SIMULATION D’UNE ÉPIDÉMIE

R.Coquidé (04/06/2021)

Dans cette étude on note indistinctement : **Log(x) = ln(x)** (log népérien)

I) LE MODÈLE « SIR »

Considérons un pays (non précisé) de population de **N = 67 000 000** d’habitants soumis à une attaque virale se propageant entre humains. On se propose de programmer, en **J,** une simulation de cette épidémie.

Rappelons un vieil adage qui devrait être écrit en 1e page de tout ouvrage traitant de statistiques ou de simulation informatique :

« ***Tous les modèles mathématiques sont faux,***
Mais certains peuvent être utiles. »

Un « excellent modèle mathématique» devrait être simple à comprendre et à programmer, nécessiter peu de variables, peu de précision de leurs valeurs initiales, peu de paramètres (eux-mêmes facilement mesurables), et devrait fournir, rapidement, une grande précision concernant l’évolution des variables décrivant le phénomène étudié.

C’est parfaitement utopique !

Le modèle « **S I R** », connu depuis les années 1920, est étudié ici. La population est divisée en 3 parties **S, I** et **R** :

$$S(t) \xrightarrow{B.S.I/N} I(t) \xrightarrow{G.I} R(t)$$

S : nombre d’individus **S**ains et **S**usceptibles d’être infectés
I : nombre d’individus **I**nfectés et contaminants
R : nombre d’individus **R**établis, immunisés non contaminants
N : population totale. On a **N = S(t) + I(t) + R(t)** pour tout **t ≥ 0**
G : taux de guérison = 1 / durée moyenne d’infection (en nb de jours)
B : taux de contamination

Système d’équations **(a)**

S(t+h) = S(t) – (B.S(t).I(t)/N).h	unité de temps : jour
I(t+h) = I(t) + (B.S(t).I(t)/N – G.I(t)).h	h : pas
R(t+h) = R(t) + G.I(t).h	

Entre les temps **t** et **t+h**, le nombre des nouveaux contaminés est proportionnel au nombre des contacts possibles **S(t)** . **I(t)** multiplié par un facteur fonction décroissante de **N** (la probabilité moyenne de chaque contact possible est fonction décroissante de **N**) et enfin par **h**.
Dans ce modèle on utilise (arbitrairement !?!?!?) **B/N,** ce qui suppose la population parfaitement homogène (!?!?!?).

<u>Système d'équations</u> (b)
A partir du système (a), dans les 2 membres de chacune des 3 équations, on retranche respectivement S(t), I(t) et R(t), on divise tout par h et on fait tendre h vers 0. On obtient le système d'équations différentielles :

$$dS/dt = -B.S(t).I(t)/N$$
$$dI/dt = B.S(t).I(t)/N - G.I(t)$$
$$dR/dt = G.I(t)$$

Enfin, on note **s(t)=S(t)/N**, **i(t)=I(t)/N**, **r(t)=R(t)/N**. On obtient alors le système d'équations différentielles :

$$\boxed{\begin{array}{ll} ds/dt = -B.s(t).i(t) & (b1) \\ di/dt = B.s(t).i(t) - G.i(t) & (b2) \\ dr/dt = G.i(t) & (b3) \\ s(t) + i(t) + r(t) = 1 & (b4) \end{array}}$$

(pour tout t positif ou nul)
s(t) = proportion dans la population d' individus <u>s</u>ains et <u>s</u>usceptibles de devenir infectés.
i(t) = proportion dans la population des individus <u>i</u>nfectés et contaminants.
r(t) = proportion dans la population des individus <u>r</u>établis et immunisés après avoir été infectés.

Confinement, tests et isolation, médicament.

Si une proportion C1 de la population est confinée, le nombre des contacts possibles S(t).I(t) devient $(1-C1)^2.S(t).I(t)$, ce qui revient à **remplacer B par B1 = $B.(1-C1)^2$.**

Si une proportion C2 des infestés est isolée après test, le nombre des contacts possibles S(t).I(t) devient (1-C2).S(t).I(t), ce qui revient à **changer B en B1= B.(1-C2).**

Si un médicament diminue d'une proportion C3 la durée d'infection, le nombre des guérisons G.I(t) devient G.I(t)/(1-C3), ce qui revient à **remplacer G par G1=G/(1-C3).**

Si certaines personnes portent un masque, se lavent ou se désinfectent fréquemment les mains, respectent une « distanciation … sociale », ou si on institue un couvre-feux, c'est équivalent au confinement précédent avec une certaine valeur de **C1.**

On aura donc dans tous les cas (avec C1,C2,C3 éventuellement nuls) :

B remplacé par **$B1 = B.(1 - C1)^2.(1 - C2)$**
G remplacé par **$G1 = G/(1 - C3)$**
$C1, C2, C3 \in [0 ; 1[$
C1 : proportion de confinés dans la population,
C2 : proportion d'infectés qui sont isolés après test.
C3 : diminution relative de la durée d'infection par un médicament.
L=B/G devra être remplacée par **$L1=B1/G1=L.(1-C1)^2.(1-C2).(1-C3)$**

D'où le système **(c)** d'équations (utilisé pour une étude analytique) :

$$ds/dt = - B1.s(t).i(t) \qquad (c1)$$
$$di/dt = B1.s(t).i(t) - G1.i(t) \qquad (c2)$$
$$dr/dt = G1.i(t) \qquad (c3)$$
$$s(t) + i(t) + r(t) = 1 \qquad (c4)$$

Le nombre moyen de personnes contaminées par **1** infecté pendant la durée de son infection est **$nc(t) = L1.s(t)$**

Pour une simulation numérique, on remplace une dérivée par une approximation. La variable t cesse d'être continue (pas = 1 jour).
$t \Rightarrow k \in \{0\ 1\ 2\ 3\ \dots\ NJ\}$, k étant le numéro du jour (de 0 à NJ)
$(df/dt) \Rightarrow (f_{k+1}-f_k)/1$ qui est une approximation d'**ordre 1 :**
On lui préférera, si possible, une approximation d'**ordre 2 :**
$(df/dt) \Rightarrow (f_{k+1} - f_{k-1})/2$

Système d'équations (d)

