



Stage de Première Année

Modèles spatio-dépendants en épidémiologie

Stage réalisé du 1 février au 3 juillet 2012

Promo 2011

Eve TITON - Xavier ROYNARD - Sébastien FISCHMAN

ENS de Cachan
Département mathématiques

Maîtres de stage
M. Laurent DESVILLETES, M. Benoît SARELS

Résumé

Nous présentons ce rapport suite à notre stage de recherche effectué au CMLA.

Ce stage a consisté en l'étude de premiers modèles en épidémiologie : les modèles "SIR".

Dans la partie 1, nous introduisons les modèles SIR. Les modèles SIR introduits par Ross et Mc Kendrick en 1927 connaissent depuis une vingtaine d'années un regain d'intérêt lié à l'ajout d'une composante spatiale. Nous étudions donc un tel modèle, dit "SIR avec laplacien".

Dans la partie 2, nous étudions l'existence de solutions stationnaires pour un tel modèle, ce qui modélise l'état de la population en temps grand, lorsque l'on arrive à maîtriser les proportions de malades aux bords du domaine considéré.

Dans la partie 3, on modélise également la propagation d'épidémies : on peut ainsi prévoir l'évolution spatiale de la propagation d'une maladie sous forme d'une onde progressive, en trouvant une condition nécessaire et suffisante à la propagation de l'épidémie sur les paramètres de la maladie.

Dans la partie 4, on se pose la question de l'influence de l'environnement sur la propagation des épidémies : en fait, on verra qu'il est possible que la maladie cesse brusquement de se propager.

Introduction

Les modèles mathématiques de maladies infectieuses ont une place importante en épidémiologie. Ils permettent en effet de prévoir l'évolution de la propagation d'une maladie au sein d'une population, en fonction de divers paramètres, tels que les déplacements internes de population, l'évolution de la maladie ou encore des contraintes spatiales... Ces modèles permettent également de mettre en évidence les conséquences de la vaccination, de la prévention, et des moyens mis en œuvre pour stopper la maladie, de tester leur efficacité (du moins en théorie), afin de trouver une stratégie optimale pour éviter les épidémies.

Dans [Mur09], J.D Murray étudie en particulier un type de modèle compartimental très simple, le modèle SIR, qui divise la population en trois classes épidémiologiques : les individus sains et susceptibles d'être infectés (S), ceux qui sont infectés, et donc infectieux (I), et ceux qui ont acquis une immunité suite à la guérison ou la mort, (R). Ce type de modèle, qui, par exemple, modélise très bien la Peste Noire en Europe au XIV^{ème} siècle, est encore utilisé pour le SIDA, de nos jours. C'est sur ce type de modèles que se sont concentrées nos recherches.

Nous allons tout d'abord présenter les différents types de modèles SIR (modèle SIR global, dans lequel la population est considérée dans son ensemble, modèle SIR spatio-dépendant) (Chapitre 1). Nous allons ensuite étudier le comportement de l'épidémie en chaque endroit d'un territoire, en rajoutant une composante spatiale au modèle précédent. L'existence de solutions stationnaires au problème de type SIR sera ensuite étudiée, grâce aux théorèmes de Brouwer et de Schauder (Chapitre 2). Puis, nous allons chercher des solutions sous forme d'onde progressive, et regarder à quelle(s) condition(s) on observe la propagation d'une onde, c'est-à-dire propagation de l'épidémie (Chapitre 3). Enfin, pour affiner encore ces modèles SIR, nous allons prendre en compte l'hétérogénéité de l'environnement, en considérant que les différents coefficients qui interviennent dans la modélisation ne sont plus constants mais sont fonction de l'espace : cela nous servira à comprendre l'influence de l'environnement sur les fronts progressifs existant dans le cas d'un environnement homogène, en s'inspirant des idées de [GGM⁺10] et [NGS05] (Chapitre 4).

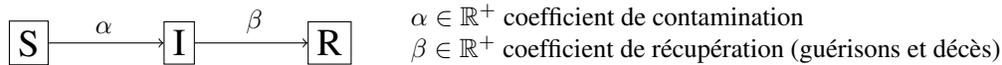
Modèles SIR

1.1 Étude globale d’une population : modèle SIR simple

1.1.1 Présentation du modèle

Le modèle considéré ici est un modèle épidémiologique compartimental. La population est en effet divisée en trois compartiments d’individus : les individus sains et susceptibles d’être contaminés (S), les individus infectés (I), et les individus rétablis (en fait, guéris ou morts de maladie), (R). On néglige les processus de naissance et de mort naturelle (supposés se produire sur une durée bien supérieure aux processus ici considérés). On suppose que la population totale reste constante, c’est-à-dire que $R(t) + S(t) + I(t) = P_{tot}(t)$ (avec $P_{tot}(t) = cste$ la population totale), ou encore, en notant $R(t) := R(t)/P_{tot}(t)$, $S(t) := S(t)/P_{tot}(t)$, et $I(t) := I(t)/P_{tot}(t)$, que $R(t) + S(t) + I(t) = 1$. La population est considérée dans son ensemble (on ne prend en compte ni l’âge, ni le sexe, ni aucun autre paramètre de ce type, seuls les caractères “sain”, “susceptible” et “infecté” sont étudiés).

Les interactions entre les différentes classes de population se résument par le schéma suivant :



Le modèle épidémique SIR est alors donné par le système d’équations différentielles ordinaires :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\alpha SI & (1.1) \\ \frac{dI}{dt} = \alpha SI - \beta I & (1.2) \\ I(0) \geq 0, S(0) \geq 0 \end{cases}$$

En effet, les contaminations sont modélisées par le terme mixte $-\alpha SI$ dans (1.2), et par le terme opposé $+\alpha SI$ dans (1.1). Quant aux guérisons et décès, ils sont modélisés par le terme $-\beta I$. L’immunisation des individus ayant déjà été infecté est également prise en compte (et se traduit par le fait qu’il n’y a pas de terme mixte $+\gamma RI$ dans (1.2), où γ serait le coefficient de rechute).

1.1.2 Étude du modèle

Il s’agit tout d’abord de voir si le problème est mathématiquement bien posé, c’est-à-dire s’il existe bien une solution au système précédent.

Théorème 1.1.

Pour toute condition initiale, une unique solution maximale globale existe dans le premier cadran, définie

pour tout $t \in \mathbb{R}^+$.

Sachant qu'il y a épidémie si le nombre d'individus infectés augmente au cours du temps, il faut étudier les variations de $S(t)$ et de $I(t)$.

Théorème 1.2. Soit $(S(t), I(t))$ une solution du système précédent.

- Si $S(0) \frac{\alpha}{\beta} \leq 1$ alors $I(t)$ commence par croître jusqu'à une valeur maximale

$$I_{max} = -\frac{\beta}{\alpha} + \frac{\beta}{\alpha} \ln\left(\frac{\beta}{\alpha}\right) + I(0) + S(0) - \frac{\beta}{\alpha} \ln(S(0))$$

puis décroît vers 0 quand $t \rightarrow +\infty$. Quand à $S(t)$, c'est une fonction strictement décroissante vers une constante $S_\infty \in [0, \frac{\beta}{\alpha}[$;

- Si $S(0) \frac{\alpha}{\beta} > 1$ alors $I(t)$ est strictement décroissante vers 0, et $S(t)$ est toujours strictement décroissante vers une constante $S_\infty \in [0, \frac{\beta}{\alpha}[$

Il y a donc épidémie uniquement si $S(0) \frac{\alpha}{\beta} > 1$: le déclenchement d'une épidémie ne dépend pas du nombre d'infectés mais du nombre de susceptibles. On introduit alors une notation importante :

Définition 1.1. On note $\mathcal{R}_0 = \frac{\alpha}{\beta}$, le taux de reproduction de base. Il représente la propension d'un individu infecté à contaminer un susceptible.

Si $\mathcal{R}_0 S(0) \leq 1$, alors un individu infecté contamine en moyenne moins d'un susceptible, donc la maladie ne se propage pas. Au contraire, si $\mathcal{R}_0 S(0) > 1$, alors un individu infecté contamine en moyenne plus d'un individu susceptible, donc le nombre d'infectés augmente, d'où l'apparition d'une épidémie. Si α et β sont fixés, on comprend alors que pour empêcher une épidémie il faut diminuer le nombre de susceptibles (par vaccination, par exemple).

1.1.3 Simulations numériques

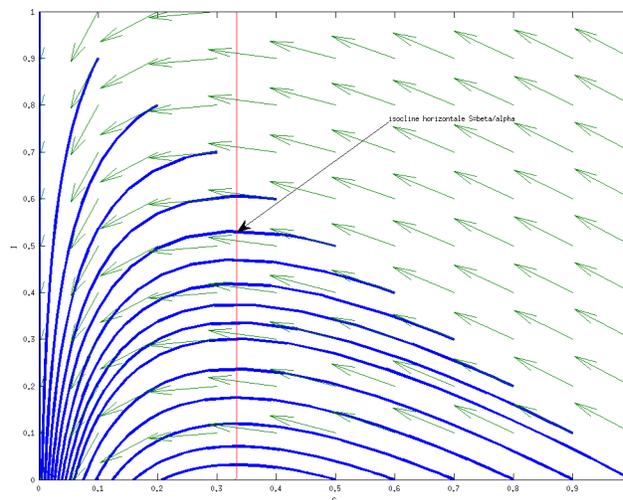


FIGURE 1.1 - Portrait de phase du modèle SIR avec $\alpha = 3$ et $\beta = 1$

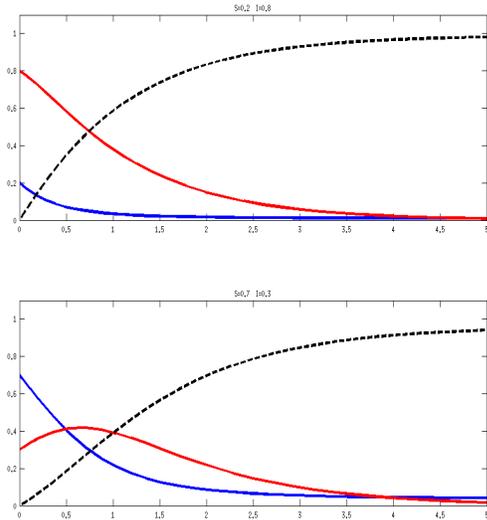


FIGURE 1.2 -

Tracé de l'évolution des populations au cours du temps, avec $\alpha = 3$ et $\beta = 1$, ie. $\mathcal{R}_0 = 3$, pour deux conditions initiales différentes. Le premier graphe est obtenu en prenant $I(0) = 0.8$ et $S(0) = 0.2 : S(0)\mathcal{R}_0 < 1$, la courbe des infectés (en rouge) est strictement décroissante, l'épidémie ne se propage pas. Le deuxième graphe est obtenu pour $I(0) = 0.3$ et $S(0) = 0.7 : S(0)\mathcal{R}_0 > 1$, la proportion d'infectés commence par croître avant de décroître, il y a épidémie. Courbe noire en pointillés : $R = 1 - S - I$.

1.2 Modèles SIR spatio-dépendants

On s'intéresse à présent à la répartition spatiale des populations saines et infectées, au lieu de les considérer uniquement dans leur totalité. On rajoute donc une composante spatiale au système du chapitre précédent, afin de prendre en compte les déplacements de la population.

Il peut exister plusieurs types de modèles SIR avec diffusion : on peut rajouter une composante spatiale à S et I (les populations saines et infectées se déplacent toutes les deux), comme c'est le cas dans [GGM⁺10] pour modéliser la peste noire ; à S uniquement (les malades, trop affaiblis, ne bougent pas) ; ou pour I uniquement, comme c'est le cas dans le modèle de la rage proposé par Murray dans [Mur09].

On considère ici le modèle SIR dans lequel toute la population se déplace : si la population est répartie dans plusieurs villes, les individus peuvent se contaminer au sein d'une même ville, mais de plus, un individu susceptible peut se déplacer dans une ville où il sera infecté, puis ramener la maladie dans sa ville d'origine, ou encore un individu infecté peut se déplacer dans une autre ville pour y propager la maladie...

Il est modélisé par le système suivant :

$$\begin{cases} \frac{\partial S}{\partial t} = \nabla^2 S - \alpha SI \\ \frac{\partial I}{\partial t} = \nabla^2 I + \alpha SI - \beta I \\ I(0, x) \geq 0, S(0, x) \geq 0 \end{cases}$$

On va tout d'abord étudier l'existence de solutions stationnaires (état de la population en temps grand lorsque l'on fixe les valeurs de S et I aux bords d'un intervalle). À partir de là, on peut passer à l'étude des solutions sous la forme d'ondes progressives. En effet, il suffit en suite d'écrire $S(x, t) = s(x - ct)$ et $I(x, t) = i(x - ct)$, avec c la vitesse de propagation de l'onde, et (s, i) un couple de solutions du problème

stationnaire. On part de notre système initial :

$$\begin{cases} \frac{\partial S}{\partial t} = \nabla^2 S - \alpha SI \\ \frac{\partial I}{\partial t} = \nabla^2 I + \alpha SI - \beta I \end{cases}$$

Pour passer au problème stationnaire, il suffit de considérer qu'en temps infini, le système ne dépend plus du temps. On obtient alors :

$$\begin{cases} -s'' = -si & \text{et } s(a) = \alpha_1, s(b) = \beta_1 \\ i'' = si - i & \text{et } i(a) = \alpha_2, i(b) = \beta_2 \end{cases}$$

Pour passer à la recherche d'ondes progressives, en effectuant le changement de variable décrit plus haut, on a :

$$\begin{cases} -s'' - cs' = -is \\ -i'' - ci' = is - i \end{cases}$$

La recherche des solutions sous forme d'ondes progressives est naturelle : en effet, on observe de telles solutions à l'équation de réaction-diffusion décrite dans l'annexe C. Or, ce système que l'on veut étudier est un couplage de deux équations de réaction-diffusion, on s'attend donc à ce qu'il existe des solutions progressives à notre modèle. Ces solutions sont particulièrement intéressantes pour modéliser la propagation d'une épidémie.

Théorèmes d'existence de solutions

Dans cette partie, on va montrer l'existence d'une solution pour un système de type SIR.

Notations :

- B^n : la boule unité de \mathbb{R}^n
- S^{n-1} : la sphère unité de \mathbb{R}^n
- ∂B : la frontière de B , autrement dit $\bar{B} \setminus \overset{\circ}{B}$

2.1 Enoncé des théorèmes

Les trois théorèmes suivants sont équivalents, mais sont difficiles à expliquer intuitivement. Ce sont des théorèmes d'existence de point fixe dont les hypothèses sont très fortes sur l'espace (boule ou convexe d'un espace vectoriel réel), mais les hypothèses sur la fonction sont faibles (seulement continuité) contrairement au théorème du point fixe contractant. Pour montrer l'existence de solution à nos équations, il s'agira de transformer notre système d'équations différentielles en équations intégrales et de se ramener à un problème de points fixes équivalent.

Théorème 2.1 (Théorème de Brouwer).

Soit $n \in \mathbb{N}^*$, toute application continue $f : B^n \rightarrow B^n$ a un point fixe.

Théorème 2.2 (Théorème de Brouwer 2).

Soit E un espace vectoriel de dimension finie, et K un convexe compact de E , alors toute application continue $f : K \rightarrow K$ a un point fixe.

Définition 2.1.

Soit X et Y deux espaces topologiques,

on dit que $f : X \rightarrow Y$ est compacte ssi $f(X)$ est compact dans Y .

Théorème 2.3 (Théorème de Schauder).

Soit E un espace vectoriel, et K un convexe non vide de E , toute application continue et compacte $f : K \rightarrow K$ a un point fixe.

