

Atelier SA2

Via Math

2021

Et si un vaccin est crée?

Rappelons-nous d'abord ce premier modèle SIR pour décrire une épidémie, que nous avons construit et exploré dans l'activité précédente :

MODÈLE 1

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\alpha SI \\ \frac{dI}{dt} &= +\alpha SI - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= +\gamma I\end{aligned}$$

Dans cette nouvelle activité, nous allons affiner ce modèle pour :

- prendre en compte la taille de la population dans la propagation de l'épidémie
- définir le fameux paramètre R_0 dont vous avez peut-être déjà entendu parler dans les médias
- voir les effets de l'introduction d'un vaccin en cours d'épidémie

Ouvrez le modèle [Épidémie avec vaccination](#) et clonez-le. Vous constaterez d'abord sur le schéma du modèle que la *force d'infection* (α) apparaît maintenant liée à la taille de la *population* (N) et à un paramètre de *virulence* (β). Ce paramètre β reflète à la fois la rapidité naturelle à laquelle se propage le virus en situation de contact, et les restrictions mises en place.

1. Cliquez sur l'ellipse bleue associée à la *force d'infection* pour voir comment N et β y sont combinés et écrivez l'équation correspondante ici :

$\alpha =$



2. Remplacez α par cette nouvelle expression dans le **MODÈLE 1** pour créer le **MODÈLE 2** :

MODÈLE 2

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= \\ \frac{dI}{dt} &= \\ \frac{dR}{dt} &= +\gamma I \end{aligned}$$

On devrait pouvoir voir à nouveau dI/dt comme la différence entre le flux (entrant) d'infection et le flux (sortant) de rémission.

3. En changeant l'ordre des facteurs, on peut écrire que le flux d'infection vaut :

$$\beta S \cdot \left(- \right)$$

(Complétez cette expression avec les variables/paramètres manquants.)
Pouvez-vous justifier cette expression, en termes de probabilités ou de statistiques, pour modéliser la propagation d'une maladie infectieuse ?

4. Pourquoi n'a-t-on pas considéré la taille de la population dans le taux de rémission γ ?

Rappelons que ce *taux de rémission* γ correspond en gros à la proportion des individus infectés appelés à se rétablir dans la journée. C'est en multipliant ce taux par le nombre d'individus infectés qu'on obtient le flux de rémission. Il est possible de montrer que ce taux γ est lié au nombre moyen M de jours où l'on est considéré infecté (et infectieux, dans ce modèle). Ce nombre M peut aussi être vu comme l'*espérance mathématique* de la durée de la phase d'infection. La relation qui lie ces deux paramètres est la suivante :

$$\gamma = \frac{1}{M}$$

La relation¹ entre M et γ sera étudiée en détail et expliquée de différentes façons dans une prochaine activité (SA3).

¹Cette relation peut être expliquée de façon intuitive par l'analogie suivante: si l'on suppose qu'à peu près tous les élèves complètent en 5 ans leur cursus secondaire, on peut en inférer qu'à chaque année, environ 1/5 des élèves (ceux en 5e secondaire) quitteront l'école (pour le cégep ou pour une autre trajectoire). Ainsi, si l'on reste M jours (en moyenne) en état d'infection, à chaque jour, $1/M$ des personnes infectées quitteront (par le flux de rémission) ce compartiment pour le compartiment des personnes rétablies.



Revenons à présent au flux d'infection et regardons-le autrement, sous l'éclairage d'un nouveau paramètre, le fameux R_0

Le fameux R_0

On peut analyser la propagation d'une épidémie en considérant le nombre d'infections secondaires qui seront produites par le contact d'une population susceptible avec un premier cas infectieux. On suppose que les *infections secondaires* (résultant d'un contact direct avec cette première personne infectée) seront produites au taux de r infections par jour; ce taux peut être vu comme une moyenne. Puisque la phase d'infection dure en moyenne $M = 1/\gamma$ jours, on peut affirmer qu'il y aura r/γ infections secondaires produites directement par le premier cas infectieux (ce nombre est aussi une moyenne). On appelle cette quantité (r/γ) le **nombre de reproduction de base**, et on la note R_0 .

