



Revue des Sciences et Sciences de l'ingénieur

Journal of sciences and engineering sciences

ISSN 2170-0737 EISSN: 2600-7029

<https://www.asjp.cerist.dz/en/PresentationRevue/303>



Étude Comparative De La Situation Épidémiologique De Covid19 En Algérie Par Les Modèles SIR De Propagation Entre Plusieurs Pays

*Ahmed Hamimes¹, Benamirouche Rachid², Fatih Chellai³

¹Faculté de médecine, université de Constantine 3, Algérie.

²École nationale de la statistique et d'économie appliquée, Algérie.

³Faculté d'économie, de commerce et de gestion, Université de Ferhat Abbas, Algérie

Article history

Received: 2020-04-23

Accepted: 2021-10-30

Abstract

On March 11, 2020, the Covid-19 epidemic became a pandemic according to the WHO, which called for essential protective measures against the new coronavirus to prevent the saturation of hospital spaces in intensive care and strengthen preventive hygiene. A crisis plan in the event of a pandemic is necessary to reduce the risks linked to the appearance of a pandemic, and aimed at ensuring, as much as possible, the basic needs of all. In a scientific context we are trying to assess this pandemic in Algeria via the integration of different experiences from certain countries also suffers from this pandemic and the like in the triggering time (the first infected observation) by the SIR model; which represents the tool for model the spread of this pandemic. This analysis allows assessing the health policy and the precautions used to combat the pandemic.

Keywords: Epidemic, Covid-19, SIR model.

Résumé

Le 11 mars 2020, l'épidémie de Covid-19 devient une pandémie selon l'OMS, qui demande des mesures de protection essentielles contre le nouveau coronavirus pour prévenir la saturation des places d'hôpitaux en soins intensifs et renforcer l'hygiène préventive. On essaie d'évaluer cette pandémie en Algérie via l'intégration des différentes expériences de certain pays similaires dans le temps de déclenchement par le modèle SIR ; une technique pour modéliser la propagation de cette pandémie. Cette analyse permet d'évaluer la politique de santé et les précautions utilisés face à cette maladie.

* Corresponding author. Tel./fax: +213 775777777.
E-mail address: khalilben@lagh-univ.dz (K. Ben).

Mots-clés:Epidémie, Covid-19, le modèle SIR.

* Corresponding author. Tel./fax: +213 775777777.
E-mail address: khalilben@lagh-univ.dz (K. Ben).

1. Introduction

L'étude d'une épidémie est cruciale pour l'analyser et la contrôler. Cette compréhension porte essentiellement sur l'évolution des relations entre le groupe de malades infectieux et celui des individus pouvant être contaminés dans une population donnée. Le but de la modélisation en épidémiologie est de prédire l'évolution de la maladie étudiée ; ce qui permet ensuite d'agir en proposant des thérapies adéquates. On subdivise une population en compartiments dans chacun il y a des catégories de individus différents.

Au XVIII^e siècle, la ville de Londres est infectée par une épidémie de variole. Une solution controversée est la variolisation : on met en contact un individu avec un prélèvement d'une pustule sur un malade. Comme un individu ne peut être touché que deux fois par la variole, cette pratique le tue ou lui procure une immunité à vie. Le tout premier modèle épidémiologique a été formulé par Daniel Bernoulli en 1760 (voir [2]) dont le but est d'évaluer l'impact de la variolisation sur l'espérance de vie des individus. En 1911, Sir Ronald Ross, (voir [10]) considéré comme étant l'un des pères fondateurs de l'épidémiologie mathématique basée sur des modèles compartimentaux, expose le premier modèle de transmission du paludisme. Il met en évidence un phénomène de seuil. Le modèle « S.I.R. » a été présenté pour la première fois par Kermack et McKendrick (voir [6]) à Londres et Cambridge en 1927 pour expliquer a posteriori l'évolution de l'épidémie de peste à Bombay en 1905-1906.

Le nouveau corona virus (COVID-19), qui provoque une maladie respiratoire aiguë chez l'homme, est apparu comme la nouvelle épidémie dans le monde qui s'est fait déclenchée fin 2019. D'après les statistiques de l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS) en 22 Mai 2020, le nombre de décès causé par Covid-19 est de 465 740 décès, avec près de 9 millions de cas confirmés, les pays les plus infectés sont : la Chine, l'USA, le Brésil, la Turquie, l'Iran..., voir pour l'instant, [15, 14]. L'épicentre de la Chine continentale a été décrit comme la ville de Wuhan. La propagation de virus est contenue dans une certaine mesure en retard en raison de mesures de précaution drastiques prises en Chine, mais s'est propagée rapidement dans le reste du monde (emprise désormais), ce qui suscite de graves inquiétudes. On s'attend à ce que le nombre de décès puisse être bientôt maîtrisé en raison de la sensibilisation actuelle, à un traitement efficace et à des mesures préventives en vigueur, mais des effets à long terme sur les économies, les activités académiques, la vie sociale, etc. sont anticipés.

Dans les dernières années, l'application des modèles mathématiques en épidémiologie a connu une forte augmentation, des revues spécialisées de médecine, de biologie et de mathématiques aux revues généralistes à fort impact ([8]), ce qui montre l'importance de

l'interdisciplinarité. La modélisation mathématique est utile pour prévoir le potentiel et la gravité de l'éclosion de la maladie et pour fournir des informations clés pour déterminer le type et l'intensité de la réponse à la maladie. Le modèle SIR et ses variantes, comme le modèle SEIR, ont été couramment appliqués à l'épidémie actuelle de COVID-19. Tang et al [11] ont étudié le modèle épidémiologique estimé pour l'infection au COVID-19 sur la base d'un SEIR classique sensible-exposé-infecté-retiré. Wu et al [12] ont proposé un modèle SEIR étendu pour prévoir la propagation du nCoV 2019 à l'intérieur et à l'extérieur de la Chine continentale, mais les deux expériences ont suggéré que la population exposée n'était pas contagieuse, ce qui pourrait ne pas être suffisant dans COVID-19. Yang Z et al [13] ont trouvé que l'épidémie de la Chine devrait culminer fin février et se terminer fin avril avec une combinaison du modèle SEIR et d'une approche de l'intelligence artificielle (IA) d'apprentissage automatique.

