

# Équation différentielle ordinaire - Modèle SIR avec $N$ souches de virus

---

## Table des matières

|     |  |    |
|-----|--|----|
| I   | Introduction . . . . .                   | 1  |
| I.1 | Introduction au modèle . . . . .         | 1  |
| I.2 | Évolution du modèle . . . . .            | 2  |
| II  | D'un point de vue mathématique . . . . . | 5  |
| III | D'un point de vue informatique . . . . . | 9  |
| IV  | Références bibliographiques . . . . .    | 14 |

---

## I Introduction

Le modèle SIR à  $N$  souches de virus est un ensemble d'équations modélisant assez simplement la propagation d'un virus au sein d'une population. Cette modélisation peut néanmoins toujours être complexifiée par l'ajout d'équations afin d'affiner le modèle à la réalité, mais alors les valeurs prédictives de ce modèle s'en voit nettement détériorée par rapport au modèle moins proche de la réalité.

Les premières études à ce sujet débutent vers 1917 avec **Ross**, médecin, et **Hudson**, mathématicienne, mais les principaux travaux sur le formalisme et l'étude poussée des équations viennent de **Kermack** et **McKendrick** qui, en particulier publient 3 articles en 1927, 1932 et 1933. [1]

Il existe un modèle probabiliste du modèle SIR se basant principalement sur un aspect aléatoire de l'évolution, invoquant ainsi une majeure partie de la théorie des probabilités.

Dans le cadre de notre étude, nous nous intéresserons uniquement sur le modèle déterministe basé sur l'étude des systèmes différentiels autonomes.

### I.1 Introduction au modèle

Avant d'introduire le modèle SIR à  $N$  souches de notre étude, faisons une brève introduction du modèle SIR classique, celui-ci s'apparente alors au modèle SIR à  $N$  souches mais avec  $N = 1$ .

Le but de ce modèle étant toujours de modéliser l'évolution d'une épidémie au cours du temps.

Le modèle classique se contente de considérer 3 groupes de personnes et néglige nombre de détails qui sont présents en réalité :

- ↪ Les individus **sains** : ceux n'ayant jamais été contaminés par la maladie ;
- ↪ Les individus **infectés** : ceux ayant été contaminés par la maladie ;
- ↪ Les individus **rétablis** : ceux ayant été guéris de la maladie et étant immunisés.

D'où l'appellation du modèle « SIR » (**Sains-Infectés-Rétablis**).

Il faut alors déterminer comment ce système évolue en fonction du temps, on va donc s'intéresser à la proportion d'individus dans chaque groupe.

---

Pour quantifier l'évolution des proportions d'individus au cours du temps  $t$ , il nous faut pour cela introduire 3 nouvelles fonctions :

- $\leadsto S(t)$  : proportion d'individus **sains** après  $t$  jours ;
- $\leadsto I(t)$  : proportion d'individus **infectés** après  $t$  jours ;
- $\leadsto R(t)$  : proportion d'individus **rétablis** après  $t$  jours.

On fixe l'unité de temps, ici en jour, afin de faciliter la compréhension.

On suppose également, sans perte de généralité, qu'il n'y a pas de problèmes de régularité des fonctions au cours du temps, toutes les fonctions sont donc continues et dérivables par rapport au temps.

## I.2 Évolution du modèle

La dérivée de  $I(t)$  en fonction du temps, nous donne  $I'(t)$ , représentant la proportion de nouveaux infectés par jour, au jour  $t$ .

Ainsi, si  $I' > 0$ , alors  $I$  est croissante, ce qui veut dire que le nombre d'infectés sera croissant au cours du temps.

Pour l'étude de la propagation de l'épidémie, les cas intéressants seront  $I(0) \neq 0$ , car sinon au temps  $t = 0$ , il n'y a pas d'infectés et donc aucune propagation n'est possible au sein de la population.

La transformation d'un individu **sain** en un individu **infecté** est due à la transmission du virus suite à une rencontre entre ces individus.

Il vient donc que la proportion de nouveaux infectés peut alors s'écrire de la façon suivante :

$$I'(t) = \beta \times S(t) \times I(t)$$

où  $\beta$  correspond au **taux de contamination** du virus, car chaque rencontre induit une contamination entre individus avec une certaine probabilité, qui dépend de la contagiosité du virus ainsi que la densité de population. Ainsi, plus  $\beta$  est élevé plus la maladie sera infectieuse.

