

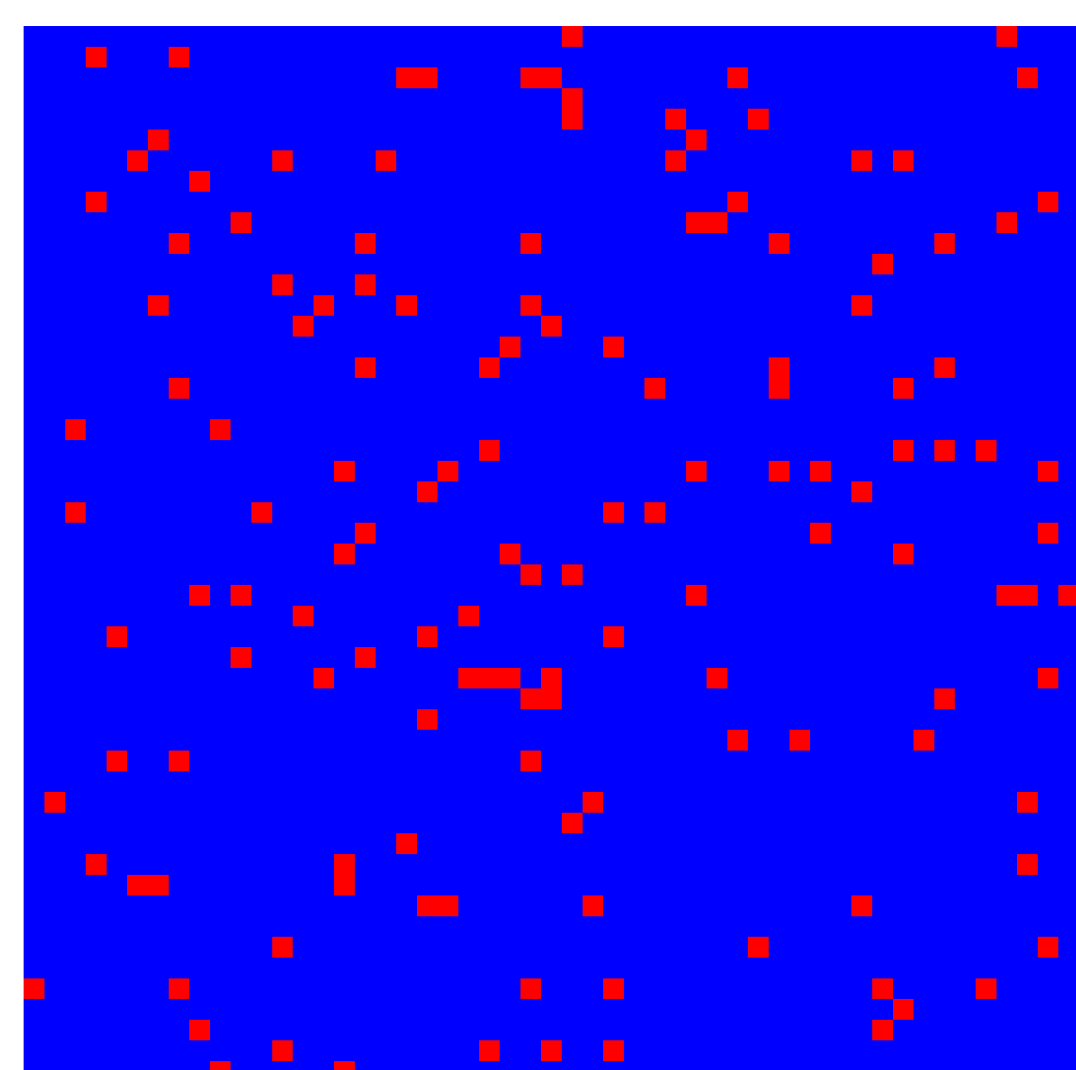
# ÉPIDÉMIE

## Automates cellulaires

La population est modélisée par un carré de taille  $N \times N$  : sur chaque point  $(i, j)$  de ce carré, se trouve un individu.