Dans cet article, nous essayons d'analyser cette pandémie en Algérie à travers l'incorporation par le modèle SIR de la méthode de modélisation de la propagation de cette pandémie, de différentes observations de certains pays liés dans la **période de déclenchement**. Cette analyse permet d'évaluer la politique de santé et les précautions appliquées face à cette maladie. Les préoccupations des décideurs sont formulées sous forme des questions, dont cette étude essaye de donner des réponses ;

- Quel est le taux de reproduction en Algérie dans ce point du temps ?
- Quelle est la valeur de taux d'infection, taux de guérison, la durée moyenne d'infection, le nombre totale des infectés et le nombre des décès en Algérie et leur relation avec les pays de comparaison¹?
- Quelle est la forme de la pandémie en Algérie et dans les autres pays de comparaison ?
- Quels sont les éléments nécessaires pour un meilleur contrôle de la pandémie ?
- Le modèle SIR fournit-il des résultats convaincants, Il peut être utilisé comme référence en Algérie pour évaluer en continu la situation épidémiologique en fonction du flux de données?

2. Le modèle SIR

Pour modéliser la dynamique de l'épidémie, nous avons besoin de trois équations différentielles, avec :

S : « susceptibles » les individus qui ne sont pas malades mais susceptibles de le devenir.

I : « Infectieux » les individus malades et capables de transmettre l'infection.

R : « retirés » les individus qui ont contracté la maladie et qui ne peuvent plus la transmettre (immunisés de façon

¹Le choix de ces pays est lié à la période de déclenchement de la pandémie.

permanente, isolés, morts). Ce groupe est approprié à certaines maladies.

E : « exposés » les individus exposés à la maladie.

Généralement, la taille totale de la population est considérée comme constante, c'est-à-dire $N = S + I + R$.

où β est le paramètre qui contrôle la transition entre S et I c.à.d. le taux de contact ou bien le taux d'infection et γ qui contrôle la transition entre I et R est le taux de guérison ou bien le taux de recouvrement.

On considère une population fermée, c'est à dire qu'il n'y a pas de naissance ni de mort et que le virus choisi ne possède pas de période d'incubation. On obtient trois équations différentielles:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI \quad (1)$$

On a un signe « - » car avec le temps ce groupe se réduit. En effet l'épidémie a déjà touché un certain nombre de personnes. La valeur est proportionnelle au nombre d'infectés, au nombre de susceptibles d'être infectés et à β .

β représente le taux d'infection c'est à dire le taux de probabilité de transmission du virus et le nombre de contacts entre un sujet infecté et des personnes susceptibles de l'être.

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I \quad (2)$$

Cette équation décrit l'accroissement du nombre d'infectés au fil du temps. On a la somme du nombre précédent avec le signe « + » pour signifier que le nombre d'infecté croît avec le temps et le second terme, négatif, qui signifie qu'un nombre d'infectés s'immunise. Donc γ représente le taux d'immunisés.

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (3)$$

Second terme positif qui représente bien l'accroissement du nombre de retirés c'est à dire le taux d'immunisés. L'épidémie nécessite une chaîne de transmission : des infectés doivent contaminer des susceptibles.

Le système d'équation différentielle est donné par :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta SI \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I \end{cases}$$

Dans ce système d'équation le rôle crucial joué par le paramètre R_0 , décrivant le nombre moyen de nouvelles infections dues à un individu malade. C'est le taux de reproduction et à travers lui il est possible de calculer le paramètre p qui représente le pourcentage de personnes à immuniser pour stopper l'épidémie et

$p > 1 - (1/R_0)$ pour faire baisser le nombre de personnes susceptibles d'être infectées. Il existe d'autres seuils couramment utilisés en épidémiologie comme σ et R, mais le taux de reproduction le plus important est le taux de reproduction de base [5] et ([3],[4]) noté R_0 .

Si $R_0 < 1$ l'épidémie tendra à s'éteindre. La durée de cette opération dépend généralement de la taille du paramètre.

Si $R_0 > 1$ l'épidémie pourra persister voire s'étendre à la population entière. En règle générale, plus la valeur de R_0 est élevée, plus l'épidémie ne sera grave et peut-être répandue ([9]).

Dans ce modèle SIR, quand un individu infecté nouvellement introduit peut s'attendre à infecter d'autres personnes au taux β pendant la période infectieuse attendue $1/\gamma$. On peut donc calculer le taux de reproduction par :

$$R_0 = \beta / \gamma$$

3. Données

Dans un contexte scientifique on essaie d'évaluer le Covid19 en Algérie via l'intégration des différentes expériences de certain pays infectés par cette pandémie et similaires dans le temps de déclenchement (la première observation infectée), on a sélectionné les pays suivants : Brésil, Danemark, Egypte, Iran, Afrique du sud et la Turkey. La figure suivante montre l'évolution des cas confirmés dans ces sept pays concernés jusqu'à le 3/22/20.

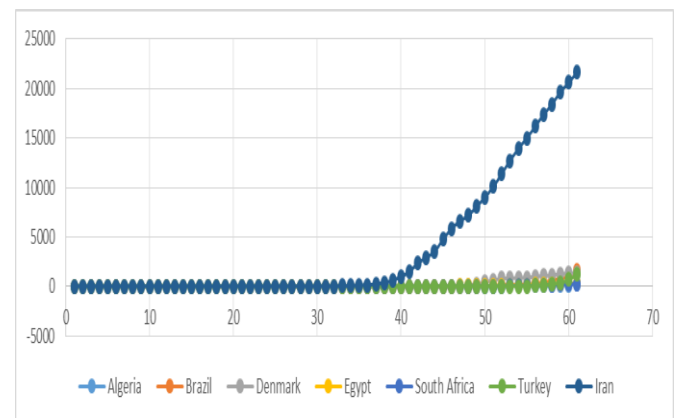


Figure 1 : les cas confirmés en Algérie et dans les autres pays étudiés.

Si nous excluons l'Iran dans cette figure il est possible de faire une comparaison graphique plus exacte, à cause de l'évolution très rapide de la pandémie dans ce pays.

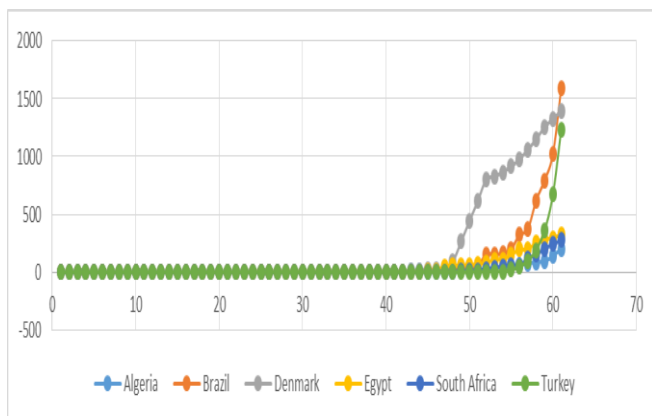


Figure 2 : les cas confirmés en Algérie et dans les autres pays étudiés sauf l'Iran.

