



éduscol



Ressources pour le lycée général et technologique

Ressources pour la classe de seconde
générale et technologique

Méthodes et pratiques scientifiques Thème science et prévention des risques d'origine humaine Projet « autour de l'épidémiologie »

Enseignement d'exploration

Ces documents peuvent être utilisés et modifiés librement dans le cadre des activités d'enseignement scolaire, hors exploitation commerciale.

Toute reproduction totale ou partielle à d'autres fins est soumise à une autorisation préalable du directeur général de l'Enseignement scolaire.

La violation de ces dispositions est passible des sanctions édictées à l'article L.335-2 du Code de la propriété intellectuelle.

25 août 2010
(édition provisoire)

THÈME SCIENCE ET PRÉVENTION DES RISQUES D'ORIGINE HUMAINE

Projet : « autour de la propagation d'une épidémie »

Par les vastes enjeux de santé publique et de prévention de santé personnelle qu'elle sous-tend l'épidémiologie (connaissance des épidémies), mérite que les élèves soient sensibilisés aux concepts et aux méthodes qu'elle met en jeu. Parmi eux, les modèles mathématiques permettent de prévoir l'évolution d'une épidémie. L'étude de la validité d'un modèle et la comparaison entre différents modèles rejoignent la problématique de l'incertitude. L'étude des facteurs pouvant intervenir dans l'apparition d'une maladie, infectieuse ou non, celle de sa fréquence d'apparition, de son mode de transmission et de la mise en œuvre des moyens de prévention favorisent l'éducation à la santé et contribuent à la formation de citoyens éclairés

De nombreux exemples sont possibles : SIDA, grippe H1N1, maladies génétiques, diabète, obésité, cancers etc...C'est l'occasion d'évoquer le principe de précaution, de conduite à risque, de risque zéro ...

Propagation d'une épidémie	
Mathématiques	Modèles mathématiques : <ul style="list-style-type: none">- Urne de Polya voir annexe 1- Modèle Reed – Frost voir annexe 2- Modèle SIR voir annexe 3- Étude statistique et modèle: voir annexe 4
SVT	L'épidémie du Sida : une modélisation Test Elisa de dépistage
Physique - Chimie	produits désinfectants, savons, masques, filtres de particules (poussières, pollens, microorganismes...)

Ressources

L'épidémiologie en France : conditions de son développement en France et rôle des mathématiques
– Académie des Sciences – Alain-Jaques VALLERON – EDP Sciences

Epidémiologie – Pour une éducation raisonnée à l'incertitude – octobre 2006 – Coéd.ADAPT- Vuibert

Epidémiologie et santé : <http://accs.inrp.fr/accs/ressources/sante/epidemiologie>

Epidémiologie de la rougeole en TPE :

<http://www.educnet.education.fr/bd/urtic/svt/index.php?commande=aper&id=2122>

Données épidémiologiques et SIDA : <http://accres.inrp.fr/accres/ressources/sante/epidemiologie/donnees-epidemiologiques-sida>

Utilisation d'un SIG pour cartographier des données épidémiologiques sur le SIDA : site SVT de l'académie de Nantes : http://www.pedagogie.ac-nantes.fr/1171202893765/0/fiche_ressourcepedagogique/&RH=1160730677453

Epidémiologie du diabète : académie de Bordeaux – site SVT :

<http://svt.ac-bordeaux.fr/Res-Peda/Prog-Lyc/Prem-S/Bio-Phys/Glycemie/Ducamp/Index.htm>

Suivi de la grippe : Google earth : exploitation articles-statistiques :

<http://www.google.org/flutrends>

Test Elisa : protocole de TP sur le site de SV de Jussieu :

<http://www.snv.jussieu.fr/bmedia/ATP/immu6el2.htm>

Annexe 1 :

Premier modèle : l'urne de POLYA

György Pólya, mathématicien hongrois (1887-1985) a introduit cette expérience pour simuler la propagation d'une épidémie.

1. L'expérience

On considère une urne contenant au départ une boule blanche (modélisant un individu sain) et une boule rouge (modélisant un individu malade et contagieux).

On prélève au hasard une boule de l'urne, si elle est blanche, on la remet avec une autre blanche, si elle est rouge on la remet avec une autre rouge. On a maintenant trois boules, dont deux de la même couleur.

Ceci modélise l'arrivée d'un nouvel individu dans la population initiale. S'il entre en contact avec la personne saine, il demeure sain. S'il entre en contact avec la personne malade, il le devient également.

On itère ce processus aussi longtemps que l'on veut.

2. Étude probabiliste

On s'intéresse à l'évolution de la composition de l'urne (qui modélise l'évolution de la population)

Avec un arbre de probabilité, on peut étudier cette évolution sur les premiers tirages. (Voir en annexe)

