

POLYTECH NICE-SOPHIA

---

Projet Analyse Numérique 2 : Modélisation de la  
propagation d'une épidémie

---

ALOUI Ghaieth

KSIKS Marwan

AOURARH Yassine

Avril 2024



# Table des matières

<b>A</b>	<b>Introduction</b>	<b>3</b>
<b>B</b>	<b>Explication du modèle</b>	<b>3</b>
1	Explication des différentes grandeurs . . . . .	3
2	Explications des équations . . . . .	3
<b>C</b>	<b>Résolutoin du Probleme</b>	<b>4</b>
1	Methode de Runge-kutta d'ordre 4 . . . . .	4
2	Methode d'Euler implicite . . . . .	6
<b>D</b>	<b>Résultats obtenus</b>	<b>7</b>
1	Application du modèle . . . . .	7
2	Interpretation des courbes . . . . .	8
3	Influence des paramètres . . . . .	8
3.1	Paramètre $\alpha$ . . . . .	9
3.2	Paramètre $\beta$ . . . . .	9
3.3	Paramètre $\gamma$ . . . . .	10
3.4	Paramètre $\eta$ . . . . .	10
3.5	Paramètre $\delta$ . . . . .	11
<b>E</b>	<b>Conclusion</b>	<b>11</b>
<b>F</b>	<b>Répartition des taches du projet</b>	<b>12</b>
<b>G</b>	<b>Références</b>	<b>12</b>

## A Introduction

La crise sanitaire de la COVID-19 en 2020 a mis en évidence l'importance des modèles mathématiques dans la prévision et la gestion des épidémies. Ces modèles ont joué un rôle essentiel dans la compréhension de la propagation du virus. Cette expérience a souligné le besoin d'investir dans le développement de ces modèles pour mieux prévenir et répondre aux futures crises sanitaires, mettant en lumière le rôle crucial de la modélisation épidémiologique dans la protection de la santé publique mondiale. Dans la suite, on s'intéresse à la résolution d'un système d'équations différentielles modélisant la propagation d'un virus dans une population. Le modèle étudié est une amélioration du modèle SIR qui figure parmi les modèles les plus simples. On se propose donc de détailler sa résolution et son implémentation.

## B Explication du modèle

### 1 Explication des différentes grandeurs

Dans le modèle étudié, on considère une population  $N$  constante que l'on divise entre 4 groupes : les individus susceptibles d'être contaminés, les individus infectés, les rétablis (et résistants) et enfin les individus traités. On notera respectivement  $S$ ,  $I$ ,  $R$  et  $T$  chaque groupe de telle sorte que  $N = S + I + R + T$ . On introduit également plusieurs paramètres :

-  $\beta$  : Correspond au nombre d'individus en moyenne rencontrés par une personne par unité de temps,

-  $\gamma$  : Le taux de guérison par unité de temps,

-  $\alpha$  : Le taux d'individus infectés sélectionnés pour être traités,

-  $\eta$  : Le taux d'individus traités qui décèdent ou qui deviennent immunisés

-  $\delta$  : Le facteur caractérisant la réduction de l'infectivité du virus.

À partir de ces paramètres, on peut définir  $R_0 = \frac{\beta}{\alpha+\gamma} + \frac{\alpha}{\alpha+\gamma} \frac{\delta\beta}{\eta}$ . Ce paramètre caractérise le nombre moyen de nouvelles infections dues à un individu malade. Si ce paramètre est inférieur à 1, l'épidémie tendra à disparaître. Si  $R_0 > 1$ , l'épidémie se répandra. Pour donner un ordre de grandeurs,  $R_0$  est estimé entre 3,8 et 8,9 et celui de la grippe saisonnière entre 1,2 et 1,4.[1]

### 2 Explications des équations

Le modèle choisi nous permet d'avoir le système non linéaire suivant :

$$\begin{cases} S' = -\frac{\beta}{N}(I + \delta T)S & \text{(i)} \\ I' = \frac{\beta}{N}S(I + \delta T) - (\alpha + \gamma)I & \text{(ii)} \\ T' = \alpha I - \eta T & \text{(iii)} \\ R' = \gamma I + \eta T & \text{(iv)} \end{cases}$$

#### Explication de (i) :

Le terme  $\beta SI/N$  correspond au nombre de personnes susceptibles qui se font infecter et le terme  $\beta \delta TS/N$  correspond au nombre de personnes traitées mais toujours susceptibles qui se font infectées. La variation du nombre de personnes susceptibles par unité de temps  $S'$  est donc égale à  $-\frac{\beta}{N}(I + \delta T)S$ .

