme celle-ci fait que la préparation pour un tel scénario est nécessaire, de plus il n'est pas possible de faire des expériences pour connaître la dynamique d'évolution d'une contagion ; d'où la modélisation mathématique théorique prédictive.

Il faut rappeler que la conception de modèles mathématiques est assez ancienne, en 1760 le mathématicien Daniel Bernoulli a tenté de modéliser les effets de la variole sur un groupe de population afin de minimiser le taux de mortalité (1 personne sur 10 était décédée suite à la variole) [5].

Depuis la contribution de Daniel Bernoulli, différentes approches ont été utilisées pour développer des modèles mathématiques déterministes ou stochastiques en épidémiologie.

En 1906, W.H.Hamar a pour la première fois développé *le modèle compartimental SI* (susceptibles, infectés), un modèle mathématique déterministe décrivant la dynamique d'une transmission entre deux populations : infectés et susceptibles d'être infectés [13]. En 1920, le premier modèle mathématique déterministe avec notions *stochastiques* a été développé par deux chercheurs Lowell Reed et Wade Frost, il est connu sous le nom du « modèle Reed-Frost ». En 1927 à Londres, à l'université de Cambridge, deux chercheurs Kermarck et McKendrick, en appliquant les idées de Ross et pour la première fois les deux modèles SIR (susceptibles, infectés, retirés) et SIS (susceptibles, infectés, susceptibles) ont été présentés pour expliquer l'évolution de l'épidémie la peste [13]. La dernière décennie a vu se développer une nouvelle pour modéliser la propagation de maladies infectieuses dans des populations: l'épidémiologie par réseaux de contacts.

Ce mémoire a pour objectif d'introduire les concepts mathématiques relatifs aux modèles compartimentaux qui décrivent la propagation d'une épidémie et de résoudre le système d'équations différentielles couplées dont les inconnues sont les populations d'individus infectés, susceptibles d'être infectés et retirés. La méthode de résolution utilisée dans ce travail est l'algorithme de Runge Kutta d'ordre 4 convergent et précis.

D'une manière générale, le mémoire est composé de trois chapitres:

Chapitre 1, où on introduit les notions de base des modèles compartimentaux et le système d'équations différentielles couplées qui les accompagne pour décrire la dynamique d'une épidémie. Nous décrivons les modèles SI, SIS et SIR, pour lesquels la transmission est modélisée avec la notion de probabilité de contact entre individus.

Chapitre 2 contient l'explication du principe de résolution numérique avec le schéma de Runge Kutta d'ordre 4 et nous donnons le code python que nous avons réalisé.

Chapitre 3 contient les résultats de la simulation numérique obtenus sous formes de courbes et les interprétations.

Annexe : Code python, analyse des données du Covid 19 en utilisant le module pandas.

Chapitre I : Modèles mathématiques pour la dynamique d'évolution d'une épidémie

Introduction du chapitre 1

Dans ce chapitre 1, nous allons donner des généralités sur l'épidémie et les avantages de la prédiction dans la décision de protection sanitaire.

Ensuite, nous présentons une série de modèles mathématiques trouvés dans la littérature décrivant la dynamique de propagation d'une épidémie en fonction du temps ; Parmi eux on cite les modèles compartimentaux déterministes et déterministes stochastiques. Nous expliquons comment modéliser les flux de connections entre compartiments, en particulier le processus de transmission ou infection.

Pour chaque modèle exposé dans ce chapitre, nous établissons le système d'équations différentiel couplé non linéaire, ayant comme inconnues : la population saine (nombre d'individus susceptibles d'être infectés) et la population infectée.

I. Généralités

I.1. Définition d'une épidémie

Une épidémie représente l'apparition et la propagation d'une maladie infectieuse qui atteint un grand nombre de personnes au même temps et au même endroit, le plus souvent par contagion [1].

Le terme épidémie correspond à la maladie qui affecte les êtres humains, pour les animaux le terme est épizootie. Si la maladie se propage rapidement sur une grande partie de la planète, on parle alors de **pandémie**.

L'épidémie possède deux caractéristiques typiques [1]:

- Patient zéro : c'est le terme qui désigne la première personne touchée par un agent pathogène (c'est-à-dire un Virus ou une bactérie).
- Seuil épidémique : il se définit comme le nombre de nouveau cas sur une période, valeur à partir de laquelle on peut considérer qu'une épidémie est toujours en cours.

I.2. Histoire des épidémies

Depuis les temps anciens, plus que les guerres, des maladies d'origine souvent inconnue, ont frappé des populations et ont causé des morts en espace de quelques mois voir quelque jour, déclenchant une peur face à un mal inconnu. On cite dans le tableau I.1 quelques cas d'épidémie.

Tableau I.1 : Cas d'épidémie et Pandémie dans la terre [2]

Type d'épidémie	Foyer	période	mortalité (nombre)
La peste noire	Eurasie et Afrique du nord	1347-1352	25 millions
La grippe espagnole	États-Unis	1918-1919	entre 30 et 50 millions
Le choléra	Afrique centrale	1832-1854	Entre 21 milles à 143 milles décès chaque année
Le sida	Kinshasa République démocratique du Congo.	1981- aujourd'hui	38 millions
Le Covid-19	Wuhan-Chine	2019- aujourd'hui	3.55 millions (juin 2021)

La pandémie dû au Covid 19 qui dure jusqu'à nos jours a causé un bouleversement sur tout les niveaux : social, santé, économique etc... Voici quelques tableaux indicatifs sur les chiffres relatifs au Covid19. Période Août 2020 [3].

Tableau I.2: Situation épidémiologique dans le Monde de la Covid 19 selon les continents au 31 Août 2020

Continents	Nbre total	Décès
Afrique	1246 185	29586
Amériques	13 396 652	467 767
Europe	3 633 633	208 959
Asie	6 944 778	139 870
Océanie	29 390	652

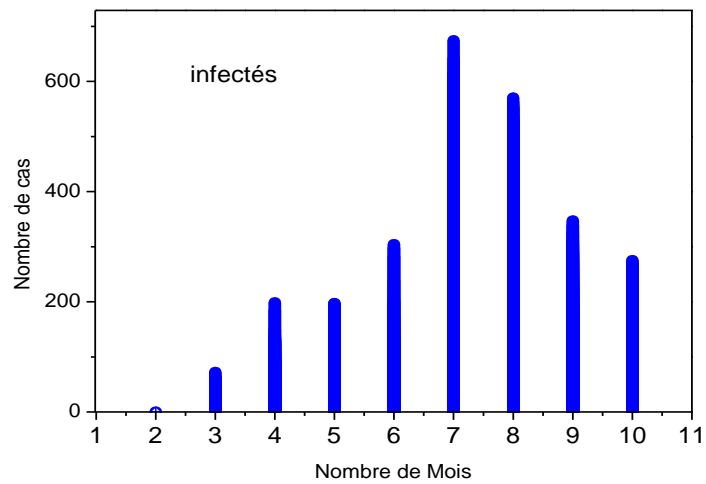
Tableau I.3: Situation épidémiologique des pays du Maghreb et frontaliers avec l'Algérie – Au 31 Août 2020

Continents	Nbre total infectés	Décès
Maroc	61 399	1 111
Tunisie	3 685	76
Niger	1 176	69
Mauritanie	7 022	159
Egypte	98 727	5 399
Mali	2 773	126
Libye	13 423	232
Rép. Arabe Sahraouie	766	1

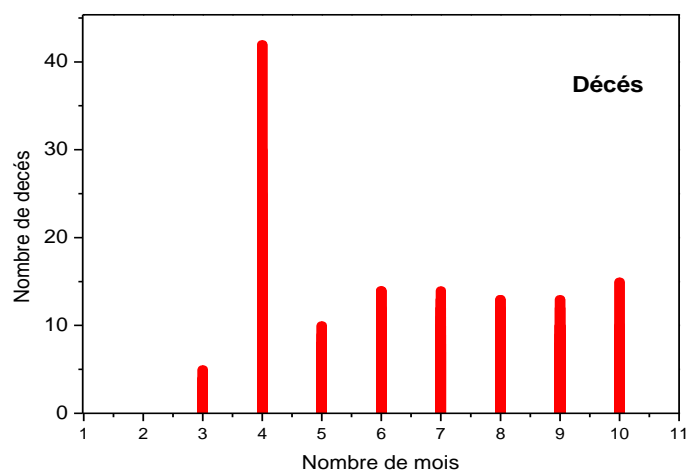
Algérie – Données au 31 Août 2020

Nombre de cas incidents	+348
Nombre de cas décédés	+9
Nombre de cas guéris	+266
<hr/>	
Nombre cumulé de de cas incidents	44 494
Nombre cumulé de cas décédés	1510
Nombre cumulé de cas guéris	31 244
Fréquence de cas guéris	70,2%

A partir des données tirées de la réf [4] et en utilisant le code python (annexe 1), nous avons tracé les graphes (Figure I.1 - Figure I.3) avec Origin8. Ces graphes représentent les quantités (infectés, décès) dans les 3 pays du Maghreb pour une période de 11 mois de l'année 2020.