Il est clair d'après la figure (2) que l'évolution de cette pandémie en Algérie est moins rapide par rapport aux autres pays de comparaison. En revanche, la tendance de la pandémie n'est pas statique, ce qui nécessite le recours à la modélisation statistique de la propagation de cette pandémie. En effet, le modèle le plus adéquat dans cette situation d'analyse est le modèle SIR. Dans la deuxième partie de ce travail on va appliquer ce type de modèles pour étudier la dynamique et prédire la trajectoire de cette pandémie dans les pays consternés par notre étude.

4. Études de cas par le modèle SIR

4.1. Cas de l'Algérie

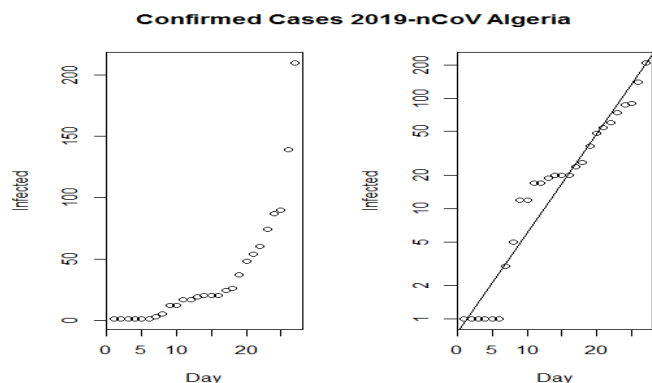


Figure 3 : À gauche, les cas confirmés en Algérie et à droite les mêmes, mais avec une échelle logarithmique.

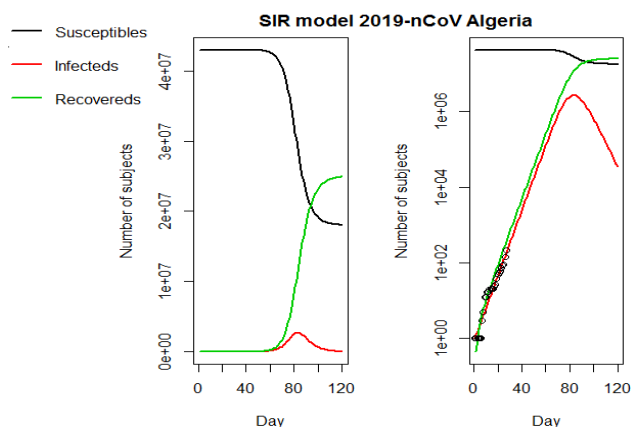


Figure 4 : le modèle SIR pour le cas de l'Algérie.

D'après la figure (4) on construit le tableau suivant :

Tableau1 : statistiques sur le modèle SIR de l'Algérie

L'état	R_0	P	Max(d)	Max(I)	HR	β	γ
Algérie	1.49	0.33	53857	2692850	83	0.59	0.4

Selon l'OMS il existe une transmission interhumaine du virus et, selon les estimations préliminaires, le taux de reproduction de base (R_0) se situe entre 1,4 et 2,5. En Algérie $R_0 = 1.49$ le taux de reproduction est supérieure de 1 ce qui signifie que le virus reste en propagation, mais avec un taux modéré. La Figure (3) montre une tendance exponentielle dans le nombre des cas de Covid 19, cette représentation n'est pas étrange lorsque on parle d'une pandémie. Dans la figure (4) le point maximal de la pandémie en Algérie et lorsque toutes choses égales par ailleurs et après presque 3 mois, avec plus de 2692850 infectés et plus de 53857 de morts. Le paramètre P représente les personnes à immuniser qui égale à presque 33% de la population totale.

4.2. Cas de Brazil

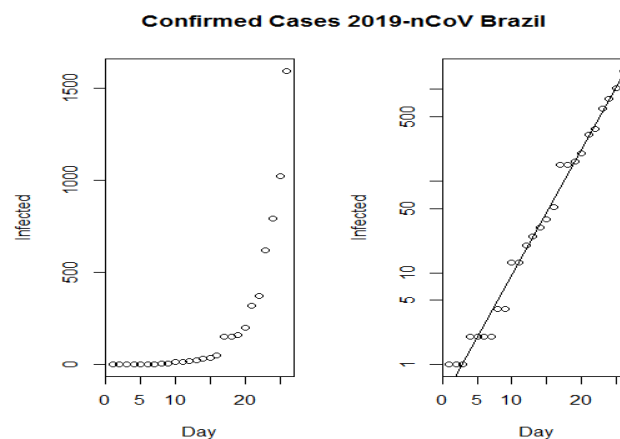


Figure 5 : À gauche, les cas confirmés en Brazil et à droite les mêmes, mais avec une échelle logarithmique.

Dans la figure (5) À gauche, les cas confirmés et cumulés en Brazil et à droite les mêmes, mais avec une échelle logarithmique sur l'axe des y, ce qui indique que l'épidémie est dans une phase exponentielle, bien que la fonction est de forme discontinue au début. La fonction suivra une forme exponentielle après 15 jours de mesures.

Nous arrivons maintenant à la partie prédiction avec le modèle SIR, dont l'idée de base est assez simple. Il existe trois groupes d'individus : ceux qui sont en bonne santé mais sensibles à la maladie (S), les personnes infectées (I) et les personnes qui se sont rétablies (R).

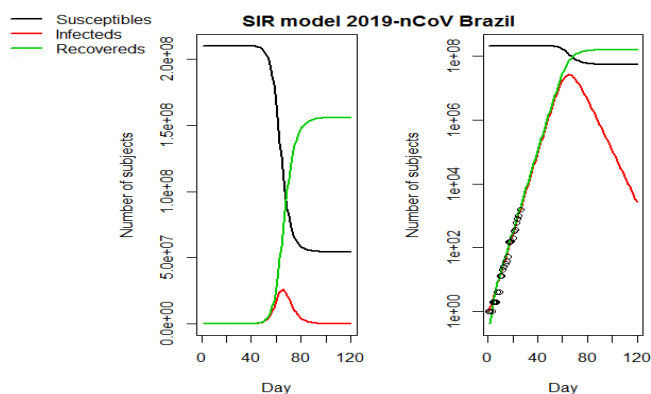


Figure 6 : le modèle SIR pour le cas de Brazil.

D'après la figure (6) on construit le tableau suivant :

Tableau 2 : statistiques sur le modèle SIR de la Brazil.

L'état	R_0	P	Max(d)	Max(I)	HR	β	γ
Brazil	1.824	0.45	514069	25703497	65	0.6	0.35

Ainsi, R_0 est inférieur à 2 (le nombre que de nombreux chercheurs et l'OMS donnent pour le SRAS, la grippe ou d'Ebola) le taux de reproduction est proche de 2, ce qui signifie que le virus reste en propagation. De plus, selon ce modèle, le pic d'une éventuelle pandémie serait atteint après 65 jours après le début avec plus de 25703497 infectés et plus de 514069 de morts. Le paramètre P représente les personnes à immuniser qui égale à presque 45% de la population totale.