Lorsqu'un individu est **infecté**, il ne fait plus parti des individus **sains**. Il faut alors retirer cet individu de cette catégorie, donc la proportion d'individus **sains** se réécrit comme suit :

$$S'(t) = -\beta \times S(t) \times I(t)$$

Selon la maladie, la guérison se fait plus ou moins rapidement, les **infectés** se dirigent alors dans la catégorie **rétablis** avec une certaine probabilité modélisée par une constante  $\gamma$ , correspondant au **taux de guérison**. On a donc :

$$R'(t) = \gamma \times I(t)$$

Cette quantité est alors retirée à la proportion des individus d'infectés, et donc on obtient :

$$I'(t) = \beta \times S(t) \times I(t) - \gamma \times I(t)$$

On aboutit alors au système différentiel suivant :

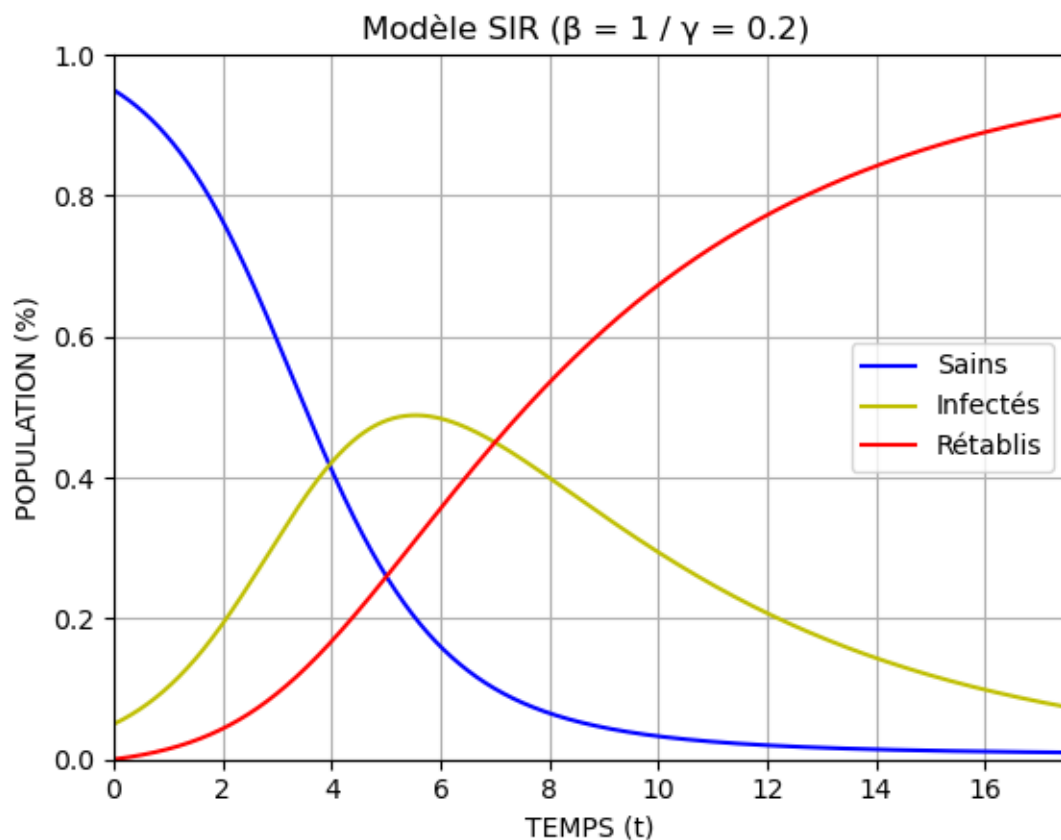
$$\forall t \in \mathbb{R}, \quad \begin{cases} S'(t) &= -\beta S(t) I(t) \\ I'(t) &= \beta S(t) I(t) - \gamma I(t) \\ R'(t) &= \gamma I(t) \end{cases}$$

## Schéma synoptique du modèle SIR



## Graphique du modèle SIR

Voici un graphique illustrant l'évolution des trois groupes d'individus avec comme conditions initiales :  $X_0 = (0.95, 0.05, 0.0)$  à  $t = 0$ , on a 95% d'individus sains, 5% d'infectés et 0% de rétablis.



### Interprétation :

Sans surprise, la courbe bleue, représentant la population saine décroît au cours du temps tandis que la courbe rouge, celle représentant la population rétablie croît. On remarque que la courbe jaune, représentant la population infectée croît puis décroît, elle atteint un unique extremum qui est son maximum global, qu'on appelle « **pic de l'épidémie** ».

En s'inspirant de ce modèle, nous pouvons nous intéresser à la modélisation de l'évolution d'une épidémie sur une population causée par un virus ayant plusieurs souches de virus comme par exemple le Covid-19 et ses variants.

De manière plus formelle, on va considérer le système différentiel autonome du premier ordre pour le modèle SIR à  $N$  souches de virus.

Ainsi, on considère, pour un entier  $N > 0$ , le système différentiel du premier ordre suivant, dont l'inconnue est la fonction  $X : [0, +\infty[ \rightarrow \mathbb{R}^{N+2}$ , définie par  $X(t) = (S(t), (I_i(t))_{i \in \llbracket 1, N \rrbracket}, R(t))^t$  tel que  $X'(t) = F(X(t))$  et  $X(0) = X_0 \in \mathbb{R}^{N+2}$ .

