

Solveur d'EDO et simulation d'évolution d'une épidémie

I- Introduction

Le but de ce rapport est de présenter et comparer les différentes méthodes de résolution numérique d'EDO et leur implémentation sur Matlab dans le cadre d'un solveur, puis d'étudier les problématiques liées à la simulation de l'évolution d'une épidémie utilisant ce solveur.

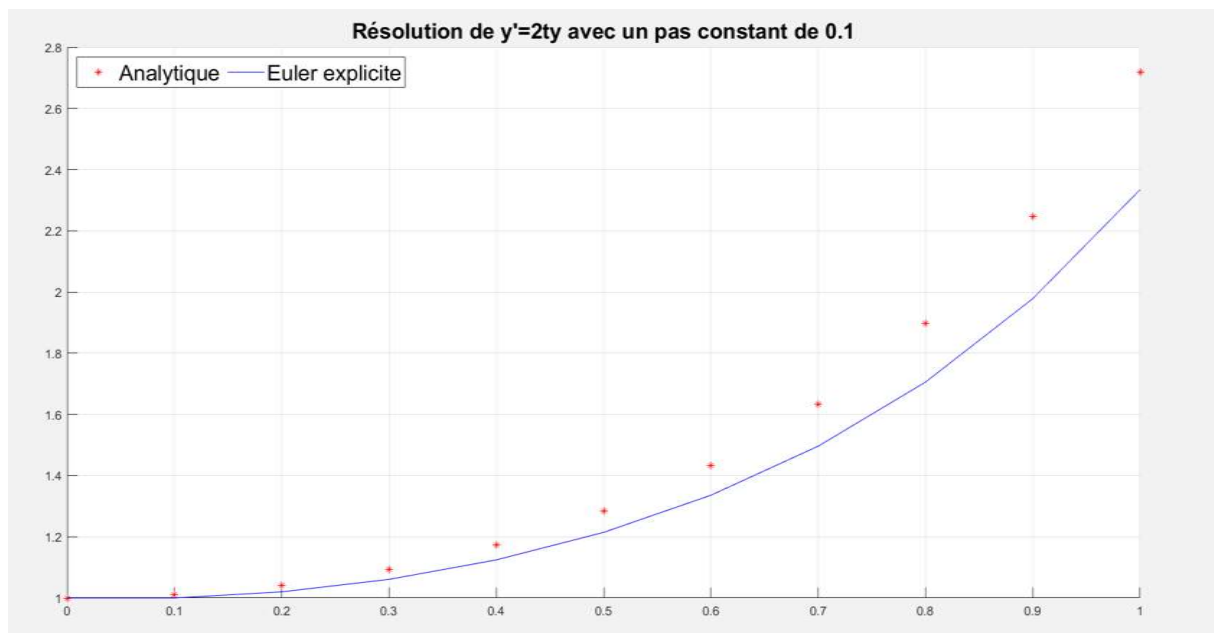
II- Solveur d'EDO

II.1 Méthode d'Euler explicite

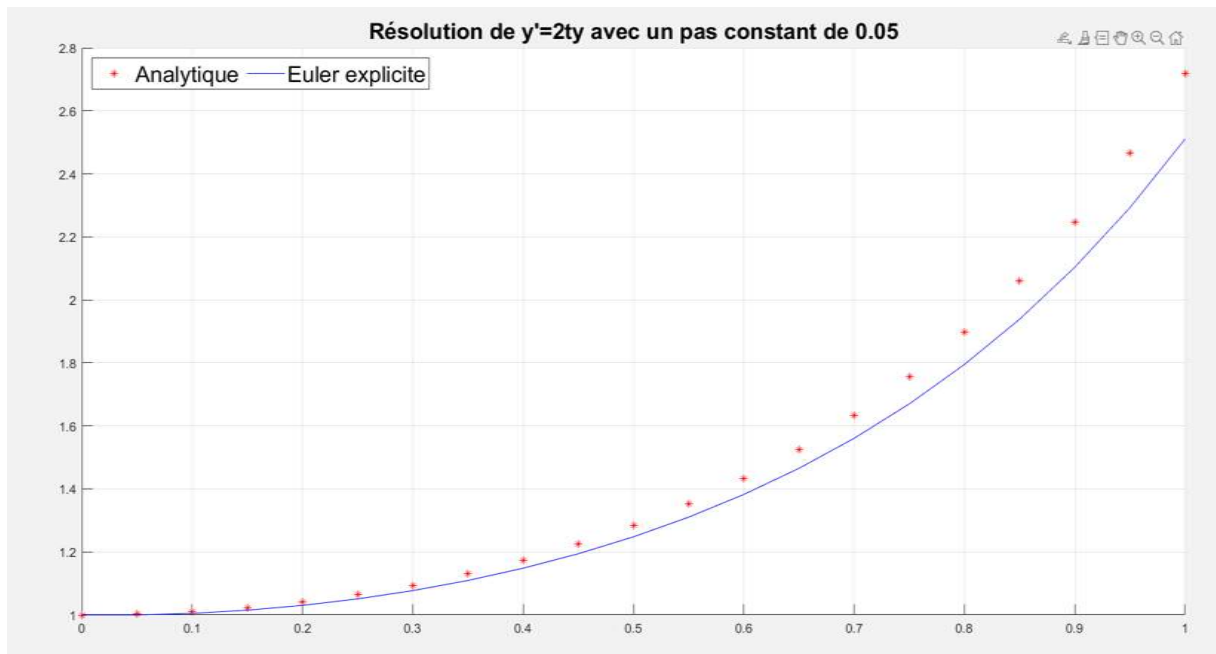
Nous avons réalisé l'implémentation de la méthode d'Euler explicite sur Matlab, et nous l'avons tout d'abord testée sur le problème de Cauchy suivant dont nous connaissons classiquement la solution analytique :