On peut supposer ensuite que, pour chacun des cas secondaires, il y aura aussi r/γ infections subséquentes, et ainsi de suite. Il s'agit d'une approximation, car à mesure que les cas se multiplient, il reste moins de personnes susceptibles d'être infectées. Cette approximation, valide en début d'épidémie, et qui ne reflète pas le nombre de personnes susceptibles, peut s'exprimer par l'équation suivante:

$$\frac{dI}{dt} = rI - \gamma I = (r - \gamma)I$$

5. À partir de cette équation différentielle et de la définition de R_0 , complétez le tableau ci-dessous pour décrire la croissance de $I(t)$ en fonction de R_0 :

R_0	$r - \gamma$	$\frac{dI}{dt}$	$I(t)$
$R_0 < 1$			
$R_0 = 1$			constante
$R_0 > 1$			

6. Considérons la fonction $I(t) = e^{(r-\gamma)t}$. On peut montrer que non seulement elle constitue une solution de l'équation différentielle ci-haut, mais qu'elle respecte aussi la condition initiale d'un seul cas infectieux ($I(0) = 1$). Vérifiez-le:

- (a) En calculant sa dérivée

$$\frac{dI}{dt} = \frac{d}{dt}(e^{(r-\gamma)t}) =$$

- (b) En évaluant $I(t)$ en $t = 0$

$$I(0) =$$



- (c) Les conditions de croissance pour $I(t)$, établies dans le tableau précédent, s'appliquent-elles bien pour cette fonction?

En faisant correspondre l'équation approximative de $\frac{dI}{dt}$ en début d'épidémie à celle du modèle 2, on en déduit qu'il faut que $r = \beta$.

7. Expliquez comment on en arrive à cette conclusion. (Indice: S est alors très proche de N.)

Cela permet d'interpréter le paramètre de virulence (β) comme le nombre moyen d'infections secondaires produites à chaque jour par chaque personne présentement infectée dans une population où le nombre de personnes susceptibles est grandement supérieur au nombre de personnes infectées.

8. Cette égalité nous permet aussi d'exprimer R_0 en fonction du facteur de virulence (β) et du taux de guérison. Faites apparaître cette relation ci-dessous:

$$R_0 = \text{---}$$



Revenons à présent au modèle [Épidémie avec vaccination](#).

Vous voyez qu'on a introduit un flux associé à la vaccination, et qu'on a regroupé dans un réservoir "Résistants" tous ceux qui sont immunisés face à la maladie, soit parce qu'ils ont été vaccinés contre elle, soit parce qu'ils s'en sont rétablis. On suppose ici une attente de quelques jours dans le déploiement de la campagne de vaccination.

9. Ouvrez les composantes associées au flux de vaccination et voyez comment elles interviennent dans le modèle, une fois passé le temps d'attente pour déployer la campagne de vaccination.
 - (a) Cette modélisation du flux de vaccination vous semble-t-elle adéquate au regard de la situation? Si oui, expliquez pourquoi. Sinon, modifiez-la.
 - (b) Reφέtez le flux de vaccination (V) dans le **MODÈLE 3** de l'épidémie:

$\frac{dS}{dt} =$
$\frac{dI}{dt} =$
$\frac{dR}{dt} =$

- (c) Comment a-t-on intégré le temps d'attente (avant la vaccination) dans le modèle informatique ?



10. Essayez d'anticiper les effets respectifs du temps d'attente et du nombre maximum de vaccins sur l'évolution de l'épidémie. Puis faites quelques simulations en variant ces deux paramètres.

(a) Les résultats obtenus vont-ils dans le sens que vous aviez prévu?

(b) Quand observez-vous les discontinuités des fonctions affichées ou de leur dérivée? Pouvez-vous expliquer pourquoi?

11. On pourrait envisager d'autres améliorations au modèle pour mieux refléter la réalité. D'une part, ce modèle suppose un effet immédiat de la vaccination sur l'immunité.

(a) Comment pourrait-on modifier les stocks et/ou les flux pour modéliser un délai dans l'acquisition de cette immunité? (*Suggestion* : pensez à la modélisation qui a été faite du délai de rémission.)

D'autre part, il est possible qu'on soit face à une maladie pour laquelle on puisse perdre l'immunité au bout de quelques semaines.

(b) Comment pourrait-on modifier les stocks et/ou les flux pour refléter un tel phénomène? (On n'implémentera pas ce changement pour l'instant.) Comment cela se refléterait-il dans les équations différentielles?

(c) Quelles autres modifications pourrait-on considérer pour accroître le réalisme du modèle?