

## POOCNS : ETUDE DE LA DIFFUSIONS DU CORONAVIRUS

ABDOULAYE BARADJI

### 1. PARTIE 1 : MODÈLE SEIR ET SEIR MODIFIÉ

Dans cette partie nous sommes intéressés à simuler numériquement la solution du modèle *SEIR* et *SEIR Modified* suivant pour essayer d'ajuster puis deviner les chiffres sur l'infection à *coronavirus*. Le modèle *SEIR* et *SEIR Modified* sont respectivement donnés par :

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta \frac{SI}{N} - \nu S, \\ \frac{dE}{dt} &= \beta \frac{SI}{N} - \sigma E, \\ \frac{dI}{dt} &= \sigma E - (\mu + \gamma)I, \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I + \nu S.\end{aligned}$$

et :

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -(\beta c + cq(1 - \beta))S(I + \theta A) + \lambda S_q, \\ \frac{dE}{dt} &= \beta c(1 - q)S(I + \theta A) - \sigma E, \\ \frac{dI}{dt} &= \sigma \rho E - (\delta_I + \alpha + \gamma_I)I, \\ \frac{dA}{dt} &= \sigma(1 - \rho)E - \gamma_A A, \\ \frac{dS_q}{dt} &= (1 - \beta)cqS(I + \theta A) - \lambda S_q, \\ \frac{dE_q}{dt} &= \beta cqS(I + \theta A) - \delta_q E_q, \\ \frac{dH}{dt} &= \delta_I I + \delta_q E_q - (\alpha + \gamma_H)H, \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma_I I + \delta_A A + \gamma_H H\end{aligned}$$

Pour cela nous allons considérer le cas où la population totale initiale  $N$  est de 1 et aussi le cas où on considère la population totale initiale de la ville de *Wuhan* qui est de l'ordre de 60800000 *habitants*.

**1.1. Modèle SEIR.** Nous allons écrire le système *SEIR* comme une équation d'évolution autonome :

$$L'(t) = F[L(t)] \in \mathbb{R}^4$$

où :  $L = (S, E, I, R)^\top$  vecteur où chaque classe de population varie dans le temps avec :

S : nombre d'individus sains d'esprit,

E : individus exposés,

I : individus infectés,

R : individus retirés ou résistants.  
et la fonction  $F$  est définie par :

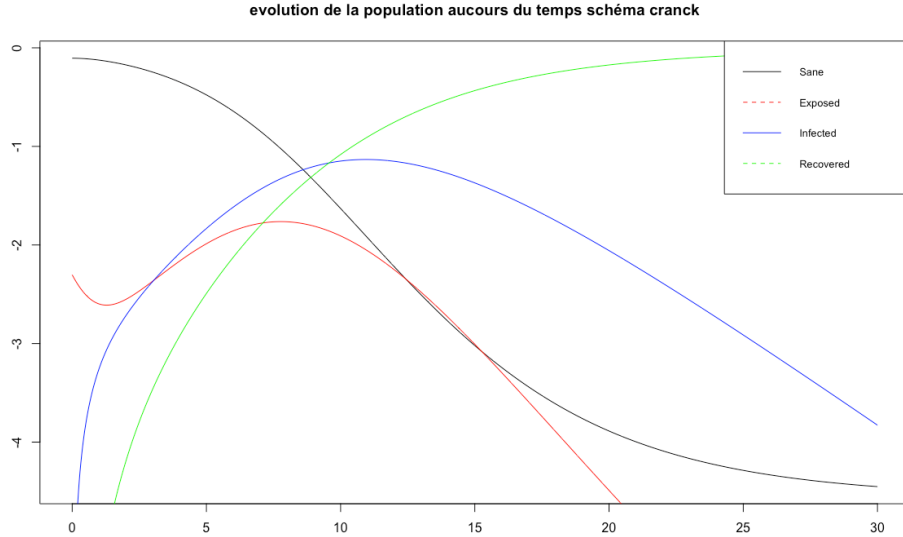
$$F[L] = \begin{bmatrix} -\beta \frac{L_0 L_2}{L_0 + L_1 + L_2 + L_3} - \nu L_0 \\ \beta \frac{L_0 L_2}{L_0 + L_1 + L_2 + L_3} - \sigma L_1 \\ \sigma L_1 - (\mu + \gamma) L_2 \\ \gamma L_2 + \nu L_0 \end{bmatrix}$$

où :  $N = L_0 + L_1 + L_2 + L_3$  et  $(S, E, I, R) = (L_0, L_1, L_2, L_3)$ .  
On peut ainsi définir la différentielle de la fonction  $F$  par :

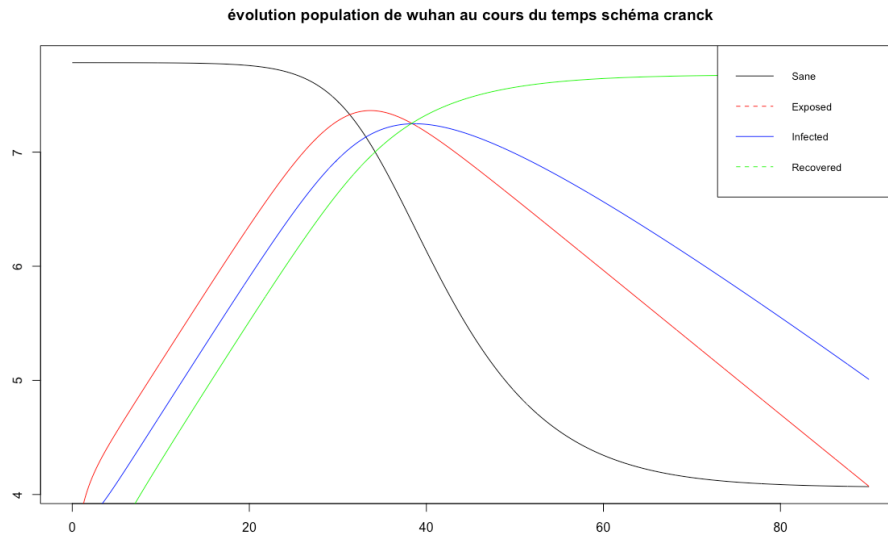
$$DF[L] = \begin{bmatrix} -\beta \frac{L_2}{N} - \nu & 0 & -\beta \frac{L_0}{N} & 0 \\ \beta \frac{L_2}{N} & -\sigma & \beta \frac{L_0}{N} & 0 \\ 0 & \sigma & -(\mu + \gamma) & 0 \\ \nu & 0 & \gamma & 0 \end{bmatrix}$$

. Ainsi avec les conditions initiales définies dans l'annexe pour une population totale initiale  $N = 1$  et  $N = 60800000$  nous obtenons les résultats suivants qui décrivent l'évolution du vecteur  $(S, E, I, R)$  au cours du temps pour les différents schéma numériques suivants :

#### 1.1.1. Schéma Cranck Nicolson.

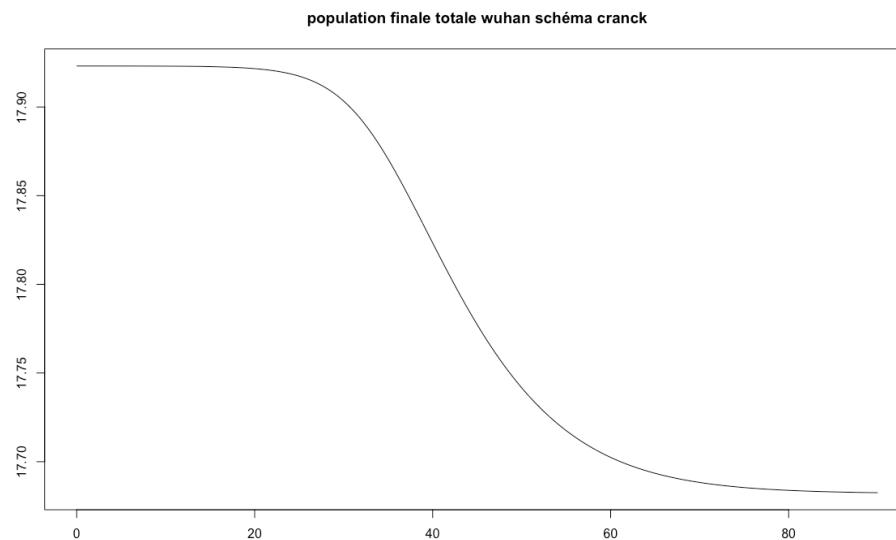


Ainsi nous pouvons remarquer sur le graphique ci dessus que pour 30 jour de simulation avec une population totale initiale de l'ordre de 1 nous avons que le nombre d'individus sains d'esprit a considérablement baissé ce qui est normale car nous observons en même temps que le nombre d'individus infectés a augmenté jusqu'à atteindre un pique puis décroît et se stabilise. Neanmoins on observe aussi que le nombre d'individus retirés ou résistants a considérablement augmenté.



Nous observons sur ce graphique que pour une simulation de 90 jours avec une population initiale de l'ordre de 60800000 *habitants* le nombre d'individus sains à considérablement baissé qui passe approximativement 60793920 à 10000 ce qui est tout à fait normale car nous observons que le nombre d'individus infectés croît considérablement jusqu'à atteindre un pique de l'ordre de 10000000. On peut noter aussi que le nombre d'individus exposés croît jusqu'à atteindre un pique aussi.

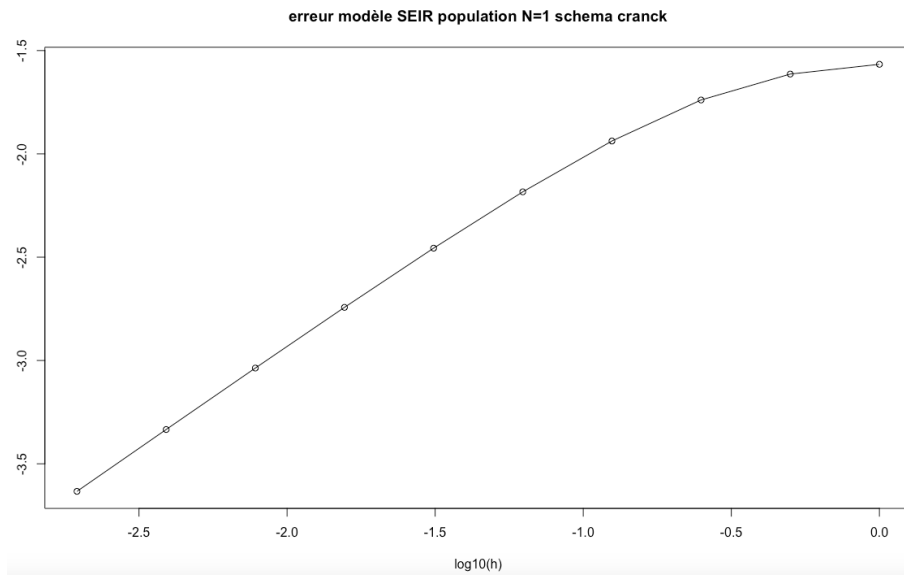
Nous allons maintenant représenter le graphique de la population finale totale au cours du temps.