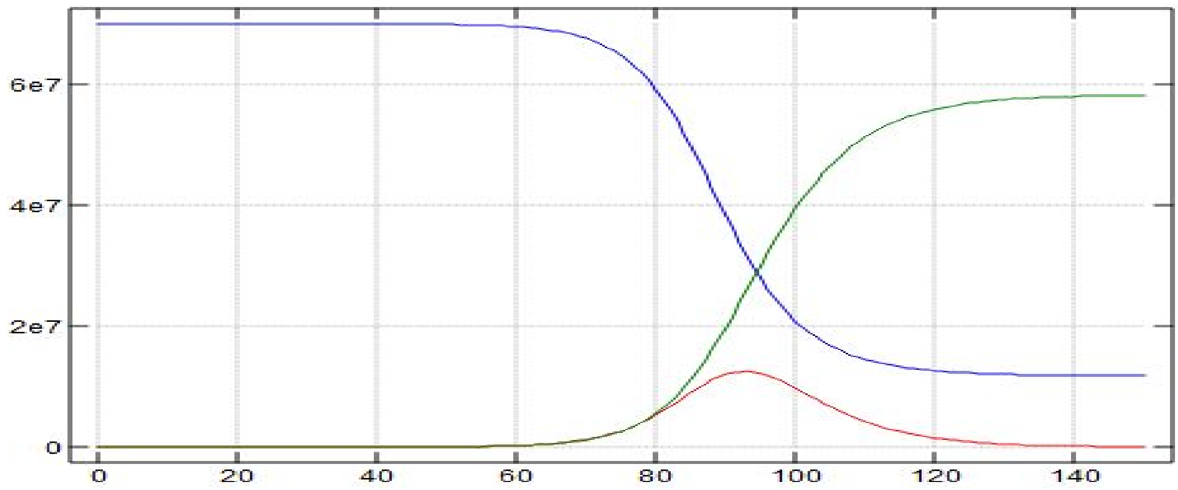
Ordre 1	**Ordre 2**
$s_k = s_{k-1} - B1 . s_{k-1} . i_{k-1}$	$s_k = s_{k-2} - 2 . B1 . s_{k-1} . i_{k-1}$
$i_k = i_{k-1} + B1 . s_{k-1} . i_{k-1} - G1 . i_{k-1}$	$i_k = i_{k-2} + 2 . B1 . s_{k-1} . i_{k-1} - 2 . G1 . i_{k-1}$
$r_k = r_{k-1} + G1. i_{k-1}$	$r_k = r_{k-2} + 2 . G1. i_{k-1}$
$s_k + i_k + r_k = 1$	$s_k + i_k + r_k = 1$
$1 \le k \le NJ$	$2 \le k \le NJ$

A) __Approche analytique du modèle__ **« SIR »**

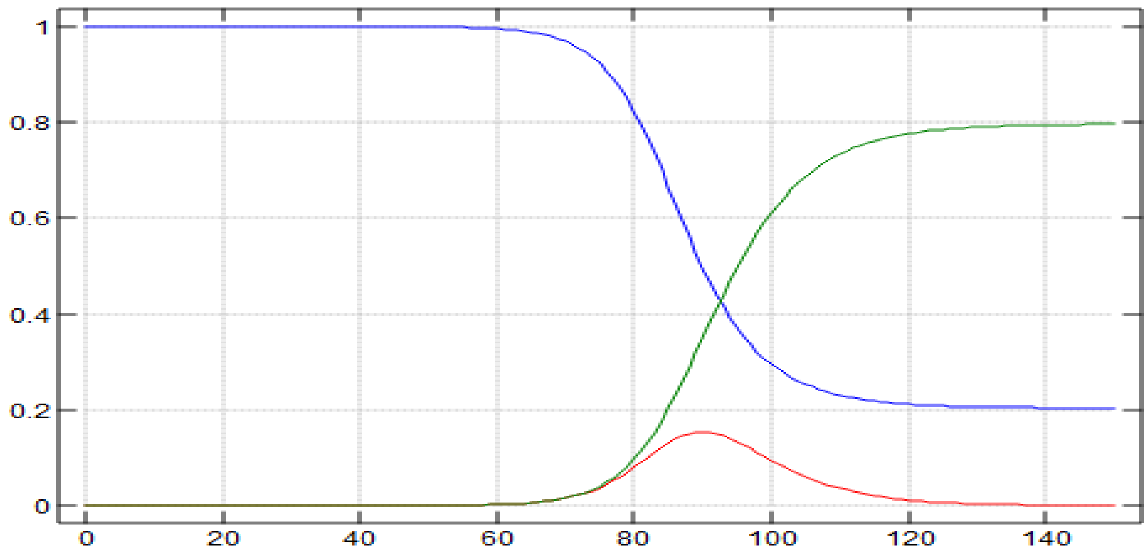
On ne sait pas résoudre (au moyen d'une solution générale) le système **(c)** d'équations différentielles non linéaires.
Dans ce qui suit, on pose **L1 = B1/G1** (dans la littérature, L1 est souvent noté R0 ce qui est ambigu).
Si, au temps t=0 il y a I(0)=1 infecté, S(0) = N-1 et R(0) = 0
(c2) ==> $(dI/dt)_{t=0}$ = B1.S(0).I(0)/N – G1.I(0) = B1.(N-1)/N – G1 ≈ B1-G1
Il ne peut y avoir épidémie que si B1-G1 > 0 c'est-à-dire L1>1

Epidémie si L1 > 1 ; Cas isolé sans épidémie si L1 < 1 (c5)

On suppose dans la suite **L1 = B1/G1 > 1**
Voici l'allure générale des courbes (ici sur NJ = 150 jours) :



S(t) I(t) R(t)



s(t)=S(t)/N i(t)=I(t)/N r(t)=R(t)/N

a) <u>Étude des constantes caractéristiques</u>

Dans ce qui suit, nous noterons :

L = B/G ; L1 = B1/G1 = L . (1–C1)^2. (1–C2) . (1–C3)
s0 = s(0) ; **i0** = i(0) ; **r0** = r(0) (conditions initiales)
T = valeur de t où i(t) atteint son maximum i(T)
sT = s(T) ; **iT** = i(T) = max i(t) ; **rT** = r(T)
sinf = lim (t→∞) s(t) ; **iinf** = 0 ; **rinf** = lim (t→∞) r(t)

On trouve (voir annexe mathématique A1) :

Log(s(t)+L1.r(t) = A = cste = Log(s0)+L1.r0 t ϵ [0,∞[(c5)

sT =1/L1 (c6)

iT = 1 – r0 – (1+Log(L1.s0))/L1 (c7)

rT = r0 + Log(L1.s0)/L1 (c8)

Le maxi de rT est **rT_{max}= r0+s0/e=r0+0,368.s0** pour **L1 = e/so=2,718/s0**

sinf = y et **rinf = 1 – y** où **y** est solution de l'équation : **(c9)**

Log(y) – L1.y + A1 = 0 où **0 < y < sT**

avec **A1 = L1.(1 – r0) – Log(s0) = L1 - A**

$$T=\frac{1}{B1.b}\cdot\ln\left(1+\frac{b}{a}\cdot(s0-sT)\right)-\frac{1}{B1}\cdot\int_{0}^{s0-sT}\left(\frac{Num(y)}{Den(y)}\right)\cdot dy \qquad \textbf{(c10)}$$

où : **a = s0 . i0** **b = s0 – i0 – sT**

Num(y) = sT . y + y^2 + sT . (s0 – y) . Log(1 – y/s0)