$$\begin{cases} y'(t) = 2ty(t) \\ y(0) = 1 \end{cases}$$

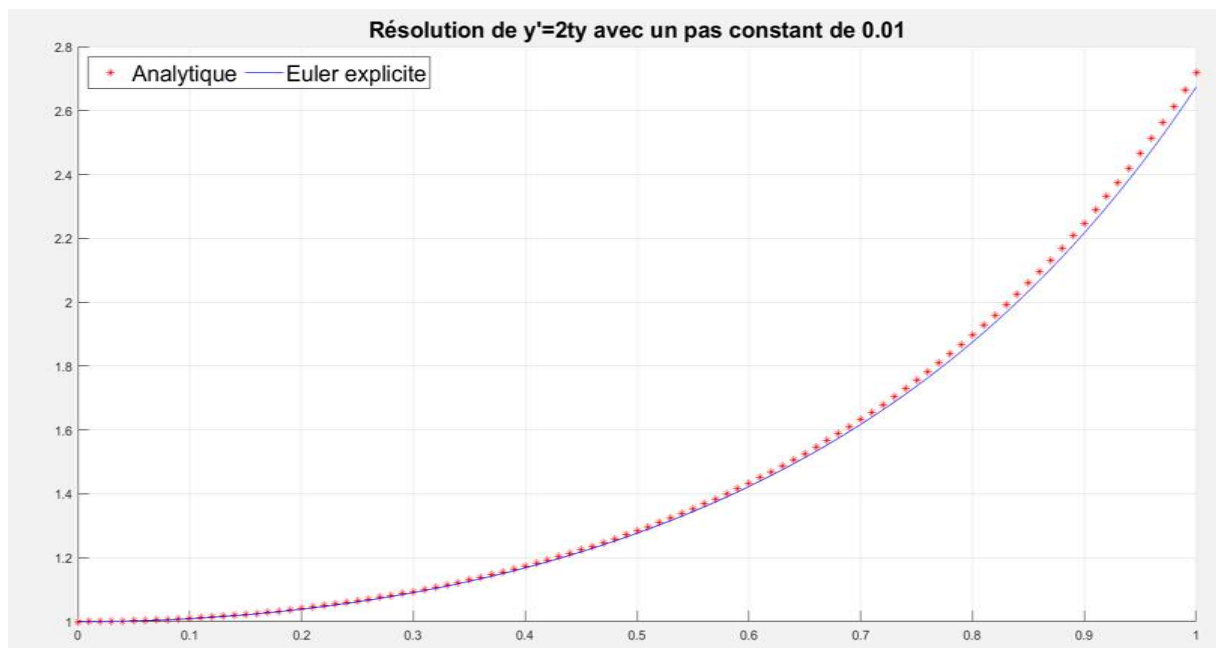
L'étude est faite dans l'intervalle $[0,1]$. Nous définissons l'erreur max comme étant la norme infinie de la différence entre le vecteur solution issu de la méthode de résolution avec le vecteur solution de la solution analytique. Nous étudions l'influence du pas sur l'erreur max.



Pour un pas de 0.1, nous avons une erreur max de 0.384.

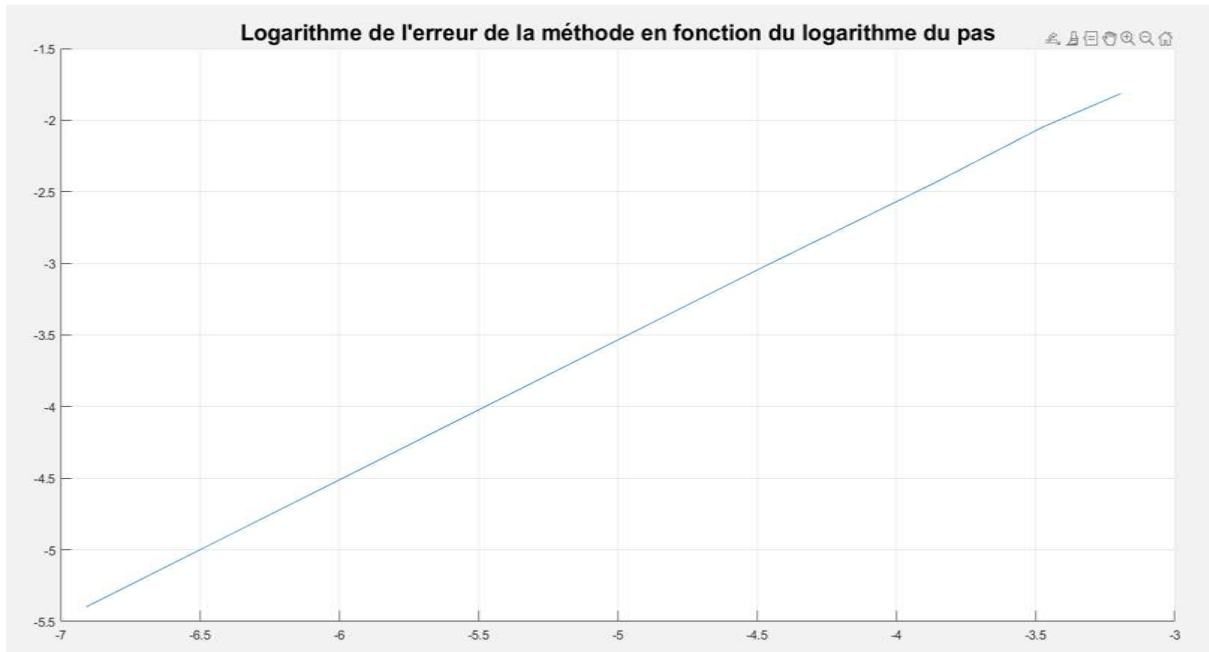


Pour un pas de 0.05, nous avons une erreur max de 0.208.