#### Explication de (ii) :

Le terme  $\alpha I$  correspond au nombre d'infectés qui sont sélectionnés pour être traités par unité de temps

et  $\gamma I$  correspond au nombre de personnes infectées qui guérissent par unité de temps. Ainsi, la variation du nombre d'infectés par unité de temps  $I'$  est égale à  $\frac{\beta}{N}S(I + \delta T) - (\alpha + \gamma)I$ .

**Explication de (iii) :**

Le terme  $\eta T$  correspond au nombre de personnes traitées qui guérissent ou qui décèdent donc la variation du nombre de personnes traitées par unité de temps  $T'$  est égale à  $\alpha I - \eta T$ .

**Explication de (iv) :**

Enfin, la variation de nombre de personnes rétablies par unité de temps  $R'$  est égale à  $\gamma I + \eta T$ .

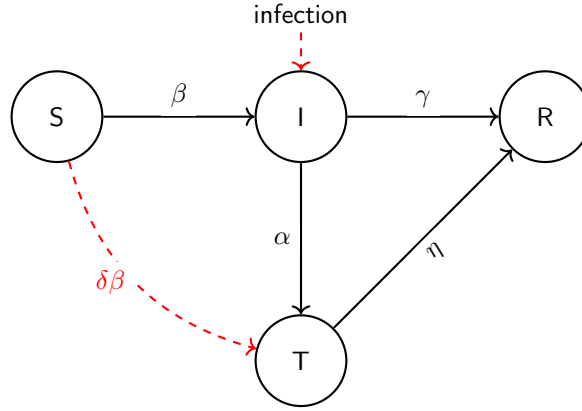


FIGURE 1 – Relations entre les différents compartiments (S,I,R,T)

## C Résolutoin du Probleme

### 1 Methode de Runge-kutta d'ordre 4

On propose d'utiliser la méthode de Runge-kutta d'ordre 4 pour résoudre numériquement le système défini précédemment.

La méthode de Runge-Kutta d'ordre 4 (RK4) consiste à utiliser des gradients à différents points à l'intérieur de chaque intervalle de temps pour approximer la variation des variables  $S$ ,  $I$ ,  $T$  et  $R$ . Voici comment elle peut être formulée pour le modèle SIRT :

Tout d'abord, nous calculons les gradients  $k_1$  à partir des équations du modèle SIR évaluées aux points  $S_n$ ,  $I_n$ ,  $T_n$  et  $R_n$  :

$$\begin{cases} k_{1S} = -\frac{\beta}{N}(I_n + \delta T_n)S_n \\ k_{1I} = \frac{\beta}{N}(S_n(I_n + \delta T_n)) - (\alpha + \gamma)I_n \\ k_{1T} = \alpha I_n - \eta T_n \\ k_{1R} = \gamma I_n + \eta T_n \end{cases}$$

Ensuite, nous utilisons  $k_1$  pour estimer les gradients  $k_2$  au milieu de l'intervalle de temps en utilisant la formule de RK2 :

$$\begin{cases} k_{2S} = -\frac{\beta}{N} \left( (I_n + \delta T_n) \left( S_n + \frac{h}{2} k_{1S} \right) \right) \\ k_{2I} = \frac{\beta}{N} \left( \left( S_n + \frac{h}{2} k_{1S} \right) \left( I_n + \delta T_n + \frac{h}{2} k_{1I} \right) \right) - (\alpha + \gamma) \left( I_n + \frac{h}{2} k_{1I} \right) \\ k_{2T} = \alpha \left( I_n + \frac{h}{2} k_{1I} \right) - \eta \left( T_n + \frac{h}{2} k_{1T} \right) \\ k_{2R} = \gamma \left( I_n + \frac{h}{2} k_{1I} \right) + \eta \left( T_n + \frac{h}{2} k_{1T} \right) \end{cases}$$

