

Méthodes Numériques

Construction d'un solveur d'EDO et application à un simulateur de progression d'épidémie

Dans ce rapport, nous construisons sur *MATLAB* un solveur de systèmes d'équations différentielles ordinaires avec conditions initiales, que nous appliquons ensuite à un simulateur de progression d'épidémie (temporelle et spatio-temporelle).

Table des matières

Solveur de systèmes d'équations différentielles ordinaires	2
Méthode d'Euler explicite.....	2
Méthode d'Euler prédicteur correcteur	2
Méthode de Runge et Kutta d'ordre 4.....	3
Comparaison des différentes méthodes.....	3
Modèle de propagation d'épidémie.....	5
Etape 1 : le modèle d'origine, avec un compartiment « décédés » en plus.....	5
Etape 2 : modélisation de confinements successifs et de l'apparition d'un variant.....	7
Etape 3 : ajout de l'hospitalisation	10
Etape 4 : dissémination spatiale de l'épidémie, basée sur le modèle de l'étape 1	13
Conclusion	17
Pour aller plus loin	17

Solveur de systèmes d'équations différentielles ordinaires

MATLAB possède des solveurs de systèmes d'EDO. Cependant, nous allons ici construire et tester notre propre solveur, en utilisant différentes méthodes de résolution numérique d'équations différentielles.

On résout le système de n EDO $Y'(t) = F(t, Y)$ avec condition initiale $Y(0)$. Les notations utilisées dans notre solveur sont les suivantes :

- 'F' est la fonction de deux variables qui donne la dérivée $y'(t)$ en fonction de t et de $y(t)$.
- 'Range' est le vecteur ligne contenant les bornes de l'intervalle de résolution.
- 'y0' est le vecteur colonne donnant la condition initiale du problème de Cauchy.
- 'h' est le pas de la méthode, pris constant ici.
- 'imeth' est l'indice précisant la méthode de résolution que l'on souhaite utiliser (1: Euler simple, 2: Euler modifié, 3: Runge et Kutta ordre 4).
- 'T' est le maillage créé par le solveur avec un pas h .
- 'Y' est le tableau des solutions.

Notre solveur utilise la même syntaxe d'appel que *ode45* (solveur *MATLAB*). On travaille sur des colonnes pour Y , qu'on transpose en fin de programme pour renvoyer comme *ode45* une ligne pour chaque pas de temps. Ci-dessous le prototype et le début de notre solveur :

```
function [T, Y] = Solveur(F, Range, Y0, h, imeth)

T = Range(1):h:Range(2);    % création du vecteur ligne à partir de Range
nbpas = length(T);          % on récupère la dimension
nbequa = length(Y0);        % nombre d'équations
Y = zeros(nbequa, nbpas);    % on initialise le tableau des solutions
Y(:,1) = Y0;                % condition initiale : 1ere colonne de Y = Y0
```

Méthode d'Euler explicite

Pour la méthode d'Euler explicite, on implémente la boucle avec la relation de récurrence suivante :

```
for i = 2:nbpas

    if imeth==1 % Euler explicite simple
        Y(:,i) = Y(:,i-1) + h*F(T(i-1), Y(:,i-1));
```

Méthode d'Euler prédicteur correcteur

Pour la méthode d'Euler prédicteur correcteur, la relation de récurrence devient :

```
elseif imeth==2 % Euler modifié
    Ytilde(:,i) = Y(:,i-1) + h*F(T(i-1), Y(:,i-1));
    Y(:,i) = Y(:,i-1) + h/2*(F(T(i-1), Y(:,i-1)) + F(T(i), Ytilde(:,i))));
```

Méthode de Runge et Kutta d'ordre 4

La formule de Runge et Kutta d'ordre 4 est donnée par les relations :

$$\begin{aligned}
 y^{n+1} &= y^n + \Delta t \frac{k_1 + 2k_2 + 2k_3 + k_4}{6} \\
 k_1 &= f(t^n, y^n) \\
 k_2 &= f\left(t^n + \frac{\Delta t}{2}, y^n + \frac{\Delta t}{2} k_1\right) \\
 k_3 &= f\left(t^n + \frac{\Delta t}{2}, y^n + \frac{\Delta t}{2} k_2\right) \\
 k_4 &= f(t^n + \Delta t, y^n + \Delta t k_3)
 \end{aligned}$$

On implémente cette méthode de la manière suivante dans notre solveur :

```

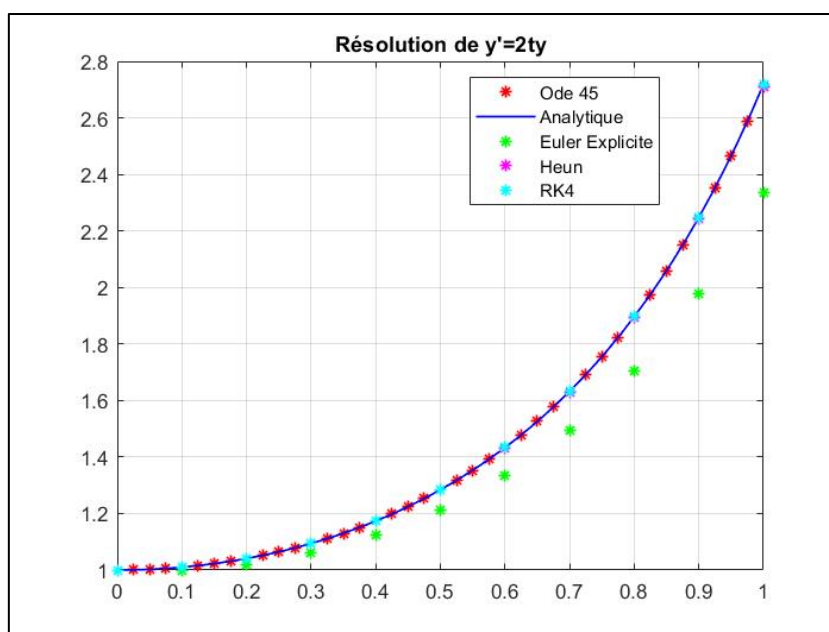
elseif imeth==3 % Runge Kutta ordre 4
    K1 = F(T(i-1), Y(:,i-1));
    K2 = F(T(i-1)+h/2, Y(:,i-1)+h/2*K1);
    K3 = F(T(i-1)+h/2, Y(:,i-1)+h/2*K2);
    K4 = F(T(i-1)+h, Y(:,i-1)+h*K3);
    Y(:,i) = Y(:,i-1)+h/6*(K1+2*K2+2*K3+K4);

```

y_{n+1} est approché par la somme de la valeur actuelle y_n et du produit de h par la pente estimée. La pente est ainsi obtenue par une moyenne pondérée.

Comparaison des différentes méthodes

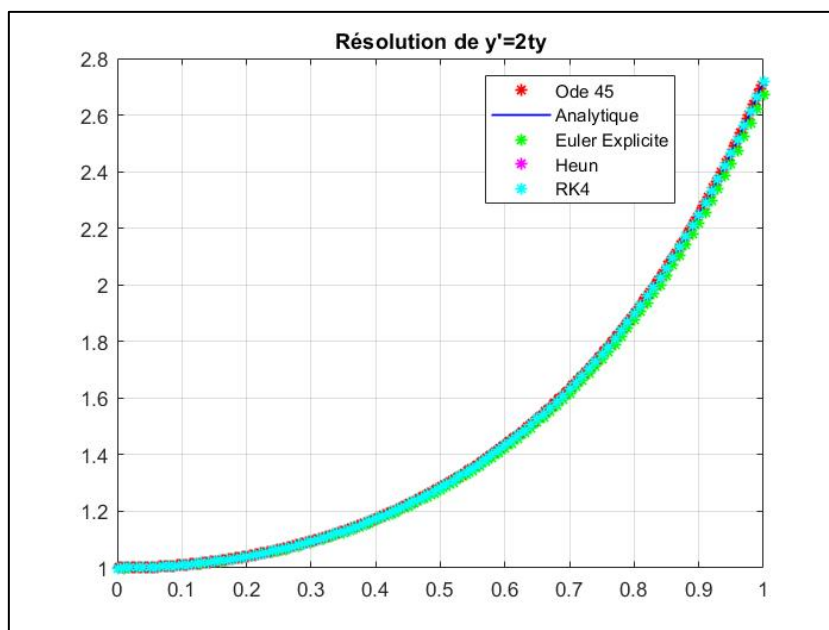
Pour comparer les différentes méthodes de résolution, on les essaye tout d'abord sur une équation différentielle simple, à savoir $y'(t) = 2ty$ sur $[0,1]$ avec $y(0)=1$, dont on connaît la solution analytique $y(t) = e^{t^2}$. On prend un pas $h=0,1$.