- Un point **bleu** représente un individu **sain**.
- Un point **rouge** représente un individu **infecté**.
- Un point **vert** représente un individu **rétabli**.

**Initialement**, les individus sont **sains** hormis quelques-uns qui sont **infectés**.

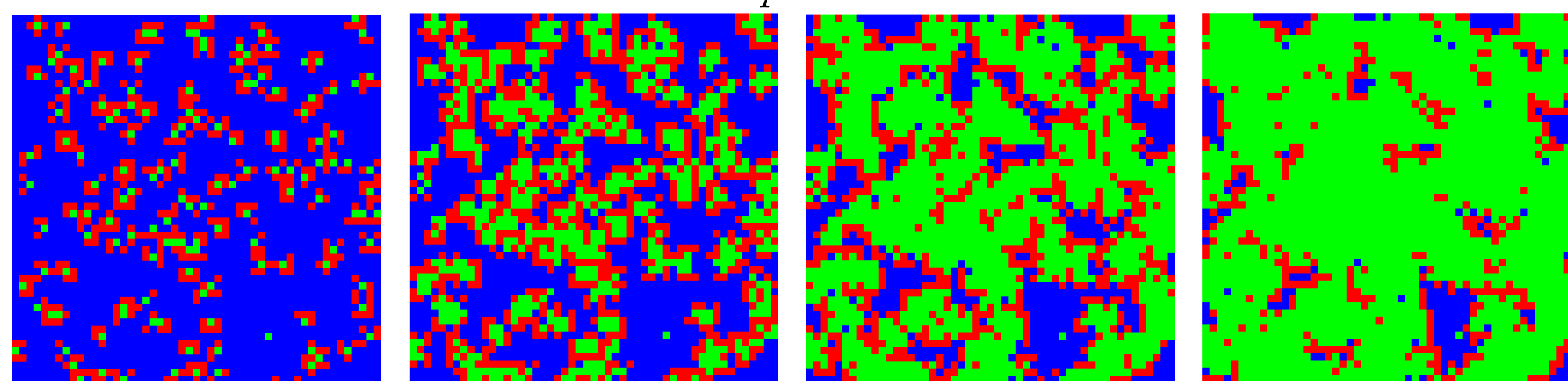


$n = 1$

Les **règles d'évolution** de l'automate sont les suivantes :

- Si, à l'étape  $n$ , un individu **sain** a des voisins **infectés**, alors, avec une certaine probabilité  $p$ , cet individu est **infecté** à l'étape  $n + 1$ .
- Si un individu est **infecté** à l'étape  $n$ , alors il est **rétabli** à l'étape  $n + 1$ .

Avec  $p = 0.5$  :