Nous répétons le processus pour obtenir les gradients  $k_3$  :

$$\begin{cases} k_{3S} = -\frac{\beta}{N} \left( (I_n + \delta T_n) \left( S_n + \frac{h}{2} k_{2S} \right) \right) \\ k_{3I} = \frac{\beta}{N} \left( \left( S_n + \frac{h}{2} k_{2S} \right) \left( I_n + \delta T_n + \frac{h}{2} k_{2I} \right) \right) - (\alpha + \gamma) \left( I_n + \frac{h}{2} k_{2I} \right) \\ k_{3T} = \alpha \left( I_n + \frac{h}{2} k_{2I} \right) - \eta \left( T_n + \frac{h}{2} k_{2T} \right) \\ k_{3R} = \gamma \left( I_n + \frac{h}{2} k_{2I} \right) + \eta \left( T_n + \frac{h}{2} k_{2T} \right) \end{cases}$$

Enfin, nous utilisons  $k_3$  pour estimer les gradients  $k_4$  à la fin de l'intervalle de temps :

$$\begin{cases} k_{4S} = -\frac{\beta}{N} ((I_n + \delta T_n) (S_n + h \cdot k_{3S})) \\ k_{4I} = \frac{\beta}{N} ((S_n + h \cdot k_{3S}) (I_n + \delta T_n + h \cdot k_{3I})) - (\alpha + \gamma) (I_n + h \cdot k_{3I}) \\ k_{4T} = \alpha (I_n + h \cdot k_{3I}) - \eta (T_n + h \cdot k_{3T}) \\ k_{4R} = \gamma (I_n + h \cdot k_{3I}) + \eta (T_n + h \cdot k_{3T}) \end{cases}$$

Enfin, la variation des variables  $S$ ,  $I$ ,  $T$  et  $R$  sur l'intervalle de temps  $h$  est calculée en utilisant une moyenne pondérée de ces gradients :

$$\begin{cases} \Delta S = \frac{1}{6} (k_{1S} + 2k_{2S} + 2k_{3S} + k_{4S}) \cdot h \\ \Delta I = \frac{1}{6} (k_{1I} + 2k_{2I} + 2k_{3I} + k_{4I}) \cdot h \\ \Delta T = \frac{1}{6} (k_{1T} + 2k_{2T} + 2k_{3T} + k_{4T}) \cdot h \\ \Delta R = \frac{1}{6} (k_{1R} + 2k_{2R} + 2k_{3R} + k_{4R}) \cdot h \end{cases}$$

Finalement, les valeurs mises à jour de  $S$ ,  $I$ ,  $T$  et  $R$  sont calculées :

$$\begin{cases} S_{n+1} = S_n + \Delta S \\ I_{n+1} = I_n + \Delta I \\ T_{n+1} = T_n + \Delta T \\ R_{n+1} = R_n + \Delta R \end{cases}$$

Ces étapes sont répétées pour chaque pas de temps  $h$  pour résoudre le système d'équations du modèle SIR sur tout l'intervalle de temps spécifié.

## 2 Methode d'Euler implicite

La deuxième méthode utilisée pour résoudre ce problème est la méthode d'Euler Implicite. Dans notre cas, on dispose de quatres équations de la forme  $y' = \phi(t, y)$ . On pose alors  $t_n = nh$ ,  $n \in \mathbb{N}$ , de sorte à avoir  $y(t_0) = y_0$ . La méthode d'Euler implicite nous donne alors l'approximation suivante :

$$y_{n+1} \approx y_n + h\phi(t_{n+1}, y_{n+1})$$

$$\text{soit } \begin{cases} S_{n+1} = S_n + h(S_{n+1} - \frac{\beta}{N}(I_{n+1} + \delta T_{n+1})S_{n+1}) \\ I_{n+1} = I_n + h(\frac{\beta}{N}S_{n+1}(I_{n+1} + \delta T_{n+1}) - (\alpha + \gamma)I_{n+1}) \\ T_{n+1} = T_n + h(\alpha I_{n+1} - \eta T_{n+1}) \\ R_{n+1} = R_n + h(\gamma I_{n+1} + \eta T_{n+1}) \end{cases}$$

