

# Projet Analyse numérique 2 :

## Modélisation de la propagation d'une épidémie

### Présentation du modèle

Pour ce projet, nous utilisons un modèle SIR ayant la particularité de tenir compte de la présence d'un traitement. Nous avons la population N qui est divisée en quatre compartiments : S, I, T et R tels que : N=S+I+T+R.

S représente les sujets susceptibles d'être infectés. Initialement, S est égale à l'ensemble de la population N auquel on soustrait le patient zéro. La valeur de S tend à devenir nulle une fois l'épidémie terminée c'est-à-dire lorsque la population entière sera « rétablie ».

I représente les personnes infectieuses. Initialement, il n'y a qu'une personne infectieuse : le patient zéro.

R représente les personnes dites « rétablies ». Il s'agit des personnes ayant déjà contracté la maladie, ne pouvant plus la contracter à nouveau. Cette catégorie est donc composée des personnes immunisées ainsi que des personnes décédées du virus.

T représente les traités. Il s'agit des personnes sélectionnées pour recevoir un traitement contre la maladie. Elles deviennent donc « neutres » vis-à-vis de la maladie. Le traitement réduit l'infectivité d'un individu d'un facteur  $\delta$ .

Plusieurs autres paramètres vont entrer en jeu :

- β représente le nombre de personnes rencontrées par un individu par unité de temps.
- γ représente le taux de guérison par unité de temps, c'est-à-dire le taux déterminant le passage du compartiment I au compartiment R. Il concerne donc les personnes guérissant du virus ainsi que celles décédées.
- α représente la quantité d'individu sélectionnés pour être traités par unité de temps.
- η représente le taux déterminant le passage du compartiment T au R. Il concerne donc les personnes traitées qui deviennent immunisés ou décèdent du virus, devenant donc des « rétablis ».

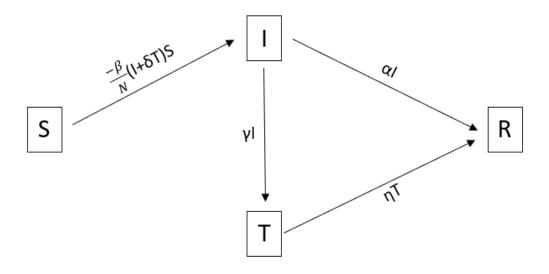
$$\begin{cases} S' = -\frac{\beta}{N}(I + \delta T)S, \\ I' = \frac{\beta}{N}S(I + \delta T) - (\alpha + \gamma)I, \\ T' = \alpha I - \eta T, \\ R' = \gamma I + \eta T \end{cases}$$

L'évolution de S est déterminée par un coefficient négatif puisque S est voué à décroitre jusqu'à devenir nulle. Ce coefficient est composé de  $\frac{\beta}{N}$  représentant une proportion de population rencontrée pendant l'intervalle de temps. Il est composé également de (I+ $\delta$ T) représentant les personnes infectées et la « part » des traités pouvant propager le virus.

L'évolution de I est déterminée par l'évolution de S en signe inverse, puisque lorsque S décroit, I augmente. L'évolution de I est donc déterminée par les personnes qui ont quitté le compartiment S auquel on soustrait les personnes étant passant de I dans T c'est-à-dire celles sélectionnées pour être traités (αI) ainsi que les personnes passant de I à R c'est-à-dire les guéris et les décédées (γI).

L'évolution de T est déterminée par la proportion des infectés sélectionnés pour être traités ( $\alpha$ I) auquel on soustrait les individus guéris et ceux décédées à la suite du traitement ( $\eta$ T).

L'évolution de R est déterminée par la quantité de personnes passant de I à R c'est-à-dire les guéris et les décédées (γI) à laquelle on ajoute les individus guéris et ceux décédées à la suite du traitement (ηT).