Pour un pas de 0.01, nous avons une erreur max de 0.044.

L'erreur max diminue évidemment lorsque l'on diminue la valeur du pas h . Vérifions désormais que cette méthode est bien d'ordre 1 en traçant la courbe du logarithme de l'erreur max en fonction du logarithme du pas h .

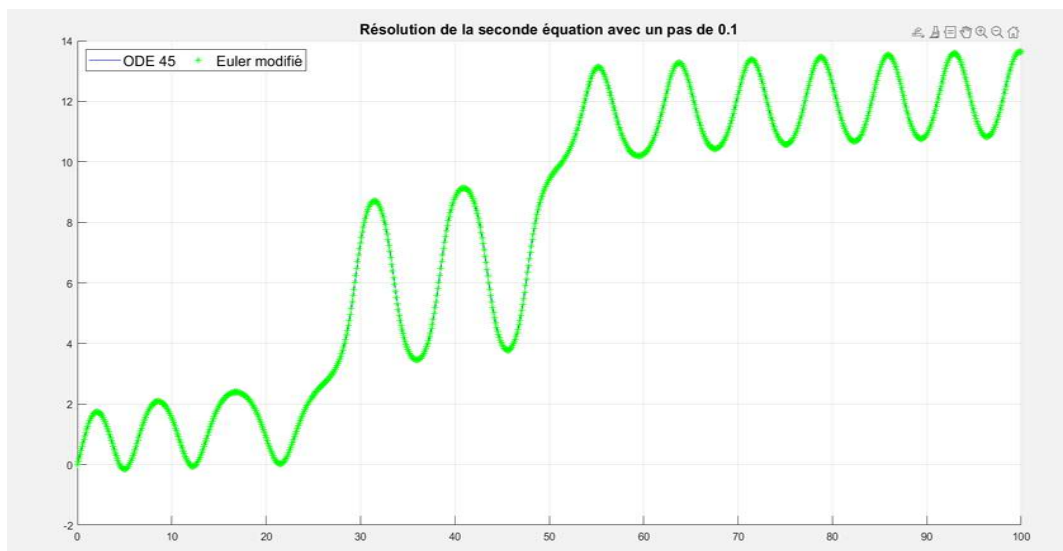


La pente est bien de 1, ce qui correspond à l'ordre global de la méthode.

II.2 Méthode d'Euler modifiée

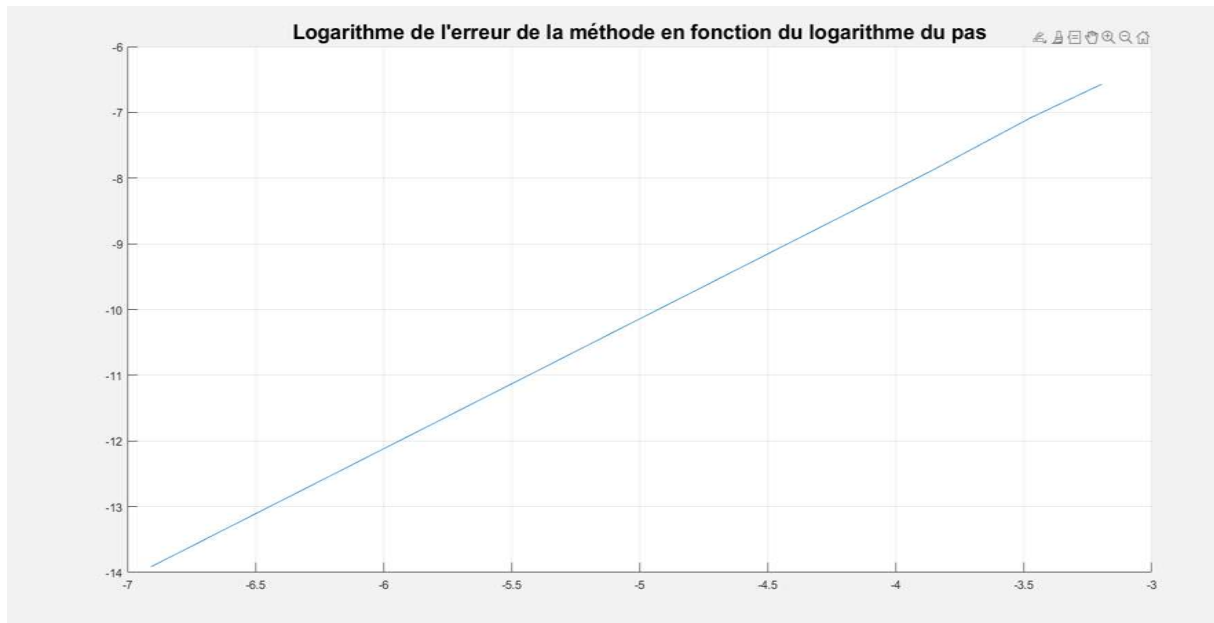
Nous implémentons la méthode d'Euler prédicteur correcteur et nous la testons sur l'équation précédente ainsi que sur une nouvelle équation cette fois-ci d'ordre 2, après l'avoir classiquement ramenée à une équation vectorielle d'ordre 1 pour qu'elle fonctionne avec notre solveur :

$$\begin{cases} y''(t) = -\frac{y(t)}{\sqrt{1+t}} + 1 - \sin(y(t)) \\ y(0) = 0 \\ y'(0) = 1 \end{cases} \quad \text{pour } t \text{ dans } [0, 100]$$



Bien que nous ne possédons pas de solution analytique, la résolution numérique permet de tracer la fonction dans l'intervalle d'étude. On ne peut étudier ici l'erreur max puisque l'on ne dispose pas de la solution analytique.