Le système n'étant pas linéaire (et couplé), nous ne disposons d'aucune méthode nous permettant d'isoler les termes et ainsi appliquer la méthode d'Euler implicite directement. Pour pallier ce problème, nous utilisons la méthode de Newton en dimension  $d$  afin d'approximer chaque  $S_n$ .

Pour ce faire, nous définissons d'abord  $f : \mathbb{R}^4 \rightarrow \mathbb{R}^4$  et telle que :

$$f(x, y, z, w) = \begin{pmatrix} x - S_{n-1} - h\left(x - \frac{\beta}{N}(y + \delta z)x\right) \\ y - I_{n-1} - h\left(\frac{\beta}{N}x(y + \delta z) - (\alpha + \gamma)y\right) \\ z - T_{n-1} - h(\alpha y - \eta z) \\ w - R_{n-1} - h(\gamma y + \eta z) \end{pmatrix}$$

Ensuite, nous calculons la jacobienne de  $f$  afin de pouvoir approximer les solutions de l'équation  $f(x, y, z, w) = 0$

$$Df(x, y, z, w) = \begin{pmatrix} 1 + \frac{\beta \cdot h \cdot (y + \delta \cdot z)}{N} & \frac{\beta \cdot h \cdot x}{N} & \frac{\delta \cdot \beta \cdot h \cdot x}{N} & 0 \\ -\frac{\beta \cdot h \cdot (y + \delta \cdot z)}{N} & 1 - \frac{\beta \cdot h \cdot x}{N} + (\alpha + \gamma) \cdot h & -\frac{\delta \cdot \beta \cdot h \cdot x}{N} & 0 \\ 0 & -\alpha \cdot h & 1 + \eta \cdot h & 0 \\ 0 & -\gamma \cdot h & -\eta \cdot h & 1 \end{pmatrix}$$

Fixons maintenant  $n \in \mathbb{N}$  et posons  $x_0 = (S_0, I_0, T_0, R_0)$ . En utilisant un développement de  $f$  au point

$x_0$ , on construit la suite  $x_k = S_{n,k}$  définie par  $f(x_k) + Df(x_k)(x_{k+1} - x_k) = 0$ . Supposons que l'épidémie n'évolue plus à partir d'un certain temps  $t$ , cela implique qu'il existe  $x$  tel que  $f(x) = 0$ . Comme  $f$  est deux fois dérivable, que sa deuxième dérivée est continue et que sa jacobienne est inversible, la suite  $(x_k)_{k \in \mathbb{N}}$  converge vers la solution  $x = S_n$ . L'implémentation de la méthode Newton se fait avec deux conditions d'arrêts, une sur l'erreur et l'autre sur le nombre d'itérations. Enfin, on répète cet algorithme  $k$  fois afin d'obtenir une valeur approchée de  $S_n \forall n \in [[0, k]]$ .

## D Résultats obtenus

### 1 Application du modèle

Après l'étude théorique de la résolution du problème, nous avons implémenté les méthodes dans un programme Python qui contient toutes les méthodes décrites précédemment. Nous avons résumé notre structure de programme dans la Figure 2, qui traduit les fonctions que nous avons utilisées ainsi que les relations entre ces fonctions. Cette représentation graphique permet de visualiser clairement le flux de données et les interactions entre les différentes parties du programme, facilitant ainsi la compréhension de son fonctionnement global.