- Différentes méthodes de résolution du système
- Méthode d'Euler implicite pour une résolution d'un système d'équations non-linéaires :

Le système d'équation précédent est équivalent à  $X_{i+1} = f(X_i)$  avec  $X_i = (S_i, I_i, T_i, R_i)^t$ 

On applique Euler implicite:

$$X_{i+1} = X_i + \Delta t f(X_{i+1})$$
  
$$\iff X_{i+1} - Xi - \Delta t f(X_{i+1}) = 0$$

Notre système devient :

$$\begin{cases} S_{i+1} - S_i + \Delta t \frac{\beta}{N} (I_{i+1} + \delta T_{i+1}) S_{i+1} = 0 \\ \\ I_{i+1} - I_i - \Delta t \left( \frac{\beta}{N} (I_{i+1} + \delta T_{i+1}) S_{i+1} - (\alpha + \gamma) I_{i+1} \right) = 0 \\ \\ T_{i+1} - T_i - \Delta t (\alpha I_{i+1} - \eta T_{i+1}) = 0 \\ \\ R_{i+1} - R_i - \Delta t (\gamma I_{i+1} + \eta T_{i+1}) = 0 \end{cases}$$

On se ramène donc à un système d'équations non-linéaires. Les quatre fonctions composant ce système sont nulles. Nous pouvons donc appliquer les deux méthodes étudiées en cours : méthode de Newton et méthode du point fixe.

#### Méthode de Newton :

Nous appliquons donc la méthode de Newton (en n dimensions) à ce système de fonctions. Celle-ci se sert de la fonction *Inverse* que nous avons créée, qui nous servira à inverser la matrice Jacobienne de ces fonctions. Nous avons créé également une fonction *Jacobienne* renvoyant la matrice Jacobienne de ces fonctions évaluées en  $X_k = (S_k, I_k, T_k, R_k)^t$ . Cette matrice est définie de cette façon :

$$\begin{bmatrix} 1 + \Delta t \frac{\beta}{N} (I_{i+1} + \delta T_{i+1}) & \Delta t \frac{\beta}{N} S_{i+1} & \Delta t \frac{\beta}{N} \delta S_{i+1} & 0 \\ -\Delta t \frac{\beta}{N} (I_{i+1} + \delta T_{i+1}) & 1 - \Delta t \left( \frac{\beta}{N} S_{i+1} - (\alpha + \gamma) \right) & -\Delta t \frac{\beta}{N} \delta S_{i+1} & 0 \\ 0 & -\Delta t \alpha & 1 + \Delta t \eta & 0 \\ 0 & -\Delta t \gamma & -\Delta t \eta & 1 \end{bmatrix}$$

#### Méthode du point fixe :

Pour appliquer la méthode du point fixe nous devons transformer notre système :

$$\begin{cases} g_1(x) = 0 \\ g_2(x) = 0 \\ g_3(x) = 0 \\ g_4(x) = 0 \end{cases}$$

en un système:

$$F_1(x) = x$$

$$F_2(x) = x$$

$$F_3(x) = x$$

$$F_4(x) = x$$

Pour cela, nous avons multiplié chaque égalité par -1 pour inverser les signes, puis ajouté x de chaque côté. Nous obtenons donc le système suivant :

$$F_1(X_i) = S_{i-1} - \Delta t \frac{\beta}{N} (I_i + \delta T_i) S_i$$

$$F_2(X_i) = I_{i-1} + \Delta t \left( \frac{\beta}{N} S_i (I_i + \delta T_i) - (\alpha + \gamma) I_i \right)$$

$$F_3(X_i) = T_{i-1} + \Delta t (\alpha I_i - \eta T_i)$$

$$F_4(X_i) = R_{i-1} + \Delta t (\gamma I_i + \eta T_i)$$

Nous appliquons donc la méthode du point fixe à chaque étape de calculs du Xi.

