

République Algérienne Démocratique et Populaire
Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique
Université M'Hamed BOUGARA – BOUMERDES

Faculté des sciences
Département de Mathématiques



Mémoire de fin d'étude

Pour l'obtention du diplôme de Master en Recherche Opérationnelle et Management stratégique

**Epidémiologie mathématiques et modélisation
de la pandémie du
COVID-19**

Présenté par :

Aggoun Meriem & Bia Khadidja

Devant le jury composé de :

Président :	M^{me} Barka.S	M.A.A	U.M.B.B
Examinatrice :	M^{me} Ferjallah.B	M.A.A	U.M.B.B
Promoteur :	M^r Cheurfa.F	M.C.B	U.M.B.B
Promotrice :	M^{me} Firoud.F	M.A.A	U.M.B.B

Année universitaire : 2021/2022

REMERCIEMENT

Tout d'abord, nous remercions le bon Dieu qui nous a donnée la force, la santé, la patience, la volonté et le courage qui nous ont permis de terminer nos études par la réalisation de ce modeste travail .

Nous tenons a remercier vivement nos très chères parents pour leur amour inconditionnel et leur soutien permanent et sans faille. Nous remercions tout particulièrement nos promoteurs **Mme Firoud** , **Mme Drici** et **Mr Cheurfa** pour avoir accepté de nous encadrer, et nous avoir encourager, consacrer leurs temps précieux et nous avoir accordé leur attention avec une extrême patience et pour leur disponibilité et leur conseils .

Nous adressons nos sincères remerciements à **Mr Firani** le chef du département , **Mr M.Grazem** et l'ensemble des enseignants qui nous ont accompagnés dans notre parcours académique spécialement de spécialité Recherche Opérationnelle et le personnel d'administration de la Faculté des Sciences Université M'hamed Bougara de Boumerdès en générale et le département Mathématique exceptionnellement qui ont contribué à notre formation.

Nous remercions les membres de jury d'avoir accepté d'évaluer et juger notre présent travail.

Nous profitons de cette occasion pour remercier nos familles et nos amis pour leur aide et leur soutien.

Pour finir, nous souhaitons adresser nos sincères remerciements à tous ceux qui ont contribué, de près ou de loin, à la réalisation de ce mémoire .

Dédicace

C'est avec le sentiment le plus profond de mon cœur que

je dédie ce travail :

À mon chère marie Djamel qui m'a encouragé, soutenue et aidé pendant ces deux ans que Dieu te garde pour moi

À la source de la tendresse et de l'amour, à celle qui m'a offert une enfance très heureuse et celle qui a su être toujours à mes côtés dans la joie et la peine,

ma mère Que Dieu te garde pour nous.

À la mémoire de mon cher père, j'aurais tant aimé que vous soyez présent. Que dieu ait vos âmes dans sa miséricorde

À mon très cher fils Khaled Amir.

À mes chers frères Amine, Chamso

À ma chère sœur Sarah et son marie.

À mes chers neveux et nièce Aylan et Amira.

À ma très chère cousine Zineb

À ma belle-famille particulièrement ma belle-mère.

À ma binôme Lydia pour sa patience sa gentillesse et sa générosité tout le long de nos études, ainsi à toute sa famille.

Je ne saurai terminer sans citer mes amies Yasmine, Meriem, Ikram et Sonia Que dieu vous protège.

MERIEM

Dédicace

Je dédie ce mémoire A ma mère Fatiha , mon point de départ, la lumière de mes jours, la source de mes efforts, ma vie et mon bonheur, aucune dédicace ne saurait être assez éloquente pour exprimer ce que tu mérites pour tous les sacrifices que tu n'as cessée de me donner depuis ma naissance, durant mon enfance et même à l'âge adulte .

A mon cher mari Mohamed , l'homme de ma vie, mon exemple, ma source de joie et de bonheur, pour la patience, le soutien moral, et les sacrifices pendant toute la durée de ce travail pour me voir réussir, aucune dédicace ne saurait exprimer l'amour, l'estime, et le respect que j'ai toujours pour vous.

A mes anges et mes chers enfants Adem Yanis et Sarah Celia, que dieu vous protégez pour moi .

A Mon frère Sidali , mes sœurs Hana et Safa qui m'ont toujours aidé et encouragé, qui étaient toujours à mes côtés, qui n'ont jamais cessés de me soutenir, je vous souhaite un meilleur avenir plain de réussite, Que Dieu vous protégez .

A La Mémoire de Mon Père, j'aurais tant aimé que vous soyez présent, Que Dieu ait vos âmes dans sa sainte miséricorde.

Tous les mots ne sauraient exprimer La gratitude, L'amour, Le respect, La reconnaissance Aussi, c'est tout simplement qu'aucune dédicace ne saurait exprimer mon respect, mon amour éternel et ma considération pour les sacrifices que vous avez consenti pour mon instruction et mon bien être .

Que ce modeste travail soit l'exaucement de vos vœux tant formulés, le fruit de vos innombrables sacrifices, bien que je ne vous en acquitté jamais assez. Que Dieu, le tout puissant vous accorde Santé, Bonheur, Longue Vie et faire en sorte que jamais je ne vous déçoive.

A tous mes amis, qui m'ont toujours encouragé, qui n'ont jamais cessé de me soutenir, notamment par leurs prières.

A mon binôme Meriem avec qui j'ai réalisé ce mémoire dans un environnement plein de motivation et du travail dur jours et nuits. En souvenir de tous les moments qu'on a vécu ensemble durant notre mémoire je te remercie infiniment et je te souhaite une vie pleine de bonheur et de réussite .

KHADIDJA

Liste des Figures

Figure 2-1 : Représentation du processus de contagion	10
Figure 2-2 : Schéma de transmission du modèle SI	16
Figure 2-3 : Modèle SI - Evolution des populations S et I au cours du temps.	17
Figure 2-4 : Schéma de transmission du modèle SIR	18
Figure 2- 5 : Modèle SIR - Evolution des populations S,I et R au cours du temps	18
Figure 3-1 : Coronavirus	22
Figure 3-2 : Les symptômes du COVID-19	23
Figure 3-3 : Evolution de npmbre de nouveau cas confirmés et nouveau décès ..	26
Figure 3-4 : Quelques estimation du taux de reproduction du COVID-19 dans plusieurs pays au début de l'épidémie	30
Figure 3-5 : Le taux de létalité pour le COVID-19 en Chine dans ma période entre le er janvier et février	35
Figure 3-6 : Diagramme de transmission du modèle SEIR	39
Figure 3-7 : Diagramme de transmission du modèle SIQ	42
Figure 3-8 : Comparaison du comportement déterministe et stochastique avec les cas quotidiens de COVID-19	44
Figure 4-1 : Logo du langage MATLAB	47
Figure 4-2 : Schéma de transmission de modèle SEIRD	48
Figure 4-3 : Les statiques de COVID-19	49
Figure 4-4 : Les données utilisés dans le programme	49
Figure 4-5 : Les résultats de prédiction du modèle SEIRD pour la propagation de COVID-19 en Algérie	50

Liste des Tableaux

Tableau 3-1 : Période d'incubation pour différentes maladies	31
Tableau 3-2 : Les taux de létalité pour le COVID-19 en Chine dans la période entre le 1er janvier et 20 février 2020	34

Introduction Générale

La modélisation mathématique des maladies infectieuses est un outil pour étudier la façon dont les maladies se propagent, prévoir la trajectoire future d'une épidémie et aider à orienter la planification de la santé publique et la lutte contre les maladies infectieuses. Les modèles utilisent des équations mathématiques pour estimer le nombre de cas de maladie qui pourraient survenir dans les semaines ou les mois à venir. Ils aident les chercheurs à simuler des possibilités réelles dans un environnement virtuel. Bien que les modèles ne puissent pas prédire ce qui se passera, ils peuvent nous aider à comprendre ce qui pourrait se passer dans certains scénarios.

Cela peut nous aider à planifier et à agir pour obtenir le meilleur résultat possible.

Il est évident que toute modélisation est, de par sa nature, une abstraction et a surtout vocation à susciter la réflexion, et éventuellement, à éclairer la prise de décision. Il est important de préciser qu'aucun modèle ne peut appréhender toute la complexité de la propagation de cette maladie. La prédiction de l'évolution de la propagation du virus reste délicate alors que de nombreuses incertitudes subsistent à son sujet. Les modèles mathématiques ne prennent pas en compte tous les paramètres dont l'épidémie dépend mais ils donnent une idée sur la propagation dans le futur proche. Ils ciblent des populations humaines en interaction, leur fréquence, leur distribution dans le temps (et dans l'espace), et proposent des prévisions sur ces densités de populations, qu'elles soient saines, infectées ou guéries.

Un modèle épidémiologique se fonde sur deux concepts : les compartiments et les règles.

Les compartiments divisent la population en divers états possibles par rapport à la maladie.

Tandis que les règles spécifient la proportion des individus passant d'un compartiment à un autre [10] [20].

L'épidémie actuelle de coronavirus remet l'épidémiologie au premier plan. Une partie de cette discipline consiste à modéliser l'évolution de l'épidémie grâce à des outils mathématiques.

Ces outils peuvent consister en un système d'équations aux dérivées partielles, de la théorie des graphes, des probabilités ou encore la science des données et analyse statistique. Dans le cas d'une représentation mathématique à l'aide d'équations différentielles, si ces dernières deviennent trop compliquées, des simulations apportent un éclairage sur le comportement de la maladie.

Notre objectif dans le présent mémoire, est doublé.

D'une part, nous visons dresser un état des lieux de la connaissance et une synthèse bibliographique portant sur la modélisation mathématique en épidémiologie puis pour le COVID-19, en présentant un ensemble de modèles mathématiques bien connus dans la littérature du domaine .

Et d'autre part, mener une étude expérimentale de modèles mathématiques SEIRD, à base de la simulation numérique en utilisant le logiciel MATLAB, pour étudier la propagation de COVID-19 en Algérie et estimer quelques paramètres associés à l'évolution de cette maladie au niveau national durant une année à partir de 12 mars 2020 .

Le manuscrit est divisé en trois chapitres :

- Dans le premier chapitre, nous définissons quelques termes épidémiologiques puis nous avons fait une petite aperçue historique sur les modèles mathématiques appliquées en épidémiologie.
- Dans le deuxième chapitre, nous donnons un aperçu sur la modélisation statistique et les principaux paramètres utilisés dans la modélisation mathématique des épidémies .
De plus, nous présentons un ensemble de modèles classiques les plus connus dans la littérature de l'épidémiologie mathématique.
- Dans le troisième chapitre, nous présentans la pandémie actuelle COVID-19, son mécanisme de transmission et ses paramètres, puis nous mettons l'accent sur quelques travaux portant sur sa modélisation mathématique .
- Dans le quatrième chapitre , nous étudions la propagation de covid-19 en Algérie c'est la partie pratique de notre mémoire .

Partie Théorique

Chapitre 1 : Aperçu historique

1.1 Introduction

La modélisation de la transmission et de la diffusion d'une maladie permet de concevoir des outils de prévision épidémiologique et d'alertes précoces contribuant ainsi à l'optimisation des stratégies de prévention et de contrôle [25] .

Cette modélisation est réalisée par le biais d'outils comme les modèles mathématiques qui permettent l'étude de la propagation temporelle et spatiale des épidémies.

En effet la survenance et la persistance de nombreuses maladies infectieuses comme la **grippe** et le **SIDA**, et actuellement le **corona-virus-covid19**, posent des questions théoriques et pratiques qui ne peuvent être abordées sans une étude mathématique des dynamiques naturelles des infections au sein des populations concernées. [16]

1.2 GENERALITES

1.2.1 Définitions de quelques termes épidémiologiques

✓ **Endémie**

Une endémie désigne la présence habituelle d'une maladie dans une région ou une population déterminée, soit de façon constante, soit à des périodes particulières .

✓ **Epidémie**

Une épidémie désigne la situation sanitaire dans laquelle on constate une augmentation inhabituellement rapide du nombre d'individus infectés en un lieu donné et pendant une période de temps limitée .

Elle est aussi liée à l'augmentation inhabituelle au-dessus d'un seuil déterminé du nombre de cas d'une maladie .

✓ **Epidémiologie**

C'est la science qui étudie les facteurs de risques et de propagation des maladies, dans des populations humaines, mais aussi, par extension animales, ou végétales. Elle vise en particulier la recherche des causes des maladies et l'amélioration de leurs traitements et moyens de prévention. Pour se faire, elle cherche à comprendre comment les pathogènes et les parasites se transmettent d'un individu à l'autre afin d'être capable de prédire les épidémies, leurs ampleurs dans le temps et dans l'espace .

- ✓ **Infecté** : Pour une maladie donnée, un infecté est un individu qui comporte en son sein le parasite responsable de la maladie .
- ✓ **Infectieux** : Pour une maladie donnée, un infectieux est un individu qui peut transmettre la maladie. Un individu infecté n'est pas forcément infectieux .
- ✓ **Latent** : Pour une maladie donnée, un latent est un individu infecté non infectieux .
- ✓ **Modèle épidémiologique** : Représentation mathématique d'un phénomène épidémiologique .
- ✓ **Pandémie** : Une pandémie est une épidémie qui s'étend à la quasi-totalité d'une population d'un ou de plusieurs continents, voire dans certains cas de la planète .
- ✓ **Susceptible** : Individu pouvant contracter une maladie donnée

1.3 Aperçu historique

La récente histoire de l'épidémiologie mathématique démarre vraisemblablement le 16 avril 1760, à l'Académie Royale des Sciences de Paris qui présente en lecture publique un travail de Daniel Bernoulli portant sur une analyse de la mortalité causée par la variole, et les avantages de l'inoculation [16] pour la prévenir .

A travers ce premier modèle mathématique de l'histoire de l'épidémiologie, qui n'est pas un modèle dynamique, Bernoulli pèse le pour et le contre de la variolisation et prédit que globalement la variolisation appliquée à l'échelle d'une population entière permettrait d'augmenter l'espérance de vie. Si le premier modèle épidémiologique date du XVIIIème siècle, ce n'est qu'à partir du début du XXème siècle, que l'épidémiologie mathématique s'est vraiment développée avec des modèles impliquant des processus dynamiques .

En 1906, en étudiant la récurrence des épidémies de rougeole, William HAMER construit un modèle discret dans lequel il postule que le nombre de nouveaux cas au cours d'une épidémie est proportionnel au produit du nombre de sujets infectés et du nombre de sujets susceptibles dans la population : c'est l'application de la loi dite « d'action de masse ».

En 1911, Sir Ronald ROSS publie un livre sur la prévention du paludisme, et il tente de formuler le premier d'une longue série de modèles mathématiques pour cette infection. L'essentiel de ses travaux avaient pour objectif d'étudier la relation entre l'incidence du paludisme et le pullulement des vecteurs.

Suite aux travaux qu'ils réalisent sur la grande épidémie de peste apparue à Londres entre 1665 et 1666, William Ogilvy KERMACK et Anderson Gray McKENDRICK³ publient entre 1927 à 1939, à Londres et à Cambridge, des modèles restés célèbres .

Apparaissent explicitement dans ces modèles les notions de taux d'infection et de guérison, de taux de retrait relatif, mais aussi le célèbre « théorème du seuil » qui constitue un résultat clé en épidémiologie.

Le théorème du seuil stipule que pour éviter une épidémie il suffit de ramener le nombre de sujets réceptifs en dessous d'un certain seuil.

A l'instar des modèles déterministes, les modèles épidémiologiques stochastique ont été développés au début du vingtième siècle. Pressenti par McKENDRICK en 1926, l'approche stochastique apparaît pour la première fois avec la publication à Cambridge des travaux de Major GREENWOOD. Mais c'est Norman T. J. BAILEY qui a systématisé l'approche stochastique avec la publication en 1957 d'un ouvrage intitulé « Mathematical Theory of Epidemics ».

Les développements observés concernent aussi bien les modèles à temps discret que les modèles à temps continu. Le plus connu des modèles stochastiques à temps discret reste celui proposé en 1928 par Wade Hampton FROST et Lowell REED, professeurs d'épidémiologie à l'université Johns HOPKINS. Ce modèle a été enseigné pendant de longues années, sans publication, car FROST pensait qu'il s'agissait d'une contribution trop modeste pour mériter d'être publiée.

En 1993 l'institut Isaac Newton de Cambridge a abrité un semestre de travail sur la question des modèles épidémiologiques stochastiques.

De ces travaux trois collections d'articles réalisés par Mollison [9], par Isham et Medley [25][27] et par Grenfell et Dobson [21] ont été publiées. La revue de littérature effectuée dans le cadre de ce mémoire a aussi permis de mettre en évidence les travaux des contributeurs Daley et Gani, Anderson et Britton [16].

Malgré une surveillance permanente et continue des maladies infectieuses, il est à constater que leur étiologie [25] reste encore largement méconnue.

Trois pandémies de grippe ont été recensées au XX^{ème} siècle :

- a) La grippe espagnole de 1918-1919 à virus H1N1 qui fit entre 40 et 100 millions de morts .
- b) La grippe asiatique en 1957 à virus H2N2 qui fit entre 1 et 4 millions de morts .
- c) La grippe de Hong Kong en 1968 à virus H3N2 qui fit entre 1 et 2 millions de morts.

