

---

# Projet S8

## Modèle SIR Spatialisé

---



DE GIETER Hugo  
ROUANET Clément

23 juin 2021

# 1 Introduction

La propagation d'une maladie au sein d'une population est un phénomène dynamique : les effectifs d'individus sains et malades évoluent dans le temps, en fonction des contacts au cours desquels cette maladie passe d'un individu infecté à un individu sain non immunisé, l'infectant à son tour. Un tel phénomène peut être étudié en le modélisant par des équations différentielles et en déterminant son comportement à travers la résolution numérique de ces équations.

Pour notre projet S8, nous devons réaliser la simulation du modèle SIR spatialisé. Il s'agit d'un modèle mathématiques permettant de représenter l'évolution d'une épidémie dans le temps. Cependant, lors de ce projet, nous allons étendre son utilisation afin que ce schéma prenne en compte la condition spatiale. On pourra ainsi voir l'évolution de la maladie dans le temps et dans l'espace, pour que cela colle au mieux avec la réalité.

On est donc naturellement amené à se poser la question suivante : En quoi l'ajout d'une composante spatiale modifie-t-elle l'évolution de la maladie dans le temps ?

Pour répondre à cette problématique, nous avons dans un premier temps simuler le modèle SIR seulement en temps afin d'observer le développement de la maladie sur une durée de temps choisie.

Ensuite, nous avons intégré au problème précédent la composante en espace afin de comprendre le comportement d'une maladie en fonction des contraintes en espaces qui se posent à elle.

**Table des matières**

1	Introduction . . . . .	1
2	Modèle SIR . . . . .	3
2.1	Modélisation . . . . .	3
2.2	Simulation . . . . .	5
2.3	Résultats . . . . .	7
3	Modèle SIR spatialisé . . . . .	8
3.1	Modélisation . . . . .	8
3.2	Simulation . . . . .	9
3.3	Existence et unicité . . . . .	11
3.4	Résultats . . . . .	14
4	Conclusion . . . . .	17

## 2 Modèle SIR

### 2.1 Modélisation

Le modèle SIR permet de simuler une épidémie à chaque instant en divisant la population en trois catégories :

- les individus «sains» ou «susceptibles» notés  $S$ , qui désigne ceux qui n'ont jamais eu la maladie et qui peuvent donc la contracter ;
- les individus «infectés» notés  $I$ , qui désigne ceux qui sont malades et donc contagieux ;
- les individus «rétablis» notés  $R$ , qui désigne ceux qui ont déjà eu la maladie et donc ceux qui sont immunisés contre la maladie.

Ce modèle est très efficace et proche de la réalité, mais nécessite tout de même de poser un certain nombre d'hypothèses ; qui sont :

- on néglige les phénomènes démographiques (naissance, décès, immigration) ;
- la population est supposée comme constante dans le temps ;
- un individu ne peut quitter la population des «sains» qu'en devenant infecté ;
- les individus malades sont contagieux et peuvent à leur tour contaminer les individus «sains» ;
- les individus ayant contractés la maladie, deviennent immunisés de cette dernière après leur guérison et ne peuvent plus tomber malade ;
- toutes les personnes malades finissent par guérir ou mourir, et deviennent dans les deux cas des individus «rétablis» et ne peuvent plus tomber malade.

Regardons maintenant comment écrire un problème épidémiologique sous la forme d'équations différentielles :

Soit  $N$  le nombre total d'individus qui compose la population. Comme cette dernière est constante, on a naturellement à tout instant  $t$  :

$$S(t) + I(t) + R(t) = N$$

On introduit trois nouvelles variables qui sont :

- $r$  : le taux d'infection,
- $j$  : la durée moyenne d'infection (en jours),
- $a$  : le taux de guérison et vaut  $a = \frac{1}{j}$ .

**Pour les individus «sains»  $S$  :**

- Ce qui rentre : rien car par hypothèse, un individu guérit de la maladie, est immunisé et ne peut donc plus retomber malade.

- Ce qui sort : le nombre de nouveaux cas sur une durée donnée est proportionnel au nombre de contacts sur cette durée entre les individus susceptibles et les individus infectés, soit  $rS(t)I(t)\Delta t$ .

$$\implies S(t + \Delta t) = S(t) - rS(t)I(t)\Delta t$$

**Pour les individus «infectés»  $I$  :**

- Ce qui rentre : le nombre de nouveaux cas, soit  $rS(t)I(t)\Delta t$ .
- Ce qui sort : le nombre de nouveaux guéris, soit  $aI(t)\Delta t$ .

$$\implies I(t + \Delta t) = I(t) + rS(t)I(t)\Delta t - aI(t)\Delta t$$

**Pour les individus «rétablis»  $R$  :**

- Ce qui rentre : le nombre de nouveaux guéris, soit  $aI(t)\Delta t$ .
- Ce qui sort : rien car par hypothèse, un individu guérit de la maladie, est immunisé et ne peut donc plus retomber malade.

$$\implies R(t + \Delta t) = R(t) + aI(t)\Delta t$$



Ainsi on a :

$$\begin{cases} S(t + \Delta t) = S(t) - rS(t)I(t)\Delta t \\ I(t + \Delta t) = I(t) + rS(t)I(t)\Delta t - aI(t)\Delta t \\ R(t + \Delta t) = R(t) + aI(t)\Delta t \end{cases}$$

$$\iff \begin{cases} \frac{S(t + \Delta t) - S(t)}{\Delta t} = -rS(t)I(t) \\ \frac{I(t + \Delta t) - I(t)}{\Delta t} = rS(t)I(t) - aI(t) \\ \frac{R(t + \Delta t) - R(t)}{\Delta t} = aI(t) \end{cases}$$

En faisant tendre  $\Delta t$  vers 0, on obtient finalement le problème suivant :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt}(t) = -rS(t)I(t) \\ \frac{dI}{dt}(t) = rS(t)I(t) - aI(t) \\ \frac{dR}{dt}(t) = aI(t) \end{cases}$$

## 2.2 Simulation

On considère le modèle épidémique SIR donné par le système d'équations différentielles ordinaires :

$$\forall t \in [0, T], \quad \begin{cases} \frac{dS}{dt}(t) = -rS(t)I(t) \\ \frac{dI}{dt}(t) = rS(t)I(t) - aI(t) \\ \frac{dR}{dt}(t) = aI(t) \end{cases}$$

avec  $S(0) = S_0 \geq 0$ ,  $I(0) = I_0 \geq 0$ ,  $R(0) = 0$ .