Den(y) = (a + b . y) . (s0 – y) . (i0 + y + sT . Log(1 – y/s0))

Ces résultats sont programmés dans l'espace de travail **« EPIDEMIE-CONSTANTES-SIR.ijs »** présenté dans l'annexe informatique **B1.** Le pro-adverbe **« Constantes_SIR »** permet de calculer ces constantes :

```
Res =. (S0,I0,R0)  Constantes_SIR  N,B,G,C1,C2,C3
Res =. Constantes_SIR  N,B,G,C1,C2,C3
        (par défaut : S0=N-1 ; I0=1 ; R0=0)
 'B1  G1  L1  s0  i0  r0  T  sT  iT  rT  sinf  rinf' =. Res
```

b) Simulation numérique « SIR »

Les calculs (voir annexe mathématique **A2**) sont programmés (voir annexe informatique **B2**). L'espace de travail **« EPIDEMIE-SIR.ijs »** se trouve en **B2** et contient 2 pro-adverbes : **« SIR »** et **« MULTI_SIR ».**

Utilisation :

```
Res =. (S0, I0, R0)  NJ  SIR N, B, G, C1, C2, C3
Res =. NJ  SIR N, B, G, C1, C2, C3
     (par défaut S0=N-1 ; I0=1 ; R0=0)
's  i  r  nc' =. Res
```

Conditions initiales au jour k=0 :

S0 : nombre d'individus sains susceptibles d'infection

I0 : nombre d'individus infectés

R0 : nombre d'individus rétablis après infection

NJ : nombre de jours de simulation

Paramètres :

N : population

B : proportion de contacts créant une infection par jour

G : 1/ durée moyenne d'infection en nb de jours

C1 : proportion d'individus confinés dans la population

C2 : proportion d'infectés testés et isolés

C3 : proportion de réduction de la durée d'infection par un médicament

Résultats :

Res : matrice de 4 lignes et **NJ** colonnes

s : proportion d'individus sains (vecteur de **NJ** composantes)

i : proportion d'infectés (vecteur de **NJ** composantes)

r : proportion de rétablis après infection (vecteur de **NJ** composantes)

nc : nombre moyen de contaminés par 1 infecté pendant la durée de son infection (vecteur de NJ composantes ; on a **nc(0) = L1**).

(Remarque : **nc** et **L1** sont souvent nommés **R0**, ce qui est ambigu).

MULTI_SIR avec divers paramètres sur plusieurs périodes :

Utilisation :

Res =. (S0 , I0, R0)   NJ   MULTI_SIR   Par
Res =. NJ MULTI_SIR   Par
(par défaut S0=N-1; I0=1; R0=0)
NJ : vecteur de **NP** composantes   (**NP** : nb de périodes)
Par =. N ; B ; G ; C1 ; C2 ; C3
(**Par** : vecteur de boîtes contenant chacune **1** nombre ou **NP** nombres)
's i r nc' =. Res

Conditions initiales au jour k=0 :

S0 : nombre d'individus sains susceptibles d'infection
I0 : nombre d'individus infectés
R0 : nombre d'individus rétablis après infection

NJ : vecteur de **NP** composantes (nb de jours de chaque période)

Paramètres : **Par =. N ; B ; G ; C1 ; C2 ; C3**

(chaque boîte de **Par** contient **1** nombre ou **NP** nombres)

N : population
B : proportion de contacts créant une infection par jour
G : 1/ durée moyenne d'infection en nb de jours
C1 : proportion d'individus confinés dans la population
C2 : proportion d'infectés testés et isolés
C3 : proportion de réduction de la durée d'infection par un médicament

Résultats : en posant **nj** = 1 + somme des **NJ** jours de chaque période

Res : matrice de 4 lignes et **nj** colonnes
s : proportion d'individus sains (vecteur de **nj** composantes)
i : proportion d'infectés (vecteur de **nj** composantes)
r : proportion de rétablis après infection (vecteur de **nj** composantes)
nc : nombre moyen de contaminés par **1** infecté pendant la durée de son infection (vecteur de **nj** composantes).
(Remarque : **nc** et **L1** sont souvent nommés **R0**, ce qui est ambigu).

B) Utilisation du système d'équations (d) pour une simulation
On exécute le pro-adverbe « **SIR** » (voir annexe **B2**) sur **NJ** jours.

Utilisation :

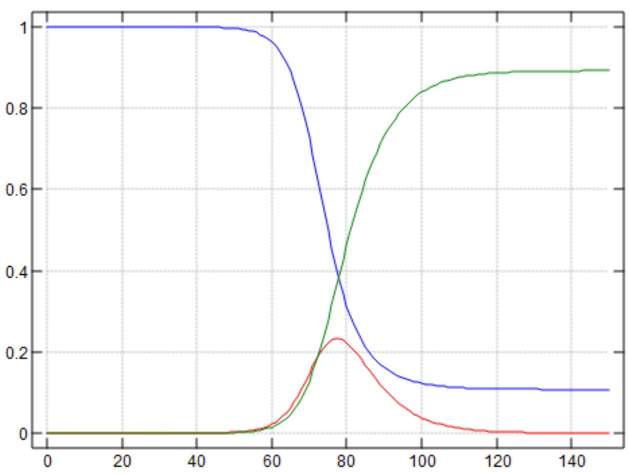
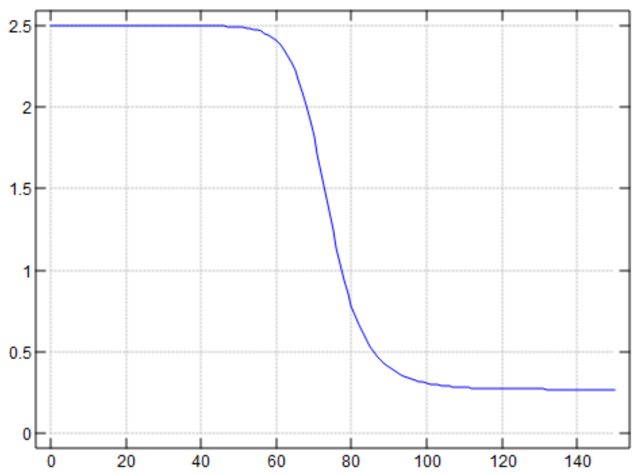
's i r nc' =. Res =. (S_0 , I_0 , R_0) NJ SIR N,B,G,C1,C2,C3
's i r nc' =. Res =. NJ SIR N,B,G,C1,C2,C3
(par défaut S_0=N-1 I_0=1 R_0=0)