En effet, cette maladie est la cause d'une morbidité et d'une mortalité importante jusqu'à présent car selon OMS2, l'estimation de la mortalité par la grippe saisonnière est évaluée à presque 250 000 à 500 000 et entre 3 et 5 millions de cas graves par an dans le monde .

En épidémiologie, les maladies infectieuses possèdent deux concepts :

l'infectiosité et la contagiosité . Dans le premier processus, un individu contracte une maladie infectieuse lorsqu'il rentre en contact avec un foyer qui représente le site principal de la maladie à partir duquel elle se propage et qui peut être de plusieurs natures.

Dans le deuxième processus, on recherche les modes et les voies de transmission

De la maladie d'un individu vers un autre selon les modes de transmission Direct (du réservoir du germe à l'hôte) ou Indirect (par l'intermédiaire d'un vecteur ou d'un support qui véhicule le germe).

Certaines problématiques liées à la propagation des maladies transmissibles sont de nature complexe et font intervenir de nombreux facteurs issus de domaines différents, de nature qualitative et/ou quantitative. Ces facteurs sont considérés comme les principales causes de la propagation de ces maladies au sein de la population humaine. Ils sont multiples et liés à plusieurs facteurs qu'il convient d'analyser dans une dimension globale, à savoir les caractéristiques et la dynamique de la maladie (mode de transmission, durée d'infections, etc.), la structure sociale des individus comme la concentration de la population dans les zones urbaines et les rencontres, les facteurs socio-économiques

(Démographie incluse), et l'environnement (climat, pollution, etc.).

D'une manière générale, les objectifs d'une surveillance épidémiologique sont :

1. de connaître l'incidence et les caractéristiques d'une maladie infectieuse.
2. d'étudier la dynamique de diffusion sociale, temporelle et spatiale d'une maladie et d'en prédire l'extension.
3. de disposer de système et d'indicateurs d'alerte d'épidémie afin d'intervenir lors d'une épidémie pour interrompre la chaîne de transmission.
4. de connaître les facteurs de risque des infections afin de proposer les mesures de Prévention et des recommandations les plus adaptées.
5. d'évaluer les actions de prévention .

Chapitre 2 : La modélisation mathématique en épidémiologie

2.1 Introduction :

L'épidémiologie est une branche interdisciplinaire de la science, elle utilise différents concepts mathématiques afin d'étudier des phénomènes biologiques, notamment les épidémies. La modélisation mathématique d'une épidémie donc consiste à en créer une représentation mathématique, dont le rôle du modélisateur est d'estimer les valeurs des paramètres qui feront correspondre au mieux « l'épidémie modélisée » à l'épidémie réelle, elle suppose donc des « allers-retours » entre le calcul mathématique et les données issues du terrain.

2.2 Concepts de base

2.2.1 Que ce qu'un modèle ?

Un modèle est une description de la réalité établie dans un langage précis, mais cette description doit permettre des prévisions ou des explications :

- Prévisions des valeurs de certaines variables difficilement accessibles ou des valeurs futures, par exemple au moyen de calculs, de dessins ou du fonctionnement d'un mécanisme analogique ;
- Explications de phénomène complexes à partir de phénomènes simplificatrices, de principes généraux ou par coordination de mécanismes simples .

2.2.2 Modélisation en épidémiologie

L'épidémiologie Moderne s'intéresse à des facteurs aussi nombreux que variés tels que le mode de transmission, la période d'infectieuse et de latence, c'est aussi l'étude de l'état de santé des populations, de leurs variations et de leurs causes[24]. L'idée commune a presque tous les modèles épidémiologiques, consiste à partitionner la population en différent compartiments disjoints, où chaque compartiment regroupe une certaine classe de la population, susceptibles, infectés, ayant le même état vis-à-vis de la maladie. Le but essentiel de tous les modèles proposés, est de comprendre et par la suite contrôler dans la mesure du possible l'évolution de la chaque maladie. Nous commençons par donner la définition du nombre de base R_0 , nombre qui, on le verra par la suite est essentiel pour assimiler l'évolution de toute maladie infectieuse. Une maladie est dite endémique si elle persiste dans une population. Elle est dite épidémique si elle apparaît pendant une période relativement courte dans une population (moins d'une année par exemple). L'épidémiologie s'occupe aussi bien des facteurs comme les agents infectieux, le mode de transmission, la période de latence, la

période infectieuse, la susceptibilité, la vaccination et la résistance que des facteurs sociaux, culturels, démographiques, économiques et géographiques .

2.2.3 Système dynamique

Rechenmann [22] définit un système dynamique comme : « Un ensemble d'entités en interaction. Du fait même de ces interactions, la valeur de grandeurs attachées à ces entités évolue dans le temps. C'est en étudiant l'évolution de ces valeurs que l'on cherche à comprendre et à prédire le comportement de ces systèmes. Cela repose sur leur représentation mathématique à l'aide d'équations différentielles ». On peut distinguer trois types de systèmes dynamiques : les systèmes stochastiques (aussi appelés systèmes aléatoires), les systèmes déterministes et les systèmes chaotiques .

2.2.4 Système complexe

Un système complexe est un système composé d'un ensemble d'éléments homogènes ou hétérogènes, interagissant les uns avec les autres générant ainsi un ensemble d'interconnexions. L'ensemble de ces interactions génère, sans aucune application d'un principe.

Nous distinguons alors deux niveaux :

- Un niveau local ou micro : représentent le niveau des composants, avec des propriétés locales à chacun d'eux ;
- Un niveau global ou macro : représentant l'ensemble du système.

La différence entre les systèmes simples et les systèmes complexes réside dans le résultat des interactions entre les composants du système. Pour étudier le comportement des systèmes complexes, on doit s'intéresser non seulement au comportement de leurs constituants, mais également à la manière dont ils se combinent pour façonner le comportement du système .

2.2.5 La modélisation mathématique en épidémiologie

La modélisation mathématique en épidémiologie connaît depuis quelques années un essor important dans la littérature, grâce aux nombreux avantages qu'elle apporte, elle peut traiter une variété de problèmes liée au domaine d'épidémiologie, telles que : la prédiction de l'évolution de la maladie à partir des données réelles, l'étude de la dynamique de l'épidémie afin d'identifier les solutions de contrôle les plus efficaces, ainsi, qu'elle permettra un suivi et une surveillance de l'épidémie, l'estimation des paramètres caractérisant la maladie, etc. Les modèles mathématiques en épidémiologie peuvent être classés en quatre

principales catégories : Les modèles discrets ou continus, les modèles d'EDO (Equations Différentielles Ordinaires), les modèles d'EDP (Equations aux Dérivées Partielles) et les modèles déterministes ou stochastiques. La transmission d'une maladie infectieuse passe par plusieurs étapes, ces dernières peuvent être organisées sous forme d'un processus nommé : Le processus de contagion ou d'infection. Dans ce qui suit, nous introduirons le processus de l'infection suivi par une présentation de quelques modèles mathématiques de la propagation d'épidémies.

2.2.6 Le processus dynamique de l'infection :

La dynamique de la maladie et les conditions environnantes ont un impact important sur la diffusion de la maladie à large échelle. Un individu est atteint d'une maladie infectieuse lorsqu'il est mis en contact avec un foyer (appelé aussi agent pathogène) qui peut être de diverses natures (un individu infecté, un moustique, un puits, etc.). Le processus de contagion fait référence à un évènement de transfert de l'infection d'un agent pathogène à un autre. Dans la Figure nous illustrons le contexte dans lequel cet évènement prend place :

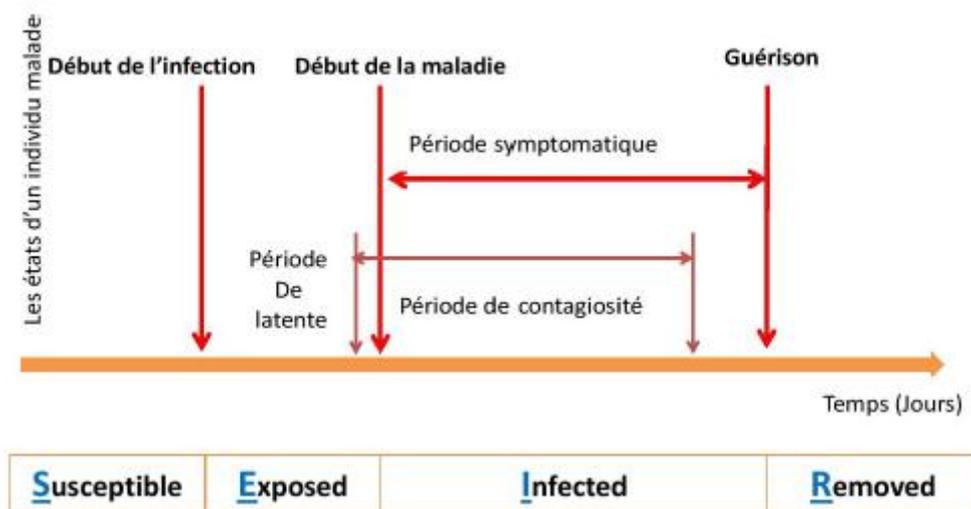


Figure 2-1 : Représentation du processus de contagion .

Cette présentation schématique démontre les différentes phases (états de la maladie). Le caractère contagieux d'un individu n'est acquis qu'après un temps de latence après l'infection. L'individu infecté reste contagieux un certain temps: il est alors soit prêt à contracter à nouveau la maladie, soit résistant à une nouvelle infection, soit mort. Cette dimension temporelle des mécanismes de contagion, s'exprime dans la modélisation des systèmes dynamiques .

2.2.7 Principe de la modélisation mathématique en épidémiologie

Le principe des modèles mathématique est comme suite :

- La transcription des différents liens existant entre la transmission de la maladie et les autres facteurs (les facteurs de risque, l'environnement, etc.) sous forme d'un modèle d'équation mathématique .
- L'utilisation des observations de terrain pour estimer les paramètres du modèle .
- Ces modèles peuvent servir à quantifier l'effet de la variation de certains facteurs ou de mesures de contrôle sur le niveau de transmission .

2.3 Branches de l'épidémiologie et ses champs d'application

On distingue principalement trois branches de l'épidémiologie, descriptive, étiologique et évaluative :

- L'épidémiologie descriptive dont l'objectif est d'identifier les problèmes de santé ; elle a pour but l'étude de la fréquence et de la répartition dans le temps et l'espace des états de santé de groupes d'individus .
- L'épidémiologie explicative (ou analytique ou étiologique) dont l'objectif est de connaître leurs causes ;
- L'épidémiologie évaluative dont l'objectif est d'évaluer les solutions apportées à ces problèmes (actions de santé).

Dans chacune des trois branches, la récupération des données s'appuie sur une méthodologie rigoureuse, c'est-à-dire sur l'élaboration d'un protocole d'enquête qui doit respecter des règles strictes. Le principal critère qui permet de classer les différents types d'enquêtes est le moment où sont recueillies les données. Au niveau pratique, on distingue deux champs d'application :

- L'épidémiologie de population ou « classique » qui concerne les études épidémiologiques en population générale. Elles ont pour objectif l'élaboration de stratégies en santé publique. Et sont fondées sur la description et la mesure des phénomènes de santé dans une population
- L'épidémiologie clinique ou « recherche clinique », où, il s'agit des études épidémiologiques sur des populations de patients en vue d'améliorer les connaissances et techniques médicales en vue de leurs applications à l'activité clinique courante. (Permettant l'amélioration des connaissances et stratégies médicales, ainsi que l'évaluation de leurs applications dans le cadre d'activités cliniques).

2.4 Analyse statistique et modélisation :

2.4.1 Modélisation statistique

La modélisation statistique consiste essentiellement à définir des outils appropriés pour modéliser des données observées, en tenant compte de leur nature aléatoire. Les méthodes de modélisation statistique sont, en fait, très nombreuses [4][19].

La croissance considérable des masses de données enregistrées dans différents secteurs (internet, biologie à haut débit, marketing...), le besoin d'exploiter ces données sur le plan statistique, ainsi que les outils modernes de calcul ont donné naissance ces dernières années à de nombreux modèles statistiques, de plus en plus sophistiquées en temps calcul. Nous citons principalement :

✓ *Le modèle linéaire (gaussien) de base :*

À la fois le plus simple, le plus ancien et le plus connu des modèles statistiques, il englobe essentiellement la régression linéaire, l'analyse de variance et l'analyse de covariance. Dans ce modèle, les variables explicatives ne sont pas aléatoires. Pour pouvoir être exploité pleinement, ce modèle nécessite l'hypothèse de normalité des erreurs, donc de la variable à expliquer.

✓ *Le modèle linéaire généralisé :*

Il généralise le précédent à deux niveaux : d'une part, la loi des erreurs, donc de la variable réponse, n'est plus nécessairement gaussienne, mais doit appartenir à l'une des lois de la famille exponentielle ; d'autre part, la liaison linéaire entre l'espérance de la variable réponse et les variables explicatives se fait à travers une fonction particulière appelée fonction lien .

✓ *Les modèles non linéaires :*

De façon très générale, il s'agit de modèles permettant d'expliquer la variable réponse (aléatoire) au moyen des variables explicatives (non aléatoires dans les modèles usuels), à travers une fonction quelconque, inconnue (on est donc en dehors du cadre du modèle linéaire généralisé) .

✓ *Les modèles mixtes :*

On désigne sous ce terme les modèles permettant d'expliquer la variable aléatoire réponse au moyen de diverses variables explicatives, certaines étant aléatoires (on parle en général de facteurs à effets aléatoires) et intervenant dans la modélisation de la variance du modèle, d'autres ne l'étant pas (on parle de facteurs à effets fixes) et intervenant dans la modélisation de la moyenne. On trouve ainsi des

modèles linéaires gaussiens mixtes, des modèles linéaires généralisés mixtes et des modèles non linéaires mixtes.

✓ *Les modèles pour séries chronologiques :*

Les séries chronologiques sont des observations, au cours du temps, d'une certaine grandeur représentant un phénomène économique, social ou autre. Ces données répétées et séries chronologiques ont en commun de rendre compte de l'évolution au cours du temps d'un phénomène donné, on notera que ces deux types de données ne sont pas réellement de même nature (dans une série chronologique, ce sont rarement des personnes ou des animaux que l'on observe).

Au niveau des modèles décrits précédemment, il y a presque toujours une variable privilégiée, en général appelée variable à expliquer, ou variable réponse, et notée Y (il s'agit d'une variable aléatoire). Le but est alors de construire un modèle permettant d'expliquer "au mieux" cette variable Y en fonction de variables explicatives observées sur le même échantillon [30].

Dans la pratique, un modèle statistique n'est réellement opérationnel que si l'on précise la loi de probabilité P_i (cas des variables aléatoire indépendantes et identiquement distribuées) ou les lois P (cas seulement indépendant). Après avoir ainsi précisé la loi de probabilité (ou la famille de lois de probabilité) du modèle, il reste d'abord à faire des tests, d'une part pour essayer de simplifier le modèle retenu, d'autre part pour tester la signification de ce dernier, ensuite à en estimer les paramètres. C'est tout ce travail, choix de la loi de probabilité ou de la famille des lois, tests, choix du modèle, estimation des paramètres du modèle retenu, validation du modèle qui constitue la modélisation statistique.

2.4.2 Analyse statistique et Recherche opérationnelle

La recherche opérationnelle intervient lorsqu'il s'agit de prendre des décisions. Les conséquences de ces décisions peuvent être plus ou moins bonnes. Le principal objet de la recherche opérationnelle consiste précisément à fournir des données qui permettent de retenir la meilleure décision, c'est-à-dire celle dont les effets seront les plus favorables. Mais il faut un critère de choix, ce qui signifie qu'on doit pouvoir, de façon objective, préférer une décision à une autre. Ce critère de choix n'est valable que si les conséquences probables de chacune des décisions peuvent être constatées numériquement, quantitativement. Mais il est alors nécessaire que les influences particulières qui affectent le problème et la solution puissent aussi être exprimées sous une forme quantitative.

L'emploi de la statistique est par conséquent indispensable, car dans toute recherche opérationnelle, il faut que les données numériques requises soient

rassemblées selon les méthodes statistiques. La recherche opérationnelle est donc finalement impensable sans statistique. Grâce à celle-ci, les données quantitatives pour la formulation du problème peuvent être réunies. Ces données sont ensuite transformées en solutions à l'aide de méthodes scientifiques déterminées. Ces solutions sont ensuite comparées entre elles quant à l'objet à atteindre. L'enchaînement de ces données quantitatives par des méthodes de solution scientifiques constitue le modèle de recherche opérationnelle [7][13].

2.4.3 Application en épidémiologie : aide à la décision sanitaire

L'épidémiologie descriptive comme déjà défini a pour objet de décrire les variations dans le temps, l'espace ou à travers différents groupes sociaux de l'état de santé et des facteurs de risques de la population, à partir de données obtenues exhaustivement ou grâce à des échantillons de la population. La connaissance de l'état de santé d'une population s'exprime au moyen de données numériques appelées indicateurs de santé qui sont des variables quantitatives représentant certaines composantes de l'état de santé [2] [26] .