Pour montrer ces trois théorèmes, nous utilisons le lemme de non-rétraction qui est un résultat bien plus intuitif mais n'est pourtant pas trivial à prouver. Il exprime le fait qu'on ne peut pas déformer continuellement une boule en sa sphère. En effet, pour cela il faudrait faire un trou, une déchirure dans la boule ce qui n'est clairement pas continu !

Définition 2.2.

Soit $X \subset Y$ deux ensembles,

on appelle rétraction de Y sur X toute application continue $r : Y \rightarrow X$ telle que $r|_X = Id_X$.

Exemple :

$r : \mathbb{C}^* \rightarrow \mathbb{U}$
 $r : z \mapsto \frac{z}{|z|}$, est une rétraction de \mathbb{C}^* sur \mathbb{U} .

Lemme 2.1.1 (Lemme de non rétraction).

Soit $n \in \mathbb{N}^*$, il n'existe pas de rétraction $r : B^n \rightarrow S^{n-1}$

2.2 Equivalences entre les trois théorèmes

Il est clair que le théorème de Schauder implique le théorème de Brouwer 2, qui lui-même implique le théorème de Brouwer. Nous allons donc montrer les implications réciproques, ce qui nous donnera l'équivalence des trois théorèmes.

Preuve de : Théorème de Brouwer \implies Théorème de Brouwer 2.

Supposons par l'absurde qu'il existe $f : K \rightarrow K$ continue sans point fixe.

Soit B une boule contenant K , et $p : B \rightarrow K$ la projection sur le convexe compact K .

Ainsi p est continue et $f \circ p : B \rightarrow K \subset B$ l'est également.

Donc par le théorème de Brouwer, $f \circ p$ a un point fixe $x \in B$, or $x = f \circ p(x) \in K$ d'où le résultat. □

Pour montrer que le Théorème de Brouwer 2 implique le théorème de Schauder, nous utilisons le lemme de presque finitude des compacts.

Lemme 2.2.1 (Lemme de presque finitude des compacts).

Soient E un espace de Banach et C un compact de E ;

Pour tout $\epsilon > 0$, il existe E_ϵ sous espace vectoriel de dimension finie de E et $p_\epsilon : C \rightarrow E_\epsilon$ continue tel que : $\forall x \in C, \|p_\epsilon(x) - x\| < \epsilon$.

Preuve du lemme.

- On recouvre le compact C par un nombre fini de boules de rayon ϵ et de centres $x_1, x_2, \dots, x_{N_\epsilon}$
- On pose $E_\epsilon = Vect(x_1, x_2, \dots, x_{N_\epsilon})$

- Et on prend $p_\epsilon(x) = \sum_{i=1}^{N_\epsilon} \lambda_i(x)x_i$, avec des $\lambda_i(x)$ bien choisis. C'est-à-dire tel que $p_\epsilon(x)$ soit dans le convexe engendré par $x_1, x_2, \dots, x_{N_\epsilon}$, de plus comme on veut $p_\epsilon(x)$ aussi proche que possible de x , on peut décider que $p_\epsilon(x)$ est barycentre seulement des x_i suffisamment proches de x . On prend par exemple

$$\lambda_i(x) = \frac{\min(0, \epsilon - \|x - x_i\|)}{\sum_{i=1}^{N_\epsilon} \min(0, \epsilon - \|x - x_i\|)}$$

ce qui assure également la continuité de p_ϵ . □

Preuve de : Théorème de Brouwer 2 \implies Théorème de Schauder.

Soit une application continue et compacte $f : K \longrightarrow K$.

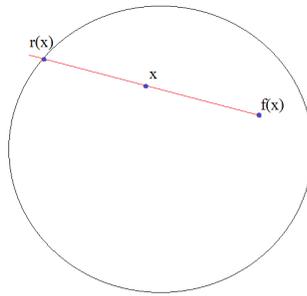
Le lemme précédent nous dit que $p_{\frac{1}{n}} \circ f$ converge uniformément vers f sur K .

De plus par la preuve du Théorème de Brouwer 2, $p_{\frac{1}{n}} \circ f$ a un point fixe $x_n \in E_{\frac{1}{n}} \cap K \subset K$.

Par compacité de K , on en extrait une suite convergente vers un $x \in K$ et par convergence uniforme de $p_{\frac{1}{n}} \circ f$, x est un point fixe de f dans K . □

2.3 Comment le lemme de non rétraction implique le théorème de Brouwer

La démonstration tient dans le dessin suivant :



Supposons par l'absurde qu'il existe $f : B^n \longrightarrow B^n$ sans point fixe.

On peut alors construire une rétraction $r : B^n \longrightarrow S^{n-1}$ de la façon suivante :

Pour $x \in B^n$, on note $r(x)$ l'intersection de la demi-droite partant de $f(x)$ et passant par x avec $\partial B^n = S^{n-1}$.

Il est alors trivial que $r|_{S^{n-1}} = Id_{S^{n-1}}$, et en notant que si $r(x) = x + t_x \cdot (x - f(x))$ avec $t_x \geq 0$, $\|r(x)\| = 1$ est un trinôme du second degré en t_x , il est clair que r est continue donc une rétraction de B^n sur S^{n-1} .

D'où la contradiction.

2.4 Preuve du lemme de non-rétraction par le méthode de Milnor

2.4.1 Idée de la preuve

On raisonne par l'absurde en supposant l'existence d'une rétraction $r : B^n \longrightarrow S^{n-1}$.

On suppose d'abord que r est de classe C^1 , puis pour r seulement continue, on approche r par une suite de fonctions de classe C^1 de la façon suivante. On prend une suite $(f_k : B^n \longrightarrow \mathbb{R}^n)_{k \in \mathbb{N}}$ de classe C^1 convergeant uniformément vers r et telles que $f_k|_{S^{n-1}} = Id_{S^{n-1}}$, alors pour k assez grand $f_k(B^n) \subset \mathbb{R}^n \setminus \{0\}$.

Enfin, si on note $p : \mathbb{R}^n \setminus \{0\} \longrightarrow S^{n-1}$, $x \longmapsto \frac{x}{\|x\|}$, p est de classe C^1 donc $(p \circ f_k)$ converge uniformément vers f et est de classe C^1 à valeurs dans S^{n-1} .

On pose, pour $t \in [0, 1]$,

$$r_t : B^n \longrightarrow B^n \\ x \longmapsto (1-t).x + t.r(x)$$

On montre les propriétés suivantes sur r_t :

- Pour $t \geq 0$ assez petit, $r_t : B^n \longrightarrow B^n$ est un C^1 -difféomorphisme conservant l'orientation (c'est à dire de jacobien positif).
- $\phi : t \longmapsto \int_{B^n} |det(dr_t)|$ est polynômiale.
- Par changement de variable pour $t \geq 0$ assez petit $\phi(t) = \lambda(B^n) > 0$ (où λ est la mesure de Lebesgue dans \mathbb{R}^n)
- Ainsi ϕ est constante sur $[0, 1]$, or $\phi(1) = 0$ (car $\forall x \in B^n, rg(dr_t)_x = n-1 \Rightarrow det(dr_t)_x = 0$), ce qui nous donne une contradiction !

Le seul point difficile est de montrer la première des assertions.

2.4.2 $r_t : B^n \longrightarrow B^n$ est un C^1 -difféomorphisme

- $d(r_t)_x = (1-t).Id + t.dr_x = Id + t.(dr_x - Id)$
Donc pour t strictement plus petit que $\min_{y \in B^n} \frac{1}{\|dr_y - Id\|} > 0$, $d(r_t)_x$ est inversible. (De plus, $\min_{y \in B^n} \frac{1}{\|dr_y - Id\|} < \infty$ car sinon, $\forall y \in B^n, dr_y = Id$ donc $r = Id_{B^n}$ ce qui contredit $r(B^n) \subset S^{n-1}$)
- De plus, si $x \neq y$ et $r_t(x) = r_t(y)$, on a $x - y = t.(x - r(x) - (y - r(y)))$
donc $\|x - y\| \leq t.\|dr_x - Id\|.\|x - y\| < \|x - y\|$
Donc r_t est injective
- Ainsi, par Théorème d'inversion globale, r_t est un C^1 -difféomorphisme de $B^n \longrightarrow r_t(B^n)$ et $r_t(B^n)$ est ouvert dans B^n
- Il reste à montrer que $r_t(B^n)$ est fermé dans B^n . On y arrive par caractérisation séquentielle : Soit $(y_k)_{k \in \mathbb{N}} = (r_t(x_k))_{k \in \mathbb{N}} \in (r_t(B^n))^{\mathbb{N}}$ telle que $y_k \xrightarrow[k \rightarrow +\infty]{} y \in B^n$. Or par compacité de B^n , on a $x \in B^n$ et une extraction ϕ tels que $x_{\phi(k)} \xrightarrow[k \rightarrow +\infty]{} x$, on a donc par continuité de r_t , $y = r_t(x) \in r_t(B^n)$.

Ainsi, pour $t \in \left[0, \min_{y \in B^n} \frac{1}{\|dr_y - Id\|}\right[$, r_t est un C^1 -difféomorphisme de B^n sur B^n .

2.5 Application du théorème de Schauder : preuve d'existence de solutions stationnaires

2.5.1 Mise sous forme intégrale et définition du problème de point fixe

On part d'un système d'équations différentielles de la forme :

$$\begin{cases} \forall x \in [a, b], -u''(x) = f(u(x), v(x)) & \text{et } u(a) = \alpha_1, u(b) = \beta_1 \\ \forall x \in [a, b], -v''(x) = g(u(x), v(x)) & \text{et } v(a) = \alpha_2, v(b) = \beta_2 \end{cases}$$

Alors en intégrant deux fois, on obtient :

$$\begin{cases} \forall x \in [a, b], u(x) = \alpha_1 + (x - a) \cdot \left(\frac{\beta_1 - \alpha_1 + \int_a^b \int_a^t f(u(s), v(s)) ds dt}{b - a} \right) - \int_a^x \int_a^t f(u(s), v(s)) ds dt \\ \forall x \in [a, b], v(x) = \alpha_2 + (x - a) \cdot \left(\frac{\beta_2 - \alpha_2 + \int_a^b \int_a^t g(u(s), v(s)) ds dt}{b - a} \right) - \int_a^x \int_a^t g(u(s), v(s)) ds dt \end{cases}$$

Il s'agit donc de trouver un point fixe du couple de fonctions (F, G) défini par :

$$\begin{cases} \forall x \in [a, b], F(u, v)(x) = \alpha_1 + (x - a) \cdot \left(\frac{\beta_1 - \alpha_1 + \int_a^b \int_a^t f(u(s), v(s)) ds dt}{b - a} \right) - \int_a^x \int_a^t f(u(s), v(s)) ds dt \\ \forall x \in [a, b], G(u, v)(x) = \alpha_2 + (x - a) \cdot \left(\frac{\beta_2 - \alpha_2 + \int_a^b \int_a^t g(u(s), v(s)) ds dt}{b - a} \right) - \int_a^x \int_a^t g(u(s), v(s)) ds dt \end{cases}$$

2.5.2 Détermination du convexe

On va prendre le produit cartésien de deux fois le convexe K défini comme étant une boule de $L^2([a, b])$ (ce qui nous assure le caractère borné et convexe de K^2) :

$$K = \{u \geq 0, \|u\|_{L^2([a, b])} \leq C\}$$

tout en choisissant α, β, f, g et C pour que $F(u, v) \in K$ et $G(u, v) \in K$ pour tout $(u, v) \in K^2$

Inégalité de Poincaré

Proposition 2.1.

Soit $f \in C^1([a, b])$ vérifiant les conditions de Dirichlet homogènes (c'est-à-dire $f(a) = f(b) = 0$),

Alors

$$\|f\|_{L^2([a, b])} \leq (b - a) \cdot \|f'\|_{L^2([a, b])}$$

Démonstration.

On a :

$$\forall t \in [a, b], f(t) = f(a) + \int_a^t f'(s) ds = \int_a^t f'(s) ds$$

Donc par inégalité de Cauchy-Schwarz,

$$\forall t \in [a, b], |f(t)| \leq \int_a^t |f'(s)| ds \leq \int_a^b |f'(s)| ds \leq \sqrt{\int_a^b 1 ds} \cdot \|f'\|_{L^2([a, b])} = \sqrt{b - a} \cdot \|f'\|_{L^2([a, b])}$$

Ainsi,

$$\|f\|_{L^2([a, b])} = \sqrt{\int_a^b |f(s)|^2 ds} \leq (b - a) \cdot \|f'\|_{L^2([a, b])}$$

□

Choix de C

Soient $B \in C^0([a, b])$, ϕ affine telle que $\phi(a) = \alpha$ et $\phi(b) = \beta$ et A solution du système :

$$\begin{cases} -A'' = B \\ A(a) = \alpha, A(b) = \beta \end{cases}$$

On va chercher à majorer $\|A\|_{L^2([a, b])}$ par une constante ne dépendant que de α, β, a, b et $\|B\|_{L^2([a, b])}$.
 $A - \phi$ vérifie le système suivant :

$$\begin{cases} -(A - \phi)'' = B \\ (A - \phi)(a) = 0, (A - \phi)(b) = 0 \end{cases}$$

Ainsi, en multipliant par $A - \phi$ et en intégrant de a à b , on obtient :

$$\int_a^b B(A - \phi) = \int_a^b -(A - \phi)''(A - \phi) = -[(A - \phi)'(A - \phi)]_a^b + \int_a^b (A - \phi)'^2 = \|(A - \phi)'\|_{L^2([a, b])}^2$$

D'où, par inégalité de Poincaré puis inégalité de Cauchy-Schwarz,

$$\|(A - \phi)\|_{L^2([a, b])}^2 \leq (b - a)^2 \|(A - \phi)'\|_{L^2([a, b])}^2 = (b - a)^2 \int_a^b B(A - \phi) \leq (b - a)^2 \|B\|_{L^2([a, b])} \|(A - \phi)\|_{L^2([a, b])}$$

Donc,

$$\begin{aligned} \|A\|_{L^2([a, b])} &\leq \|(A - \phi)\|_{L^2([a, b])} + \|\phi\|_{L^2([a, b])} \\ &\leq (b - a)^2 \|B\|_{L^2([a, b])} + \|\phi\|_{L^2([a, b])} \\ &\leq (b - a)^2 \|B\|_{L^2([a, b])} + \max(|\alpha|, |\beta|) \sqrt{b - a} \end{aligned}$$

Choix des hypothèses sur f et g

On choisi f et g lipschitziennes, bornées et positives sur $(\mathbb{R}_+)^2$ et on note k une constante rendant à la fois f et g lipschitziennes et M une constante bornant à la fois f et g .

Comme f et g sont positives sur $(\mathbb{R}_+)^2$, pour $(u, v) \in K^2$, $F(u, v)$ et $G(u, v)$ sont concaves donc sont au dessus de leur corde entre a et b , ainsi en prenant α et β positifs, $F(u, v)$ et $G(u, v)$ sont positives.

On a alors par inégalité précédente,

$$\|F(u, v)\|_{L^2([a, b])} \leq (b - a)^2 \|f(u, v)\|_{L^2([a, b])} + \max(|\alpha|, |\beta|) \sqrt{b - a} \leq (b - a)^{\frac{5}{2}} M + \max(|\alpha|, |\beta|) \sqrt{b - a}$$

et de même,

$$\|G(u, v)\|_{L^2([a, b])} \leq (b - a)^2 \|g(u, v)\|_{L^2([a, b])} + \max(|\alpha|, |\beta|) \sqrt{b - a} \leq (b - a)^{\frac{5}{2}} M + \max(|\alpha|, |\beta|) \sqrt{b - a}$$

On prend donc $C = (b - a)^{\frac{5}{2}} M + \max(|\alpha_1|, |\beta_1|, |\alpha_2|, |\beta_2|) \sqrt{b - a}$

2.5.3 Vérification des hypothèses du Théorème de Schauder

Nous voulons appliquer le Théorème de Schauder à $(F, G) : K^2 \mapsto K^2$. Pour les trois propriétés suivantes, il suffit de les montrer pour une seule des deux fonctions, disons F , puisqu'elles passent au produit sans problème.