Méthode de résolution numérique	Ecart maximum calculé entre la solution analytique et la solution numérique
Ode45	6.91e-04
Euler explicite	3.84e-01
Euler prédictor correcteur	9.23e-03
Runge et Kutta d'ordre 4	1.17e-05

On remarque que la méthode d'Euler prédictor correcteur est plus précise que la méthode d'Euler explicite. On constate par ailleurs que la méthode de Runge et Kutta d'ordre 4 est plus précise que le solveur *ode45* de *MATLAB*.

Sur la figure précédente, on constate que la méthode d'Euler explicite ne converge pas vers la solution analytique. En revanche, en prenant un pas $h=0,01$, on peut voir sur la figure ci-après que la précision est grandement augmentée (cf. tableau).



Méthode de résolution numérique	Ecart maximum calculé entre la solution analytique et la solution numérique
Ode45	7.89e-04
Euler explicite	4.45e-02
Euler prédicteur correcteur	8.75e-04
Runge et Kutta d'ordre 4	7,79e-04

Les courbes précédentes montrent bien l'influence de h sur la précision du résultat. Prendre $h = 0,01$ permet donc d'optimiser le résultat avec l'ensemble des méthodes. Avec $h = 0,1$, seules les méthodes d'Euler modifié et de Runge et Kutta sont efficaces. Un essai avec $h=1$, ne permet pas d'obtenir un résultat satisfaisant.

Par ailleurs, on constate que certaines méthodes sont d'emblée très efficaces, sans avoir besoin de prendre un pas h très grand. Effectivement, l'algorithme de Runge et Kutta se montre par exemple plus efficace que les algorithmes d'Euler (explicite ou simple).

Cependant, la précision que l'on gagne en prenant une valeur de h très faible demande un nombre de calculs plus importants pour le processeur et donc un temps d'exécution plus long. On peut facilement apprécier ce phénomène en prenant $h \ll 1$ puis $h=1$. Le choix de h est donc le résultat d'un compromis entre précision et temps d'exécution.

Nous avons ajouté dans notre code *MATLAB* des comparaisons plus approfondies des méthodes, avec un dessin log-log de l'erreur en fonction du pas, la résolution d'autres EDO, et notamment les problèmes de Lorenz et de Rössler. En revanche, nous ne rentrerons pas plus en détail ici sur l'implémentation de notre solveur, car ce rapport se concentre surtout sur le modèle de propagation d'épidémie décrit dans la partie suivante.

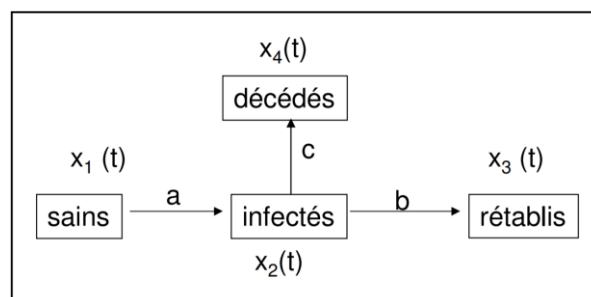
Modèle de propagation d'épidémie

Dans cette partie, on développe sur la base du modèle de propagation de maladie contagieuse SIR (population compartimentée en classes : sains, infectés, rétablis) un simulateur d'évolution temporelle d'une épidémie et de sa propagation spatiale dans différents pays.

Etape 1 : le modèle d'origine, avec un compartiment « décédés » en plus

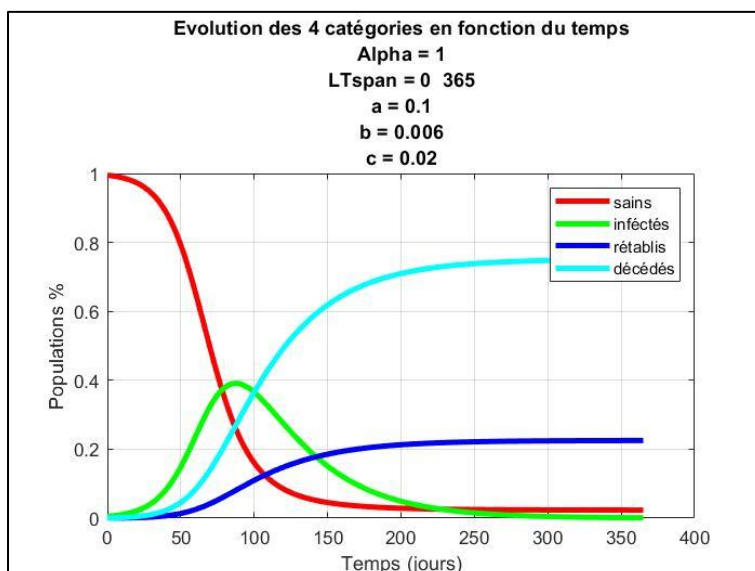
On compartimente la population en 4 catégories : les Sains, les Infectés, les Rétablis et les Décédés (SIRD) Pour chaque classe i , on considère la fonction temporelle $x_i(t)$, pourcentage de l'effectif total de la population se situant dans la classe i . Au cours du temps des échanges se font entre les classes, suivant une certaine cinétique que nous allons décrire. L'unité de temps sera le jour.

Les personnes « Saines » sont contaminées au contact des personnes « Infectées », les personnes infectées guérissent, ou meurent. Il n'y a pas de naissances, le système est fermé (somme des valeurs des classes constante).



D'après le schéma ci-dessus, le système d'équations différentielles est le suivant :

$$\begin{cases} \frac{dx_1}{dt} = -ax_1x_2 \\ \frac{dx_2}{dt} = ax_1x_2 - bx_2 - cx_2 \\ \frac{dx_3}{dt} = bx_2 \\ \frac{dx_4}{dt} = cx_2 \end{cases} \quad \text{On note de plus } X = \begin{pmatrix} x_1 \\ x_2 \\ x_3 \\ x_4 \end{pmatrix} \text{ et } F = \begin{pmatrix} -ax_1x_2 \\ ax_1x_2 - bx_2 - cx_2 \\ bx_2 \\ cx_2 \end{pmatrix}.$$



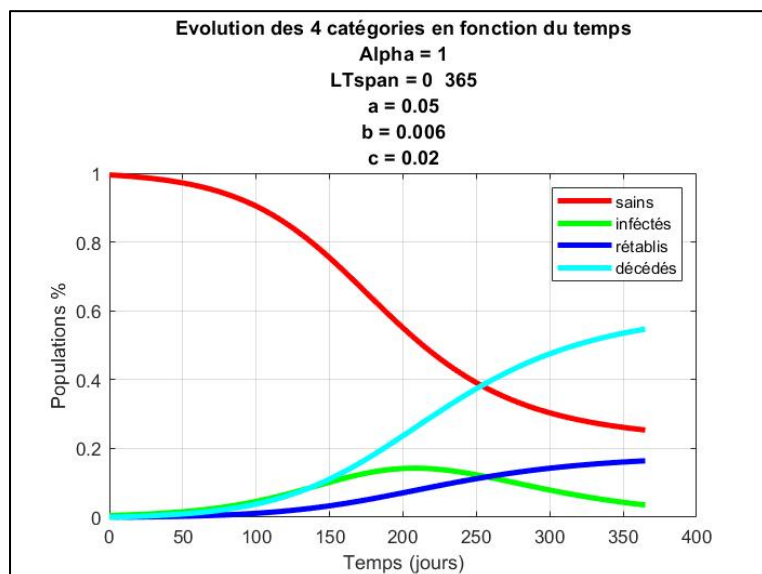
Avec les paramètres ci-contre, on peut remarquer que presque toute la population a été contaminée au bout de 365 jours. Au 365^e jour, on a :

$$\begin{cases} \text{sains} : 0,010 \\ \text{infectés} : 0,0023 \\ \text{rétablis} : 0,23 \\ \text{décédés} : 0,76 \end{cases}$$

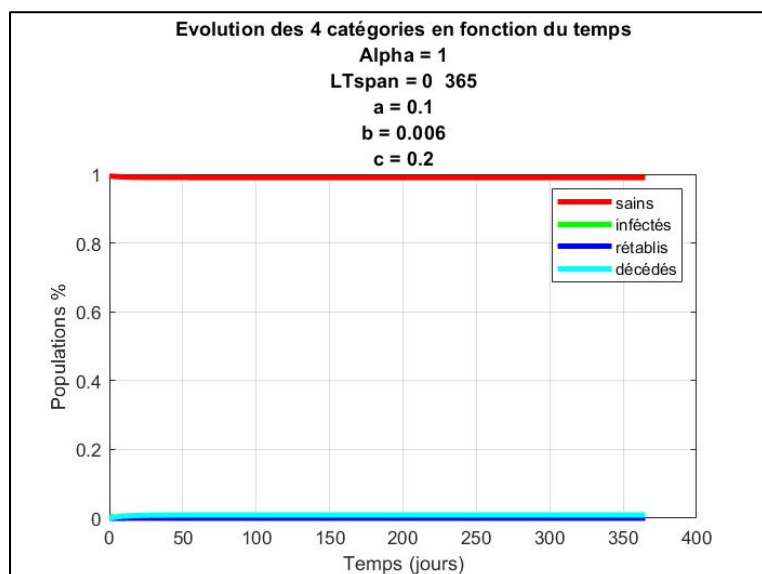
On observe un pic épidémique au 86^e jour avec 39% de la population infectée.