Pour approcher numériquement S, I et R, on utilise un schéma aux différences finies. On note  $M = \frac{T}{dt}$  le nombre de pas de temps pour atteindre le temps final  $T$  avec  $dt$  le pas de temps.

Soit  $(t_i)_{i=0}^M$  la discrétisation régulière de l'intervalle  $[0, T]$  en  $M+1$  points :

$$t_i = idt, \forall i \in [0, M], \text{ avec } dt = \frac{T}{M}$$

On en déduit le problème dicrétisé suivant :

$$\forall i \in [0, M], \quad \begin{cases} \frac{dS}{dt}(t_i) = -rS(t_i)I(t_i) \\ \frac{dI}{dt}(t_i) = rS(t_i)I(t_i) - aI(t_i) \\ \frac{dR}{dt}(t_i) = aI(t_i) \end{cases}$$

avec  $S(t_0) = S_0 \geq 0$ ,  $I(t_0) = I_0 \geq 0$ ,  $R(t_0) = 0$ .

En utilisant l'approximation par différence finie progressive de la dérivé première et en posant  $u_i \approx u(t_i)$  avec  $u \in \{S, I, R\}$ , cela nous conduit à un un schéma explicite en temps défini par les formules de récurrence suivantes :

$$\forall i \in [0, M], \quad \begin{cases} \frac{S^{i+1} - S^i}{dt} = -rS^i I^i \\ \frac{I^{i+1} - I^i}{dt} = rS^i I^i - aI^i \\ \frac{R^{i+1} - R^i}{dt} = aI^i \end{cases}$$

avec  $S^0 = S_0 \geq 0$ ,  $I^0 = I_0 \geq 0$ ,  $R^0 = 0$ .