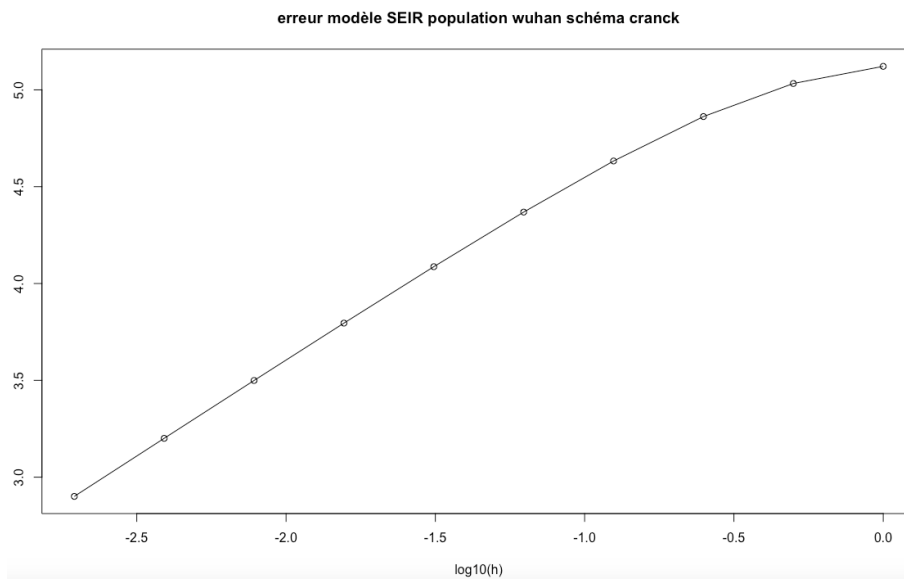
Le graphique ci dessus a été obtenu en prenant une échelle logarithmique. Nous pouvons remarquer donc que la population de *Wuhan* passe approximativement de 60800000 habitants au début de l'épidémie jusqu'à 48000000 habitants pour une simulation d'au moins 30 jours. Le taux de mortalité n'est pas exactement correcte ici.

Traçons l'erreur relative à ce schéma pour une population totale initiale  $N = 1$  et une population totale initiale de la ville de *WUhan* qui est de l'ordre de 60800000 *habitant* en utilisant éventuellement l'échelle *log*.

- Pour  $N = 1$  :

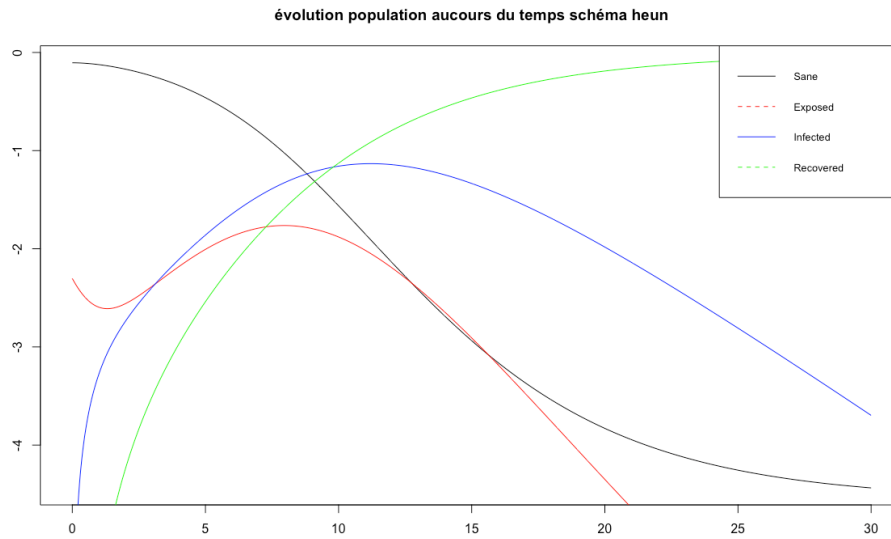


- Pour  $N = 60800000$  :



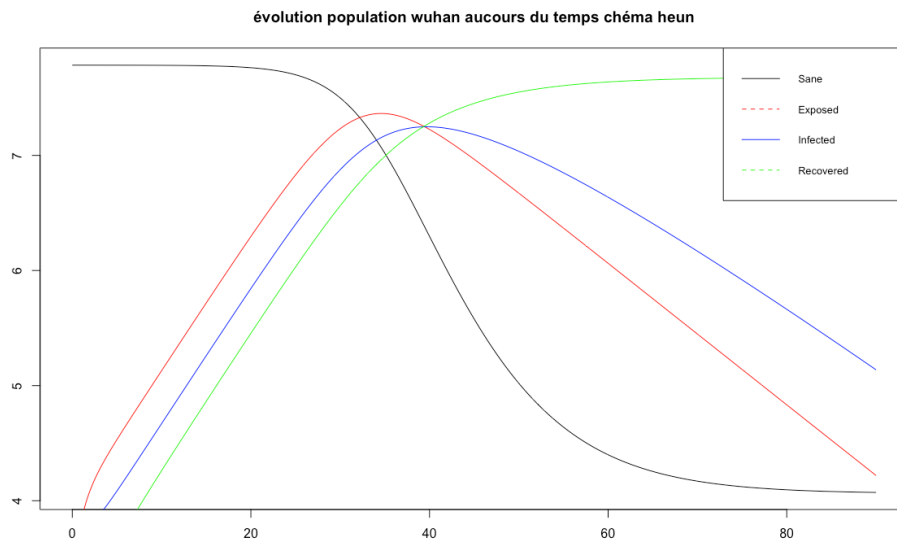
Nous remarquons que les erreurs ont le même comportement et décroissent très rapidement.

### 1.1.2. Schéma Heun.

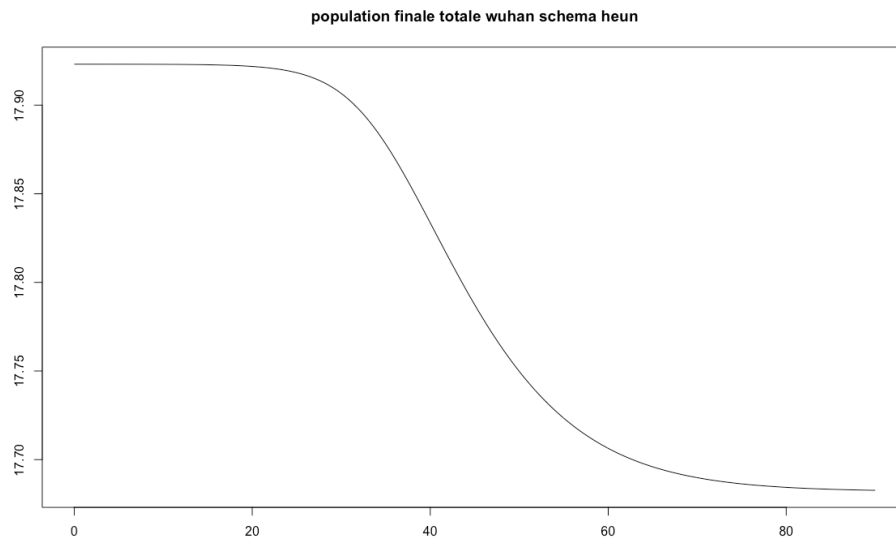


De même que le schéma *Cranck Nicolson* nous remarquons que pour le schéma *Heun* l'évolution de la population pour chaque classe au cours du temps a le même comportement que le schéma *Cranck Nicolson* pour une population initiale au départ de l'ordre de 1.

Regardons maintenant lorsque nous avons une population initiale de l'ordre de 60800000 *habitants* pour la ville de *Wuhan*.

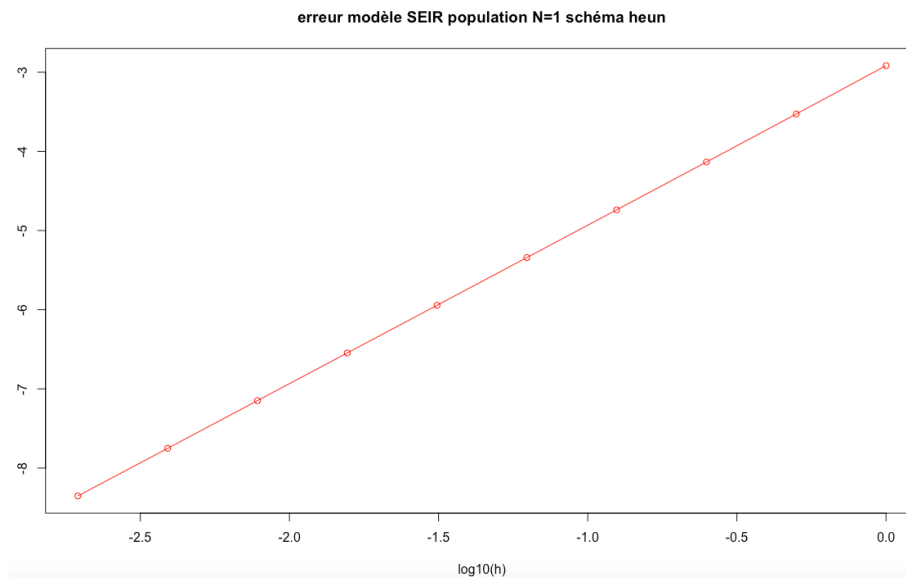


Nous remarquons que l'évolution de la population pour chaque classe au cours du temps pour le schéma *Heun* a en effet le même comportement que le schéma *Cranck*. Nous allons maintenant représenter le graphique de la population totale au cours du temps.