Quand l'échantillon est constitué au hasard, il s'agit d'un échantillon aléatoire. Seul un échantillon aléatoire peut être réellement représentatif de la population ciblée, c'est-à-dire que les résultats obtenus sur cet échantillon peuvent être extrapolés à l'ensemble de la population.

La démarche essentielle consiste à établir des taux en rapportant le nombre de personnes présentant une condition donnée à l'effectif de la population concernée, et cela pendant une certaine période de temps. Ces taux permettent d'étudier la fréquence des problèmes en fonction des caractéristiques des personnes (sexe, âge, profession...), de leur répartition géographique, de leur évolution dans le temps. Il s'agit ainsi de produire des connaissances, afin d'apprécier le niveau de santé de la population et de ses différents sous-groupes, de repérer des problèmes de santé émergents (surveillance épidémiologique), de formuler des hypothèses qui serviront ensuite à concevoir des enquêtes de type analytique, d'aider à choisir les moyens à mettre en œuvre pour améliorer l'état de santé, notamment en termes d'actions de prévention.

L'épidémiologie descriptive est un outil au service de la politique de santé en général, qui s'applique en particulier au champ de la santé au travail. il est plus souvent nécessaire de concevoir et de conduire des enquêtes épidémiologiques spécifiques, on parle d'enquêtes :

- Transversales : il s'agit d'investigations de courte durée destinées à appréhender les phénomènes présents au moment de l'enquête, c'est une photographie à un moment donné ;

- Prospectives : elles consistent à suivre un groupe de sujet afin d'étudier les phénomènes qui les affectent au cours du temps ;
- Rétrospectives : elles étudient des phénomènes antérieurs au moment de l'enquête .

En milieu de travail par exemple, la surveillance épidémiologique consiste à effectuer, de façon systématique et régulière, le recueil, le traitement statistique et l'interprétation de données démographiques, de données sur l'état de santé et d'informations décrivant l'activité professionnelle.

Il s'agit de choisir des indicateurs de l'état de santé d'une population de travailleurs dans une entreprise, un secteur ou plusieurs secteurs d'activités, constituant une cohorte, et de les suivre pour détecter des phénomènes de santé « anormaux ». La surveillance épidémiologique est avant tout un outil d'alerte et a un objectif interventionnel. Elle peut, en identifiant des problèmes, donner lieu à des études épidémiologiques qui en préciseront l'ampleur et en rechercheront les causes et permettre la mise en place de mesures de maîtrise des risques .

En particulier, un suivi épidémiologique peut conduire à l'investigation d'un « cluster », ou excès supposé de cas de maladies dans une population [8] .

2.5 Quelques modèles mathématiques en épidémiologie

Daniel Bernoulli [3] fut l'un des premiers mathématiciens qui a tenté de modéliser les effets de la maladie dans une population. Il a utilisé un modèle déterministe où il a proposé un modèle pour estimer les avantages de l'inoculation variolique dans le but de réduire le taux de mortalité dans la population Française. A côté des modèles déterministes, il existe également d'autres modèles dénommés stochastiques. Dans la littérature associée à la modélisation mathématique d'épidémie, les modèles les plus connus sont les modèles Compartimentaux car ils sont très largement utilisés en permettant d'appréhender, à travers leur ajustement aux données disponibles, les facteurs d'hétérogénéité responsables de la propagation observée dans les populations hôtes. Ceci permet de définir les priorités qui doivent prévaloir dans la récolte des données afin d'affiner le paramétrage des modèles [23] .

Nous distinguons deux sortes de systèmes dynamiques couramment utilisées :

- *Déterministes*, basés sur un système d'équations différentielles ordinaires ou partielles
- *Stochastiques*, basés sur des équations différentielles stochastiques ou sur une modélisation markovienne par processus de saut.

2.5.1 Les modèles compartimentaux déterministes

Les modèles déterministes permettent de classer les individus en différents sous-groupes. Ils sont considérés parmi les modèles les plus utilisés pour décrire le

comportement des maladies infectieuses. Ainsi les modèles déterministes tentent de décrire et d'expliquer ce qui se passe sur la moyenne à l'échelle de la population. Ils intègrent des grandes populations. En général ces modèles sont relativement faciles à mettre en place, puisqu'ils nécessitent moins de données.

Un autre aspect important vient du fait qu'actuellement les logiciels informatiques exploitant ce type de modèles sont largement disponibles et conviviaux.

Les modèles compartimentaux sont utilisés pour faciliter les calculs de probabilité de contagion.

Ces modèles divisent la population en classes épidémiologiques. Elles permettent d'estimer comment le nombre d'individus dans chaque compartiment varie au cours du temps. Par abus de notation, la lettre utilisée pour représenter un compartiment est également employée pour représenter le nombre d'individus dans le compartiment.

2.5.1.1 Le modèle simple SI (Susceptibles, Infectives) de Hamer

Le SI (Susceptibles, Infectives) est le premier modèle dynamique simple, il a été développé par W. H. Hamer en 1906. Il suppose au départ qu'il n'y a ni décès ni guérison, et l'individu infecté reste et demeure contagieux jusqu'à la fin de sa vie. Ce modèle comprend donc deux compartiments :

- Les individus susceptibles d'être infectés (S).
- Les individus infectés (I).

Dans le domaine d'épidémiologie, nous pouvons schématiser le modèle d'épidémie par des boîtes ou des compartiments qui représentent les différents statuts dans lesquels peuvent se trouver les individus d'une population pendant la maladie, les changements d'états (statuts) possibles étant indiqués par des flèches. En effet, le schéma du modèle SI est illustré par la Figure :

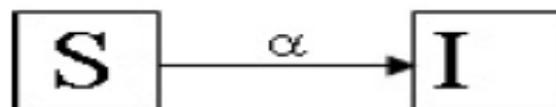


Figure 2-2 : Schéma de transmission du modèle SI .

La transmission de l'infection se fait à travers un contact direct entre des susceptibles S avec un ou des infectés I avec un facteur α de proportionnalité (aussi appelé taux d'infection ou taux de transmission). Le nombre de nouveaux cas atteints par l'infection pendant l'intervalle de temps dt sera égal à αSI . Cela conduit à deux équations différentielles :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = S'(t) = -\alpha.I(t).S(t) \\ \frac{dI}{dt} = I'(t) = \alpha.I(t).S(t) \end{cases}$$

Avec N est la population totale, $N = S(t) + I(t)$.

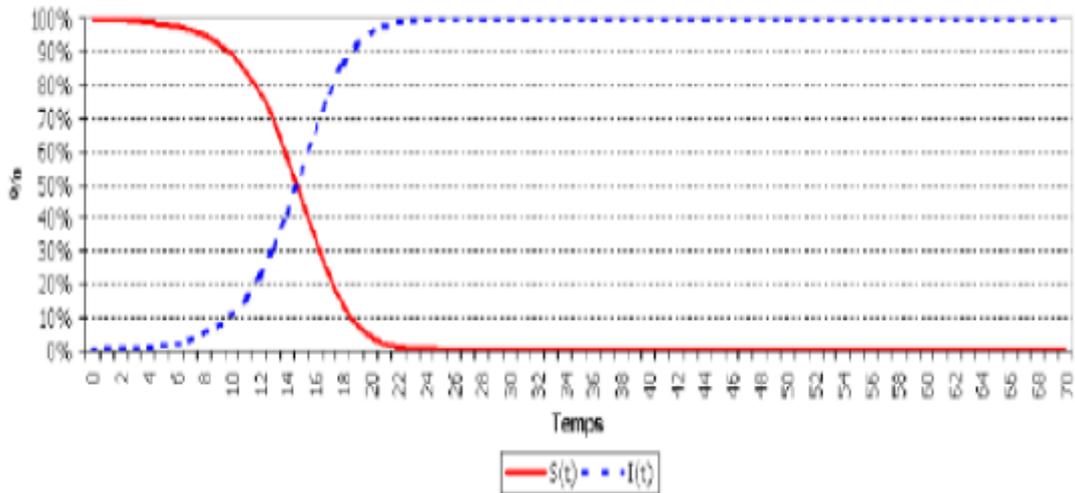


Figure 2-3 : Modèle SI - Evolution des populations S et I au cours du temps.

La figure 2.3 représente l'évolution des populations S et I pendant une durée de temps de temps en 70 jours.

La population compte 100 individus sains à l'instant $t = 0$, dans laquelle on introduit un individu infecté. On remarque que la population va progressivement passer de l'état S à l'état I.

2.5.1.2 Le modèle simple SIR (Susceptibles, Infectives, Removed)

Ce modèle a été proposé en 1927 par les deux chercheurs :

W.O. Kermack et A.G. McKendrick

Leur méthode est toujours considérée comme valide, elle est largement utilisée dans des travaux de recherches d'actualité

A l'époque, l'objectif des deux chercheurs était de comprendre pourquoi la grande pandémie de grippe espagnole de 1918 n'avait pas infecté toute la population. Le modèle est composé principalement de trois compartiments comme le montre la Figure :

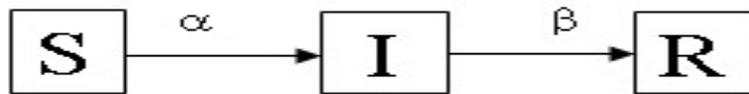


Figure 2-4 : Schéma de transmission du modèle SIR .

Trois populations à définir :

$S(t)$: nombre d'individus sains

$I(t)$: nombre d'individus malades

$R(t)$: nombre d'individus retirés qui correspond à la population qui quitte le compartiment des infectés par guérison et immunisés contre la maladie, décès, etc.

À ces trois états différents, nous pouvons associer trois équations d'évolutions propres telles que

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = S'(t) = -\alpha \cdot I(t) \cdot S(t) \\ \frac{dI}{dt} = I'(t) = \alpha \cdot I(t) \cdot S(t) - \beta \cdot I(t) \\ \frac{dR}{dt} = R'(t) = \beta \cdot I(t) \end{cases}$$

Avec N : la population totale, $N = S(t) + I(t) + R(t)$ et $S(0) = S_0 > 0$, $I(0) = I_0 > 0$

Ce modèle est généralement utilisé pour décrire des maladies développent une immunité.

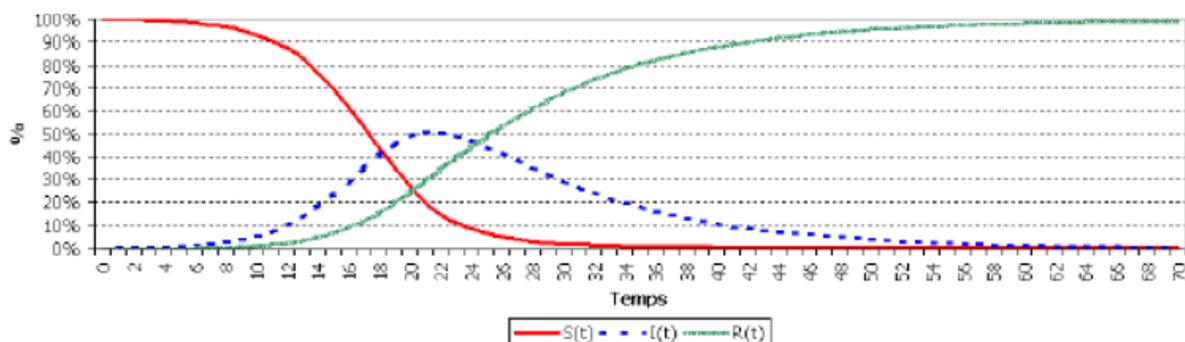


Figure 2-5 : Modèle SIR - Evolution des populations S,I et R au cours du temps

La figure 2.5 représente l'évolution des populations S; I et R avec les mêmes hypothèses que l'exemple précédent. On constate que le nombre d'infectés croît jusqu'à un maximum (pic épidémique) pour diminuer ensuite. Le nombre d'individus susceptibles tend vers zéro, et la population passe progressivement dans l'état retiré.

Autres extensions du modèle SIR

Le modèle SIR est la base de la plupart des modèles étudiant le phénomène de la diffusion de la grippe. Il est aujourd'hui régulièrement utilisé comme par exemple dans le cas de la grippe A en 2009. De plus, ce modèle a subi des changements par l'ajout des extensions au modèle standard. Ces extensions de modèle ont tous les mêmes principes de base énoncés précédemment mais comprennent des degrés de complexité variés,

Nous présentons ci-dessous quelques extensions du modèle SIR avec leur interprétation et leur schéma :

Le modèle	Interprétation	Schéma
SIRS	Le modèle SIR avec immunisation temporaire : les individus de la classe R réintègrent après un délai la classe des susceptibles.	<pre> graph LR S[S] -- α --> I[I] I -- β --> R[R] R --> S </pre>
SEIR/ SEIRS	Le modèle SIR avec introduction d'une nouvelle classe Exposé et donc d'un nouveau compartiment qui précède l'apparition des symptômes : SEIR : immunité permanente; SEIRS : immunité temporaire.	<pre> graph LR S[S] -- α --> E[E] E -- β --> I[I] I -- γ --> R[R] R --> S </pre>
MSIR	Le modèle SIR avec immunité passive : un individu est né avec une immunité passive transférée naturellement de la mère.	<pre> graph LR M[M] -- μ --> S[S] S -- α --> I[I] I -- β --> R[R] </pre>
MSEIR/ MSEIRS	Le modèle SIR avec immunité passive et période de latence : Avec le facteur d'immunité passive, on ajoute la période de latence : MSEIR : immunité permanente, MSEIRS : immunité temporaire.	<pre> graph LR M[M] -- μ --> S[S] S -- α --> E[E] E -- β --> I[I] I -- γ --> R[R] R --> S </pre>

2.5.2 Modèle stochastique

Dans les modèles stochastiques, les systèmes aléatoires évoluent d'une façon aléatoire

(Au hasard) dans tout l'espace sans qu'aucune équation qui les dirige et sans qu'aucune prévision ne soit possible dans le temps.

Les deux chercheurs L.Reed et W, H. Frost ont développé le premier modèle mathématique stochastique pour décrire avec précision la propagation des

maladies dans les populations . Ce modèle développé dans les années 1920, est connu sous le nom du "modèle Reed-Frost d'épidémie".

Les modèles stochastiques font intervenir la statistique et les probabilités, ils conduisent à des résultats comportant des informations sur la variabilité des paramètres étudiés. De manière générale, les modèles déterministes sont plus simples que les modèles stochastiques qui tiennent compte du hasard.

2.5.2.1 Modèle SI Stochastique

Comme dans le modèle SI déterministe détaillé précédemment, S représente les susceptibles et I les infectieux, et β le taux de contact entre les susceptibles et les infectieux. Le nombre de nouveau cas est proportionnel au nombre de contacts entre les individus susceptibles et ceux qui sont infectieux. La population totale est N, et on a donc :

$$I = N - S$$

On introduit un individu contagieux dans la population, et la taille totale devient $N + 1$.

Notons $PS(t)$ la probabilité d'avoir S susceptibles à l'instant t. L'événement " avoir S susceptibles à l'instant $t + dt$ " peut se produire de deux façons : Soit qu'il y'a $S + 1$ personnes susceptibles à l'instant $t+dt$, ou bien qu'il y'a juste S personnes susceptibles en même instant.

Donc la probabilité $PS(t)$ d'avoir S personnes susceptibles à l'instant $t + dt$ est :

$$PS(t+dt) = P(S+1) (t+dt) \beta (S + 1) (N - S) + PS(t+dt) (1 - \beta (S + 1)(N - S)) dt$$

Cette équation n'est pas élémentaire à intégrer et elle conduit à des formules qui sont, même numériquement, très difficiles à manipuler. Seuls quelques exemples avec N relativement petit ont été calculés. D'une manière similaire on obtient une équation représentant le modèle SIR .

2.6 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons défini la notion de l'épidémiologie aussi bien que la modélisation statistique. Puis, nous avons présenté quelques modèles mathématiques bien connus en épidémiologie , à savoir les modèles déterministes et stochastiques .

Chapitre 3 : Modélisation mathématique du COVID-19

3.1 Introduction

Dans la lutte contre les maladies transmissibles, il est important de comprendre comment les agents infectieux se propagent dans la population pour évaluer l'impact des épidémies qu'ils génèrent, anticiper leur évolution ainsi que l'efficacité des mesures de contrôle. Les modèles mathématiques sont un outil utile pour décrire ces dynamiques épidémiques complexes et multifactorielles, et interpréter des données épidémiologiques souvent limitées. Depuis le début de la pandémie de COVID-19, l'Unité de Modélisation Mathématique des Maladies Infectieuses de l'Institut Pasteur a utilisé ces approches pour étudier la diffusion du virus SARS-CoV-2. Ces analyses permettent par exemple d'estimer les risques associés à l'infection SARS-CoV-2, d'évaluer l'impact des mesures de contrôle, de suivre la diffusion du virus SARS-CoV-2, en estimant par exemple la proportion de la population ayant été infectée par le SARS-CoV-2 .

3.2 Pandémie de covid-19

A la fin de 2019 L'Organisation Mondiale de Santé (OMS) a appris l'existence de ce virus lorsqu'un foyer épidémique de cas de « pneumonie virale » a été notifié à Wuhan, en République populaire de Chine, il s'est propagé au reste du monde en quelques mois et a été déclaré pandémie par l'Organisation de Nations Unies (ONU). La cause principale du virus reste à découvrir, mais on présume qu'il est apparu dans l'un des plus grands marchés aux animaux de la ville chinoise de Wuhan.