En entrée :

(S_0 ,I_0 ,R_0) : valeurs initiales des variables S I R
N,B,G,C1,C2,C3 : valeurs des paramètres
N **:** population
B **:**
G **:**
C1 **:**
C2 **:**
C3 **:**
NJ **:** nombre de jours de simulation

En sortie 4 vecteurs de **NJ+1** composantes :
s **:** proportion de « susceptibles sains»
i **:** proportion d'« infectés »
r **:** proportion de « rétablis immunisés et non contagieux»
nc **:** nombre de nouveaux contaminés par 1 seul infecté pendant la durée de son infection
Res **:** matrice de 4 lignes et **NJ+1** colonnes

Ex1 : **'s i r nc' =. 150 SIR 6.7e7 0.4 0.16 0 0 0**

plot (i.151) ; s, i ,: r	**plot (i.151) ; nc**
	
s en bleu (proport. de susceptibles) **i** en rouge (proportion d’infestés) **r** en vert (proportion de rétablis)	**nc** : nb de contaminés par 1 infecté pendant sa durée d’infection

Re =. Constantes_SIR 6.7e7 0.4 0.16 0 0 0 **'B1 G1 L1 s0 i0 r0 T sT iT rT sinf rinf' =. Re**

L1, T, iT, sinf, rinf

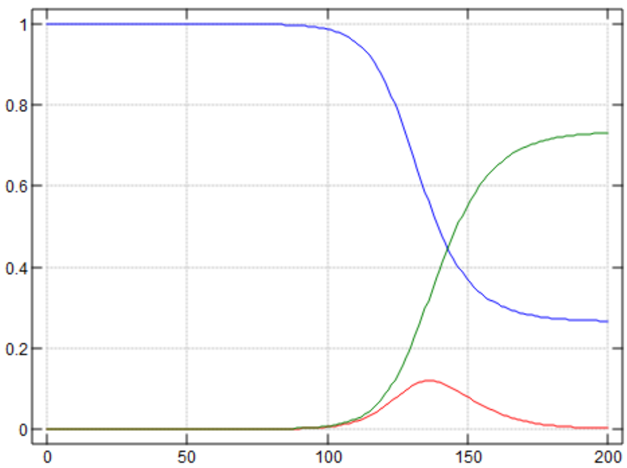
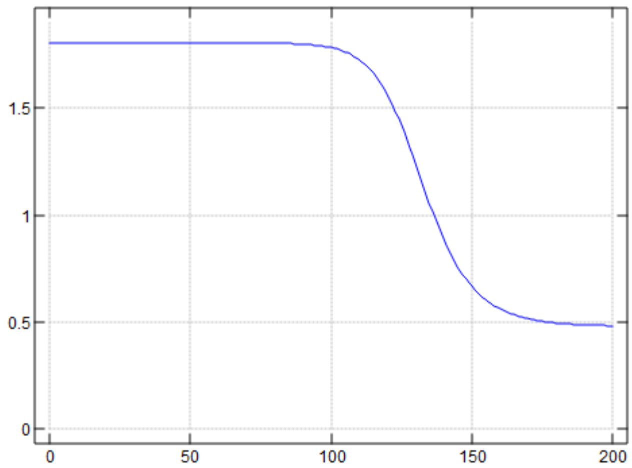
2.5 76.7893 0.233484 0.107355 0.892645

Dans cet exemple, la durée moyenne d’infection est de 1/0,16=6,25 jours. Le pic épidémique est **iT=0,23** pour **T=77**^{e} jours (presque 1/4 de la population : c’est une catastrophe!). Le nombre moyen de contaminations par 1 infecté, **nc = s . L1**, est au début égal à L1 (2,5), passe par 1 pour t=T=77 et tend vers **sinf . L1 = 2,5*0,11=0,275**. Quand **nc<1**, l’épidémie est en décroissance.

Si **nc(0)=L1<1** il n’y a pas d’épidémie : c’est un cas isolé.

rinf=0,89 indique que, à la fin de l’épidémie, 89 pour cent de la population a été contaminée. Ce taux de 89 pour cent est le taux d’immunité collective qui assure le non redémarrage de l’épidémie.

Ex2 :	**'s i r nc' =. 200 SIR 6.7e7 0.4 0.16 0.15 0 0**

plot (i.201) ; s, i,: r	**plot (i.201);nc**
 **s i r**	 **nc**

Re =. Constantes_SIR 6.7e7 0.4 0.16 0.15 0 0 **'B1 G1 L1 s0 i0 r0 T sT iT rT sinf rinf' =. Re**

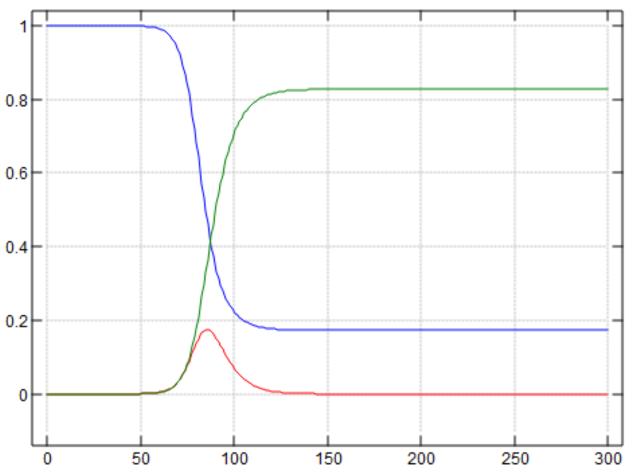
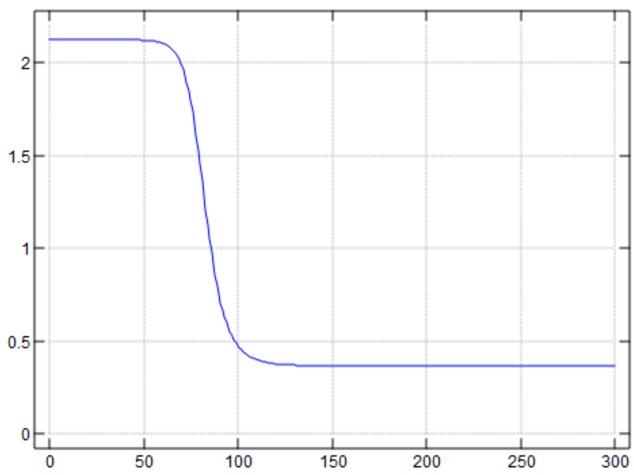
L1, T, iT, sinf, rinf