Le système différentiel est défini par :

$$\forall t \in \mathbb{R}, \quad \begin{cases} S'(t) &= - \sum_{i=1}^N \beta_i S(t) I_i(t) \\ I'_i(t) &= \beta_i S(t) I_i(t) - \gamma_i I_i(t), \quad \forall i \in \llbracket 1, N \rrbracket, \\ R'(t) &= \sum_{i=1}^N \gamma_i I_i(t) \end{cases}$$

avec  $\beta_i$  le taux de transmission de la souche  $i$  et  $\gamma_i$  le taux de guérison de la souche  $i$ , des réels strictement positifs, pour  $i \in \llbracket 1, N \rrbracket$ .

#### Aparté

Dans le cas où la maladie serait létale et donc n'induisant pas forcément une guérison des individus infectés, on pourrait ajouter une quatrième équation :

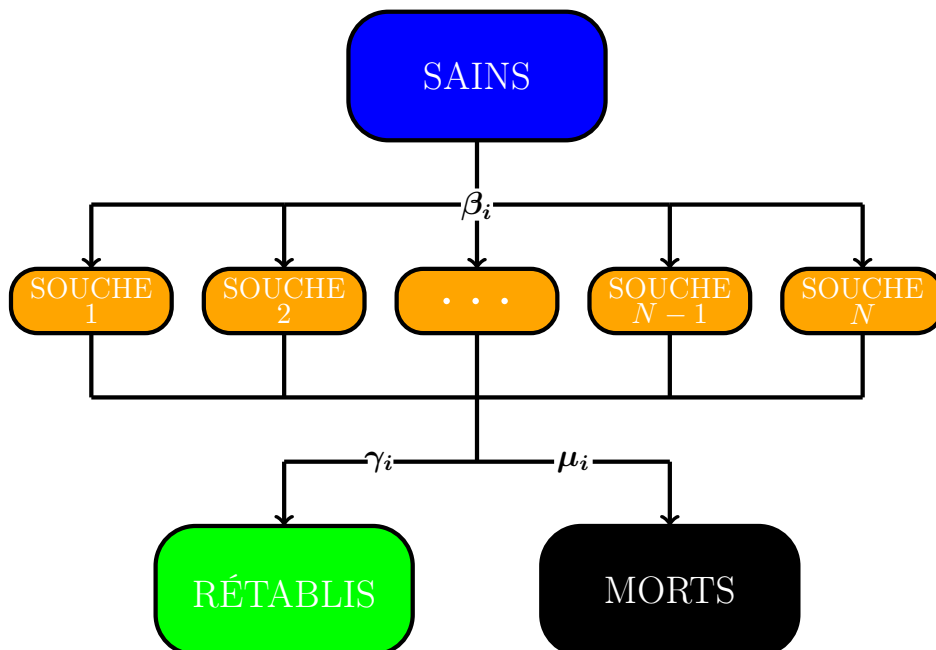
$$M'(t) = \sum_{i=1}^N \mu_i I_i(t)$$

où  $\mu_i$  est le taux de mortalité de la souche  $i$  du virus, plus  $\mu_i$  est élevé, plus la maladie est mortelle.

Ce qui reviendrait à considérer à nouveau le système précédent avec  $I'_i$  :

$$I'_i(t) = \beta_i S(t) I_i(t) - \gamma_i I_i(t) - \mu_i I_i(t), \quad \forall i \in \llbracket 1, N \rrbracket$$

### Schéma synoptique du modèle SIR à $N$ souches



## II D'un point de vue mathématique

Dans cette partie, nous allons établir l'existence d'une solution globale au système différentiel SIR à  $N$  souches de virus. Tous les résultats obtenus seront démontrés en considérant en plus  $M(t)$  correspondant à la proportion d'individus **morts** après **t jours**.

La population totale, en comptant les morts, est constante.

En effet, en notant  $N(t)$ , la population totale en fonction du temps, en comptabilisant les morts. On a  $X \in \mathbb{R}^{N+3}$ .

Ainsi :

$$N(t) = \sum_{i=1}^{N+3} X_i(t) = S(t) + \sum_{i=1}^N I_i(t) + R(t) + M(t)$$

Or, la fonction  $N$  est dérivable au cours du temps, on a donc :

$$N'(t) = \sum_{i=1}^{N+3} X'_i(t)$$

$$N'(t) = S'(t) + \sum_{i=1}^N I'_i(t) + R'(t) + M'(t)$$

$$N'(t) = - \sum_{i=1}^N \beta_i S(t) I_i(t) + \sum_{i=1}^N [\beta_i S(t) I_i(t) - \gamma_i I_i(t) - \mu_i I_i(t)] + \sum_{i=1}^N \gamma_i I_i(t) + \sum_{i=1}^N \mu_i I_i(t)$$

$$N'(t) = - \sum_{i=1}^N \beta_i S(t) I_i(t) + \sum_{i=1}^N \beta_i S(t) I_i(t) - \sum_{i=1}^N \gamma_i I_i(t) - \sum_{i=1}^N \mu_i I_i(t) + \sum_{i=1}^N \gamma_i I_i(t) + \sum_{i=1}^N \mu_i I_i(t)$$

$$N'(t) = 0$$

De plus, comme  $N$  est continue au cours du temps et que  $N' = 0$ , donc on a bien que :

$N$  est constante au cours du temps.