$n = 2$

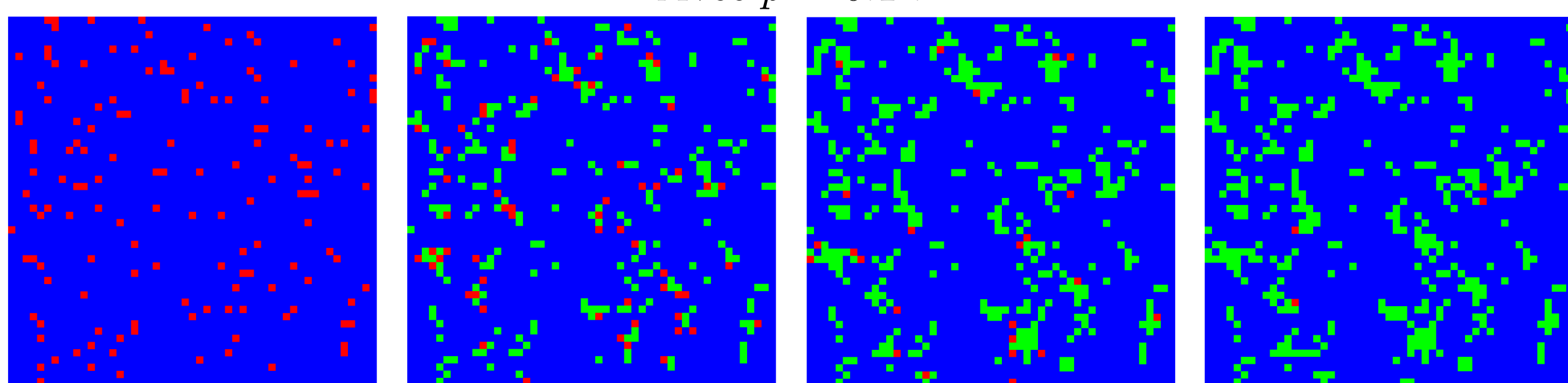
$n = 3$

$n = 4$

$n = 5$

Ici, la quasi-totalité de la population va contracter la maladie. En diminuant  $p$  (ce qui modélise une maladie peu contagieuse), on peut obtenir une situation où la maladie disparaît d'elle-même.

Avec  $p = 0.1$  :



$n = 1$

$n = 3$

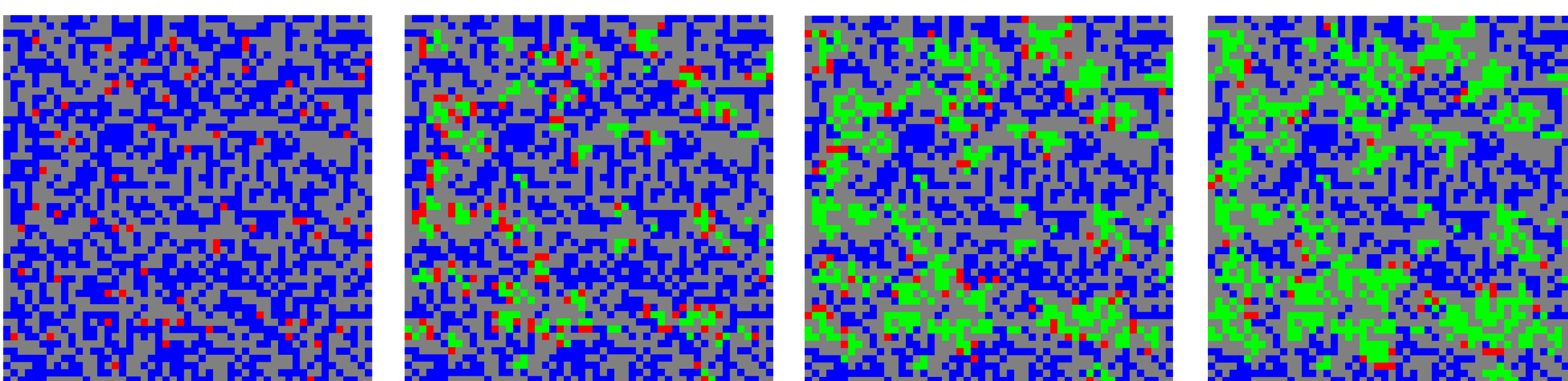
$n = 5$

$n = 7$

On peut améliorer le modèle en un automate à **4 états** :

- Un point **bleu** représente un individu **sain**.
- Un point **rouge** représente un individu **infecté**.
- Un point **vert** représente un individu **rétabli**.
- Un point **gris** représente un individu **vacciné**.