On obtient ainsi le code Matlab suivant :

```

clear all
close all

% Parametres
r = 0.5; % Taux d'infection
a = 1/14; % Taux de retablisement
I0 = 0.5; % Proportion initial d'infectes
S0 = 1 - I0; % Proportion initial d'individus sains
T = 30; % Periode de 30 jours
dt = 1/4; % Intervalle de temps de 6 heures (1/4 de jour)

fprintf( 'R0= %.2f\n', r*S0/a)

% Calcul du modele
[S,I,R] = sir(r,a,S0,I0,T,dt);

% Discretisation en temps
tt = 0:dt:T;

figure(1)

% Courbe
plot(tt,S,'b','LineWidth',1.25,tt,I,'r','LineWidth',1.25,tt,R,'g','LineWidth',1.25);
grid on;
xlabel('Jours', 'FontSize', 20); ylabel("Nombre d'individus", 'FontSize', 20);
legend('S','I','R','FontSize', 20);

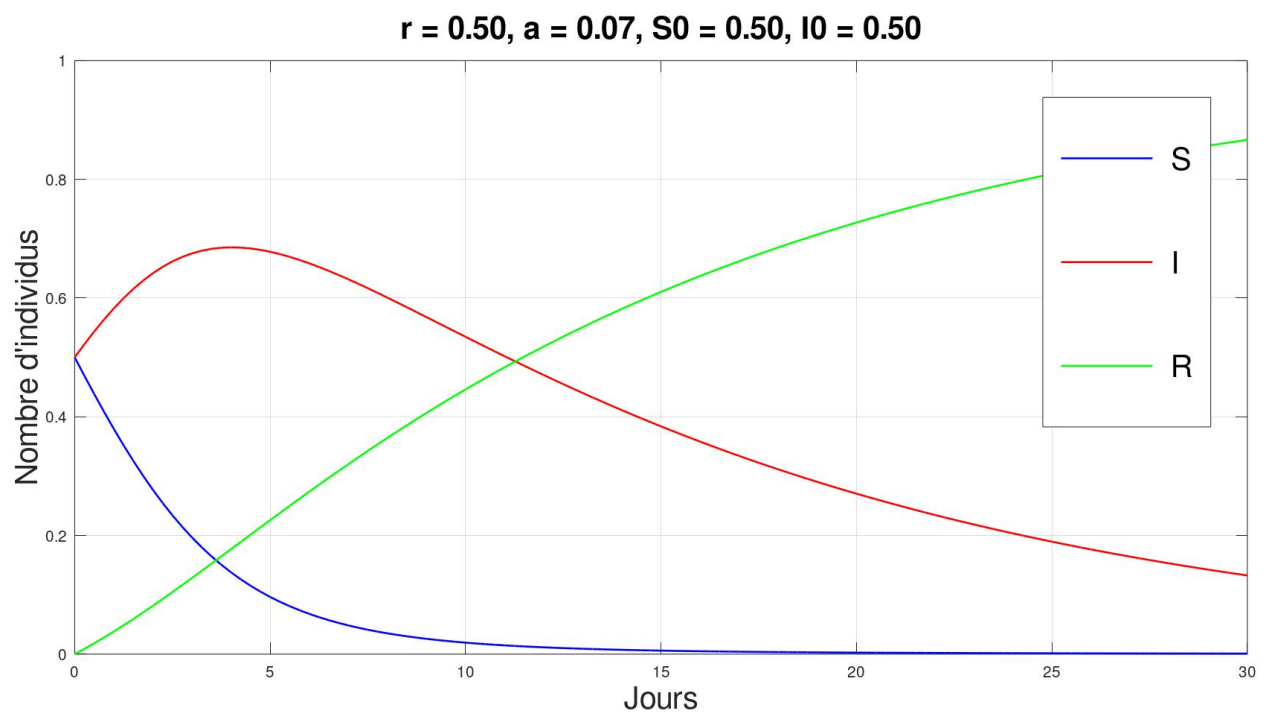
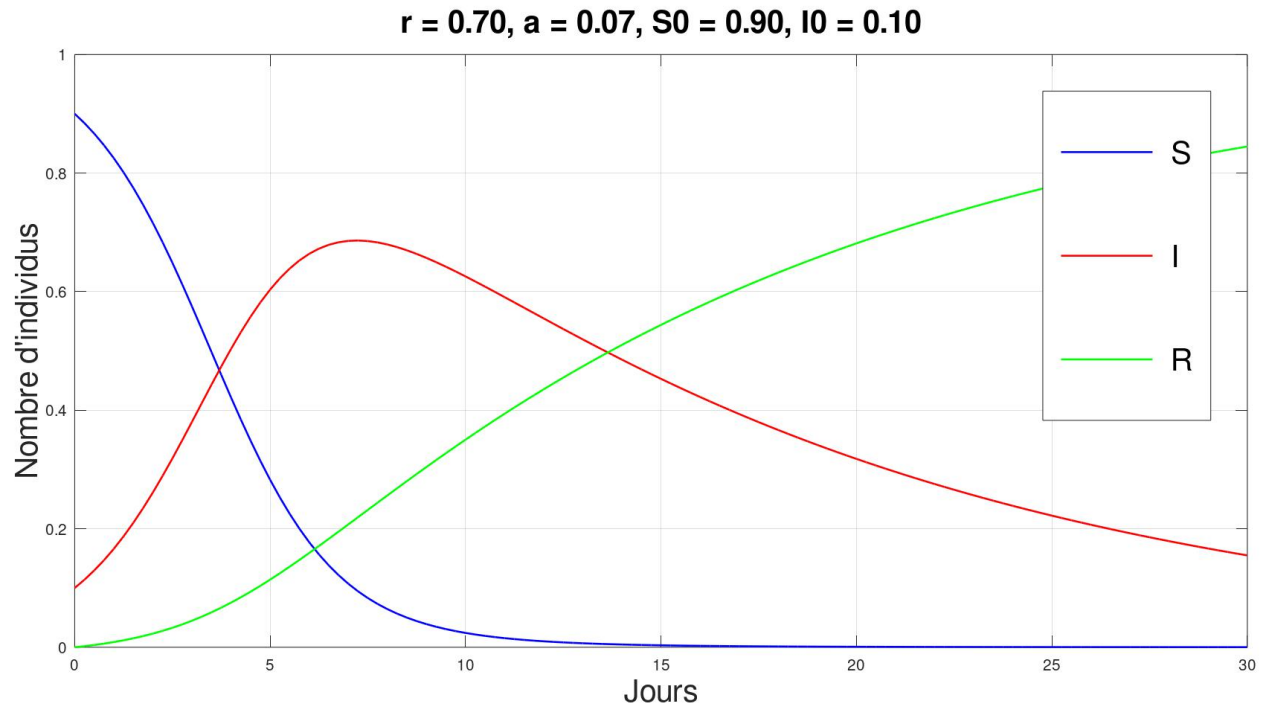
str = sprintf('r= %.2f, a= %.2f, S0= %.2f, I0= %.2f', r, a, S0, I0);
title(str, 'FontSize', 20);

function [S,I,R] = sir(r,a,S0,I0,T,dt)
    S = zeros(1,T/dt);
    S(1) = S0;
    I = zeros(1,T/dt);
    I(1) = I0;
    R = zeros(1,T/dt);
    for tt = 1:(T/dt)
        dS = (-r*S(tt)*I(tt)) * dt;
        dI = (r*S(tt)*I(tt) - a*I(tt)) * dt;
        dR = (a*I(tt)) * dt;
        S(tt+1) = S(tt) + dS;
        I(tt+1) = I(tt) + dI;
        R(tt+1) = R(tt) + dR;
    end
end

```

## 2.3 Résultats

Avec le code ci-dessus utilisant la méthode des différences finies, on obtient les résultats suivants avec différentes valeurs des variables :





### 3 Modèle SIR spatialisé

#### 3.1 Modélisation

On reprend le modèle SIR de la partie précédente, à savoir le problème suivant :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt}(t) = -rS(t)I(t) \\ \frac{dI}{dt}(t) = rS(t)I(t) - aI(t) \\ \frac{dR}{dt}(t) = aI(t) \end{cases}$$

Mais pour cette partie, on rajoute la composante spatiale afin de pouvoir simuler l'évolution d'une épidémie dans l'espace.

Pour ce faire, il suffit de rajouter un Laplacien dans chaque équation du système pour spatialisé le problème précédent.

On obtient alors le nouveau problème :

$$\forall t \in [0, T] \text{ et } \forall x, y \in \Omega,$$

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt}(t, x, y) = D\Delta S(t, x, y) - rS(t, x, y)I(t, x, y) \\ \frac{dI}{dt}(t, x, y) = D\Delta I(t, x, y) + rS(t, x, y)I(t, x, y) - aI(t, x, y) \\ \frac{dR}{dt}(t, x, y) = D\Delta R(t, x, y) + aI(t, x, y) \end{cases}$$

où  $T$  est le temps final tel que  $T \geq 0$  ;

$D$  est le coefficient de diffusion tel que  $D \in [0, 1]$  ;

$\Omega$  est un rectangle représentant le domaine et  $\partial\Omega$  son bord.