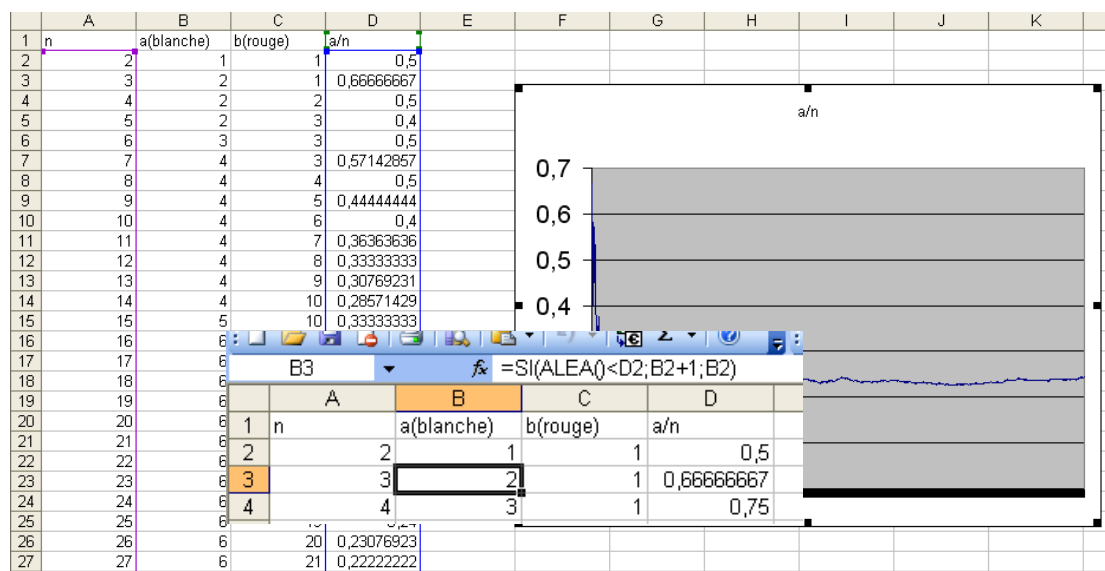
On amène les élèves à calculer la probabilité d'arriver à l'extrémité d'une branche par produit des probabilités (conditionnelles mais il n'est pas question ici de développer cette notion: elle est intuitive dans ce cadre)

On peut ensuite calculer par somme la probabilité d'obtenir une configuration donnée au bout d'un nombre d'étapes fixé.

On constate que pour un nombre d'étapes fixé toutes les configurations sont équiprobables. Certains élèves ont alors l'intuition du raisonnement par récurrence pour obtenir les probabilités au bout de n étapes.

3. Simulation et étude statistique

a) À l'aide d'un tableur, on simule l'évolution de l'urne.



Il est intéressant de demander aux élèves leur opinion concernant l'évolution de la composition, avant de lancer la simulation ; les réponses sont l'occasion d'une discussion féconde.

Puis on lance la simulation autant de fois que l'on veut (touche F9).

La proportion de blanches semble converger vers une valeur comprise entre 0 et 1, différente à chaque fois. Ce résultat est très surprenant mais s'explique bien sûr mathématiquement : on a une convergence de la suite des variables aléatoires vers une variable aléatoire continue uniforme. La valeur vers laquelle converge la proportion est donc totalement imprévisible.

Cette situation n'est pas une fluctuation d'échantillonnage : on ne cherche pas à estimer une proportion fixée à l'avance.

b) Algorithme à mettre en œuvre sur calculatrice

On peut également programmer l'évolution sur calculatrice à l'aide de l'algorithme suivant :
 on peut entrer le nombre de boules blanches et rouges (1 et 1 dans le cas étudié plus haut, mais on peut ensuite explorer le cas général)

Début

Entrer a et b ;

Entrer le nombre n de tirages ;

Pour k variant de 1 à n faire

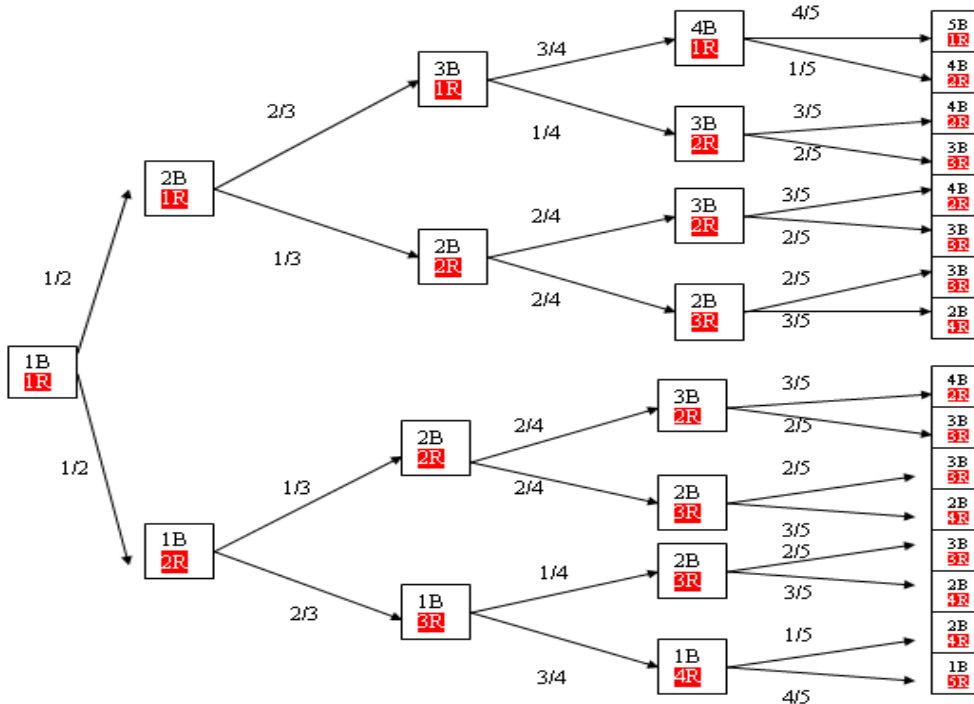
Début

Si $aléa \leq a/(a+b)$ alors a devient $a+1$ sinon b devient $b+1$; afficher $a/(a+b)$;

Fin ;

Fin.

Arbre de probabilités



Pour une étude plus complète, on pourrait consulter l'article :

Bulletin de l'APMEP. Num. 485, p. 737-746. Les urnes de Polya.

Annexe 2 :

modèles de Hamer et de Reed-Frost

Il s'agit d'étudier comment peut évoluer une maladie infectieuse dans une population.