A la fin de l'épidémie, le rapport du coefficient de guérison sur le coefficient de mortalité $\frac{b}{c}$ est égal à 0,3, ce qui correspond au rapport $\frac{\text{infectés}}{\text{décédés}}$.

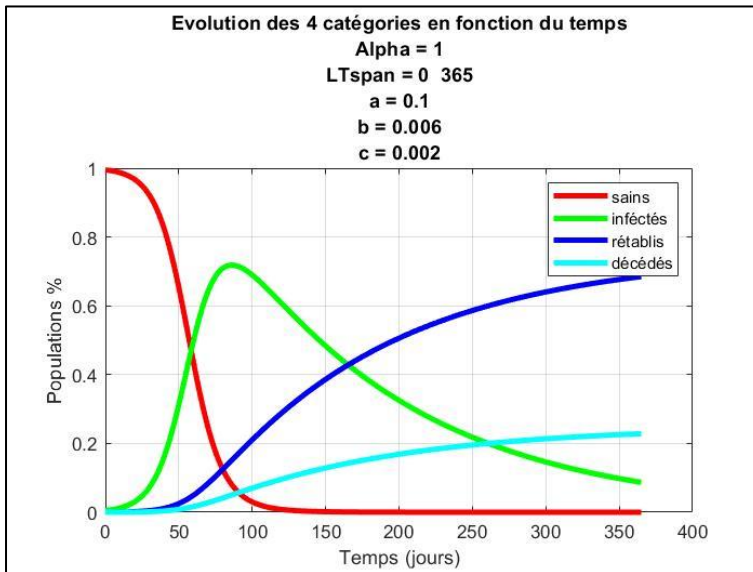
Si on prend $b=0,002$ en conservant $c=0,02$ et les paramètres précédents, on a bien un rapport de 10 entre les décédés et les infectés à la fin de l'épidémie. En réitérant avec d'autres paramètres, la relation $\frac{b}{c} = \frac{\text{infectés}}{\text{décédés}}$ semble se confirmer.



On remarque également que le coefficient de contamination a est responsable de la vitesse de propagation de l'épidémie. Cependant, cette dépendance n'est pas linéaire. En effet, en conservant les paramètres de la figure précédente mais en modifiant a , on peut trouver des contre-exemples.



Sur la figure ci-contre, on prend $c=0,2$ et en multipliant ainsi le coefficient de mortalité par dix, on remarque que presque toutes les personnes restent saines et l'épidémie ne démarre pas. Effectivement, avec un tel coefficient de mortalité, les personnes infectées meurent avant de pouvoir contaminer les personnes saines, ce qui explique l'absence de propagation de la maladie.



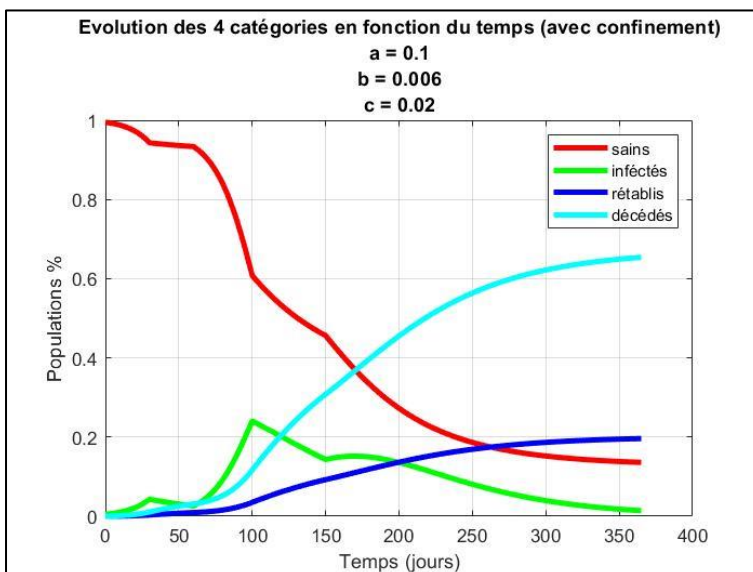
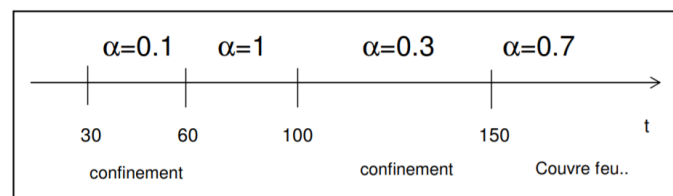
En revanche, si on prend $c=0,002$ et qu'on modélise ainsi une maladie avec un taux de mortalité relativement faible, on observe que le pic d'infectés concerne une proportion plus importante de la population.

Etape 2 : modélisation de confinements successifs et de l'apparition d'un variant

Pour modéliser le confinement, nous considérons que celui-ci met à l'abri de la contamination une certaine partie des sains. Seule la partie restante peut se contaminer avec le taux habituel a . On considère que $\alpha x_1(t)$ sains peuvent être contaminés.

Ainsi, l'équation précédente devient : $\frac{dx_1}{dt} = -\alpha x_2(\alpha x_1)$.

On implémente une succession de trois confinements sur un an, modélisés comme sur la chronologie ci-dessous :

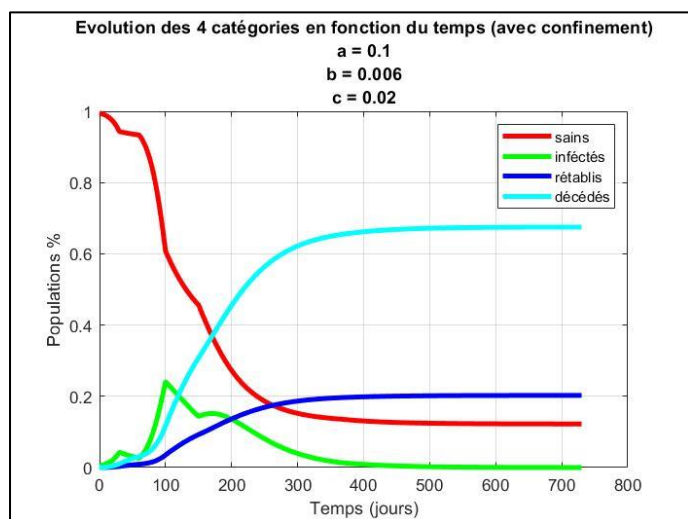


On peut comparer ces proportions avec celles de la première figure, puisqu'on utilise les mêmes paramètres. Au 365^e jour, on a :

$$\left\{ \begin{array}{l} \text{sains} : 0,14 \\ \text{infectés} : 0,013 \\ \text{rétablis} : 0,20 \\ \text{décédés} : 0,65 \end{array} \right.$$

Les confinements s'avèrent efficaces : l'épidémie s'est moins propagée. En effet, on observe au 365^e jour une proportion de personnes saines plus élevée de 0,13 points de pourcentage et une proportion de décédés plus faible de 0,11 points.

On observe deux pics épidémiques, aux alentours des jours 30 (avec 4% de la population infectée) et 100 (avec 24% de la population infectée), puis un plateau légèrement décroissant. Dans notre modélisation sans confinement, le premier et unique pic épidémique apparaît au jour 87 avec 39% de la population infectée.



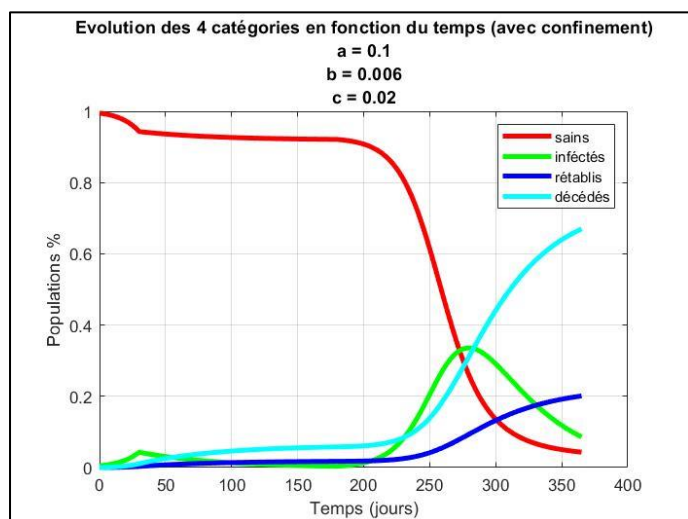
A présent, on décide de déconfiner complètement au bout du 365^e jour (i.e. α reprend la valeur 1), en ayant imposé les confinements précédents :

On regarde ce qu'il se passe au bout de 730 jours :

$$\begin{cases} \text{sains} : 0,12 \\ \text{infectés} : 0,0001 \\ \text{rétablis} : 0,20 \\ \text{décédés} : 0,67 \end{cases}$$

Les confinements successifs ont donc été efficaces et ont permis de mettre fin à l'épidémie.