(F, G) continué

Soient $(u, v) \in K^2$ et $(u', v') \in K^2$.
Soit $x \in [a, b]$,

$$\begin{aligned}
 |F(u, v)(x) - F(u', v')(x)| &= \left| \int_a^x \int_a^t f(u(s), v(s)) - f(u'(s), v'(s)) ds dt - \frac{x-a}{b-a} \left(\int_a^b \int_a^t f(u(s), v(s)) - f(u'(s), v'(s)) ds dt \right) \right| \\
 &\leq \int_a^b \int_a^b |f(u(s), v(s)) - f(u'(s), v'(s))| ds dt + \frac{b-a}{b-a} \left(\int_a^b \int_a^t |f(u(s), v(s)) - f(u'(s), v'(s))| ds dt \right) \\
 &\leq k(b-a) \int_a^b |u(s) - u'(s)| + |v(s) - v'(s)| ds + \int_a^b \int_a^b |f(u(s), v(s)) - f(u'(s), v'(s))| ds dt \\
 &\leq 2k(b-a) \sqrt{\int_a^b 1 ds} \left(\sqrt{\int_a^b |u(s) - u'(s)|^2 ds} + \sqrt{\int_a^b |v(s) - v'(s)|^2 ds} \right) \\
 &\leq 2k(b-a)^{\frac{3}{2}} (\|u - u'\|_{L^2([a,b])} + \|v - v'\|_{L^2([a,b])})
 \end{aligned}$$

Donc,

$$\|F(u, v) - F(u', v')\|_{L^2([a,b])} \leq 2k(b-a)^2 (\|u - u'\|_{L^2([a,b])} + \|v - v'\|_{L^2([a,b])})$$

Ainsi, F est même lipschitzienne.

(F, G) compacte

Soit $(u, v) \in K^2$, Soit $(x, y) \in [a, b]^2$,

$$\begin{aligned}
 |F(u, v)(x) - F(u, v)(y)| &= \left| \int_x^y \int_a^t f(u(s), v(s)) ds dt + (x-y) \left(\frac{\beta_1 - \alpha_1 + \int_a^b \int_a^t f(u(s), v(s)) ds dt}{b-a} \right) \right| \\
 &\leq \left| \int_x^y \int_a^b f(u(s), v(s)) ds dt \right| + \left| (x-y) \left(\frac{\beta_1 - \alpha_1 + \int_a^b \int_a^t f(u(s), v(s)) ds dt}{b-a} \right) \right| \\
 &\leq \left| \int_x^y \int_a^b |f(u(s), v(s))| ds dt \right| + \frac{|x-y|}{b-a} \left| \beta_1 - \alpha_1 + \int_a^b \int_a^t f(u(s), v(s)) ds dt \right| \\
 &\leq |x-y| |b-a| \|f\|_\infty + \frac{|x-y|}{b-a} (|\beta_1 - \alpha_1| + (b-a)^2 \|f\|_\infty) \\
 &\leq |x-y| \left(2|b-a| \|f\|_\infty + \frac{|\beta_1 - \alpha_1|}{b-a} \right)
 \end{aligned}$$

Ainsi, $F(u, v)$ est $\left(2|b-a| \|f\|_\infty + \frac{|\beta_1 - \alpha_1|}{b-a} \right)$ -lipschitzienne pour tout $(u, v) \in K^2$, donc $F(K^2)$ est équicontinue. De plus, $F(K^2)$ est bornée donc par Théorème d'Ascoli, $F(K^2)$ est compacte pour la norme uniforme donc pour la norme L^2 .

Enfin, par choix de α, β, f, g et $C, (F, G)(K^2) \subset K^2$

2.5.4 Application à notre système SI stationnaire

Ici, on veut montrer l'existence de solutions au système :

$$\begin{cases} -s'' = -si & \text{et } s(a) = \alpha_1, s(b) = \beta_1 \\ -i'' = si - i & \text{et } i(a) = \alpha_2, i(b) = \beta_2 \end{cases}$$

Cependant, les fonctions définies par $f(x, y) = -xy$ et $g(x, y) = xy - y$ ne sont ni lipschitziennes ni bornées.

Approximation du système

On remplace donc f par $f_\epsilon(x, y) = -\frac{x}{1+\epsilon x^2} \frac{y}{1+\epsilon y^2}$ et g par $g_\epsilon(x, y) = \frac{x}{1+\epsilon x^2} \frac{y}{1+\epsilon y^2} - \frac{y}{1+\epsilon y^2}$ qui sont clairement lipschitziennes et bornées.

On a donc un couple de solutions positives (s_ϵ, i_ϵ) du système :

$$\begin{cases} -s''_\epsilon = -\frac{s_\epsilon}{1+\epsilon s_\epsilon^2} \frac{i_\epsilon}{1+\epsilon i_\epsilon^2} & \text{et } s_\epsilon(a) = \alpha_1, s_\epsilon(b) = \beta_1 \\ -i''_\epsilon = \frac{s_\epsilon}{1+\epsilon s_\epsilon^2} \frac{i_\epsilon}{1+\epsilon i_\epsilon^2} - \frac{i_\epsilon}{1+\epsilon i_\epsilon^2} & \text{et } i_\epsilon(a) = \alpha_2, i_\epsilon(b) = \beta_2 \end{cases}$$

Notre but est alors de montrer qu'on peut extraire une valeur d'adhérence (s, i) de (s_ϵ, i_ϵ) quand $\epsilon \rightarrow 0$, et que (s, i) est bien solution du système SI stationnaire.

(s_ϵ) et (i_ϵ) sont bornée uniformément par rapport à ϵ

Comme $0 \leq s_\epsilon$ et $0 \leq i_\epsilon$, on a $0 \leq s''_\epsilon$ donc s_ϵ est convexe, donc inférieur à sa corde entre a et b . Ainsi $0 \leq s_\epsilon \leq \max(\alpha_1, \beta_1)$.

De même, comme $-(s_\epsilon + i_\epsilon)'' = -\frac{i_\epsilon}{1+\epsilon i_\epsilon^2} \leq 0$, $s_\epsilon + i_\epsilon$ est convexe donc $0 \leq s_\epsilon + i_\epsilon \leq \max(\alpha_1 + \alpha_2, \beta_1 + \beta_2)$, d'où $0 \leq i_\epsilon \leq \max(\alpha_1 + \alpha_2, \beta_1 + \beta_2)$

(s_ϵ) et (i_ϵ) sont équicontinues

Il s'agit de borner les dérivées premières de s_ϵ et i_ϵ uniformément par rapport à ϵ . Or on sait que :

$$\begin{cases} \forall x \in [a, b], s'_\epsilon(x) = \left(\frac{\beta_1 - \alpha_1 + \int_a^b \left(\int_a^t -\frac{s_\epsilon}{1+\epsilon s_\epsilon^2} \frac{i_\epsilon}{1+\epsilon i_\epsilon^2} dt \right)}{b-a} \right) - \int_a^x \left(-\frac{s_\epsilon}{1+\epsilon s_\epsilon^2} \frac{i_\epsilon}{1+\epsilon i_\epsilon^2} \right) \\ \forall x \in [a, b], i'_\epsilon(x) = \left(\frac{\beta_2 - \alpha_2 + \int_a^b \left(\int_a^t \frac{s_\epsilon}{1+\epsilon s_\epsilon^2} \frac{i_\epsilon}{1+\epsilon i_\epsilon^2} - \frac{i_\epsilon}{1+\epsilon i_\epsilon^2} dt \right)}{b-a} \right) - \int_a^x \left(\frac{s_\epsilon}{1+\epsilon s_\epsilon^2} \frac{i_\epsilon}{1+\epsilon i_\epsilon^2} - \frac{i_\epsilon}{1+\epsilon i_\epsilon^2} \right) \end{cases}$$

Donc comme s_ϵ et i_ϵ sont bornées uniformément par rapport à ϵ , il est clair que s'_ϵ et i'_ϵ le sont également. Ainsi, par Théorème d'Ascoli, (s_ϵ, i_ϵ) a une valeur d'adhérence (s, i) quand $\epsilon \rightarrow 0$ au sens de la norme uniforme. On a de plus grâce au système $(s'_\epsilon, i'_\epsilon)$ converge uniformément vers $(si, -si + i)$, or la convergence uniforme est conservée par primitivation, donc (s_ϵ, i_ϵ) converge uniformément vers la double

primitive de $(si, -si + i)$ vérifiant les mêmes conditions aux limites et qui n'est autre que celle donné par le système initial mis sous forme intégrale. Donc :

$$\left\{ \begin{array}{l} \forall x \in [a, b], s(x) = \alpha_1 + (x - a) \cdot \left(\frac{\beta_1 - \alpha_1 + \int_a^b \left(\int_a^t -si \right) dt}{b - a} \right) - \int_a^x \left(\int_a^t -si \right) dt \\ \forall x \in [a, b], i(x) = \alpha_2 + (x - a) \cdot \left(\frac{\beta_2 - \alpha_2 + \int_a^b \left(\int_a^t si - i \right) dt}{b - a} \right) - \int_a^x \left(\int_a^t si - i \right) dt \end{array} \right.$$

système équivalent au système différentiel :

$$\left\{ \begin{array}{l} \forall x \in [a, b], -s''(x) = s(x)i(x) \text{ et } s(a) = \alpha_1, s(b) = \beta_1 \\ \forall x \in [a, b], -i''(x) = s(x)i(x) - i(x) \text{ et } i(a) = \alpha_2, i(b) = \beta_2 \end{array} \right.$$

Ainsi, (s, i) est bien solution.

Modèle SIR en milieu homogène : étude numérique

3.1 Ondes stationnaires

Nous avons réalisé une simulation numérique des solutions stationnaires grâce au code Matlab de l'Annexe D.4.

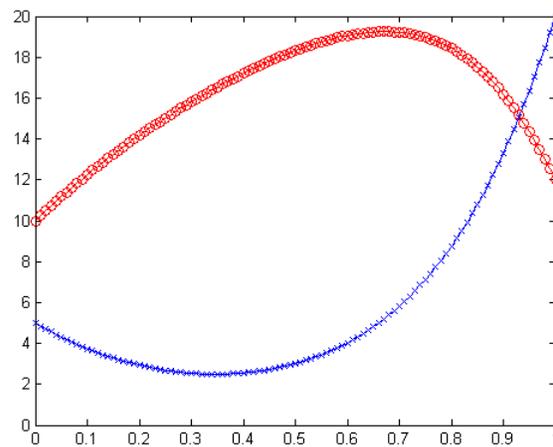


FIGURE 3.1: Solutions stationnaires. En bleu le nombre d'individus sains, en rouge le nombre d'individus infectés

3.2 Ondes progressives

3.2.1 Simulation numérique

Dans cette partie, on cherche à observer numériquement des solutions de notre système, sous forme d'ondes progressives se propageant à la vitesse V , pour modéliser une épidémie. Pour cela, on va approximer les solutions en utilisant un schéma aux différences finies. Pour simplifier l'étude, on reste en dimension 1, c'est-à-dire que les individus se déplacent sur une droite (numériquement, on se restreint à un segment $[a, b]$). Dans le cadre de notre problème, on va choisir de prendre des conditions de Neumann, qui sont plus pertinentes que les conditions de Dirichlet. En effet, avec ces dernières, les valeurs aux bords du domaine

sont imposées (voir Annexe C.1 pour les conditions de Dirichlet/Neumann). Or, si l'on veut observer des ondes progressives, on ne peut pas prévoir entre quelles valeurs le front va se propager. Il est donc préférable de choisir les conditions de Neumann. On considère donc le problème aux limites associé au système avec conditions de Neumann :

$$\begin{cases} \frac{\partial S}{\partial t} = \nabla^2 S - \alpha SI & (x, t) \in [a, b] \times [0, T] \\ \frac{\partial I}{\partial t} = \nabla^2 I + \alpha SI - \beta I & (x, t) \in [a, b] \times [0, T] \\ I(0, x) = I_0(x) \geq 0, S(0, x) = S_0(x) \geq 0 & x \in]a, b[\end{cases}$$

Il est préférable de discrétiser les équations de façon implicite, afin d'éviter tout éventuel problème de convergence du schéma (qui serait dû à la condition CFL, voir Annexe C.1)

On fixe $M > 0$ le nombre de points intérieurs au segment $]a, b[$. On note le pas de discrétisation en espace $\Delta x = h = \frac{b-a}{M+1}$, et on a alors $x_j = a + jh$. On note $\Delta t = k$ le pas de temps, et N est le nombre de pas de temps pour atteindre le temps final T . On va donc calculer une approximation de la solution $(S(nk, x_j), I(nk, x_j))$, notée (S_j^n, I_j^n) . Le schéma aux différences finies implicite en temps conduit au système suivant (voir Annexe B)

$$\begin{cases} \frac{1}{\Delta t}(S_j^{n+1} - S_j^n) - \frac{S_j^{n+1} - 2S_j^n + S_{j-1}^{n+1}}{(\Delta x)^2} - \alpha S_j^n I_j^n = 0 \\ \frac{1}{\Delta t}(I_j^{n+1} - I_j^n) - \frac{I_j^{n+1} - 2I_j^n + I_{j-1}^{n+1}}{(\Delta x)^2} + \alpha S_j^n I_j^n - \beta I_j^n = 0 \\ 0 \leq j \leq M+1, 0 \leq n \leq N-1 \end{cases}$$

Grâce à ce schéma, on va tout d'abord simuler la configuration suivante : à l'instant $t = 0$, la population est telle que $S + I + R = 1$, et $R = 0$. On introduit un pic d'infectés en x_0 (ici, au milieu du segment $[a, b]$), la population d'infectés étant nulle en dehors de ce pic à l'instant initial. Puis, on regarde l'évolution des différents compartiments de la population, suivant les paramètres et les conditions initiales choisis. On calculera ensuite la vitesse des fronts existant.

3.2.2 Étude numérique du modèle

Les simulations numériques montrent deux types d'évolution de la population, suivant les paramètres α (coefficient d'infection) et β (coefficient de récupération). On distingue deux cas, suivant que $\mathcal{R}_0 = \frac{\alpha}{\beta} > 1$ ou $\mathcal{R}_0 = \frac{\alpha}{\beta} < 1$. On étudiera le cas $\mathcal{R}_0 = 1$ à part.

Cas $\alpha > \beta$

À l'instant $t=0$, la population saine est contaminée uniquement là où on a introduit les infectés (en x_0). Puis, à l'instant $t=15$ sur la figure ci-dessous, en x_0 , la contamination s'amplifie, et la population infectée commence à diffuser (départ de deux fronts d'onde de part et d'autre de x_0). En x_0 , la population infectée commence à décroître, puisqu'il n'y a plus assez d'individus à contaminer pour compenser la mortalité/immunisation. À $t=30, 60$ et 100 , les deux fronts continuent à se déplacer vers les zones non infectées (là où la population susceptible est encore importante). Il n'y a plus de malades au centre. Enfin, à $t=500$, les deux fronts sont passés, l'épidémie est finie. La population infectée est constante égale à 0. La population saine est constante partout sauf au centre où on observe une dépression. La dépression va disparaître du fait de la diffusion de la population S ($t=20000$).