Ici, la moitié de la population est vaccinée et  $p = 0.5$  :



$n = 1$

$n = 3$

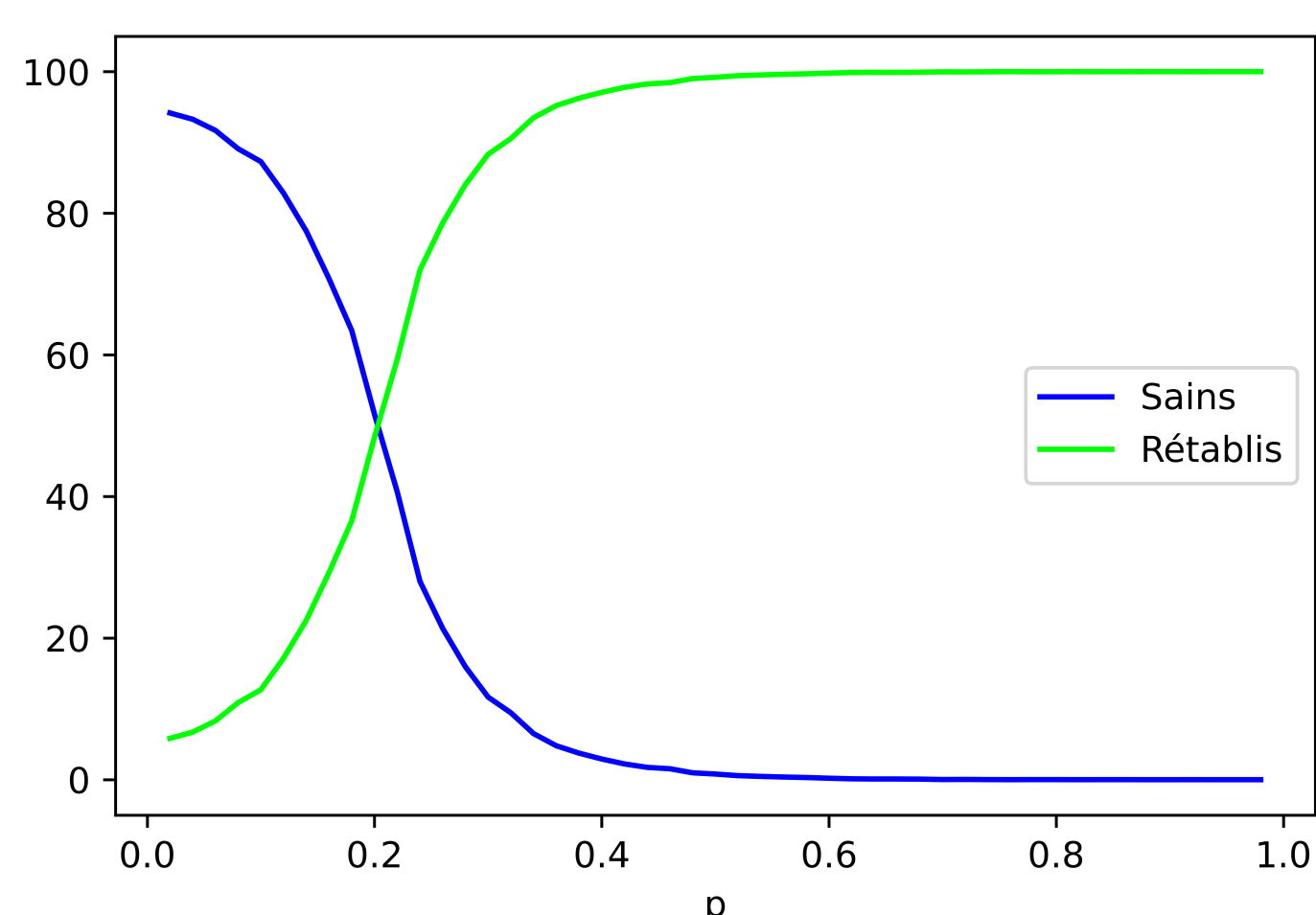
$n = 5$