### 3.2 Simulation

On considère le modèle le modèle SIR spatialisé suivant :

$$\forall t \in [0, T] \text{ et } \forall x, y \in \Omega, \quad \begin{cases} \frac{dS}{dt}(t, x, y) = D\Delta S(t, x, y) - rS(t, x, y)I(t, x, y) \\ \frac{dI}{dt}(t, x, y) = D\Delta I(t, x, y) + rS(t, x, y)I(t, x, y) - aI(t, x, y) \\ \frac{dR}{dt}(t, x, y) = D\Delta R(t, x, y) + aI(t, x, y) \end{cases}$$

avec  $S(0, x, y) = S_0 \geq 0$ ,  $I(0, x, y) = I_0 \geq 0$ ,  $R(0, x, y) = 0$ .

$$\frac{dS}{dn}(t, x, y) = g \text{ sur } \partial\Omega$$

$$\frac{dI}{dn}(t, x, y) = h \text{ sur } \partial\Omega$$

$$\frac{dR}{dn}(t, x, y) = k \text{ sur } \partial\Omega$$

Nous allons approcher les dérivées en temps grâce au schéma d'Euler semi-implicite, qui est de la forme :

$$y^{n+1} = y^n + dt(D\Delta y^{n+1} + f(t^n, y^n)) \quad \forall n \in \mathbb{N}$$

où  $dt = \frac{T}{N}$  avec  $N$  le nombre de subdivisions régulières de l'intervalle  $[0, T]$ .

$$t^i = i \times dt \quad \text{avec } i \in \llbracket 0, N-1 \rrbracket$$

On obtient alors le système suivant :

$$\forall n \in [0, N-1] \text{ et } \forall x, y \in \Omega, \quad \begin{cases} S^{n+1}(x, y) - dtD\Delta S^{n+1}(x, y) = S^n(x, y) - rdtS^n(x, y)I^n(x, y) \\ I^{n+1}(x, y) - dtD\Delta I^{n+1}(x, y) = I^n(x, y) + dt(rS^n(x, y)I^n(x, y) - aI^n(x, y)) \\ R^{n+1}(x, y) - dtD\Delta R^{n+1}(x, y) = R^n(x, y) + adtI^n(x, y) \end{cases}$$

avec  $S^0 = S_0$ ,  $I^0 = I_0$  et  $R^0 = 0$

On cherche maintenant la formulation variationnelle associée au système ci-dessus.

Soient  $\Omega$  un rectangle et  $\partial\Omega$  son bord.

On a donc que  $\Omega$  est un ouvert borné connexe régulier.

Supposons  $S$ ,  $I$  et  $R$  régulières et  $v$  une fonction test régulière.

On pose  $S = S(x, y)$ ,  $I = I(x, y)$ ,  $R = R(x, y)$  et  $v = v(x, y)$  par soucis de lisibilité.

Multiplions les équations par  $v \in H_0^1(\Omega)$  et intégrons sur  $\Omega$  :

$$\begin{cases} \int_{\Omega} S^{n+1} v dx dy - dt D \int_{\Omega} \Delta S^{n+1} v dx dy = \int_{\Omega} S^n v dx dy - r dt \int_{\Omega} S^n I^n v dx dy \\ \int_{\Omega} I^{n+1} v dx dy - dt D \int_{\Omega} \Delta I^{n+1} v dx dy = \int_{\Omega} I^n v dx dy + dt \int_{\Omega} (r S^n I^n - a I^n) v dx dy \\ \int_{\Omega} R^{n+1} v dx dy - dt D \int_{\Omega} \Delta R^{n+1} v dx dy = \int_{\Omega} R^n v dx dy + a dt \int_{\Omega} I^n v dx dy \end{cases}$$

Or par la formule de Green, on a :

$$\begin{cases} \int_{\Omega} S^{n+1} v dx dy + dt D \int_{\Omega} \nabla S^{n+1} \nabla v dx dy - dt D \int_{\partial\Omega} \frac{\partial S^{n+1}}{\partial n} v ds = \int_{\Omega} S^n v dx dy - r dt \int_{\Omega} S^n I^n v dx dy \\ \int_{\Omega} I^{n+1} v dx dy + dt D \int_{\Omega} \nabla I^{n+1} \nabla v dx dy - dt D \int_{\partial\Omega} \frac{\partial I^{n+1}}{\partial n} v ds = \int_{\Omega} I^n v dx dy + dt \int_{\Omega} (r S^n I^n - a I^n) v dx dy \\ \int_{\Omega} R^{n+1} v dx dy + dt D \int_{\Omega} \nabla R^{n+1} \nabla v dx dy - dt D \int_{\partial\Omega} \frac{\partial R^{n+1}}{\partial n} v ds = \int_{\Omega} R^n v dx dy + a dt \int_{\Omega} I^n v dx dy \end{cases}$$

Or, on a les conditions au bords suivantes :

$$\begin{cases} \frac{\partial S}{\partial n} = g = 0 & \text{sur } \partial\Omega \\ \frac{\partial I}{\partial n} = h = 0 & \text{sur } \partial\Omega \\ \frac{\partial R}{\partial n} = k = 0 & \text{sur } \partial\Omega \end{cases}$$

Soit  $V = H^1(\Omega)$ .

On obtient donc le problème variationnel suivant :

(PV) Trouver  $S, I, R \in V$  tel que

$$\begin{cases} \int_{\Omega} S^{n+1} v dx dy + dt D \int_{\Omega} \nabla S^{n+1} \nabla v dx dy - \int_{\Omega} S^n v dx dy + r dt \int_{\Omega} S^n I^n v dx dy = \underbrace{dt D \int_{\partial\Omega} g v ds}_{=0} & (1) \\ \int_{\Omega} I^{n+1} v dx dy + dt D \int_{\Omega} \nabla I^{n+1} \nabla v dx dy - \int_{\Omega} I^n v dx dy - dt \int_{\Omega} (r S^n I^n - a I^n) v dx dy = \underbrace{dt D \int_{\partial\Omega} h v ds}_{=0} & (2) \\ \int_{\Omega} R^{n+1} v dx dy + dt D \int_{\Omega} \nabla R^{n+1} \nabla v dx dy - \int_{\Omega} R^n v dx dy - a dt \int_{\Omega} I^n v dx dy = \underbrace{dt D \int_{\partial\Omega} k v ds}_{=0} & (3) \end{cases}$$

$$\forall v \in V$$

### 3.3 Existence et unicité

On va montrer l'existence et l'unicité de la solution  $S$  pour l'équation (1).