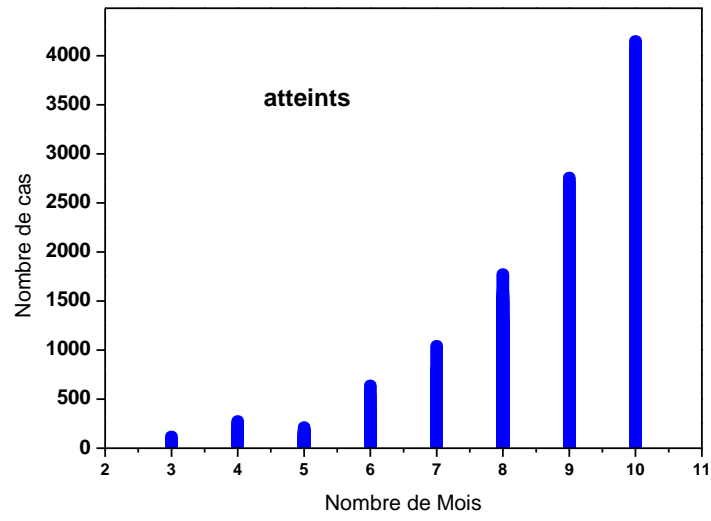


(a)

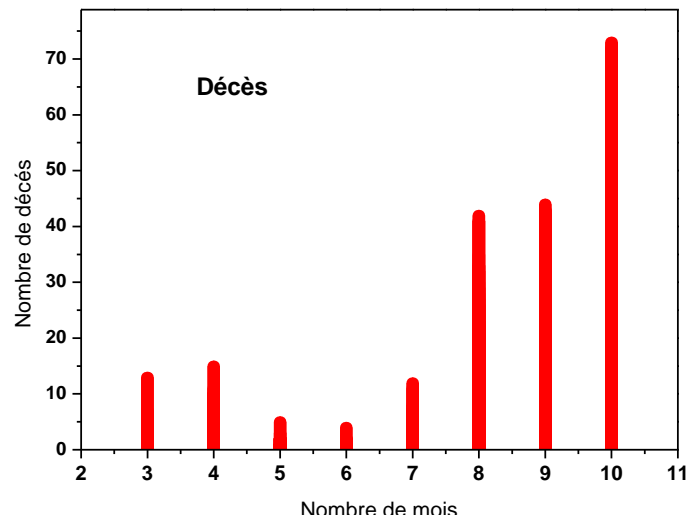


(b)

Figure I.1: Nombre de cas atteints par le Covid 19 (a) et de décès (b) en **Algérie** durant la période entre les mois de Janvier et octobre, année 2020.

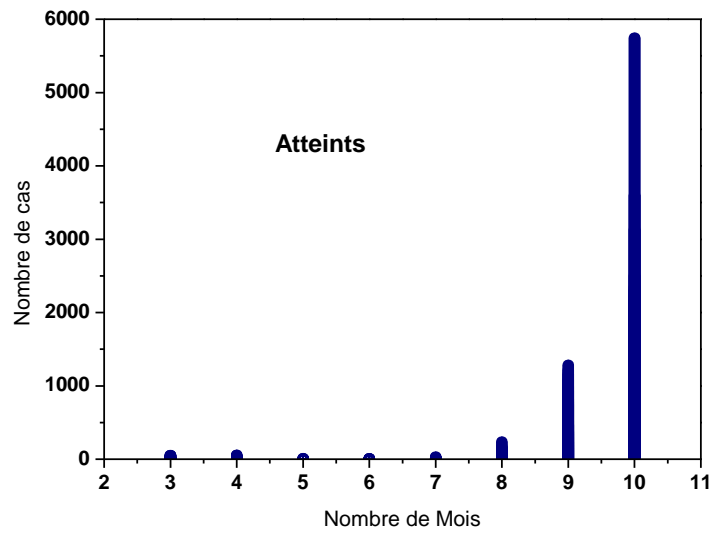


(a)

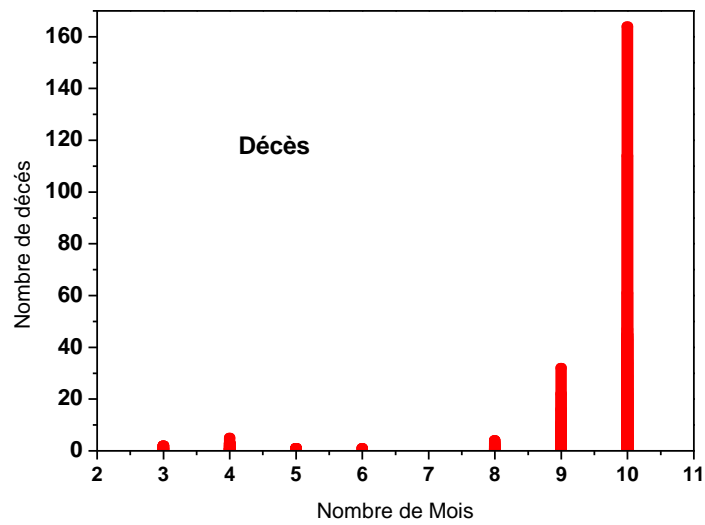


(b)

Figure I.2: Nombre de cas atteints par le covid 19 (a) et de décès (b) au **Maroc** durant la période entre les mois de mars et octobre, année 2020.



(a)



(b)

Figure I.3: Nombre de cas atteints par le covid 19 (a) et de décès (b) en **Tunisie** durant la période entre les mois de mars et octobre, année 2020.

II. Avantages de la modélisation prédictive

Les épidémies sont imprévisibles, souvent meurtrières et quelque soit l'endroit de la planète où elles surgissent, nous sommes tous potentiellement concernés.

Tous les chercheurs biologistes biochimistes et médecins dans le monde entier tentent d'anticiper pour mieux les contrer et surtout minimiser les décès qui surviennent lors d'une épidémie essentiellement mortelle.

De plus il faut noter que l'expérimentation n'est pas possible, pour cela toutes les recherches et notamment maintenant que la pandémie dure depuis plus de deux années, suivent deux axes :

- développer des modèles mathématiques de plus en plus complexes afin de prédire des scénarios hypothétiques de la propagation d'une épidémie. La validation de ces modèles reste cependant nécessaire car c'est sur elle que se base les décisions, protocole et stratégies préventives [5-8].

- Analyser les bases de données collectées par les différents organismes concernés (santé, gouvernement, ect...) en utilisant les outils statistiques [9,10].

En résumé voici les avantages de la modélisation:

- ☀ Elle permet de représenter des informations provenant du monde réel grâce à des outils mathématiques.
- ☀ Elle simplifie le réel pour le rendre compréhensible.
- ☀ Elle fournit un cadre de raisonnement formel pour l'étude de la propagation des maladies infectieuses.
- ☀ Elle permet à partir de la compréhension des épidémies passées, de décrire la dynamique en cours et de prévoir la trajectoire à venir.
- ☀ La confrontation permanente entre les modèles mathématiques et le cas réel améliore la recherche dans les maladies infectieuses en suggérant de nouvelles hypothèses à tester.
- ☀ Enfin, elle permet d'explorer des scénarios inaccessibles à l'expérience et peut ainsi éclairer la prise de décision en santé publique.

III. Quelques modèles mathématiques de prédiction

Il existe deux familles de modèles pour étudier la propagation d'une épidémie, on cite :

- modèles déterministes,
- modèles stochastiques.

III.1 Modèles déterministes

Définition :

Les modèles déterministes sont des modèles basés sur des équations mathématiques accompagnées de conditions initiales, il ne laisse place à aucun hasard pour décrire l'évolution d'un système au cours du temps. Parmi eux, on cite les modèles compartimentaux [11,12].

En général un compartiment (pool) représente un **ensemble (virtuel) homogène** d'espèces biologiques ou humaines, construit en fonction de leurs caractéristiques propres. Chaque compartiment ou boîte contient un état différent dans lequel se trouve l'espèce étudiée.

Description :

Chaque compartiment représente un unique état qui représente une grandeur appelée : « **variable d'état** ».

Dans le cas de personnes, les compartiments contiennent virtuellement les variables d'état suivantes :

- âge, profil génétique, genreetc
- ou leur état de santé (sains, infectés, susceptibles d'être infecté, contagieux, immunisés, décédés).

Echanges et Transferts entre compartiments :

Tous les compartiments décrivant le système étudié doivent être **reliés** (ou connectés) entre eux par une série de liaisons représentés schématiquement **par une ou plusieurs des flèches dans différents sens**.

Ces flèches représentent les échanges ou transferts entre les compartiments. Ces transferts peuvent être réversibles ou irréversibles.

Dans ces modèles, le temps est discret, par exemple on progresse semaine par semaine.

Variables d'état :

La dynamique de propagation est décrite par un ensemble d'équations différentielles couplées dont les grandeurs inconnues sont dans le cas d'une épidémie la quantité de population définie par soit par :

- le *nombre* d'individus dans chaque catégorie ;
- ou la *fraction* de la population appartenant aux différentes catégories.

Dans qui suit, on cite quelques modèles mathématiques déterministes.

III.1.1 Modèle bi-compartmental : (Susceptibles, Infectives)

Le modèle bi-compartmental **SI** est le premier modèle mathématique dynamique décrivant une transmission développé par W.H.Hamar en 1906 [13]. C'est un modèle simple classique qui suppose qu'il n'y a ni décès ni guérison et qu'une personne infectée restera contagieuse pour toujours. La population totale de taille N reste constante.

Ce modèle possède deux (02) compartiments à qui on associe deux variables d'états:

- $P(t)$: désignant la population ou nombre de personnes **susceptibles d'être infectés** (saines) ;
- $Q(t)$: désignant la population ou nombre de **personnes infectés**.

Ce système dynamique peut être schématisé graphiquement par un ensemble de deux boites connectées grâce à des flèches (rouge et vert) représentant les différents flux d'individus qui passent d'un compartiment vers un autre selon leur état à l'instant t . Le schéma du bi-compartmental est représenté sur la Figure I.4.