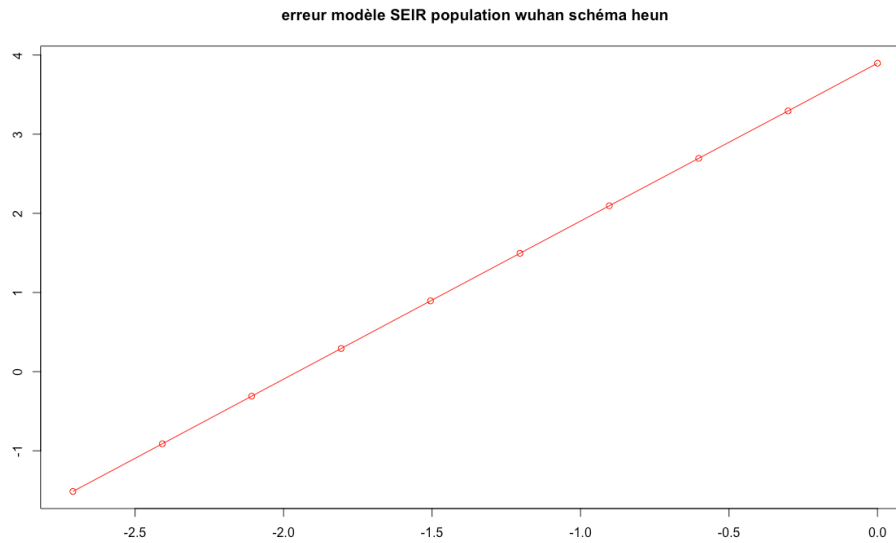


Comme pour le schéma *Cranck Nicolson* nous remarquons que la population finale totale a le même comportement.

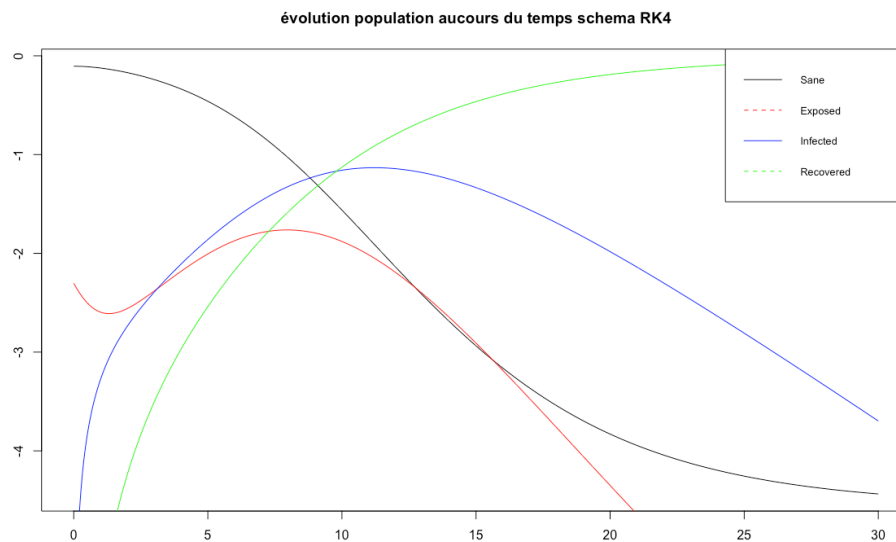
Traçons cependant le graphique de l'erreur pour le schéma *Heun* pour une population initiale  $N = 1$  et  $N = 60800000$ . - Pour  $N = 1$  :



- Pour  $N = 60800000$  :

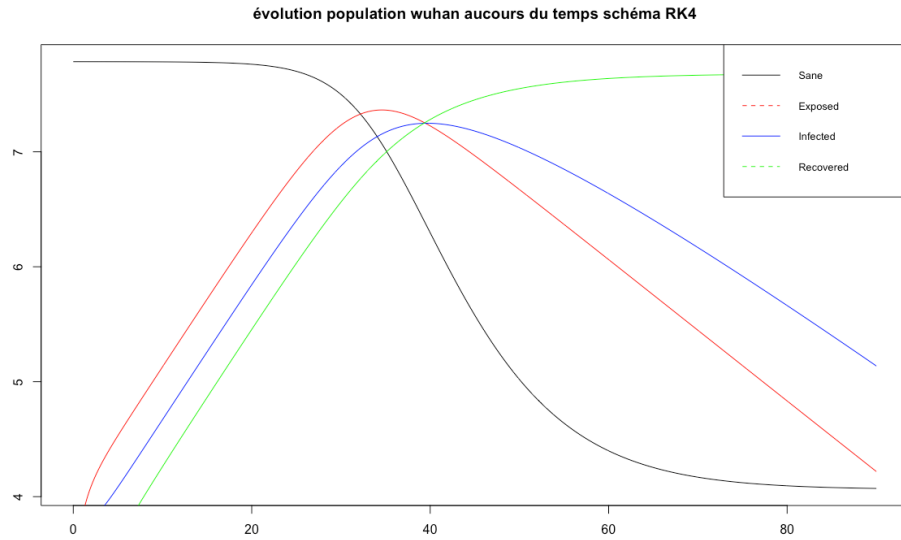


### 1.1.3. Schéma de RK4.

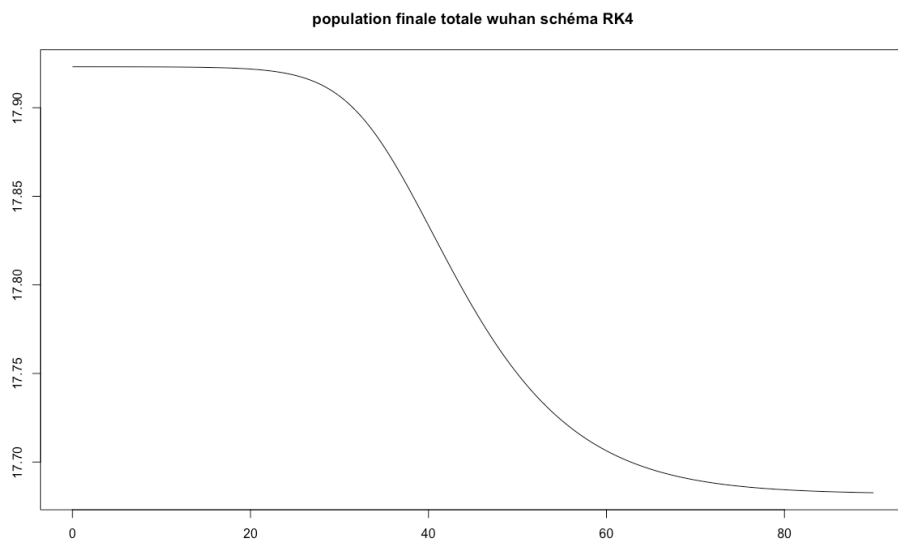


De même que les schéma *Cranck Nicolson* et *Heun* nous remarquons que l'évolution de la population pour chaque classe au cours du temps pour le schéma *RK4* a le même comportement que ces deux schémas pour une population initiale au départ de l'ordre de 1.

Regardons maintenant lorsque nous avons une population initiale de l'ordre de 60800000 *habitants* pour la ville de *Wuhan*.

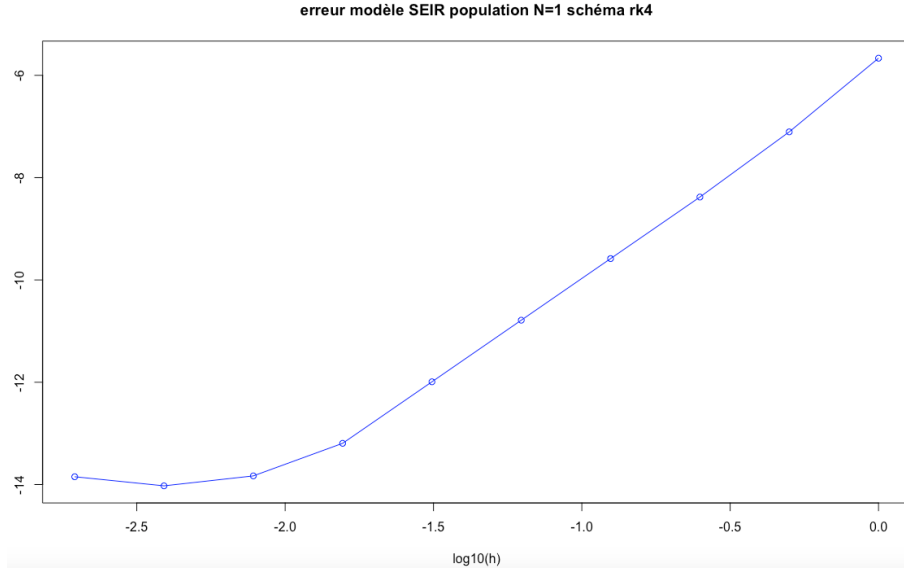


Comme pour le schéma *Cranck Nicolson* et *Heun* nous remarquons une fois de plus que l'évolution de la population de *Wuhan* pour chaque classe au cours du temps pour le schéma *RK4* a le même comportement. Nous allons ainsi représenter le graphique de la population totale de *Wuhan* au cours du temps qui a le même comportement que les deux autres schémas.