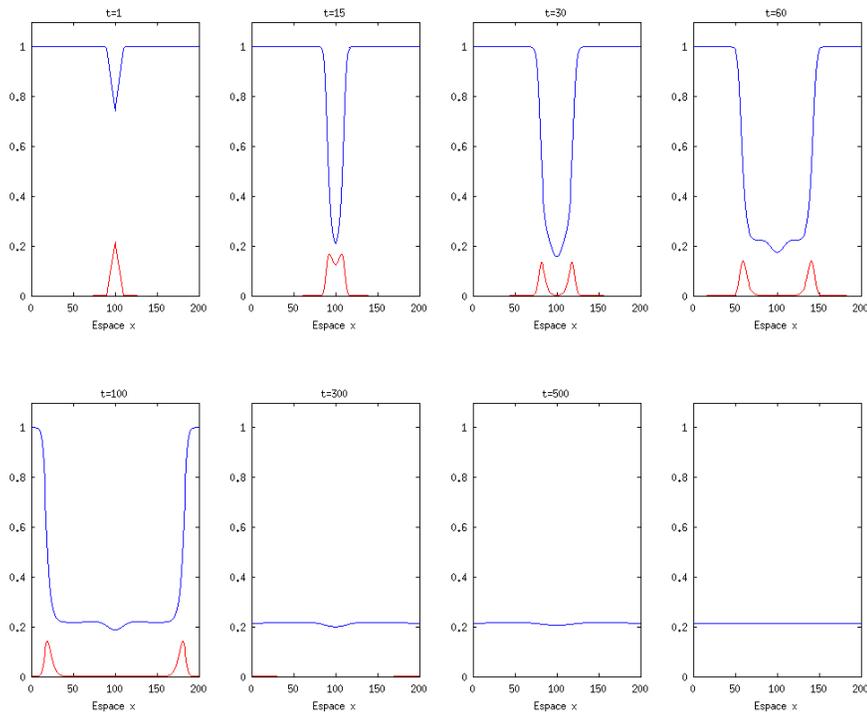


FIGURE 3.2: Évolution des populations d’infectés (courbe rouges) et de susceptibles (courbes bleues), résultats obtenus en prenant $\alpha = 3, \beta = 1$

Un cas particulier intéressant est celui où $\alpha > 0$ et $\beta = 0$: le système modélise alors la propagation d’une maladie infectieuse incurable, mais non mortelle (la lèpre, par exemple). Dans ce cas, le système se simplifie :

$$\begin{cases} \frac{\partial S}{\partial t} = \nabla^2 S - \alpha SI \\ \frac{\partial I}{\partial t} = \nabla^2 I + \alpha SI \end{cases}$$

Il n’y a aucun individu de la population infectée qui va guérir ou mourir, un individu qui devient infecté le reste définitivement. Toute la population saine devient infectée. Au bout d’un temps grand, toute la population est infectée.

Cas $\alpha < \beta$

Lorsque $\alpha < \beta$, à l’instant $t=0$, la population est contaminée uniquement là où on a introduit les infectés. Puis ($t=15$), un individu infecté contaminant en moyenne moins d’un infecté (c’est ce que traduit $R_0 < 1$), le nombre d’infecté diminue immédiatement en x_0 , tandis que la population susceptible diminue légèrement elle aussi en x_0 (il y a quand même quelques cas de contamination). À partir du moment ($t=60$) où toute la population infectée devient très petite, la population susceptible croît, puisque, le danger étant écarté, la population susceptible revient sur les lieux de départ de l’infection. Ce phénomène de “retour des

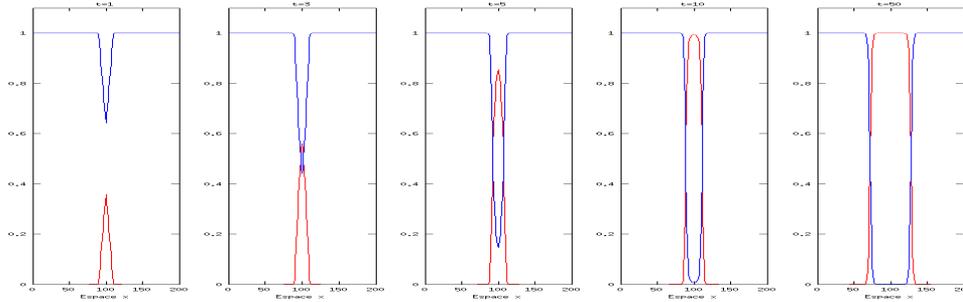


FIGURE 3.3: Évolution des populations d’infectés (courbes rouges) et de susceptibles (courbes bleues), résultats obtenus pour $\alpha = 3, \beta = 0$

susceptibles” se poursuit de $t=100$ à $t=500$. Enfin ($t=20000$), alors que $I \rightarrow 0, S$ tend vers une constante strictement inférieure à 1 (puisque’il y a quand même eu des contaminations), mais proche de 1.

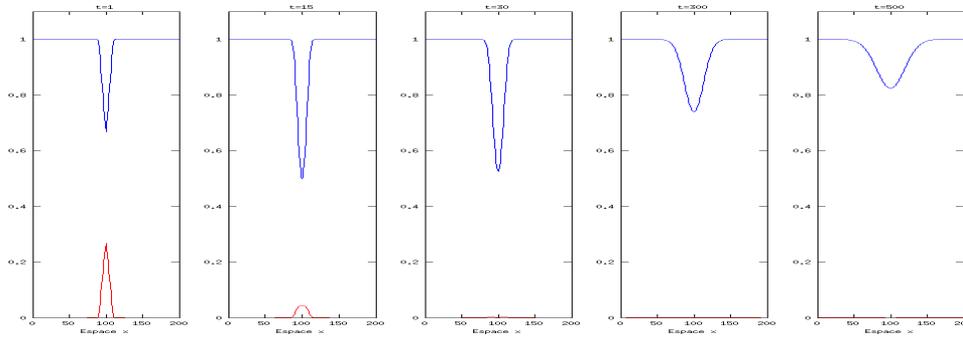


FIGURE 3.4: Évolution des populations d’infectés (courbe rouges) et de susceptibles (courbes bleues), résultats obtenus en prenant $\alpha = 1.1, \beta = 1$

Ce cas englobe l’évolution de la population avec les paramètres $\alpha = 0, \beta > 0$, qui modélise alors une maladie mortelle non infectieuse (maladie cardio-vasculaire, par exemple). Le système se simplifie

$$\begin{cases} \frac{\partial S}{\partial t} = \nabla^2 S \\ \frac{\partial I}{\partial t} = \nabla^2 I - \beta I \end{cases}$$

Les comportements respectifs de l’évolution de S et de I sont indépendants : la maladie n’étant pas infectieuse, les infectés n’ont aucune influence sur les susceptibles, et vice versa. S vérifie l’équation de la chaleur, et I , une équation de réaction-diffusion.

Comme on s’y attend, la maladie ne se propage pas (celle-ci n’étant pas infectieuse !), et la population d’infectés tend rapidement vers 0 (guérison ou décès).

Cas $\alpha = \beta$

Ce cas nous permet de bien différencier la relaxation de l'établissement de fronts d'onde. En effet, même s'il y a formation de deux pics d'infectés initiaux, on n'observe pas de propagation d'épidémie. À l'instant $t=0$, on introduit un certain nombre d'infectés ; puis, en cet endroit, la population d'infectés diminue (ainsi que la population de sains). Mais tout le pic d'infectés initiaux ne disparaît pas : il se scinde en fait en deux pics distincts, qui ne vont pas se propager (donc pas de front d'onde) mais qui vont "s'écraser" sur place.

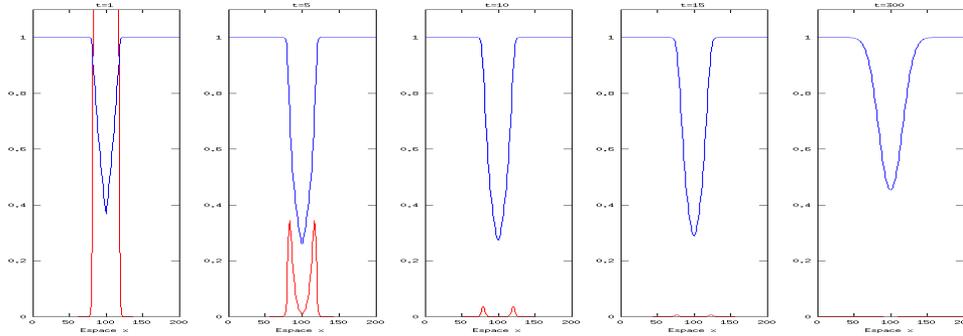


FIGURE 3.5: Évolution de la population pour $\alpha = 5, \beta = 5$

3.2.3 Évolution dans le cas de propagation

On observe donc la propagation d'un front d'épidémie uniquement si $\alpha > \beta$ (c'est ce que prouve théoriquement Murray dans [Mur09]). Dans ce cas-là, on a mis en évidence la succession de trois phases distinctes lors de la propagation d'une épidémie :

- relaxation de la condition initiale
- propagation d'un front
- homogénéisation de la population

3.2.4 Variante : modèle SIR sans diffusion pour S

Certaines maladies, comme la rage par exemple, sont modélisées par un modèle légèrement différent : si l'on suppose encore que les malades errent au hasard, en revanche, les individus sains ne bougent pas. Cela revient à dire que la population saine ne diffuse pas (i.e on ôte le terme de diffusion dans l'équation vérifiée par S). S et I vérifient alors :

$$\begin{cases} \frac{\partial S}{\partial t} = -\alpha SI \\ \frac{\partial I}{\partial t} = \nabla^2 I + \alpha SI - \beta I \end{cases}$$

Numériquement, on observe exactement les mêmes conditions de propagation sur les coefficients que dans le modèle précédent. Par contre, dans ce modèle-ci, la population saine ne bougeant pas, il n'y a pas de phase d'homogénéisation de la population, ce qui signifie que la dépression initiale due au pic initial d'infectés reste : en un endroit donné, si la population saine diminue, elle ne peut plus réaugmenter.

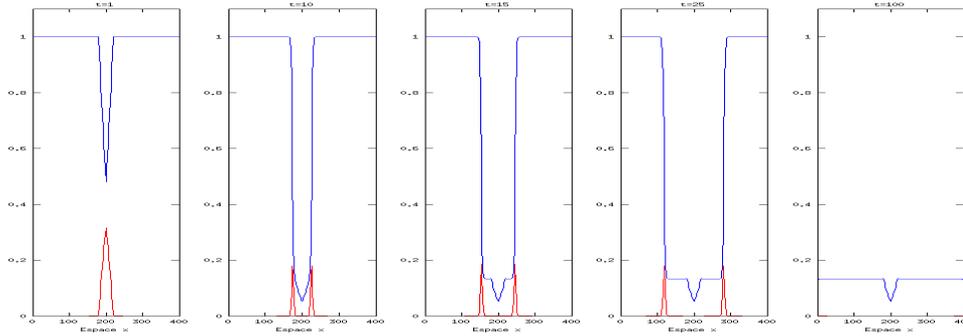


FIGURE 3.6: Évolution de la population pour $\alpha = 4, \beta = 2$

Dans le cas de la rage, étudié en détail dans [Mur09], β est le taux de contact entre susceptibles et infectieux, car cette maladie se transmet par contact uniquement. Cette modélisation explique en partie la diminution des renards en Europe.

3.2.5 Vitesse de propagation du front d'onde

Lorsqu'il y a propagation d'une épidémie, la question se pose de savoir à quelle vitesse elle se propage, et quels sont les paramètres qui influent cette vitesse. Aux temps longs, le front se déplace sans se déformer, et c'est la vitesse de ce front qui nous intéresse. On a donc calculé numériquement la vitesse du front d'onde : pour cela, on prend des valeurs "seuil" entre lesquelles le front se propage (il faut les choisir à la main), et pour un certain nombre de points compris entre ces valeurs seuils, à chaque itération en temps, on regarde en quel x il est atteint. On calcule ensuite la vitesse de chaque point considéré (on divise la distance parcourue entre deux itérations par le pas de temps. Enfin, on fait la moyenne arithmétique de la vitesse de chaque point pour obtenir une bonne approximation de la vitesse en fonction du temps (voir Annexe D.4 pour le code).

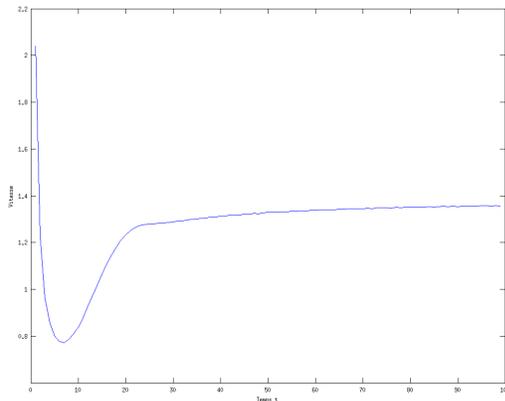


FIGURE 3.5 - Vitesse en fonction du temps, pour le front de droite, obtenue pour $\alpha = 1.5$ et $\beta = 1$

On observe trois étapes : tout d'abord, la vitesse décroît rapidement pendant la diminution de la condition initiale, puis, augmente pendant l'établissement du front, et enfin, elle est presque constante pendant la propagation du front (elle augmente encore légèrement, l'état stationnaire étant asymptotique).

On considère, avec une précision de 10^{-2} près, que la vitesse du front d'onde est la vitesse atteinte au temps T .

La vitesse théorique V est calculée dans [Mur09], : $V = 2(\alpha - \beta)^{\frac{1}{2}}$. On peut alors comparer les résultats obtenus numériquement avec les valeurs théoriques, afin de vérifier cette relation entre la vitesse de propagation du front, et les coefficients de contamination et de récupération.

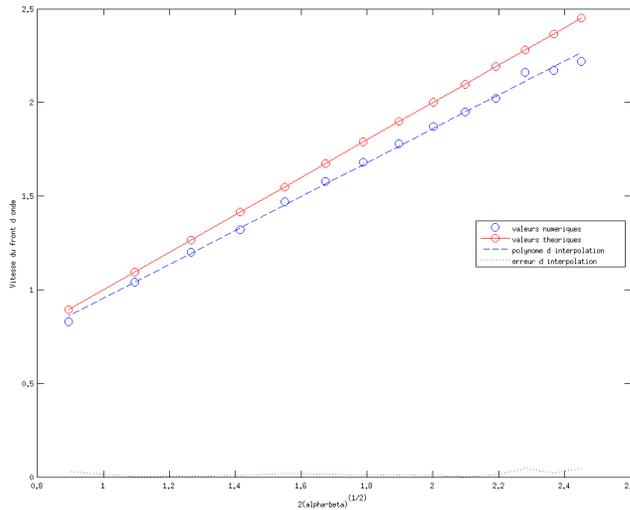


FIGURE 3.6 - Vitesse de propagation du front tracée en fonction de $2(\alpha - \beta)^{\frac{1}{2}}$, pour différentes valeurs de α et β . En rouge, les valeurs théoriques sont sur la droite d'équation $y = x$. En bleu, les valeurs obtenues numériquement sont interpolées au sens des moindres carrés par la droite d'équation $y = 0.9051x + 0.0497$, avec une erreur d'interpolation très faibles ($< 4.10^{-2}$)

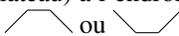
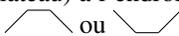
On vérifie également, en calculant la vitesse pour des coefficients identiques, mais des conditions initiales différentes (des pics initiaux d'infectés plus ou moins étendus), que la vitesse de propagation du front ne dépend pas des conditions initiales.

La vitesse de propagation est donc d'autant plus élevée que $\alpha - \beta$ est élevé, c'est-à-dire qu'elle est d'autant plus grande que le coefficient de contamination est grand, et le coefficient de récupération petit.

Modèle SIR en milieu non homogène : coefficients variables

On s'intéresse à présent à l'évolution de l'épidémie dans une population lorsque l'environnement n'est pas homogène : suivant l'endroit où l'on se trouve, l'environnement (les conditions climatiques,...) est plus ou moins favorable à la contamination, par exemple. On fait donc varier les coefficients de contamination et de récupération en fonction de l'espace, et on regarde quelles sont les conséquences de ces variations sur les fronts d'onde que l'on avait observé précédemment dans un environnement homogène. Des études de cas précis d'évolution spatiale de certaines maladies infectieuses, se basant sur des données réelles, ont déjà été menées ([NGS05],[GGM⁺10]), dans lesquelles les coefficients modélisant l'évolution sont des fonctions affines de l'espace. Il est donc naturel de commencer par regarder ce qui se passe pour de tels coefficients.