Un *modèle mathématique* en épidémiologie, sur une population étudiée, est constitué de *compartiments* ou *groupes* et de *contraintes* provenant de l'observation de cette épidémie.

I. Modèles de Hamer et de Reed-Frost

On considère une population exposée à une maladie contagieuse. On répartit cette population en trois groupes : sujets réceptifs, sujets contagieux, sujets sortis (guéris si on est optimiste). On note alors :

- R le nombre de sujets « réceptifs » ;
- C le nombre de sujets « contagieux » ;
- S le nombre de sujets « sortis » (remis par exemple).

On choisit de déterminer le cardinal de chacun de ces ensembles à la fin d'intervalles de temps de même longueur Δt . On définit ainsi des générations de chaque catégorie de sujets. Au bout d'un tel intervalle de temps, les sujets contagieux de la génération précédente ne sont plus contagieux.

On appelle :

- β la probabilité qu'un sujet réceptif mis au contact d'un sujet contagieux devienne contagieux ;
- N_c le nombre de nouveaux cas ;
- γ le taux de guérison défini par $\gamma = \frac{N_c}{S}$.

Dans chaque intervalle de temps de longueur Δt , les contraintes débouchant sur une *modélisation mathématique* sont les suivantes :

- La contamination se fait directement d'un sujet contagieux à un sujet réceptif ;
- Tout « réceptif » contaminé devient « contagieux » au bout de l'intervalle de temps Δt , puis « sorti » au bout d'un nouvel intervalle de temps Δt ;
- La probabilité de contamination concerne tout le monde et est la même pour tous ;
- Les sujets étudiés sont isolés des sujets extérieurs au groupe.

1. Modèle de Hamer

On suppose que le nombre de nouveaux cas au bout de Δt est $N_c = \beta \times R \times C$.

(On arrondit en fait le résultat à l'entier le plus proche).

Cette expression donne des valeurs jugées vite trop grandes dès lors que le nombre de sujets réceptifs et celui de sujets contagieux sont grands. Un sujet réceptif est alors en contact avec plusieurs sujets contagieux mais ne peut être contaminé qu'une seule fois.

2. Le modèle mécanique de Reed et Frost

La population est représentée par des billes de couleurs différentes qu'on aligne dans une gouttière en bois.

On considère ainsi des billes roses, dites « réceptives » et des billes couleur ocre dites « contagieuses ».

Avant cette répartition, on les agite ensemble pour qu'elles aient des chances identiques de se rencontrer.

On divise la population en un grand nombre de blocs séparés par des billes noires (qui ne font pas partie de la population). Chaque bille rose dans le même bloc qu'une bille ocre est contaminée. En faisant varier le nombre de blocs (par le nombre de billes noires), on peut faire varier la probabilité de contact. A la première génération, on remplace chaque bille rose du bloc où figure la bille ocre par une bille ocre et la bille initialement ocre par une bille blanche (guérie). On note l'effectif de chaque couleur et on recommence en mélangeant toutes les billes dans un sac.

On peut ainsi :

- faire varier le taux de contact en faisant varier le nombre de billes noires ;
- sortir des billes roses du sac et les remplacer par des billes bleues (en supposant une vaccination).

Ce modèle peut aussi être travaillé avec les élèves en utilisant une simulation disponible sur le site académique *euler* de l'académie de Versailles à l'adresse :

<http://euler.ac-versailles.fr> à la rubrique « Rechercher une ressource » dans le thème « Enseignement d'exploration ».

3. Modèle déterministe de Reed et Frost

Avec les mêmes notations, la probabilité qu'un sujet réceptif mis au contact de C sujets contagieux ne devienne pas contagieux est : $(1 - \beta)^C$.

La probabilité pour chaque sujet réceptif mis au contact de C sujets contagieux de devenir contagieux (c'est-à-dire d'avoir au moins un contact contaminant) est : $1 - (1 - \beta)^C$.