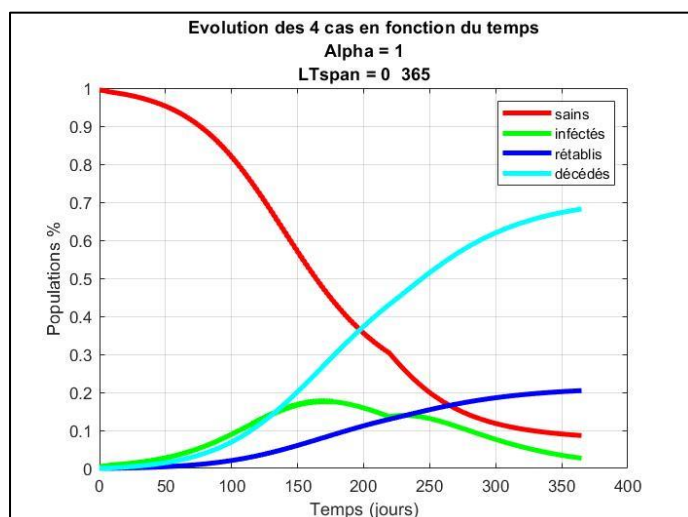
On essaye maintenant d'implémenter un confinement strict et relativement long : progression de l'épidémie pendant 30 jours, puis confinement strict pendant 150 jours, et déconfinement ensuite :



De cette manière, on constate que l'on repousse l'épidémie, mais on ne résout rien car la proportion d'infectés ne devient jamais nulle. On retrouve finalement des chiffres proches de l'étape 1.

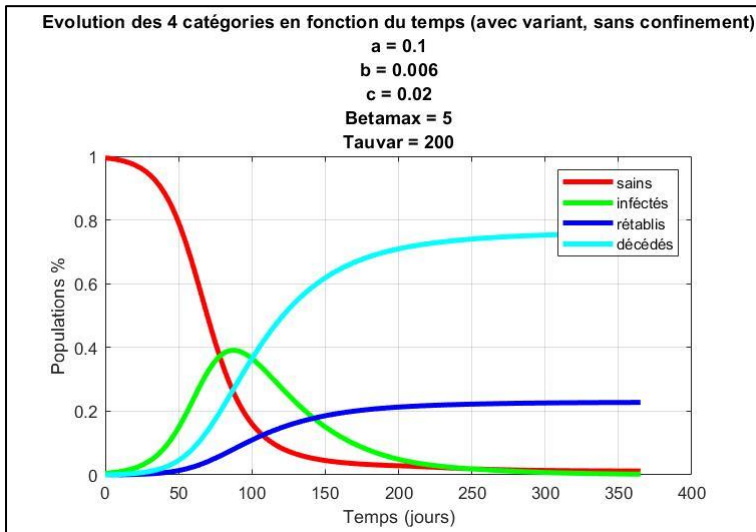
Ainsi, notre modèle semble décourager l'utilisation d'un confinement très strict et prolongé, qui s'avère moins efficace qu'une succession de confinements moins stricts.

Enfin, testons un type de mesures gouvernementales qui visent à confiner la population lorsque la proportion de nouveaux cas est supérieure à 0,00062 (ce chiffre correspond à 40 000 nouveaux cas chaque jour pour une population de 65 000 000 : modèle en France).



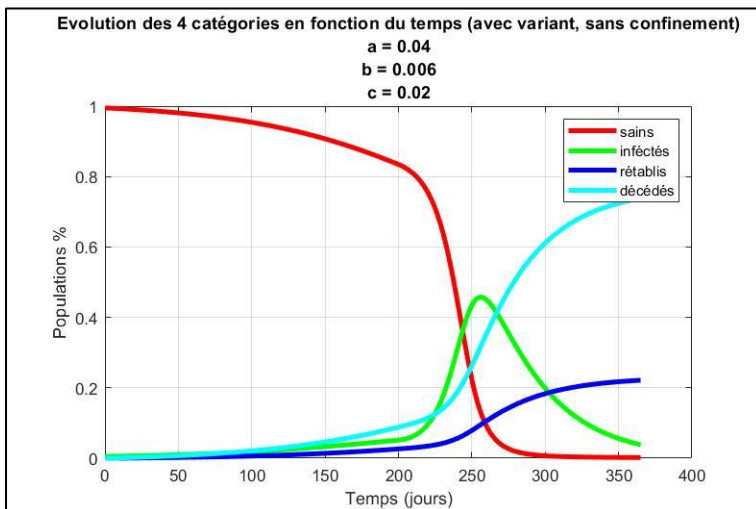
On observe que la courbe des infectés est aplatie, ralentissant l'épidémie et permettant de trouver un remède. La mortalité au jour 365 est de 0,68, ce qui est plus bas que sans aucun confinement (0,76), mais moins efficace que dans le cas où l'on implémente une succession de confinements et couvre-feu.

A partir d'un certain moment, τ_{var} , on introduit la présence d'un variant en augmentant le coefficient de contagion a . Cette augmentation peut se faire progressivement (le variant prend progressivement la place du virus initial). On fait augmenter a en le multipliant par un facteur $\beta(t)$, $1 < \beta(t) < \beta_{max}$, $\beta(t)$ croissant sur une période de 50 jours, $\beta(\tau_{var})=1$, $\beta(\tau_{var}+50)=\beta_{max}$, puis constant ensuite, égal à β_{max} .



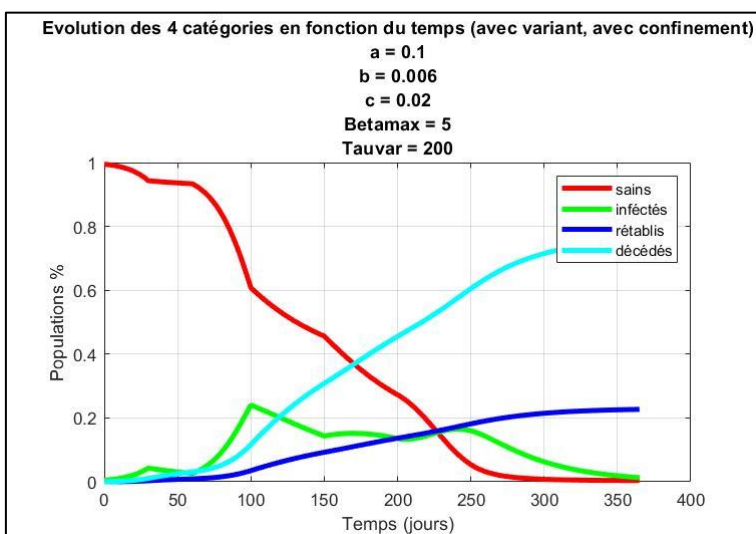
On implémente tout d'abord le variant avec les paramètres ci-contre et sans confinement dans un premier temps.

La situation est similaire à notre première modélisation sans confinement et sans variant. On s'y attend car τ_{var} vaut 200 jours et l'impact du variant est limité par la faible proportion de personnes saines. Il nous semble important de préciser à ce stade que l'on considère dans notre modèle que les personnes rétablies sont immunisées au variant. Ce qui est discutable.



Pour mettre davantage en évidence l'impact de l'apparition du variant, on diminue le coefficient d'infection a à 0,04 et on conserve les autres paramètres.

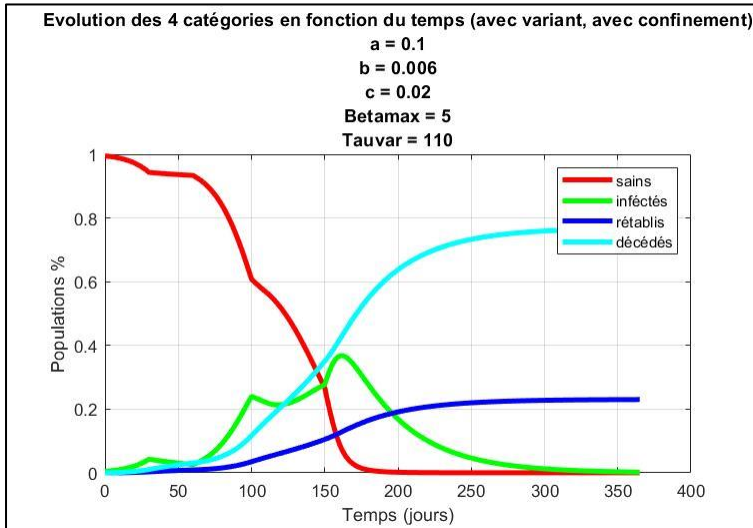
Ainsi, on remarque que lorsque le variant apparaît au bout du 200^e jour, il provoque un pic d'infection important au jour 256 avec 45% de la population infectée. De plus, la mortalité explose.