3.2.1 Coronavirus :

Les coronavirus forment une famille de virus variés qui peut infecter aussi bien l'homme que l'animal. Leurs noms signifient "virus en couronne" et vient du fait qu'ils possèdent tous un aspect en forme de couronne lorsqu'ils sont observés au microscope.

Les coronavirus ont été identifiés pour la première fois chez l'humain dans les années

1960. Il s'agit de virus causant des maladies émergentes, c'est-à-dire des infections nouvelles dues à des modifications ou à des mutations du virus . Les coronavirus humains causent principalement des infections respiratoires, allant du rhume sans gravité à des pneumopathies sévères parfois létales. Ils peuvent aussi s'accompagner de troubles digestifs tels que des gastro-entérites. Il existe quatre sous-groupes principaux de coronavirus, appelés alpha, bêta, gamma et delta. Et sept formes différentes dont quatre communes (moins graves que les autres) :

- 229E (alpha coronavirus).
- NL63 (alpha coronavirus).
- OC43 (bêta-coronavirus).
- HKU1 (bêta-coronavirus).

Et les trois formes les plus graves sont les suivantes :

- SRAS-CoV (le bêta-coronavirus qui cause le syndrome respiratoire aigu sévère, ou SRAS, identifié en Chine en 2002).
- MERS-CoV (le coronavirus bêta qui provoque le syndrome respiratoire du

Moyen-Orient, ou MERS découvert en 2012 en Arabie Saoudite).

Sars-SoV-2 identifié en Chine en décembre 2019. Ce coronavirus a beaucoup de similitudes avec celui du SRAS (origine animale, identique génétiquement à

80%, responsable d'infections pulmonaires) mais aussi des différences notables pour les scientifiques au niveau de sa contagion.

Il est contagieux dès le début des symptômes voire parfois en l'absence de symptômes alors que le SRAS l'était quelques jours après les premiers symptômes. Il existe aussi des formes bénignes et asymptomatiques du Covid-19 alors que le SRAS n'entraînait que des formes sévères.

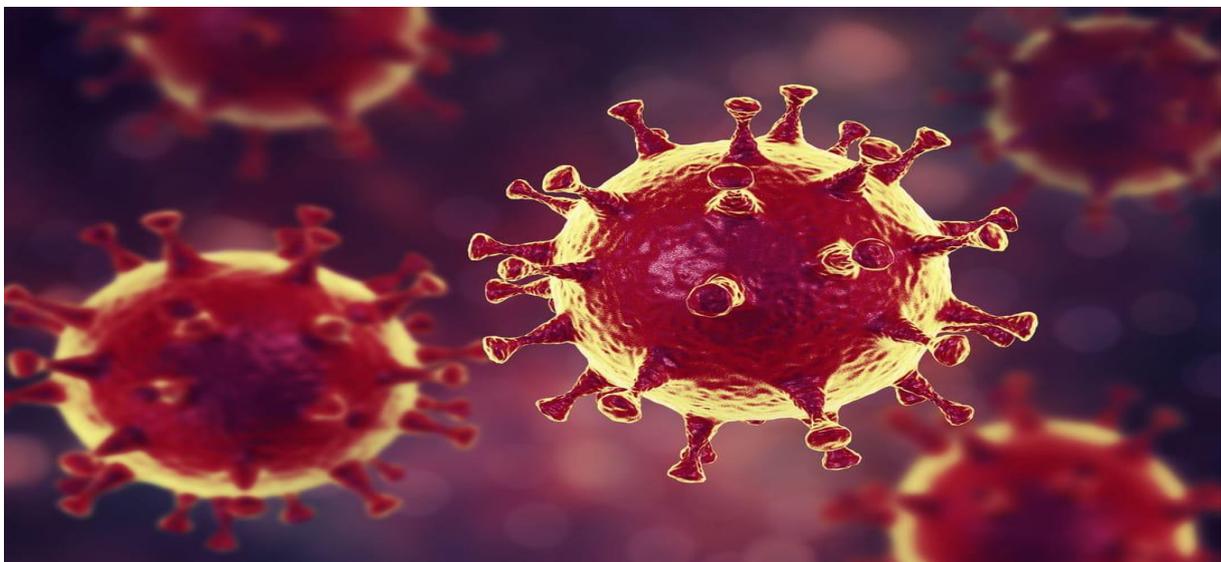


Figure 3-1 : Coronavirus .

3.2.2 Les symptômes de Covid-19 :

Les symptômes les plus courants de la Covid-19 sont la fièvre, la fatigue et une toux sèche. Certains patients présentent des douleurs, une congestion nasale, un

écoulement nasal, des maux de gorge ou une diarrhée. Ces symptômes sont généralement bénins et apparaissent de manière progressive. Certaines personnes, bien qu'infectées, ne présentent aucun symptôme et se sentent bien. La plupart (environ 80%) des personnes guérissent sans avoir besoin de traitement particulier. Environ une personne sur six contractants la maladie présente des symptômes plus graves, notamment une dyspnée. Les personnes âgées et celles qui ont d'autres problèmes de santé (hypertension artérielle, problèmes cardiaques ou diabète) ont plus de risques de présenter des symptômes graves. Toute personne qui a de la fièvre, qui tousse et qui a des difficultés à respirer doit consulter un médecin.

Le temps d'incubation, durée entre l'exposition au virus et à la manifestation des premiers symptômes, est évalué entre 3 et 5 jours dans la majorité des cas, mais peut durer dans des cas extrêmes de 12 et 14 jours.

PAR DOCTISSIMO



SYMPTÔMES	RHUME	GRIPPE	COVID-19
FIÈVRE	RARE	FORTE	FRÉQUENTE
MAL DE TÊTE	RARE	INTENSE	FRÉQUENT
DOULEURS MUSCULAIRES	LÉGÈRES	FRÉQUENTES	POSSIBLE
FATIGUE	LÉGÈRE	INTENSE	POSSIBLE
NEZ BOUCHÉ	FRÉQUENT	PARFOIS	POSSIBLE
ÉTERNUEMENTS	FRÉQUENT	PARFOIS	POSSIBLE
GORGE IRRITÉE	FRÉQUENTE	FRÉQUENTE	POSSIBLE
TOUX	MODÉRÉE	FRÉQUENTE	FRÉQUENTE
DIFFICULTÉS RESPIRATOIRES	RARE	RARE	POSSIBLE

Figure 3-2 : Les symptômes du COVID-19 .

3.2.3 Transmissions de la Covid-19 :

Les différents modes de transmissions sont :

- **Transmission respiratoire :**

Depuis le début, les Centres de contrôle et de prévention des maladies (CDC) ont déclaré que le SRAS-CoV-2 est un virus respiratoire, et qu'en tant que tel, il se transmet principalement entre les personnes par des "gouttelettes respiratoires" lorsque des personnes symptomatiques éternuent ou toussent. Cette idée, selon laquelle les grosses gouttelettes de mucus chargé de virus sont le principal mode de transmission, guide les conseils du CDC pour maintenir une distance d'au moins 1,5 m entre vous et les autres personnes.

- **Transmission par aérosol**

Pour que le virus puisse se propager sans être toussé ou éternué dans de grosses gouttes de mucus, il doit être capable d'une manière ou d'une autre de rester en suspension dans l'air assez longtemps pour infecter les passants. Et c'est un autre facteur qui complique la détermination de la transmission : Les gens émettent des particules virales de tailles diverses, dont certaines sont suffisamment petites pour être considérées comme des aérosols, ou des particules fines qui peuvent rester en suspension dans l'air pendant des heures et peuvent se déplacer avec des courants d'air sur des dizaines de pieds.

- **Transmission par contact**

Dans cette situation, les particules virales émises par les voies respiratoires d'un individu infecté atterrissent sur une surface. Une autre personne touche alors cet objet, puis se touche le nez, la bouche ou les yeux. Le virus se faufile alors dans l'organisme par les muqueuses, infectant la deuxième personne. Une étude a montré que le CoV-2 du SRAS pouvait rester viable sur des surfaces telles que le carton pendant 24 heures, et sur le plastique et l'acier pendant 2 à 3 jours.

3.2.4 Diagnostic de la Covid-19

Pour la confirmation des cas de Covid-19, on dispose de plusieurs méthodes, on va citer quelques-unes

- **Les tests moléculaires (test PCR) :**

Les tests moléculaires ont pour principe de lire la carte génétique du virus présent, Les prélèvements à faire incluent les sécrétions nasales profondes que l'on recueille à l'aide d'un écouvillon spécial (kits de prélèvements) et que l'on dépose dans un tube stérile contenant un milieu dit de transport qui sert à préserver la vitalité du virus .

- **Les tests sérologiques :**

Les tests sérologiques pratiqués sur le sérum du patient détectent les anticorps fabriqués par l'organisme en réponse à l'infection. Leur présence certifie que le sujet a développé l'infection, qu'elle ait été symptomatique ou non. Le diagnostic sérologique est très utile pour identifier les sujets qui ont été en contact avec le virus : les malades asymptomatiques, les sujets contacts qui ont échappé au diagnostic direct (test moléculaire décrit plus haut) les malades guéris pour vérifier qu'ils sont bien couverts contre une nouvelle infection.

C'est une nouvelle méthode de laboratoire pour le diagnostic de Covid-19 qui a l'avantage d'être plus simple d'utilisation et les résultats peuvent être obtenus en 10 à 15 minutes. Ils se présentent sous forme de bandelettes ou cassettes sur lesquelles est fixé l'antigène spécifique du virus recherché. La mise en contact d'une goutte de sang ou de sérum du patient, avec l'antigène fixé (réaction antigène-anticorps) mettra en évidence une bande bien visible à l'œil nu si le prélèvement contient des anticorps anti- coronavirus.

- **Les imageries thoraciques :**

L'imagerie est particulièrement utile pour l'investigation de certaines complications suspectées de la Covid-19, notamment l'embolie pulmonaire qui peut être relativement fréquente chez ces patients ou bien pour les suspects avec symptômes respiratoires, cette méthodes est utilisés dans plusieurs pays notamment l'Algérie à cause de l'insuffisance de kits de dépistage PCR.

3.2.5 Statistiques du Covid-19 en Algérie

L'Algérie a connu une progression exponentielle de Covid-19 depuis la découverte du premier cas le 25 Février 2020.

Le graphique ci-dessous présente l'évolution du nombre quotidien de nouveaux cas confirmés et nouveaux décès par covid-19 du 25 Février 2020 jusqu'à 5 Janvier 2022 .

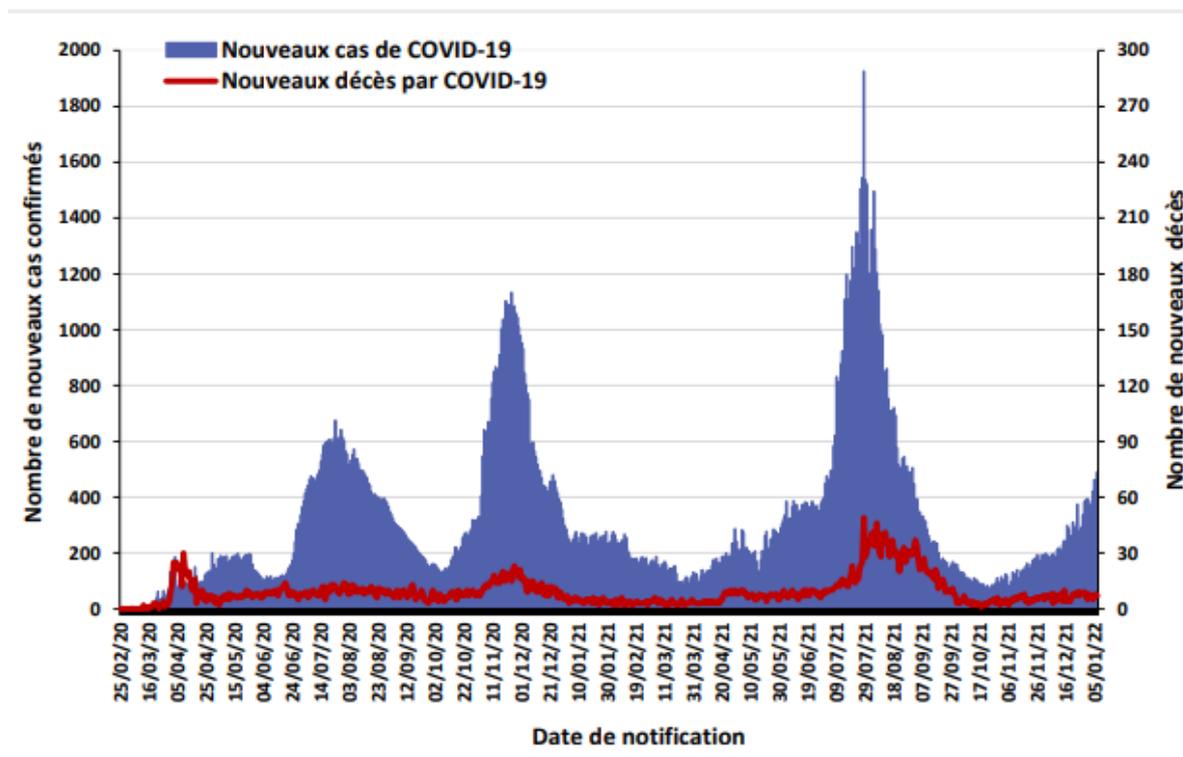


Figure 3-3 : Evolution de nombre de nouveau cas confirmés et nouveau décès .

3.2.6 Traitement des malades Covid-19

Il n'existe pas de traitement ayant démontré à ce jour une efficacité sur la réduction de complications ou la durée des symptômes avec un niveau de preuve suffisant. Des essais cliniques en cours pourront faire évoluer la prise en charge spécifique du Covid-19. Le traitement de la Covid-19 est symptomatique, et adapté selon les signes cliniques présentés. Les cas suspects et confirmés doivent être isolés et traités dans des hôpitaux désignés dans des conditions d'isolement et de protection efficaces .

- **Pour les cas bénins :**

C'est le cas le plus fréquent en Algérie, les patients seront hospitalisés dans plusieurs services et auront un traitement symptomatique : antipyrétiques, antalgiques, type paracétamol ; surveillance toutes les 8 heures : mesure de température, fréquences cardiaque et respiratoire... ; Prise en charge des comorbidités éventuelles .

- **Pour les cas modérés :**

Les patients subiront une oxygénothérapie : 2 à 6 litres/minute ; des apports hydro électrolytiques ; une antibiothérapie adaptée en cas de coïnfection ; traitement spécifique, une surveillance toutes les 4 à 6 heures .

- **Pour les cas sévères :**

Ces cas ne touche qu'un petit nombre de malades en Algérie, ils ont un traitement intensif et plus lourd, la plupart seront traités en réanimation en prendre en compte : oxygénothérapie pour obtenir une saturation d'oxygène élevée ; une ventilation mécanique pour corriger suffisamment les échanges gazeux et limiter le risque de transmission du virus au personnel et aux autres patients ; une intubation .

3.3 Problématique à poser

La pandémie COVID-19 se caractérise par une forte transmissibilité et une létalité relativement peu élevée qui lui permet de se propager longtemps. Cette pandémie pose plusieurs questions aussi bien sur son analyse statistique, sa modélisation potentielle et l'identification des facteurs, sur lesquels il faut agir pour arrêter sa propagation.

Dans cette optique la simulation par des modèles mathématiques parait un bon outil pour comprendre le mécanisme de propagation de covid-19. Et donc notre problématique nous amène à poser les questions suivantes :

- Comment modéliser la pandémie de covid-19 pour comprendre comment cette dernière se propage au sein d'une population pour pouvoir réduire les dégâts ? Et quels sont les facteurs favorisant cette transmission ?

3.4 Paramètres de la maladie :

3.4.1 Taux de reproduction :

Le taux de reproduction nous permet de suivre la progression de l'épidémie et de détecter les changements dans la propagation du virus. Cet indicateur doit être interprété en fonction du contexte de transmission. Par exemple, si l'infection est bien contrôlée (c'est-à-dire quelques cas) et qu'une éclosion est observée, le taux de reproduction augmentera. Cependant, si le nombre de cas est déjà élevé, une valeur élevée du taux de reproduction sera encore plus inquiétante.

On dispose deux facteurs à distinguer :

▪ **Taux de reproduction de base R_0 :**

C'est le nombre moyen d'infections secondaires transmises lorsqu'un individu infectieux est introduit dans une population entièrement constituée par des individus sains, c'est-à-dire au début d'une possible épidémie. Ce paramètre permet de définir le seuil d'immunité collective.

« **L'immunité collective** » est le moment à partir duquel il y a suffisamment de gens immunisés à un virus dans une population donnée pour que le virus ne puisse plus se répandre exponentiellement.

Le niveau nécessaire pour passer ou rester sous le seuil d'immunité collective dépend de R_0 c'est-à-dire du nombre moyen d'individus immunologiquement naïfs qu'un sujet va infecter après contact. Plus ce taux de reproduction de base est élevé, plus le pourcentage de sujet immunisés doit être élevé. Par exemple le R_0 de la grippe saisonnière = 2, de covid-19 =3 et 4 ou plus avec les variants.