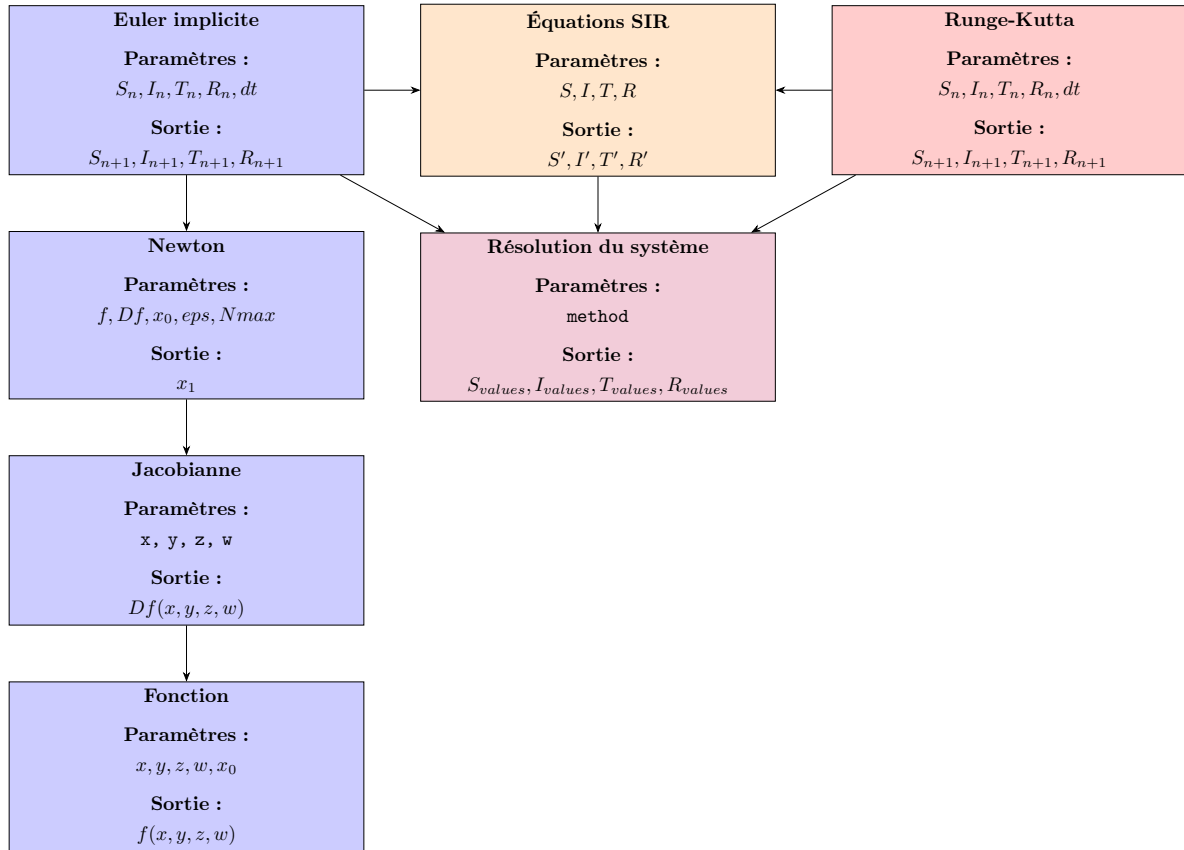
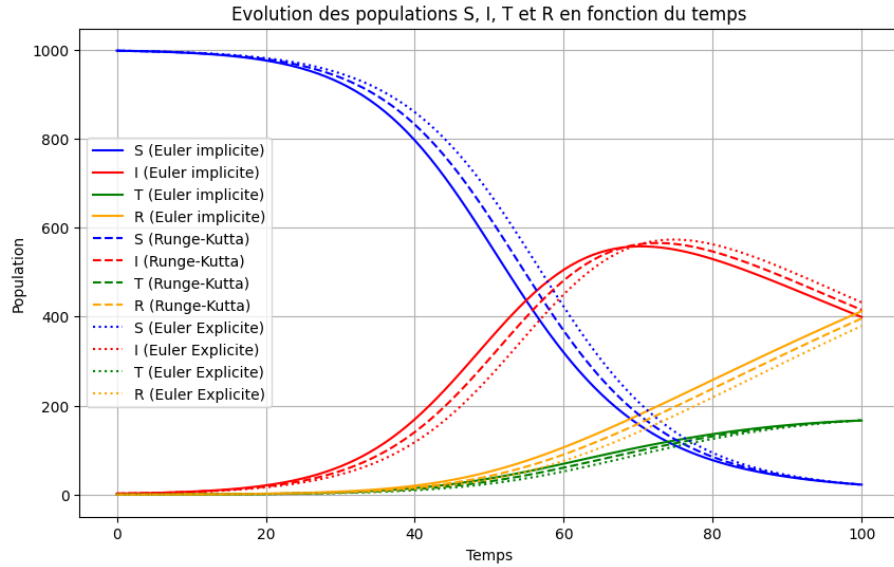