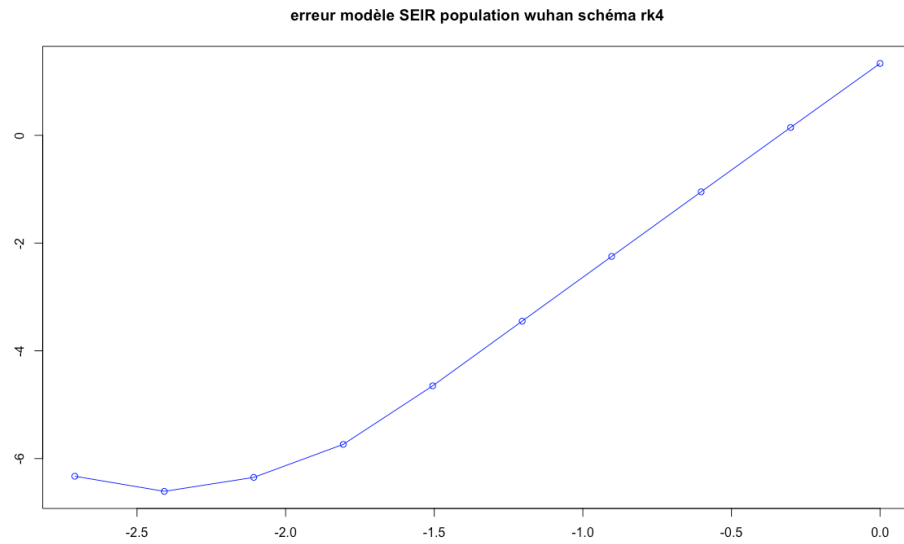


Nous allons cependant représenter le graphique de l'erreur pour le schéma *RK4*.  
- Pour  $N = 1$  :





- Pour  $N = 60800000$  :



**1.2. Modèle SEIR modifié.** Comme pour le modèle SEIR, nous allons écrire le système *SEIR Modified* défini précédemment comme une équation d'évolution autonome :

$$L'(t) = G[L(t)] \in \mathbb{R}^8$$

où :  $L = (S, E, I, A, S_q, E_q, H, R)^\top$  vecteur où chaque classe de population varie dans le temps et la fonction  $F$  est définie par :

$$F[L] = \begin{bmatrix} -(\beta c + cq(1 - \beta))L_0(L_2 + \theta L_3) + \lambda L_4 \\ \beta c(1 - q)L_0(L_2 + \theta L_3) - \sigma L_1 \\ \sigma \rho L_1 - (\delta_I + \alpha + \gamma_I)L_2 \\ \sigma(1 - \rho)L_1 - \gamma_A L_3 \\ (1 - \beta)cqL_0(L_2 + \theta L_3) - \lambda L_4 \\ \beta cqL_0(L_2 + \theta L_3) - \delta_q L_5 \\ \delta_I L_2 + \delta_q L_5 - (\alpha + \gamma_H)L_6 \\ \gamma_I L_2 + \gamma_A L_3 + \gamma_H L_6 \end{bmatrix}$$

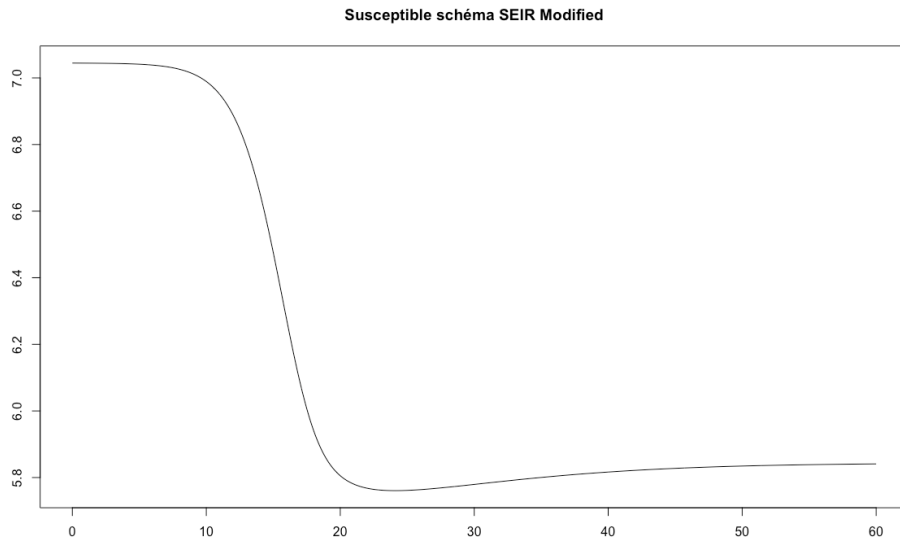
où  $(S, E, I, A, S_q, E_q, H, R) = (L_0, L_1, L_2, L_3, L_4, L_5, L_6, L_7)$ .

On définit ainsi la matrice Jacobienne par :

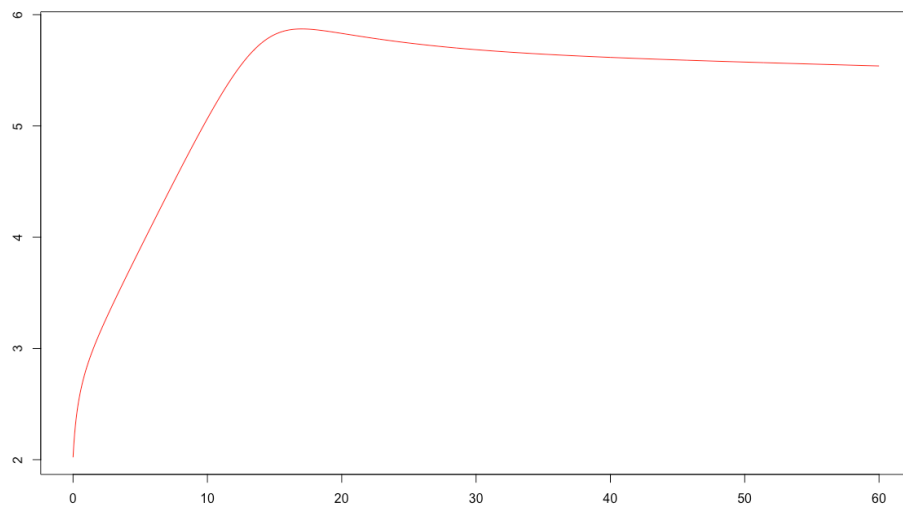
$$DG[L] = \begin{bmatrix} -(\beta c + cq(1 - \beta))(L_2 + \theta L_3) & 0 & -(\beta c + cq(1 - \beta)L_0 & -\theta(\beta c + cq(1 - \beta))L_0 & \lambda & 0 & 0 \\ \beta c(1 - q)(L_2 + \theta L_3) & -\sigma & \beta c(1 - q)L_0 & \theta\beta c(1 - q)L_0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma\rho & -(\delta_I + \alpha + \gamma_I) & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma(1 - \rho) & 0 & \gamma_A & 0 & 0 & 0 \\ (1 - \beta)cq(L_2 + \theta L_3) & 0 & (1 - \beta)cqL_0 & \theta(1 - \beta)cqL_0 & -\lambda & 0 & 0 \\ \beta cq(L_2 + \theta L_3) & 0 & \beta cqL_0 & \theta\beta cqL_0 & 0 & -\delta_q & 0 \\ 0 & 0 & \delta_I & 0 & 0 & \delta_q & -(\alpha + \gamma_I) \\ 0 & 0 & \gamma_I & \gamma_A & 0 & 0 & \gamma_H \end{bmatrix}$$

Ainsi avec les conditions initiales définies dans la page 5 et 6 de l'annexe nous allons reproduire les graphiques qui décrivent l'évolution du vecteur  $(S, E, I, A, S_q, E_q, H, R)$  au cours du temps pour les différents schéma numériques suivants. À noter que les 3 schémas ont le même comportement donc nous allons seulement le faire pour l'un d'entre eux à savoir *cranck nicolson*.

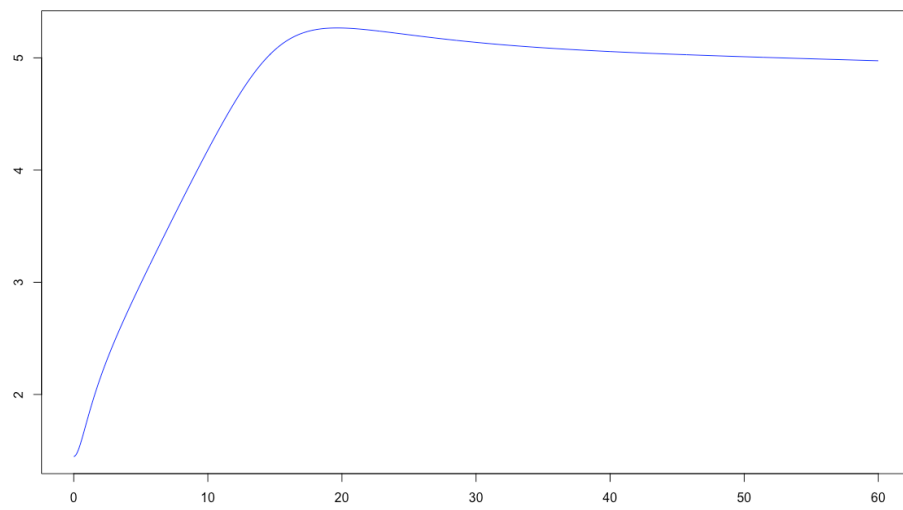
### 1.2.1. Schéma Cranck Nicolson.