1.80625 136.23 0.11903 0.26522 0.73478

Dans cet exemple 2 on retrouve les mêmes données que dans l'exemple 1 mais on utilise un coefficient de confinement de la population **C1=0,15.**

On constate la division par 2 du pic épidémique **(iT passe de 0,23 à 0,11)** et son éloignement dans le temps **(T passe de 77 à 136 jours).** Cela permet aux autorités sanitaires de se préparer à ce pic.
Autres remarques : le taux d'immunité collective passe de 89/100 à 73/100. Le nombre moyen de transmission de la maladie par 1 infecté **nc** varie de L1=1,80 à L1.sinf =1,80. 0,27=0,5

Ex3 : **'s i r nc' =. 300 SIR 6.7e7 0.4 0.16 0 0 0.15**

plot (i. 301) ; s , i ,: r	**plot (i. 301) ; nc**
	
s i r	**nc**

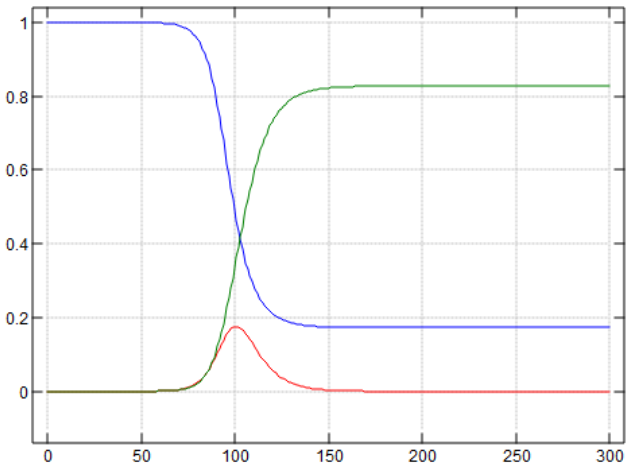
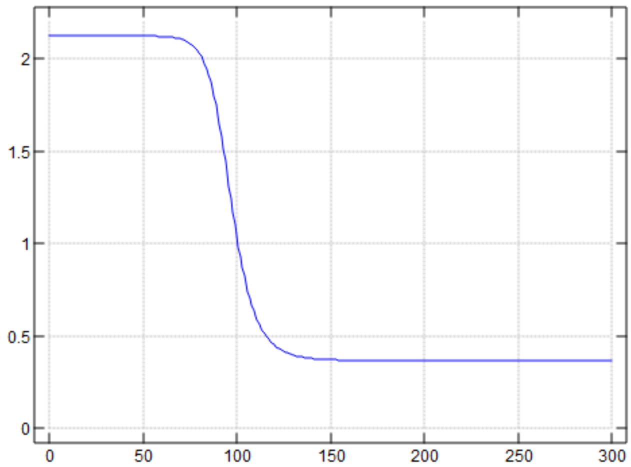
Re =. Constantes_SIR 6.7e7 0.4 0.16 0 0 0.15

'B1 G1 L1 s0 i0 r0 T sT iT rT sinf rinf' =. Re

L1, T, iT, sinf, rinf
2.125 85.2202 0.174696 0.172206 0.827794

Dans cet exemple, les paramètres sont ceux de l’exemple 1 mais un médicament réduit la durée moyenne d’infection dans la proportion **c3=0,15** .
Le pic qui se situait à **T=77 jours** recule à **T=85 jours** ; sa valeur qui était de **0,23** descend à **0,17**. Le seuil d’immunité collective, qui était à **0,89** descend un peu à **0,83**.

Ex4 : 's i r nc' =. 300 SIR 6.7e7 0.4 0.16 0 0.15 0

plot (i. 301) ; s , i ,: r	**plot (i. 301) ; nc**
	

Re =. Constantes_SIR 6.7e7 0.4 0.16 0 0.15 0
'B1 G1 L1 s0 i0 r0 T sT iT rT sinf rinf' =. Re

L1 , T , iT , sinf , rinf

2.125 100.259 0.174696 0.172206 0.827794

On peut constater que l’utilisation de paramètre **C1,C2,C3** différents de 0 entraîne une diminution du pic **iT** et un recul dans le temps de celui-ci.

On est donc amené à programmer l’algorithme « **S I R** » sur plusieurs périodes successives avec diverses valeurs des paramètres **C1,C2,C3.**
Les valeurs initiales des variables sur une période sont les valeurs finales des variables sur la période précédente.

C) Utilisation du système d'équations (b) pour une simulation multi-périodes avec diverses valeurs des paramètres C1,C2,C3.
On utilise le pro-adverbe « **MULTI_SIR** » (voir annexe **B2**).

Utilisation (pour **NP** périodes):

	Res =. (S0,I0,R0) NJ MULTI_SIR Par
ou.	**Res =. NJ MULTI_SIR Par**
	(par défaut : **S0=N-1 ; I0=1 ; R0=0**)
	's i r nc' =. Res

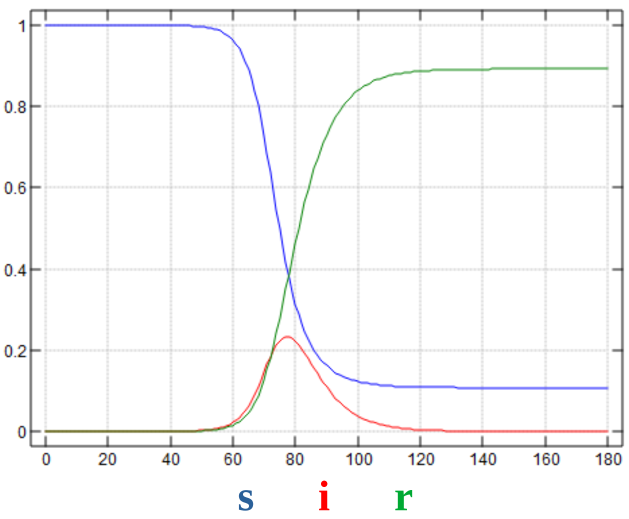
Avec :
NJ : nombre de jours de simulation de chaque période
(vecteur de **NP** composantes) **nj =. 1++/NJ**
N : population
(S0 , I0 , R0) : valeurs initiales (1^e période) des variables
Par =. N ; B ; G ; C1 ; C2 ; C3 (vecteur de 6 boîtes)
(chaque boîte contient 1 nombre ou un vecteur de NP nombres)

En sortie 4 vecteurs de **nj** composantes :
s : proportion de « susceptibles sains»
i : proportion d'« infectés »
r : proportion de « rétablis immunisés et non contagieux»
nc : nombre de contaminés par 1 seul infecté
Res : matrice de 4 lignes et **nj** colonnes