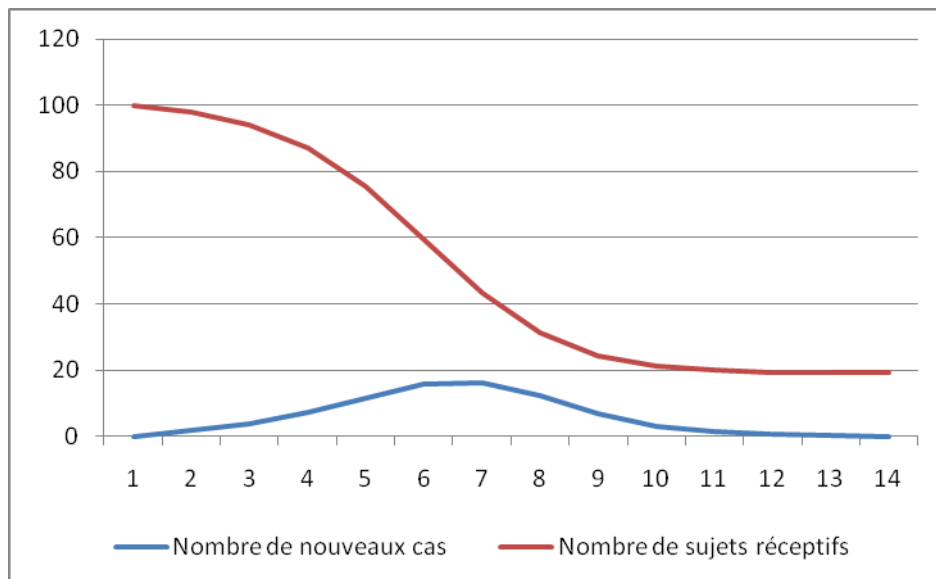
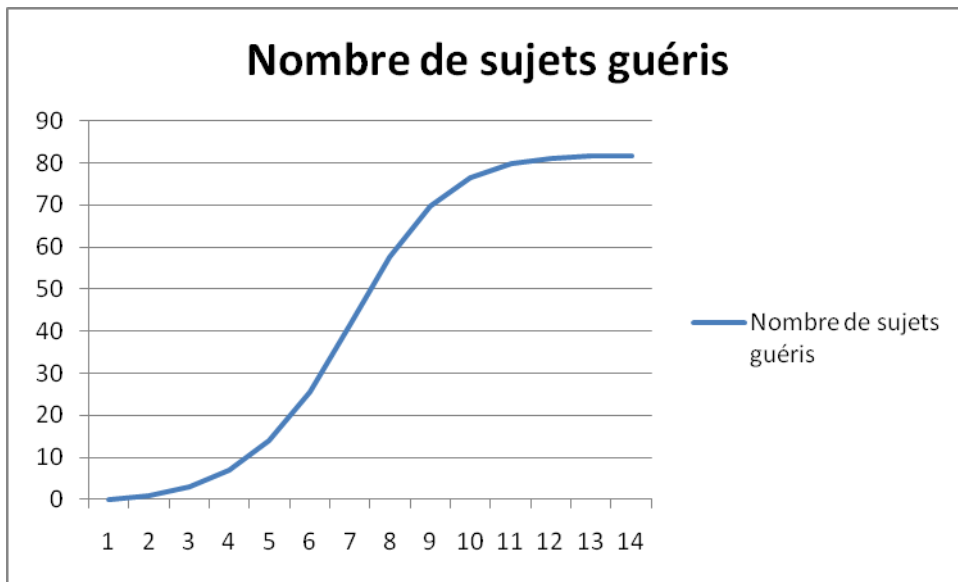
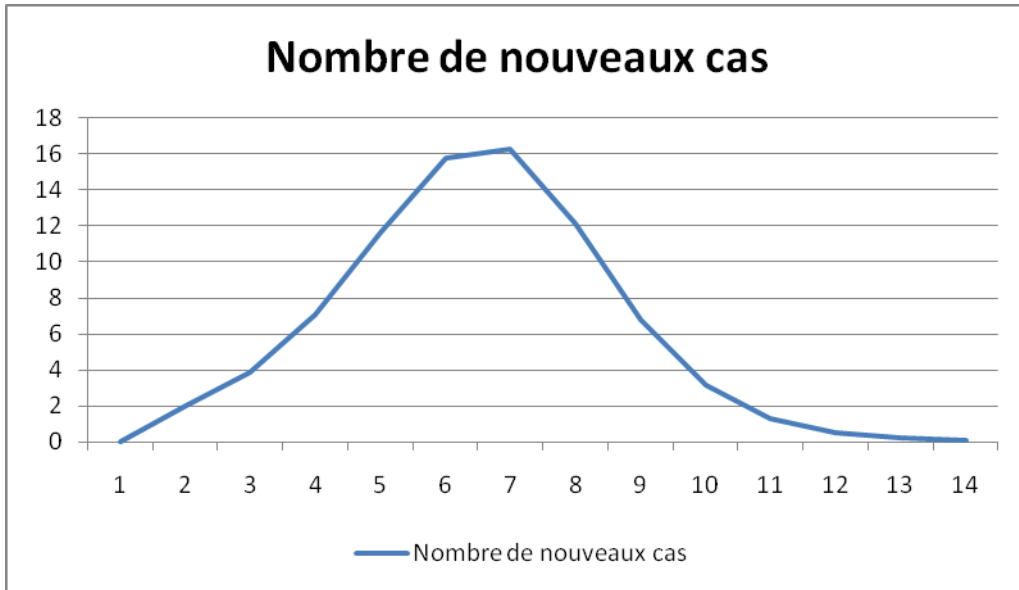
On en déduit le nombre de nouveaux cas : $N_c = (1 - (1 - \beta)^C) \times R$

(On arrondit en fait le résultat à l'entier le plus proche).

On peut rentrer ces expressions dans un tableur et étudier l'évolution de l'épidémie en faisant varier β ainsi que N , C pour la génération 0.

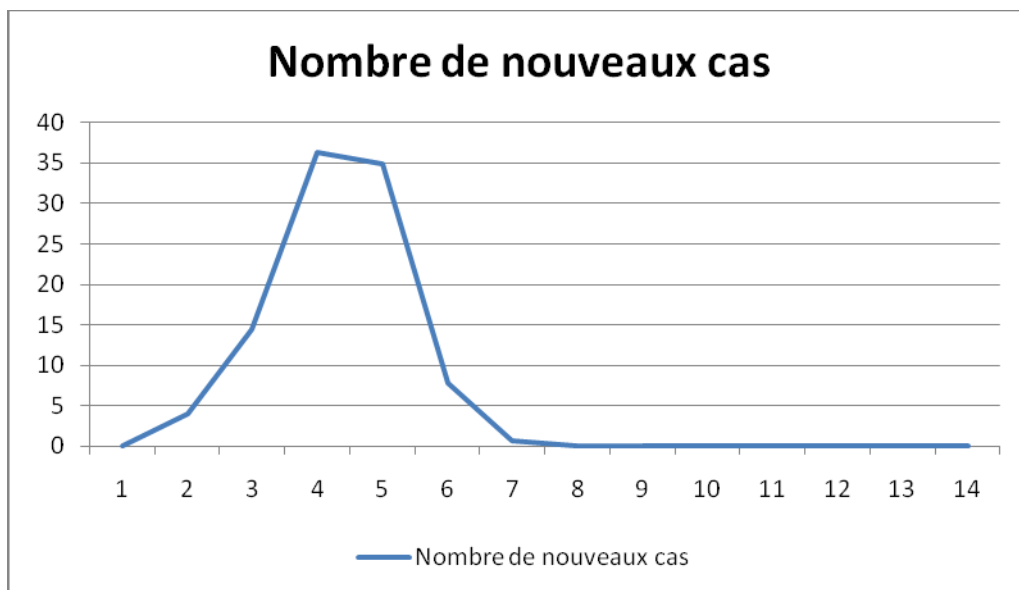
Voici ce qu'on obtient dans le cas où on prend $\beta = 0,02$ et, au départ, $N = 100$ et $C = 1$.