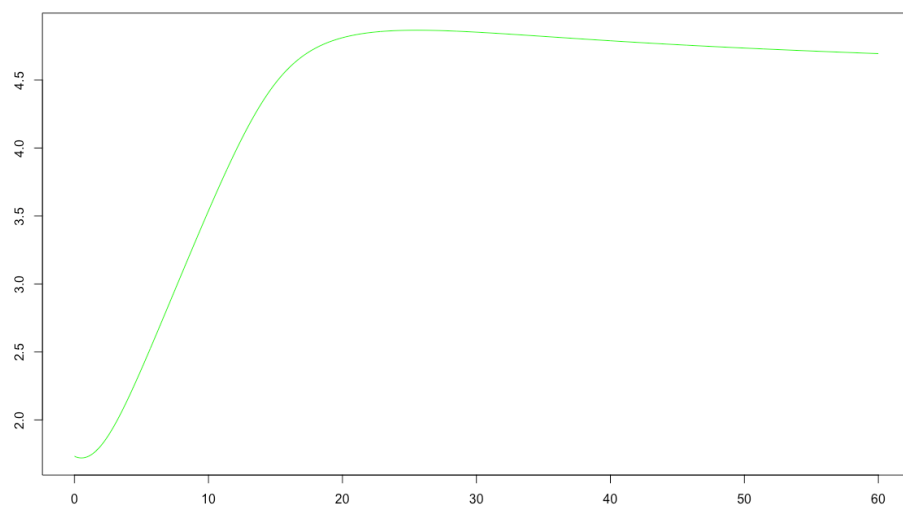
exposed schéma SEIR Modified

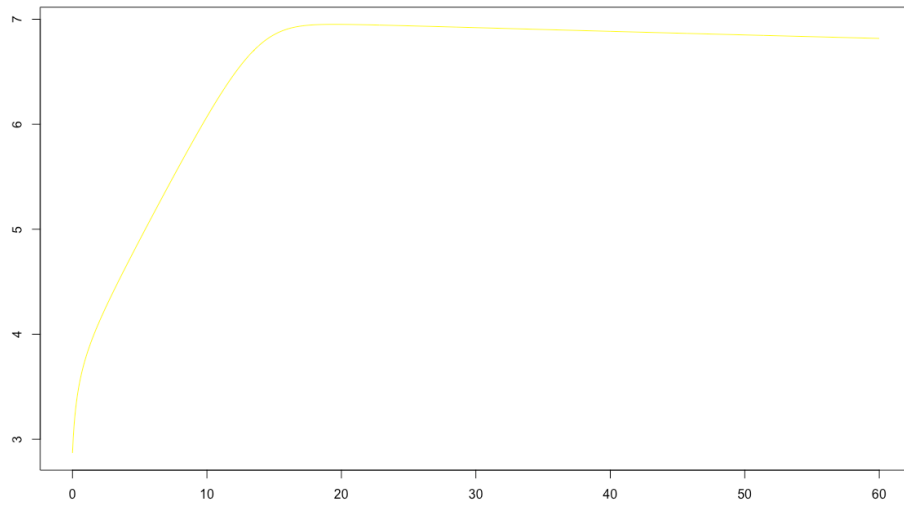
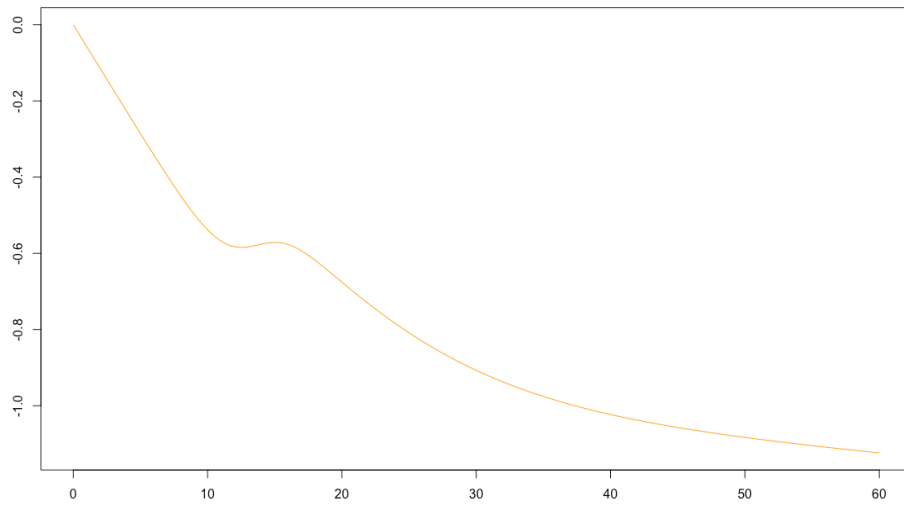
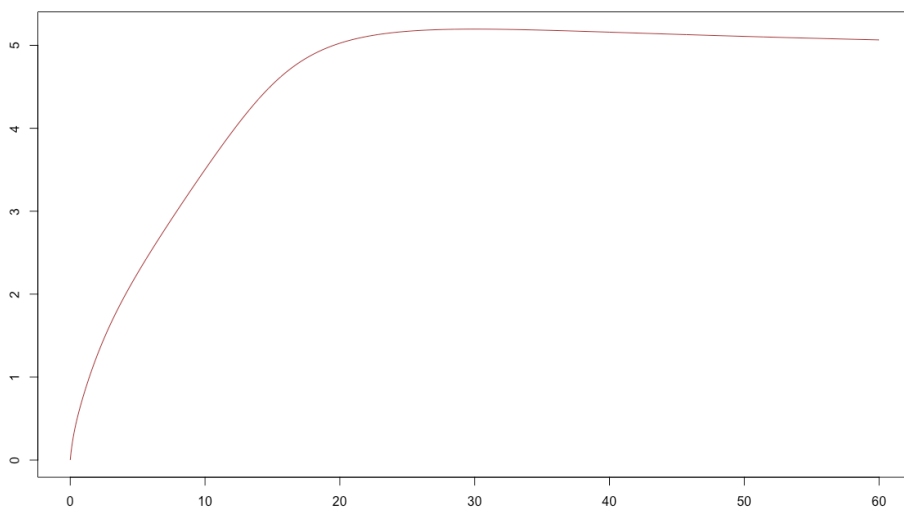


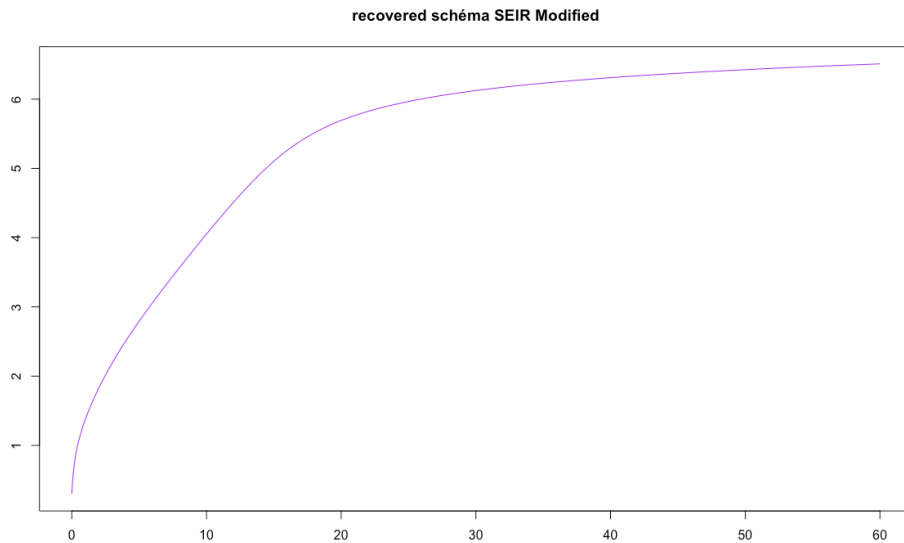
infected schéma SEIR Modified



asymptomatic schéma SEIR Modified

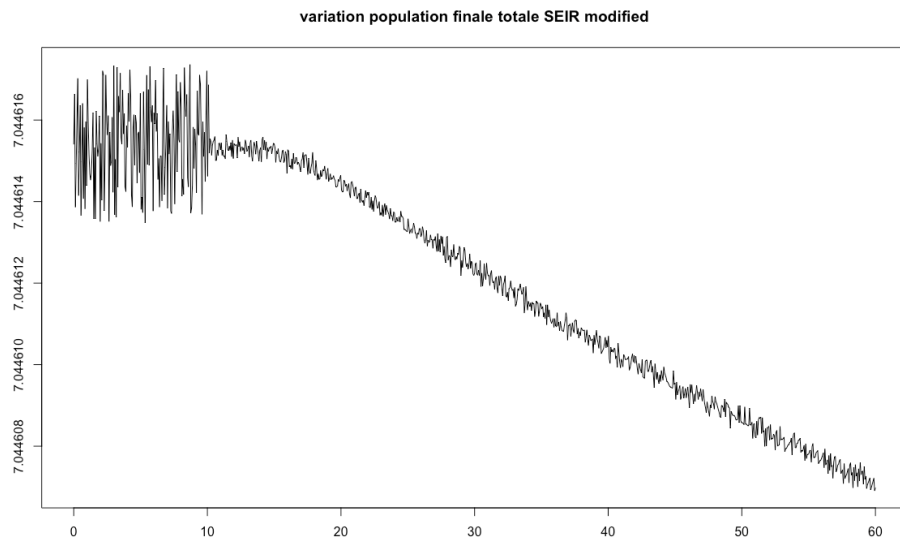


**quarantined susceptible schéma SEIR Modified****isolated exposed schéma SEIR Modified****hospitalized schéma SEIR Modified**



Dans la référence [3] donnée dans l'annexe , les auteurs écrivent que sous les restrictions de voyage (à partir du 22 janvier 2020), le nombre d'individus infectés  $I(t)$  devrait culminer après 19,3 jours avec une taille maximale de  $1,63 \cdot 10^5$  individus infectieux. Notre simulation pour les trois schémas numérique donne des résultats assez similaires.

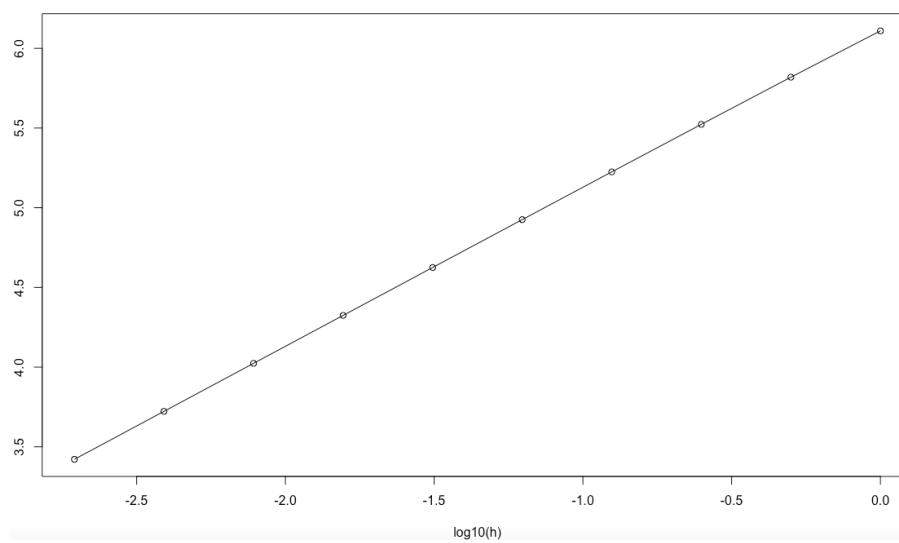
Nous allons maintenant tracer la variation de la population finale totale pour une population initiale au départ de l'ordre de 11081900 habitants en utilisant un échelle logarithmique.