4.3. Cas de Danemark

Le paramètre de reproduction en Danemark R_0 vaut 1.46 d'après le tableau (3) cette valeur reste supérieure de 1 ce qui signifie que le Covid 19 reste en propagation. De plus, selon ce modèle, le pic d'une éventuelle pandémie serait atteint après 46 jours après le début et proche de celui de la France avec plus de 327549 infectés et plus de 6550 de morts.

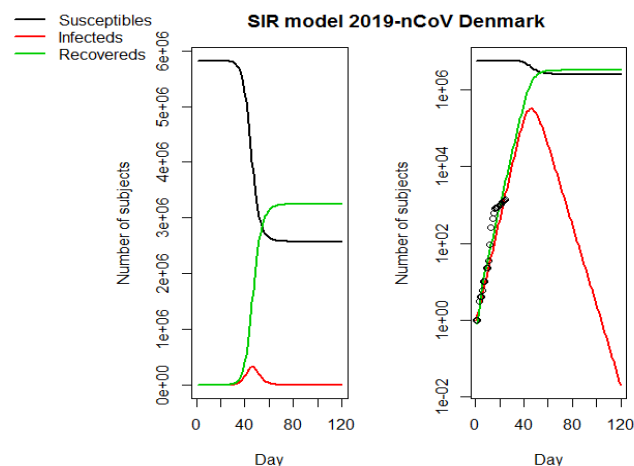


Figure 8 : le modèle SIR pour le cas de Danemark.

D'après la figure (8) on construit le tableau suivant :

Tableau3 : statistiques sur le modèle SIR de Danemark.

L'état	R_0	P	Max(d)	Max(I)	HR	β	γ
Danemark	1.462	0.31	6551	327550	46	1	0.683

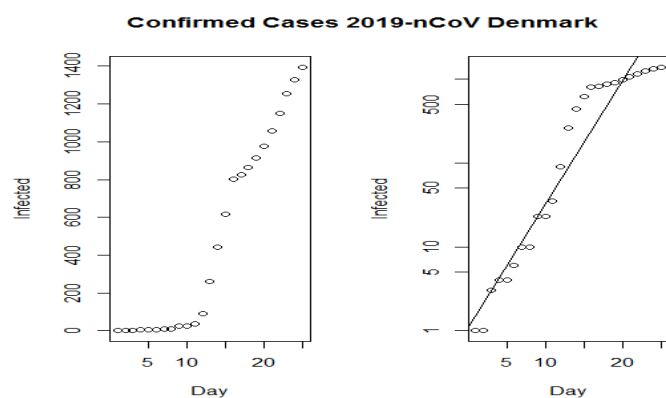


Figure 7 : À gauche, les cas confirmés en Danemark et à droite les mêmes, mais avec une échelle logarithmique.

Dans la figure (7) À gauche, les cas confirmés et cumulés en Danemark et à droite les mêmes, mais avec une échelle logarithmique sur l'axe des y, ce qui indique que l'épidémie est dans une phase exponentielle, on remarque une similarité entre cette figure et celui de l'Italie cela revient à la politique de santé dans les deux états, ainsi la location géographique qui joue certain fois un rôle épidémiologique important.

4.4. Cas de l'Iran

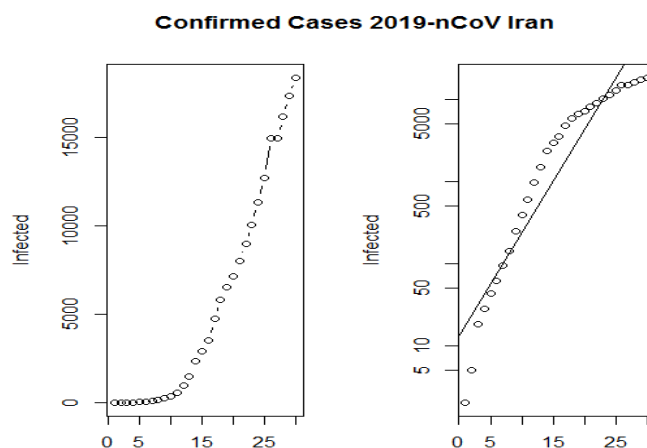


Figure 9 : À gauche, les cas confirmés en Iran et à droite les mêmes, mais avec une échelle logarithmique.

Dans la figure (9) À gauche, les cas confirmés et cumulés en Iran et à droite les mêmes, mais avec une échelle logarithmique sur l'axe des y (ce qu'on appelle un graphique semi-logarithmique ou plus précisément log-linéaire ici), ce

qui indique que l'épidémie est dans une phase exponentielle, bien qu'à un rythme légèrement plus faible qu'au début. Soit dit en passant : beaucoup de gens n'étaient pas du tout alarmés au début. Pourquoi ? Parce qu'une fonction exponentielle semble linéaire au début. C'était la même chose avec le VIH / SIDA quand il a commencé.

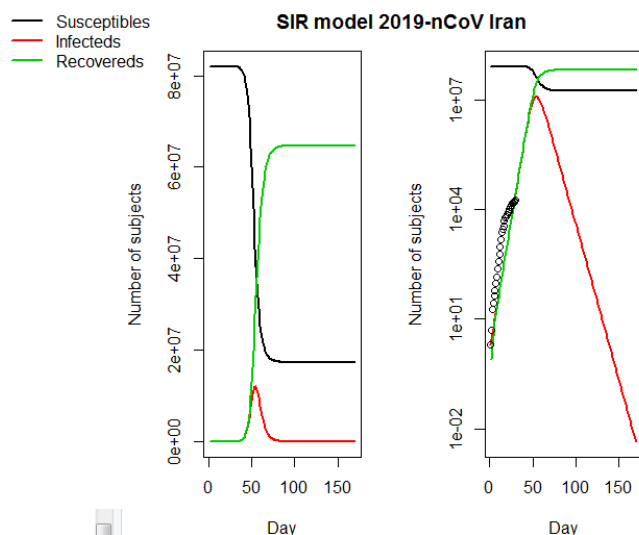


Figure 10 : le modèle SIR pour le cas de l'Iran.

D'après la figure (10) on construit le tableau suivant :

Tableau4 : statistiques sur le modèle SIR de l'Iran.

L'état	R_0	P	Max(d)	Max(I)	HR	β	γ
Iran	1.9	0.5	243178	12158894	54	0.6	0.3

Ainsi, R_0 est légèrement inférieur à 2, ce qui est le nombre que de nombreux chercheurs et l'OMS donnent et qui se situe autour de la même gamme de SRAS, de grippe ou d'Ebola. De plus, selon ce modèle, le pic d'une éventuelle pandémie serait atteint après 54 jours après le début avec plus de 200 avec 12158894 infectés et plus de 243177 de morts.