Le pourcentage de sujets immunisés nécessaire pour obtenir l'immunité collective noté S est calculé comme suite :

$$S = 1 - 1/R_0$$

Il faut bien sûr que l'immunité acquise reste efficace au cours du temps si no des rappels de vaccination sont nécessaires.

▪ **Taux de reproduction effectif R_t :**

Le taux de reproduction effectif est défini comme le nombre moyen d'infections secondaires produits par un cas infecté dans une population ou certains individus ne sont plus susceptible à l'infection.

Par exemple un R_t de 2 implique qu'une personne infectée transmettra le virus à deux personnes en moyenne pendant la période où elle est infectieuse.

SI $R_t > 1$ la transmission augmente

Et si $R_t = 1$ la transmission est stable

Et si $R_t < 1$ L'épidémie est contrôlée.

Le taux de reproduction effectif est données comme suite :

$R_t = (1 - c) R_0$ où c désigne l'effet des mesures prises. Dans la littérature, les auteurs désignent parfois le R_t comme étant le taux de reproduction de base.

Méthodes pour calculer le taux de reproduction :

On cite deux méthodes pour le calcul de taux de reproduction :

-En utilisant le temps de génération [14]

La première étape consiste à calculer le taux d'accroissement (s'exprime souvent sous forme d'un pourcentage : par exemple un taux de croissance de 20% par jour signifie que la population est multipliée par 1,2 chaque jour) de la courbe d'incidence (courbe associée aux nombre de nouveaux cas détectés chaque jour). Le taux de croissance est en général noté r et au passage, ce paramètre nous permet de calculer le temps de doublement de l'épidémie T_d par la formule :

$$T_d = \frac{\ln(2)}{r}$$

Si le temps de doublement est de 4, alors en 4 jours une personne infectée en donnera 2 autres cas, qui 4 jours après en vont donner chacun 2, et ainsi de suite. Après 40 jours, donc 10 doublements, on aura eu 2^{10} infections.

Le taux de reproduction de base est lié au produit entre le taux de croissance r et le

Temps de génération T_g (voir ci-dessous) par la formule :

$$R_0 \approx r \times T_g + 1$$

-En utilisant la fonction de survie [15]

Considérons une large population et soit $F(a)$ la probabilité qu'un individu nouvellement infecté reste contagieux pendant le temps a .

Soit $b(a)$ le nombre moyen de des infectés qu'un individu infectieux produira par unité de temps pendant toute la durée a . Ainsi le nombre de reproduction de base est donné par la formule :

$$R_0 = \int_0^{\infty} b(a)F(a)da$$

Cette méthode peut aussi être étendue pour étudier des modèles dans lesquels une série d'états sont impliqués dans la "reproduction" d'un individu infecté. Par exemple la modélisation de la malaria. Un humain infecté peut transmettre le virus à un moustique, qui peut de sa part infecter d'autres humains. Ce cycle doit être pris en considération dans le calcul du taux de reproduction. En général, si seulement deux états infectieux distincts sont impliqués dans un cycle d'infection, $F(a)$ peut être définie comme étant la probabilité qu'un individu dans l'état 1 à l'instant zéro infecte un individu dans l'état 2 durant la période a . De même, $b(a)$ est le nombre moyen de nouveaux individus dans l'état 1 produit par un individu

qui a été dans l'état 2 pendant le temps a . Dans le cas de la malaria, $F(a)$ pourrait être la probabilité qu'un humain infecté au temps zéro infecte un moustique qui va rester en vie durant la période a . Plus concrètement, $F(a)$ serait l'intégrale :

$$F(a) = \int_0^a p(t) \times q(t) \times r(t) dt$$

avec : $p(t)$ est la probabilité qu'un humain infecté à l'instant 0 est encore vivant à l'instant t , $q(t)$: la probabilité qu'un humain infecté pendant le temps t infecte un moustique et $r(t)$ la probabilité qu'un moustique infecté vive jusqu'à l'âge a . tandis que $b(a)$ serait tout simplement le nombre moyen d'humains infectés par un moustique infecté pendant le temps a .

Pays	R_0	Date
	1,4-2,5	23 janvier
USA	2,3-3,3	27 janvier
Suisse	2,2 [1,4-3,8]	25 janvier
Canada	6,47 [5,71-7,23]	24 janvier
UK	3,11 [2,39-4,13]	27 janvier
USA	2	26 janvier
Chine	2,2 [1,4-3,9]	29 janvier
Chine	Preprint : 3,30-5,47 2,56 [2,49-2,63]	31 janvier
UK/OMS	2,6 [1,5-3,5]	25 janvier
Chine	2,68 [2,47-2,86]	31 janvier

Figure 3-4 : Quelques estimation du taux de reproduction du COVID-19 dans plusieurs pays au début de l'épidémie .

3.4.2 Période d'incubation

La période d'incubation fait référence au temps écoulé entre l'infection et le début d'apparition des symptômes de la maladie. Ce facteur fournit des données précieuses sur la dynamique de la transmission de la maladie et aide à mettre en œuvre les mesures de contrôle appropriées, telles que la recherche des contacts et l'estimation des temps d'isolement à domicile pour les personnes qui ont été infectées par le pathogène ou ont été en contact avec une personne infectée .

La durée médiane d'incubation de la covid-19 est de 5 jours.

Il faut distinguer la période d'incubation à la période de latence qui est un autre facteur épidémiologique désignant la durée entre l'infection et le début de la phase infectieuse. En général la période d'incubation est plus longue que la durée de latence. Le tableau 3.1 donne les estimations du période d'incubation pour différentes maladies .

MALADIE	PERIODE D'INCUBATION
Choléra	Entre 0 et 3 jours
Ebola	Entre 0 et 21 jours
SARS	Entre 1 et 10 jours
Covid-19	Entre 2 et 14 jours
Varirole	Entre 7 et 17 jours

Tableau 3-1 : Période d'incubation pour différentes maladies .

3.4.3 Temps de génération, Intervalle sériel

Définition : Le temps de génération est la durée nécessaire pour qu'une personne récemment infectée en infecte une autre.

C'est un paramètre primordial dans la dynamique d'une maladie transmissible, en effet la mise en place des mesures pour la maîtrise de la transmission d'une maladie tes que l'identification des cas, isolement et quarantaine sera plus facile pour une maladie avec une longue période de génération. Par exemple deux maladies ayant un taux de reproduction similaire égal à 2, mais un intervalle de génération différent (respectivement 3 et 9 jours), conduisent à un nombre de cas cumulés sur une période de 9 jours de 14 nouveaux cas pour la première maladie et de 2 pour la seconde. Le temps de génération peut être calculé par la formule suivante :

$$T_g = \text{période d'incubation} + (\text{période de contagiosité} / 2)$$

Définition :

L'intervalle sériel est la durée entre l'apparition des premiers symptômes chez une personne infecté et l'apparition des symptômes chez un cas secondaire infecté par ce premier cas. Certaines études de modélisation définissent l'intervalle sériel comme étant le temps de génération ; cependant, le temps de génération dépend d'événements non observables (la date du début de l'infectiosité : la capacité d'infecter les autres), mais pour la plupart des maladies infectieuses comme le cas de la grippe, l'infectiosité peut commencer avant l'apparition des symptômes.

3.4.4 Le taux de létalité

Le rôle de taux de létalité est de nous servir à mesurer la gravité de la maladie, à identifier les personnes à risque et à évaluer la qualité des soins de santé.

Deux indicateurs sont utilisés pour évaluer le pourcentage de personnes infectées qui meurent de la maladie. Le premier est le taux de létalité réel IFR (Infection fatality rate), qui est utilisé pour estimer la proportion de décès parmi toutes les personnes infectées. Le second est le taux de létalité apparent CFR (Case fatality rate), qui est utilisé pour estimer la proportion de décès parmi les cas confirmés. Afin de mesurer avec précision l'IFR, on doit avoir une compréhension globale du nombre d'infections et du nombre de décès dus à la maladie [28].

Comme pour la plupart des maladies infectieuses, le niveau de transmission de la COVID-19 est souvent sous-estimé car un grand nombre de personnes infectées ne sont pas détectées, soit parce qu'ils ne présentent aucun symptôme, ou qu'ils ne présentent que des symptômes bénins, alors n'allez pas dans les établissements médicaux. Aussi les personnes négligées ou mal desservies de la population sont moins susceptibles d'avoir accès aux soins de santé. Le sous-dépistage des cas peut être exacerbé lors d'une épidémie, lorsque la capacité de dépistage est restreinte ou limitée aux personnes atteintes de formes graves de la maladie et aux groupes à risque prioritaires (soignants dispensant des soins de première ligne, personnes âgées, personnes présentant des comorbidités).

Les différences de mortalité entre les différents pays sont des importants indicateurs du risque relatif de décès, lesquels orientent les décisions politiques concernant l'affectation des ressources médicales limitées pendant la pandémie de COVID-19 [28].

3.4.5 Calcul du ratio de létalité réel (IFR) :

La gravité effective d'une maladie peut être décrite par le taux réel de létalité (infection fatality rate) :

$$\text{IFR} = (\text{nombre de décès dus à la maladie} / \text{nombre des individus infectés}) \times 100$$

Une méthode pour calculer le nombre réel de personnes infectées consiste à effectuer un contrôle sérologique sur un échantillon aléatoire représentatif de la population afin de détecter l'exposition à un agent pathogène. De nombreuses enquêtes sérologiques de ce type sont étaient menées dans le monde.

3.4.6 Calcul du ratio de létalité apparent (CFR) :

Le taux de létalité apparent CFR (Case fatality rate) est la proportion de décès liés à une maladie par rapport au nombre total de cas atteints par la maladie ; il s'agit donc d'une mesure de la gravité pour les cas détectés :

$$\text{CFR} = (\text{nombre de décès dus à la maladie} / \text{nombre total de cas détectés}) \times 100$$

Les taux de létalité apparents fiables susceptibles d'être utilisés dans le but d'évaluer la létalité d'une épidémie que les mesures de santé publique mises en œuvre, ces derniers sont généralement obtenus à la fin d'une flambée épidémique une fois que tous les cas ont été soit décédés ou rétablis. Toutefois, ce calcul peut ne pas être valable durant une épidémie, puisqu'il repose sur les deux hypothèses :

- Au début d'une épidémie, la surveillance a tendance à se concentrer davantage sur le patient symptomatique, de sorte que les cas plus légers et asymptomatiques sont rarement détectés, conduisant à une surestimation du taux de létalité apparente. À mesure que les tests et la détection active des cas augmentent, cette surestimation peut diminuer.
- Lors d'une épidémie, certains des cas évolutifs déjà détectés peuvent ensuite décéder, ce qui entraîne une sous-estimation de la valeur du CFR, en effet, avec le COVID-19, il y en a beaucoup qui sont malades et qui peuvent mourir à cause de ce virus mais qui vont être répertoriés comme étant morts de quelque chose d'autre. Ce n'est pas un problème une fois qu'une épidémie est terminée, car le nombre total de décès sera connu et nous pourrons l'utiliser pour calculer le CFR. Mais lors d'une épidémie, nous devons être prudents dans la manière d'interpréter le CFR car l'issue (guérison ou décès) d'un grand nombre de cas est encore inconnue .

C'est ce qui s'est passé lors de l'épidémie de SARS-CoV en 2003 : le CFR était estimé entre 3% et 5% au cours des premiers stades de l'épidémie, mais était passé à environ 10% à la fin.

Ce n'est pas seulement un problème pour les statisticiens ; cela a eu de réelles conséquences négatives sur la compréhension de l'épidémie. Les faibles chiffres publiés initialement ont entraîné une sous-estimation de la gravité de l'épidémie, et la variation du CFR au fil du temps a donné une fausse impression que le SARS devenait de plus en plus mortel avec le temps .

3.4.7 Calcul du taux de létalité apparent (CFR) pendant une épidémie :

La méthode pour calculer le CFR pendant une épidémie est la suite :

$$\text{CFR} = (\text{nombre de décès dus à la maladie} / \text{nombre de décès dus à la maladie} + \text{nombre des individus rétablis}) \times 100$$

Cependant, cette méthode ne peut pas éliminer tous les écarts associés aux retards de notification.

Par exemple, les différences dans le temps requis pour résoudre les cas peuvent biaiser cette estimation. Si les patients atteints de la maladie meurent plus rapidement qu'ils ne guérissent, dans ce cas le taux de létalité apparent (CFR) peut être surestimé, sinon, il peut être sous-estimé. Le tableau 3.2 montre l'impact de quelques facteurs sur le taux de létalité au début de l'épidémie actuelle du COVID-19 en Chine.

Facteurs	Valeurs	CFR (%)
Age	0 - 9	-
	10 - 19	0.2
	20 - 29	0.2
	30 - 39	0.2
	40 - 49	0.4
	50 - 59	1.3
	60 - 69	3.6
	70 - 79	8.0
	> 79	14.8
Sexe	Hommes	2.8
	Femmes	1.7
Maladie Préexistante	Maladie cardiovasculaire	10.5
	Diabète	7.3
	Maladie respiratoire chronique	6.3
	Hypertension	6.0
	Cancer	5.6
	Aucune maladie préexistante	0.9

Tableau 3-2 : Les taux de létalité pour le COVID-19 en Chine dans la période entre le 1er janvier et 20 février 2020 .

Le taux de létalité est souvent confondu avec un autre facteur épidémiologique, le « taux de mortalité », ce dernier mesure la probabilité qu'un individu de la population meure à cause de la maladie ; pas seulement parmi ceux qui sont infectés ou qui sont confirmés comme infectés.

Il est calculé en divisant le nombre de décès dus à la maladie par le nombre total des individus dans la population. Par exemple, s'il y avait 10 décès dans une population de 1 000, le taux de mortalité serait de 1%, même si par exemple seul 100 personnes avaient reçu un diagnostic de la maladie. Cette différence est

importante ; par exemple durant la pandémie de grippe espagnole en 1918, une estimation était donnée est que cette pandémie a tué 50 millions de personnes.

Cela aurait représenté 2,7% de la population mondiale. Ce qui signifie que le taux de mortalité était de 2,7%. Mais cette proportion était souvent déclarée comme étant le taux de létalité, ce qui est faux, car le virus n'a pas infecté tout le monde. Si le taux de mortalité était de 2,7%, alors le taux de létalité était beaucoup plus élevé .

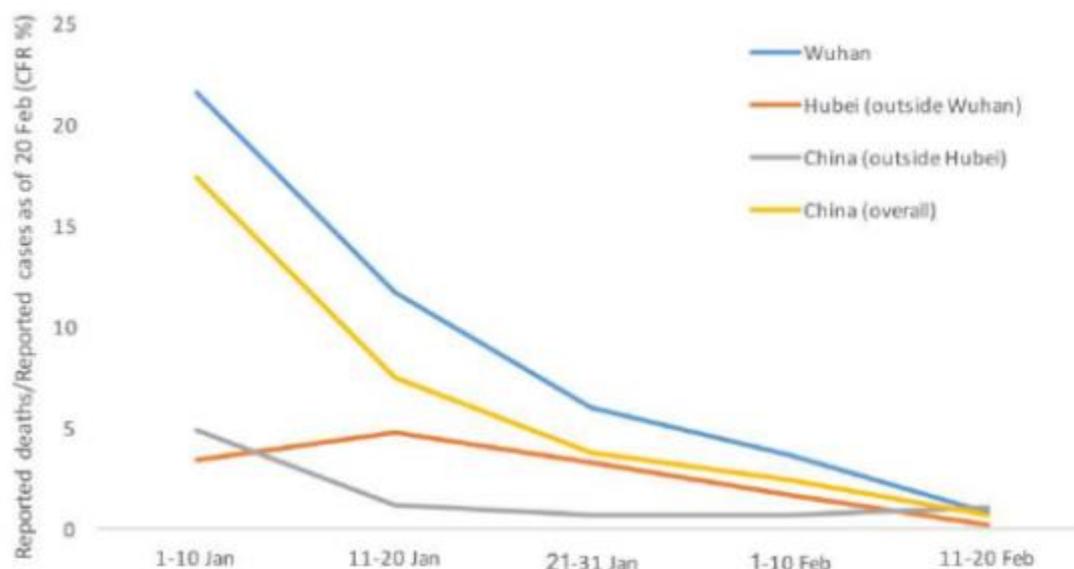


Figure 3-5 : Le taux de létalité pour le COVID-19 en Chine dans ma période entre le 1 er janvier et 1 er février .

La figure 3.5 montre les valeurs du CFR pour le COVID-19 dans plusieurs villes en Chine à partir du début janvier au 20 février 2020. On constate que dans les premiers stades de l'épidémie, le CFR était beaucoup plus élevé : 17,3% de la Chine dans son ensemble (en jaune) et plus de 20% au centre de l'épidémie, à Wuhan (en bleu). Mais dans les semaines qui ont suivi, le CFR a diminué, atteignant aussi bas que 0,7% pour les patients qui ont présenté des symptômes pour la première fois après le 1er février. L'OMS affirme que c'est parce que « les mesures de soins ont évolué au cours de l'épidémie ». On remarque également que le CFR était différent en fonction des endroits. Au 1er février, le CFR à Wuhan était toujours de 5,8% alors qu'il était de 0,7% dans le reste de la Chine.