FIGURE 2 – Diagramme de flux du code Python avec les relations entre les fonctions.

## 2 Interpretation des courbes



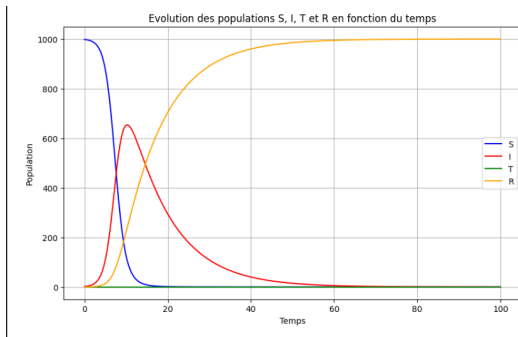
Naturellement, la population d'individus sains (**S**) diminue au fur et à mesure qu'ils sont contaminés. En parallèle, la population des rétablis (**R**) augmente au fur et à mesure qu'ils guérissent. Les courbes de la population infectée (**I**) et de la population traitée (**T**) évoluent de manière plus intéressante. En effet, la population des individus traités augmente, atteint un maximum avant de diminuer. Cela s'explique par le fait que lorsqu'un individu prend le traitement, soit il guérit, soit le traitement ne fonctionne pas et donc il reste infecté. Enfin, la courbe des individus infectés forme également un pic, appelé pic de l'épidémie, qui s'explique par le fait qu'un infecté peut guérir ou bien recevoir le traitement. Supposons que toutes les personnes infectées soient hospitalisées ; si le nombre de personnes infectées dépasse celui des hospitalisées, cela entraîne une saturation des hôpitaux, comme lors de la crise de la Covid-19.

## 3 Influence des paramètres

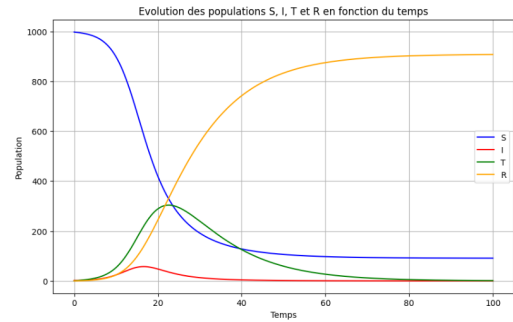
L'influence des paramètres dans le modèle est cruciale pour comprendre le comportement global du système. Chaque paramètre, tel que  $\alpha$ ,  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\eta$  et  $\delta$ , joue un rôle spécifique dans la dynamique de l'épidémie. Maintenant, nous allons examiner de plus près l'importance de chaque paramètre à travers les graphes obtenus après la résolution du problème et en jouant sur les valeurs de ces paramètres. Ces graphes nous permettront de visualiser l'impact direct de chaque paramètre sur l'évolution de la maladie et d'identifier les stratégies les plus efficaces pour contrôler sa propagation.



### 3.1 Paramètre $\alpha$

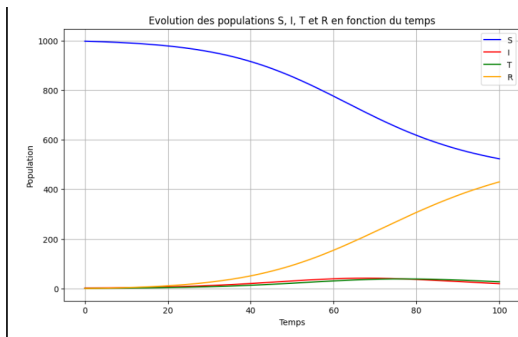


**Influence de  $\alpha$  (petit)** Moins d'infectés reçoivent un traitement, augmentant la durée et la sévérité de la phase infectieuse.