$n = 7$

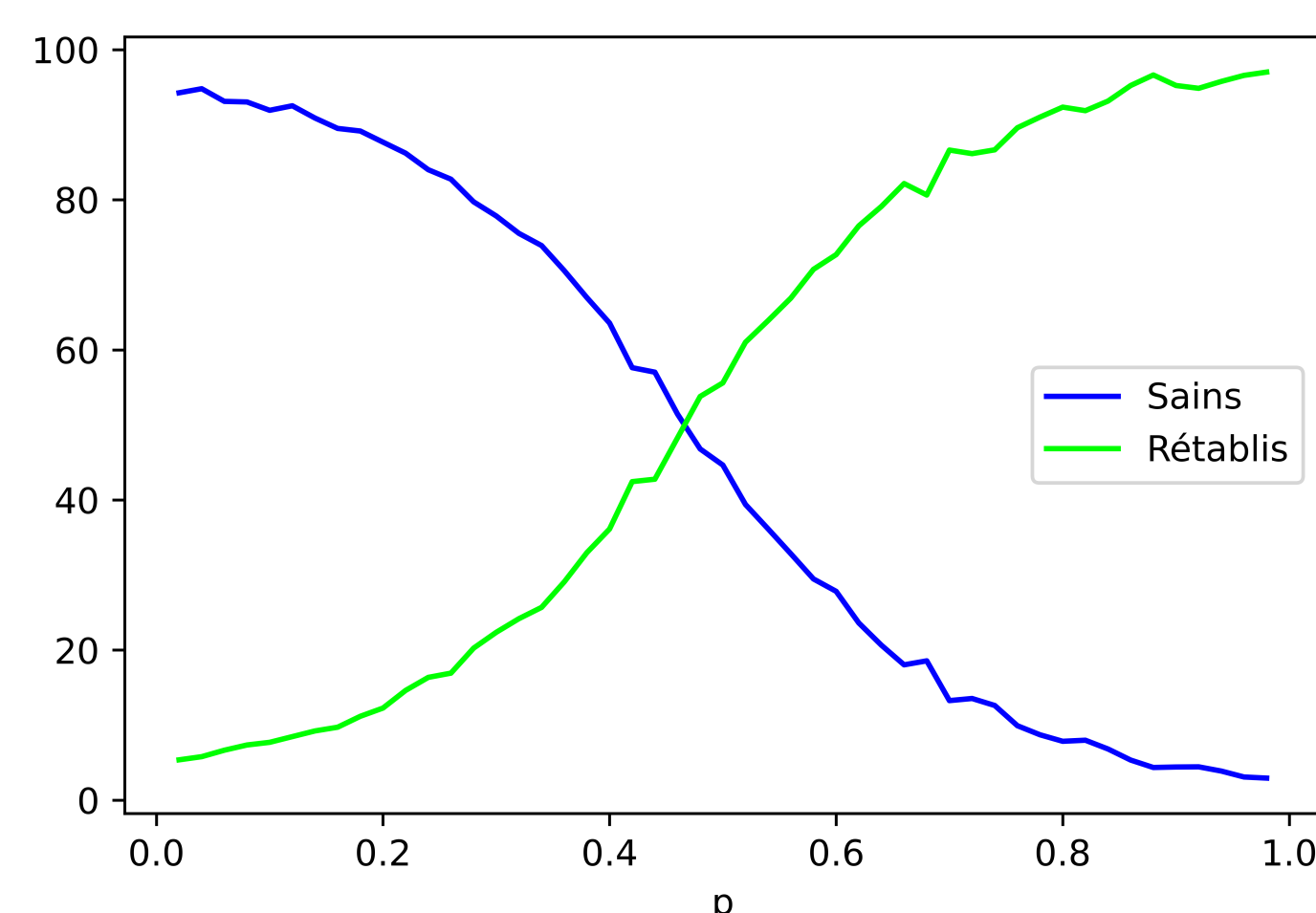
Une bonne partie de la population semble être protégée et ne sera pas contaminée.