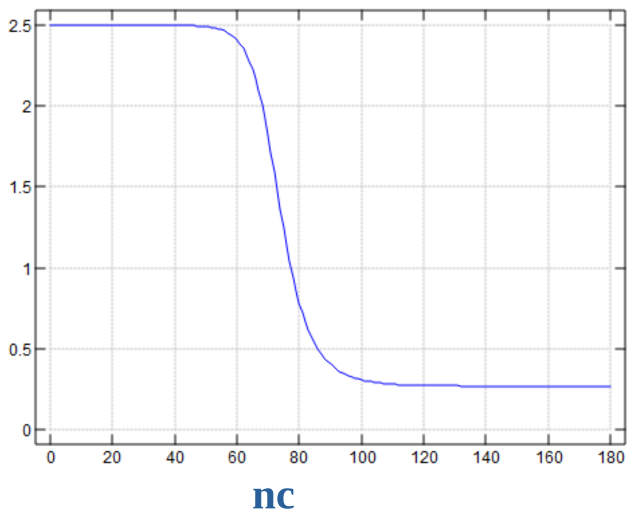
Dans chaque période (autre que la 1^e) les valeurs initiales sont les valeurs terminales de la période précédente, ce qui implique la continuité des courbes.

Ex5 : 's i r nc' =. 180 SIR 6.7e7 0.4 0.16 0 0 0

plot (i.181) ; s , i ,: r

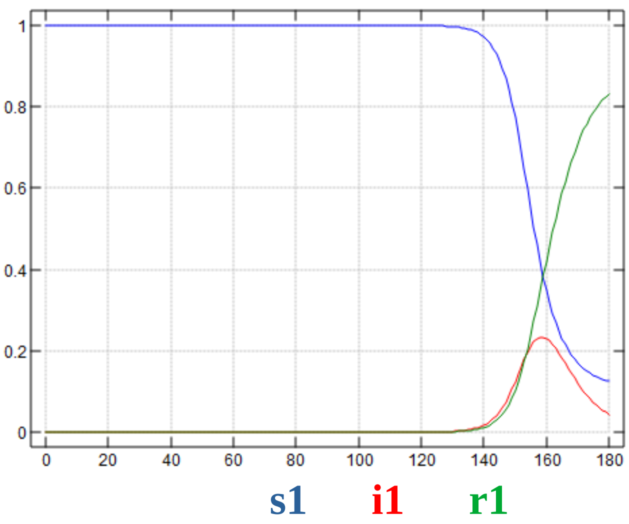


plot (i.181) ; nc

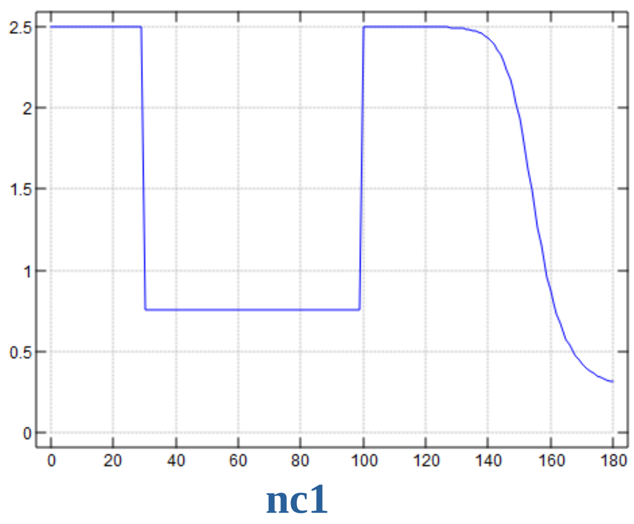


's1 i1 r1 nc1'=. (30 70 50) MULTI_SIR 6.7e7; 0.4; 0.16; 0 0.45 0; 0; 0

plot (i.181) ; s1 , i1 ,: r1



plot (i.181) ; nc1



Dans cet exemple déduit de l'exemple 1 sur 180 jours en ajoutant un confinement de 0.45 dans la 2^{e} période de 70 jours, on constate que l'effet de ce confinement ne permet que de « gagner » (sic) du temps, la valeur du pic **iT** étant sensiblement conservée, **T** passant de 80 à 160 environ.
Un confinement ne permet pas d'estomper l'épidémie mais seulement de retarder l'échéance. Cela est néanmoins intéressant pour organiser la réponse médicale, attendre un vaccin, un médicament, ou une meilleure saison (en cas d'épidémie saisonnière).

Un confinement ne change ni les valeurs maximales,
ni les valeurs limites pour t tendant vers l'∞,
il se contente de retarder l'échéance.

Évidemment, il y a des approximations discutables dans le modèle « **SIR** ». Le nombre de nouveaux cas journaliers estimé à $\mathbf{B.I_k.S_k/N}$ suppose que la population est parfaitement homogène (mêmes risque, mode de vie, détermination dans la pratique des méthodes de protection, résistance au virus…) : on peut en douter ! On ne fait pas de graduation de gravité de la maladie : les cas asymptomatiques, bénins, hospitalisés, et nécessitant une réanimation sont tous mélangés et décomptés dans les infectés. Les individus décédés sont comptabilisés dans les rétablis (!!!!!) : il est vrai qu'ils ne sont plus contagieux….

Une vaccination n'est pas prévue : elle permettrait d'être immunisé sans passer par la case « infecté ». Le modèle « **SIR** » a l'inconvénient de ne prendre en compte ni une éventuelle vaccination, ni les décès, ni la charge hospitalière (en particulier la réanimation), ni la période d'incubation, ni la période « asymptomatique »….

On est donc amené à « complexifier » le modèle « **SIR** ».
Il est prévu une 2^e étude qui n'ignore pas ces éventualités … au prix, évidemment, d'une augmentation de la complexité !

