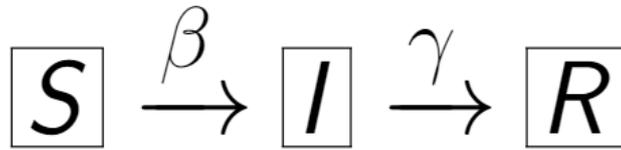


Mettre en œuvre un protocole de résolution pour obtenir un résultat exploitable

Une autre modélisation : le modèle SIR

Le modèle SIR est un exemple de *modèle à compartiments* : on fait plusieurs catégories (des compartiments) avec des flux entre ces catégories (passage d'un compartiment à un autre).

Pour une population donnée, on étudie la taille de trois catégories au cours du temps t : $S(t)$ représente les personnes **saines** (*susceptible en anglais*) au temps t , $I(t)$ les personnes **infectées** (*infected*), et $R(t)$ les personnes **retirées** (*removed*) [1] ; $N=S(t)+I(t)+R(t)$ représente alors la population constante totale au cours du temps.



Ici, β représente le *taux de transmission*, c'est à dire le taux de personnes saines qui deviennent infectées et γ le *taux de guérison*, c'est à dire le taux de personnes infectées qui deviennent retirées. Mathématiquement, le modèle SIR est donné par le système suivant :

$$\begin{aligned}\frac{dS(t)}{dt} &= -\beta S(t)I(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} &= \beta S(t)I(t) - \gamma I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} &= \gamma I(t)\end{aligned}$$

Les dérivées d/dt permettent de connaître la variation (c'est à dire si c'est croissant ou décroissant) des fonctions S , I et R en fonction du temps t , afin d'en décrire l'évolution au cours du temps. Le terme $S(t)I(t)$ représente le nombre de contacts entre des personnes saines et des personnes infectées. β étant le taux de transmission. De même, parmi les personnes infectées, certaines vont guérir : γ étant le taux de guérison

? D'après ces expressions, de quoi dépend la variation du nombre d'infectés ?

Le *taux de reproduction* R_0 est le nombre moyen de cas secondaires produits par un individu infectieux au cours de sa période d'infection.

Au début de l'épidémie, l'expression de R_0 est β/γ puisque $1/\gamma$ représente la durée moyenne de la maladie et qu'au début, les personnes rencontrées sont presque toutes saines.

Source : <http://images.math.cnrs.fr/Modelisation-d-une-epidemie-partie-1.html>

La rougeole a un taux de reproduction de base (R_0) entre 15 et 20 (une personne infectée peut contaminer jusqu'à 15 à 20 personnes non immunisées).

La forme initiale du SARS Cov2 avait un R_0 proche de 2,5, le variant Alpha autour de 4, le variant Delta compris entre 6 et 8. Le variant Omicron pourrait avoir un R_0 autour de 12 ou 15, proche de la rougeole, parmi les plus contagieux connus. On prendra $\beta/\gamma = 15$.

On prendra $1/\gamma = 5$ jours comme durée moyenne de contagion.

■ Calculer β

■ Calculer γ

Matériel disponible :

- Logiciel edu'modèle - modélisation analytique
<http://acver.fr/rx2>
et sa fiche technique



- Le modèle epidemieSIR.modele
<http://acver.fr/rx3>



Objectif : Montrer l'impact des mesures de distanciation sociale sur la propagation d'une épidémie.

- ?** Quel paramètre du modèle est affecté par les mesures de confinement ?
-
-

- ☒ Modifier les paramètres du modèle pour le variant Omicron
- ☒ Faire tourner le modèle en faisant varier la valeur de ce paramètre pour modéliser différents niveaux de confinement : *ne rien faire, isolement des cas, isolement des cas + quarantaine des cas contacts, fermeture des écoles et des universités*. Vous choisirez les valeurs de manière arbitraire.
- ✎ Vous exporterez chaque résultat au format csv.

Présenter les résultats pour les communiquer

- **Construire un graphique superposant l'évolution du nombre d'infectés en fonction du temps avec différents types de confinement.**
Pour ouvrir les fichiers csv dans le tableur, choisir uniquement ; comme séparateur
Vous collerez le graphique dans une page du traitement de texte avant impression.

Exploiter les résultats pour répondre à un problème

Justifiez l'intérêt des mesures de confinement d'après le modèle.

Et la vaccination ?

- ?** Proposez une évolution de ce modèle en complétant le schéma ci-dessous avec la vaccination