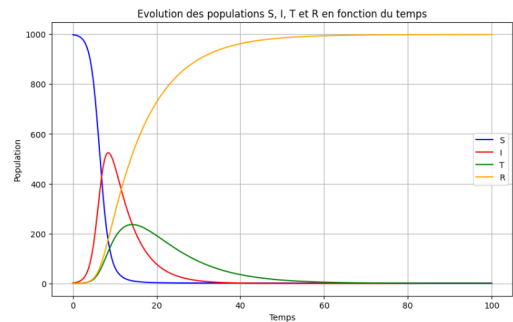


**Influence de  $\alpha$  (grand)** Les individus infectés reçoivent un traitement plus fréquemment, réduisant potentiellement la charge virale et la transmission, ce qui peut atténuer le pic des infectés.

### 3.2 Paramètre $\beta$

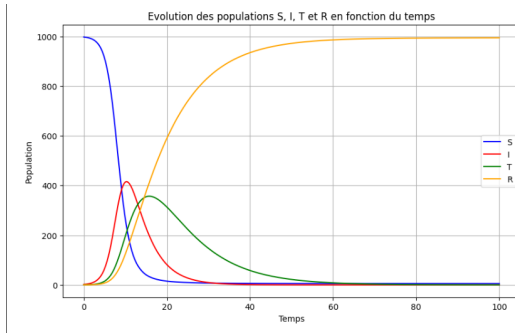


**Influence de  $\beta$  (petit)** Ralentit la propagation de l'épidémie, résultant en un pic moins aigu de la courbe des infectés.

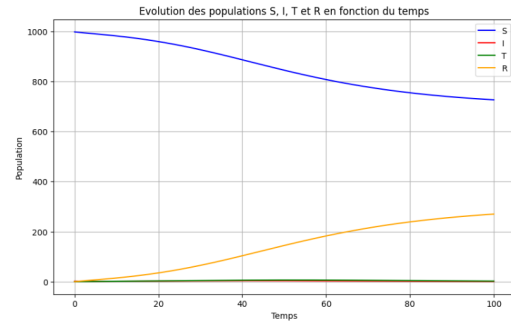


**Influence de  $\beta$  (grand)** Conduit à une augmentation plus rapide des infectés car plus de contacts conduisent à plus de transmissions.

### 3.3 Paramètre $\gamma$

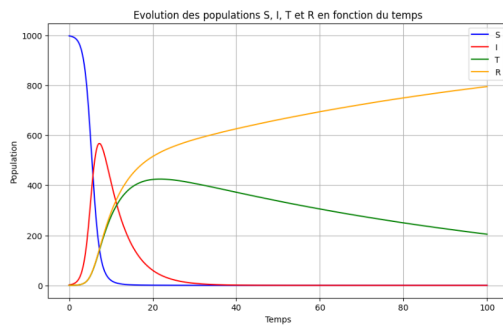


**Influence de  $\gamma$  (petit)** La durée pendant laquelle les individus restent infectés est prolongée, augmentant la zone sous la courbe des infectés.

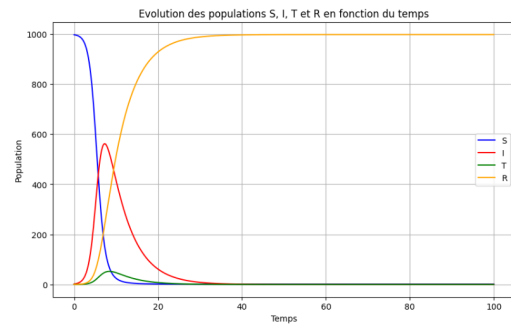


**Influence de  $\gamma$  (grand)** Plus de personnes infectées se rétablissent par unité de temps, abaissant le pic des infectés et augmentant la courbe des personnes rétablit plus rapidement.