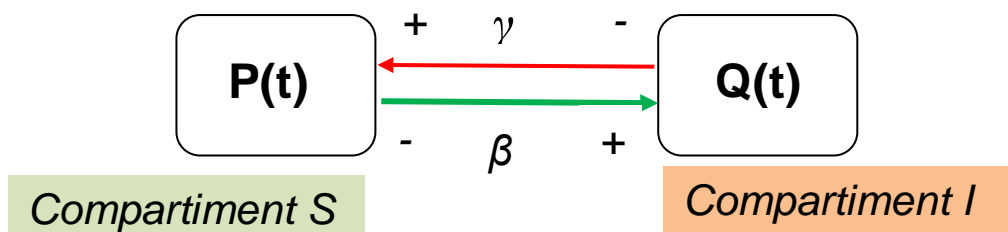


Figure I.4: Représentation schématique du bi-compartment SI.

Le compartiment S représente les individus susceptibles d'être infectés, le compartiment I représente les individus infectés.

La figure 1.4 montre le changement de statut des personnes dans un bi-compartiment, avec β et γ deux facteurs de proportionnalité liés respectivement aux variables $P(t)$ et $Q(t)$ et définissant le flux d'individus sortant ou rentrant dans le compartiment.

Hypothèse :

Le flux d'individus sortant du compartiment S (flèche verte) est proportionnel à $P(t)$ et le flux rentrant dans le compartiment S (flèche rouge) est proportionnel à $Q(t)$.

De même pour le compartiment I ; C'est le principe de conservation de la population totale.

L'évolution de l'épidémie est gouvernée par un système de deux équations différentielles ordinaires couplées, il est donné comme suit :

$$\begin{cases} \frac{dP(t)}{dt} = P'(t) = -\beta P(t) + \gamma Q(t) \\ \frac{dQ(t)}{dt} = Q'(t) = -\gamma Q(t) + \beta P(t) \end{cases} \quad (1.1)$$

La première équation différentielle gouverne l'évolution de la population saine et la seconde équation différentielle gouverne l'évolution de la population infectée.

Les équations différentielles sont établies en respectant les entrées (+) et sorties (-) au niveau des deux compartiments.

Le système d'équations doit être accompagné par des conditions initiales.

Remarque importante

Le modèle présenté précédemment est assez simpliste, et la transmission de l'infection peut être modélisée différemment et ceci en tenant compte de **la probabilité de contact** entre individus des deux compartiments.

Afin de différencier entre modèles déterministes et modèles déterministes probabilistes, nous allons changer les nominations des variables d'état, c'est dire $P(t) = S(t)$ et $Q(t) = I(t)$.

III.1.2 Modèle SI stochastique (Susceptibles, Infectives)

C'est le premier modèle mathématique déterministe *stochastique* apparu en 1920 a été développé par deux chercheurs Lowell Reed et Wade Frost, il est connu sous le nom du « modèle Reed-Frost » [14].

Ce modèle possède deux (02) compartiments à qui on associe deux variables d'états:

- $S(t)$: désignant le nombre de personnes susceptibles d'être infectées;
- $I(t)$: désignant le nombre de personnes infectés.

L'infection d'une personne susceptible se produit suite au contact entre une personne du groupe **I** (infectée) et une personne du groupe **S** (saine ou Susceptible d'être infectée).

Ce système dynamique peut être schématisé graphiquement par un ensemble de deux boîtes connectées entre eux par *une seule flèche* décrivant le processus de contamination.

Le schéma du modèle **SI** est représenté sur la Figure I.5:

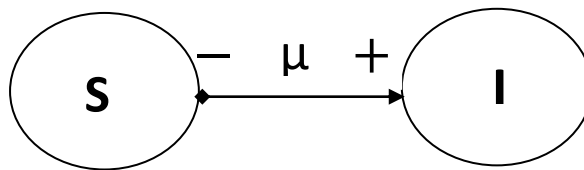


Figure I.5: Représentation schématique du modèle SI.

Le facteur μ est le **taux de contact ou** taux de transmission. Il représente aussi la probabilité avec lequel les individus des deux compartiments ont des contacts directs provoquant la transmission de la maladie. C'est un paramètre spécifique à la maladie.

Le facteur μ représente en général la vitesse à laquelle un hôte susceptible devient infecté.

Hypothèse :

Au cours d'un contact direct entre les deux types de population (S et I), une personne contaminée pourrait éventuellement infecter n'importe quelle personne saine avec la même probabilité (processus de Poisson).

Cette hypothèse implique que le nombre de contacts entre des personnes saines (S) et des personnes infectées est égal à $S(t) \times I(t)$ (voir Figure I.6).

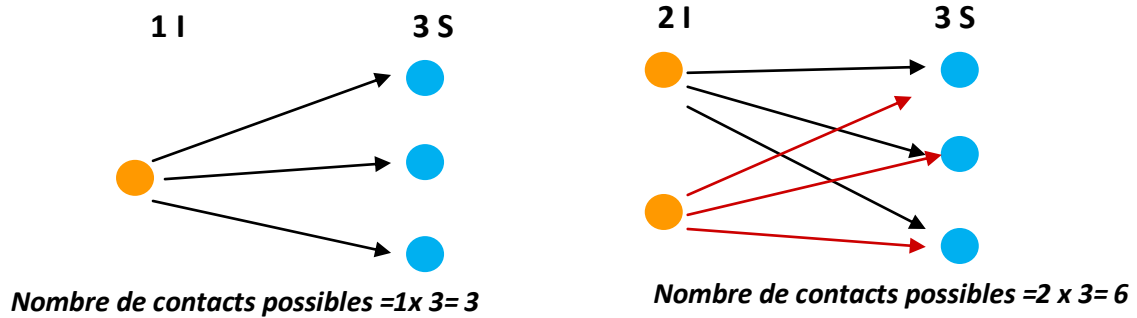


Figure I.6 : illustration du nombre de contact possible entre individus infectés et sains (Probabilité de contact identique)

Par conséquent le nombre de personnes nouvellement infectées est **proportionnel au produit du nombre d'individus contagieux (I) et du nombre de personnes saines (S)** dans un intervalle de temps dt .

Si on considère $I'(t)$ la mesure instantanée du flux allant de S vers I, le nombre de nouveaux cas atteints par l'infection pendant une durée de temps dt est donc égal à :

$$I'(t) = \mu \times I(t) \times S(t) \quad (1.2)$$

Les équations de la dynamique d'évolution de l'épidémie sont données comme suit :

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = S'(t) = -\mu \times S(t) \times I(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = I'(t) = +\mu \times I(t) \times S(t) \\ N = S(t) + I(t) = \text{constant} \end{cases} \quad (1.3)$$

Ce système doit être accompagné par des conditions initiales, c'est-à-dire les valeurs de S et I au temps initial autrement : $S(t = 0) = S_0$ et $I(t = 0) = I_0$

III.1.3 L'estimation du nombre de reproduction (R_0) :

Le nombre de reproduction notée (R_0) est défini comme le nombre moyen des cas secondaires provoqués par un individu malade. Il joue un rôle très important dans la prévision, il est donné par [15]:

$$R_0 = \mu C D \quad (1.4)$$

- μ : probabilité de transmission (taux de transmission) ;
 - C : nombre de contact /unités de temps ;
 - D : période d'infection.
- ☞ Si $R_0 > 1$, chaque personne infectée est capable d'infecter plus d'une personne, ce qui provoquera l'épidémie.
- ☞ si $R_0 < 1$ une personne infectée aura en moyenne moins d'un descendant, l'épidémie va s'éteindre.

Pour réduire le facteur R_0 , il est possible de diminuer soit :

- la probabilité de transmission à chaque « contact » μ (masques, lavage des mains)
- le nombre de « contacts » par jour C (confinement, éviter les transports publics et les grands rassemblements tels que les marchés),
- la durée de la période d'infection D (diagnostic rapide, isolation des infectés, traitement efficace).

III.1.4 Modèle SIS (Susceptibles, Infectives, Susceptibles) :

Ce modèle possède toujours deux compartiments :

- S : désignant le nombre de personnes susceptibles d'être infectés ;
- I : désignant le nombre de personnes infectés.

Mais le nombre de rapports est modifié [7]. Le schéma sur la Figure I.7 décrit la dynamique du modèle **SIS** :

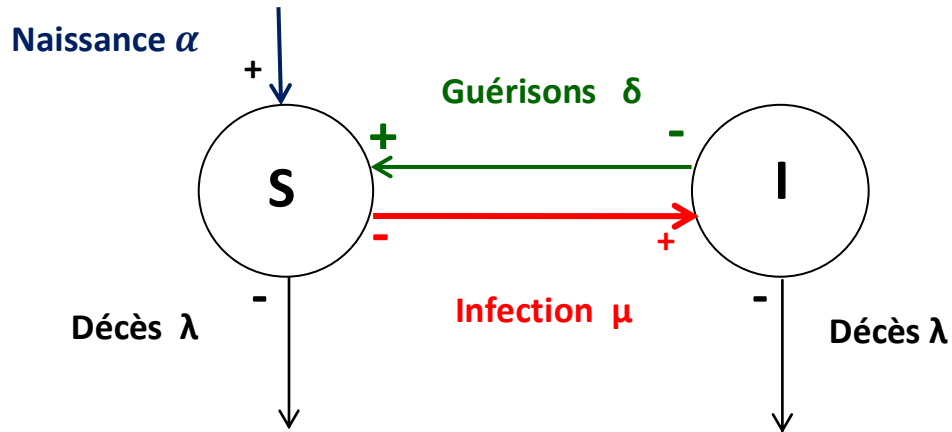


Figure I.7 : Représentation schématique du modèle SIS

Le facteur μ représente le taux de transmission ou d'infection ; δ : le taux de guérison ; α : le taux de naissance et λ : le taux de mortalité (supposé identique dans les deux compartiments).