On reprend à présent la succession de confinements implémentée précédemment et on ajoute l'apparition du variant pendant le couvre-feu instauré à partir du jour 150.

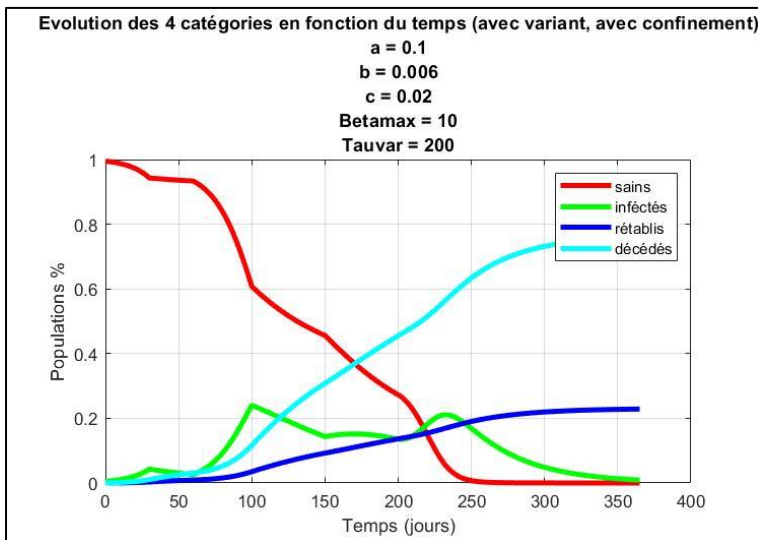
On retrouve des résultats proches de l'épidémie non contrôlée en termes de mortalité.

Par conséquent, notre modèle tend à montrer que le couvre-feu n'est pas suffisant lorsqu'il existe un variant. Il faut donc reconfiner.



Cette fois-ci, on introduit un variant à partir du 110^e jour pendant le second confinement.

On observe un pic d'infectés au 167^e jour avec 36% de la population infectées : c'est un troisième pic d'infection qui apparaît. Par ailleurs, le nombre d'infectés repart à la hausse malgré le confinement, à partir du 110^e jour.



Il nous reste un paramètre du variant à modifier, c'est β_{max} , qui fait varier le coefficient de contagion. On prend donc $\beta_{max}=10$ dans cet exemple.

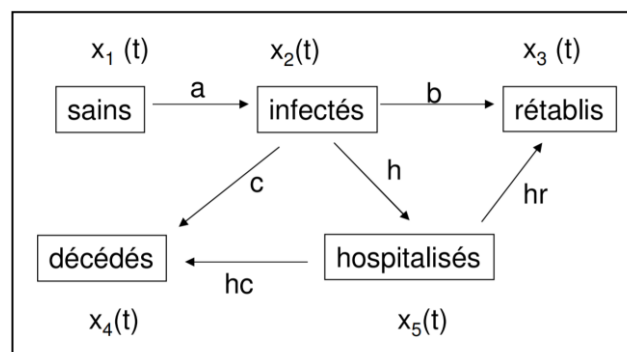
On observe que la proportion d'infectés repart à la hausse avec un pic au 223^e (21% d'infectés).

Cela montre que même si le taux de contaminations est dix fois supérieur, le variant arrive tard et ne cause pas de pic d'infectés trop important, mais on obtient de nouveau le taux mortalité maximal atteint précédemment.

Etape 3 : ajout de l'hospitalisation

On rajoute à présent la classe des hospitalisés, $x_5(t)$. On note $nlits$ le nombre de lits disponibles (en pourcentage de population). Le taux de cas graves chez les infectés, qui devraient être hospitalisés, est proportionnel au nombre (pourcentage) des infectés, le coefficient de proportionnalité est noté h . Mais le nombre d'hospitalisés est limité par le nombre de lits disponibles : $nlitsdisp(t) = \max(0, nlits - x_5(t))$.

Le taux d'infectés pouvant être hospitalisés est : $\min(hx_2(t), nlitsdisp(t))$. Le taux d'hospitalisés se rétablissant est proportionnel au nombre d'hospitalisés, avec un coefficient de proportionnalité noté hr (hospitalisés rétablis). Le taux d'hospitalisés décédant est proportionnel au nombre d'hospitalisés avec un coefficient noté hc .

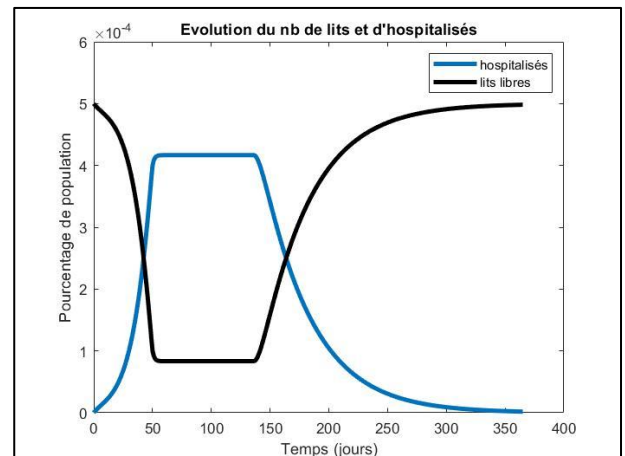
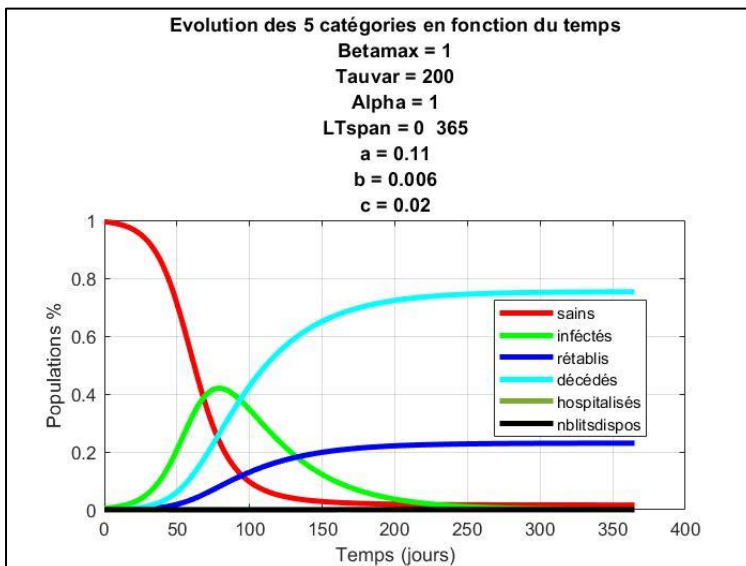


Conformément au schéma qui précède, on obtient le système différentiel suivant :

$$\begin{cases} \frac{dx_1}{dt} = -ax_2(ax_1)\beta(t) \\ \frac{dx_2}{dt} = ax_1x_2 - bx_2 - cx_2 - hx_5 \\ \frac{dx_3}{dt} = bx_2 + hr x_5 \\ \frac{dx_4}{dt} = cx_2 + hc x_5 \\ \frac{dx_5}{dt} = hx_2 - hc x_5 - hr x_5 \end{cases}$$

On prendra les paramètres suivants :