L'état	R_0	P	Max(d)	Max(I)	HR	β	γ
Egypte	1.37	0.27	82927.65	4146382	102	0.579	0.42

4.5. Cas de l'Egypte

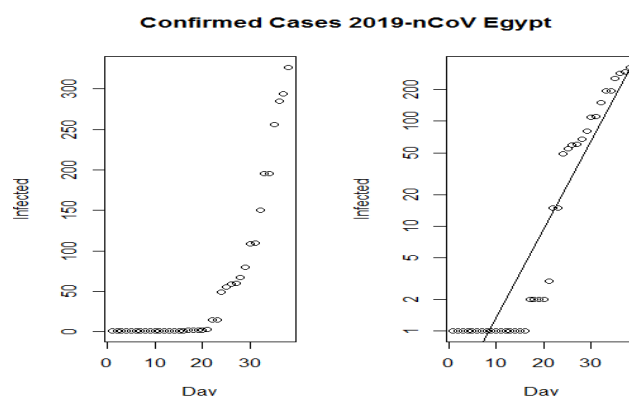


Figure 11 : À gauche, les cas confirmés en Egypte et à droite les mêmes, mais avec une échelle logarithmique.

Dans la figure (11) À gauche, les cas confirmés et cumulés en droite les mêmes, mais avec une échelle logarithmique sur l'axe des y, on remarque que dans l'Égypte et après 20 jours après la première observation de la pandémie le nombre des cas s'accélère d'une façon remarquable.

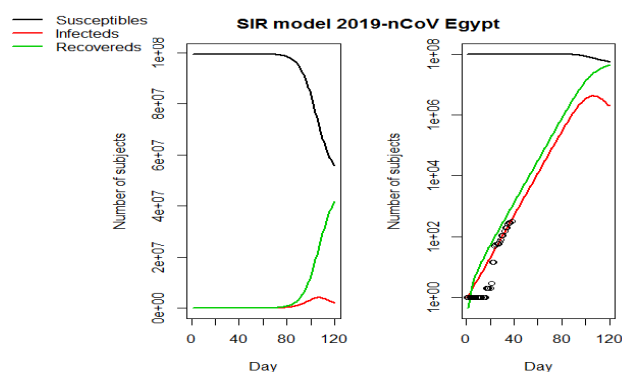


Figure 12 : le modèle SIR pour le cas de l'Égypte.

D'après la figure (12) on construit le tableau suivant :

D'après le tableau (5) le paramètre de reproduction en Egypte R_0 vaut 1.37 c'est la valeur minimal par rapport les Tableau5 : statistiques sur le modèle SIR de l'Égypte.

Autres comparateurs, cette valeur reste supérieure de 1 ce qui signifie que le Covid 19 reste en propagation. De plus, selon ce modèle, le pic d'une éventuelle pandémie serait atteint après 102 jours après le début avec plus de 4146382 infectés et plus de 82927 de morts.

4.6. Cas de l'Afrique du sud

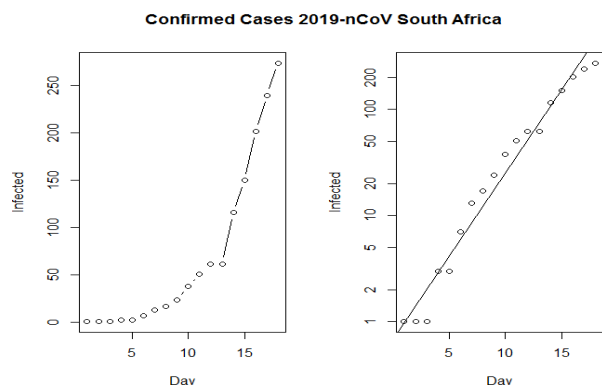


Figure 13 : À gauche, les cas confirmés en Afrique du sud et à droite les mêmes, mais avec une échelle logarithmique.

Dans la figure (13) À gauche, les cas confirmés et cumulé en Afrique du sud et à droite les mêmes, mais avec une échelle logarithmique sur l'axe des y, La fonction suit une forme exponentielle.

Le paramètre de reproduction en Afrique du sud R_0 vaut 2.02 d'après le tableau (6) cette valeur est supérieure de 1 ce qui signifie que le Covid 19 est en propagation. De plus, selon ce modèle, le pic d'une éventuelle pandémie serait atteint après 53 jours après le début et avec plus de 9268314 infectés et plus de 185366 de morts.

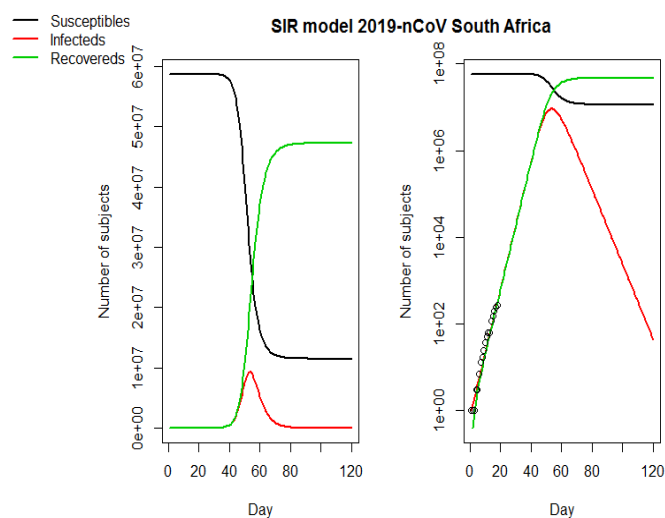


Figure 14 : le modèle SIR pour le cas de l'Afrique du sud.

D'après la figure (14) on construit le tableau suivant :

Tableau 6 : Statistiques sur le modèle SIR d'Afrique du Sud.

L'état	R_0	P	Max(d)	Max(I)	HR	β	γ
Afrique du Sud	2.02	0.5	185366.3	9268314	53	0.699	0.33

4.7. Cas de la Turkey

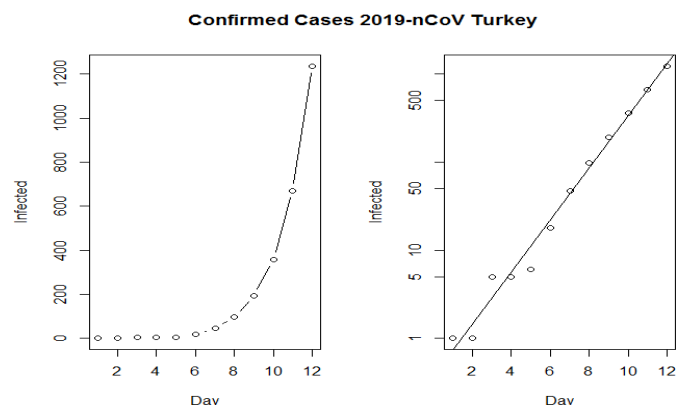


Figure 15 : À gauche, les cas confirmés en Turkey et à droite les mêmes, mais avec une échelle logarithmique.