Hypothèse :

Une personne saine (appartenant à S) devient infectée et contagieuse après un contact avec une personne infectée (appartenant à I), mais elle ne développe pas d'immunité à la maladie : donc il existe une possibilité de se réinfecter après sa guérison ; Ceci explique l'ajout du retour dans le compartiment S (flèche en vert).

Le système différentiel couplé correspondant au SIS est donné comme suit :

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = \alpha \times N(t) - \lambda \times S(t) - \mu \times S(t) \times I(t) + \delta \times I(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = \mu \times S(t) \times I(t) - \lambda \times I(t) - \delta \times I(t) \\ N(t) = S(t) + I(t) \end{cases} \quad (I.5)$$

Ce système peut être simplifié :

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\mu \times S(t) \times I(t) + (\alpha - \lambda) \times S(t) + (\delta + \alpha) \times I(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = \mu \times S(t) \times I(t) - (\lambda + \delta) \times I(t) \\ N(t) = S(t) + I(t) \end{cases} \quad (I.6)$$

Puisque ce modèle tient compte des facteurs naissance et décès, la population totale n'est plus constante.

III.1.5 Modèle simple SIR (Susceptibles, Infectives, Recovered)

Le modèle **SIR** est un modèle qui a été proposé en 1927 par deux chercheurs W.O.Kermack et A.G Mac Kendrick [16], il est très utilisé actuellement et Il s'applique en général aux personnes malades qui développent **une immunité**. Il est aussi utilisé pour décrire des maladies à propagation rapide.

Dans ce modèle, la population est divisée en trois (3) compartiments, comme le montre la Figure I.8 :

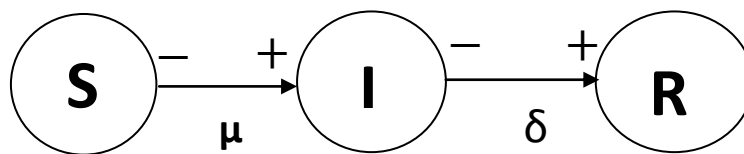


Figure I.8: Représentation schématique du modèle SIR

La figure I.8 montre le changement de statut des personnes dans 3 compartiments :

- $S(t)$, le nombre de personnes susceptibles d'être infectées (mais saines) ;
- $I(t)$, le nombre de personnes infectées (donc malades);
- $R(t)$, le nombre de personne rétablies qui **quittent** (removed ou retirées) le compartiment des infectés suite à une guérison donc il y'a immunité ou suite à un décès.

Avec μ qui représente le taux de transmission ou d'infection ; δ est le taux de guérison.

Dans le modèle SIR, il n'existe pas de flux d'entrée vers le compartiment S et pas de flux de sortie depuis le compartiment R.

Hypothèse :

L'état d'une personne dans la population peut changer avec le temps : les personnes en bonne santé peuvent être infectées, et les personnes infectées peuvent récupérer (recovered) et être immunisées (pas de réinfection, ni de contamination).

La valeur instantanée du flux entre les compartiments I et R est proportionnel à $I(t)$ et il est égal à $R'(t) = \delta \times I(t)$

Le changement des états des trois sous-groupes est donc gouverné par un système de trois équations différentielles ordinaires couplées donné comme suit :

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = S'(t) = -\mu \times S(t) \times I(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = I'(t) = \mu \times I(t) \times S(t) - \delta \times I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} = R'(t) = \delta \times I(t) \end{cases} \quad (I.7)$$

Ce système d'équations doit être accompagnée par des conditions initiales connues : $S(t = 0) = S_0$ et $I(t = 0) = I_0$ et $R(t = 0) = R_0$.

Le nombre total de la population N dans SIR, reste constante et s'écrit :

$$N = S(t) + I(t) + R(t) \quad (I.8)$$

III.1.6 Modèle simple SIR étendu

Le même modèle SIR peut être modifié [1] et étendu par un ajout d'un nombre de rapports supplémentaires comme le montre la figure I.9 :

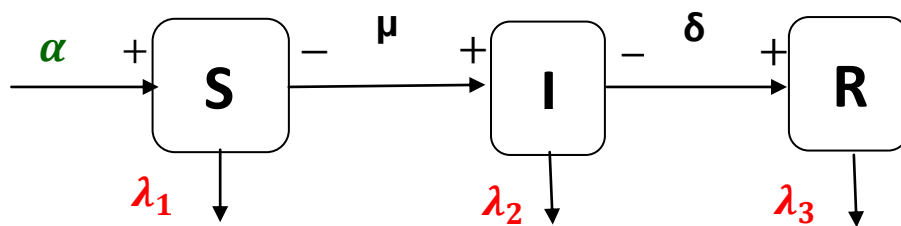


Figure I.9: Représentation schématique du modèle SIR étendu.

La figure I.9 montre le changement de statut des personnes avec μ qui représente le taux de transmission ou d'infection ; δ est le taux de guérison ; α est le taux de naissance et λ_i est le taux de mortalité dans chaque compartiment i .

Si on suppose que le taux de mortalité λ_i est le même dans toute type de compartiment (on pose $\lambda_i = \lambda$), le système d'équations différentielles du modèle *SIR* est établi comme :

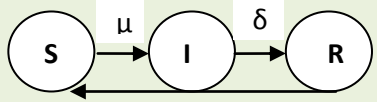
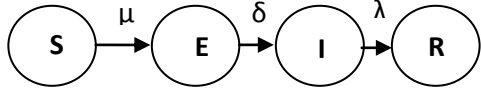
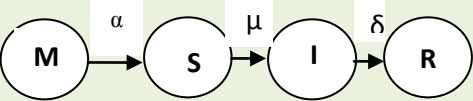
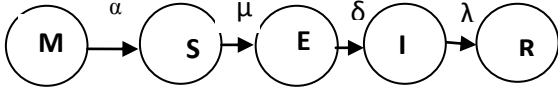
$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = \alpha N(t) - \mu S(t)I(t) - \lambda S(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = \mu S(t)I(t) - \delta I(t) - \lambda I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} = \delta I(t) - \lambda R(t) \end{cases} \quad (I.9)$$

Avec N le nombre total de la population qui varie au cours du temps :

$$N(t) = S(t) + I(t) + R(t) \quad (I.10)$$

Le modèle SIR reste un modèle standard, mais il a subi plusieurs transformations grâce aux extensions sur le modèle de base, en ajoutant d'autres compartiments pour décrire de façon plus convenable et concise le comportement global de la population en regard de la maladie. Quelques modèles obtenus à partir de l'extension du modèle SIR [15] sont donnés dans le tableau I.5.

Tableau I.5

Modèles	Hypothèses	Schéma
SIRS	Ce modèle suppose qu'une personne remise (R) est réintégrée après une durée dans le sous-groupe des susceptibles (S).	
SEIR	Ce modèle propose l'apparition d'un nouveau sous-groupe Exposé (E) qui présente les personnes avec l'apparition des symptômes.	
MSIR	Ajout d'un facteur d'immunité passive : une personne née avec l'immunité transférée naturellement par la mère	
MESEIR	Ce modèle regroupe le facteur de l'immunité passive et le sous-groupe des exposés.	

Les modèles déterministes possèdent des inconvénients puisque ils ne tiennent pas compte de la complexité réelle dans la société et les interactions entre individus ne se produisent pas avec la même probabilité ; car une personne peut avoir des centaines de contacts vu son travail et une autre personne moins de contact si elle reste souvent à la maison.

III.2 Modèles Stochastiques individus-centrés

Un modèle est dit stochastique lorsqu'il prend en compte les effets aléatoires dans la modélisation du système étudié dans laquelle il introduit les notions de statistiques et de probabilité.

Les modèles individus-centrés (MIC) [17] permettent de dépasser les limites des modèles à compartiments, en considérant chaque individu au sein de la population comme un objet possédant un certain nombre d'attributs déterminant de façon individuelle la contagiosité, la susceptibilité mais aussi les interactions avec d'autres individus.

Les MIC s'appellent aussi modèles de réseaux de contacts (voir figure I.10)

- Ils permettent de dépasser l'hypothèse d'homogénéité de contact ;
- Nécessite beaucoup d'information et des outils de calculs puissants.

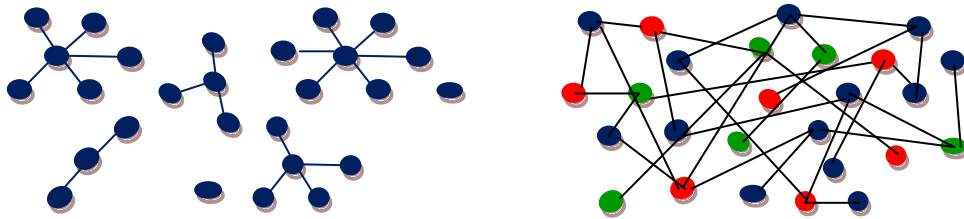


Figure I.10 : Représentation schématique des MIC

Si on considère une paire d'individus reliés par un flux, et si on suppose que le premier individu noté i est infectieux et le second individu noté j est susceptible d'être infecté, alors la probabilité que l'infection se produise au cours d'un temps τ_i est donnée par la relation suivante [17]:

$$P(\text{transmission } i \text{ vers } j) = 1 - e^{-\alpha_{ij} \tau_i} \quad (\text{I.11})$$

Les facteurs α_{ij} et τ_i dépendent de chaque paire d'individus i et j .

Conclusion du chapitre 1

Dans ce chapitre, nous avons exposé les modèles compartimentaux déterministes stochastiques et établi les systèmes d'équations différentielles couplées qui décrivent la dynamique d'évolution de l'épidémie à travers ses variables d'état S, I et R.