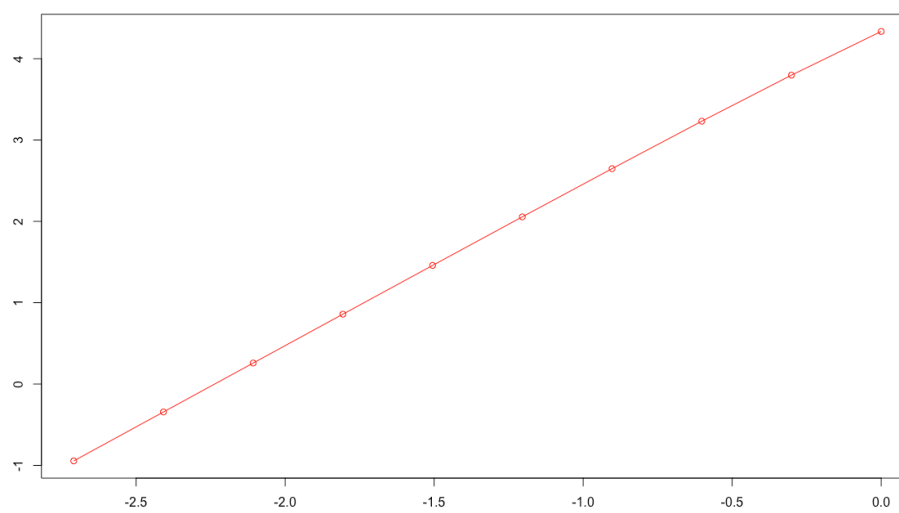
On observe sur le graphique ci dessus que pour 60 jours de simulation la population initiale a considérablement diminuer jusqu'à atteindre approximativement 11081750 habitants soit à peu 150 décès.

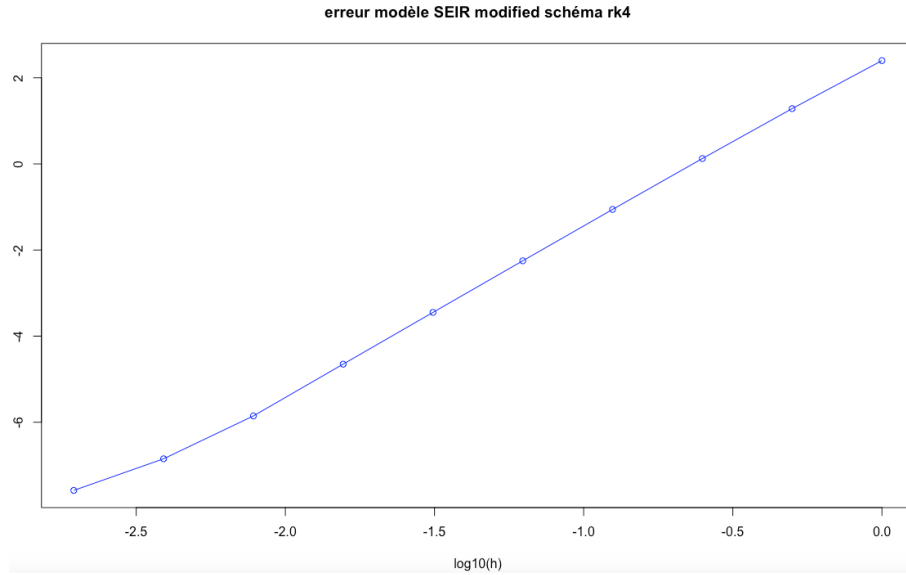
Traçons le graphique de l'erreur :

erreur pour le modèle SEIR modifed schéma cranck



erreur modèle SEIR modifed schéma heun





## 2. PARTIE 2 : COMPARAISON AVEC LES DONNÉES RÉELLES

Le but de cette partie est de comparer en effet les données obtenues par simulations du modèle SEIR avec les données réelles de la *FRANCE*, *ITALIE* et de *L'ESPAGNE* en commençant lorsque le nombre de cas est supérieure à 100 et en analysant comment varie le nombre de cas infecté et le nombre de décès confirmés pour chaque pays.

Nous savons que la *FRANCE* a une population initiale de l'ordre de 67000000 *millions* pour *L'ESPAGNE* c'est de l'ordre de 47000000 et enfin *L'ITALY* a une population initiale de l'ordre de 60000000.

**2.1. Analyse des données réelles.** Dans cette sous-section, nous allons nous baser principalement sur les 3 pays suivants à savoir la *FRANCE*, *L'ESPAGNE* ET *L'ITALIE* en analysant d'une part la trajectoire pour chaque pays commençant par le jour où ce pays avait 100 cas confirmés de coronavirus. Cela nous permettra de comparer la vitesse à laquelle le nombre de cas confirmés a augmenté dans ces trois pays.

D'autre part, vu que l'épidémie de *COVID-19* n'a pas commencé en même temps dans tous les pays il serait intéressant de regarder l'évolution de la trajectoire de chaque pays en commençant par le jour où ce pays a eu 5 décès confirmés.

Cela nous permettra de comparer la vitesse à laquelle le nombre de décès confirmés a augmenté après que l'épidémie a atteint un stade similaire dans chaque pays.

**2.1.1. Nombre total de décès confirmés: à quelle vitesse ont-ils augmenté par rapport à d'autres pays?** Nous allons faire une analyse en utilisant la base de données obtenue sur le site : <https://ourworldindata.org/covid-cases?country=FRA>. Notre base de données contient pour chaque pays 5 variables dont 2 variables quantitatives à savoir (le nombre de décès, jours depuis le 5e décès total confirmé) et 3 variables qualitatives qui sont (la date, le code et le nom du Pays).

La France a 81 observations l'Italie en a 91 et enfin l'Espagne a 79 observations.

Nous allons ainsi pour commencer donner pour chaque pays quelques statistiques élémentaires pour nos deux variables quantitatives à l'étude que nous allons le recenser dans un tableau :

Tableau 1

Variables	STATISTIQUES ÉLÉMENTAIRES	FRANCE	ITALY	ESPAGNE
Nombre de décès	Min	7	6	5
	Median	15729	18281	18276
	Mean	14209	16510	15477
	Max	28367	32785	28752
Jour depuis le 5- ème décès total confirmés	Min	0	0	0
	Median	40	45	39
	Mean	40	45	39
	Max	80	90	78

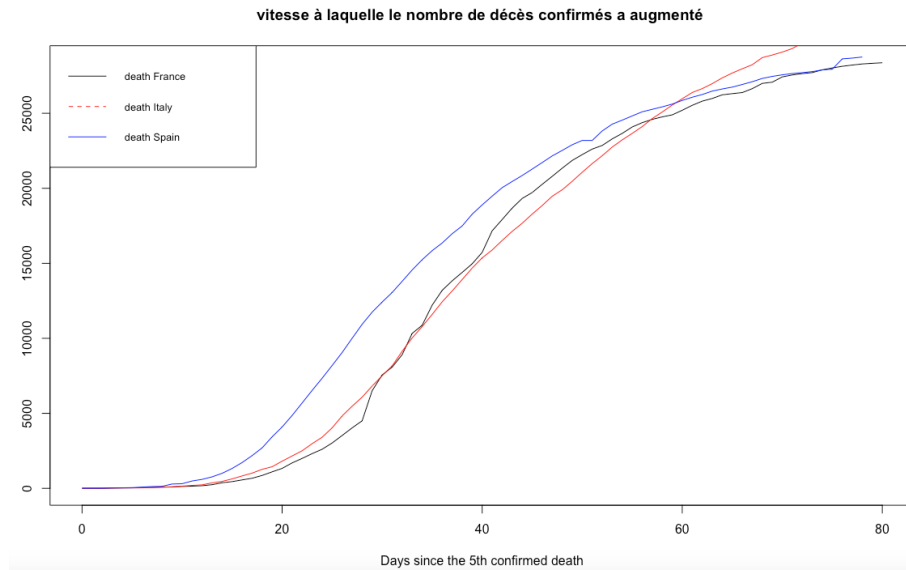
L'analyse de ce tableau nous montre que *L'ITALY* a connu le plus de décès par rapport aux deux autres pays quand on se base sur le fait qu'on commence à faire la comparaison lorsque chaque pays a eu 5 décès confirmés. En effet du 25 février 2020 au 25 Mai 2020 *L'ITALY* passe de 6 décès à 32785 décès.

Puis vient *L'ESPAGNE* avec un taux de décès de l'ordre de 28752 sur la période du 7 Mai 2020 au 24 Mai 2020.

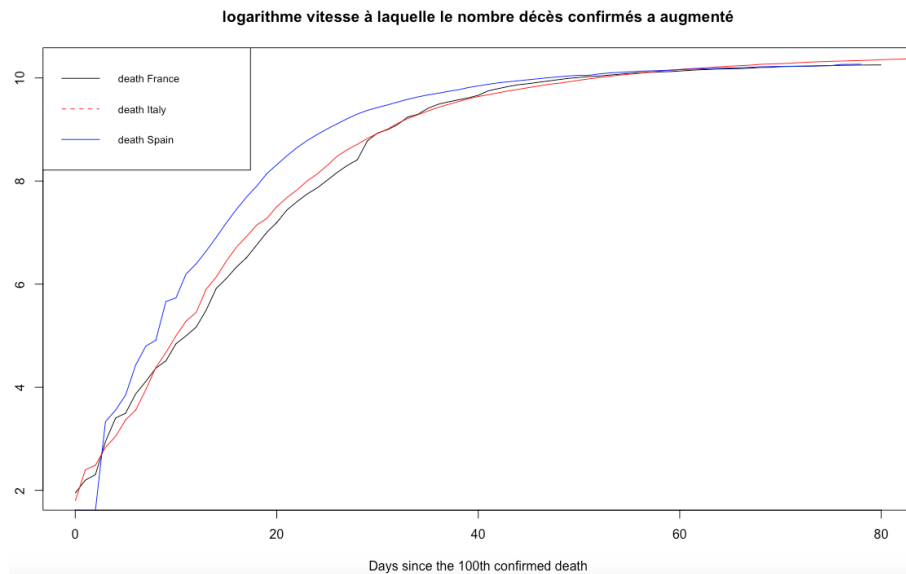
La *FRANCE* quand à elle à partir du 6 Mars 2020 jusqu'au 25 Mai 2020 passe de 7 décès à 28367 décès.

Pour plus de précision nous allons regarder le graphique de l'évolution de la trajectoire de chaque pays en commençant par le jour où ce pays a eu 5 décès confirmés.