ANNEXES

A) ANNEXES MATHÉMATIQUES

A1) Calcul des constantes

a) Calcul de sT, iT, rT (On utilise le système d'équations **(c)**) :

$$\begin{array}{|ll|}\hline \textbf{ds/dt = – B1.s(t).i(t)} & \textbf{(c1)} \\ \textbf{di/dt = B1.s(t).i(t) – G1.i(t)} & \textbf{(c2)} \\ \textbf{dr/dt = G1.i(t)} & \textbf{(c3)} \\ \textbf{s(t) + i(t) + r(t) = 1} & \textbf{(c4)} \\ \hline \end{array}$$

(c1,c3) → (1/s(t)). ds/dt = – B1. (1/G1).dr/dt = (– L1).dr/dt car **L1= B1/G1**
d(Log(s(t))+L1.r(t))/dt = 0 et en intégrant:

$$\boxed{\textbf{Log(s(t)+L1.r(t) = A = cste = Log(s0)+L1.r0} \quad t \in [0,\infty[\quad \textbf{(c5)}}$$

(c2)→pour t = T : $(ds/dt)_{t=T}$ = 0 = (B1.sT- G1).iT → sT=1/L1

(c5) → avec t = T : rT = r0 + (1/L1). Log(L1.s0)

(c4) → iT = 1 – sT – rT = 1 – r0 – (1/L1).(1+Log(L1.s0)) d'où :

$$\begin{array}{|ll|}\hline \textbf{sT =1/L1} & \textbf{(c6)} \\ \textbf{iT = 1 – r0 – (1+Log(L1.s0))/L1} & \textbf{(c7)} \\ \textbf{rT = r0 + Log(L1.s0)/L1} & \textbf{(c8)} \\ \hline \end{array}$$

Le maxi de **rT** est **rT_{max}= r0+s0/e=r0+0,368.s0** pour **L1 = e/so=2,718/s0**

b) Calcul de sinf et rinf (limites quand t est « grand »)
(c5) → pour t=∞ → Log(sinf)+L1.rinf = A
(c4) → pour t=∞ → sinf + rinf = 1 (car iinf = 0) d'où :
Log(sinf)+L1.(1-sinf) = A
Log(sinf) – L1.sinf + a = 0 où a=L1 – A = L1.(1-r0)-Log(s0) donc :

sinf est solution de l'équation transcendante : **(c9)**
Log(Y) – L1.Y + a = 0 avec **a = L1.(1-r0) – Log(s0)** et **0 < Y < sT**
sinf = Y et **rinf = 1 – Y**

Y se calcule par la méthode itérative de Newton :
f(Y) = Log(Y) – L1.Y + a → f'(Y) = (1/Y) – L1 → F(Y) = Y – f(Y)/f'(Y)
F(Y) = Y . (b – Log(Y))/(1 – L1.Y) où **b = 1+Log(s0) – L1.(1 – r0)**
On choisit une approximation Y0 et on calcule la suite de nombres :
Y1=F(Y0), Y2=F(Y1), Y3=F(Y2),…,Y_{n+1}=F(Y_n).
Cette suite (Yn) tend vers Y quand n est « suffisamment » grand.

c) Calcul de T

(c5) → pour t1=t & t2=0 → r(t) = r0 – Log(s(t)/s0)/L1 s(t)=s

(c4) → i(t) = 1 – r0 – s + sT . Log(s/s0) sT=1/L1

(c1) → ds/dt = – B1.s .i(t)

ds/dt = – B1.s.(1 – r0 – s + sT . Log(s/s0))

d'où : dt = – ds / [B1.s . (1 – r0 – s + sT . Log(s/s0))]

On intègre entre 0 et T :

$$T=\int_0^T dt=\int_{s0}^{sT}\left(\frac{-ds}{B1.s.((1-r0)-s+sT.\ln(s/s0))}\right)$$ on pose y=s0-s , ds = – dy

$$T=\left(\frac{1}{B1}\right)\cdot\int_0^{s0-sT}\left(\frac{dy}{(s0-y)\cdot(1-r0-s0+y+sT\cdot\ln(1-\frac{y}{s0}))}\right)=\left(\frac{1}{B1}\right)\cdot\int_0^{s0-sT} f(y).dy$$ i0=1–s0–r0

f(y)=1/((s0-y).(i0+y+sT.Log(1 – y/s0))) d'où au voisinage de y=0 :

f(y)≈1/((s0-y).(i0+y+sT.(-y/s0-y2/2s02...)))≈1/((s0.i0)+y.(s0-i0-sT)+y2…)

f(y)≈1/(a+b.y) avec **a=s0.i0** et **b=s0-i0-sT** au voisinage de y=0 donc :

f(y)= 1/(a+b.y) + [1/((s0-y).(i0+y+sT.Log(1 – y/s0))) - 1/(a+b.y)]

f(y)=1/(a+b.y) – g(y) avec :

g(y)= [1/((s0-y).(i0+y+sT.Log(1 – y/s0))) - 1/(a+b.y)]

g(y)= - Num(y)/Den(y) où :

Den(y)=(a+b.y).(s0-y).(i0+y+sT.Log(1-y/s0))

Num(y)=(s0-y).(i0+y+sT.Log(1- y/s0)) – (a+by) on effectue et simplifie :

Num(y)=[(s0.i0)-i0.y+s0.y-y^2+sT.(s0-y).Log(1-y/s0)]- [s0.i0+(s0.i0-sT).y]

il reste : **Num(y)=sT.y+y^2+sT(s0-y).Log(1-y/s0)**

On peut calculer :

$$\int_0^{s0-sT}\left(\frac{dy}{a+b.y}\right)=\frac{1}{b}\cdot\ln\left(\frac{a+b.(s0-sT)}{a}\right)=\frac{1}{b}\cdot\ln\left(1+\frac{b}{a}\cdot(s0-sT)\right)$$

On obtient finalement :

$$T=\frac{1}{B1.b}\cdot\ln\left(1+\frac{b}{a}\cdot(s0-sT)\right)-\frac{1}{B1}\cdot\int_0^{s0-sT}\left(\frac{Num(y)}{Den(y)}\right)\cdot dy$$ **a=s0 . i0** **b=s0 – i0 – sT**

Num(y) = sT . y + y^2 + sT . (s0 – y) . Log(1 – y/s0) **(c10)**

Den(y) = (a + b . y) . (s0 – y) . (i0 + y + sT . Log(1 – y/s0))

Ces résultats sont programmés dans l'annexe informatique **B1**. On y trouvera l'espace de travail **« EPIDEMIE-CONSTANTES-SIR.ijs »**

A2) Forme matricielle du système d'équations (c)
Le système d'équations (c) peut s'écrire sous forme matricielle :

ds/dt = – B1.s(t).i(t) (c1)
di/dt = B1.s(t).i(t) – G1.i(t) (c2) ; **dV(t)/dt = M ∘ W(t)** avec :
dr/dt = G1.i(t) (c3)

$$V(t) = \begin{vmatrix} s(t) \\ i(t) \\ r(t) \end{vmatrix} \qquad M = \begin{vmatrix} 0 & 0 & 0 & -B1 \\ 0 & -G1 & 0 & B1 \\ 0 & G1 & 0 & 0 \end{vmatrix} \qquad W(t) = \begin{vmatrix} s(t) \\ i(t) \\ r(t) \\ s(t).i(t) \end{vmatrix}$$