Pour cela, on vérifie les hypothèses du théorème de Lax-Milgram ; afin de pouvoir l'appliquer.

On pose :

$$a(S, v) = \int_{\Omega} S^{n+1} v dx dy + dt D \int_{\Omega} \nabla S^{n+1} \nabla v dx dy - \int_{\Omega} S^n v dx dy + r dt \int_{\Omega} S^n I^n v dx dy$$

$$L(v) = dt D \int_{\partial\Omega} g v ds$$

- Montrons que  $a$  est une forme bilinéaire :

$\forall S, \tilde{S} \in H^1(\Omega)$  et  $\lambda \in \mathbb{R}$ , on a :

$$\begin{aligned} a(\lambda S + \tilde{S}, v) &= \int_{\Omega} (\lambda S^{n+1} + \tilde{S}^{n+1}) v dx dy + dt D \int_{\Omega} \nabla (\lambda S^{n+1} + \tilde{S}^{n+1}) \nabla v dx dy - \int_{\Omega} (\lambda S^n + \tilde{S}^n) v dx dy \\ &\quad + r dt \int_{\Omega} (\lambda S^n + \tilde{S}^n) I^n v dx dy \\ &= \lambda \int_{\Omega} S^{n+1} v dx dy + \int_{\Omega} \tilde{S}^{n+1} v dx dy + dt D \lambda \int_{\Omega} \nabla S^{n+1} \nabla v dx dy + dt D \int_{\Omega} \nabla \tilde{S}^{n+1} \nabla v dx dy \\ &\quad - \lambda \int_{\Omega} S^n v dx dy - \int_{\Omega} \tilde{S}^n v dx dy + r dt \lambda \int_{\Omega} S^n I^n v dx dy + r dt \int_{\Omega} \tilde{S}^n I^n v dx dy \\ &= \lambda a(S, v) + a(\tilde{S}, v) \end{aligned}$$

De plus,

$$\begin{aligned} a(S, v) = a(v, S) &\implies a(v, \lambda S + \tilde{S}) = \lambda a(v, S) + a(v, \tilde{S}) \\ &\implies a \text{ est une forme bilinéaire} \end{aligned}$$

• Montrons que  $a$  est continue :

$$\begin{aligned}
|a(S, v)| &\stackrel{\text{C-S}}{\leq} \|S^{n+1}\|_{L^2(\Omega)} \|v\|_{L^2(\Omega)} + dtD \|\nabla S^{n+1}\|_{L^2(\Omega)} \|\nabla v\|_{L^2(\Omega)} - \|S^n\|_{L^2(\Omega)} \|v\|_{L^2(\Omega)} \\
&\quad + rdt \|I^n\|_{L^\infty(\Omega)} \|S^n\|_{L^2(\Omega)} \|v\|_{L^2(\Omega)} \\
&\leq \|S^{n+1}\|_{H^1(\Omega)} \|v\|_{H^1(\Omega)} + dtD \|S^{n+1}\|_{H^1(\Omega)} \|v\|_{H^1(\Omega)} - \|S^n\|_{H^1(\Omega)} \|v\|_{H^1(\Omega)} \\
&\quad + rdt \|I^n\|_{L^\infty(\Omega)} \|S^n\|_{H^1(\Omega)} \|v\|_{H^1(\Omega)} \\
&\leq \|S^n\|_{H^1(\Omega)} \|v\|_{H^1(\Omega)} + dtD \|S^n\|_{H^1(\Omega)} \|v\|_{H^1(\Omega)} - \|S^n\|_{H^1(\Omega)} \|v\|_{H^1(\Omega)} \\
&\quad + rdt \|I^n\|_{L^\infty(\Omega)} \|S^n\|_{H^1(\Omega)} \|v\|_{H^1(\Omega)} \quad \text{car } S^{n+1} \leq S^n \\
&\leq dtD \|S^n\|_{H^1(\Omega)} \|v\|_{H^1(\Omega)} + rdt \|I^n\|_{L^\infty(\Omega)} \|S^n\|_{H^1(\Omega)} \|v\|_{H^1(\Omega)} \\
&\leq \max(dtD, rdt \|I^n\|_{L^\infty(\Omega)}) \|S^n\|_{H^1(\Omega)} \|v\|_{H^1(\Omega)} \\
\Rightarrow \quad &\text{a est continue}
\end{aligned}$$

• Montrons que  $a$  est coercive :

$$\begin{aligned}
a(S, S) &= \int_{\Omega} |S^{n+1}|^2 dx dy + dtD \int_{\Omega} |\nabla S^{n+1}|^2 dx dy - \int_{\Omega} |S^n|^2 dx dy + rdt \int_{\Omega} I^n |S^n|^2 dx dy \\
&\geq \int_{\Omega} |S^n|^2 dx dy + dtD \int_{\Omega} |\nabla S^n|^2 dx dy - \int_{\Omega} |S^n|^2 dx dy + rdt \int_{\Omega} I^n |S^n|^2 dx dy \quad \text{car } S^{n+1} \leq S^n \\
&\geq \underbrace{dtD \int_{\Omega} |\nabla S^n|^2 dx dy}_{\geq 0} + rdt \int_{\Omega} I^n |S^n|^2 dx dy \\
&\geq rdt \int_{\Omega} I^n |S^n|^2 dx dy \\
&\geq rdt\alpha \int_{\Omega} |S^n|^2 dx dy \quad \text{car on suppose que } S^n \geq \alpha > 0 \\
&\geq \gamma \|S^n\|_{H^1(\Omega)}^2 \quad \text{où } \gamma = rdt\alpha \geq 0 \\
\Rightarrow \quad &\text{a est coercive}
\end{aligned}$$

Donc  $a$  est une forme bilinéaire, continue et coercive.