**A la fin de l'épidémie**, on peut calculer le **pourcentage** de la population qui n'aura pas été contaminée par la maladie (c'est-à-dire les individus qui vont rester **sains**) et le pourcentage de ceux qui ont été contaminés (c'est-à-dire ceux qui finissent par être **rétablis**).

Population non vaccinée :



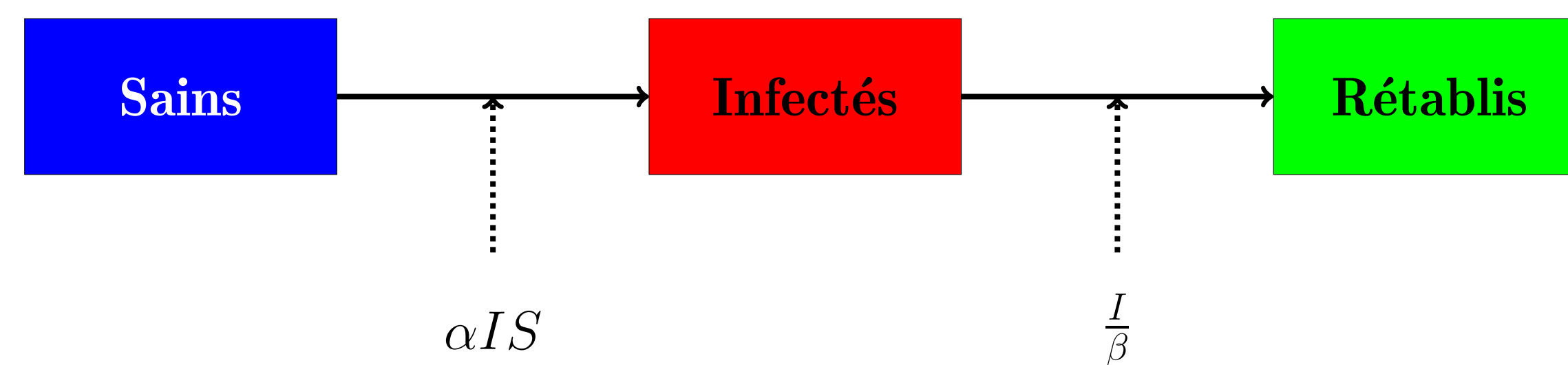
50 % de la population vaccinée :



## Modèle SIR

Dans cette modélisation, la population est partagée en 3 **compartiments** :

- **S** : le compartiment des individus **sains**.
- **I** : le compartiment des individus **infectés**.
- **R** : le compartiment des individus **rétablis**.



On note  $S(t)$ ,  $I(t)$  et  $R(t)$  le **nombre d'individus** de chacun de ces compartiments à l'instant  $t$  (en réalité ce sont plutôt les **proportions**).