3.5 Quelques modèles mathématiques appliqués au COVID-19 :

Le champ de l'épidémiologie mathématique a connu, au cours de la pandémie de COVID-19, une production doublée d'une médiatisation exceptionnelle de ses travaux. Alors même que les données et les connaissances sur la maladie émergente étaient parcellaires, une grande diversité de modèles a été développée et appliquée dans des délais inédits, dans l'objectif d'estimer le nombre de

reproduction, la date de début de l'épidémie ou l'incidence cumulée, mais aussi afin d'explorer différents scénarios d'interventions non pharmaceutiques. Il convient cependant de noter qu'un modèle est une approximation de la réalité ; que sa pertinence et son utilité sont directement fonction des choix qui ont été faits lors de son élaboration ; que ces choix sont guidés par les questions, énoncées a priori, auxquelles le modèle est conçu pour répondre. Une grande vigilance s'impose donc lors de l'utilisation d'un modèle par d'autres que ceux qui l'ont élaboré .

Les modèles cités dans cette partie sont partagés en deux : **les Modèles déterministes** et **les Modèles stochastiques**

3.5.1 Modèles déterministes :

- ❖ Ebraheem et al. [11] Ont développé un modèle SIR pour montrer l'effet de l'incorporation de deux périodes dans le modèle SIR simple. Ces délais correspondent à la période d'incubation et de période de guérison telle qu'elle apparaît dans COVID-19. Dans un premier temps, on considère le modèle SIR classique :

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

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

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

En introduisons la période d'incubation " τ_1 " et la période de guérison " τ_2 " on obtient le système :

$$\frac{dS}{dt} = -\beta S(t - \tau_1)I(t - \tau_1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta S(t - \tau_1)I(t - \tau_1) - \gamma I(t - \tau_2) - \alpha I(t)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I(t - \tau_2)$$

Dans le système d'équations, un individu susceptible est supposé interagir avec un individu infectieux et ne se déplace vers le compartiment infecté qu'après un

certain temps "période d'incubation". La période d'incubation " τ_1 " n'est valable que lors du passage du compartiment des susceptibles au compartiment des infectés. De même, " τ_2 " est la période pendant laquelle un individu infecté passe du compartiment infecté au compartiment des personnes guéris. Les variations des paramètres du modèle constituent différents cas correspondant à différentes situations.

Les variations sont introduites en fonction de ce qui est observé dans la littérature pour prédire quelles sont les actions possibles du future. Le modèle est bien adapté aux données pandémiques pour quatre pays (Allemagne, Italie, Koweït et Oman). L'étude montre que l'allongement de la période de guérison entraînera une double exposition ou une grande propagation de la maladie. Bien que le taux de mortalité ne représente qu'une fraction mineure du nombre total de cas infectés, il est important de l'inclure pour un nombre de reproduction plus précis .

- ❖ Yafia [29] a présenté un modèle mathématique SIR pour étudier la dynamique de la propagation du COVID-19. Le système d'équations différentielles représentant le modèle est donné comme suit :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \Lambda - \beta(1-\alpha)(1-\delta)SI - \alpha S \\ \frac{dI}{dt} = \beta(1-\alpha)(1-\delta)SI - \gamma I - \delta I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I + \alpha S + \delta I \\ N = S + I + R = \text{constante si } \Lambda = 0 \\ S(0) > 0, I(0) > 0, R(0) > 0 \end{cases}$$

Où Λ est le taux de naissance, α et δ sont respectivement le taux de confinement et d'isolation, β est le taux de transmission et γ désigne le taux de guérison. Dans ce travail l'auteur a pu déterminer le rôle du confinement des individus sains et l'isolement des personnes infectieux, en fonction du nombre de reproduction de base R_0 . L'idée étant d'étudier la propagation du virus durant trois périodes, début de la pandémie (2-8 Mars), période intermédiaire (8-19 Mars) et une période après confinement. Pendant la première période, le taux de transmission était faible, ce qui explique une croissance modérée du nombre des infectés, ainsi pendant la deuxième période le taux de transmission était plus grand, ce qui a conduit à une augmentation du nombre de personnes infectées. Dans la troisième période avec le confinement et l'isolation, le taux de transmission devient plus petit. L'expression du nombre de reproduction de base pendant la troisième période est donné par : $R_0 = \Lambda\beta(1-\alpha)(1-\delta) / \alpha(\gamma+\delta)$, à partir de cette expression si on augmente les taux (α et δ), le R_0 devient plus petit que 1 sinon il sera plus grand que 1. Finalement, le modèle décrit précédemment a été utilisé pour effectuer des prévisions de la propagation du COVID-19 au Maroc à partir du 12 Mars 2020.

- ❖ Serhani et al. [24] ont construit un modèle mathématique décrivant la transmission du COVID-19 au Maroc. Le modèle est donné par le système suivant :

$$\left\{ \begin{array}{l} \dot{S}(t) = -\beta S(A + \alpha I) + \xi Q, \\ \dot{I}(t) = \theta Q + \delta A - (\mu + d_I) I, \\ \dot{A}(t) = \beta S A - (\delta + \lambda) A, \\ \dot{Q}(t) = \alpha \beta S I - (\xi + \theta) Q, \\ \dot{R}(t) = \mu I + \lambda A, \\ \dot{D}(t) = d_I I, \\ \text{avec les condition initials} \\ S(0) = S_0, I(0) = I_0, A(0) = A_0, Q(0) = Q_0, R(0) = R_0, D(0) = D_0 \end{array} \right.$$

Où "S", "I" et "R", sont les compartiments du modèle SIR simple, "A" sont les infectés asymptomatiques, "Q" la fraction de la population confinés et "D" sont les morts. Il est établi par une analyse théorique et illustré par des simulations que le niveau de confinement est très important pour empêcher la propagation de la maladie en l'absence de vaccin. Plusieurs scénarios sont testés avec différentes valeurs du coefficient de contrôle du confinement C_0 . Dans cette étude une relation entre le nombre de reproduction de base R_0 et C_0 a été établie, montrant qu'un confinement à domicile non convenablement pratiqué peut conduire à une persistance de la pandémie au-delà de la période prévue. Ainsi dans l'absence des informations crédibles complètes sur l'évolution réelle de la pandémie, en particulier pour les personnes infectées asymptomatiques, il est très difficile d'estimer les différents paramètres du modèle.

Tel que : β représente le taux de contamination , α Taux de personnes sensibles mises en quarantaine qui contactent un individu infecté, ξ Taux de passage de personnes mises en quarantaine à sensibles, θ Taux de personnes mises en quarantaine devenant infectées, δ Taux de libération asymptomatique , μ Taux de récupération d'infecté , d_I Taux de décès par infection , λ Taux de récupération d'asymptomatique

- ❖ Alizon et al.[1] Ont développé un modèle SEAIR pour étudier la pandémie du COVID19. Dans ce travail, le nombre de reproduction de base R_0 est calculé en fonction des paramètres du modèle. Ainsi les auteurs ont effectué des simulations d'intervention à partir des valeurs des paramètres par défaut. Malgré sa simplicité, le modèle permet de tester une stratégie de suppression de l'épidémie (contrôle fort mais de courte durée) avec la stratégie

d'atténuation (contrôle plus léger mais durable). Le système d'équations différentielle représentant le modèle est le suivant :

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\lambda S \\ \frac{dE_1}{dt} &= p\lambda S - \epsilon E_1 + p\nu \\ \frac{dA_1}{dt} &= \epsilon E_1 - \sigma A_1 \\ \frac{dI_1}{dt} &= \sigma A_1 - \gamma_1 I_1 \\ \frac{dR_1}{dt} &= \gamma_1 I_1 \\ \frac{dE_2}{dt} &= (1-p)\lambda S - \epsilon E_2 + (1-p)\nu \\ \frac{dA_2}{dt} &= \epsilon E_2 - \sigma A_2 \\ \frac{dI_2}{dt} &= \sigma A_2 - (\gamma_2 + \alpha) I_2 \\ \frac{dR_2}{dt} &= \gamma_2 I_2 \\ \frac{dM}{dt} &= \alpha I_2 \end{aligned}$$

Dont le schéma associé est donné dans la figure suivante :

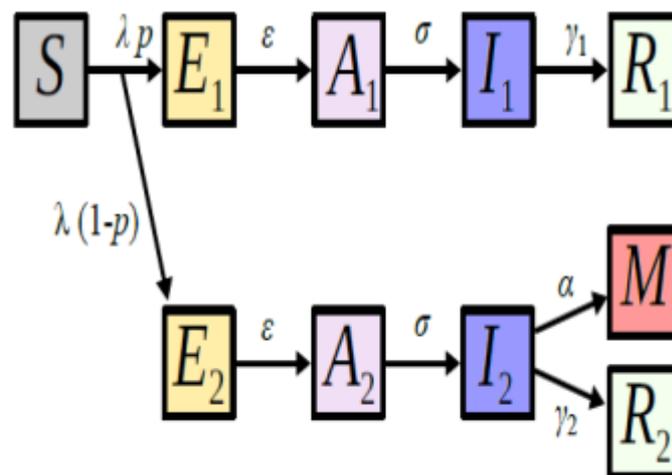


Figure 3-6 : Diagramme de transmission du modèle SEAIR .

- ε** taux de fin de latence
- σ** taux d'apparition des symptômes
- ν** taux de migration
- γ₁** taux de guérison des infection légères

- Υ_2 taux de guérison des infection sévères
- P proportion des infections qui nécessite pas l'hospitalisation
- Θ taux de létalité des infections hospitalisées
- α taux de mortalité des cas sévères
- b diminution de la transmissions via l'hospitalisation
- c fraction du R_0 diminuée par des politiques de santé publique

Avec "S" sont les susceptibles, "E" : les infectés mais non infectieux, "A" : les infectés asymptomatiques, "I" : les infectés avec des symptômes, "R" sont les guéris et "M" sont les morts. Notons que les compartiments portant l'indice 2 sont les individus qui ont des cas plus sévères.

- ❖ Zhihui et al.[17] ont construit un modèle épidémique de type SEIR pour le COVID-19 intégrant l'impact des contacts entre les individus susceptibles et les infectés asymptomatiques/symptomatiques est présenté. Le modèle est donné par le système suivant :

$$\begin{cases} \dot{S}(t) = A - \frac{\beta_1(1-d)SI_A}{1+\beta_1(1-d)h_1I_A} - \frac{\beta_2(1-d)SI}{1+\beta_2(1-d)h_2I} - \mu S \\ \dot{E}(t) = \frac{\beta_1(1-d)SI_A}{1+\beta_1(1-d)h_1I_A} + \frac{\beta_2(1-d)SI}{1+\beta_2(1-d)h_2I} - \mu E - \mu_1 E - \gamma_{11} E - \gamma_{12} E \\ \dot{I}_A(t) = \gamma_{11} E - \mu I_A - \mu_{21} I_A - \gamma_{21} I_A, \\ \dot{I}(t) = \gamma_{12} E - \mu I - \mu_{22} I - \gamma_{22} I \\ \dot{R}(t) = \mu_1 E + \gamma_{21} I_A + \gamma_{22} I - \mu R \end{cases}$$

Le compartiment I_A désigne les personnes infectés asymptomatiques. Les principales résultats de ce travail montrent que les contacts entre les individus infectés sains et les personnes asymptomatiques/symptomatiques joue un rôle important dans le contrôle du COVID-19, et la valeur seuil correspondante, qui peut induire l'extinction du COVID-19, est obtenue par une analyse mathématique basée sur sur l'équation différentielle ordinaire et la simulation numérique basée sur les données publiées. De plus, les résultats révèlent que le temps passé à l'extérieur (sans respect des mesures du confinement) des individus infectés symptomatiques/asymptomatiques n'a aucune influence sur le contrôle théorique du COVID-19. Ainsi cette étude donne quelques méthodes théoriques pour contrôler le COVID-19 et quelques suggestions raisonnables pour les décideurs politiques. Cependant, elle utilise la distance de contact moyenne dans les processus de modélisation et ne considère pas les effets temporels et spatiaux sur la distance de contact. D'autre part, ce modèle considère la transmission respiratoire et la transmission par contact uniquement dans les processus de

modélisation, et ne prend pas en compte la transmission par aérosol, ce qui peut conduire à une sous estimation du dangerosité du maladie.

Tel que:

A représente L'afflux de la sous-population sensible , **β_1** Le taux intrinsèquement infectieux de l'individu infecté asymptomatique, **β_2** Le taux intrinsèquement infectieux de l'individu infecté symptomatique, **h_1** Le temps extérieur moyen de chaque individu infecté asymptomatique , **h_2** Le temps extérieur moyen de chaque individu infecté symptomatique, **μ** Les taux de mortalité naturelle de toutes les sous-populations, **μ_1** Le taux de récupération de la sous-population d'incubation, **μ_{21}** Le taux de mortalité de l'individu infecté asymptomatique induit par la maladie à coronavirus 2019 (COVID-19), **μ_{22}** Le taux de mortalité de l'individu infecté symptomatique induit par la maladie à coronavirus 2019 (COVID-19), **γ_{11}** Le taux de transition de la sous-population d'incubation à la sous-population , **γ_{12}** Le taux de transition de la sous-population d'incubation à la sous-population infectée symptomatique, **γ_{21}** Le taux de guérison de la sous-population infectée asymptomatique, **γ_{22}** Le taux de guérison de la sous-population infectée symptomatique, **d** La distance de contact entre les individus sensibles et les individus infectés asymptomatiques .

- ❖ Bhadauria et al. [6] Ont présenté un modèle mathématique non linéaire (modèle SIQ), pour étudier l'impact du confinement sur la propagation du COVID-19. Le modèle est donné par le système suivant :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = A - \frac{\beta SI}{\alpha + \eta I} - \mu S + (1 - \theta)m \\ \frac{dI}{dt} = \frac{(1-k)\beta SI}{\alpha + \eta I} - \mu I - \delta_1 I - \sigma I - \alpha_1 I + \theta m \\ \frac{dQ}{dt} = \frac{k\beta SI}{\alpha + \eta I} + \sigma I - \mu Q - \delta_2 Q - \alpha_2 Q \end{cases}$$

La dynamique de transmission du virus est représenté par la figure suivante :

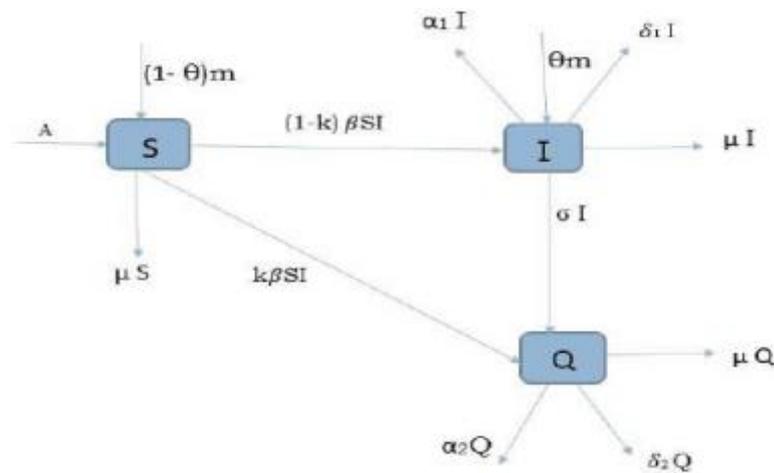


Figure 3-7 : Diagramme de transmission du modèle SIQ .

Tel que :

A représente le taux de recrutement, α constante de demi-saturation, η constante positive, β taux de transmission de l'infection, μ taux de mortalité naturelle, m nombre de migrants, θ taux de migrants infectés, k taux de suivi des contacts, δ_1 taux de rétablissement de la population infectieuse, δ_2 taux de rétablissement de la population mise en quarantaine, σ taux de transition de la population infectieuse à la population en quarantaine, α_1 taux de mortalité lié à la maladie de la population infectieuse, α_2 taux de mortalité lié à la maladie de la population en quarantaine .

(Le compartiment "Q" désigne la fraction des individus confinés). L'étude du modèle proposé est divisé en deux phases; état de confinement complet et un confinement partiel. Une analyse qualitative du modèle dans les deux cas est effectuée et le taux de reproduction de base est déterminé par l'approche du nouvelle génération. De plus, pour justifier les résultats analytiques, une simulation numérique est effectuée et des graphiques sont tracés. L'étude montre que la population infectieuse augmente significativement avec l'augmentation du nombre d'immigrés en cas d'état de confinement partiel. Mais afin d'éradiquer complètement la maladie, le confinement est la mesure la plus importante à suivre par le gouvernement. Une analyse de sensibilité du nombre de reproduction de base est effectuée. Il est observé à partir de cette analyse que le taux de transmission du virus est le facteur qui influence le plus le nombre de reproduction de base. L'étude révèle aussi qu'un confinement complet est obligatoire pour réduire l'infection à zéro et que le contrôle de l'immigration de la population dans

le système est une étape exceptionnelle pour contrôler la propagation de la maladie. Pourtant, le confinement complet n'est pas la solution ultime car il peut provoquer une crise financière dans un proche avenir et il n'est donc pas possible de mettre en oeuvre un confinement complet .