En prenant le logarithme on obtient le graphe suivant :

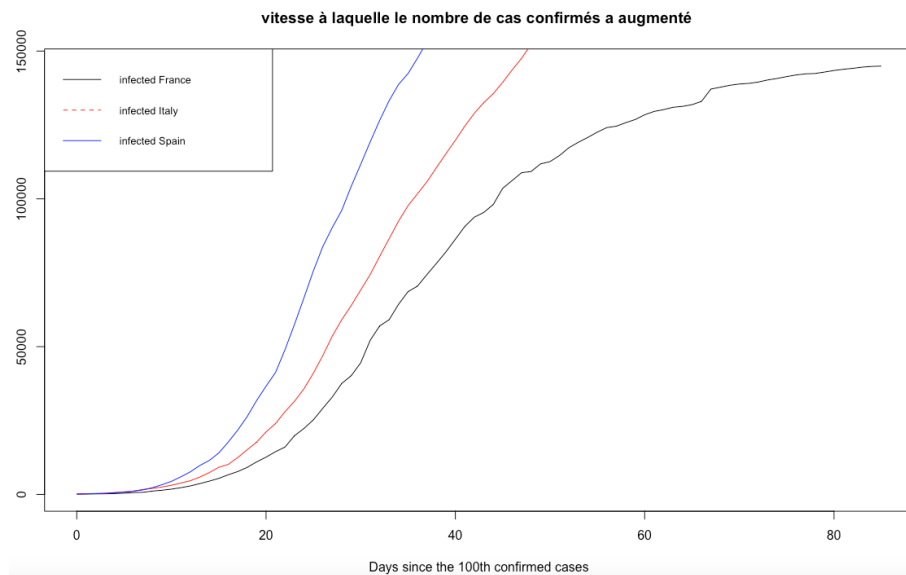


2.1.2. *Nombre total de cas confirmés: à quelle vitesse ont-ils augmenté par rapport à d'autres pays?* Comme pour le nombre total de décès confirmés notre base de donnée contient pour chaque pays 5 variables dont 2 variables quantitatives à savoir (le nombre de cas, jours depuis le 100<sup>ème</sup> cas confirmés) et 3 variables qualitatives qui sont (la date, le code et le nom du pays considérés); 86 observations pour la *FRANCE*, 92 observations pour *L'ITALY* et 84 observations pour *L'ESPAGNE*. Nous allons ainsi pour commencer recenser dans un tableau quelques statistiques élémentaires pour nos deux variables quantitatives.

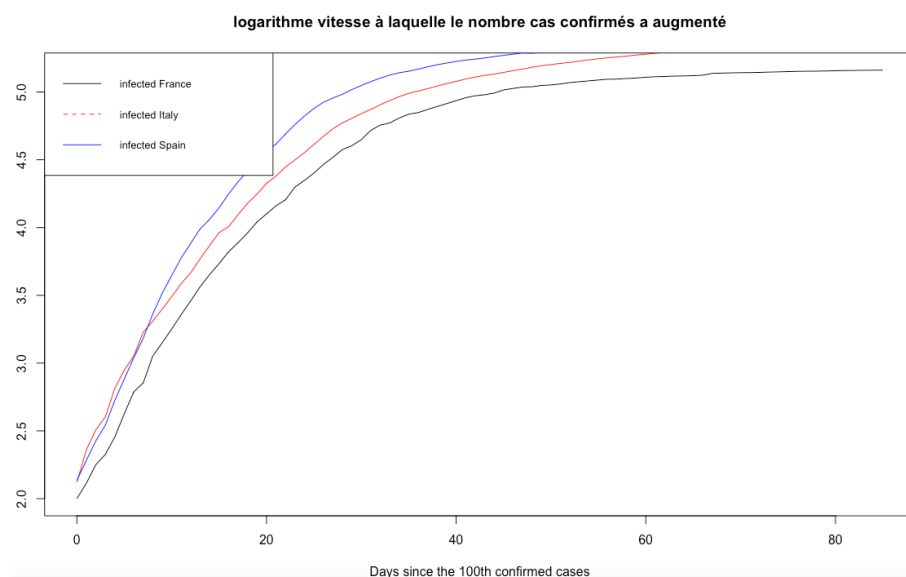
Tableau 2

Variables	STATISTIQUES ÉLÉMENTAIRES	FRANCE	ITALY	ESPAGNE
Nombre de cas	Min	100	132	136
	Median	94596	141524	173436
	Mean	78801	124289	138384
	Max	144921	229858	235772
Jour depuis le 100-ème cas total confirmés	Min	0	0	0
	Median	42.50	45.50	41.50
	Mean	42.50	45.50	41.50
	Max	85	91	83

Nous allons maintenant représenter l'évolution de la trajectoire de chaque pays en commençant par le jour où ce pays a eu 100 cas de coronavirus confirmés.



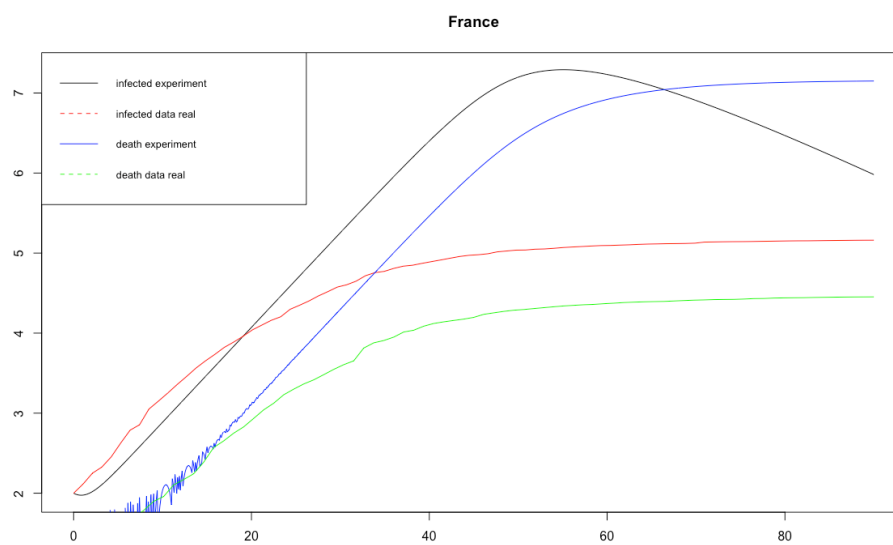
En prenant le logarithme on obtient :



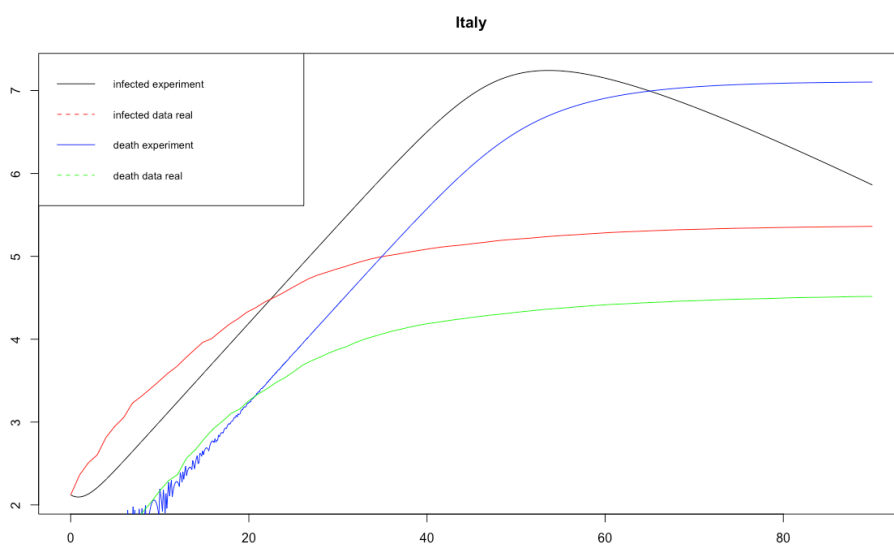
**2.2. Analyse des données obtenues par le modèle SEIR et comparaison avec les données réelles.** Dans cette partie, nous étudierons l'évolution des populations française, italienne et espagnole, à peu près respectivement 67 millions, 60 millions et 47 millions en 2020, sur une période de 90 jours avec notre modèle *SEIR*. Puis nous voulons comparer à celle qu'on vient de faire dans le paragraphe précédent.

Ainsi nous obtenons les résultats suivants :

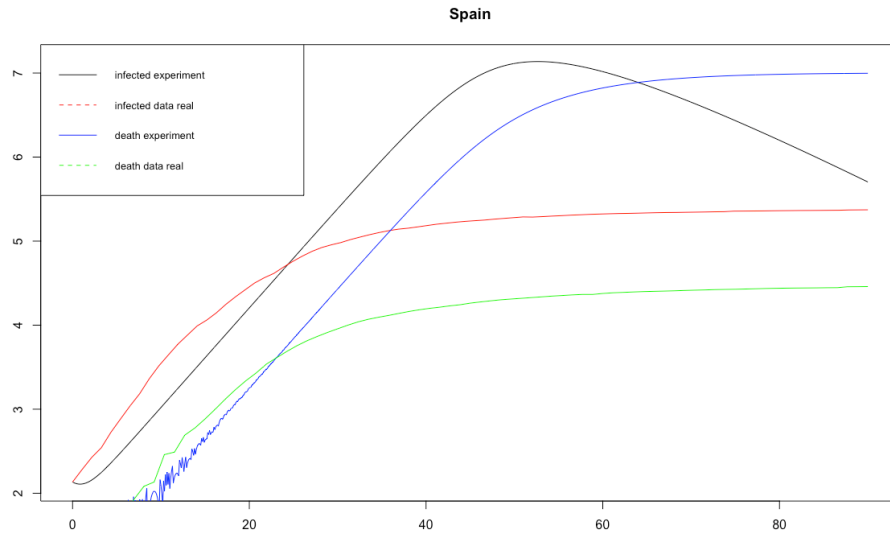
- *FRANCE* :



- *ITALY* :



- *SPAIN* :