4.1 Coefficients affines

On choisit des coefficients fonctions affines de l'espace, tout en conservant la condition $0 \leq \beta < \alpha$. Pour ne pas observer d'interférences entre l'établissement d'un régime transitoire avec un régime permanent, on prendra les coefficients constants (fonction plateau) à l'endroit où sont introduits les infectés initiaux. Les coefficients ont alors deux formes possibles :  ou 

On teste tout d'abord l'influence de la variation d'un seul coefficient :

- On fixe $\alpha(x)$ constant : on a formation de deux départs de front de part et d'autre de l'endroit où l'on a initialement introduit les infectés. Puis, lorsque $\beta(x)$ commence à décroître, le front d'infectés continue à se déplacer, mais croît progressivement. Plus $\beta(x)$ décroît rapidement, plus le pic d'infectés augmente rapidement ; à l'inverse plus $\beta(x)$ croît rapidement, plus le pic d'infectés diminue en se déplaçant. Quand aux fronts de S , ils évoluent dans le sens contraire des fronts de I .
- On fixe $\beta(x)$ constant : après la formation de deux départs de front, comme précédemment, lorsque $\alpha(x)$ augmente, le pic d'infectés diminue. Il diminue d'autant plus rapidement que $\alpha(x)$ augmente rapidement. De même, Il augmente d'autant plus rapidement que $\alpha(x)$ diminue rapidement. Les fronts pour S évoluent dans le sens contraire des fronts de I .

Ces résultats sont tout à fait logiques : lorsque le coefficient de contamination diminue, il y a moins de gens susceptibles qui deviennent infectés, ce qui explique l'augmentation progressive de la hauteur des fronts pour I , et la diminution de ceux de S ; lorsque le coefficient de récupération augmente, de plus en plus d'infectés deviennent rétablis, d'où la diminution des fronts de I .

On fait ensuite varier les deux coefficients en même temps. On rappelle que la différence $\alpha - \beta$ a une influence sur l'observation de la propagation d'une onde progressive : plus cette différence est petite, plus il

est difficile d'observer ce phénomène numériquement (même s'il est présent). Pour bien observer les variations de la taille des fronts, on va donc conserver une certaine distance entre les valeurs des deux coefficients en un endroit donné.

- Les deux coefficients sont décroissants

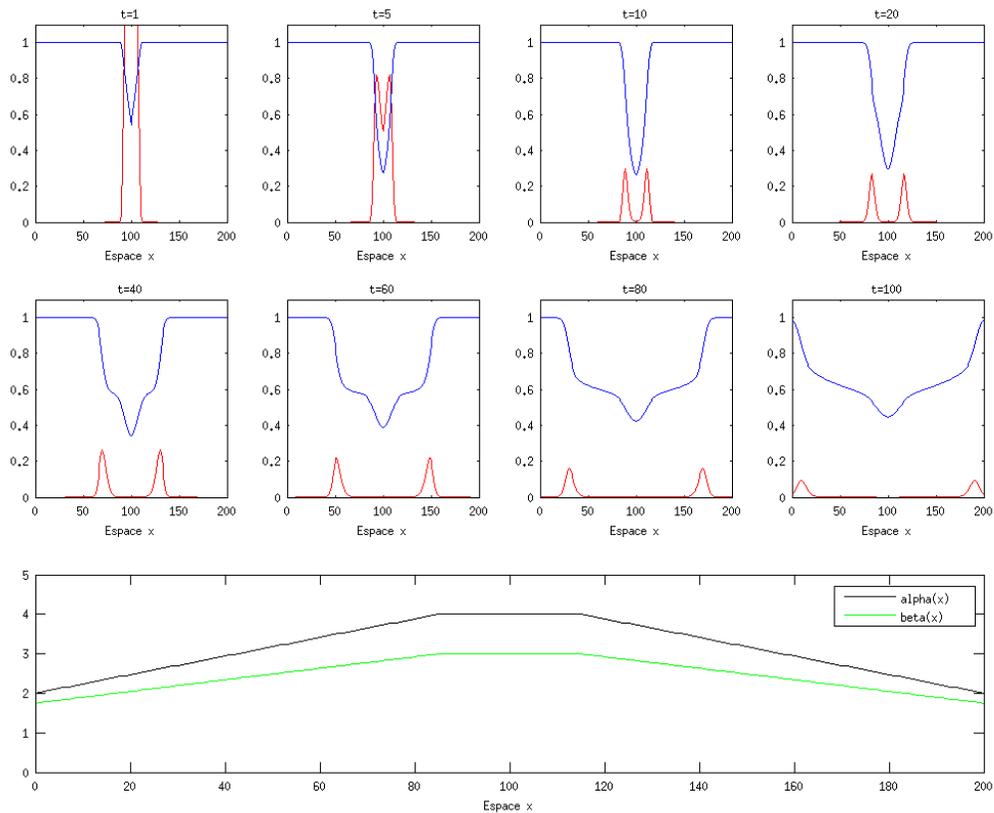


FIGURE 4.1: Évolution des fronts lorsque les coefficients sont des fonctions affines décroissantes. Les courbes en bleu correspondent à S , et celles en rouge, à $20 * I$.

De $t = 0$ à $t = 20$, la population évolue comme dans le chapitre précédent (les coefficients sont constants) : mise en place des deux départs de front. Puis, les coefficients commencent à décroître : les fronts vont se propager (de $t = 40$ à $t = 100$, les pics d'infectés se déplacent, et les fronts de S également), mais vont se déformer : les pics d'infectés sont de plus en plus petits, et la population susceptible reste plus importante après le passage du front.

Si on agrandit l'espace considéré, et que l'on regarde l'évolution pour des temps plus grands, les fronts vont disparaître, la population infectée tendant vers 0 partout, et les fronts de S rejoignant la valeur 1.

Il est intéressant de remarquer que, dans l'exemple ci-dessus, alors que β est décroissant, les pics d'infectés n'augmentent pas. En fait, $\beta(x)$ ne décroît pas assez vite par rapport à $\alpha(x)$, c'est donc ce dernier coefficient qui influence l'évolution des fronts.

- Les deux coefficients sont croissants

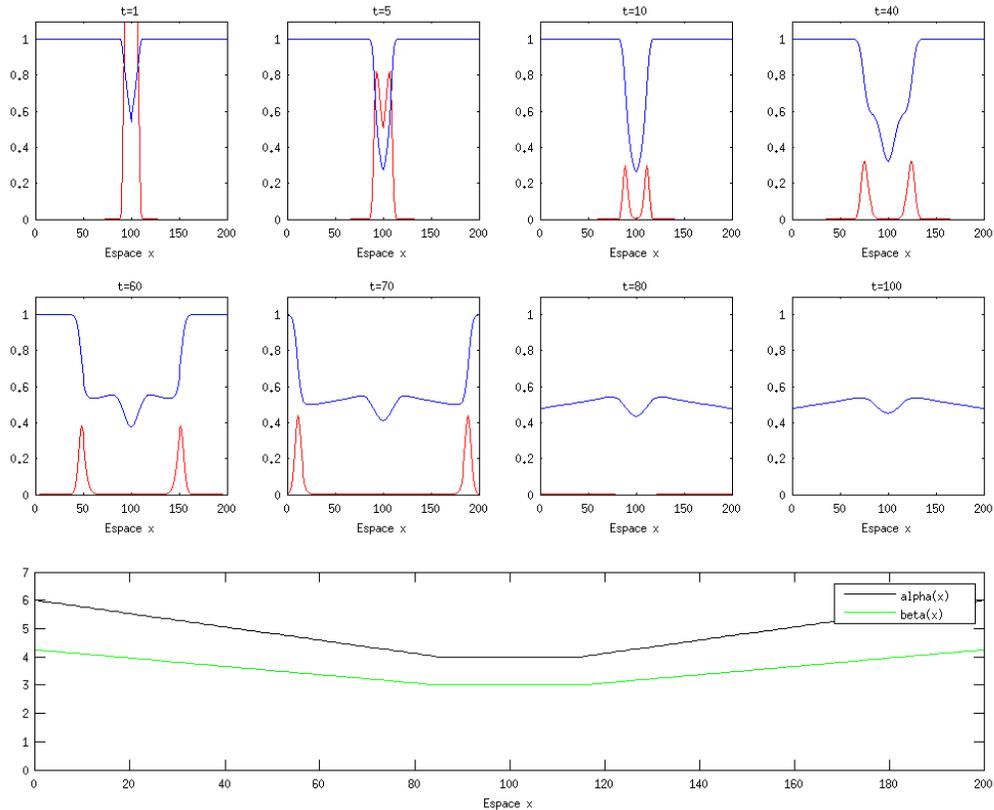


FIGURE 4.2: Évolution des fronts lorsque les coefficients sont des fonctions affines croissantes. Les courbes en bleu correspondent à S , et celles en rouge, à $20 * I$.

De $t = 0$ à $t = 10$, la population évolue comme dans le chapitre précédent (les coefficients sont constants) : mise en place des deux fronts. Puis, les coefficients commencent à croître : les fronts vont se propager (de $t = 40$ à $t = 100$, les pics d’infectés se déplacent, et les fronts de S également), mais vont se déformer : les pics d’infectés sont de plus en plus grands. Quant aux fronts observés sur S , ils gagnent en amplitude, la population susceptible est “de plus en plus” touchée par la maladie.

Si on agrandit l’espace considéré, et que l’on regarde l’évolution pour des temps plus grands, les fronts vont augmenter, de telle sorte que la population éloignée de l’endroit où l’on a introduit les infectés initiaux va devenir complètement infectée.

À l’inverse de l’exemple précédent, ici, c’est le coefficient $\beta(x)$ qui influence l’évolution de la maladie, même s’il n’augmente pas plus vite que $\alpha(x)$.

4.2 Alternance du signe de $\alpha(x) - \beta(x)$

Jusqu'ici, on a respecté le fait que $\alpha(x) > \beta(x)$ en tout point x . Dans la pratique, il est tout à fait possible que l'on passe d'un environnement plutôt favorable à la propagation d'une épidémie, à un environnement qui ne l'est pas du tout... On va donc alterner la position relative de $\alpha(x)$ par rapport à $\beta(x)$.

Par exemple, on a :

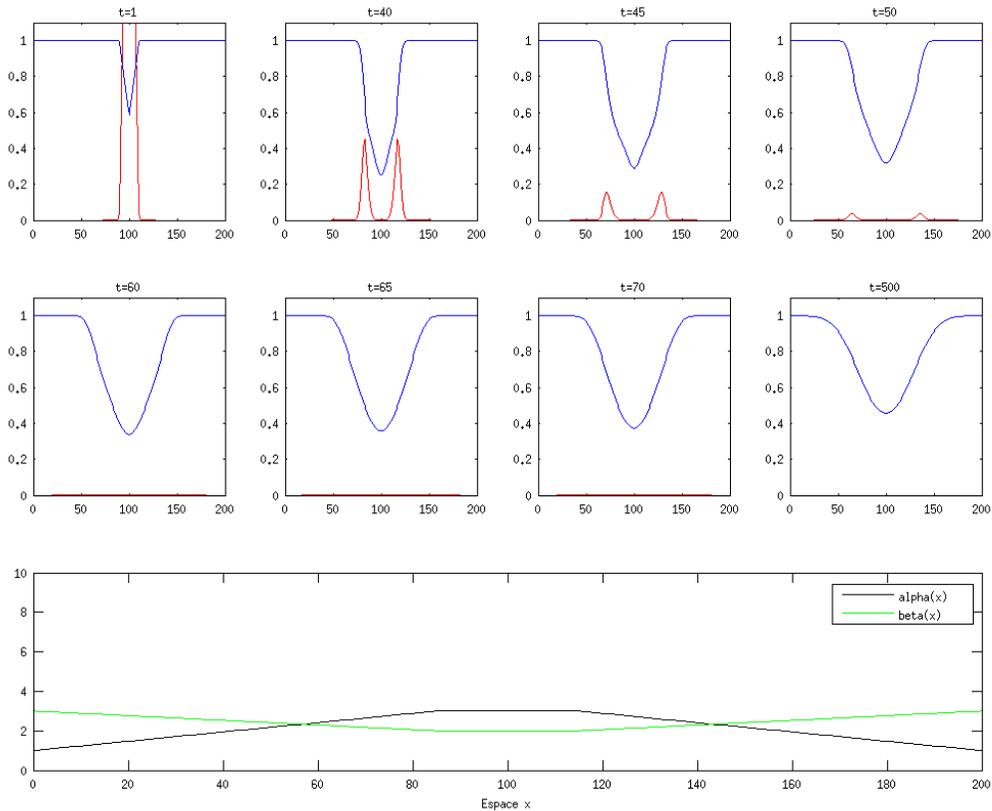


FIGURE 4.3: Évolution des fronts de propagation lorsque les coefficients respectent dans un premier temps la condition $\alpha(x) > \beta(x)$, puis ne la respectent plus. En bleu : S ; en rouge : $20 * I$.

De $t = 0$ à $t = 50$, on observe, comme prévu, la mise en place et la propagation de fronts progressifs (qui diminuent à cause de la variation des coefficients). À partir du moment où les fronts arrivent aux endroits où l'environnement n'est plus favorable à l'épidémie (lorsque les coefficients se croisent), les fronts arrêtent de se propager, et diminuent "sur place" (tout en diffusant : phase d'homogénéisation de la population) ($t = 60$ à $t = 100$).

Autre configuration : l'environnement est favorable à la propagation de l'épidémie, sauf en un tout petit endroit. Dans ce cas-là, on aura exactement le même comportement que ci-dessus, jusqu'à ce qu'il y ait des infectés qui arrivent plus loin dans l'espace, là où l'épidémie a de nouveau des chances de se propager (c'est tout à fait possible, du fait de la diffusion de la population). Il suffit alors d'un seul infecté pour faire démarrer de nouveaux fronts, plus loin.

4.3 Comment stopper l'épidémie

À présent que l'on sait qu'il y a toujours propagation d'un front (mais qui se déforme), lorsque la condition $\alpha(x) > \beta(x)$ est vérifiée, et que les coefficients varient relativement lentement, on veut trouver un moyen de stopper l'épidémie. Il est en fait possible de stopper la propagation de l'épidémie, alors même que l'environnement est propice à la propagation d'un front, grâce à une variation très brusque des coefficients, associée à une forte diminution de $\alpha(x) - \beta(x)$.