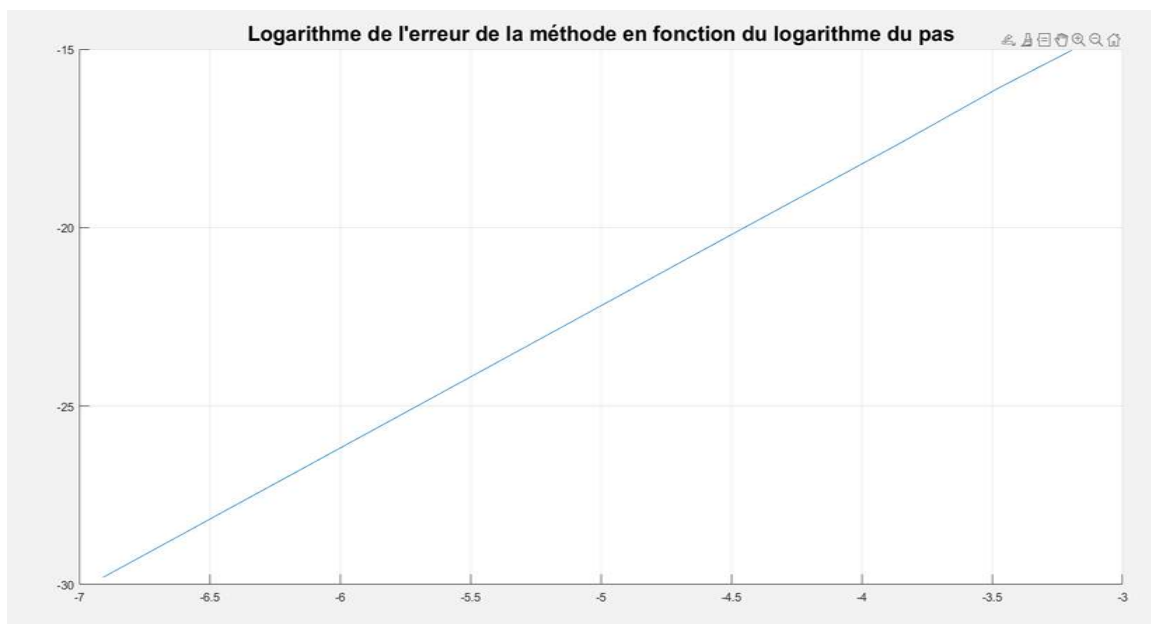
Testons l'ordre et l'erreur max de cette méthode sur la première EDO :



La pente de la courbe est de 2, ce qui confirme qu'il s'agit d'une méthode d'ordre global 2.

II.3 Méthode RK4

A nouveau, testons l'ordre global de la méthode :

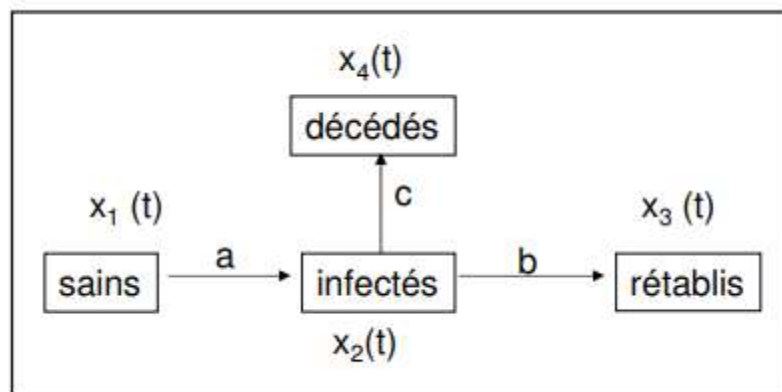


La pente est de 4. C'est donc bien une méthode d'ordre global 4, et est donc la plus précise parmi les méthodes de résolution que nous avons implémenté.

III- Simulation numérique d'épidémie

III.1 Modèle simple

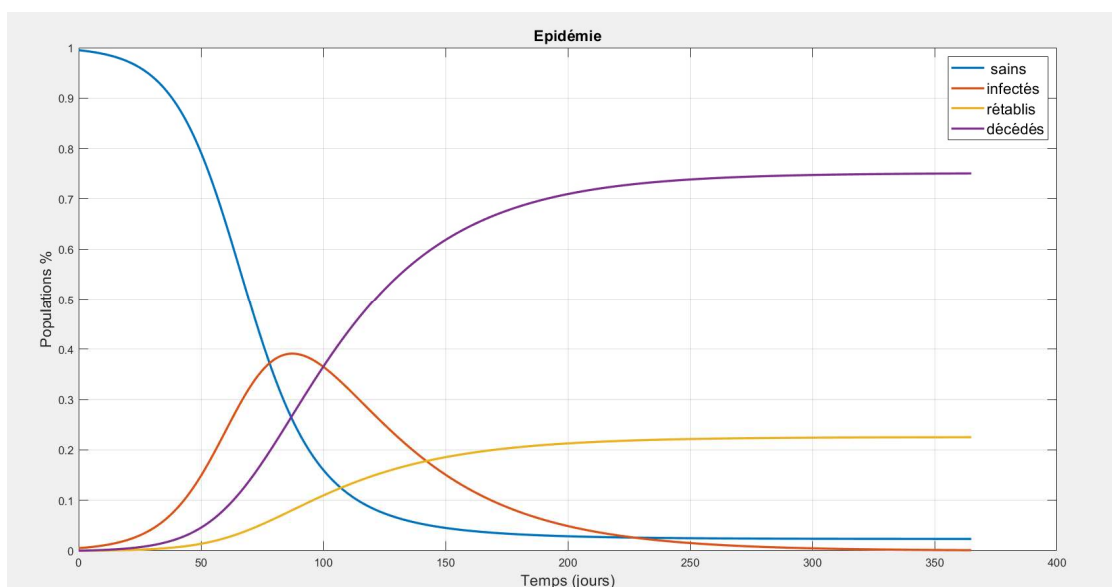
Nous souhaitons étudier numériquement l'évolution d'une épidémie. Nous commençons avec un modèle simple à 4 classes : les Sains, les Infectés, les Rétablis et les Décédés (SIRD).