Itérations :
Ordre 1 :

$$\boxed{\mathbf{V_k = V_{k-1} + M \circ W_{k-1}}}$$

Ordre 2 :

$$\boxed{\mathbf{V_k = V_{k-2} + 2 \,.\, M \circ W_{k-1}}}$$

Ces calculs sont programmés (voir annexe informatique **B2**). On y trouvera l'espace de travail **« EPIDEMIE-SIR.ijs »** contenant 2 pro-adverbes : **« SIR »** et **« MULTI_SIR ».**

B) ANNEXES INFORMATIQUES

B1) Calcul des constantes du modèle SIR

On utilise les résultats de l'annexe mathématique **A1.**

EPIDEMIE-CONSTANTES-SIR.ijs

```
require 'c:/users/nom_utilisateur/j903-user/boitaoutils'

require 'c:/users/nom_utilisateur/j903-user/moyennes et integrations'

require 'plot'
    Constantes_SIR =: {{)v
((N-1),1 0) Constantes_SIR y [ 'N B G C1 C2 C3'=.y
:
's0 i0 r0' =. x%N [ 'N B G C1 C2 C3'=.y
sT =. %L1=.B1% G1=.G%(1-C3) [ B1=.B*(*:1-C1)*(1-C2)
iT =. 1-sT+rT =. r0+sT*(^.s0%sT)
rinf =. 1-sinf =. x sINFINI y [ T =. x CalcT y
B1,G1,L1,s0,i0,r0,T,sT,iT,rT,sinf,rinf
}}
NB.       Utilisation :
NB. Res =. (S0,I0,R0)  Constantes_SIR  N,B,G,C1,C2,C3
NB. Res =. Constantes_SIR  N,B,G,C1,C2,C3
NB.           (par défaut : S0=N-1 ; I0=1 ; R0=0)
NB. 's0 i0 r0 T sT iT rT sinf rinf B1 G1 L1' =. Res

sINFINI =:{{)v       NB. Calcul de s(infini)=sinf
((N-1),1 0) sINFINI y [ 'N B G C1 C2 C3'=.y
:
's0 i0 r0'=.x%N ['N B G C1 C2 C3'=.y
b =. 1+(^.s0)-(-.r0)*L1 =. (B%G)**/-.C1,C1,C2,C3
Ff =. (L1,b)&{{y*((1{x)-^.y)%-.y*0{x}}
(Ff^:30)0.001
}}
NB.         Utilisation:
NB. sinf =. (S0,I0,R0) sINFINI N,B,G,C1,C2,C3
NB. sinf =. sINFINI N,B,G,C1,C2,C3
```

```
NB.          (par défaut : S0=N-1 ; I0=1 ; R0=0)

        CalcT =:{{)v             NB. Calcul de T
((N-1),1 0)  CalcT  y  [ 'N  B  G  C1  C2  C3' =. y
:
'ss0 ii0 rr0'=:x%N [ 'N B G C1 C2 C3' =. y
ssT =: G%(1-C3)*B1 =. B*(*:1-C1)*(1-C2)
aa =: ss0*ii0 [ bb =: ss0-ssT+ii0
        Num =:{{(-*:y)+ssT*y+(ss0-y)*^.1-y%ss0}}"0
        Den =:{{(aa+bb*y)*(ss0-y)*ii0+y+ssT*^.1-y%ss0}}"0
        Ff =:{{(Num y)%Den y}}"0
T1 =. (^.1+bb*(ss0-ssT)%aa)%B1*bb
T2 =. (%B1)*90 (Ff INCC 7) 0,ss0-ssT
z =. EFFACE ;: 'ss0 ii0 rr0 ssT aa bb Num Den Ff'
T1-T2
}}

NB.          Utilisation:
NB. T =. (S0,I0,R0)   CalcT   N,B,G,C1,C2,C3
NB. T =. CalcT N,B,G,C1,C2,C3
NB.       (par défaut : S0=N-1 ; I0=1 ; R0=0)
```

B2) Modèle SIR : simulation numérique

(on utilise les résultats de l'annexe mathématique **A2**)

EPIDEMIE-SIR.ijs

```
require 'c:/users/nom_utilisateur/j903-user/boitaoutils.ijs'
require 'plot'

    SIR =:{{)a
((N-1),1 0) m SIR y [ 'N B G C1 C2 C3' =.y
:
Y1=.Res=.x%N ['N B G C1 C2 C3' =.y
B1=.B*(*:1-C1)*(1-C2) [ G1=.G%(1-C3) [ K=.i._1+NJ=.m
M=.3 4$0 0 0,(-B1),0,(-G1),0,B1,0,G1,0 0
Y2=.Z [ Res=.Res,.Y1=.|Y1+ M(+/ .*)Y1,*/0 1{Z=.Y1
for_k. K do.Y2=.Z [ Res=.Res,.Y1=.|Y2+2*M(+/ .*)Y1,*/0 1{Z=.Y1
end.
Res,(0{Res)*B*(*:1-C1)*(1-C2)*(1-C3)%G
}}

NB.        Utilisation :
NB.     Res =. NJ SIR N,B,G,C1,C2,C3
NB.     Res =. (S0,I0,R0) NJ SIR N,B,G,C1,C2,C3
NB.     's  i  r  nc'  =.  Res
```

```
        NB. SIR avec divers paramètres sur plusieurs périodes
MULTI_SIR =: {{)a
((N-1),1 0) m MULTI_SIR y [ N =. {.>{.y
:
if. 1=*./((#&>)y)e.1,NP =. #m do.  PAR =. |:>NP$&.>y
else. E 'ERREUR de longueur' return. end.
K =. i.NP [ condinit = .x [ N =. {.{.PAR
Res =. ,.x%N [ nc =. 0
for_k. K do. NJ =. k{m
Res =. (}:"1 Res),. }:Y =. |condinit NJ SIR par=.k{PAR
condinit=.(}:{:"1 Y)*0{par
nc =. (}:nc),(0{Y)*(%/1 2{par)*(*:-.3{par)*(*/-.4 5{par) end.
Res =. Res , nc
}}

NB. Utilisation (pour NP périodes) :
NB.        Par =. N ; B ; G ; C1 ; C2 ; C3
NB. (vecteur de 6 boîtes, contenant chacune 1 entier
NB.                                       ou un vecteur de NP entiers)
NB.        Res =. (S0,I0,R0) NJ MULTI_SIR Par
NB.        Res =. NJ MULTI_SIR Par
NB.            (par défaut : S0=N-1 ; I0=1 ; R0=0)
NB. NJ : vecteur de NP nombres (nombres de jours des NP périodes)
NB.         's  i  r  nc' =. Res
```