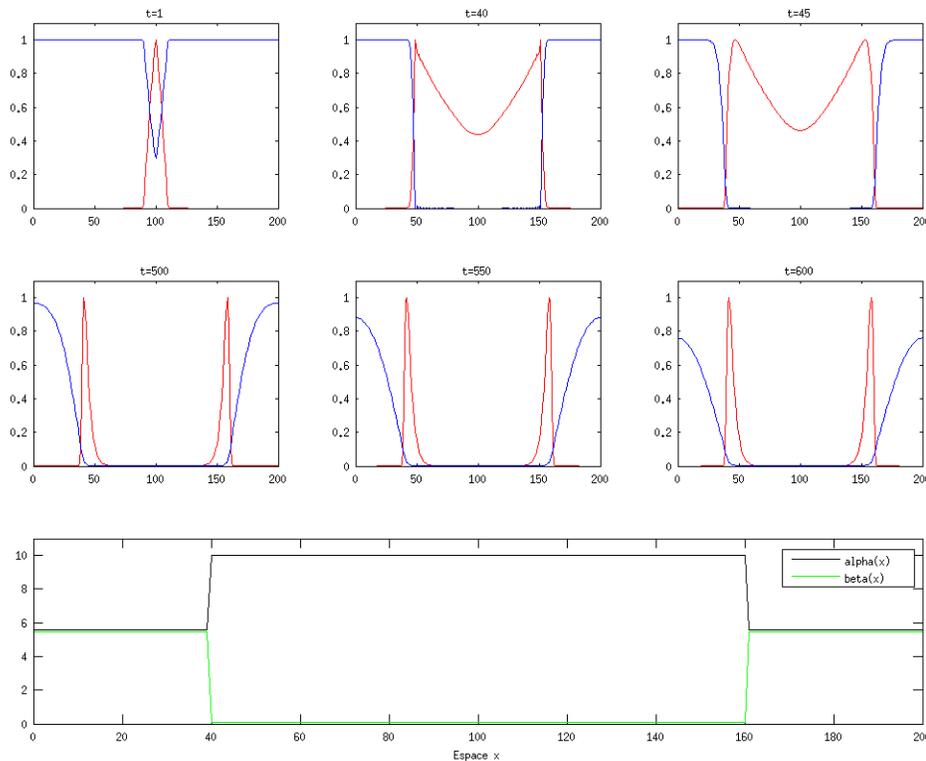


FIGURE 4.4: Évolution des fronts d'onde lorsque les coefficients varient très brusquement. En bleu : S ; en rouge : $I/\max(I)$

De $t = 1$ à $t = 40$, les fronts s'établissent et se propagent sans aucun problème (les coefficients sont constants, avec $\alpha > \beta$). Puis, les fronts arrivent à l'endroit où les coefficients varient brusquement : α diminue beaucoup (donc l'environnement devient moins favorable aux infections), et β augmente (donc l'immunité est acquise pour un plus grand nombre d'infectés). Tout ceci contribue à faire diminuer de façon conséquente le nombre d'infectés : les fronts s'écrasent presque instantanément ($t = 45$, cela ne se voit pas sur cette figure parce que l'on a tracé $I/\max(I)$), restent très petits et tendent vers 0 (cela ne se voit pas non plus). Ils ne se propagent plus, et diminuent sur place, comme on peut le voir ($t = 500$ et $t = 600$: les pics ne bougent pas).

Cependant, ce résultat est à confirmer : c'est un résultat contre-intuitif, et il faudrait faire tourner le programme sur beaucoup plus de points pour obtenir une précision assez grande, et obtenir une certitude quant au comportement de la population.

Conclusion

Immergés dans une réelle structure de recherche, nous avons effectué notre stage, qui a consisté à étudier théoriquement et numériquement un modèle épidémiologique. Ce stage a comporté une véritable dimension d'échanges proactifs dans le travail en équipe ; il a nécessité une organisation claire du travail de recherche (définir les étapes et les méthodes pour passer de la bibliographie et des idées aux résultats concrets) : nous nous sommes réparti le travail, suivant deux pistes différentes (existence théorique de solutions stationnaires, d'une part, et étude numérique des solutions progressives, d'autre part), avant de regrouper nos travaux et de produire un travail fini. Il a également nécessité une implémentation des techniques utilisées via Matlab, ainsi que le recours aux techniques mathématiques de domaines variés tels que le calcul différentiel, topologie, équations différentielles ordinaires, équations aux dérivées partielles. Il a été particulièrement intéressant d'utiliser des résultats et théorèmes vus auparavant en cours, sortis de leur contexte purement scolaire et appliqués à des situations concrètes. Ce fut une expérience collective enrichissante, tant d'un point de vue mathématique que d'un point de vue de l'apprentissage du métier de chercheur.

Bibliographie

- [BBL] A.S. Bonnet-Bendha and E. Luneville. Résolution numérique des équations aux dérivées partielles.
- [GGM⁺10] J. Gaudart, M. Ghassani, J. Minsta, M. Rachdi, J. Waku, and J. Demongeot. Demography and diffusion in epidemics : Malaria and death spread. 2010.
- [Mur09] J.D. Murray. Mathematical Biology, volume 2. Springer, 2009.
- [NGS05] J. Novembre, A. Galvani, and M. Slatkin. The geographic spread of the ccr5 δ 32 hiv-resistance allele. 2005.

Démonstration des théorèmes du chapitre 1

Théorème A.1.

Pour toute condition initiale, une unique solution maximale globale existe dans le premier cadran, définie pour tout $t \in \mathbb{R}^+$.

Démonstration. En effet, posons $X = \begin{pmatrix} S \\ I \end{pmatrix}$.

On a alors $\begin{cases} X'(t) = F(X(t)) \\ X(0) \geq 0 \end{cases}$ avec $F(X(t)) = \begin{pmatrix} -\alpha S(t)I(t) \\ \alpha S(t)I(t) - \beta I(t) \end{pmatrix}$.

La fonction F étant de classe C^1 sur \mathbb{R}^+ , elle est donc localement lipschitzienne. Le théorème de Cauchy-Lipschitz s'applique : $\exists T > 0$ tel qu'une unique solution existe sur $[0, T[$.

Pour montrer que la solution est globale, on a besoin tout d'abord de montrer que les solutions restent dans le premier cadran.

En effet, on a les solutions triviales $\begin{cases} S(t) = 0 \\ I(t) = I(0)e^{-\beta t} \end{cases}$ et $\forall c \in \mathbb{R}^+ \begin{cases} S(t) = c \\ I(t) = 0 \end{cases}$.

La première de ces solutions vit sur l'axe des ordonnées, et en chaque point de l'axe des abscisses vit une solution. Donc, sachant que pour un système autonome les trajectoires ne se coupent pas, si on prend des conditions initiales strictement positives, la solution associée au problème de Cauchy sera "piégée" dans le premier cadran.

On suppose à présent, par l'absurde, que $T < +\infty$.

$$\begin{aligned} \begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\alpha SI \\ \frac{dI}{dt} = \alpha SI - \beta I \\ I(0) \geq 0, S(0) \geq 0 \end{cases} &\Rightarrow \frac{d(S+I)}{dt} = -\beta I \\ &\Rightarrow \frac{d(S+I)}{dt} \leq -\beta I + \beta S + 2\beta I \text{ (on rajoute des quantités positives ou nulles)} \\ &\Rightarrow S(t) + I(t) \leq (I(0) + S(0))e^{\beta t}, \forall t \in [0, T[\\ &\Rightarrow S(t) + I(t) \leq (I(0) + S(0))e^{\beta T}, \forall t \in [0, T[\end{aligned}$$

S et I étant positives et $I + S$ étant bornée sur $[0, T[$, S et I sont toutes deux bornées sur $[0, T[$, ce qui est en contradiction avec le théorème des bouts. Ainsi, $T = +\infty$, c'est-à-dire que la solution est définie sur \mathbb{R}^+ tout entier. \square

Théorème A.2. Soit $(S(t), I(t))$ une solution du système précédent.

- Si $S(0)\frac{\alpha}{\beta} \leq 1$ alors $I(t)$ commence par croître jusqu'à une valeur maximale

$$I_{max} = -\frac{\beta}{\alpha} + \frac{\beta}{\alpha} \ln\left(\frac{\beta}{\alpha}\right) + I(0) + S(0) - \frac{\beta}{\alpha} \ln(S(0))$$

puis décroît vers 0 quand $t \rightarrow +\infty$. Quand à $S(t)$, c'est une fonction strictement décroissante vers une constante $S_\infty \in [0, \frac{\beta}{\alpha}[$;

- Si $S(0)\frac{\alpha}{\beta} > 1$ alors $I(t)$ est strictement décroissante vers 0, et $S(t)$ est toujours strictement décroissante vers une constante $S_\infty \in [0, \frac{\beta}{\alpha}[$

Démonstration. En effet, puisque S et I sont positives, alors on a $\frac{dS}{dt} \leq 0$, donc S est décroissante sur \mathbb{R}^+ . Lorsque $S > \beta/\alpha$, $\frac{dI}{dt} = \alpha SI - \beta I > 0$, et lorsque $S < \beta/\alpha$, $\frac{dI}{dt} = \alpha SI - \beta I < 0$. Donc I est croissante tant que $S > \beta/\alpha$, puis est décroissante.

On peut trouver la valeur maximale que prend I :

$$\frac{dI}{dS} = \frac{\alpha SI - \beta I}{-\alpha SI} = -1 + \frac{\beta}{\alpha S} \Rightarrow I(S) = -S + \frac{\beta}{\alpha} \ln(S) + cste, \text{ avec } cste = I(0) + S(0) - \frac{\beta}{\alpha} \ln(S(0)).$$

Le max est atteint en $\frac{\beta}{\alpha}$, donc $I_{max} = -\frac{\beta}{\alpha} + \frac{\beta}{\alpha} \ln\left(\frac{\beta}{\alpha}\right) + I(0) + S(0) - \frac{\beta}{\alpha} \ln(S(0))$.

On cherche à présent les points d'équilibre stables du système, pour trouver les limites de $S(t)$ et de $I(t)$ lorsque t tend vers $+\infty$:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = 0 \\ \frac{dI}{dt} = 0 \end{cases} \text{ ssi } \begin{cases} -\alpha SI = 0 \\ I(\alpha S - \beta) = 0 \end{cases} \text{ ssi } \begin{cases} S = 0 \\ I = 0 \end{cases} \text{ ou } \begin{cases} I = 0 \\ S = \frac{\beta}{\alpha} \end{cases}$$

Donc les points d'équilibre sont les points de la forme $(S, 0)$ pour tout $S \geq 0$, ie la demi-droite \mathbb{R}^+ .

Il s'agit ensuite de voir si ces points sont stables ou non. Pour cela on calcule le linéarisé en chaque point d'équilibre :

$$DF(S, I) = \begin{pmatrix} -\alpha I & -\alpha S \\ \alpha I & \alpha S - \beta \end{pmatrix}$$

donc

$$DF(S, 0) = \begin{pmatrix} 0 & -\alpha S \\ 0 & \alpha S - \beta \end{pmatrix}$$

Le polynôme caractéristique du système linéarisé aux points d'équilibre, $\chi_{DF}(X) = X(\alpha S - \beta - X)$, a deux racines, 0 et $\alpha S - \beta$.

- Si $S > \beta/\alpha$, alors $(S, 0)$ est instable
- Si $S < \beta/\alpha$, alors $(S, 0)$ est stable
- Si $S = \beta/\alpha$, $DF(\frac{\beta}{\alpha}, 0) = \begin{pmatrix} 0 & -\beta \\ 0 & 0 \end{pmatrix}$ non diagonalisable donc ce point est instable (démonstration ci-après)

□

Démonstration de la stabilité des points d'équilibre

Soit E un \mathbb{R} -espace vectoriel de dimension n .

Soit $f : E \rightarrow E$ une application linéaire, et $A \in M_n(\mathbb{R})$ sa représentation dans une base B de E .

Qu'elle soit ou non diagonalisable, la matrice A possède s valeurs propres $\lambda_1, \dots, \lambda_s$ complexes distinctes ($1 \leq s \leq n$). À chaque valeur propre λ_i sont associés un sous-espace caractéristique C_{λ_i} et un indice n_{λ_i} (c'est l'indice de nilpotence de la restriction de f au sous-espace caractéristique C_{λ_i}).

Théorème A.3. Soit $A \in M_n(\mathbb{R})$. L'origine $0 \in \mathbb{R}^n$ est un point d'équilibre de l'équation différentielle linéaire à coefficients constants $x' = Ax$:

(i) asymptotiquement stable si et seulement si chaque valeur propre de A a une partie réelle strictement négative ;

(ii) stable si et seulement si chaque valeur propre λ_i , ou bien a une partie réelle strictement négative, ou bien a une partie réelle nulle et un indice $n_{\lambda_i} = 1$.

Démonstration. Soit x la solution maximale de l'équation différentielle linéaire à coefficients constants $x' = Ax$ vérifiant la condition initiale $x(0) = x_0 \in \mathbb{R}^n$. Ce vecteur x_0 se décompose de manière unique sur les s sous-espaces caractéristiques C_{λ_i} de la matrice A :

$$x_0 = \sum_{i=1}^s V_i, \text{ où } V_i \in C_{\lambda_i}$$

Choisissons une norme telle que $\|x_0\| = \sum_{i=1}^s \|V_i\|$.
À tout instant $t \in \mathbb{R}$,

$$x(t) = e^{tA}x_0 = \sum_{i=1}^s e^{\lambda_i t} v_i(t)$$

où $v_i(t) = \sum_{j=0}^{n_{\lambda_i}-1} \frac{t^j}{j!} (A - \lambda_i I_n)^j V_i \in C_{\lambda_i}$ et $n_{\lambda_i} \geq 1$ est l'indice de la valeur propre λ_i .
Par suite, pour tout $t \geq 0$,

$$\|x(t)\| \leq \sum_{i=1}^s e^{Re(\lambda_i)t} P_i(t) \|V_i\|$$

où $P_i(t) = \sum_{j=0}^{n_{\lambda_i}-1} \frac{t^j}{j!} \|A - \lambda_i I_n\|^j$ est un polynôme de degré $n_{\lambda_i} - 1$.

- Si, $\forall i \in \{1, \dots, s\}$, ou bien $Re(\lambda_i) < 0$, ou bien $Re(\lambda_i) = 0$ et $n_{\lambda_i} = 1$, alors

$$\exists M \geq 0, \forall i \in \{1, \dots, s\}, \forall t \geq 0, e^{Re(\lambda_i)t/2} P_i(t) \geq M$$

On en déduit que

$$\forall t \geq 0, \|x(t)\| \leq M \sum_{i=1}^s e^{Re(\lambda_i)t/2} \|V_i\|$$

et que, par suite :

- $\forall t \geq 0, \|x(t)\| \leq M \sum_{i=1}^s \|V_i\| \xrightarrow{x_0 \rightarrow 0} 0$ et l'origine est stable ;

- si $\forall i \in \{1, \dots, s\}, Re(\lambda_i) < 0$, alors $\|x(t)\| \xrightarrow{t \rightarrow +\infty} 0$ et l'origine est attractive.

- Si $\exists i \in \{1, \dots, s\}$ tel que $Re(\lambda_i) > 0$ ou tel que $Re(\lambda_i) = 0$ et $n_{\lambda_i} > 1$, alors choisissons x_0 tel que la composante V_i vérifie $(A - \lambda_i I_n)^{n_{\lambda_i}-1} V_i \neq 0$: la norme de $x(t)$ est alors supérieure à

$$\|e^{\lambda_i t} \sum_{j=0}^{n_{\lambda_i}-1} \frac{t^j}{j!} (A - \lambda_i I_n)^j V_i\| = O(e^{Re(\lambda_i)t} t^{n_{\lambda_i}-1})$$

et tend donc vers $+\infty$ lorsque t tend vers $+\infty$, aussi petite la norme de x_0 soit-elle. L'origine est par suite instable.

□

En dimension deux, les valeurs propres d'une matrices $A \in M_n(\mathbb{R})$ sont les racines de son polynôme caractéristique $\det(A - XI_n)$. En dimension $n = 2$, le théorème précédent suffit à déterminer la stabilité de l'origine à partir des seuls coefficients de ce polynôme caractéristique, $X^2 - \text{tr}(A)X + \det(A)$. Dans le cas où $\text{tr}(A)=0$ et $\det(A)=0$, les deux valeurs propres sont nulles. Ou bien la matrice A est diagonalisable, elle est alors nulle : tous les points de \mathbb{R}^2 sont des points d'équilibre et l'origine est donc stable, non asymptotiquement stable. Ou bien la matrice A n'est pas diagonalisable, l'origine est alors instable.

Principe des schémas aux différences finies

On définit tout d'abord un maillage, c'est-à-dire une discrétisation de l'espace et du temps $(t_n, x_j) = (n\Delta t, j\Delta x)$, avec Δt le pas de temps, et Δx le pas en espace.