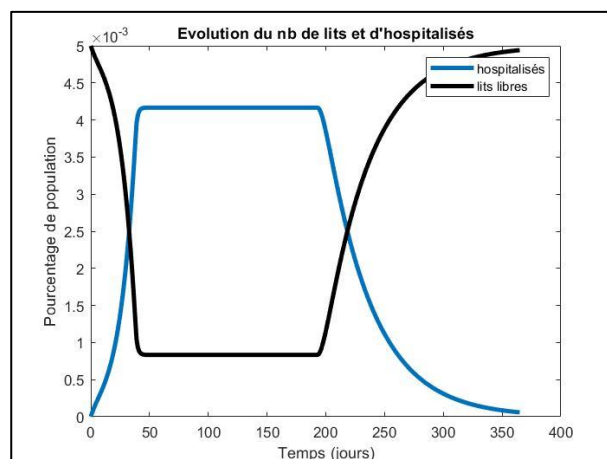
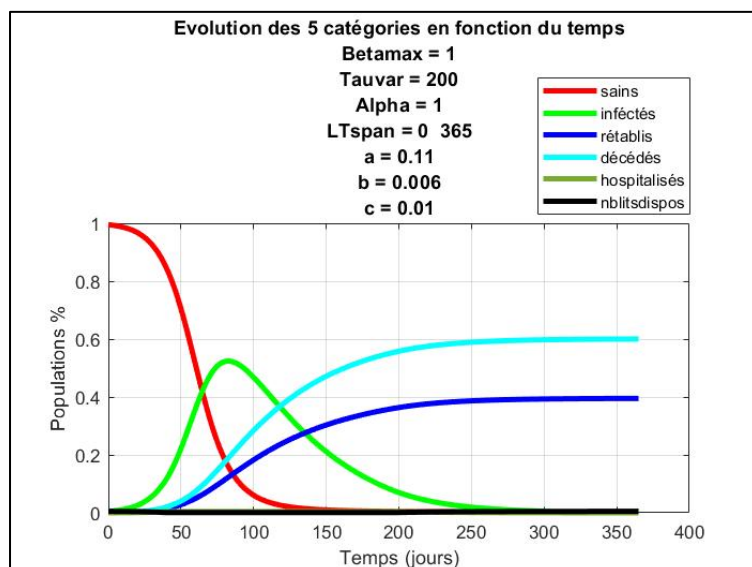
nlits=0.0005;
a=1.1e-1; % coef infection sains
b=6e-3 ; % coef guerison
c=0.02 ; % coef mortalité
d=0.; % coef resusceptibilité
h=0.0005; % pourcentage des cas graves à hospitaliser
hr=0.1;
hc=0.1% coef mortalite hospital



On n'observe aucun changement signification sur la mortalité de la maladie (75% de la population décédée au 365^e jour). On pouvait s'y attendre car le coefficient de cas graves à hospitaliser (0,0005) est très faible devant le coefficient de mortalité (0,02). Les hôpitaux ont une très faible influence puisque la plupart des gens meurent avant d'être hospitalisés avec ces paramètres. De plus, on observe une saturation des lits d'hôpitaux entre le 60^e et le 147^e jour, correspondant au pic d'infection.

Cependant, ici le facteur limitant est bien le taux d'hospitalisation car en assurant la disponibilité d'un lit d'hôpital par personne (nlits=1) sur un essai non représenté ici, la mortalité reste à 75%.

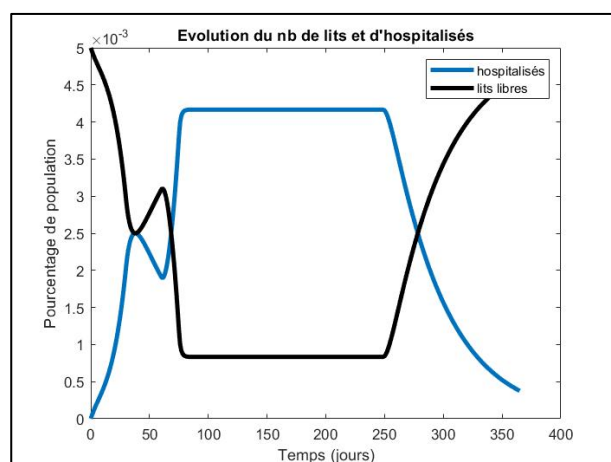
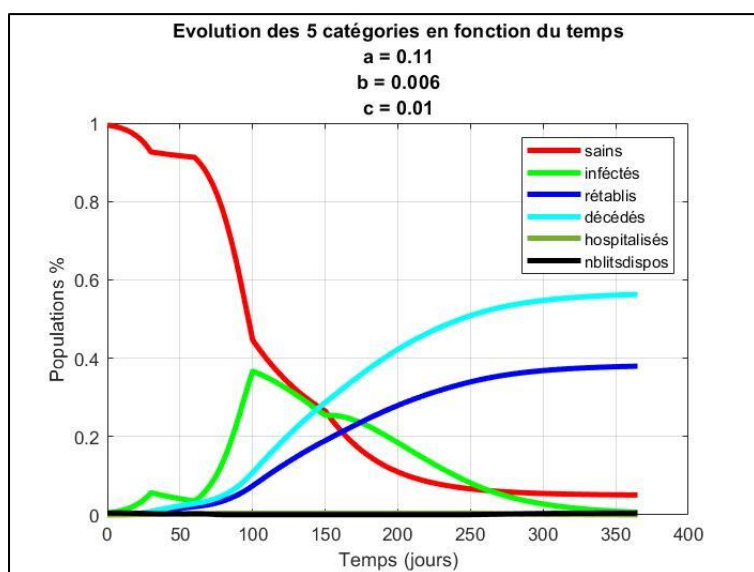
On augmente donc le coefficient d'hospitalisation et on diminue la mortalité. Prenons c=0,01 et h=0,01 (la moitié des gens qui décédaient directement dans le premier modèle sont maintenant hospitalisés). De plus, en France, on compte environ 350 000 lits d'hôpitaux pour 65 millions d'habitants. Cela représente un coefficient nblits de 0,005 et non 0,0005.



On remarque tout d'abord que le taux de mortalité baisse (0,6 au lieu de 0,75), les hospitalisations sont donc efficaces. Cependant, on voit sur la deuxième courbe que les lits d'hôpitaux saturer à partir du 42^e jour jusqu'au 194^e jour (on constate que la saturation se produit à 0.004 et non 0.005 comme on pourrait le penser, probablement du aux sorties et entrées non corrélées).

De plus, on observe une limite à notre modélisation. En effet, lorsque les hôpitaux sont saturés, il faudrait que le coefficient de mortalité redevienne $c=0,002$, c'est-à-dire la mortalité sans hôpitaux, ce qui n'est pas le cas ici. Ceci entraîne une augmentation des personnes infectées expliquant pourquoi le pic des infectés est de 0,51 (au jour 81) alors que celui-ci n'était que de 0,39.

On essaye à présent de remettre le même type de confinement que dans la version de l'étape 2 afin d'observer l'impact sur l'occupation des lits d'hôpitaux. On constate que le confinement strict à partir du 30^e jusqu'au 60^e jour permet de d'inverser la tendance d'occupation des lits (celle-ci diminue), mais le déconfinement qui suit à partir du 60^e jour entraîne une saturation des hôpitaux jusqu'au 250^e jour. On en déduit que le confinement peut permettre de ne pas saturer les hôpitaux, mais il doit être long et doit s'accompagner d'une augmentation du nombre de lit pour que lors du déconfinement, la saturation ne soit pas trop rapide.



Etape 4 : dissémination spatiale de l'épidémie, basée sur le modèle de l'étape 1

On propose de développer un modèle très simple de dissémination mondiale de l'épidémie. On considère n pays. On adopte pour chaque pays le modèle simple de l'étape 1. Les sains, les infectés, et les guéris sont susceptibles de se déplacer dans un autre pays.

Les déplacements d'individus d'un pays à l'autre sont caractérisés par une matrice M dite matrice de déplacements. Le terme $M(i, j)$, ($i^{\text{ème}}$ ligne, $j^{\text{ème}}$ colonne), est la proportion de la population (du pourcentage de population) du pays j se déplaçant vers le pays i par unité de temps (par jour ici). Toutes les classes se déplacent dans la même proportion. On fera la simulation sur 1 an et on prendra $n=4$.

Ce qui va être intéressant dans cette simulation est non pas de modifier les coefficients de propagations (a , b , c) mais de changer la matrice de déplacements M afin de modéliser la fermeture éventuelle des frontières d'un pays.