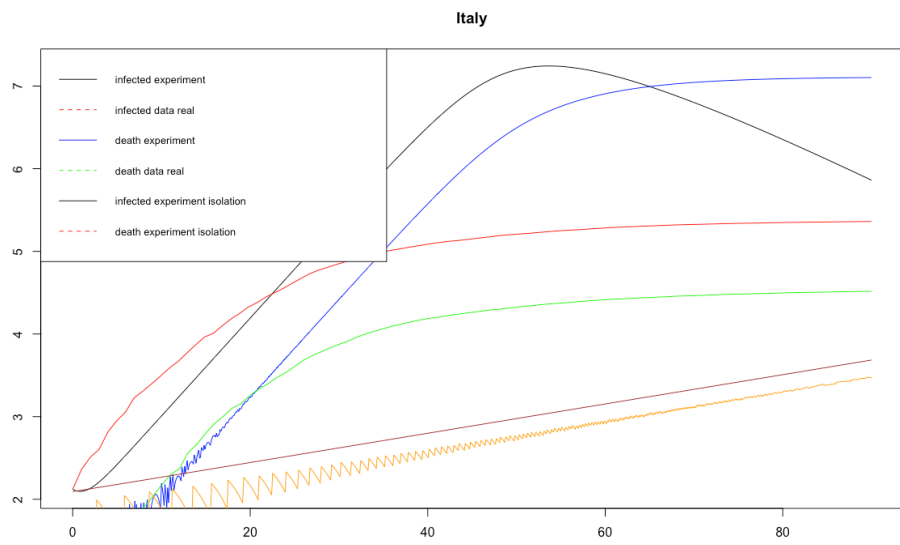
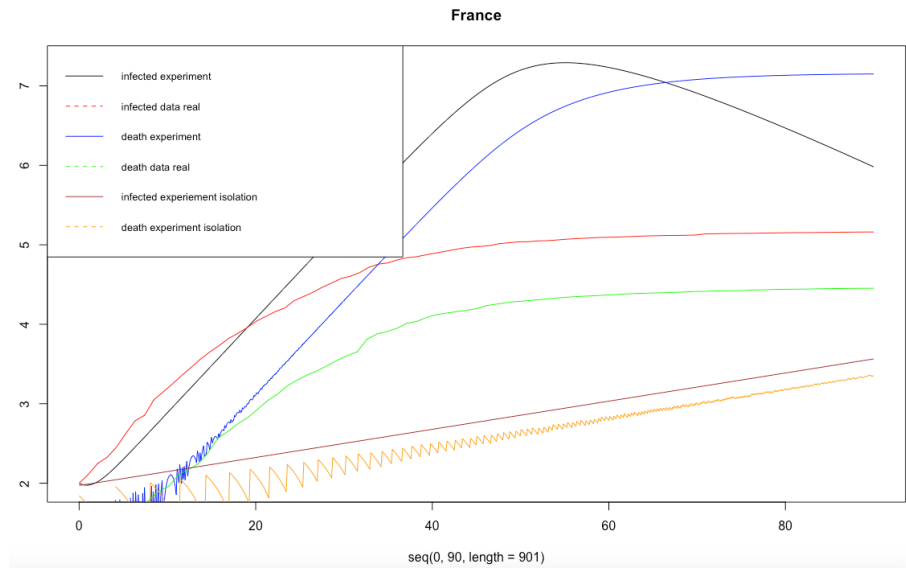


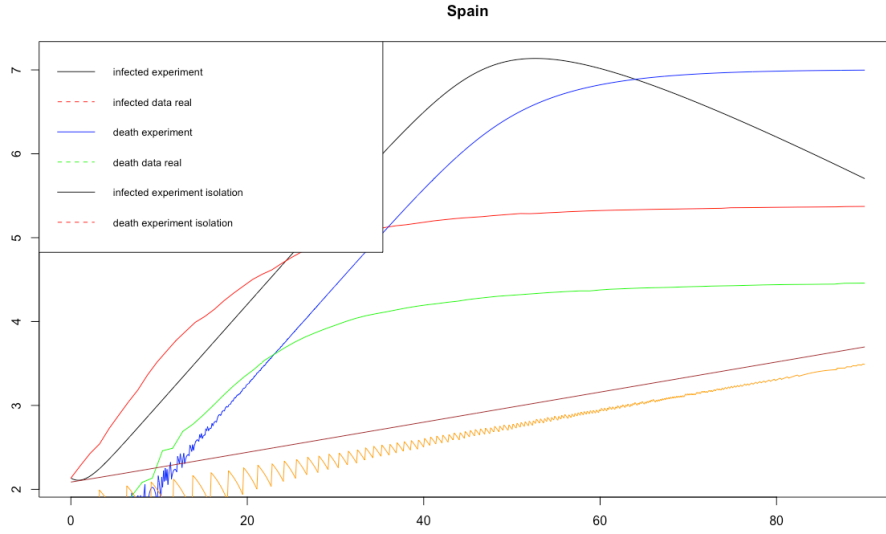
On note un léger dépassement de la France, mais la trajectoire est correcte, alors que l'accord avec l'Italie est saisissant. . . Nous remarquons un très bon accord entre les données et les simulations, ce qui est assez bizarre quand on regarde le comportement à long terme (7 signifie 10 millions ...). Ces simulations ont néanmoins le problème de prendre en compte les mesures de quarantaine prises par les gouvernements italien, espagnol et français!

Considérons maintenant le cas où on observe un effet d'isolation.

**2.2.1. Effet de l'isolement.** Nous pouvons facilement modéliser l'effet de la quarantaine(isolement total) en réduisant le nombre quotidien moyen de contacts étroits d'une personne latente, 24 pour les adultes, à 5, de sorte que la probabilité d'infection est  $\beta = 0.05 * 5 = 0.25$ . Ainsi en utilisant les paramètres définies dans l'annexe page 9 avec notre modèle *SEIR* nous allons comparer l'évolution du nombre de cas confirmés et le nombre de décès pour chaque pays lorsque ces mesures ont été prises avec ce qu'on vient de faire précédemment.

À noter que ces mesures ont été prises par le gouvernement italien le 8 Mars 2020 (13e jour après la 100e infection), la même décision a été prise le 15 Mars en Espagne (12e jour après) et le 16 Mars (13 jours après) par la France.





Ainsi on peut observer que les nouvelles données sont bien meilleures! Mais il est clair qu'il y a une inertie dans la vie réelle que notre changement brutal de paramètre dans le modèle n'a pas pu reproduire...

Néanmoins, nous voyons clairement l'impact de la quarantaine: les gens sont infectés à un rythme moindre, ce qui empêche un nombre important de flux de malades dans les hôpitaux.

### 3. PARTIE 3: LE MODÈLE SIR ET FISHER-KPP

On veut mettre en oeuvre la résolution du système non linéaire donné dans la section 4 de l'annexe.

On va se ramener à un seul problème de cauchy, non linéaire, par blocs. On note  $U = (U_1, U_2, U_3)^T$  le vecteur composé de  $U_1 = \eta_S$ ,  $U_2 = \eta_I$ ,  $U_3 = \eta_R$ .

Si on note  $\hat{A}$  la matrice de discrétisation de l'opérateur laplacien  $-\Delta$  en dimension 2, alors  $A$  est la matrice par blocs définie comme suite :

$$A = \begin{bmatrix} \hat{A} & 0 & \dots & 0 \\ 0 & \ddots & \ddots & \vdots \\ \vdots & \ddots & \hat{A} & 0 \\ 0 & \dots & 0 & \hat{A} \end{bmatrix}$$

où  $\hat{A}$  est définie par :

$$\hat{A} = \begin{pmatrix} 4/\Delta x^2 & -1/\Delta x^2 & 0 & \dots & 0 & -1/\Delta y^2 & 0 & \dots & 0 \\ -1/\Delta x^2 & 4/\Delta x^2 & -1/\Delta x^2 & 0 & \dots & \ddots & \ddots & \ddots & \vdots \\ 0 & -1/\Delta x^2 & 4/\Delta x^2 & -1/\Delta x^2 & 0 & \dots & 0 & \dots & 0 \\ \vdots & \dots & \ddots & \ddots & \ddots & \ddots & \dots & 0 & -1/\Delta y^2 \\ 0 & \dots & \dots & \ddots & \ddots & \ddots & \ddots & \ddots & 0 \\ -1/\Delta y^2 & 0 & \dots & 0 & -1/\Delta x^2 & 4/\Delta x^2 & -1/\Delta x^2 & 0 & \vdots \\ 0 & \ddots & \ddots & \dots & 0 & -1/\Delta x^2 & 4/\Delta x^2 & -1/\Delta x^2 & 0 \\ \vdots & \dots & \ddots & 0 & \dots & \dots & -1/\Delta x^2 & 4/\Delta x^2 & -1/\Delta x^2 \\ 0 & \dots & 0 & -1/\Delta y^2 & 0 & \dots & 0 & -1/\Delta x^2 & 4/\Delta x^2 \end{pmatrix}$$

où  $\Delta x = \frac{1}{N_x+1}$  et  $\Delta y = \frac{1}{N_y+1}$  avec  $N_x$  et  $N_y$  le nombre de subdivision.

Le but est de résoudre les deux équations suivantes :

$$\begin{aligned} U^{n+1} &= U^n - DhAU^n + hG(U^n) \\ (I + DhA)U^{n+1} - hG(U^{n+1} - U^n) &= 0. \end{aligned}$$

où  $(D, h)$  sont des réelles  $I$  la matrice identité,  $n$  est la boucle en temps où on calcule une approximation de la solution pour chaque instant donné et  $G$  est une fonction par blocs où chaque bloc est de taille  $(N_x \cdot N_y)$ .

On définit ainsi la fonction  $G$  par blocs de la manière suivante :

$$G(U) = \begin{bmatrix} -K_{S \rightarrow I}U_1U_0 \\ K_{S \rightarrow I}U_1U_0 - K_{I \rightarrow R}U_1 \\ K_{I \rightarrow R}U_1 \end{bmatrix}$$

En utilisant Newton la deuxième équation est équivalente à :

$$U^{n+1} = U^n - D_\phi(U^n)^{-1}\phi(U^n)$$

où :

$$\phi(U) = (I + DhA)U - hG(U) - U^n$$

$D_\phi(U^n)$  matrice jacobienne de  $\phi$  évaluer en  $U^n$  définie par :

$$D_\phi(U) = I + DhA - hD_G(U)$$

avec  $D_G$  la différentielle par blocs de la fonction  $G$  définie comme suite :

$$D_G(U) = \begin{bmatrix} -K_{S \rightarrow I}U_2 & -K_{S \rightarrow I}U_1 & 0 \\ k_{S \rightarrow I}U_2 & K_{S \rightarrow I}U_1 - K_{I \rightarrow R} & 0 \\ 0 & K_{I \rightarrow R} & 0 \end{bmatrix}$$

Nous avons ainsi programmer ces différentes méthodes et nous avons eu les résultats suivants

3.0.1. *Représentons la solution approchée obtenue à différents instants, par chacune des deux méthodes de résolution.*

3.0.2. *Analysons le comportement de ces deux méthodes en fonctions des paramètres pris.*