### 3.4 Paramètre $\eta$

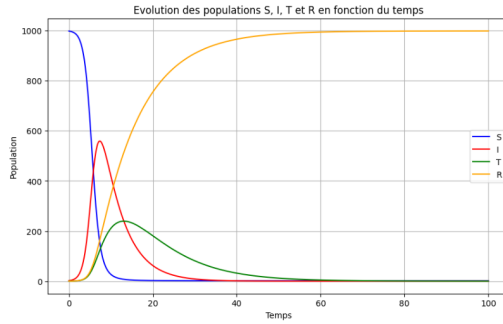


**Influence de  $\eta$  (petit)** Allonge le temps pendant lequel les individus restent dans le groupe traité, pouvant augmenter temporairement la taille de ce groupe dans la population totale.

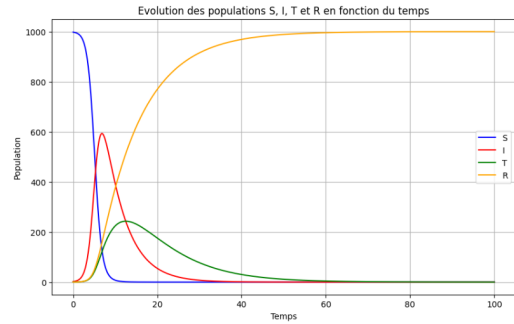


**Influence de  $\eta$  (grand)** Les individus traités soit guérissent, soit décèdent plus rapidement, ce qui réduit la population traitée (T) et augmente les rétablis (R) ou diminue la population totale en cas de décès.

### 3.5 Paramètre $\delta$



**Influence de  $\delta$  (petit)** Indique une meilleure efficacité du traitement en réduisant l'infektivité des individus traités, ce qui peut diminuer la courbe des infectés.



**Influence de  $\delta$  (grand)** Suggère une moindre efficacité du traitement à réduire l'infektivité, ce qui peut moins influencer la courbe des infectés.

## E Conclusion

Pour conclure, ce projet nous a permis de comprendre et d'avoir une idée de comment modéliser la propagation d'une épidémie grâce à des outils que nous avons étudiés cette année en analyse numérique. À travers cette étude, nous avons identifié plusieurs limites que nous allons brièvement développer : Tout d'abord, ce modèle ne prend pas en compte l'hétérogénéité de la population. Les individus dans une population ne sont pas uniformément susceptibles de contracter la maladie, et certains groupes peuvent présenter des comportements ou des caractéristiques qui influencent significativement la transmission de l'infection. Ensuite, le modèle SIRT ne tient pas compte de la dépendance temporelle des paramètres tels que le taux de transmission et le taux de récupération, lesquels peuvent changer en fonction de l'évolution de la maladie et des interventions mises en œuvre. De plus, la segmentation de la population peut ne pas être suffisante. Par exemple, dans ce modèle, on ne différencie pas les morts des personnes rétablies. Toutes ces limites sont évidemment à prendre en compte, car elles peuvent très vite mener à de mauvaises interprétations, qui elles-mêmes mènent à de mauvaises décisions, provoquant ainsi une mauvaise gestion de l'épidémie. Il est donc crucial de continuer à améliorer les modèles existants et à développer de nouvelles approches plus complexes et réalistes pour mieux comprendre et prédire la propagation des maladies infectieuses.

## F Répartition des taches du projet

Tasks	Ksiks	Aloui	Yassine
Analyse et compréhension du modèle	1h	2h	1h30
Conception de RK4		2h	2h
Code de RK4		30min	
Conception de Euler Implicite	4h	4h	4h
Code de Euler Implicite	1h	1h	
Optimisation générale du code		4h	2h
Explication du modèle	2h		
Explication de Runge-Kutta		2h	
Explication de Euler Implicite	4h		
Explication des résultats obtenus	30min	1h	2h
Mise en page et correction du rapport			30min

TABLE 1 – Temps passé sur chaque tâche (estimations très approximatives)

## G Références

- <https://nextjournal.com/essicolo/le-mod%C3%A8le-sir> [1]
- <https://www.youtube.com/watch?v=LLjQxWVJwdkt=330s> [2]
- Cours d'analyse numérique [3]