Le vecteur  $X$  est positif au cours du temps, i.e :

$$\forall t \in [0, +\infty[, \quad X(t) \in (\mathbb{R}_+)^{N+3}$$

En effet, montrons que chacune des composantes de  $X$  est positive ou nulle.

- Pour  $S$

$$S'(t) = - \sum_{i=1}^N \beta_i S(t) I_i(t)$$
$$S'(t) = S(t) \cdot \underbrace{\left( - \sum_{i=1}^N \beta_i I_i(t) \right)}_{f_1(t)}$$

---

On peut alors écrire :

$$S'(t) = S(t) \cdot f_1(t) \quad \text{avec } f_1(t) \text{ continue}$$

On remarque que l'on obtient une équation différentielle linéaire du premier ordre, on a donc d'après la formule de Duhamel :

$$S(t) = S(0) \cdot \underbrace{\exp \left( \int f_1(s) ds \right)}_{>0}$$

Or, le  $S(0)$  correspond aux personnes saines au début de l'épidémie. Ainsi, cette quantité est forcément positive ou nulle, et donc, on a :

$$\boxed{S(t) \geq 0}$$

- $\boxed{\text{Pour } I_i}$

$$\begin{aligned} \forall i \in \llbracket 1, N \rrbracket, \quad I'_i(t) &= \beta_i S(t) I_i(t) - \gamma_i I_i(t) - \mu_i I_i(t) \\ I'_i(t) &= I_i(t) \cdot \underbrace{(\beta_i S(t) - \gamma_i - \mu_i)}_{f_2(t)} \end{aligned}$$

On peut alors écrire :

$$I'_i(t) = I_i(t) \cdot f_2(t) \quad \text{avec } f_2(t) \text{ continue}$$

On remarque que l'on obtient une nouvelle fois une équation différentielle linéaire du premier ordre, on a donc d'après la formule de Duhamel :

$$I_i(t) = I_i(0) \cdot \underbrace{\exp \left( \int f_2(s) ds \right)}_{>0}$$

Or, le  $I_i(0)$  correspond aux personnes infectées au début de l'épidémie. Ainsi, cette quantité est forcément positive ou nulle. Néanmoins, on peut supposer qu'il existe au moins une souche  $k$  tel que  $I_k(0) > 0$ , pour qu'une étude constructive puisse être réalisée, et donc, on a :

$$\boxed{I_i(t) \geq 0}$$

- $\boxed{\text{Pour } R \text{ et } M}$

On a :

$$R'(t) = \sum_{i=1}^N \gamma_i I_i(t) \quad \underline{\text{et}} \quad M'(t) = \sum_{i=1}^N \mu_i I_i(t)$$

On vient de montrer que  $I_i(t) \geq 0$  et comme  $\gamma_i$ , représentant le taux de guérison de la souche  $i$ , ainsi que  $\mu_i$ , représentant le taux de mortalité de la souche  $i$ , on les prend tous deux strictement positifs.

On obtient ainsi que :

$$R' \geq 0 \quad \text{et} \quad M' \geq 0$$

Et donc que les fonctions  $R$  et  $M$  sont croissantes en fonction du temps. On prendra toujours les quantités  $R(0)$ , représentant le nombre de personnes rétablis du virus, et  $M(0)$ , représentant le nombre de personnes décédées du virus, positives ou nulles.

Donc :

$$\boxed{R \geq 0} \quad \text{et} \quad \boxed{M \geq 0}$$

Finalement, on a la positivité de chacune des composantes de  $X$ , et donc :

$$\boxed{\forall t \in [0, +\infty[, \quad X(t) \in (\mathbb{R}_+)^{N+3}}$$

Le système différentiel du modèle SIR à  $N$  souches de virus admet une solution globale.

- Tout d'abord, on remarque que la fonction  $F$  ne dépend pas directement du temps, on peut donc écrire  $F(t, X) = F(X)$ . Ainsi, le système différentiel considéré est donc **autonome**.
- Or on a que :
  - i.  $F$  est **continue** sur  $\mathbb{R}^{N+3}$ , car combinaison de fonctions continues ;
  - ii.  $F$  est **continûment différentiable** par rapport à son  $2^e$  argument, car combinaison de fonctions différentiables.

Ainsi, d'après i. et ii., on en déduit que :

$$\boxed{F \text{ est localement lipschitzienne}}$$

- Donc, d'après le Théorème de Cauchy-Lipschitz Local, on a l'**existence** d'une unique **solution maximale** au système différentiel définie sur un ouvert  $J \subset I$  où  $I = [0, +\infty[$ .  
Ainsi, on a vient de montrer que :

$$\boxed{X : J \longrightarrow \mathbb{R}^{N+3} \text{ est solution maximale}}$$

- D'après les résultats démontrés plus tôt, on a :
  1. Le vecteur  $X$  est **minoré par 0** car chacune des composantes de  $X$  est positive ou nulle ;
  2. La population totale étant constante au cours du temps, on a donc que chaque  $X_i$  est **majoré par  $C$**  correspondant à l'effectif total de la population.