- Montrons que  $L$  est une forme linéaire :  
 $\forall v, \tilde{v} \in H^1(\Omega)$  et  $\lambda \in \mathbb{R}$ , on a :

$$\begin{aligned}
 L(\lambda v + \tilde{v}) &= dtD \int_{\partial\Omega} g(\lambda v + \tilde{v}) ds \\
 &= dtD\lambda \int_{\partial\Omega} g v ds + dtD \int_{\partial\Omega} g \tilde{v} ds \\
 &= \lambda L(v) + L(\tilde{v})
 \end{aligned}$$

$\Rightarrow$   $L$  est une forme linéaire

- Montrons que  $L$  est continue :

$$\begin{aligned}
 |L(v)| &\stackrel{\text{C-S}}{\leq} dtD \|g\|_{L^2(\partial\Omega)} \|v\|_{L^2(\partial\Omega)} \\
 &\leq dtDC^2 \|g\|_{H^1(\Omega)} \|v\|_{H^1(\Omega)} \quad \text{grâce au théorème de Trace} \longrightarrow \text{avec } C > 0
 \end{aligned}$$

$\Rightarrow$   $L$  est continue

Donc  $L$  est une forme linéaire continue.

- $V=H^1(\Omega)$  est un espace de Hilbert.

On peut donc appliquer le théorème de Lax-Milgram qui nous assure que l'équation variationnelle (1) admet une solution unique.

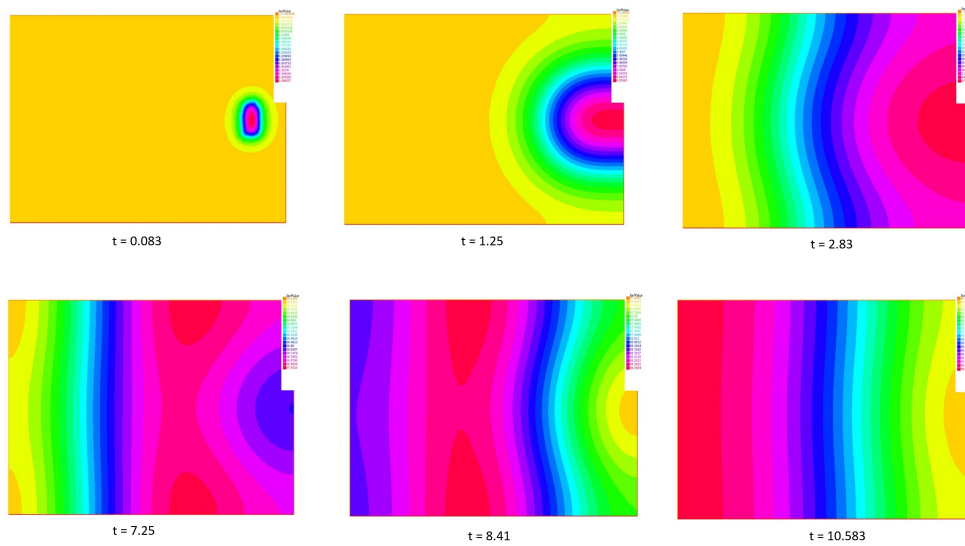
On procède de manière identique pour utiliser le théorème de Lax-Milgram sur  $I$  et  $R$  pour montrer qu'elles admettent bien une et une seule solution.

Par conséquent, le problème variationnel  $(PV)$  admet une unique solution.

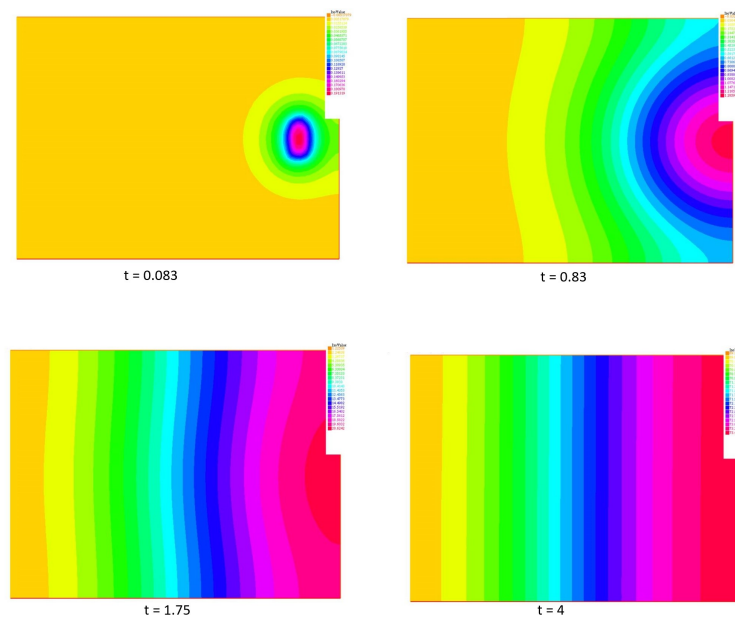
### 3.4 Résultats

Avec le code *Freefem++*, on obtient les résultats suivants avec différentes valeurs du coefficient de diffusion et différents clusters.

Les deux cas suivants représentent un cluster unique modélisé par un rectangle sur la droite du domaine. Pour le premier cas, nous avons pris un coefficient de diffusion  $D$  égal à 0.1. Pour le second, le coefficient de diffusion vaut 0.5.