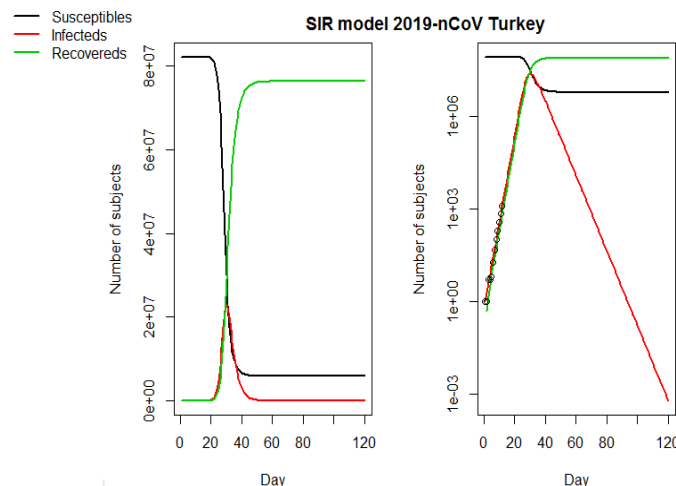


Figure 16 : le modèle SIR pour le cas de la Turkey.

La Turkey et comme les autres pays étudiés représente un modèle standard sauf le point de changement ou le point culminant de l'épidémie est 30 jour seulement, et ça revient principalement à la vitesse de croissance de la pandémie dans ce pays. En revanche, le taux de reproduction est 2.84 qui dépassent en lui-même le seuil international de cette pandémie qui explique bien le point culminant.

Tableau 7 : Statistiques sur le modèle SIR dans la Turkey.

L'état	R_0	P	Max(d)	Max(I)	HR	β	γ
Turkey	2.84	0.64	460690	23034521	30	1	0.35

5. Analyse et discussion

Tableau 8: statistiques générales sur les modèles SIR².

L'état	R_0	P	Max(d)	Max(I)	HR	β	γ
Algérie	1.49	0.33	53857	2692850	83	0.59	0.4
Brasil	1.82	0.45	514070	25703497	65	0.64	0.35
Iran	1.97	0.49	243178	12158894	54	0.66	0.33
Danmark	1.462	0.31	6551	327549.9	46	1	0.68
Egypte	1.37	0.27	82927	4146382	102	0.57	0.42
Sud Afrique	2.02	0.5	185366	9268314	53	0.7	0.33
Turkey	2.84	0.64	460690	23034521	30	1	0.35

Le tableau (8) donne les statistiques générales sur les modèles SIR des 7 pays. Pour analyser la relation entre eux en utilise un ensemble de figures, le premier est le taux de reproduction R_0 , le deuxième est le nombre des décès par rapport la population totale pour évaluer le taux de décès et finalement une figure consacrée à l'étude du nombre des infectés par rapport la population totale.

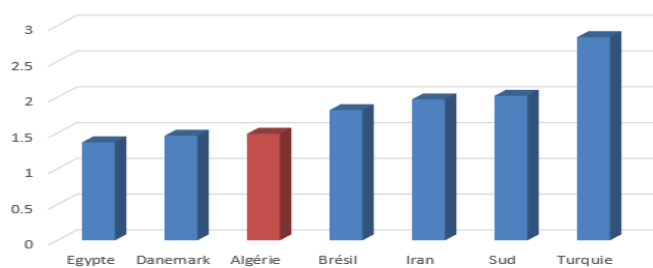


Figure 17 : le taux de reproduction R_0 .

D'après cette figure le taux de reproduction R_0 , décrivant le nombre moyen de nouvelles infections dues à un individu malade est hétérogène entre les différents pays, cela revient à la différence entre les politiques de santé et de prévention de chaque pays et non ni de la situation géographique (par exemple l'Afrique du Sud et l'Iran), ni de la structure économique de ces pays (par exemple Turkey basée sur le tourisme et le Brazil basé sur l'industrie). D'après les résultats d'estimation de modèle SIR sur la projection des paramètres de l'épidémie de Covid 19, l'Algérie et jusqu'à le 3/22/20 n'a pas vraiment enregistré un taux de reproduction défavorable lorsque le taux moyen de reproduction de ces pays est 1.85, l'Algérie semble proche de ce niveau moyen, donc il est nécessaire de suivre

le modèle Chinois avec une collaboration entre les deux pays pour réduire le taux de reproduction comme elle fait la Chine qui montre le niveau de reproduction le plus élevé.

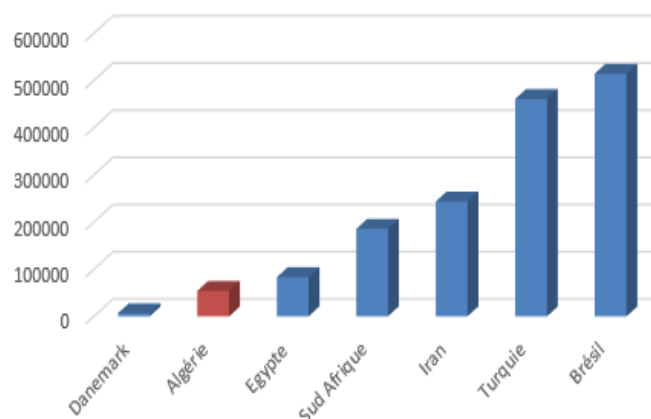


Figure 18: Nombre des décès maximal par rapport la population totale.

La figure ci-dessous montre le nombre maximal des décès par le Covid 19 sur la population totale de chaque pays c.à.d. le taux de mortalité par ce virus. Cette représentation montre que des pays comme l'Algérie, l'Egypte et le Danemark et avec ces politiques de santé actuelles réussiront à atténuer l'impact de l'épidémie. En Algérie en se trouve dans la deuxième catégorie en termes de danger, Cela nécessite de renforcer le système de contrôle et d'adopter un système d'isolement complet dans les meilleurs délais.

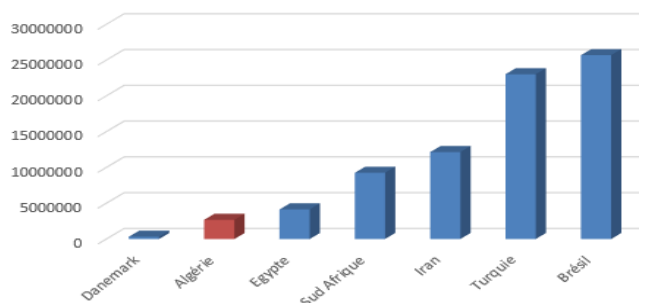


Figure 19 : Nombre des infectés maximal.