Il vient donc des points 1. et 2. que chaque  $X_i$  appartient au compact  $[0, C]$ , et donc :

$$\boxed{X \in [0, C]^{N+3}}$$

On a aussi que  $[0, C]^{N+3}$  est un **compact** de  $\mathbb{R}^{N+3}$  car fermé, borné en dimension finie.

- D'après le Théorème des bouts, on suppose  $T = \sup(J) < \sup(I)$ .  
Alors  $X$  sort de tout compact de  $\mathbb{R}^{N+3}$  au voisinage de  $T$ , c'est-à-dire :

$$\lim_{t \rightarrow T} \|X(t)\| = +\infty$$

- 
- Or, comme  $X$  est bornée, car  $X \in [0, C]^{N+3}$ , elle est donc majorée et on a :

$$\forall t \in J, \quad \|X(t)\| \leq C$$

Il vient alors que la solution maximale est bornée, elle ne peut donc pas exploser en temps fini et donc  $\boxed{J = I}$ , car sinon, si  $\sup(J) < \sup(I)$  la solution ne serait pas bornée.

Ainsi, on vient de montrer que :

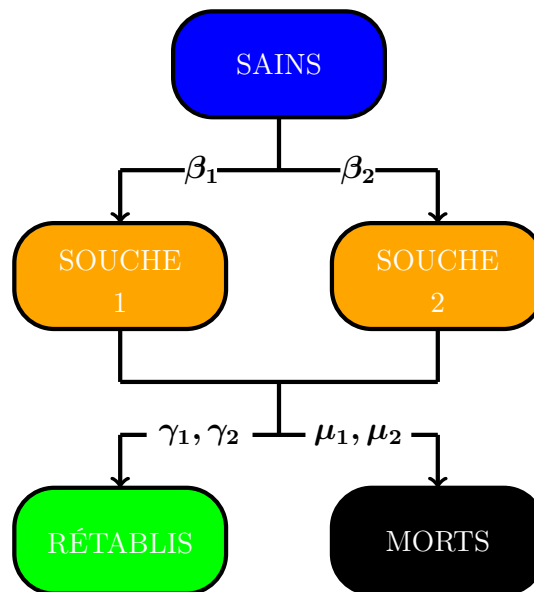
$X$  est une **solution globale**



### III D'un point de vue informatique

Dans cette partie, nous allons nous concentrer sur l'évolution de l'épidémie d'un point de vue informatique. Nous allons donc tracer les solutions du système différentiel avec les constantes  $\beta$ ,  $\gamma$  et  $\mu$  fixé selon les directions d'études envisagées. Pour cela, nous allons dans cette partie considérer le modèle SIR à  $N$  souches de virus, mais avec  $N = 2$ , et tous les résultats obtenus le seront pour ce modèle à 2 souches.

#### Schéma synoptique du modèle SIR à 2 souches



On veut donc " résoudre " le système, avec  $X_0$  initial fixé, et donc obtenir des valeurs de  $X(t)$  en fonction de  $t$ , qui permettrait ainsi de tracer la solution approchée avec une précision souhaitée, due à la convergence de la méthode utilisée, vers la solution exacte.

On s'appuiera ici sur la méthode d'Euler implicite qui, en dimension 1, s'apparente à approximer localement la dérivée par la tangente, ceci par itérations successives.

#### Code Python

##### Explication du code :

On va fixer dès le début les variables globales  $\beta_1$ ,  $\beta_2$ ,  $\gamma_1$ ,  $\gamma_2$ ,  $\mu_1$  et  $\mu_2$ .

On définit également, ici, la fonction  $F$  tel que  $X'(t) = F(X)$  (car le problème est autonome). Ainsi, on définit une nouvelle fonction prenant en argument  $F$ , une condition initiale  $X_0$  de type "liste", un intervalle d'étude  $[t_0, t_f]$  sur lequel on cherche une solution et un entier  $n$  qui va permettre de faire varier le nombre de points calculés pour améliorer la précision de la solution graphique obtenue.

##### Aparté

Une différence infime a été constatée entre les tracés des solutions par `solve_ivp` et la méthode d'Euler avec un pas élevé. Nous avons donc décidé de présenter uniquement les résultats obtenus par la méthode d'Euler, les observations et les interprétations graphiques restant valables.