Nous effectuons une première simulation avec les paramètres suivants :

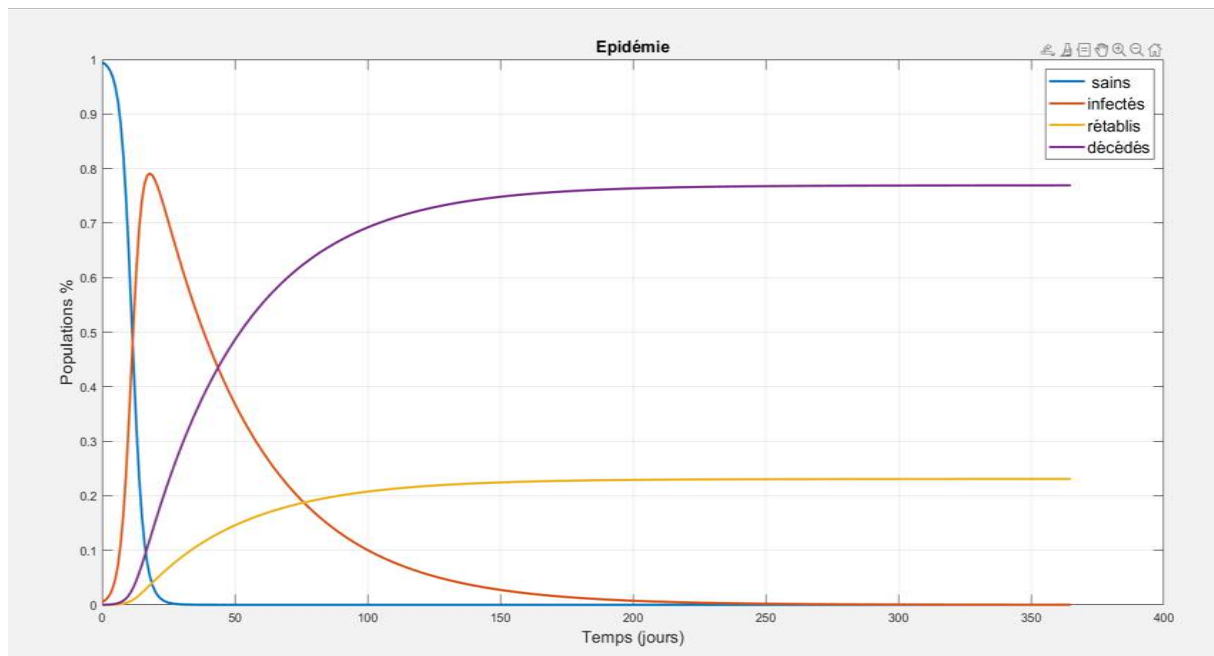
sains_ini=0.995;
infect_ini=0.005;
 $a=1.e-1$; % coef infection sains
 $b=6e-3$; % coef guerison
 $c=2e-2$; % coef mortalité

L'évolution sur 365 jours est la suivante :