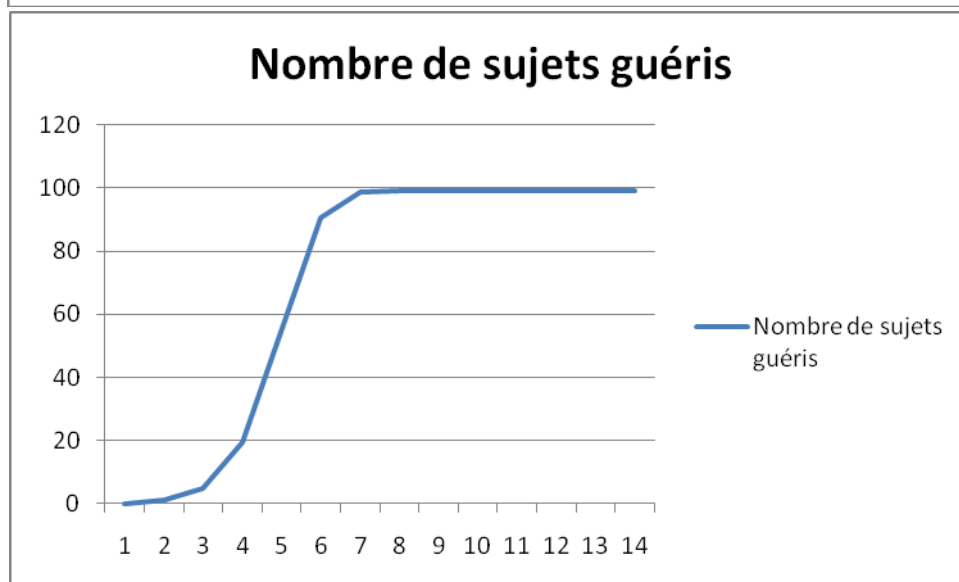
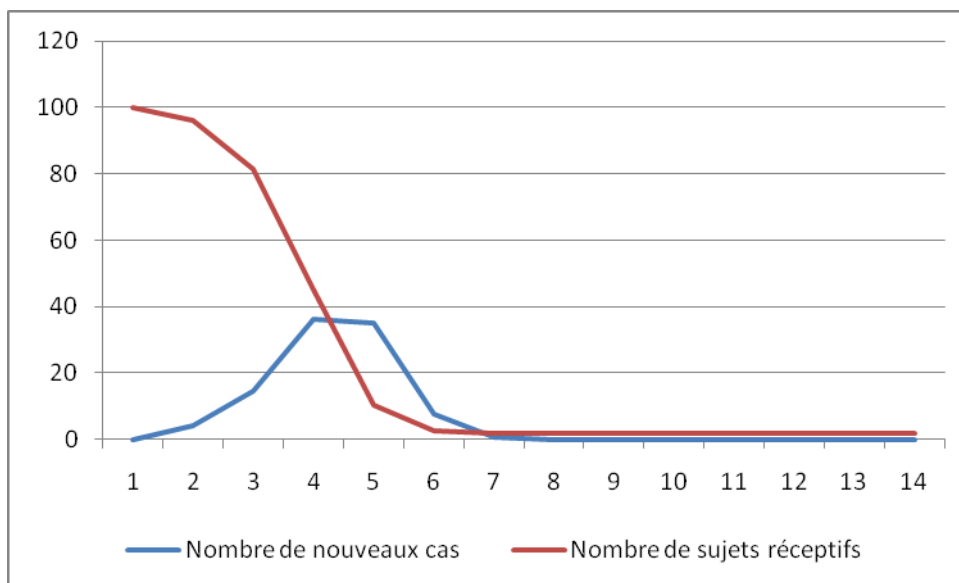
Modèle mathématique Reed et Frost				
Génération	Nombre de nouveaux cas	Nombre de sujets réceptifs	Nombre de sujets contagieux	Nombre de sujets guéris
0	0	100	1	0
1	2	98	2	1
2	4	94	4	3
3	7	87	7	7
4	12	75	12	14
5	16	60	16	26
6	16	43	16	41
7	12	31	12	58
8	7	24	7	70
9	3	21	3	77
10	1	20	1	80
11	1	19	1	81
12	0	19	0	82
13	0	19	0	82



Voici ce qu'on obtient dans le cas où on prend $\beta = 0,04$ et, au départ, $N = 100$ et $C = 1$.

Modèle mathématique Reed et Frost					
Nombre de nouveaux cas	Nombre de sujets réceptifs	Nombre de sujets contagieux	Nombre de sujets guéris		
0	100	1	0		
4	96	4	1	$\beta = 0,04$	
14	82	14	5		
36	45	36	19		
35	10	35	56		
8	2	8	91		
1	2	1	99		
0	2	0	99		
0	2	0	99		
0	2	0	99		
0	2	0	99		
0	2	0	99		
0	2	0	99		
0	2	0	99		
0	2	0	99		





On peut faire plusieurs remarques :

- bien souvent, une épidémie démarre, s'accélère puis régresse sans que le coefficient β change ;
- parfois l'épidémie avorte très rapidement ;
- en fin d'épidémie, il reste de nombreux réceptifs non atteints sans hypothèse particulière sur eux ;
- comme ici $\gamma = 1$, dès que le nombre de réceptifs passe en dessous du taux de retrait $\frac{\gamma}{\beta}$ qui vaut 50 si $\beta =$

0,02, le nombre N_C ne peut que diminuer.