Les schémas aux différences finies consistent à chercher une approximation de la solution $u(t_n, x_j)$ à l'instant t_n et au point x_j notée u_j^n pour $1 \leq j \leq M$.

On calcule donc des approximations $u_j^n \simeq u(t_n, x_j)$, et on remplace les dérivées par des différences finies. Il existe plusieurs types de différences finies :

- Différence finie en espace : les formules de Taylor donnent (par exemple) la formule centrée

$$\frac{\partial^2 u}{\partial x^2}(t_n, x_j) \simeq \frac{u_{j-1}^n - 2u_j^n + u_{j+1}^n}{(\Delta x)^2}$$

Dans les équations que l'on a discrétisé, apparaît un laplacien : comme on est en dimension 1, le laplacien n'est autre que la dérivée seconde par rapport à la variable d'espace x , que l'on discrétise grâce à l'expression ci-dessus. Voir [BBL] pour plus de détails.

- Différence finie en temps :

- différence finie centrée $\frac{\partial u}{\partial t}(t_n, x_j) \simeq \frac{u_j^{n+1} - u_j^{n-1}}{2\Delta t}$
- différence finie décentrée à droite $\frac{\partial u}{\partial t}(t_n, x_j) \simeq \frac{u_j^{n+1} - u_j^n}{\Delta t}$ (utilisée dans le schéma d'Euler explicite)
- différence finie décentrée à gauche $\frac{\partial u}{\partial t}(t_n, x_j) \simeq \frac{u_j^n - u_j^{n-1}}{\Delta t}$ (utilisée dans le schéma d'Euler implicite)

Équation de la chaleur : conditions de Dirichlet, de Neumann

C.1 Équation de la chaleur

C.1.1 Résolution numérique de l'équation de la chaleur avec Dirichlet

On considère le problème aux limites associé à l'équation de la chaleur (de coefficient de diffusion α) avec conditions de Dirichlet (les valeurs au bord du domaine sont imposées) :

$$\begin{cases} \frac{\partial u}{\partial t} - \alpha \frac{\partial^2 u}{\partial x^2} = 0, (x, t) \in [a, b] \times [0, T] \\ u(t, a) = u_a(t), u(t, b) = u_b(t), t \in [0, T], u(0, x) = u_0(x), x \in]a, b[\end{cases}$$

où u_a et u_b définissent les conditions au bord et sont données, et où u_0 est une fonction définie sur $[a, b]$ vérifiant $u_0(a) = u_a(0)$ et $u_0(b) = u_b(0)$.

Pour approcher numériquement la solution du problème, on utilise un schéma aux différences finies. On fixe $M > 0$, le nombre de points intérieurs au segment $]a, b[$. On considère le pas de discrétisation en espace $h = \frac{b-a}{M+1}$. On pose alors $x_j = a + jh$ avec $1 \leq j \leq M$. On note k le pas de temps et $N = \frac{T}{k}$ le nombre de pas de temps pour atteindre le temps final T (toutes ces notations seront reprises par la suite dans les autres annexes). Les valeurs au bord (u_0^n et u_{M+1}^n) ne sont pas des inconnues pour le problème de Dirichlet.

- **Schéma explicite**

On utilise un schéma explicite en temps qui conduit à la formule de récurrence suivante :

$$\frac{1}{k}(u_j^{n+1} - u_j^n) - \alpha \frac{u_{j+1}^n - 2u_j^n + u_{j-1}^n}{h^2} = 0, \quad 1 \leq j \leq M, \quad 0 \leq n \leq N - 1,$$

la condition initiale étant donnée par $u_j^0 = u_0(x_j)$.

On pose

$$U_{new} = (u_1^{n+1}, \dots, u_M^{n+1})^t, \quad U_{old} = (u_1^n, \dots, u_M^n)^t$$

On écrit une formule matricielle donnant les composantes de U_{new} en fonction de celles de U_{old} sous la forme $AU_{new} = U_{old} + B$, A étant une matrice d'ordre M et B est un vecteur tenant compte des conditions au bord.

D'après la formule de récurrence, on a

$$u_j^{n+1} = \left(\frac{-2k\alpha}{h^2} + 1\right)u_j^n + \frac{k\alpha}{h^2}u_{j+1}^n + \frac{k\alpha}{h^2}u_{j-1}^n,$$

donc en tenant compte des conditions au bord, on a $U_{new} = AU_{old} + B$, avec

$$A = \begin{pmatrix} \frac{-2k\alpha}{h^2} + 1 & \frac{k\alpha}{h^2} & & & \\ \frac{k\alpha}{h^2} & \ddots & \ddots & & \\ & \ddots & \ddots & \frac{k\alpha}{h^2} & \\ & & & \frac{k\alpha}{h^2} & \frac{-2k\alpha}{h^2} + 1 \end{pmatrix}, \quad \text{et } B = \begin{pmatrix} \frac{\alpha}{kh^2}u_0^n \\ \vdots \\ \frac{\alpha}{kh^2}u_{M+1}^n \end{pmatrix}$$

On obtient les solutions suivantes :

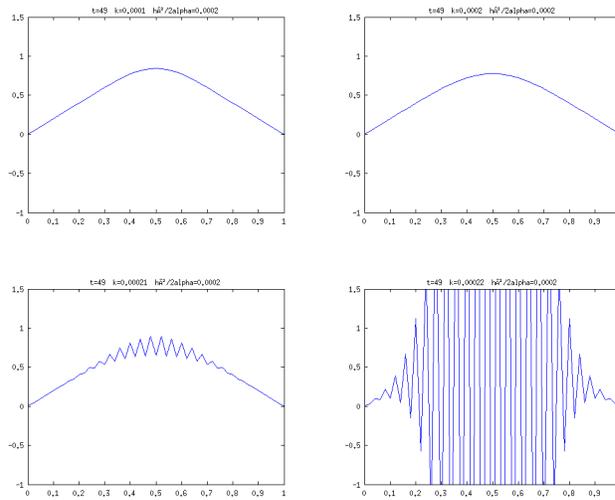


FIGURE C.1: Solutions de l'équation de la chaleur avec conditions de Dirichlet, obtenues avec un schéma explicite, pour différents pas de temps

On observe que dès que $k > \frac{h^2}{2\alpha}$, alors le schéma explicite est instable.

C'est ce qu'on appelle la condition CFL (Courant-Friedrichs-Lewy) : le schéma explicite est stable si $2\alpha\Delta t \leq (\Delta x)^2$.

Autrement dit, le pas de temps doit être petit par rapport au pas d'espace. Le schéma explicite n'étant stable que sous cette condition, il est donc préférable de choisir un autre schéma, le schéma implicite. Le script Matlab ci-dessous effectue la résolution numérique du problème à l'aide du schéma explicite et trace la solution à chaque pas de temps.

```

%Résolution numérique de l'équation de la chaleur avec conditions de
%Dirichlet : schéma explicite

clear

a=0;
b=1;
ua=@(t) 0+0*t;
ub=@(t) 0+0*t;
uo=@(x) 2*x.*(x<(b+a)/2) + 2*(b+a-x).*(x>=(b+a)/2);
alpha=1;
T=0.25;
M=49;
h=(b-a)/(M+1);
k=h^2/(2*alpha);
N=T/k;
x=a+(1:M)*h;

figure(1); clf
d=k*alpha/h^2;
C=eye(M);
A=(-2*d+1).*C+d.*diag(ones(1,M-1),1)+d.*diag(ones(1,M-1),-1);

U=uo(x)';

for n=1:1250

    B=[(alpha/(k*h^2))*ub(n*k); zeros(M-2,1); (alpha/(k*h^2))*ua(n*k)];
    Uold=U;
    U=A*Uold+B;
    plot([0 x 1],[0; U((1:M));0])

    axis([a b -1 1.5])
    title(['t=', num2str(n)])
    drawnow
    pause(0.000001)
end

```

- **Schéma implicite**

On utilise un schéma implicite où pour calculer l'approximation de la solution, il faut inverser un système linéaire :

$$\frac{1}{k}(u_j^{n+1} - u_j^n) - \alpha \frac{u_{j+1}^{n+1} - 2u_j^{n+1} + u_{j-1}^{n+1}}{h^2} = 0, \quad 1 \leq j \leq M, \quad 0 \leq n \leq N-1,$$

la condition initiale étant donnée par $u_j^0 = u_0(x_j)$. U_{new} et U_{old} sont définis comme précédemment. On peut écrire une formule matricielle donnant les composantes de U_{new} en fonction de celles de U_{old} sous la forme $AU_{new} = U_{old} + B$, A étant une matrice d'ordre M et B est un vecteur tenant compte des conditions au bord.

D'après la formule de récurrence, on a

$$u_j^n = \left(\frac{2k\alpha}{h^2} + 1\right)u_j^{n+1} - \frac{k\alpha}{h^2}u_{j+1}^{n+1} - \frac{k\alpha}{h^2}u_{j-1}^{n+1},$$

donc en tenant compte des conditions au bord, on a $AU_{new} = U_{old} + B$, avec

$$A = \begin{pmatrix} \frac{2k\alpha}{h^2} + 1 & -\frac{k\alpha}{h^2} & & & \\ -\frac{k\alpha}{h^2} & \ddots & \ddots & & \\ & \ddots & \ddots & -\frac{k\alpha}{h^2} & \\ & & -\frac{k\alpha}{h^2} & \frac{2k\alpha}{h^2} + 1 & \\ & & & & \end{pmatrix}, \text{ et } B = \begin{pmatrix} \frac{k\alpha}{h^2}u_0^n \\ \vdots \\ \vdots \\ \frac{k\alpha}{h^2}u_{M+1}^n \end{pmatrix}.$$

Ce schéma est toujours stable, quel que soit le pas de temps choisi.

Code :

```
%Résolution numérique de l'équation de la chaleur avec conditions de
%Dirichlet : schéma implicite
clear
a=0;
b=1;
ua=@(t) -1+0*t;
ub=@(t) 1+0*t;
uo=@(x) 2*x.*(x<(b+a)/2) + 2*(b+a-x).*(x>=(b+a)/2);
alpha=1;
T=0.25;
M=49;
h=(b-a)/(M+1);
K=[0.0002,0.002,0.02];
x=a+(1:M)*h;

for i=1:3
    figure(i); clf

    k=K(i);
    N=T/k;
    d=k*alpha/h^2;
    C=eye(M);
    A=(2*d+1).*C-d.*diag(ones(1,M-1),1)-d.*diag(ones(1,M-1),-1);
    B=[alpha*k*ua(1)/h^2,zeros(1,M-2),alpha*k*ub(1)/h^2]';
    U=uo(x)';

    for n=1:500
        Uold=U;
        U=A\u(Uold+B);
        plot([0 x 1],[-1; U((1:M));1])
        axis([a b -1 1.5])
        title(['t=',num2str(n), ' k=', num2str(k)])
        drawnow
        pause(0.000001)
    end
end
```

- En utilisant l'un des deux schémas précédents (dans le cas où la stabilité est vérifiée), on obtient les solutions suivantes :
 (On prend ici la condition initiale $u_0(x) = 2x$ pour $x \in]a, (b+a)/2[$, et $u_0(x) = 2(b+a-x)$ pour $x \in [(b+a)/2, b[$.)

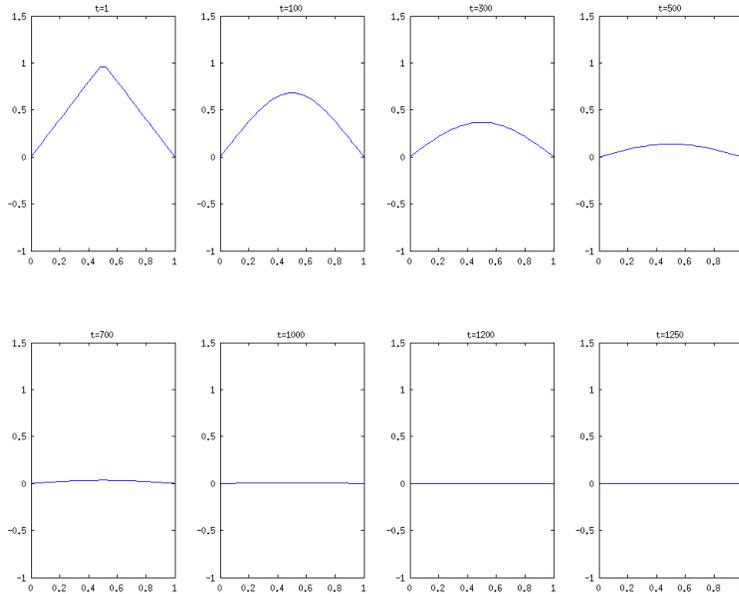


FIGURE C.2: Solutions de l'équation de la chaleur avec conditions de Dirichlet : la solution semble converger vers la solution au problème stationnaire satisfaisant $\alpha \frac{\partial^2 u}{\partial x^2} = 0$ et les conditions au bord.

C.1.2 Résolution numérique de l'équation de la chaleur avec Neumann

On considère le problème aux limites associé à l'équation de la chaleur avec conditions de Neumann

$$\begin{cases} \frac{\partial u}{\partial t} - \alpha \frac{\partial^2 u}{\partial x^2} = 0, & (x, t) \in [a, b] \times [0, T] \\ \frac{\partial u}{\partial x}(t, a) = \frac{\partial u}{\partial x}(t, b) = 0, & t \in [0, T]; \quad u(0, x) = u_0(x), \quad x \in]a, b[\end{cases}$$

où u_0 est une fonction donnée définie sur $[a, b]$ correspondant à la condition initiale.

Les notations sont les mêmes que précédemment, à la seule différence que $0 \leq j \leq M + 1$.

On notera que les valeurs au bord (u_0^n et u_{M+1}^n) sont désormais des inconnues pour le problème de Neumann.

la stabilité du schéma explicite.

Code :

```
% Résolution numérique de l'équation de la chaleur avec conditions de
% Neumann : Schéma explicite
clear
figure (2)
clf
a=0;
b=1;
uo=@(x) 2*x.*(x<(b+a)/2) + 2*(b+a-x).*(x>=(b+a)/2);
alpha=1;
T=0.25;
M=49;
h=(b-a)/(M+1);
x=a+(0:M+1)*h;
k=(h^2)/(2*alpha);
N=T/k;
d=k*alpha/h^2;
C=eye(M);
D=(-2*d+1).*C+d.*diag(ones(1,M-1),1)+d.*diag(ones(1,M-1),-1);
E=[d;zeros(M-1,1)]
F=[zeros(M-1,1);d]
D1=[E D F];
V1=[-2*d+1 2*d zeros(1,M)];
V2=[zeros(1,M) 2*d -2*d+1];
A=[V1;D1;V2];
for n=1:800
    Uold=U;
    U=A*Uold;
    plot(x,[U((1:M+2))])
    axis([a b -1 1.5])
    title(['t=' , num2str(n)])
drawnow
end
```

- Schéma implicite

On utilise un schéma implicite où pour calculer l'approximation de la solution, il faut inverser un système linéaire :

$$\frac{1}{k}(u_j^{n+1} - u_j^n) - \alpha \frac{u_{j+1}^{n+1} - 2u_j^{n+1} + u_{j-1}^{n+1}}{h^2} = 0, \quad 0 \leq j \leq M+1, \quad 0 \leq n \leq N-1$$

la condition initiale étant donnée par $u_j^0 = u_0(x_j)$ et la condition de Neumann permettant de remplacer u_{-1}^n par u_0^n et u_{M+2}^n par u_{M+1}^n . U_{new} et U_{old} sont définis comme précédemment.

On peut écrire une formule matricielle donnant les composantes de U_{new} en fonction de celles de U_{old} sous la forme $AU_{new} = U_{old}$, A étant une matrice d'ordre $M+2$.