 Méthode d'Euler explicite pour une résolution d'un système d'équations linéaires :

Nous avons décidé d'appliquer une méthode d'Euler explicite. Nous avons donc un système d'équations linéaires. Nous transformons ensuite ce système sous forme matricielle. Nous obtenons une forme : X=A'\*b. Il nous faut donc inverser A' pour obtenir A (A=inv(A')) pour finalement avoir une forme : A\*X=b. On peut donc appliquer les méthodes itératives vues en cours.

$$X_{i+1} = X_i + \Delta f(X_i) \iff S_{i+1} = S_i - \Delta t \frac{\beta}{N} (I_i + \delta T_i) S_i$$

$$I_{i+1} = I_i + \Delta t \left( \frac{\beta}{N} (I_i + \delta T_i) S_i - (\alpha + \gamma) I_i \right)$$

$$T_{i+1} = T_i + \Delta t (\alpha I_i - \eta T_i)$$

$$R_{i+1} = R_i + \Delta t (\gamma I_i + \eta T_i)$$

$$\iff S_i$$

$$I - \Delta t \frac{\beta}{N} S_i - \Delta t \frac{\beta}{N} \delta S_i = 0$$

$$0 + \Delta t \left( \frac{\beta}{N} S_i - (\alpha + \gamma) \right) - \Delta t \frac{\beta}{N} \delta S_i = 0$$

$$0 - \Delta t \alpha - 1 - \Delta t \eta = 0$$

$$0 - \Delta t \gamma - \Delta t \eta = 0$$

$$A'$$

$$A'$$

$$A'$$

X = A'b

$$A'^{-1}X = b$$

$$\Leftrightarrow$$

$$AX = b$$

$$Car A'^{-1} = A.$$

Nous avons donc créé une fonction *créationA* permettant de générer la matrice A évaluée en X. Pour cela nous créons la matrice A' (telle qu'au-dessus) évaluée en X (pris en paramètre). Puis, nous inversons cette matrice avec notre fonction *Inverse* pour avoir A.

Nous pouvons donc appliquer les méthodes itératives, à chaque étape, en prenant A le résultat de *créationA* et b étant le résultat du X précédent. Pour cela, nous créons pour chaque méthode des tableaux stockant les valeurs de X. A chaque nouvelle étape, on ajoute la valeur du nouveau X dans le tableau. Ainsi à l'étape suivant, nous n'avons plus qu'à récupérer le dernier élément de ce tableau qui sera notre b.

Nous appliquons donc la méthode de Jacobi, la méthode SOR et la méthode de Gauss-Seidel.

### Variations des paramètres

Lorsqu'on fait varier  $\beta$ , la durée de l'épidémie varie. En effet, plus on réduit  $\beta$  (donc moins un individu rencontre de personnes), plus la durée de l'épidémie s'allonge. C'est-à-dire que les individus susceptibles mettent plus de temps à être infectés, et donc il y a aussi moins d'individus infectés.

Lorsque  $\alpha$  augmente, il y a moins d'individus infectés et plus d'individus traités. En effet, plus  $\alpha$  augmente et plus il y a d'individu sélectionnés pour être traités.

Lorsque y augmente, il y a moins d'individus infectés ainsi que moins d'individus traités. Ce qui est normal car les personnes guérissent (ou meurent) plus vite donc il y a moins de personnes infectées en même temps.

Lorsque  $\delta$  augmente, il y a plus d'individus infectés. Si le taux d'infectivité d'une personne augmente, alors il aura tendance à contaminer plus de personnes donc on aura plus d'individus infectés en même temps.

Lorsque η augmente, il y a moins d'individus traités. Si le traitement est plus efficace et fonctionne plus rapidement, alors on aura moins d'individus dans le compartiment T sur un intervalle de temps.

## Vitesse de convergence

Une fois nos différentes méthodes de calcul de résolution du système faites, nous avons stocker les différentes valeurs d'erreur à chaque boucle dans un tableau.

Nous avons ensuite calculé le nombre de d'erreurs à partir de chaque méthode pour en déduire celle qui en avait fait le moins, c'est-à-dire celle qui convergeait le plus vite. Nous avons remarqué que la méthode de Newton converge plus rapidement que les autres, indépendamment des valeurs des constantes.

De plus, pour comparer la méthode SOR et celle de Gauss-Seidel, nous pouvions modifier la valeur de w dans la méthode de SOR et observer quelles méthodes convergeaient le plus rapidement (en sachant de que si nous mettions w=1, nous obtenions le même nombre d'erreurs entre SOR et Gauss-Seidel ce qui est normal).