Voici le code python utilisé pour le tracé graphique des différentes courbes, solutions du système :

```

1 import matplotlib.pyplot as plt
2 # Programme où régissent les 5 équations avec 2 souches de virus du système SIRM.
3 def Euler(F,t0,tf,X0,n) :
4     t = t0 # Origine des Temps
5     x = X0[0] # Nombre de personnes saines à t = 0.
6     y1 = X0[1] # Nombre de personnes infectés par la souche 1 à t = 0.
7     y2 = X0[2] # Nombre de personnes infectés par la souche 2 à t = 0.
8     z = X0[3] # Nombre de personnes rétablis à t = 0.
9     m = X0[4] # Nombre de personnes décédés à t = 0.
10    h = (tf-t0)/float(n)
11    # h est le pas, plus il est petit (ie plus n est grand), meilleure est la précision !
12    temps = [t0] # Liste du temps en abscisse
13    X = [X0[0]] # Liste contenant les valeurs de S(t) (n valeurs entre t0 et tf)
14    Y1 = [X0[1]] # Liste contenant les valeurs de I1(t) (n valeurs entre t0 et tf)
15    Y2 = [X0[2]] # Liste contenant les valeurs de I2(t) (n valeurs entre t0 et tf)
16    Z = [X0[3]] # Liste contenant les valeurs de R(t) (n valeurs entre t0 et tf)
17    M = [X0[4]] # Liste contenant les valeurs de M(t) (n valeurs entre t0 et tf)
18    for i in range(n) :
19        # Résolution du système différentiel —> Méthode d'Euler :
20        # Consiste à approximer localement les dérivées par la tangente.
21        x = x+h*F(x,y1,y2,z,m)[0]
22        y1 = y1+h*F(x,y1,y2,z,m)[1]
23        y2 = y2+h*F(x,y1,y2,z,m)[2]
24        z = z+h*F(x,y1,y2,z,m)[3]
25        m = m+h*F(x,y1,y2,z,m)[4]
26        t=t+h
27        temps.append(t)
28        X.append(x)
29        Y1.append(y1)
30        Y2.append(y2)
31        Z.append(z)
32        M.append(m)
33
34    plt.plot(temps,X,color="b")
35    plt.plot(temps,Y1,"—")
36    plt.plot(temps,Y2,'+',color="y")
37    plt.plot(temps,Z,color="r")
38    plt.plot(temps,M,color="black")
39    plt.xlabel('TEMPS (t)')
40    plt.ylabel('POPULATION (%)')
41    plt.legend(["Sains","Infectés par la souche 1","Infectés par la souche 2","Rétablis","Morts"])
42    plt.axis([0,tf,0,1])
43    plt.grid() # Affiche la grille
44    plt.title("Modélisation SIRM avec 'Méthode d'Euler'")
45    plt.show()
46
47    β1=2.3 # β le taux de transmission
48    β2=3
49
50    γ1=0.6 # γ le taux de guérison ( = 1/λ où λ le temps moyen de guérison )
51    γ2=0.1
52
53    μ1=0.05 # μ le taux de mortalité
54    μ2=0.35
55
56    def F(x,y1,y2,z,m) :
57        return [-β1*x*y1-β2*x*y2,β1*x*y1-γ1*y1-μ1*y1,β2*x*y2-γ2*y2-μ2*y2,γ1*y1+γ2*y2,μ1*y1+μ2*y2]
58
59    # Correspond à S'(t) = -β1*S(t)*I1(t)-β2*S(t)*I2(t)
60    # Correspond à I1'(t) = β1*S(t)*I1(t)-γ1*I1(t)-μ1*I1(t)
61    # Correspond à I2'(t) = β2*S(t)*I2(t)-γ2*I2(t)-μ2*I2(t)
62    # Correspond à R'(t) = γ1*I1(t) + γ2*I2(t)
63    # Correspond à M'(t) = μ1*I1(t) + μ2*I2(t)