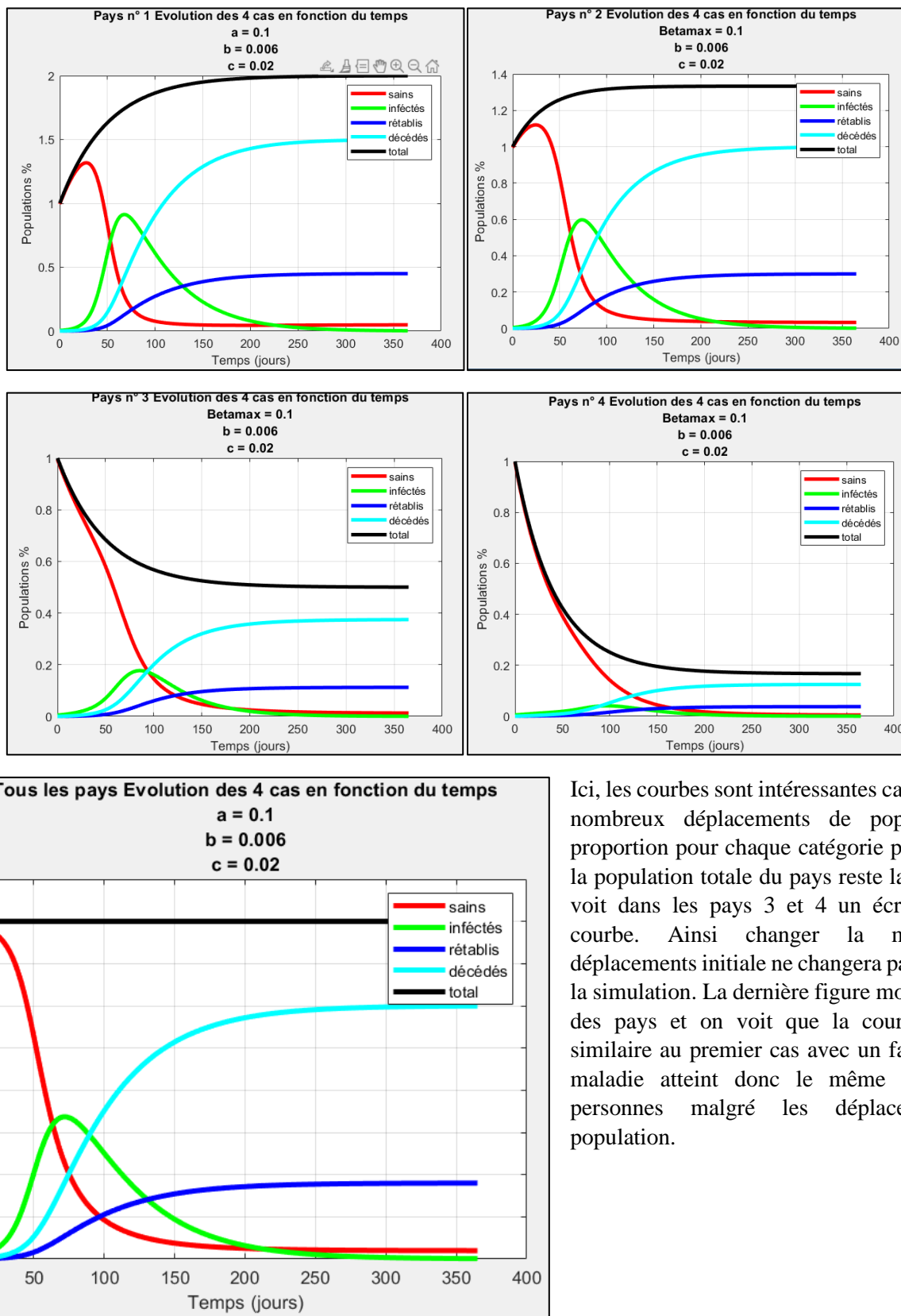
```

for k = 1 : 4
    for p = 1 : 4
        F(4*(k-1)+p) = F(4*(k-1)+p) + R(k, p) - S(k) * X(4*(k-1)+p);
    end
end

```

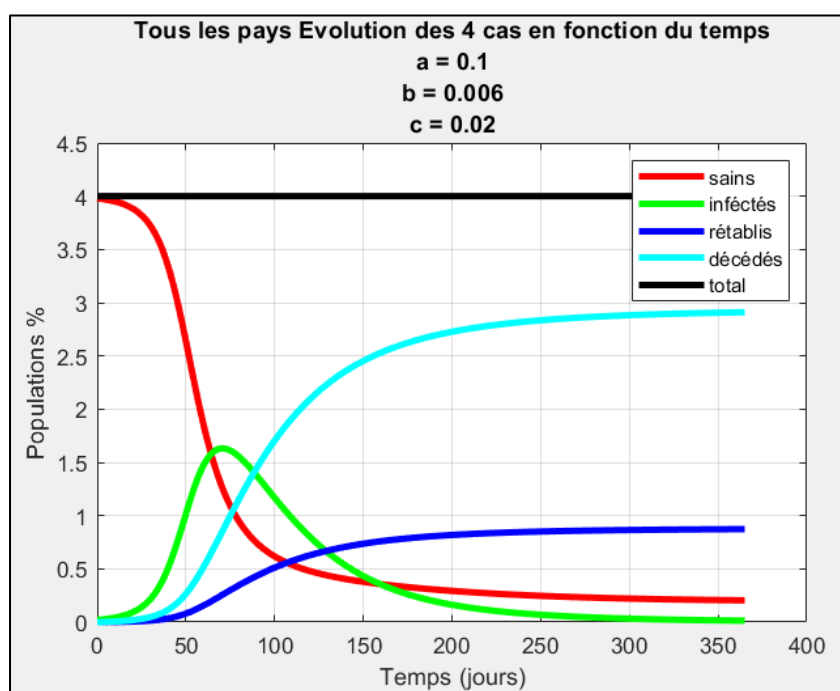
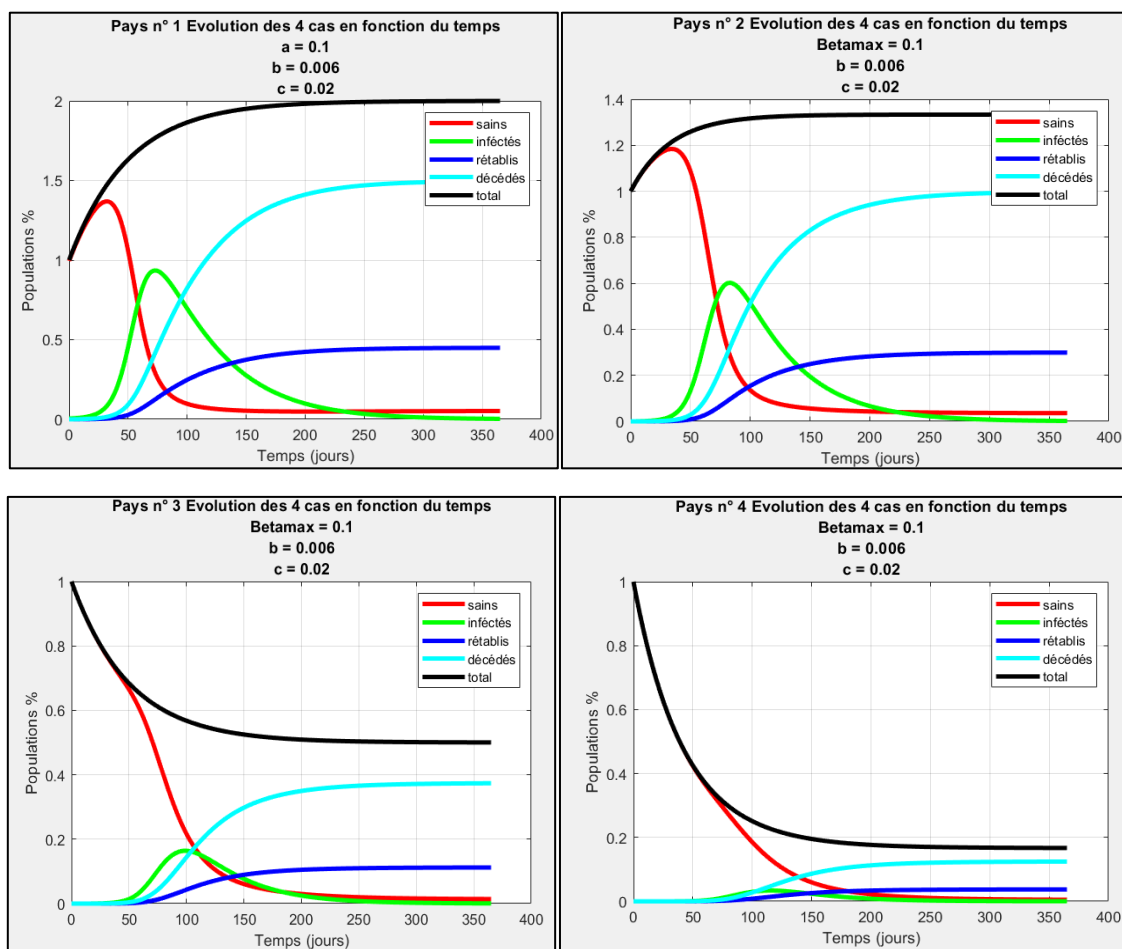
Cette boucle (implémentée dans la fonction dérivée) permet de parcourir tous les cas dans chaque pays. On note que l'évolution des cas pour chaque pas de temps se fait en amont, puis on ajoute de la population (matrice R) et on enlève de manière équivalente (grâce à la matrice S) la population. On a donc une population totale constante dans les 4 pays.

On prend ici le cas avec les coefficients a, b, c de base. De même, aucun confinement ni de variant intervient dans cette situation. $M = [0,1,1,1; 1,0,1,1; 0,1,0,1; 0,0,1,0]/100$. On note qu'il y a initialement la même proportion de malades dans chaque pays.