Chapitre II : Méthode de résolution, schéma numérique de Runge Kutta

Introduction du chapitre 2

Etant donné la variété de modèles cités en chapitre 1, nous avons choisi d'étudier le modèle *SIR* (figure 1.8) qui représente pour rappel trois populations :

S : population d'individus susceptibles d'être infectés (sains),

I : population d'individus infectés,

R : population d'individus rétablis après infection.

Donc dans ce chapitre 2, nous allons présenter en première étape la méthode de résolution basée sur le schéma de Runge Kutta d'ordre 4, nous donnerons le code Python que nous avons écrits.

Le code python réalisé est valable pour n'importe quel modèle déterministe exposé dans le chapitre 1. Il suffit juste d'introduire le système d'équations différentielles convenable et de déterminer convenablement les paramètres associés au modèle désiré.

I. Méthode de résolution numérique

I.1 Algorithme de Runge Kutta d'ordre 4

Le système d'équations différentielles couplées que nous étudions possède trois (3) grandeurs inconnues ($S(t)$, $I(t)$, $R(t)$) (voir éq. I.7). Il est difficile de trouver une solution analytique. Pour cela nous avons proposé d'utiliser une méthode numérique nommé Runge Kutta (nom revenant aux deux chercheurs allemands Karl Runge et Martin Kutta) [18].

Cet algorithme possède les propriétés suivantes:

- ✓ Pas trop difficile à implémenter (pour les personnes ayant une connaissance en programmation).
- ✓ Convergent, précis, stable.
- ✓ Il faut connaître les valeurs initiales des grandeurs recherchées à l'instant $t=0$.

I.2 Principe de la méthode :

On rappelle le système à résoudre numériquement :

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\mu S(t) I(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = \mu I(t) S(t) - \delta I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} = \delta I(t) \end{cases}$$

avec les paramètres : μ taux d'infection et δ taux de guérison.

En utilisant le schéma numérique RK, on peut résoudre une équation différentielle ordinaire décrite par la relation de type suivant:

$$\begin{cases} \frac{dY(t)}{dt} = F(t, Y(t)) \\ Y(0) = Y_0 \end{cases}$$

- t : une variable par exemple temps.

- $Y(t)$: l'inconnue à calculer qui est soit une grandeur scalaire ou vecteur, elle dépend du temps t .

- $F(t, Y(t))$: second membre de l'équation différentielle, lui aussi il peut être soit une grandeur scalaire ou vecteur.

- Cette équation doit être accompagnée de condition initiale notée Y_0 .

* Dans notre travail, nous avons trois inconnues, pour cela nous les avons traités comme un seul vecteur à trois dimensions, $Y = (S, I, R)$.

* La fonction F dans le second membre dépend du temps et des inconnues, on la considère aussi comme un vecteur à trois composantes $F = (F1, F2, F3)$.

1.3 Principe de la programmation numérique :

- La première étape est de générer une subdivision de l'intervalle du temps t_i avec un pas de temporel constant h .
- Ensuite calculer les solutions Y_i pour chaque temps t_i , autrement $Y(t_i) = Y_i$ grâce au schéma numérique RK4.

1.4 Algorithme numérique RK4 :

$$i = 0 \text{ à } \text{taille}(\text{temps}) \left\{ \begin{array}{l} k_1 = F(t_i, Y_i) \\ k_2 = F(t_i + \frac{h}{2}, Y_i + \frac{h}{2}k_1) \\ k_3 = F(t_i + \frac{h}{2}, Y_i + \frac{h}{2}k_2) \\ k_4 = F(t_i + h, Y_i + hk_3) \\ Y_{i+1} = Y_i + \frac{h}{6} \times [k_1 + 2k_2 + 2k_3 + k_4] \end{array} \right.$$

II. Code Python

Description du code python :

Le code que nous avons écrit est composé d' :

- un programme principal comprenant les conditions initiales, les paramètres et l'appel des fonctions,
- une procédure pour le schéma numérique RK d'ordre 4 nommée **rungekutta4**,
- une procédure pour le second membre $F(t, S, I, R)$ du système différentiel **deriv3**.

Ce code python permet aussi de visualiser les courbes S, I, R en fonction du temps.

```

# Code Python modélisation de la propagation de l'épidémie 2021
"""
"""
# S(t):population d'individus susceptibles d'être infectée (saine),
# I(t):population d'individus infectée,
# R(t): population d'individus rétablie après infection.
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
# Population totale, N.
N = 600
# Nombre initial de sujets sains
S0 = 500
# Nombre initial de sujets infectés
I0 = 100
# Nombre initial de sujets rétablies suite à l'infection
R0=0
# tableau des inconnues
y0 = S0, I0,R0
# mu la force d'infection, et delta taux de guérison
mu, delta = 0.0001, 0.1
# Équations différentielles
def deriv3(t,y, N, mu, delta):
    dSdt = -mu*y[0]*y[1]
    dIdt = mu*y[0]*y[1] -delta*y[1]
    dRdt= delta*y[1]
    return dSdt, dIdt, dRdt
#
def rungekutta4(F,y0,t, args=()):
    n = len(t)
    I =[0]*n
    I[0]=y0
    h=0.1

```

```

for i in range(n-1):
    K1 = F(t[i],l[i], *args)
    K1 = tuple([x for x in K1])
    K2 = F(t[i]+0.5*h, l[i]+tuple([0.5*x for x in K1]), *args)
    K2 = tuple([x for x in K2])
    K3 = F(t[i]+0.5*h, l[i]+tuple([0.5*x for x in K2]), *args)
    K3 = tuple([x for x in K3])
    K4 = F(t[i]+h, l[i]+ K3, *args)
    K4 = tuple([x for x in K4])
    kk1 = tuple([(h*1./6)*x for x in K1])
    kk4 = tuple([(h*1./6)*x for x in K4])
    kk2 = tuple([(h*2./6)*x for x in K2])
    kk3 = tuple([(h*2./6)*x for x in K3])
    res = tuple(np.array(kk1)+np.array(kk2)+np.array(kk3)+np.array(kk4))
    l[i+1] = tuple(x + y for x,y in zip(l[i], res))
return l

#appel de la fonction Runge kutta
res = rungekutta4(deriv3,y0,np.linspace(0, 180, 1001), args= (N, mu, delta) )
#
S = [e[0] for e in res]
l = [e[1] for e in res]
R= [e[2] for e in res]
# plot
plt.plot(np.linspace(0, 180, 1001), S, label='S')
plt.plot(np.linspace(0, 180, 1001), l, label='l')
plt.plot(np.linspace(0, 180, 1001), R, label='R')
plt.legend(loc='best')
plt.xlabel('t')
plt.grid()
plt.show()
#end programme

```

Conclusion

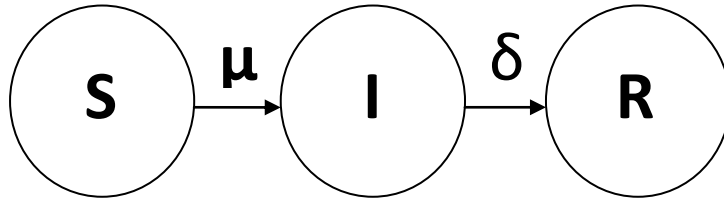
Dans ce chapitre nous avons expliqué comment résoudre numériquement le système d'équations différentiel couplé pour le modèle déterministe stochastique à 3 compartiments SIR.

Nous avons donné le schéma de Runge Kutta d'ordre 4 et le code Python qui nous permet de connaître la dynamique de l'évolution d'une épidémie en fonction du temps et ceci à travers les trois variables d'état $S(t)$, $I(t)$ et $R(t)$.

Chapitre III : Résultats de la simulation numérique et interprétations

Introduction du chapitre 3

Afin de résoudre le système d'équations différentielles couplées à 3 inconnues (SIR) dépendant du temps :



Il faut fixer le type d'épidémie mais étant donné le cas de la pandémie coronavirus 19 qui a bouleversé le monde entier, nous avons choisi de modéliser la pandémie Covid 19.

Nous avons cependant rencontré quelques difficultés pour estimer les paramètres du modèle SIR et ceci est lié à la nature de la pandémie :

- 1/ chaque partie du monde, chaque pays ou chaque ville, la dynamique de l'infection est différente ou mal comprise.
- 2/ Il faut déterminer deux paramètres dans le modèle SIR μ et le taux d'infection et le taux de rétablissement δ qui dans le modèle comprend aussi le taux de décès.
- 3/ les deux paramètres changent souvent vu la nature du virus.

I. Données liées au modèle SIR

I.1 Taux d'infection et taux de rétablissement

Nous avons pu estimer le taux d'infection ou force d'infection μ à partir du taux d'incidence trouvé dans la réf. [19]. A titre indicatif nous donnons pour le Covid 19, le tableau III.1 qui affiche des chiffres concernant quelques pays du monde ainsi que le tableau III.2 pour l'Algérie.

Tableau III.1

pays	taux incidences	taux infection μ	taux décès	taux rétablissement δ
Qatar	4517/100 000 habitants/7 jours	0,006	3,00%	50%
chili	2297/100 000 habitants/7 jours	0,0032	2,74%	78%
USA	1925/100 000 habitants/7 jours	0,0027	3,00%	79%
Brasil	1908/100 000 habitants/7 jours	0,0027	3,11%	80%
Maroc	170/100 000 habitants/7 jours	0,0024	3,00%	80%
01/03/2020				01/03/2021

Tableau III.2 :

Régions Algérie	taux incidences	taux infections μ
Centre	310,38/100 000 habitants/7 jours	0,00044
Est	249,21/100 000 habitants/7 jours	0,00035
Ouest	270,43/100 000 habitants/7 jours	0,00038
Sud	176,97/100 000 habitants/7 jours	0,00025
01/03/2020		

Le taux de rétablissement dans le tableau comprend juste les individus guéris et non retirés. Les valeurs données dans le tableau III.1 concerne la période où le vaccin est appliqué et l'immunité est présente et la force d'infection a diminué.