Ce modèle peut aussi être travaillé avec les élèves en utilisant une simulation disponible sur le site académique *euler* de l'académie de Versailles à l'adresse :

<http://euler.ac-versailles.fr> à la rubrique « Rechercher une ressource » dans le thème « Enseignement d'exploration ».

Annexe 3 : Modèle SIR

Il s'agit d'étudier l'évolution possible d'une maladie infectieuse dans une population.

Un *modèle mathématique* en épidémiologie, sur une population étudiée, est constitué de *compartiments* ou *groupes* et de *contraintes* provenant de l'observation de cette épidémie.

a) Modèle « simple »

On considère une population constante répartie en trois groupes : les sujets sains, les sujets infectés et les sujets « retirés » (remis par exemple) dont les effectifs sont notés respectivement S , I , R .

On considère de plus que, pendant un intervalle de temps Δt , le phénomène de contamination respecte les hypothèses suivantes :

- L'infection se transmet directement d'un sujet infecté à un sujet sain dès qu'il y a un contact « adéquat ».
- La probabilité de contact « adéquat » est la même pour tous les individus. On la note β .
- Un sujet sain qui, après un tel contact, est infecté dans l'intervalle de temps Δt puis remis dans l'intervalle de temps Δt suivant.

On considère la même répartition de la population en trois groupes.

- un certain nombre de sujets sains sont infectés lorsqu'ils cohabitent avec des sujets infectés ;
- un sujet sain
- la quantité de microbes ou de virus dans l'air est proportionnelle à I (en appelant r le taux de contact menant à une transmission effective de la maladie), le nombre de sujets sains qui sont infectés dans un petit laps de temps Δt peut donc s'écrire $r \times IS \times \Delta t$ et la variation (diminution) du nombre de sujets sains est alors :

$$\Delta S = -r \times IS \times \Delta t .$$

La variation de I dans le même laps de temps est déterminée par l'augmentation due aux sujets contaminés et par la diminution due aux sujets guéris (qui est supposée proportionnelle à I), d'où :

$$\Delta I = (r \times IS - aI) \times \Delta t$$

($1/a$ est alors la durée infectieuse moyenne)

Enfin on retrouve la variation de R avec les sujets guéris :

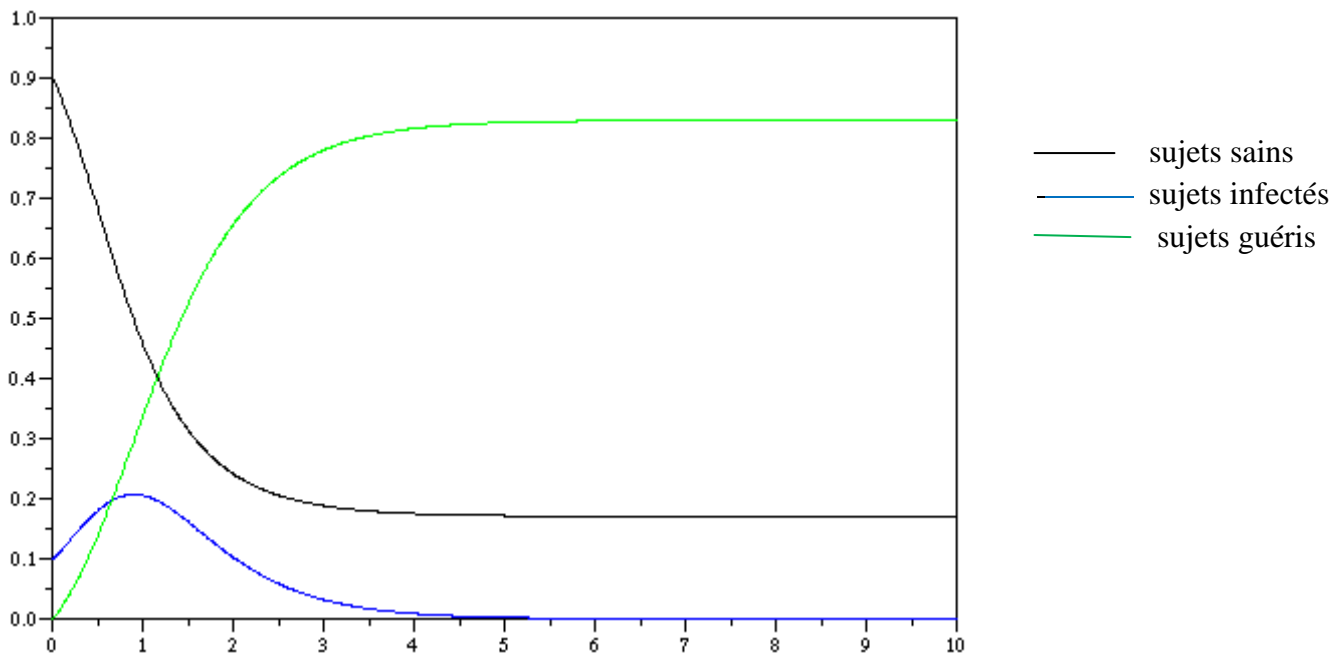
$$\Delta R = aI \times \Delta t .$$

La modélisation débouche sur le système suivant :

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{\Delta S}{\Delta t} = -r \times IS \\ \frac{\Delta I}{\Delta t} = r \times IS - aI \\ \frac{\Delta R}{\Delta t} = aI \end{array} \right.$$

On peut traduire ces équations en utilisant le programme sir dans un logiciel (comme scilab), on peut faire varier les paramètres r et a .