Ici, les courbes sont intéressantes car malgré les nombreux déplacements de population, la proportion pour chaque catégorie par rapport à la population totale du pays reste la même. On voit dans les pays 3 et 4 un écrasement de courbe. Ainsi changer la matrice de déplacements initiale ne changera pas beaucoup la simulation. La dernière figure montre le total des pays et on voit que la courbe est très similaire au premier cas avec un facteur 4. La maladie atteint donc le même nombre de personnes malgré les déplacements de population.

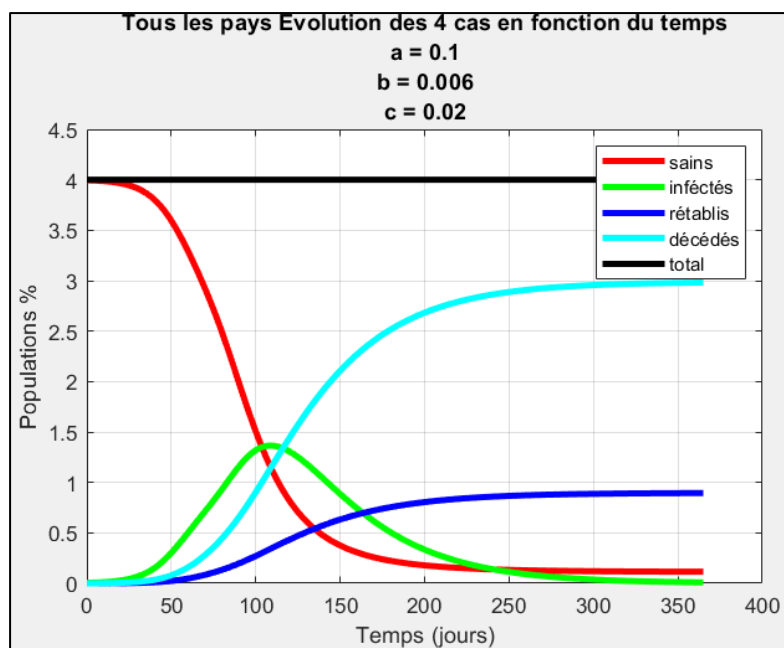
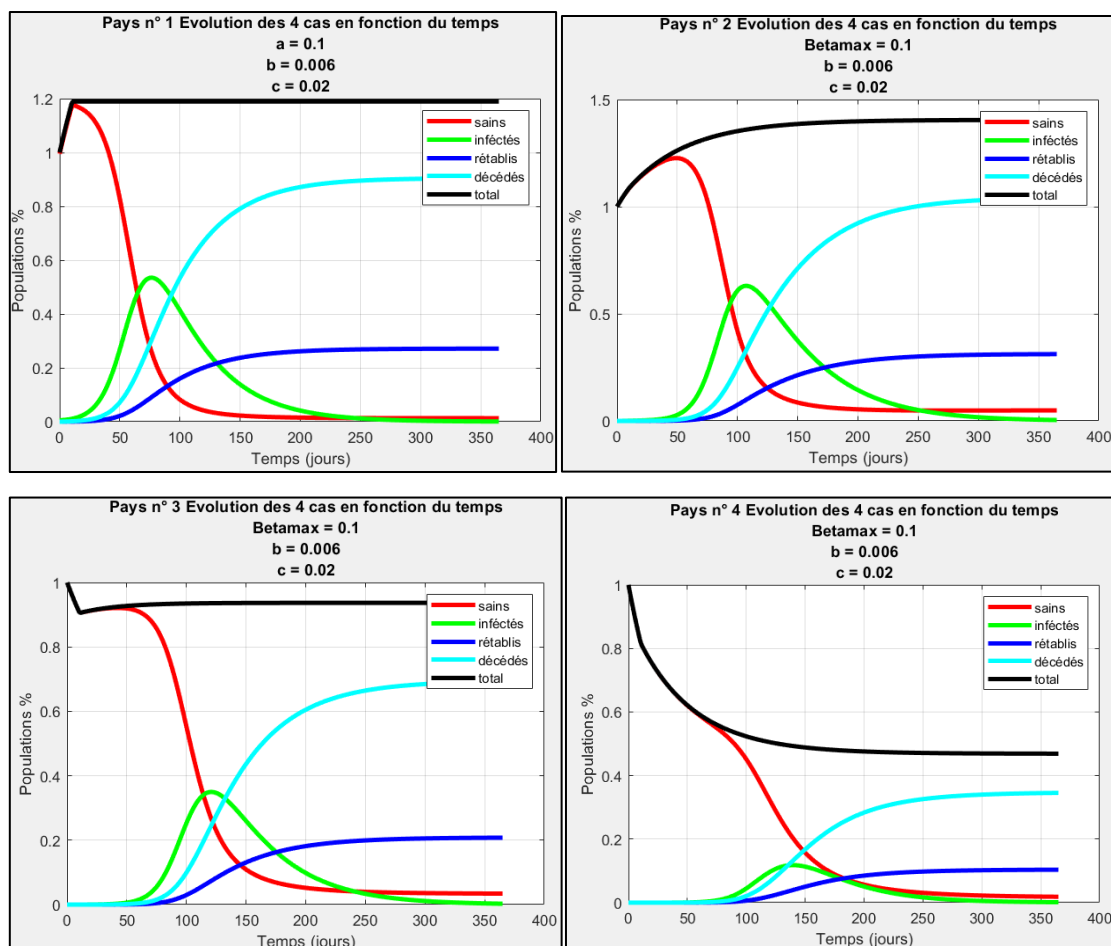
On propose maintenant d'approcher un peu plus la réalité en modélisant le cas 0 dans un seul et unique pays. On a donc initialement une proportion de malades dans un seul pays. Tous les autres sont sains. On garde les mêmes paramètres.



On voit ici que l'on ne change pas non plus l'aspect des 5 figures. Cela est dû au fait que cette petite proportion de malades se déplace de la même façon que les autres cas. Ainsi on a un petit retard sur les autres pays, on peut apercevoir une dizaine de jours de retard sur le pic de malades, bien visible dans le pays 2 (il passe de 50 à 60 jours environ).

On peut tenter de changer la modélisation en changeant M en cours de l'année. La changer au début ne rendra pas la modélisation intéressante d'après les résultats précédents. On propose donc d'établir un fonctionnement similaire à $Beta$, où par exemple le pays 1 ferme totalement ses frontières à partir d'un temps $taufemture$ donné. On prend ici le pays 1 car c'est celui qui a vu le cas 0 dans la modélisation précédente.

Ainsi à partir de ce temps (on prendra $taufemture=10$), M change et prend la valeur de $M_{fermeture}=[0,0,0,0; 0,0,1,1; 0,1,0,1; 0,0,1,0]/100$ (les coefficients $M(i,j)$ prennent la valeur 0 si $i=1$ ou $j=1$).



On voit ici que même si le pays 1 s'y est pris très tôt, le virus s'est quand même propagé. Cependant, on voit que cela a affecté le pic de malades, car il est passé d'un de plus d' $1.5/4$ à moins, et est aussi soumis à un retard encore plus grand que précédemment (le pic se situe vers le 100ème jour). Le nombre de morts totaux reste le même, mais dans le cas d'une réelle pandémie, le retard est extrêmement utile et il faut à tout prix réduire les pics de maladies pour que les hôpitaux ne soient pas saturés et que les autorités trouvent un remède. Le pays 1 a donc eu raison de fermer ses frontières dans le cadre de notre modélisation précédente, bien qu'elle soit incomplète.

Conclusion

Cette modélisation nous permet de tirer plusieurs conclusions. La priorité dans une épidémie est de réduire au maximum le pic d'infectés. En effet, nous avons montré que l'on pouvait atteindre la fin de l'épidémie en ayant préservé une partie de la population, qui reste saine. Pour cela, le confinement peut s'avérer utile, mais notre modélisation montre qu'il doit être calculé car, pour rappel, nous avons identifié une situation dans laquelle un confinement entraîne une mortalité finale supérieure à un couvre-feu. De plus, réduire le nombre d'infectés permet d'éviter la saturation des hôpitaux et un ralentissement de l'épidémie, prolongeant le temps disponible pour trouver un traitement. L'apparition d'un variant nécessite la mise en place de mesures spécifiques (confinement).

Pour aller plus loin...

Afin d'affiner notre modélisation, on pourrait ajouter à notre modèle une période d'immunité estimée actuellement à 8 mois pour la COVID-19. En effet, dans notre modèle actuel, les personnes qui ont été infectées ne peuvent recontracter la maladie. On pourrait par ailleurs ajouter les naissances dans notre modèle, l'influence des saisons sur le coefficient d'infection, un traitement qui agit sur le taux de mortalité, un vaccin qui immunise une partie de la population et dont le principe consisterait à ajouter une catégorie « vaccinés ».