II. Résultats numériques

Nous allons tracer sur la figure III.1 les grandeurs $S(t)$, $I(t)$ et $R(t)$ pour un taux de d'infection $\mu = 0.00025$ et un taux de guérison $\delta = 0$. Les valeurs initiales des populations sont :

$$S_0 = 500 \text{ individus sains et } I_0 = 100 \text{ individus sains}$$

On voit que : $R=0$ c'est-à-dire aucun individu n'est retiré ce qui est logique, donc les individus qui se trouve dans le compartiment S (susceptibles) vont être tous infectés et ceci au bout d'un temps de 40 jours : $I=600$ et $S=0$.

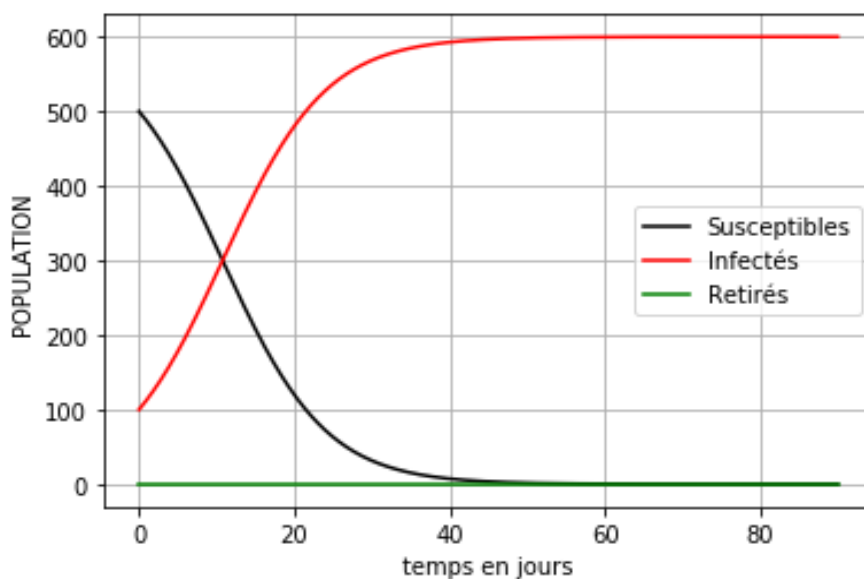


Figure III.1 : Populations S, R et I pour un taux d'infection $\mu = 0.00025$, un taux des retirés $\delta = 0$

Nous allons tracer sur la figure III.2 les grandeurs $S(t)$, $I(t)$ et $R(t)$ pour un taux de d'infection $\mu = 0.00025$ et un taux de guérison $\delta = 0.01$, on voit que :

Pour un taux d'infection 0.00025 les individus susceptibles a être infectés commence a s'infecter jusqu'à la valeur de 450 individus, mais à partir d'un temps =30 jours et grâce à un taux de guérison différent de zéro, les individus infectés passe au compartiment R (retirées) plus rapidement. Après $t = 60$ jours, tout les individus du compartiment saint S seront soient infectés ou soient retirés.

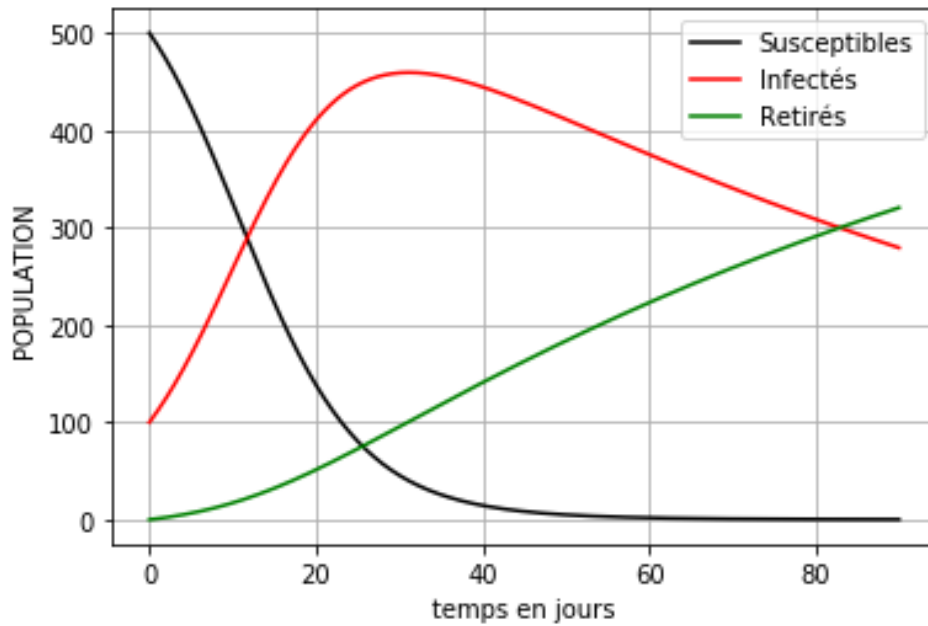


Figure III.2 : Populations, S, R et I pour $\mu= 0.00025$ et $\delta=0,01$

Nous allons tracer sur la figure III.3 les grandeurs $S(t)$, $I(t)$ et $R(t)$ pour un taux de d'infection $\mu= 0.00025$ et un taux de guérison plus élevé $\delta=0.10$, à peine les individus susceptibles s'infectent, ils passent plus rapidement au compartiment Retirés. Autrement dit la contamination n'est pas forte et elle a tendance à s'annuler.

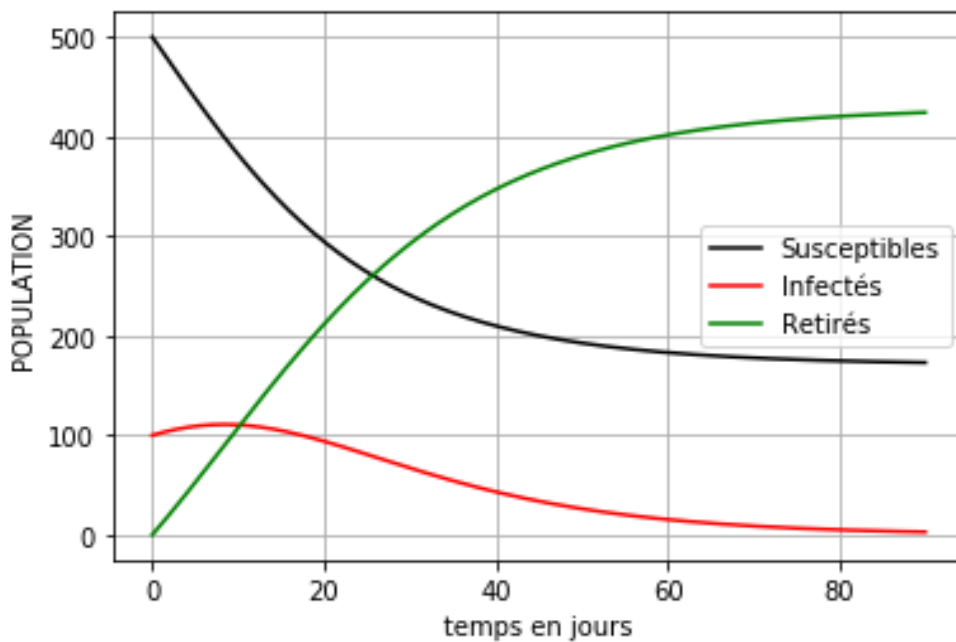


Figure III. 3 : Populations, S, R et I pour $\mu= 0.00025$ et $\delta=0,10$

Nous allons tracer sur la figure III.4 les grandeurs $S(t)$, $I(t)$ et $R(t)$ pour un taux de d'infection plus fort que le précédent $\mu= 0.0005$ et en maintenant le taux de guérison à $\delta=0.10$, puisque la force d'infection est forte $I(t)$ atteint une valeur qui correspond à la moitié de S_0 et décroît ensuite. Après 60 jours tous les individus se trouvent dans le compartiment R.

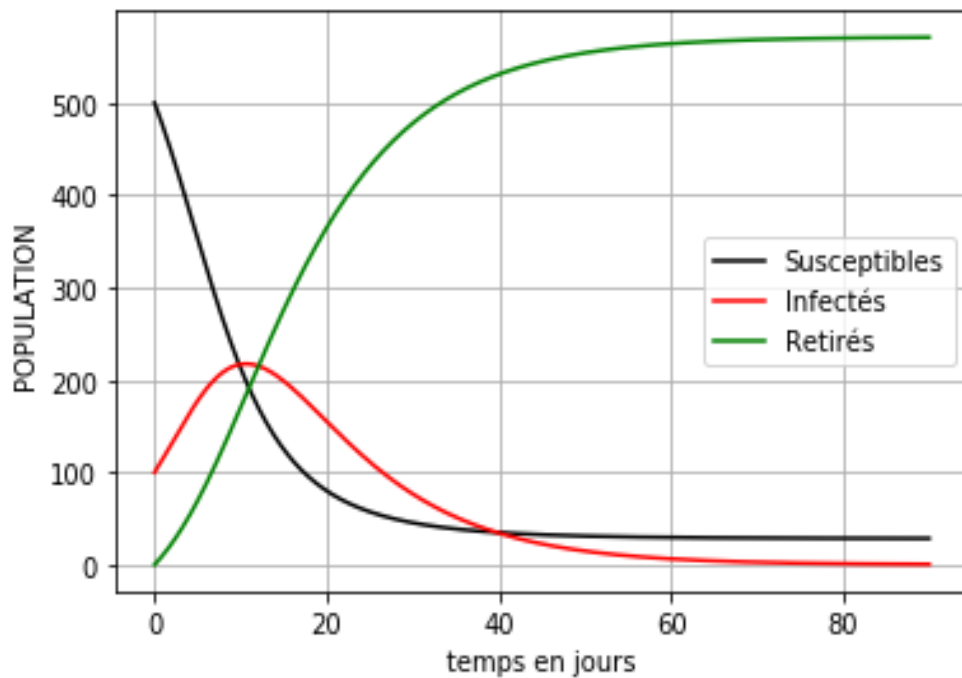


Figure III.4 : Populations S, R et I pour $\mu= 0.0005$ et $\delta=0,10$.