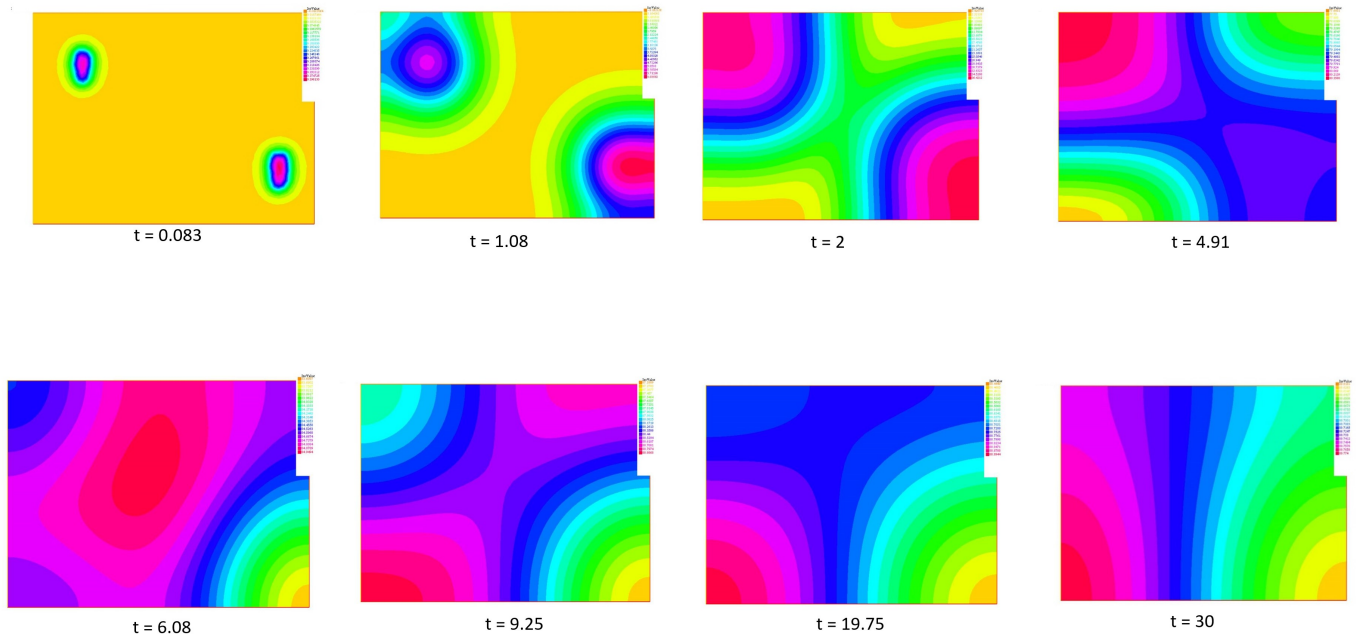


$$S_0 = 0.9, I_0 = 0.1, r = \frac{1}{14}, a = 0.7 \text{ et } D = 0.1$$

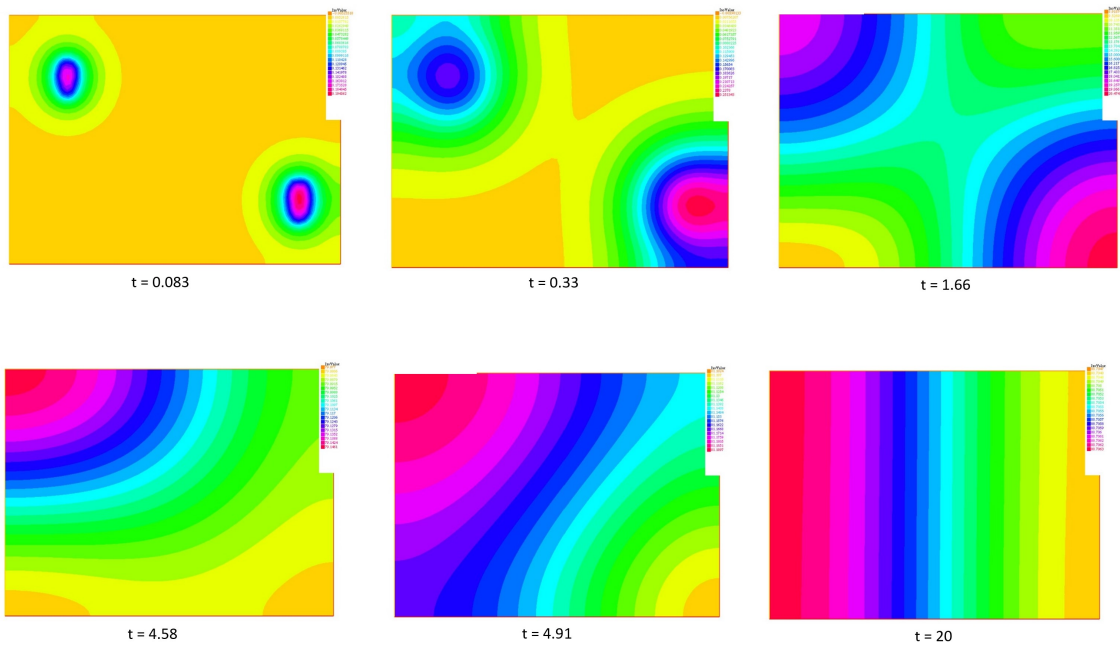


$$S_0 = 0.9, I_0 = 0.1, r = \frac{1}{14}, a = 0.7 \text{ et } D = 0.5$$

Les deux cas suivants représentent deux clusters modélisés par des rectangles sur la droite et la gauche du domaine. Pour le premier cas, nous avons pris un coefficient de diffusion  $D$  égal à 0.1. Pour le second, le coefficient de diffusion vaut 0.5.