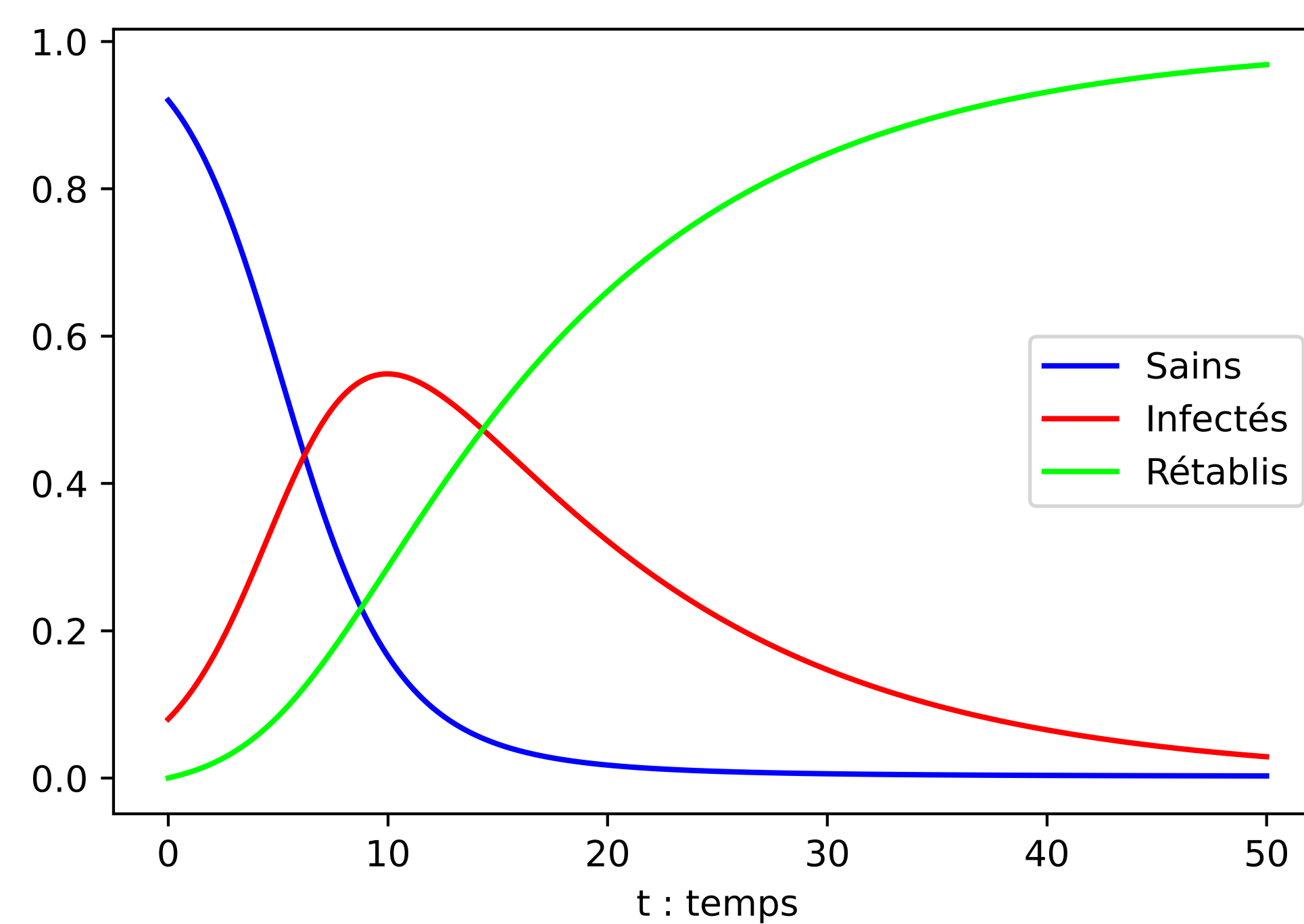
La modélisation est la suivante :

$$\forall t, \begin{cases} S'(t) = -\alpha I(t)S(t) \\ I'(t) = \alpha I(t)S(t) - \frac{1}{\beta}I(t) \\ R'(t) = \frac{1}{\beta}I(t) \end{cases}$$