Nous allons étudier la variation du paramètre taux d'infection et son effet sur le déroulement de l'épidémie : vitesse de propagation (vitesse d'infection), temps qu'il faut pour que les personnes susceptibles d'être infectées s'infectent et le temps qu'il faut pour que les personnes infectées soient retirées.

Pour cela, nous allons varier le taux d'infection entre la valeur $\mu= 0.0002$ à 0.0006 en laissant la valeur du taux de guérison constante $\delta=0.10$.

On obtient les trois graphes dans les figures III.5, III.6 et III.7 suivantes :

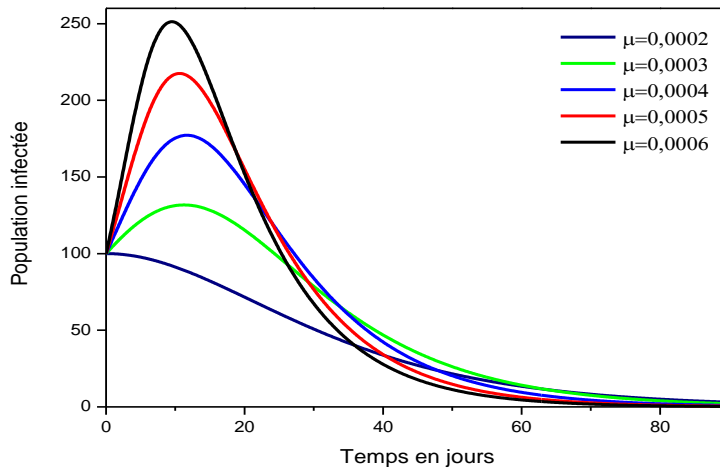


Figure III.5 : Population infectée I pour différentes valeurs de μ et $\delta=0,1$

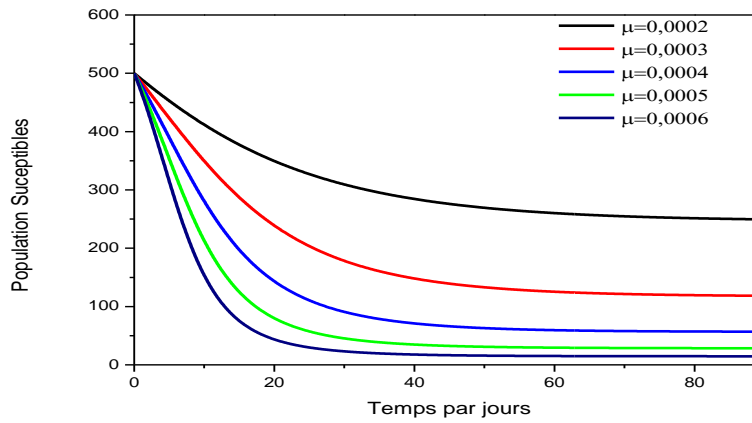


Figure III.6 : Population susceptible S pour différentes valeurs de μ et $\delta=0,1$

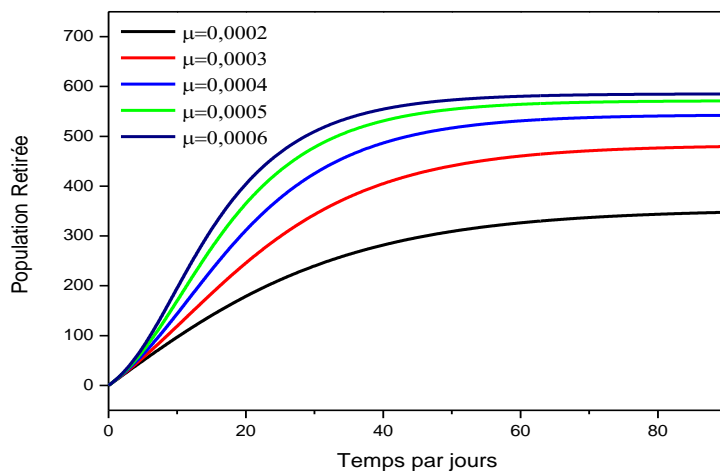


Figure III.7 : Population retirée R pour différentes valeurs de μ et $\delta=0,1$

Il intéressant de noter que la figure III.5 montre que le temps où la population infectée atteint un maximum est presque le même et ceci pour différents taux d'infection avec un taux des retirés invariant?

Nous allons faire la même chose pour le taux de guérison et son effet sur le déroulement de l'épidémie, et cela en variant le taux de guérison entre la valeur $\delta=0.08$ à $\delta=0.12$ en laissant la valeur du taux d'infection constante $\mu = 0.0007$

On obtient les trois graphes dans les figures III.8, III.9 et III.10 suivantes :

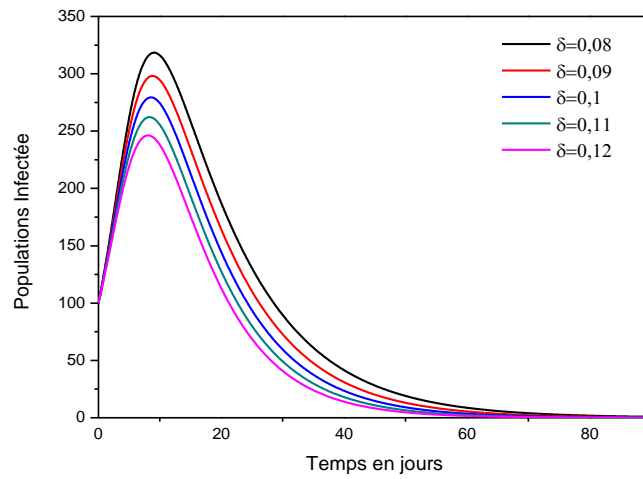


Figure III.8 : Population infectée I pour différentes valeurs de δ et $\mu=0,0007$

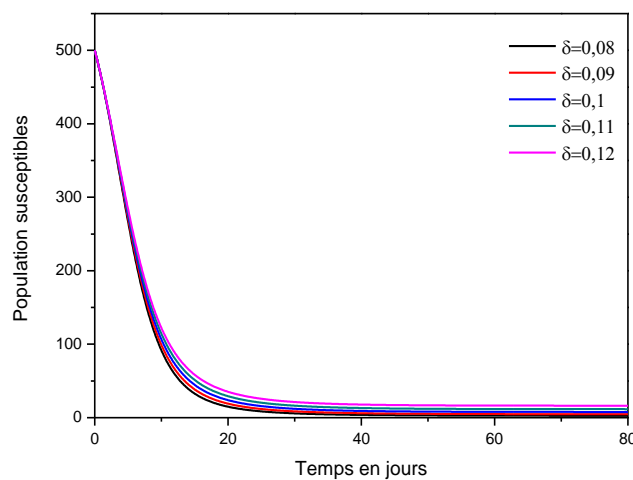


Figure III.9 : Population Susceptibles S pour différentes valeurs de δ et $\mu=0,0007$

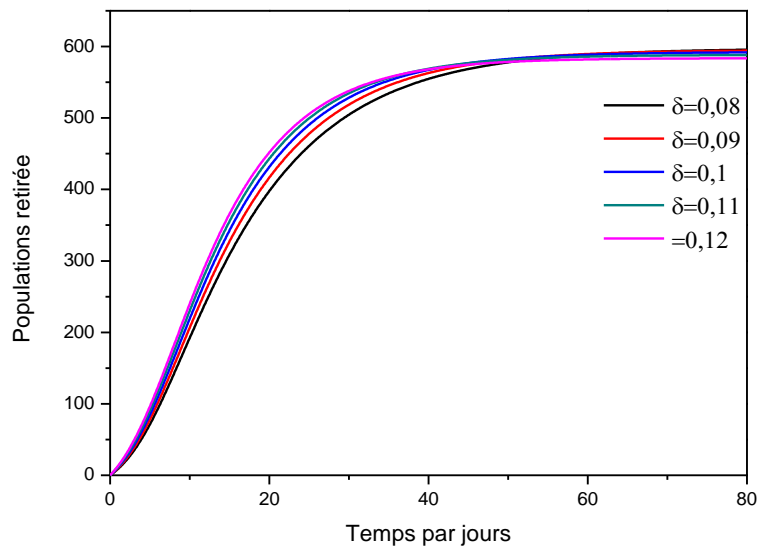


Figure III.10 : Population retirée R pour différentes valeurs de δ et $\mu=0,0007$

Pour finaliser nous allons considérer ce cas où $\mu = 0.0001$ et $\delta=0.1$ (Figure III.12), selon cette courbe il n'y a pas de propagation de l'épidémie ou bien la propagation est contrôlée.