D'après la formule de récurrence, on a

$$u_j^n = \left(\frac{2k\alpha}{h^2} + 1\right)u_j^{n+1} - \frac{k\alpha}{h^2}u_{j+1}^{n+1} - \frac{k\alpha}{h^2}u_{j-1}^{n+1},$$

- En utilisant l'un des deux schémas précédents (dans le cas où la stabilité est vérifiée), on obtient les solutions suivantes :

(On prend ici la condition initiale $u_0(x) = 2x$ pour $x \in]a, (b+a)/2[$, et $u_0(x) = 2(b+a-x)$ pour $x \in [(b+a)/2, b[$.)

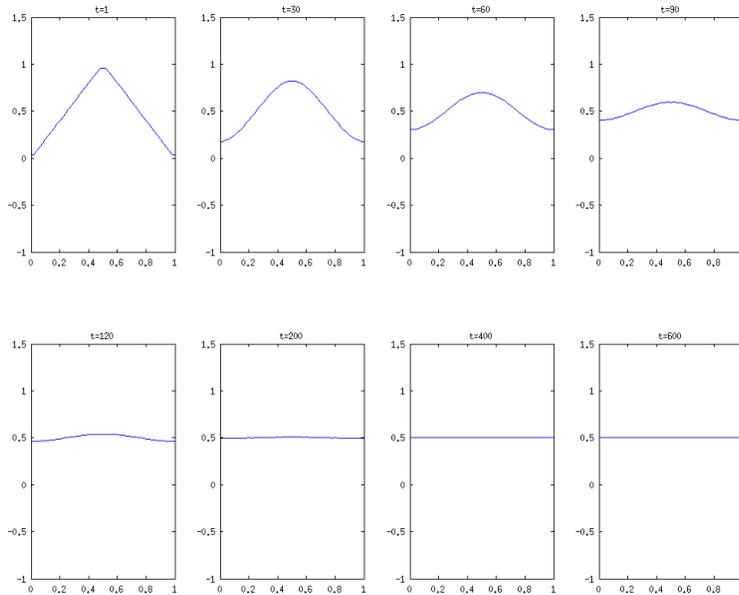


FIGURE C.3: Solution de l'équation de la chaleur avec conditions de Neumann : la solution semble converger vers la moyenne de $u_0(x)$ sur l'intervalle $[a,b]$.

C.2 Résolution d'une équation de réaction-diffusion avec condition de Neumann

On considère l'équation de réaction-diffusion suivante :

$$\begin{cases} \frac{\partial u}{\partial t} - \nu \frac{\partial^2 u}{\partial x^2} = f(u), & (x, t) \in [a, b] \times [0, T] \\ \frac{\partial u}{\partial x}(t, a) = \frac{\partial u}{\partial x}(t, b) = 0, & t \in [0, T]; \quad u(0, x) = u_0(x), \quad x \in]a, b[\end{cases}$$

où f est une fonction lipschitzienne.

La discrétisation implicite de cette équation donne le schéma aux différences finies suivant :

$$\frac{1}{k}(u_j^{n+1} - u_j^n) - \nu \frac{u_{j+1}^{n+1} - 2u_j^{n+1} + u_{j-1}^{n+1}}{h^2} = f(u_j^n), \quad 0 \leq j \leq M+1, \quad 0 \leq n \leq N-1$$

Comme lors de la résolution numérique de l'équation de la chaleur avec condition de Neumann, on peut écrire une formule matricielle donnant les composantes de U_{new} en fonction de celles de U_{old} (voir nota-

C.2. RÉOLUTION D'UNE ÉQUATION DE RÉACTION-DIFFUSION AVEC CONDITION DE NEUMANN

tions dans Annexe C.1.2, schéma implicite). sous la forme $AU_{new} = U_{old} + B$ (la seule différence avec la résolution implicite de l'équation de la chaleur avec conditions de Neumann, c'est le terme B). On inverse à chaque pas de temps le système linéaire : $U_{new} = A \setminus (U_{old} + B)$.

Avec $f(u) = ru_j^n(1 - u_j^n)$ (équation de Fischer), on obtient les résultats suivants :

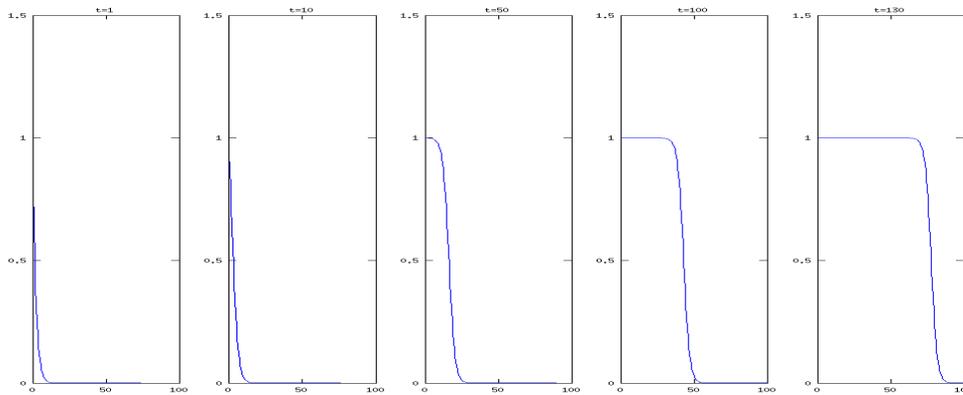


FIGURE C.4: Résolution de l'équation de réaction-diffusion de Fischer, solutions au cours du temps ; résultats obtenus en prenant $u_0(x) = 0$, $r = 100$, $\nu = 0.0007$

On observe la propagation d'une onde progressive : le front se déplace au cours du temps.

Codes importants

D.1 SIR sans diffusion

```

%clear
figure ()
clf
b=1;
a=3;
F=@(t ,X) [-a*X(1)*X(2); a*X(2)*X(1)-b*X(2)];

%Tracé des solutions dans le plan de phase
options=odeset('RelTol',0.000001)
Ini=[0.1.*(1:9)' 1-0.1*(1:9)';0.001 1;0.1.*(5:10)' 0.001.*ones(6,1)];
for i=1:length(Ini)
    [t,X]=ode45(F,[0 100],Ini(i,:));
    plot(X(:,1),X(:,2),'Linewidth',2)
    hold on
    axis([0 1 0 1])
end
hold on

%Tracé du champ de vecteurs (normalisés)
[X,Y]=meshgrid(0:0.1:1,0:0.1:1);
DX=-a*X.*Y;
DY=a*Y.*X-b*Y;
DX2=DX./(DX.^2+DY.^2).^(1/2);
DY2=DY./(DX.^2+DY.^2).^(1/2);
quiver(X,Y,DX2,DY2)

%Tracé des isoclines
[X,Y]=meshgrid(-0.01:0.005:1,-0.1:0.005:1);
DX=-a*X.*Y;
DY=a*Y.*X-b*Y;
contour(X,Y,DX,[0,0],'g')
contour(X,Y,DY,[0,0],'r')

```

```

% Tracé des solutions en fonction du temps
clear
figure()
clf
b=1;
a=3;
F=@(t,X) [-a*X(1)*X(2); a*X(2)*X(1)-b*X(2)];

options=odeset('RelTol',0.000001)
Ini= [0.1*(0:10);1-0.1*(0:10)]'; % conditions initiales
for i=1:length(Ini)

    [t,X]=ode45(F,[0 100],Ini(i,:));
    subplot(2,1,i)
    plot(t,X(:,1),'Linewidth',2)
    hold on
    plot(t,X(:,2),'r')
    axis([0 50 1.1])
    plot(t,1-X(:,1)-X(:,2),'k-')
    title(['S=' ,num2str(Ini(i,1)), ' I=' ,num2str(Ini(i,2))])

end

```

D.2 SIR avec diffusion pour S et I : coefficients variables ou pas

```

clear ; clc

% paramètres
T=100; % temps final
a=0;b=200; % bornes gauche et droite de l'intervalle
M=199; % nombre de points intérieurs considérés dans ]a,b[
h=(b-a)/(M+1); % pas d'espace
q=(a+b)/2; % milieu de (a,b)
k=0.2; % pas de temps
epsilon1=10; % largeur/2 du pic initial d'infectés
epsilon2=0.3; % hauteur du pic initial d'infectés
I0=@(x) ((epsilon2/epsilon1)*x
+(epsilon2-epsilon2*q/epsilon1)).*(x>=(q-epsilon1) & x<q )
+ (-epsilon2/epsilon1)*x+epsilon2+epsilon2*q/epsilon1).*(
(x>=q & x<(q+epsilon1)) ); % condition initiale en temps
S0=@(x) 1-I0(x); % condition initiale
alpha=@(x) 4+0*x; % coefficient de contamination
beta=@(x) 2+0*x; % coefficient de récupération
ak=@(x) k.*alpha(x); % constante utile
bk=@(x) k.*beta(x); % constante utile
N=T./k; % nombre d'instantés considérés dans ]0,T)

```

```

d=k/h^2; % cste utile
D=eye(M); % matrice identité
Do=diag(ones(1,M-1),1); % matrice sur-diagonale (o=over)
Du=diag(ones(1,M-1),-1); % matrice sous-diagonale (u=under)

%construction de la matrice A
Z=(2*d+1).*D-d.*Do-d.*Du;
E=[-d; zeros(M-1,1)];
F=[zeros(M-1,1); -d];
D1=[E Z F];
V1=[d+1 -d zeros(1,M)];
V2=[zeros(1,M) -d d+1];
A=[V1;D1;V2];

% temps initial
x=a+(0:M+1).*h; %vecteur des points d'espace
Iold=I0(x)';
Sold=S0(x)';

% boucle en temps
for n=1:N
    BS=ak(x)'.*Sold.*Iold;
    BI=-ak(x)'.*Iold.*Sold+bk(x)'.*Iold;
    Sold=A\(Sold-BS); % inversion du système linéaire
    Iold=A\(Iold-BI); % inversion du système linéaire

    figure(1); clf % fenêtre graphique
    plot(x, Iold((1:M+2)), 'r');
    title(['t=' num2str(n)]) % legende pour avoir l'instant
    axis([a b 0 1.1]); % fixe les axes de la fenêtre
    hold on % pour tracer sur le même graphe
    plot(x, Sold((1:M+2)));
    xlabel('Espace x'); %nom de l'axe des abscisses
    drawnow % trace au fur et à mesure
    pause(0.25) % pause entre chaque graphe
end

%Tracé des coefficients en fonction de x
figure(2); clf
plot(x, alpha(x), 'r');
hold on
plot(x, beta(x), 'b');
axis([a b -5 20]);

```

D.3 SIR avec diffusion pour I uniquement : coefficients variables ou pas

```

clear ; clc
% paramètres
T=100; % temps final
a=0;b=400; % bornes gauche et droite de l'intervalle
M=199; % nombre de points intérieurs considérés dans ]a,b(
h=(b-a)/(M+1); % pas d'espace
q=(a+b)/2; % milieu de (a,b)
epsilon1=20; % largeur/2 du pic initial d'infectés
epsilon2=0.2; % hauteur du pic initial d'infectés
I0=@(x) ((epsilon2/epsilon1)*x
+(epsilon2-epsilon2*q/epsilon1)).*(x>=(q-epsilon1) & x<q )
+(-(epsilon2/epsilon1)*x+epsilon2+epsilon2*q/epsilon1).*(
x>=q & x<(q+epsilon1)) ; % condition initiale
S0=@(x) 1-I0(x); % condition initiale
alpha=@(x) 4+0*x; % coefficient d'infection
beta=@(x) 2+0*x; % coefficient de récupération/décès
k=0.5; % pas de temps
ak=@(x) k*alpha(x); % constante utile
bk=@(x) k*beta(x); % constante utile
N=T./k; % nombre d'instants considérés dans ]0,T)
d=k/h^2; % constante utile
D=eye(M); % matrice identité
Do=diag(ones(1,M-1),1); % matrice sur-diagonale (o=over)
Du=diag(ones(1,M-1),-1); % matrice sous-diagonale (u=under)
% construction des matrices AS et AI (tq AS*Snew=Sold-BS et
% AI*Inew=(Iold-BI))
Z=(2*d+1).*D-d.*Do-d.*Du;
E=[-d; zeros(M-1,1)]; F=[zeros(M-1,1); -d];
D1=[E Z F];
V1=[d+1 -d zeros(1,M)]; V2=[zeros(1,M) -d d+1];
AI=[V1;D1;V2];
AS=eye(M+2);

% temps initial
x=a+(0:M+1)*h; % vecteur des points d'espace
Iold=I0(x)'; Sold=S0(x)';

% boucle en temps
for n=1:N
BS=ak(x)'.*Sold.*Iold;
BI=-ak(x)'.*Iold.*Sold+bk(x)'.*Iold;
Sold=AS\ (Sold-BI); % inversion du système linéaire
Iold=AI\ (Iold-BI); % inversion du système linéaire
figure(1); clf;
plot(x, Iold((1:M+2)), 'r');
title(['t=' , num2str(n)])
hold on
plot(x, Sold((1:M+2)));
drawnow
end

```

D.4 Calcul de la vitesse du front de propagation

On reprend le code de l'annexe D.2, mais on modifie un peu certains paramètres (pour avoir une meilleure précision), et on remplace dans la boucle en temps le code suivant :

```

%paramètres
T=100; % temps final
M=1999; % nombre de points intérieurs considérés dans )a,b(
k=1; %pas de temps

%boucle en temps
seuil1=0.45;
seuil2=0.95;
tab=(seuil1:0.001:seuil2);
ntab=length(tab);
H=[];
for n=1:100
    BS=ak(x)'.*Sold.*Iold;
    BI=-ak(x)'.*Iold.*Sold+bk(x)'.*Iold;
    Sold=A\(Sold-BS); % inversion du système linéaire
    Iold=A\(Iold-BI); % inversion du système linéaire

    s_tmp=size(Sold);
    s=s_tmp(1)-1;

    for j=1:ntab
        seuil=tab(j);
        h_tmp=1;
        while ((Sold(h_tmp)>=seuil || Sold(h_tmp+1)<=seuil) && (h_tmp<s))
            h_tmp=h_tmp+1;
        end
        H(n,j)=h_tmp;
    end
end

X=a+H.*h;
XX=[];V=[];
for i=1:length(X(:,1))-1
    v=(sum(X(i+1,1:ntab))-sum(X(i,1:ntab)))/(ntab*k);
    xx=sum(X(i,1:ntab))/ntab;
    XX=[XX;xx];
    V=[V;v];
end
figure(3);clf;
plot(V)
xlabel('Temps t'); ylabel('Vitesse');

```

D.5 Ondes stationnaires

```

a=0;
b=1;
a1=5;
a2=10;
b1=20;
b2=12;
N=100;
T=b-a;
dx=T/N;
dx2=dx^2;
x=a+(b-a)/N*(0:N);

A=diag([1, -2/dx2+zeros(1,N-1),1])+diag([1/dx2+zeros(1,N-1),0],-1)
+diag([0,1/dx2+zeros(1,N-1)],1);
B=diag([1, -1-2/dx2+zeros(1,N-1),1])+diag([1/dx2+zeros(1,N-1),0],-1)
+diag([0,1/dx2+zeros(1,N-1)],1);
C=[[A, zeros(N+1,N+1)]
;[ zeros(N+1,N+1),B]];

f=@(x) C*x-[a1;x(2:N).*x(N+3:2*N+1);b1;a2;-x(2:N).*x(N+3:2*N+1);b2];
df=@(x) C-[diag([0;x(N+3:2*N+1)];0),diag([0;x(2:N)];0)]
;[diag([0;-x(N+3:2*N+1)];0),diag([0;-x(2:N)];0)];

y=newton(f,df,ones(2*N+2,1));

plot(x,y(1:N+1),'bx-')
hold on
plot(x,y(N+2:2*N+2),'ro-')
plot([a,b],[0,0],'k')

```