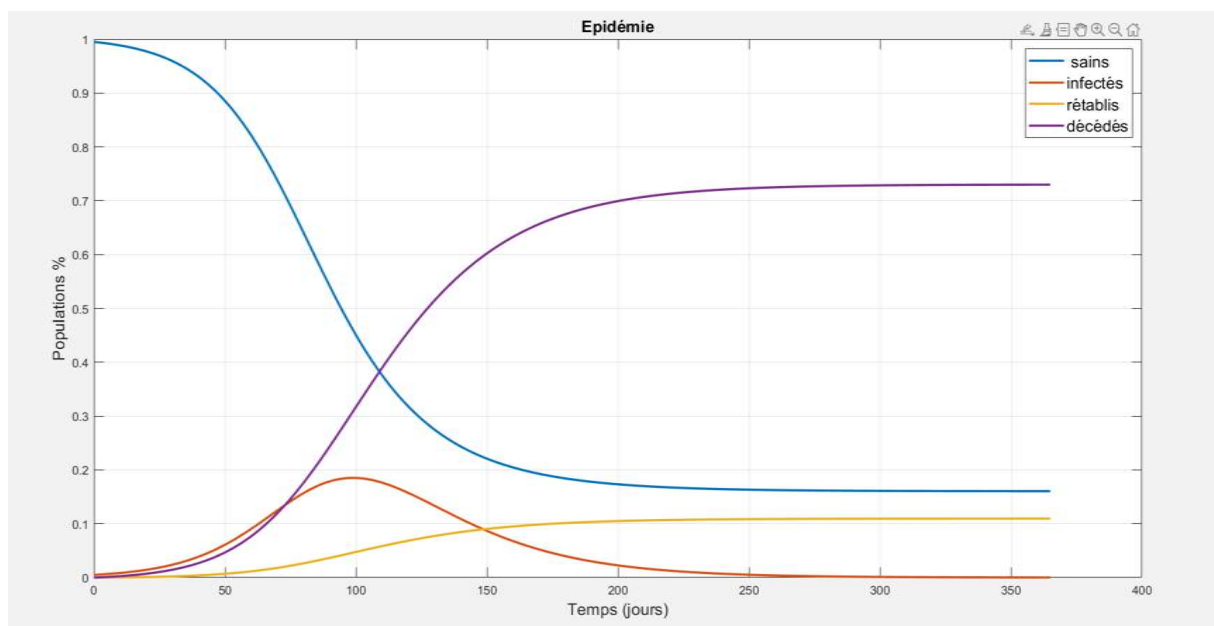


Avec ces paramètres, l'épidémie est dévastatrice et plus de 70% de la population décède au bout d'un an, près de 20% est rétablie et seule une minorité demeure saine.

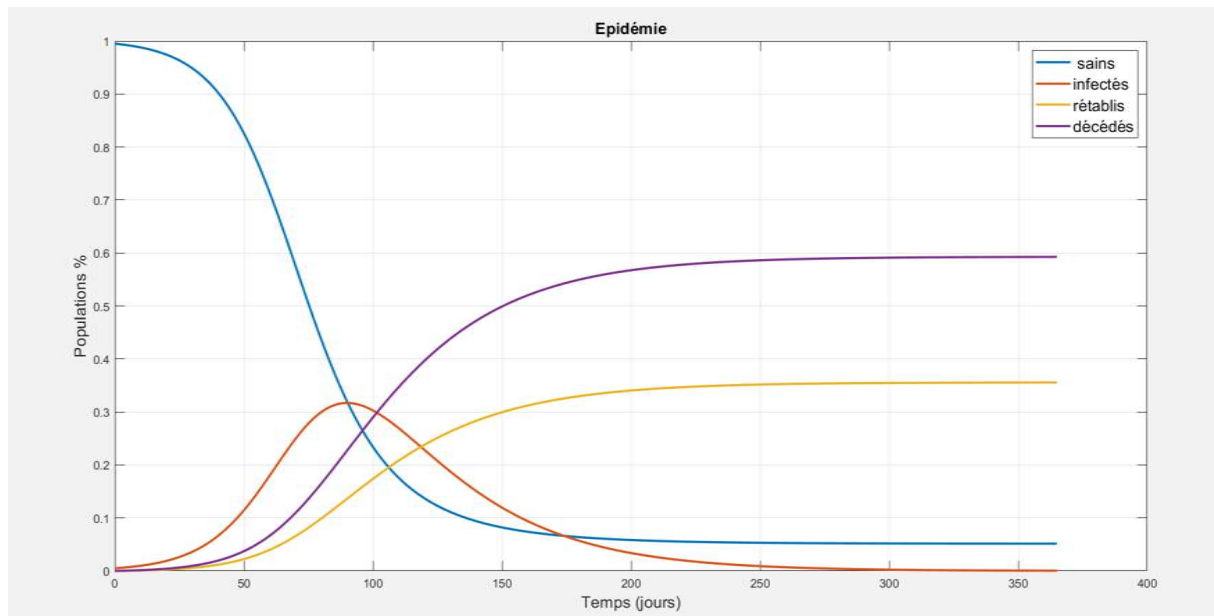
L'augmentation du paramètre a accélère l'évolution de l'épidémie, sans pour autant changer les pourcentages à long terme. Nous changeons ici uniquement $a=5 \cdot e^{-1}$:



L'augmentation du paramètre c réduit le pic d'infection ainsi que le nombre de rétablis, sans impacter le nombre de décès. Ici nous changeons uniquement $c=4e^{-2}$:



L'augmentation du paramètre **b** quant à elle impacte directement les décès à long terme qui diminuent, nous changeons ici uniquement $b=12e-3$:



III.2 Introduction du confinement

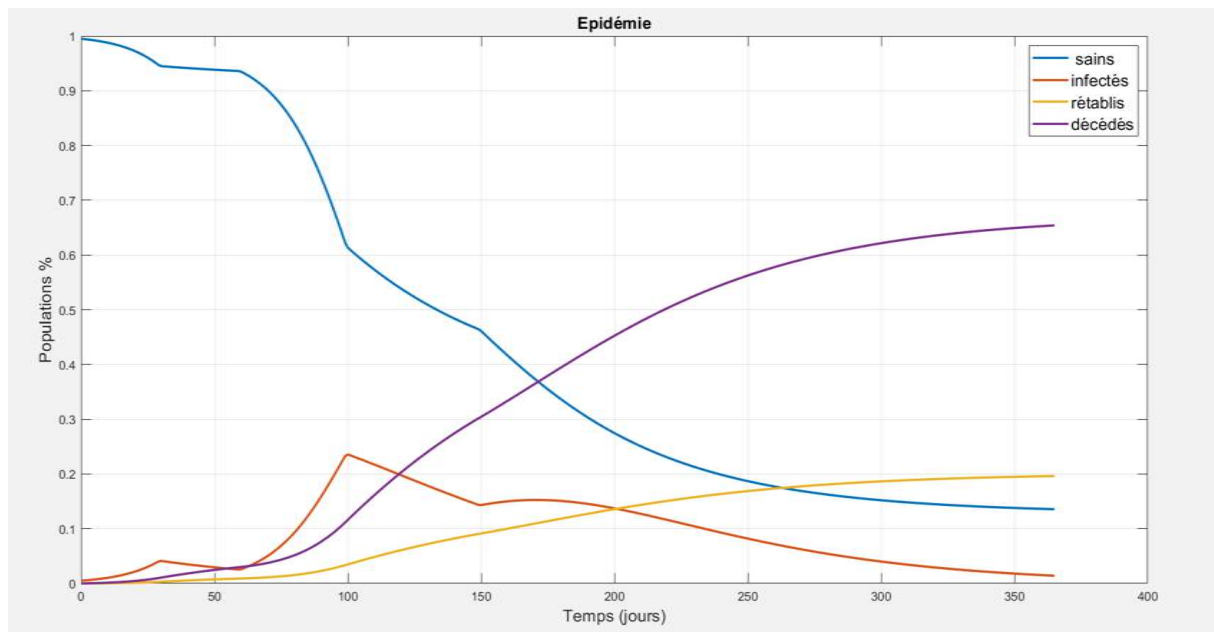
Pour modéliser le confinement, nous considérons que celui-ci met à l'abri de la contamination une certaine partie des sains. Seule la partie restante peut se contaminer avec le taux habituel **a**. (Ce n'est qu'un modèle...). On considère que $\alpha x_1(t)$ sains peuvent être contaminés. (Remarque : on peut considérer que cela revient à multiplier **a** par $\alpha < 1$...)