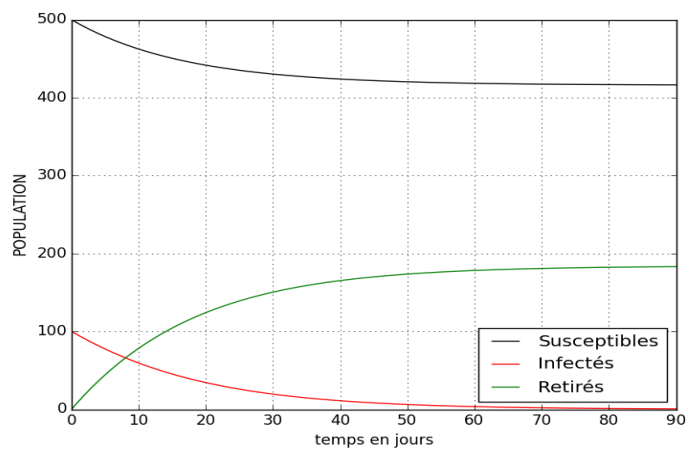


Figure III.11 : Populations, S, R et I $\mu= 0.0001$ et $\delta=0.1$

Conclusion

L'évolution d'une épidémie dans une région dépend beaucoup de paramètres qui jouent un rôle important dans la vitesse de propagation d'une maladie. Nous avons constaté l'importance du taux d'infection et de guérison dans ce chapitre 3 et leur rôle dans la propagation ou la fin d'une épidémie, un taux d'infection élevée peut vite faire propager la maladie contrairement au taux d'infection qui peut contrer cette propagation tant que sa valeur est plus importante devant celle du taux d'infection.

Conclusion Générale

A nos jours le suivi épidémiologique est devenu une fonction importante voir essentielle dans la prédiction, étant donné l'impact d'une propagation d'épidémie locale ou mondiale.

Depuis la pandémie du Covid 19, bien que beaucoup d'épidémie ont causé des taux de mortalité très élevé comme la peste noire, de nouvelles procédures de prévention ont été créées dans le but de contrôler la propagation. Un des efforts fait en parallèle avec les autres mesures biologiques et sanitaires, consiste à la modélisation grâce soit à des modèles mathématiques prédictives de plus en plus compliqués ou soit en utilisant l'intelligence artificielle basée sur des outils de l'analyse statistique.

L'objectif de ce mémoire a été d'exposer de façon simple les nouveaux outils mathématiques représentés dans les modèles déterministes stochastiques compartimentaux tel que le modèle SIR.

Nous avons écrit un code python qui nous permet de calculer les variables d'états du modèle en fonction du temps et de suivre ainsi la dynamique de propagation de l'épidémie. La résolution numérique est basée sur la méthode de Runge Kutta 4 qui a pour avantage la convergence et la précision.

Les paramètres du SIR sont très importants dans la connaissance de la propagation d'une épidémie notamment le taux d'infection (ou force d'infection) mais sa valeur n'est pas toujours constante au cours de la période d'étude.

Le modèle compartimental SIR bien qu'il soit simple reste le plus utilisé en ce moment. Comme perspectives, il est possible d'ajouter plus de compartiments et de paramètres pour mieux modéliser l'épidémie.

Bibliographie

- [1] Younsi fatima zohra, « mise en place d'un système d'informations décisionnel pour le suivi et la prévention des épidémies », thèse de doctorat, informatique et automatisme. Univ. Ben Bella, Oran, 2016.
- [2] <https://fr.m.wikipedia.org/wiki/>
- [3] N. Midoun, M. Benyoub, N. Boumansour, L. Zemmour, A. Dali Ali, Bulletin d'information au cœur de la pandémie de l'infection au virus SARS Cov 2, bulletin mensuel N°4. Sep 2020.
- [4] Cours informatique Scientifique I Master Computationnelle M1. Univ. Tlemcen, Fac des Sciences 2020.
- [5] Bernoulli D. Essai d'une nouvelle analyse de la mortalité causée par la petite Vérole, et des avantages de l'Inoculation pour la prévenir. Hist Académie R Sci Avec Mém Mathématique Phys. 1760;1-45.
- [6] Étienne Pardoux, « Comprendre les bases des modèles mathématiques des épidémies April 20, 2020 ». <https://theconversation.com/comprendre-les-bases-des-modeles-mathematiques-des-epidemies-136056>
- [7] Hugo Falconet et Antoine Jégo, « Modéliser la propagation d'une épidémie » Mémoire maîtrise en Physique, page 24-26, 2015. www.math.ens.fr
- [8] Ramsès Djidjou-Demasse, Christian Selinger, Mircea T. Sofonea, « Épidémiologie mathématique et modélisation de la pandémie de Covid-19 : enjeux et diversité », revue francophone des lab. N° 526, Elsevier Masson SAS, Nov. 2020.
- [9] Jean Vanderpas, Michèle Dramaix, Yves Coppieters, « Analyse prédictive de l'épidémie COVID-19 en Belgique en date du 3 mai 2020 ; Démarche méthodologique et projections » Rapport d'analyse de l'épidémie COVID-19 (III). Centre de recherche épidémiologie, Bio statistiques, recherche clinique, Ecole de santé publique, 2020.
- [10] Ricco Rakotomalala "machine learning avec scikit-learn", http://eric.univ-lyon2.fr/~ricco/cours/cours_programmation_python.html
- [11] P.L. Toutain, A. Bousquet-Mélou, « Les modèles compartimentaux », Diplôme Universitaire de Pharmacocinétique de Toulouse. 2007
- [12] Nicolas Bacaer, « Un modèle mathématique des débuts de l'épidémie de coronavirus en France ». Math. Model. Nat. Phenom. 15 (2020) 29. <https://doi.org/10.1051/mmnp/2020015>
- [13] <https://www.osc.edu/education/si/projects/epidemic>
- [14] https://en.wikipedia.org/wiki/Reed-Frost_model
- [15] Ferguson N, Laydon D, Nedjati Gilani G et al. « Report 9: Impact of non-pharmaceutical interventions (NPIs) to reduce COVID19 mortality and healthcare demand". 2020 mars. Disponible sur : <http://spiral.imperial.ac.uk/handle/10044/1/77482>.
- [16] Kermack W, McKendrick A. Contributions to the mathematical theory of epidemics, part 1. Proc R Soc Math Phys Eng Sci. 1927.
- [17] Antoine Allard, Modélisation mathématique en épidémiologie par réseaux de contacts, Introduction de l'hétérogénéité dans la transmissibilité, Mémoire maîtrise en Physique, Université Laval, France,
- [18] Sofyane Bouameur, Méthodes d'Euler et de Runge-Kutta d'ordre 4 pour des équations différentielles du 1er ordre, researchgate, 2017 <https://www.researchgate.net/publication/341165012>
- [19] N. Midoun, M. Benyoub, N. Boumansour, L. Zemmour, A. Dali Ali, Bulletin d'information au cœur de la pandémie de l'infection au virus SARS Cov 2, bulletin mensuel N°8. Fac. Médecine. Oran Service épidémiologie. Mars 2021.


```
        7:"max_deaths",8:"max_deaths_dates"
    })
data_final.to_csv('donnée_aggrégées_par_pays.csv')
# visualiser le graphe
figure(num=None, figsize=(15, 15), dpi=80, facecolor='w', edgecolor='k')
for value, df in data.groupby("countriesAndTerritories"):
    df.cases.plot()
plt.title("Nombre de cas covid par pays")
plt.show()
plt.savefig('evolution_cas.png')

figure(num=None, figsize=(15, 15), dpi=80, facecolor='w', edgecolor='k')
for value, df in data.groupby("countriesAndTerritories"):
    df.deaths.plot()
plt.title("Nombre de morts covid par pays")
plt.show()
plt.savefig('evolution_morts.png')
```


Résumé

Les maladies et leur propagation dans le monde est un problème majeur, notamment avec la pandémie du covid-19 qui a envahi dernièrement toute la planète. Cette propagation rapide nécessite un suivi et une surveillance de la transmission car pour une telle maladie qui touche les plus faibles, la société doit se préparer à l'avance pour réagir de manière adéquate. Les modèles mathématiques de propagation des virus aident à analyser les tendances. Nous allons présenter les principaux modèles en se basant sur une implémentation en python. Nous obtiendrons des résultats basés sur les propriétés réalistes de la propagation d'une épidémie.

Mots Clés :

Epidémie, Modèle compartimental SIR (Susceptibles, Infectées, Retirée), équations différentielles couplées, Runge Kutta4, code python.

Abstract

Diseases and propagation worldwide are a major issue, especially with the covid-19 pandemic, which has reached the world globally. This fast propagation requires monitoring and observation of the transmission because such a disease affects the weakest. The society must prepare itself in advance to take action appropriately. Mathematical models of virus propagation help with trend analysis. We are going to present the main models based on our python implementation. We obtained results based on realistic parameters of pandemic propagation.

Keywords :

Epidemics, Compartmental model SIR (Susceptibles, Infectives, Recovered), coupled differential equations, Runge Kutta4 method, Python code.

ملخص:

تمثل الأمراض وانتشارها في جميع أنحاء العالم مشكلة كبيرة ، خاصة مع جائحة كوفيد-19 الذي غزا الكوكب بأكمله مؤخرًا. يتطلب هذا الانتشار السريع المراقبة و مراقبة الانتقال لأن هذه الأمراض التي تصيب الأضعف في المجتمع ، يجب على المجتمع الاستعداد مسبقًا للاستجابة بشكل مناسب. تساعد النماذج الرياضية لانتشار الفيروس في تحليل الاتجاهات. سنقدم النماذج الرئيسية بناءً على تطبيق Python سوف نحصل على نتائج بناءً على الخصائص الواقعية لانتشار الوباء.

الكلمات الدالة:

وباء، مسببة للأمراض ، نموذج المجزئات SIR (حساس ، مصاب ، منسحب)، نموذج رياضي ، معدلات تفاضلية، خوارزمية Runge Kutta4