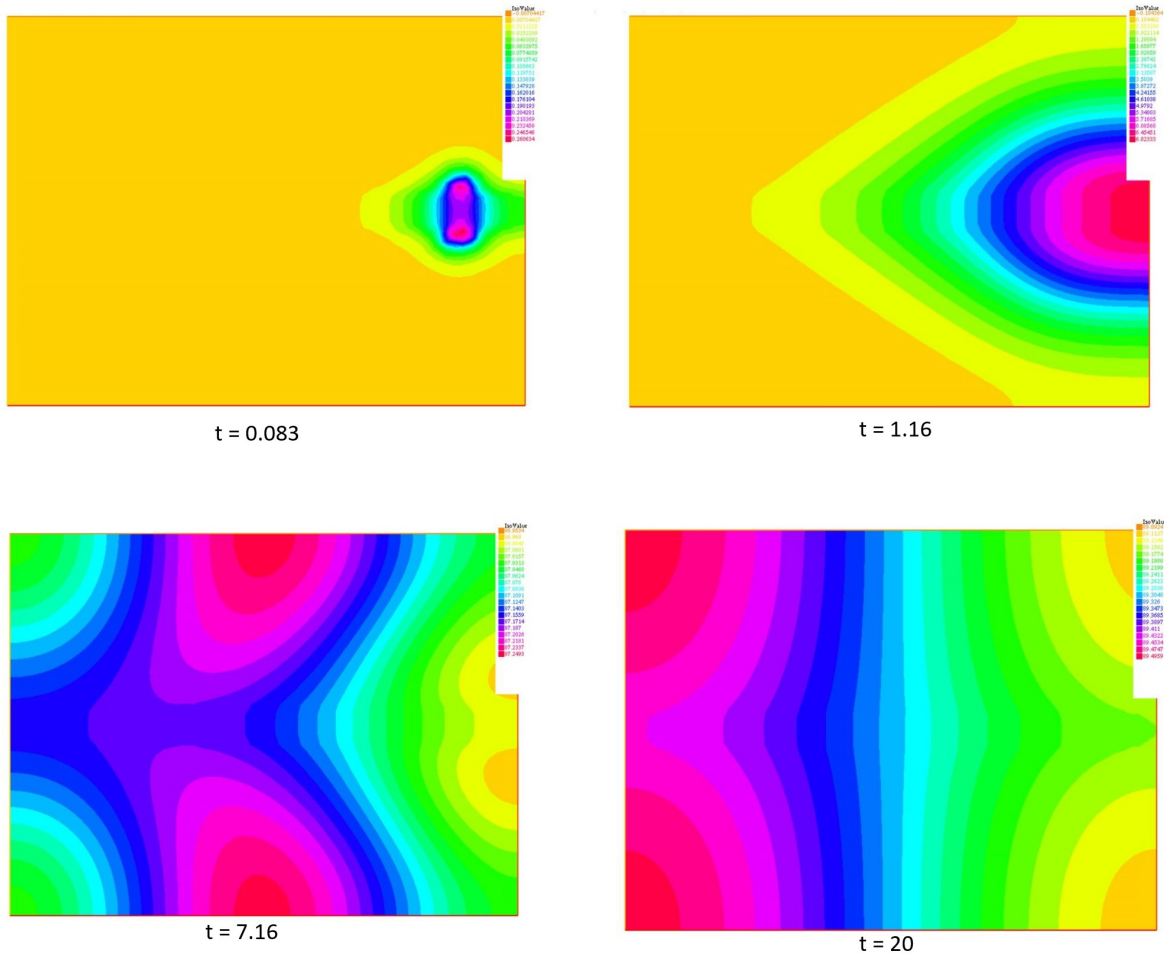
$$S_0 = 0.9, I_0 = 0.1, r = \frac{1}{14}, a = 0.7 \text{ et } D = 0.1$$



$$S_0 = 0.9, I_0 = 0.1, r = \frac{1}{14}, a = 0.7 \text{ et } D = 0.5$$



Ici, nous avons pris un coefficient de diffusion non homogène. Nous avons créé une "route" pour les  $y$  compris entre  $1.4m$  et  $1.6m$ , pour  $m = 1$ , avec un coefficient de diffusion de  $0.5$ . Sur le reste du domaine, le coefficient de diffusion est égale à  $0.1$ . Les résultats obtenus correspondent parfaitement à ce que nous recherchions, c'est à dire une diffusion beaucoup plus rapide au niveau de la "route" qu'ailleurs.



$$S_0 = 0.9, I_0 = 0.1, r = \frac{1}{14}, a = 0.7 \text{ et}$$

$$D = 0.1 \left( !0.1 \left( y < 1.6m \ \&\& \ y > 1.4m \right) \right) + 0.5 \left( y < 1.6m \ \&\& \ y > 1.4 \right) \quad \text{avec } m = 1$$

## 4 Conclusion

Pour conclure, on peut dire que le modèle SIR est modèle simple, qui est facile à comprendre et à mettre en place. C'est un modèle qui demande de connaître très peu de paramètre, seulement deux qui sont le taux d'infection et de guérison. Par ailleurs, il est relativement facile de le programmer avec des schémas numériques puisque le système d'équations est linéaires est peu complexe. De plus, il s'agit d'un modèle assez réaliste malgré les nombreuses hypothèses car il représente bien l'évolution de la maladie au sein d'une population. Le seuil critique  $R_0$  permet de conclure sur la croissance ou non de la maladie.

En d'autres termes, le modèle SIR est un modèle réaliste et qui, en spatialisant le schéma, représente encore mieux la réalité. L'ajout d'une composante spatiale, représentée par un Laplacien, rend le système plus complexe et demande de trouver sa formulation variationnelle afin de pouvoir l'implémenter.

Grâce au code *Freefem++*, on a pu simuler l'évolution d'une épidémie dans un domaine rectangulaire. On a ainsi observé que la propagation de l'épidémie dans le domaine se comportait comme une onde qui se propage dans la direction de la longueur du rectangle jusqu'à atteindre un "équilibre" dans le stade de l'épidémie. Aussi, plus le coefficient de diffusion est grand (proche de 1), alors plus la convergence vers l'état d'équilibre sera rapide.

### Remerciements :

On souhaite remercier Monsieur Nicolas Vauchelet, notre enseignant encadrant, pour son temps et son investissement au bon déroulement de notre projet.