3.5.2 Modèles stochastiques :

- ❖ Mahrouf et al. [18] ont proposé un nouveau modèle déterministe et son modèle stochastique correspondant pour décrire le comportement du COVID-19 au Maroc. Ces modèles nous fournissent l'évolution et la prédiction des individus à surveiller, à savoir, les cas diagnostiqués positifs, qui peuvent aider à examiner l'efficacité des mesures mises en oeuvre au Maroc, et les différentes formes développées, qui peuvent quantifier la capacité du système de santé publique ainsi que le nombre de décès. Dans un premier lieu, l'étude montre que ces modèles sont mathématiquement et biologiquement bien posés en prouvant l'existence et l'unicité des solutions. Ainsi le nombre de reproduction de base est calculé en utilisant le principe du "next generation", son expression est donné par :

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta \epsilon (1 - u)}{(1 - \alpha) (\eta_s + \mu_s) + \alpha'}$$

Tel que :

β est le taux d'infection, α est le taux de mortalité , α' représente le taux de mortalité des cas sévères et η est le taux de natalité .

Deuxièmement, l'extinction de la maladie a été étudié en fonction du R_0 , les résultats obtenus montrent que si $R_0 < 1$, il y aura une extinction de la maladie, sinon la maladie persiste. Finalement, quelques simulations numériques ont été réalisées pour recueillir des informations afin de pouvoir lutter contre la propagation du virus. La figure 3.8 donne la variation du nombre des infectés ainsi que les cas signalés au Maroc obtenus par les deux modèles.

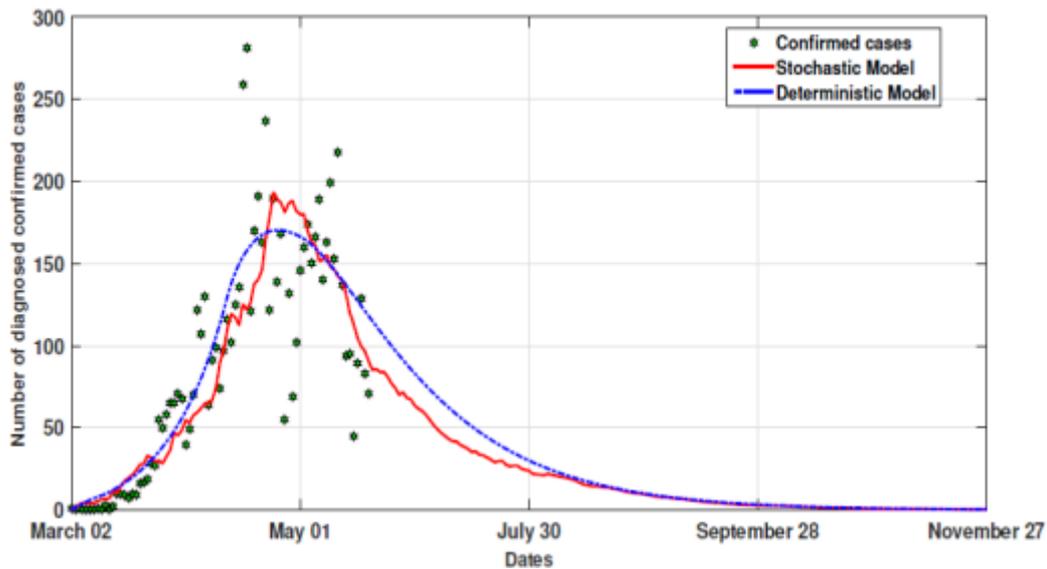


Figure 3-8 : Comparaison du comportement déterministe et stochastique avec les cas quotidiens de COVID-19 .

Remarque :

Le comportement du modèle stochastique présente certaines particularités contrairement au modèle déterministe, à savoir que l'amplitude de son pic est plus élevée et la convergence vers l'éradication est plus rapide.

3.6 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons donné quelques définitions et information à propos de la pandémie de Coronavirus. Ensuite nous avons parlé sur notre problématique et quelques paramètres épidémiologiques permettant la description de la propagation de cette maladie. Dans la dernière partie, nous avons donné une revue de la littérature sur les modèles mathématiques modélisant la pandémie du COVID-19.

Partie Pratique

Chapitre 4 : Etude de la propagation de la pandémie COVID-19 : Le cas d'Algérie

4.1 Introduction

Au niveau de ce chapitre, nous visons mener une étude expérimentale à base de la simulation numérique, en utilisant le logiciel MATLAB, pour étudier la propagation de COVID-19 en Algérie. Nous proposons une étude de modèles mathématique SEIRD

L'objectif de notre étude, étant de prédire l'évolution de la pandémie en Algérie durant une année à partir de 12 Mars 2020 .

4.2 Choix du langage Matlab

Le choix porté sur l'emploi du langage du logiciel Matlab 2015, car il répond aux critères suivants : Matlab est un logiciel de calcul matriciel à syntaxe simple. Avec ses fonctions spécialisées, il permet de manipuler des matrices, d'afficher des courbes, des graphes et des données, de mettre en œuvre des algorithmes, de créer des interfaces utilisateur. Peut-être aussi considéré comme un langage de programmation adapté pour les problèmes scientifiques. Matlab est un interpréteur : les instructions sont interprétées et exécutées ligne par ligne. Il contient une interface graphique puissante ainsi qu'une grande variété de méthodes scientifiques .

4.2.1 C'est quoi le Matlab

Le langage Matlab a été conçu par le professeur de mathématique Cleve Moler à la fin des années 1970 à partir des bibliothèques Fortran, LINPACK et EISPACK. Matlab (Matrix Laboratoire) est un langage de programmation de quatrième génération émulé; il est utilisé à des fins de calcul numérique. Développé par la société The MathWorks, MATLAB permet de s'interfacer avec d'autres langages comme le C, C ++, Java, et Fortran. Les utilisateurs de Matlab (environ deux millions en 2019) sont de milieux très différents comme l'ingénierie, les sciences, chercheurs.

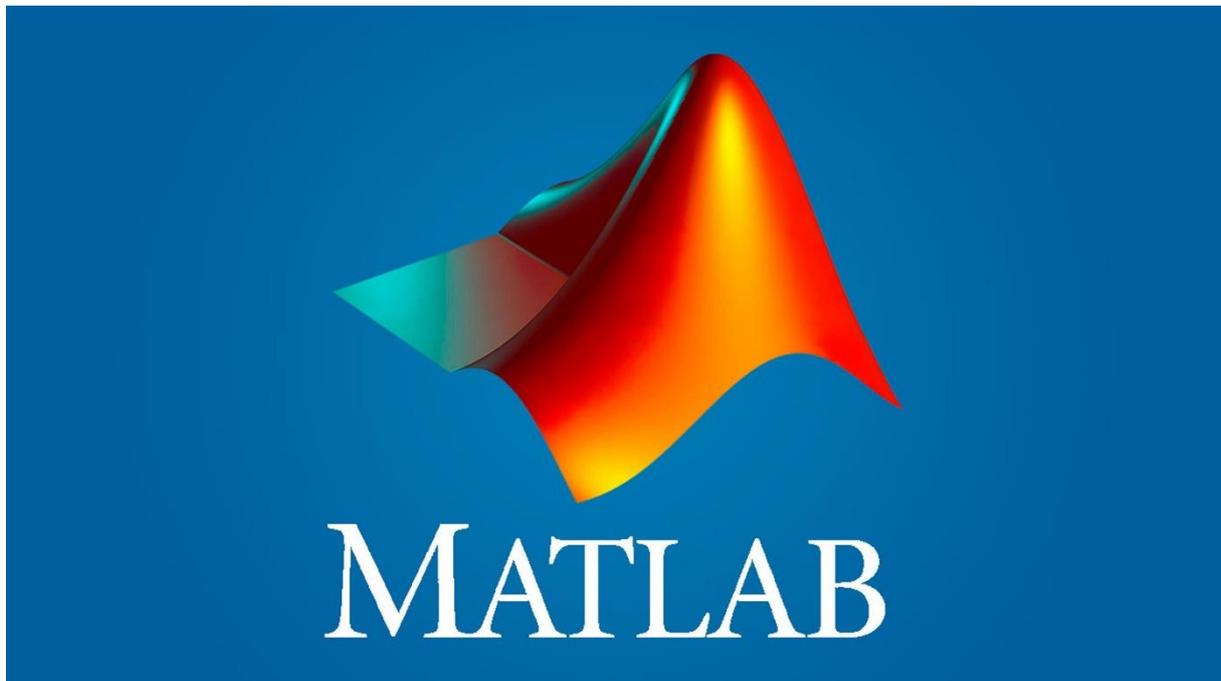


Figure 4-1 : Logo du langage MATLAB .

4.3 Résolution numérique de systèmes d'équations Différentielles

Les simulations numériques s'offrent alors comme une alternative intéressante pour le modélisateur. Certaines méthodes numériques courantes ont été programmées et sont fournies sous forme de solveurs de systèmes d'équations différentielles sous Matlab .

Les solveurs sont appelés **ode 45** où ode est l'abréviation de «Ordinaire Différentiel Equations » pour l'utiliser il faut créer une fonction m.file qui définit le système, la fonction a en entrée un scalaire t et un vecteur y et en sortie un vecteur dy qui représente la dérivée en suite, on utilise la fonction **ode 45**.

Les arguments de solveur ode 45 sont :

- ✓ Le nom de la fonction contenant les équations à simuler, les bornes du temps de simulation et les conditions initiales .
- ✓ En sortie, ils donnent un vecteur de temps où les calculs ont été effectués par discrétisation .
- ✓ Autant de vecteurs que de variables d'état, chacun d'eux ayant pour coordonnées les valeurs de la variable d'état correspondante aux différents temps de calcul .

4.4 Simulation : modèle SEIRD

Le modèle SEIRD est l'un des modèles compartimentés qui permet de prendre en compte plus de paramètres de la population .

Il est composé de Cinq compartiments :

- Classe S d'individus sensibles, c'est-à-dire ceux qui peuvent devenir infectieux .
- Classe E d'individus exposés, c'est-à-dire ceux qui sont infectés mais pas encore infectieux .
- Classe I d'individus infectieux, c'est-à-dire ceux qui peuvent propager la maladie .
- Classe R d'individus retirés, c'est-à-dire ceux qui ne peuvent plus propager la maladie .
- Classe D d'individus décédés, c'est-à-dire qui sont morts .

Ce modèle est raisonnablement prédictif pour les maladies infectieuses qui se transmettent d'humain à humain, et où la guérison confère une résistance durable, comme le Covid-19. Le système SEIRD proposé dans notre travail peut être exprimé par l'ensemble d'équations différentielles ordinaires suivants :

$$\frac{dS(t)}{d(t)} = -\gamma(t)S(t)$$

$$\frac{dE(t)}{d(t)} = \gamma(t)S(t) - fE(t)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = fE(t) - rI(t) - 0,034 \times I(t)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = rI(t)$$

$$\frac{dD(t)}{dt} = 0,034 \times I(t)$$

On a la valeur 0,034 représente le taux de mortalité estimé en Mars 2020 et

$N=S(t)+E(t)+I(t)+R(t)+D(t)$, représente la population constante totale au cours du temps .

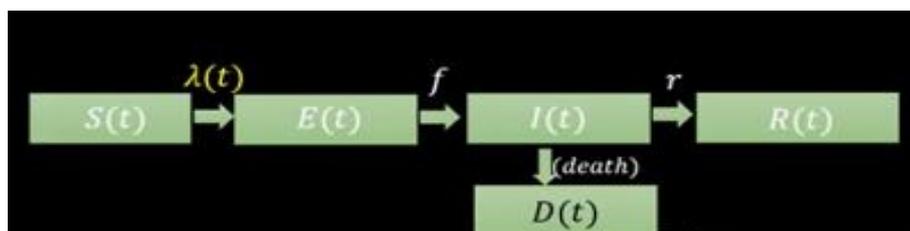


Figure 4-2 : Schéma de transmission de modèle SEIRD .

4.4.1 Les données utilisé dans notre programme :

La figure suivante représente les statistiques de covid-19 de 12 Mars 2020 prise de site web des dominateurs mondiaux .

Dans cette figure nous intéressons aux données de l'Algérie où on trouve les statistiques de 12 Mars 2020 tel que ce jour il y avait 24 cas dès le début de maladies (cas total) 4 nouveaux cas , 15 personnes infectieuses , 8 récupérés et un mort .

Country, Other	Total Cases	New Cases	Total Deaths	New Deaths	Total Recovered	Active Cases	Serious, Critical	Tot Cases/ 1M pop
Saudi Arabia	45				1	44		1.3
Ireland	43		1			42		8.7
Vietnam	39				16	23		0.4
Indonesia	34		1		3	30		0.1
Palestine	31	+1				31		6.1
Russia	28				3	25		0.2
Algeria	24	+4	1	+1	8	15		0.5
Georgia	24					24	1	6.0
Albania	23	+8	1			22		8.0
Chile	23					23		1.2

Figure 4-3 : Les statistiques de COVID-19 .

- la population d'Algérie de 2020 : $N = 44000000$
- $\beta = I_t * \gamma$ représente le taux de contact tel que $\beta = 7.14$
- le taux de mortalité estimée 0,034
- R_0 est estimé 2.2
- $f = 1/E(t)$ représente le taux pour que les gens quittent le groupe E tel que E est estimé 5,2 jours c'est-à-dire après 5.2 jours les individus sensibles deviennent exposés c'est la période pré-infecté
- $r = 1/D$ tel que D c'est la durée où la personne soit contagieuse qui est 7 jours

Workspace	
Name ▲	Value
beta	7.1429e-09
Duration	7
f	0.1923
N	44000000
Pre_infec	5.2000
r	0.1429
R_0	2.2000
t	366x1 double
tspan	1x366 double
y	366x5 double
y0	[43999976 0 15 8 1]

Figure 4-4 : Les données utilisées dans le programme .

4.5 Interprétation et discussion des résultats

Nous pouvons obtenir après résolution numérique de notre système :

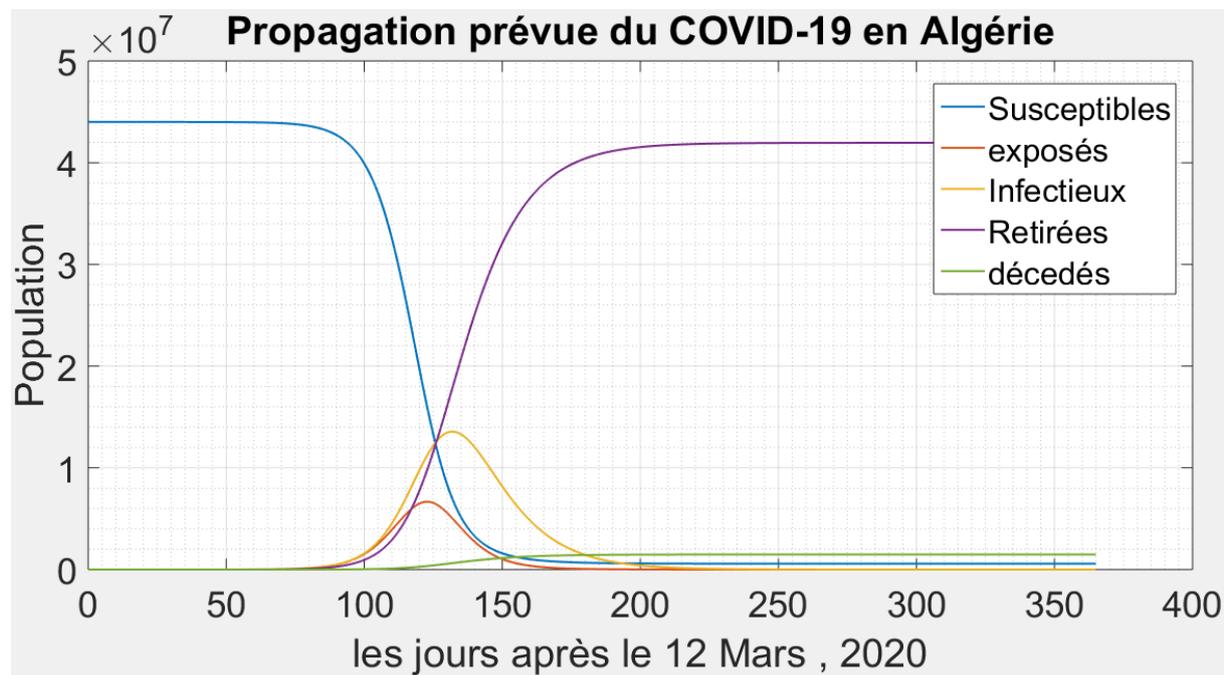


Figure 4-5 : Les résultats de prédiction du modèle SEIRD pour la propagation de COVID-19 en Algérie .

Remarque :

*L'épidémie commence à se faire sentir après environ 100 jours à compter de 12 Mars .