Par exemple, $\alpha=0.1$ serait un confinement sévère (10% des sains seulement peuvent se réinfecter). $\alpha=0.8$ serait un confinement léger (80% des sains peuvent s'infecter). $\alpha=1$: pas de confinement

Ce que l'on écrit, pour la classe 1 par exemple:

$$\frac{dx_1(t)}{dt} = -a \times x_2(t) \times (\alpha x_1(t))$$

La simulation avec les paramètres de base est la suivante :



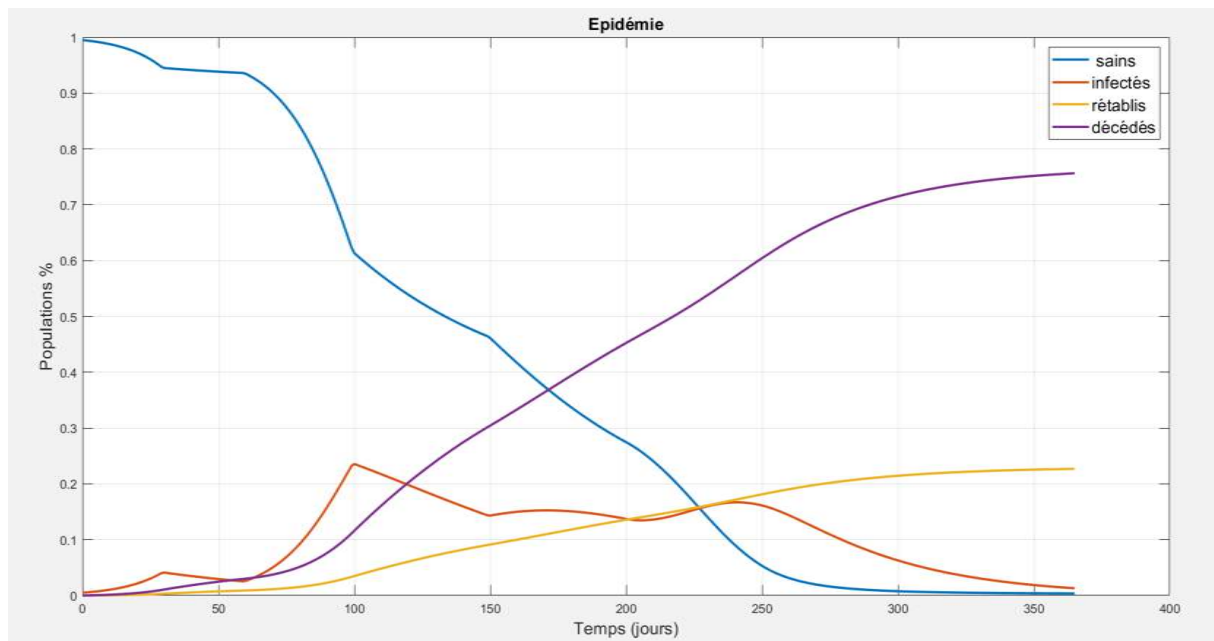
L'introduction du confinement réduit les décès à long terme et perturbe en fonction de la sévérité des confinements successifs les pics d'infections. Cela n'impacte en revanche pas l'évolution des rétablissement directement avec notre modèle, mais seulement indirectement puisqu'il y a moins d'infections à cause du confinement.