La Figure(19) décrit le classement des pays selon le nombre prévu des infectés maximale ; le même classement (selon le nombre de décès) est récapitulé sur la Figure(18). la situation épidémiologique en Algérie est inférieure à la moyenne, mais le temps ici est la variable la plus importante. Nous ne pouvons pas considérer que le statu quo est correct. Les efforts doivent être valorisés, mais il faut suivre les politiques de contrôle et de maîtrise adoptées (et qui prouvent leur efficacité) par des pays comme : le Japon, la Chine et l'Allemagne le plutôt possible.

²Pour les codes utilisés voir un exemple dans l'annexe.

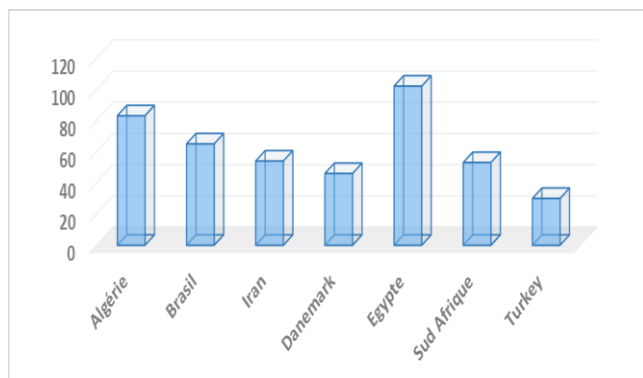


Figure 20 : le point maximal de la pandémie.

D'après cette figure l'épidémie n'atteindra son maximum que lorsque ce maximum sera atteint dans d'autres pays comme la Brésil, l'Iran, Danemark, Sud Afrique et la Turkey.

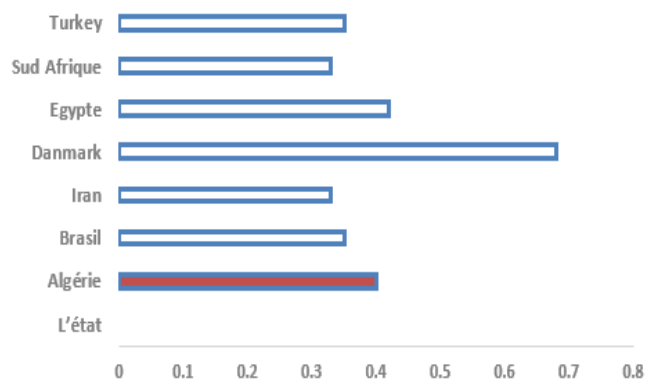


Figure 20 :le taux de guérison dans chaque pays.

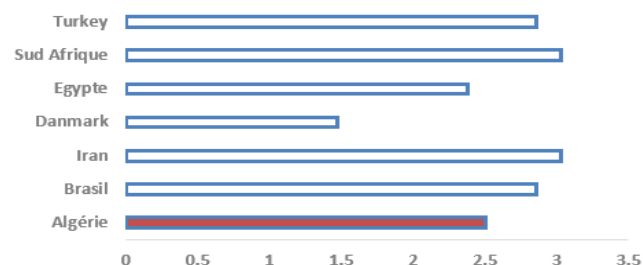


Figure 21 :la durée moyenne d'infection dans chaque pays.

La durée moyenne d'incubation est de 4 jours avec une durée maximale de 12 à 14 jours. La durée moyenne d'infection en Algérie est 2.5 jours et dans les autres pays de l'étude est entre 1.5 et plus de 3 jours. C.-à-d. en Algérie, 2.5 jours après. Ce qui laissait le temps de diagnostic et d'isoler les malades avant qu'ils aient contaminé d'autres personnes.

Pour la figure (20), en Algérie le taux de guérison est 0.4 c'est un pourcentage important, le taux de guérison meilleure est celui de Danemark, donc il est important de suivre ce modèle en matière de traitement des malade ou de côté des thérapies utilisées pour assurer une augmentation significatif du taux de guérison.

6. Les limites de l'étude

a) Limites à l'utilisation de R0

- Les résultats sont influencés par le choix des modèles (et les paramètres sous-jacents). Ainsi, 12 équipes scientifiques ont cherché à calculer le coefficient R_0 de Covid-19 (entre le 1er janvier 2020 et le 7 février 2020), à l'aide de différents modèles et données ; les résultats d'estimation variaient entre 1,5 et 6,68 pour R_0 . Un tel décalage est logique ; de plus, selon Bauch et al.[1], les causes de cette variation est influencée par :

1. Les variables considérées se diffèrent ;
2. Les méthodes de modélisation diffèrent ;
3. Les procédures d'estimation diffèrent.

- Pour le Covid-19, Liu & al. [7] indiquent que les études utilisant des méthodes mathématiques ont fourni des estimations plus élevées que celles utilisant des modèles stochastiques et statistiques.

b) Limite à l'utilisation des données

- Lorsque la série des données augmente la valeur du taux de reproduction diminue à cause le pic de l'épidémie.

Conclusion

Il est évident que l'épidémie en Algérie est encore à ses débuts. Les chercheurs dans toutes les disciplines essayent à contribuer à la compréhension du développement de cette pandémie (le Covid 19). Aujourd'hui, le monde se retrouve devant un nouveau défi. La science en elle est la vraie boussole, et à partir de là, notre travail est une contribution d'application des modèles de propagation sur le Covid19 ; les principaux résultats de ce travail révèlent que :

- Notre modèle confirme les résultats de l'OMS ; selon les estimations préliminaires, le taux de reproduction de base (R_0) se situe entre 1,4 et 2,5. Mais avec un petit changement dans l'extrémité à droite de cet intervalle enregistré en Turkey est 2.8.
- Le modèle SIR fournit des résultats convaincants, grâce à la relation entre les résultats trouvés et les données internationales fournies soit par l'OMS ou par d'autres institutions de recherches. Par conséquent, on peut utiliser cette méthode (modèle) comme référence en Algérie pour évaluer en continu la situation épidémiologique en fonction du flux de données.
- La pandémie suit une tendance exponentielle dans les pays testés.
- L'Algérie nécessite un renforcement du système de contrôle (les tests effectués par jours) et d'adopter un système d'isolement complet dans les meilleurs délais.

- IL est nécessaire de suivre le modèle Chinois avec une collaboration entre les deux pays pour réduire le taux de reproduction ; dans ce contexte, la Chine avait enregistré le niveau de reproduction le moins élevé.