*On a un pic épidémique entre 100 et 150 jours (courbe rouge, personnes exposées) une fois le pic passé, la courbe décroît simultanément, la courbe violette des personnes retirées croît et la courbe bleue des personnes saines (susceptibles) diminue et comme il s'agit d'un modèle déterministe le nombre de personnes infectieuses finira par être 0 après avoir passé d'un pic environ le 140^e jour (courbe jaune) .

*On remarque aussi que durant les pics les cas des décès augmentent juste après les cas diminuent.

Nous pouvons obtenir aussi un tableau (une matrice) de 366 lignes et 5 colonnes qui contient les résultats de prédiction des statistiques de covid-19 dans la période

étudiés des cas : susceptibles, exposés, infectieux , retirées et décédés commençant par les cas trouvé dans le cite web des dominateurs mondiaux « figure 4.3 »

Voici capture d'écran de tableau obtenue après l'exécution de notre code Matlab .

366x5 double

	1	2	3	4	5
1	43999976	0	15	8	1
2	4.4000e+07	4.1763	14.3734	9.0085	1.0355
3	4.4000e+07	7.5568	14.4843	10.0005	1.0704
4	4.4000e+07	10.4646	15.1667	11.0205	1.1063
5	4.4000e+07	13.1301	16.3156	12.1043	1.1445
6	4.4000e+07	15.7172	17.8715	13.2814	1.1859
7	4.4000e+07	18.3554	19.8014	14.5793	1.2316
8	4.4000e+07	21.1347	22.1022	16.0226	1.2824
9	4.4000e+07	24.1423	24.7796	17.6378	1.3392
10	4.4000e+07	27.4500	27.8561	19.4517	1.4031
11	4.4000e+07	31.1185	31.3694	21.4922	1.4749
12	4.4000e+07	35.2181	35.3617	23.7912	1.5558
13	4.4000e+07	39.8234	39.8835	26.3844	1.6471
14	4.4000e+07	45.0020	45.0007	29.3096	1.7500
15	4.4000e+07	50.8312	50.7877	32.6100	1.8662
16	4.4000e+07	57.4019	57.3274	36.3349	1.9973
17	4.4000e+07	64.8187	64.7125	40.5404	2.1453
18	4.4000e+07	73.1914	73.0526	45.2889	2.3124
19	4.4000e+07	82.6379	82.4689	50.6481	2.5011
20	4.4000e+07	93.2963	93.1004	56.6970	2.7140
21	4.4000e+07	105.3260	105.1051	63.5257	2.9543
22	4.4000e+07	118.9081	118.6600	71.2358	3.2257
23	4.4000e+07	134.2462	133.9629	79.9416	3.5321
24	4.4000e+07	151.5722	151.2468	89.7750	3.8782
25	4.4000e+07	171.1265	170.7540	100.8734	4.2600

Figure 4-6 : les prédiction des cas obtenue de 1 er jour jusqu'a le 24 ième jour .

	1	2	3	4	5
105	3.7692e+07	2.2915e+06	2.4688e+06	1.4947e+06	5.2608e+04
106	3.6998e+07	2.5231e+06	2.7459e+06	1.6743e+06	5.8931e+04
107	3.6241e+07	2.7702e+06	3.0487e+06	1.8739e+06	6.5956e+04
108	3.5420e+07	3.0335e+06	3.3775e+06	2.0954e+06	7.3751e+04
109	3.4532e+07	3.3124e+06	3.7328e+06	2.3407e+06	8.2385e+04
110	3.3577e+07	3.6034e+06	4.1163e+06	2.6115e+06	9.1918e+04
111	3.2556e+07	3.9026e+06	4.5290e+06	2.9097e+06	1.0241e+05
112	3.1471e+07	4.2072e+06	4.9705e+06	3.2371e+06	1.1394e+05
113	3.0324e+07	4.5147e+06	5.4388e+06	3.5958e+06	1.2656e+05
114	2.9118e+07	4.8231e+06	5.9308e+06	3.9879e+06	1.4036e+05
115	2.7858e+07	5.1268e+06	6.4443e+06	4.4151e+06	1.5540e+05
116	2.6554e+07	5.4178e+06	6.9781e+06	4.8783e+06	1.7170e+05
117	2.5214e+07	5.6894e+06	7.5288e+06	5.3786e+06	1.8931e+05
118	2.3847e+07	5.9368e+06	8.0910e+06	5.9171e+06	2.0826e+05
119	2.2463e+07	6.1571e+06	8.6569e+06	6.4947e+06	2.2859e+05
120	2.1073e+07	6.3455e+06	9.2198e+06	7.1119e+06	2.5031e+05
121	1.9690e+07	6.4943e+06	9.7751e+06	7.7676e+06	2.7339e+05
122	1.8326e+07	6.5980e+06	1.0317e+07	8.4608e+06	2.9779e+05
123	1.6993e+07	6.6548e+06	1.0838e+07	9.1904e+06	3.2347e+05
124	1.5700e+07	6.6658e+06	1.1329e+07	9.9552e+06	3.5039e+05
125	1.4455e+07	6.6321e+06	1.1781e+07	1.0753e+07	3.7847e+05
126	1.3268e+07	6.5517e+06	1.2192e+07	1.1581e+07	4.0761e+05
127	1.2145e+07	6.4258e+06	1.2556e+07	1.2435e+07	4.3766e+05
128	1.1091e+07	6.2584e+06	1.2870e+07	1.3312e+07	4.6853e+05

Figure 4-7 : les prédiction des cas obtenue de 105 ième jour jusqu'a le 128 ième jour .

	1	2	3	4	5
343	5.7185e+05	1.2237	38.0656	4.1952e+07	1.4766e+06
344	5.7185e+05	1.1463	35.6578	4.1952e+07	1.4766e+06
345	5.7185e+05	1.0738	33.4020	4.1952e+07	1.4766e+06
346	5.7185e+05	1.0059	31.2894	4.1952e+07	1.4766e+06
347	5.7185e+05	0.9423	29.3116	4.1952e+07	1.4766e+06
348	5.7185e+05	0.8828	27.4601	4.1952e+07	1.4766e+06
349	5.7185e+05	0.8271	25.7270	4.1952e+07	1.4766e+06
350	5.7185e+05	0.7749	24.1047	4.1952e+07	1.4766e+06
351	5.7185e+05	0.7261	22.5855	4.1952e+07	1.4766e+06
352	5.7185e+05	0.6803	21.1623	4.1952e+07	1.4766e+06
353	5.7185e+05	0.6374	19.8280	4.1952e+07	1.4766e+06
354	5.7185e+05	0.5972	18.5760	4.1952e+07	1.4766e+06
355	5.7185e+05	0.5594	17.4017	4.1952e+07	1.4766e+06
356	5.7185e+05	0.5240	16.3008	4.1952e+07	1.4766e+06
357	5.7185e+05	0.4909	15.2694	4.1952e+07	1.4766e+06
358	5.7185e+05	0.4598	14.3034	4.1952e+07	1.4766e+06
359	5.7185e+05	0.4307	13.3990	4.1952e+07	1.4766e+06
360	5.7185e+05	0.4035	12.5525	4.1952e+07	1.4766e+06
361	5.7185e+05	0.3781	11.7603	4.1952e+07	1.4766e+06
362	5.7185e+05	0.3542	11.0187	4.1952e+07	1.4766e+06
363	5.7185e+05	0.3319	10.3243	4.1952e+07	1.4766e+06
364	5.7185e+05	0.3110	9.6740	4.1952e+07	1.4766e+06
365	5.7185e+05	0.2914	9.0644	4.1952e+07	1.4766e+06
366	5.7185e+05	0.2730	8.4924	4.1952e+07	1.4766e+06

Figure 4-8 les prédiction des cas obtenue de 343 ième jour jusqu'a le 366 ième jour .

4.6 CONCLUSION

Dans ce chapitre, nous avons estimé quelques donnés associées à la propagation du COVID-19 en Algérie ; la simulation a été effectuée en utilisant le types de modèle mathématiques en épidémiologie SEIRD .

Conclusion générale :

La modélisation mathématique est de plus en plus utilisée en épidémiologie comme un outil essentiel d'aide à la décision sanitaire. Dans ce travail, nous avons présenté d'une part, des définitions et concept de base, des outils mathématiques pour étudier théoriquement et numériquement certains phénomènes épidémiologiques à savoir la diffusion et la propagation d'une épidémie .

En effet, au niveau des deux premiers chapitres de ce mémoire, en plus de la théorie et les indicateurs représentatifs en épidémiologie et la modélisation statistique, nous avons rappelé le principe et principaux paramètres d'un ensemble de modèles mathématiques bien connus pour la modélisation mathématique en épidémiologie et aussi pour le COVID-19. Et d'autre part, nous nous sommes intéressés à la modélisation et l'étude de l'évolution du COVID-19 en Algérie, en utilisant les modèles déterministes .

Plus précisément, le modèle déterministe SEIRD ce modèle mathématique est utilisé pour simuler numériquement la propagation du COVID-19 en Algérie durant une année jusqu'à 12 mars 2020. C'est l'objectif du 4eme chapitre .

Comme perspectives futurs de notre travail, nous proposons d'utiliser les outils de la Recherche Opérationnelle pour aide à la décision sanitaire .

Résumé

Le foyer des maladies transmissibles menace la santé des individus ; en effet plusieurs équipes de recherches ont investi dans l'étude du mécanisme de propagation d'épidémie pour proposer un système de surveillance fiable en utilisant des modèles mathématiques.

Le premier qui a développé un modèle mathématique dans l'histoire d'épidémiologie est Daniel Bernoulli en 1700 c'était sur l'épidémie de variole, de nombreux travaux donc ont suivi ce travail afin de comprendre comment ces maladies transmissibles se propagent.

Dans cette optique la simulation par des modèles mathématiques paraît un bon outil pour comprendre le mécanisme de propagation des maladies infectieuses tel que le covid-19 qui est l'objectif de notre travail.

Mots clés : covid-19, épidémiologie, modélisation, maladies infectieuses, nombre de reproduction.

Bibliographies :

- [1] T. Ancelle. Statistique Epidémiologie, SCIENCES FONDAMENTALES. Ellipses, 2002.
- [2] S. Alizon, B. Reyné, and C. Selinger. Modélisation de l'épidémie de COVID-19 : modèle SEAIR. PhD thesis, 2020.
- [3] F. Bertrand, E. Claeys, and M. Maumy-Bertrand. Modélisation statistique par la pratique avec R : Cours et exercices corrigés. Dunod, 2019.
- [4] P. Billeter. Recherche opérationnelle et statistique. Revue économique et sociale : bulletin de la Société d'Etudes Economiques et Sociales, 1961.
- [5] E. Bourgard, V. Demange, and C. Aubry. L'épidémiologie en santé au travail. Technical report, 2004.
- [6] A. Bhadauria, R. Pathak, and M. Chaudhary. A siq mathematical model on covid-19 investigating the lockdown effect. Infectious Disease Modelling, 6 :244–257, 2021.
- [7] F. Brauer, C. Castillo-Chavez, and Z. Feng. Mathematical models in epidemiology, volume 32. Springer, 2019.
- [8] D. Bernoulli. Essai d'une nouvelle analyse de la mortalité causée par la petite vérole et des avantages de l'inoculation pour la prévenir. Histoire de l'Acad. Roy. Sci.(Paris) avec Mém. des Math. et Phys. and Mém, pages 1–45.1760.
- [9] J. Bertrandias, F. Bertrandias. Mathématiques pour les sciences de la vie, de la nature et de la santé ,1997.
- [10] F. Brauer, P. van den Driessche and J. Wu. Mathematical Epidemiology, Lectures notes in Mathematics, Springer (2008). BESKRA
- [11] H. Ebraheem, N. Alkhateeb, H. Badran, and E. Sultan. Delayed dynamics of sir model for covid-19. Open Journal of Modelling and Simulation, 9(2) :146–158, 2021.
- [12] I. EL Berrai. Contribution à l'analyse déterministe et stochastique du modèle épidémiologique sir. 2016 .
- [13] R. Faure, B. Lemaire, and C. Picouleau. Précis de recherche opérationnelle- 7e éd. : Méthodes et exercices d'application. Dunod, 2014.
- [14] Groupe de modélisation de l'équipe ETE. Nombre de reproduction du covid-19.

- [15] M. Heffernan, R. Smith, and L. Wahl. Perspectives on the basic reproductive ratio. *Journal of the Royal Society Interface*, 2(4) :281–293, 2005.
- [16] T.Kuniya, J. Wang, H. Inaba. A multi-group SIR epidemic model with age structure, *Discrete and Continuous Dynamical Systems*, 2016.
- [17] N. Marie. *Introduction à la modélisation probabiliste et statistique*. Ellipses, 2018.
- [18] Z. Ma, S. Wang, X. Lin, X. Li, X. Han, H. Wang, and H. Liu. Modelling for the covid-19 with the contacting distance. 2021.
- [19] M. Mahrouf, A. Boukhouima, H. Zine, EM. Lotfi, DFM. Torres, and N. Yousfi. Modeling and forecasting of covid-19 spreading by delayed stochastic differential equations. *axioms* 2021, 10, 18. 2021.
- [20] M. Martcheva. *An introduction to mathematical epidemiology*, volume 61. Springer, 2015.
- [21] modélisation mathématique en épidémiologie, mémoire de maitrise, Université de LAVAL -Canada, 2008.
- [22] F. Rechenmann. *Systèmes dynamiques et équations différentielles*. Interstices.2010.
- [23] M. Serhani and H. Labbardi. Mathematical modeling of covid-19 spreading with asymptomatic infected and interacting peoples. *Journal of Applied Mathematics and Computing*, 66(1) :1–20, 2021.
- [24] F. Sauvage, D. Pontier. Interêts des modèles déterministes et stochastiques en épidémiologie des maladies infectieuses : exemple du hantavirus puumala. *Epidémiologie et Santé Animale*, 47:63–82 .2005.
- [25] S. Touzeau. *Modèles épidémiologiques*, AgroParisTech (cours au format PDF), 2010.
- [26] P. Vallin and D. Vanderpooten. *Aide à la décision : une approche par les cas*. Ellipses Paris, 2000.
- [27] World Health Organization et al. Estimating mortality from covid-19 : scientific brief, 4 august 2020. Technical report, World Health Organization, 2020.
- [28] H. Weiss. *The SIR model and the Foundations of Public Health*, *Materials Mathematics, Publicationelectronica de divulgació del Department de Matemàtiques de la Universitat Autònoma de Barcelona*, 2013.

[29] R. Yafia. Modélisation et dynamique en épidémiologie, covid19 avec confinement et isolation-application au cas du maroc. 2020.

[30] WikiStat. Introduction à la modélisation statistique, <http://wikistat.fr>

SOMMAIRE

Introduction Générale.....	1
Chapitre 1 : Aperçu historique.....	4
1.1 Introduction	4
1.2 GENERALITES.....	4
1.2.1 Définitions de quelques termes épidémiologiques.....	4
1.3 Aperçu historique	5
Chapitre 2 : La modélisation mathématique en épidémiologie	8
2.1 Introduction :	8
2.2 Concepts de base	8
2.2.1 Que ce qu'un modèle ?	8
2.2.2 Modélisation en épidémiologie	8
2.2.3 Système dynamique	9
2.2.4 Système complexe	9
2.2.5 La modélisation mathématique en épidémiologie	9
2.2.6 Le processus dynamique de l'infection :	10
2.2.7 Principe de la modélisation mathématique en épidémiologie....	11
2.3 Branches de l'épidémiologie et ses champs d'application	11
2.4 Analyse statistique et modélisation :.....	12
2.4.1 Modélisation statistique.....	12
2.4.2 Analyse statistique et Recherche opérationnelle	13
2.5 Quelques modèles mathématiques en épidémiologie	15
2.5.1 Les modèles compartimentaux déterministes.....	15
2.5.2 Modèle stochastique.....	19
2.6 Conclusion	20
3.1 Introduction	21
3.2 Pandémie de covid-19	21
3.2.1 Coronavirus :	21
3.2.2 Les symptômes de Covid-19 :	22
3.2.3 Transmissions de la Covid-19 :	23

3.2.4	Diagnostic de la Covid-19	24
3.2.5	Statistiques du Covid-19 en Algérie	25
3.2.6	Traitement des malades Covid-19	26
3.3	Problématique à poser	27
3.4	Paramètres de la maladie :	27
3.4.1	Taux de reproduction :	27
3.4.2	Période d'incubation.....	30
3.4.3	Temps de génération, Intervalle sériel.....	31
3.4.4	Le taux de létalité.....	32
3.4.5	Calcul du ratio de létalité réel (IFR) :.....	32
3.4.6	Calcul du ratio de létalité apparent (CFR) :.....	32
3.4.7	Calcul du taux de létalité apparent (CFR) pendant une épidémie :.....	33
3.5	Quelques modèles mathématiques appliqués au COVID-19 :.....	35
3.5.1	Modèles déterministes :	36
3.6	Conclusion	44
Chapitre 4 : Etude de la propagation de la pandémie COVID-19 : Le cas d'Algérie		46
4.1	Introduction	46
4.2	Choix du langage Matlab.....	46
4.3	Résolution numérique de systèmes d'équations Différentielles	47
4.4	Simulation : modèle SEIRD	47
4.4.1	Les données utilisé dans notre programme :	48
Conclusion générale :		54
Références :		56