```

Algorithme 1 – SIR à 2 souches par la méthode d'Euler

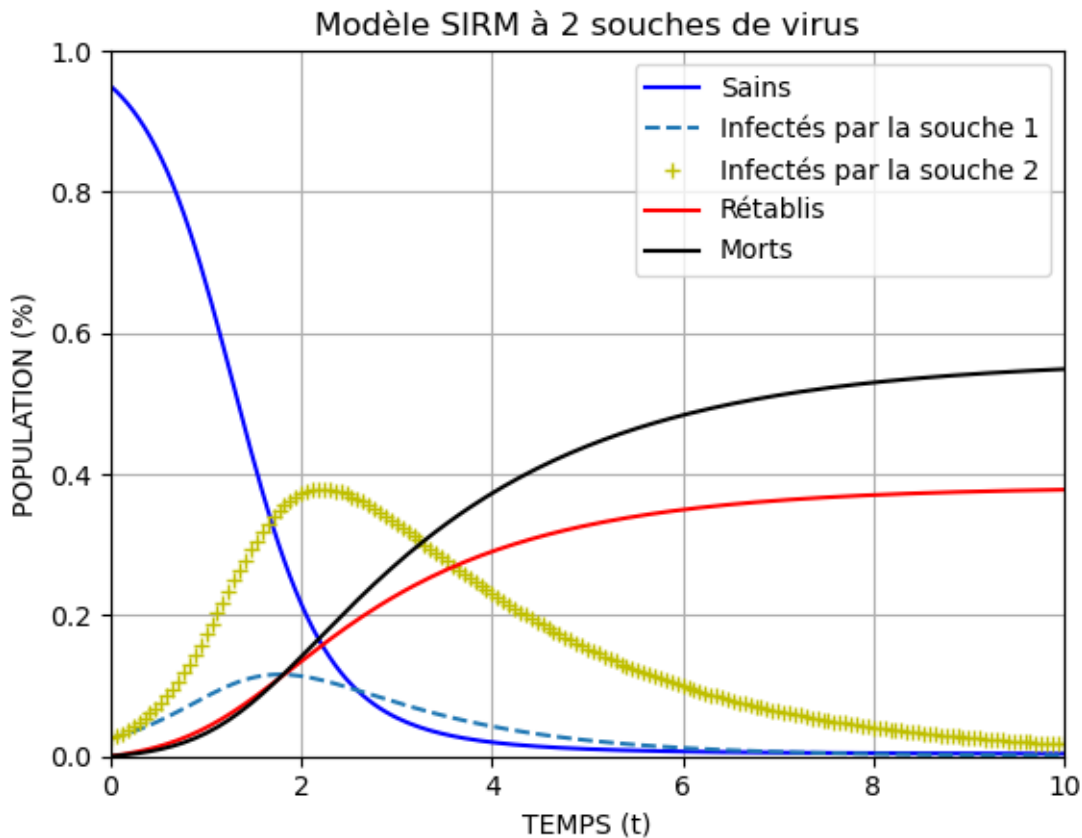
## Étude de cas

On se propose d'étudier, ci-après, l'évolution de l'épidémie selon plusieurs caractéristiques du virus. Faisons donc varier les diverses constantes du système SIR à 2 souches afin d'observer ces phénomènes !

## Cas 1 - Une souche plus contagieuse qu'une autre

Étudions un premier cas où la souche 2 est bien plus contagieuse et mortelle que la souche 1, avec un taux de guérison inférieur à celui de la souche 1.

On prendra comme condition initiale pour cette étude de cas  $X_0 = [0.95, 0.025, 0.025, 0, 0]$ , c'est-à-dire une situation avec 95% d'individus sains, autant d'infectés pour les 2 souches et aucun individu rétabli et mort.



Paramètres utilisés :

$$\begin{cases} \beta_1 = 2.3 \\ \beta_2 = 3 \end{cases} \quad \begin{cases} \gamma_1 = 0.6 \\ \gamma_2 = 0.1 \end{cases} \quad \begin{cases} \mu_1 = 0.05 \\ \mu_2 = 0.35 \end{cases}$$

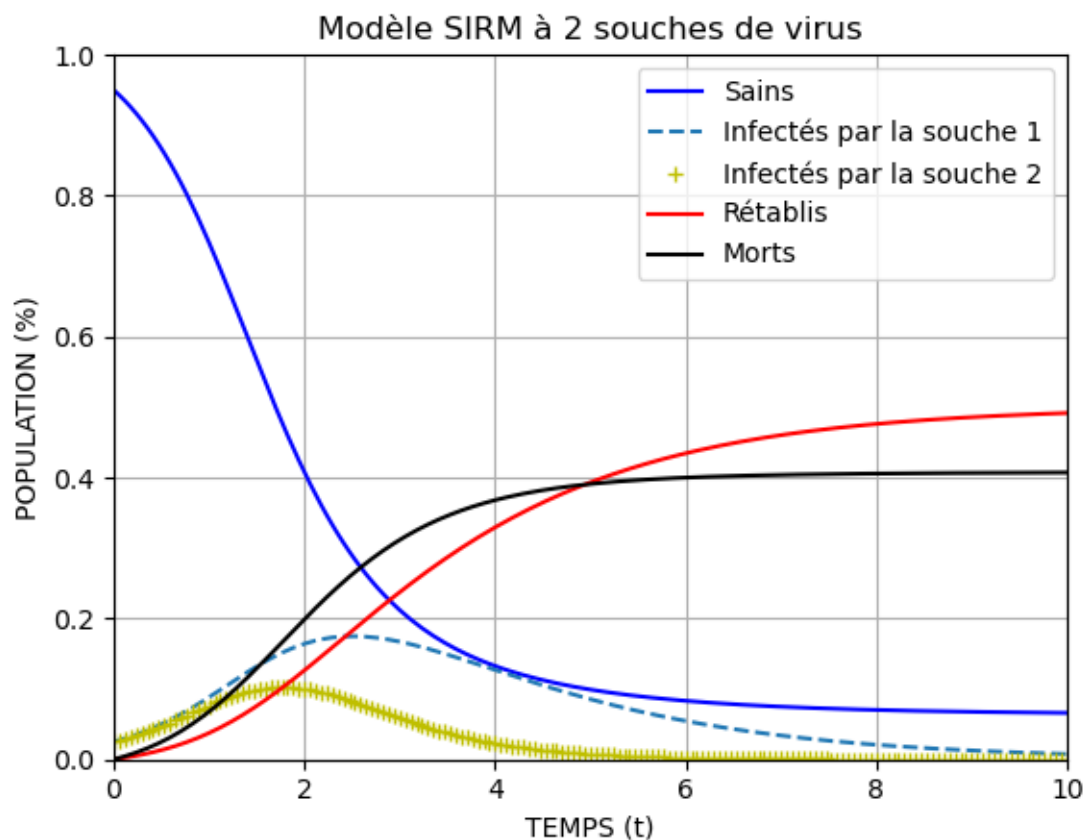
### Observations et interprétation :