Par exemple pour $r = 4$ et $a = 2$, on obtient :

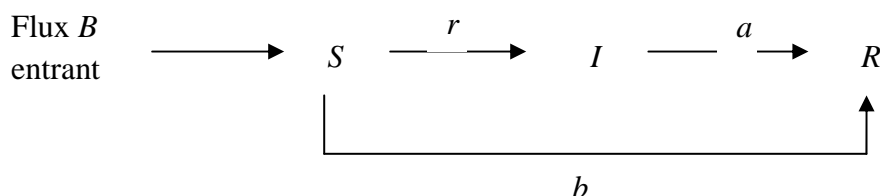


On remarque qu'on est dans le cas où $\frac{\Delta S}{\Delta t} + \frac{\Delta I}{\Delta t} + \frac{\Delta R}{\Delta t} = 0$, c'est-à-dire la population considérée est stable. Cela peut-être le cas si l'épidémie se déroule sur une courte période.

Sinon, il faut considérer en plus des effets démographiques. En appelant E le nombre de sujets exposés qui ne sont pas encore infectieux et β le taux de sujets exposés devenant infectieux, on aboutit aux mêmes équations pour $\frac{\Delta S}{\Delta t}$ et pour $\frac{\Delta R}{\Delta t}$ et on obtient les équations $\frac{\Delta E}{\Delta t} = r \times IS - \beta I$ et $\frac{\Delta I}{\Delta t} = \beta E - aI$.

b) Modèles plus évolués

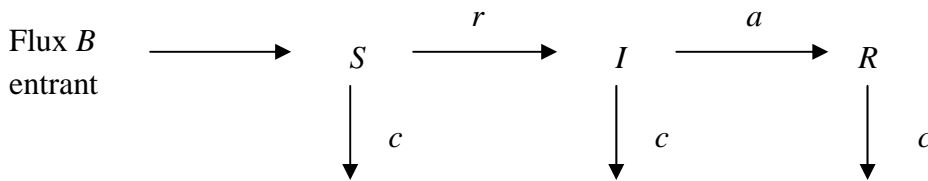
a) On peut considérer une population non constante (avec un flux entrant B) et une proportion (notée bS) de sujets directement guéris (par exemple par vaccination).



On obtient alors le système suivant :

$$\begin{cases} \frac{\Delta S}{\Delta t} = B - r \times IS - bS \\ \frac{\Delta I}{\Delta t} = r \times IS - aI \\ \frac{\Delta R}{\Delta t} = aI + bS \end{cases}$$

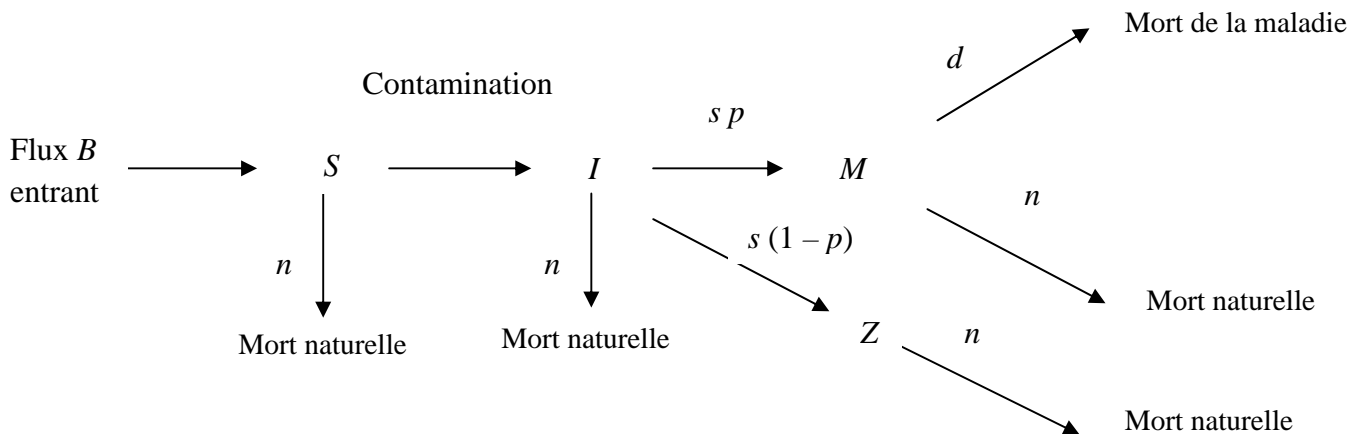
b) On peut considérer une population non constante (avec un flux entrant B qui peut représenter les naissances) et une population avec une dynamique vitale ($1/c$ est alors la durée de vie moyenne).



On obtient alors le système suivant :

$$\begin{cases} \frac{\Delta S}{\Delta t} = B - r \times IS - bS - cS \\ \frac{\Delta I}{\Delta t} = r \times IS - aI - cI \\ \frac{\Delta R}{\Delta t} = aI + bS - cR \end{cases}$$

c) On peut aussi être amené à définir plus de catégories de sujets et ne pas avoir une population constante (flux entrant B). Par exemple dans une maladie type sida, on considère quatre groupes de sujets : les sujets sains (S), les sujets infectés (I), les porteurs sains (Z), c'est-à-dire les sujets ayant été infectés puis immunisés, et les sujets malades (M). Le schéma suivant résume alors les transitions possibles entre les différents états ainsi que les probabilités correspondantes de passer d'un état à l'autre :



On considère ici qu'il y a un taux de mortalité fixe, noté n , pour toutes les populations considérées.