Référence

- [1]. Bauch C.T, Lloyd-Smith J.O, Coffee M.P & Galvani A.P, Dynamically modeling SARS and other newly emerging respiratory illnesses: past, present, and future. *Epidemiology* 2005; 791-801
- [2]. Bernoulli D. Essai d'une nouvelle analyse de la mortalité causée par la petite vérole et des avantages de l'inoculum pour la prévenir. *Mém Math Phys Acad Roy Sci Paris* 1760; 1–45.
- [3]. H. W. Hethcote, The basic epidemiology models: models, expressions for R_0 , parameter estimation, and applications, in *Mathematical Understanding of Infectious Disease Dynamics*, Lecture Notes Series Institute for Mathematical Sciences, National University of Singapore 2008 ; 1–61.
- [4]. H. W. Hethcote, The mathematics of infectious diseases. *SIAM Rev* 2000 ; 42(4): 599–653.
- [5]. J. R. Heffernan, R. J. Smith and L. M. Wahl, Perspective on the basic reproductive ratio. *J. R. Soc. Interface* 2005 ; 2: 281–293
- [6]. Kermack WO, McKendrick AG. A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proc R Soc Lond* 1927 ; A115 : 700–21
- [7]. Liu Y, Gayle AA, Wilder-Smith A, the reproductive number of COVID-19 is higher compared to SARS coronavirus. *J Travel Med* 2020; 13 février.
- [8]. N. M. Ferguson, D. A. T. Cummings, C. Fraser, J. C. Cajka, P. C Cooley and D. S. Burke, Strategies for mitigating an influenza pandemic *Nature* 2006 ; 442, 448-452.
- [9]. P. van den Driessche and J. Watmough, Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission. *Math. Biosci* 2002 ; 180: 29–48.
- [10]. Ross R. *The Prevention of Malaria*. Murray, London ; 1911.
- [11]. Tang B, Wang X, Li Q, Bragazzi NL, Tang S, Xiao Y, et al. Estimation of the transmission risk of the 2019-nCoV and its implication for public health interventions. *J Clin Med*. (2020) 9:462. doi: 10.3390/jcm9020462.
- [12]. Wu JT, Leung K, Leung GM. Nowcasting and forecasting the potential domestic and international spread of the 2019-nCoV outbreak originating in Wuhan, China: a modelling study. *Lancet* 2020 ; 395:689–97. doi: 10.1016/S0140-6736(20)30260-9.
- [13]. Yang Z, Zeng Z, Wang K, Wong S-S, Liang W, Zanin M, et al. Modified SEIR and AI prediction of the epidemics trend of COVID-19 in China under public

health interventions. *J Thorac Dis* 2020 ; 12:165–74. doi: 10.21037/jtd.2020.02.64.

- [14]. Yunlu Wang, Menghan Hu, Qingli Li, Xiao-Ping Zhang, Guangtao Zhai, Nan Yao, Abnormal respiratory patterns classifier may contribute to large-scale screening of people infected with COVID-19 in an accurate and unobtrusive manner, arXiv: 2002 ; 05534.
- [15]. Zhou P., Yang X-L., Wang X-G., Hu B., Zhang L., Zhang W., Si H-R., Zhu Y., Li B., Huang C.L., Chen H-D., Chen J., Luo Y., Guo H., Jiang R-D., Liu M-Q., Chen Y., Shen X-R., Wang X., Zheng X-S., Zhao K., Chen Q.J., Deng F., Liu L-L., Yan B., Zhan F-X., Wang Y-Y., Xiao G-F., Shi Z-L. , A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin, *Nature*, <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2012-7>.

Annexes:

Le code de programme Rstudio utilisé .

```
> Infected <- c(1,1,1,1,1,1,3,5,12,12,
+ 17,17,19,20,20,20,24,26,
+ 37,48,54,60,74,87,90,139,
+ 201,230,264,302,367,409,454,
+ 511,584,716,847,986,1171,1251,
+ 1320,1423,1468,1572,1666,1761,
+ 1825,1914,1983,2070,2160,2268,2418,
+ 2534,2626,2718,2811,2910)
> Day <- 1:(length(Infected))
> N <- 43000000
> old <- par(mfrow = c(1, 2))
> plot(Day, Infected)
> plot(Day, Infected, log = "y")
> abline(lm(log10(Infected) ~ Day))
> title("Confirmed Cases 2019-nCoV Algérie", outer = TRUE,
line = -2)
> SIR <- function(time, state, parameters) {
+   par <- as.list(c(state, parameters))
+   with(par, {
+     dS <- -beta/N * I * S
+     dI <- beta/N * I * S - gamma * I
+     dR <- gamma * I
+     list(c(dS, dI, dR))
+   })
+ }
> library(deSolve)
> init <- c(S = N-Infected[1], I = Infected[1], R = 0)
> RSS <- function(parameters) {
+   names(parameters) <- c("beta", "gamma")
```

```

+   out <- ode(y = init, times = Day, func = SIR, parms =
parameters)
+   fit <- out[, 3]
+   sum((Infected - fit)^2)
+ }
> Opt <- optim(c(0.5, 0.5), RSS, method = "L-BFGS-B", lower
= c(0, 0), upper = c(1, 1)) # optimize with some sensible
conditions
> Opt$message
[1] "CONVERGENCE:    REL_REDUCTION_OF_F  <=
FACTR*EPSMCH"
> Opt_par <- setNames(Opt$par, c("beta", "gamma"))
> Opt_par
      beta      gamma
1.0000000 0.8537816
> t <- 1:170
> fit <- data.frame(ode(y = init, times = t, func = SIR, parms =
Opt_par))
> col <- 1:3
> matplot(fit$time, fit[, 2:4], type = "l", xlab = "Day", ylab =
"Number of subjects", lwd = 2, lty = 1, col = col)
> matplot(fit$time, fit[, 2:4], type = "l", xlab = "Day", ylab =
"Number of subjects", lwd = 2, lty = 1, col = col, log = "y")
Warning message:
In xy.coords(x, y, xlabel, ylabel, log = log):
  1 y value <= 0 omitted from logarithmic plot
> legend("bottomright", c("Susceptibles", "Infecteds",
"Recoveredds"), lty = 1, lwd = 2, col = col, inset = 0.05)
> title("SIR model 2019-nCoV Algérie ", outer = TRUE, line = -
2)
> par(old)
> R0 <- setNames(Opt_par["beta"] / Opt_par["gamma"],
"R0")
> R0
      R0
1.17126
> fit[fit$I == max(fit$I), "I", drop = FALSE] # height of
pandemic
      I
101 483316.5
> max(fit$I) * 0.02 # max deaths with supposed 2% fatality
rate
[1] 9666.331

```