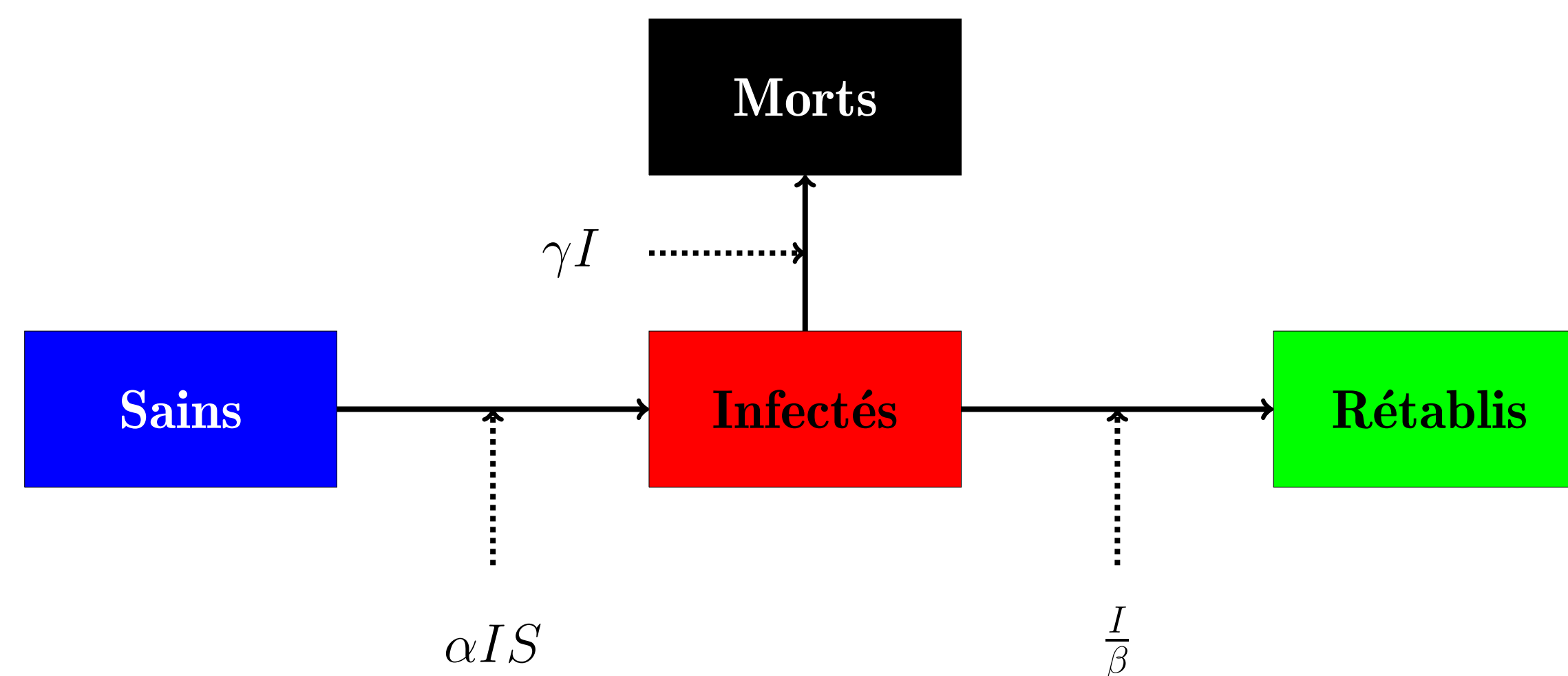
- L'**épidémie** se propage au fil des contacts entre personnes **saines** et personnes **infectées**. Cela est traduit par le terme  $\alpha I(t)S(t)$ .
- Les individus **infectés** se **rétablissent** et cela est traduit par le terme  $\frac{1}{\beta}I(t)$ .
- On constate que pour tout  $t$ ,  $S'(t) + I'(t) + R'(t) = 0$  : cela signifie que la **taille de la population reste constante**.

Ces **équations différentielles** peuvent être résolues **numériquement**, par exemple, par la méthode d'EULER.

Voici ce qu'on obtient avec  $\alpha = 0.5$ ,  $\beta = 12$ ,  $S(0) = 0.92$  et  $I(0) = 0.08$  :



Là encore, le modèle est perfectible, par exemple en introduisant un **nouveau compartiment** : le compartiment des individus qui meurent de la maladie.



Le système différentiel se formule ainsi :

$$\forall t, \begin{cases} S'(t) = -\alpha I(t)S(t) \\ I'(t) = \alpha I(t)S(t) - \frac{1}{\beta}I(t) - \gamma I(t) \\ R'(t) = \frac{1}{\beta}I(t) \end{cases}$$

En prenant  $\gamma = 0.05$  :