Un sujet sain (S) peut-être infecté et évoluer vers deux stades différents : malade (M) ou porteur sain (Z).

On note alors s la vitesse d'évolution de la maladie et p la probabilité pour que cette évolution se fasse vers l'état de malade.

Enfin on note d le taux de mortalité. On aboutit au système :

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{\Delta S}{\Delta t} = B - nI - \lambda_c S \\ \frac{\Delta I}{\Delta t} = \lambda_c S - (n + s)I \\ \frac{\Delta M}{\Delta t} = spI - (d + n)M \\ \frac{\Delta Z}{\Delta t} = s(1 - p)I - nZ \end{array} \right. , \text{ dans lequel } \lambda_c \text{ est}$$

le taux de contamination, la probabilité que lors d'une rencontre avec une personne infectée, la personne rencontrée soit à son tour contaminée et devienne contaminante. Ce nombre proportionnel au rapport

$$\frac{I}{S + I + M + Z}.$$

c) Taux de reproduction de base

Le nombre moyen de sujets qu'une personne infectée peut infecter tant qu'elle est contagieuse est appelé taux de reproduction de base. On le note R_0 .

Si $R_0 > 1$, il y a épidémie.

Par exemple, pour la rougeole R_0 varie de 15 à 20, pour la grippe R_0 varie de 1,8 à 2,5.

SI p est la probabilité de transmission d'un sujet infecté à un sujet sain, c le nombre de contact par unité de temps et D la durée moyenne de la période infectieuse, alors $R_0 = p \times c \times D$.

Le théorème « du seuil » dit que la proportion d'individus à immuniser (lorsque c'est possible) pour contrôler une épidémie doit être supérieure à $1 - \frac{1}{R_0}$.

Par exemple, pour la rougeole $0,93 < 1 - \frac{1}{R_0} < 0,95$, d'où la nécessité de vacciner pratiquement toute la population.

Sujet : Evolution d'une maladie

Présentation du sujet

Suggestion d'organisation (dont chiffrage horaire par discipline)

Activité (une pour chacun des thèmes) et des pistes

L'étude porte sur une population d'ovins, et débute en 1990.

En 1990, on a observé que 8000 de ces ovins étaient atteints d'une certaine maladie.

Première partie : Etude statistique de la maladie

Le tableau ci-dessous donne le relevé du nombre d'animaux malades chaque année, de 1990 à 2009. (Les années, depuis 1990, sont numérotées de 1 à 20.)

Année	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Animaux malades	8000	9500	11100	12600	14100	15400	16400	17000	17300	17100
Année	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
Animaux malades	16500	15500	14200	12600	10900	9200	7500	5900	4500	3300

- 1) a) En quelle l'année le nombre d'ovins malades a atteint le maximum ?
- b) Quel est le taux d'augmentation du nombre d'ovins malades entre 1990 et 1995 ?
- c) Quel est le taux de diminution du nombre d'ovins malades entre 1998 et 2003 ?
- 2) A l'aide d'un tableur, compléter le tableau ci-dessous, donnant la variation du nombre d'animaux malades par rapport à l'année précédente, depuis 1991, et l'évolution de cette variation.

Année n	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Variation absolue v_n	X	1500	1600	1500	1500					
Variation relative t_n en %	X	18,8	16,8	13,5	11,9					
Différence $t_{n+1} - t_n$ en %	X	X	2	3,3	1,6					
Année n	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
Variation absolue v_n										
Variation relative t_n en %										
Différence $t_{n+1} - t_n$ en %										

Remarque sur le tableau : Les pourcentages donnant en deuxième ligne la variation relative du nombre d'animaux malades seront arrondis au dixième près. Ils sont positifs pour une augmentation, négatifs pour une diminution.

- 3) A l'aide d'un tableur, construire un graphique représentant l'évolution du nombre d'animaux malades.
- 4) On observe avec les calculs précédents que le taux d'évolution de la maladie diminue de façon régulière, et de façon assez constante.

Calculer la valeur moyenne de cette diminution correspondant aux années 1990 à 2009.

Deuxième partie : Modélisation du phénomène.

Notations : On note U_n le nombre d'ovins malade pour l'année n , $n \geq 1$. On a $U_1 = 8000$.

D'autre part le taux d'évolution en pourcentage d'une année $n-1$ à l'année n sera noté t_n , $n \geq 1$.

On pose $t_1 = 19$. Enfin, on admet que, pour chaque année n : $t_{n+1} = t_n - 2,5$, $n \geq 1$.

La modélisation est acceptée jusqu'en 2019.

1) A l'aide d'un tableur, calculer les valeurs de t_n et les valeurs de U_n , pour $1 \leq n \leq 30$.

2) A partir de quelle année le nombre d'animaux malades tombera-t-il en dessous de 50 ?

Troisième partie : Modélisation d'une autre maladie.

Pour une autre maladie, on note V_n le nombre d'ovins malade pour l'année n , $n \geq 1$.

On donne $V_1 = 5000$.

Le taux d'évolution (en pourcentage) d'une année $n-1$ à l'année n sera noté a_n , $n \geq 1$.

On donne $a_1 = 15\%$ et l'on a pour chaque année n : $a_{n+1} = 0,91 a_n$, $n \geq 2$.

D'un point de vue théorique la modélisation est valable sans limite de temps.

1) A l'aide d'un tableur, calculer les valeurs de a_n et les valeurs de V_n , pour $1 \leq n \leq 50$.

2) Faire un graphique illustrant la situation. Commenter.

3) A partir de quelle année l'extension de la maladie est de moins de 10 animaux par an ?

4) Quel sera alors le nombre théorique d'ovins malades ?