III.3 Introduction du variant

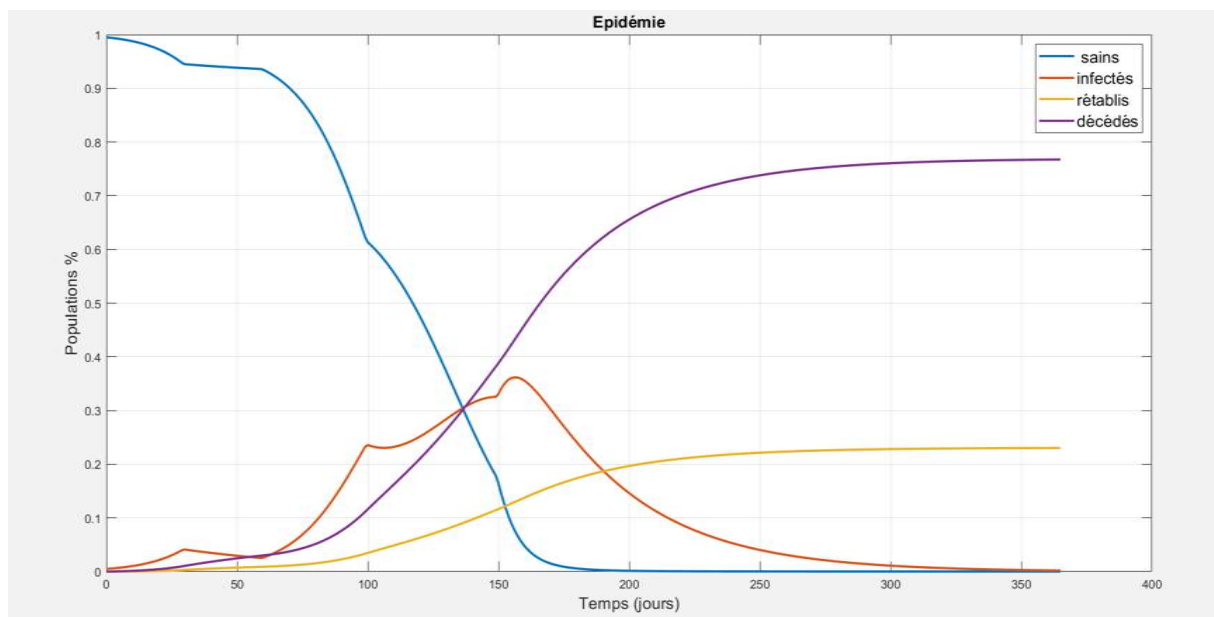
A partir d'un certain moment, τ_{var} , on introduit la présence d'un variant en augmentant le coefficient de contagion α . Cette augmentation peut se faire progressivement (le variant prend progressivement la place du virus initial)

On fera augmenter α en le multipliant par un facteur $\beta(t)$, avec $1 < \beta(t) < \beta_{\text{max}}$, $\beta(t)$ croissant sur une période de 50 jours, $\beta(\tau_{\text{var}}) = 1$, $\beta(\tau_{\text{var}} + 50) = \beta_{\text{max}}$, puis constant ensuite, $= \beta_{\text{max}}$

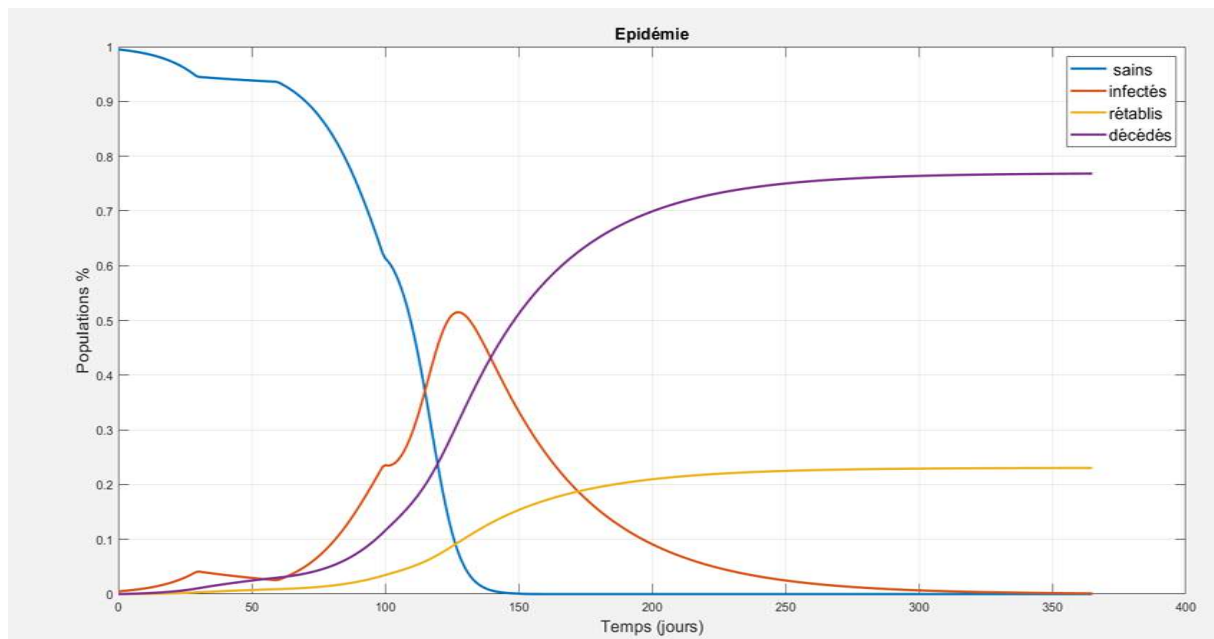
Nous réalisons la simulation avec les données de bases ($T_{\text{var}}=200$, $B_{\text{max}}=5$) :



La réduction de **Tvar** accélère l'épidémie et les infections mais sans pour autant modifier les pourcentages finaux. Changeons par exemple ici $Tvar = 100$:



L'augmentation de **Bmax** augmente le pic d'infection bien que l'augmentation soit contrebalancée par la mise en place des confinements. Les confinements semblent donc être un bon moyen de contrer le variant. Nous prenons ici $Tvar=100$, $Bmax=20$, et les paramètres de confinements successifs précédemment utilisés :



III.4 Introduction 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.

$$nlitsdisp(t) = \max(0, nlits - x_3(t))$$

et le taux d'infectés pouvant être hospitalisé est : $\min(h \cdot x_2(t), nlitsdisp(t))$

Le taux d'hospitalisés se rétablissant est proportionnel au nombre d'hospitalisés, coefficient de proportionnalité noté hr (hospitalisés rétablis)

Le taux d'hospitalisés décédant est proportionnel au nombre d'hospitalisés avec un coefficient noté hc