On remarque que les courbes d'infections au cours du temps des deux souches croissent puis décroissent. Par ailleurs, le maximum atteint par la souche 2 est bien supérieur à celui de la souche 1. En effet, ceci s'explique par le fait que le taux de transmission de la souche 2 est supérieur au taux de transmission de celui de la souche 1, ce qui implique un nombre d'individus contaminés nettement supérieur pour la souche 2.

De plus, on remarque que le pic de la souche 1 est atteint à un instant antérieur au pic de la souche 2, c'est une conséquence du fait que le taux de guérison pour la souche 1 est supérieur à celui de la souche 2. Cela explique donc le fait la courbe des individus infectés pour la souche 1 décroît plus rapidement étant donné le passage rapide des infectés du virus de la souche 1 vers la catégorie rétablie.

## Cas 2 - Une souche mortelle au phénomène étrange ...

On va réaliser une étude quasi analogue à la précédente mais en considérant cette fois-ci que la souche 2 soit bien plus létale.



Paramètres utilisés :

$$\begin{cases} \beta_1 = 2.3 \\ \beta_2 = 3 \end{cases} \quad \begin{cases} \gamma_1 = 0.6 \\ \gamma_2 = 0.1 \end{cases} \quad \begin{cases} \mu_1 = 0.05 \\ \mu_2 = 1.3 \end{cases}$$

### Observations et interprétation :

De manière contre-intuitive, l'augmentation nette de la létalité d'une souche de virus conduit à une baisse globale du nombre de morts et à un pic de la souche 2 inférieur, mais atteint plus rapidement, que celui de la souche 1. Ce phénomène s'explique assez explicitement en épidémiologie par le fait « qu'un virus trop mortel empêche le virus de se propager ».

Autrement dit, lorsqu'un virus trop mortel se propage, il a une chance relativement élevée de tuer son porteur, cela réduit drastiquement les chances de contaminer autrui, qui, s'ils avaient été contaminés, auraient eu de grandes chances d'augmenter le nombre de morts. Ceci conduit donc à une baisse du pic de la souche 2.

Concernant l'augmentation du nombre de rétablis et d'infectés par la souche 1, cette dernière est due à la baisse du nombre d'infecté par la souche 1, qui implique donc que plus de personnes peuvent potentiellement être contaminé par la souche 2\*.

---

À partir de notre seconde étude de cas, on met en évidence une limite, parmi tant d'autres, du modèle SIR à  $N$  souches de virus.

\*En effet, on doit considérer, ici, qu'une personne ne peut être contaminé que par une seule souche à la fois et ceci par construction du modèle SIR et des déplacements des populations dans le modèle compartimental.

C'est ici qu'une des limites du modèle SIR à  $N$  souches est mit en lumière, qui, malgré sa remarquable efficacité de prédiction dans beaucoup de cas, se trouve être inexacte, selon les règles biologiques de contamination, dans certains cas extrêmes des caractéristiques du virus, due à la construction mathématique trop simpliste pour une comparaison pratique pertinente.

---

## IV Références bibliographiques

- [1] Wikipedia contributors. "Compartmental models in epidemiology." Wikipedia, The Free Encyclopedia.  
URL : [https://en.wikipedia.org/w/index.php?title=Compartmental\\_models\\_in\\_epidemiology&oldid=1077889837](https://en.wikipedia.org/w/index.php?title=Compartmental_models_in_epidemiology&oldid=1077889837)
- [2] Serge-Étienne Parent. Le modèle SIR. Dans *Nextjournal*.  
URL : <https://nextjournal.com/essicolo/le-mod%C3%A8le-sir>
- [3] Corentin Bayette, avec la participation de Marc Monticelli pour les simulations. « Modélisation d'une épidémie, partie 1 ». Images des Mathématiques, CNRS, 2021.  
URL : <http://images.math.cnrs.fr/Modelisation-d-une-epidemie-partie-1.html>
- [4] François Rechnmann. « Modéliser la propagation d'une épidémie ». Dans *Interstices.info*.  
URL : <https://interstices.info/modeliser-la-propagation-dune-epidemie/>
- [5] Derdei Bichara. Étude de modèles épidémiologiques : Stabilité, observation et estimation de paramètres. Systèmes dynamiques [math.DS]. Université de Lorraine, 2013. Français.  
URL : <https://tel.archives-ouvertes.fr/tel-01749335v2>