

```

// modèle SEIR simple
// schéma explicite
// le modèle SEIR comporte 4 populations : S pour saine, I pour infectée,
// R pour retirée, E infectée non infectueuse (non contagieuse)
//  $S > E > I > R$ 
//  $\beta \alpha \gamma$ 

//  $S+E+I+R=1$ 

// Le taux de transmission de l'infection  $\beta$  (beta), c'est à dire le taux de
// personnes saines qui deviennent infectées
// le taux d'incubation  $\alpha$  (alpha)
// Le taux de guérison  $\gamma$  (gamma) c'est à dire le taux de personnes infectées
// qui deviennent retirées
// Le taux de natalité  $\nu$  de la population (nu)
// Le taux de mortalité  $\mu$  (mu)
// beta=1.2
// alpha=0.75
// gamma=0.05
// mu=0.02

// nombre de départements
Ndep=95

// les taux pourraient varier suivant les départements
beta=zeros(Ndep); alpha=zeros(Ndep); gamma=zeros(Ndep); mu=zeros(Ndep)
for j=1:Ndep
    beta(j)=0.8
    alpha(j)=0.5
    gamma(j)=1.
    mu(j)=0.095
end
nu=0.09

//  $S_i+I_i = S_i + dt(-\beta S_i I_i + \nu N_i - \mu S_i)$  pour les personnes saines
//  $E_i+I_i = E_i + dt(\beta S_i I_i - \alpha E_i - \mu E_i)$  pour les personnes infectées non-infectieuses
//  $I_i+I_i = I_i + dt(\alpha E_i - \gamma I_i - \mu S_i + 1)$  pour les personnes infectées
//  $R_i+I_i = R_i + dt(\gamma I_i - \mu R_i)$  pour les personnes retirées

//  $\beta * S * I$  sont donc les personnes nouvellement infectées
// Le terme  $S(t)I(t)$  représente le nombre de contacts entre des personnes
// saines et des personnes infectées.  $\beta$  étant le taux de transmission,
// il y a dès lors  $\beta S(t)I(t)$  personnes nouvellement infectées. Celles-ci se
// soustraient des personnes saines (l.1), et s'ajoutent aux personnes
// infectées. De même, parmi les personnes infectées, certaines vont guérir :
//  $\gamma$  étant le taux de guérison, il y a  $\gamma I(t)$  personnes nouvellement guéries
// qui s'enlèvent des personnes infectées et s'ajoutent aux personnes retirées

// Echange entre départements adjacents
// La population saine du département courant est aussi infectée par les
// échanges de populations des départements adjacents, ce qui revient à
// prendre en compte les rapports des populations en présence
// coef de la population du département
coef=0.4

// i indice du temps
// j indice département (95)

// population de chaque département
Popu=zeros(Ndep)
[fd,SST,Sheetnames,Sheetpos] = xls_open('population.xls')
[Popu,TextInd] = xls_read(fd,Sheetpos(1))
mclose(fd)
// lecture matrice contacts départements
Sdep=zeros(Ndep,11)
[fd,SST,Sheetnames,Sheetpos] = xls_open('Sdep.xls')
[Sdep,TextInd] = xls_read(fd,Sheetpos(1))

```

```
fclose(fd)
```

```
// Sdep(j,1): population saine dans le département j  
// Sdep(j,2): nbre de départements adjacents au département j  
// Sdep(j,k)= numéros des k départements adjacents au département j  
Idep=zeros(Ndep);Edep=zeros(Ndep);Rdep=zeros(Ndep)  
Sip=zeros(Ndep), Iip=zeros(Ndep), Eip=zeros(Ndep), Rip=zeros(Ndep)  
// lecture taux de positivité par département  
[fd,SST,Sheetnames,Sheetpos] = xls_open('positivité.xls')  
[Idep,TextInd] = xls_read(fd,Sheetpos(1))  
fclose(fd)
```

```
// N fonction du temps et de chaque département  
N=zeros(Ndep)
```

```
for j=1:Ndep  
    N(j)=1.  
    Sdep(j,1)=0.4  
    Rdep(j)=0.  
    // Idep(j)=0.2  
    Edep(j)=N(j)-Sdep(j,1)-Rdep(j)-Idep(j)  
  
    Sip(j)=Sdep(j,1)  
    Eip(j)=Edep(j)  
    Iip(j)=Idep(j)  
    Rip(j)=Rdep(j)  
end
```

```
dt=0.2  
Ndt=1000  
t=0
```

```
//pour le tracé  
departement=zeros(Ndep)  
population=zeros(Ndt)  
temps=zeros(Ndt)  
S=zeros(Ndt)  
E=zeros(Ndt)  
I=zeros(Ndt)  
R=zeros(Ndt)
```

```
// boucle sur le temps  
for i= 1:Ndt  
    t=t+dt  
    for j=1:Ndep  
        Sdep(j,1)=Sip(j)  
        Edep(j)=Eip(j)  
        Idep(j)=Iip(j)  
        Rdep(j)=Rip(j)  
    end  
    if Idep(j) < 1.E-04 then  
        break  
    end
```

```
// boucle sur les départements  
for j=1:Ndep  
    N(j)=Sdep(j,1)+Edep(j)+Idep(j)+Rdep(j)  
    NC=Sdep(j,2)  
    Tpopu=0  
    for k=1:NC  
        Ndepad=Sdep(j,k+2)  
        Tpopu=TPopu+Popu(Ndepad)  
    end  
    Tpopu=TPopu+Popu(j)  
    Sdepp=beta(j)*Sdep(j,1)*Idep(j)+nu*N(j)-mu(j)*Sdep(j,1)  
    for k=1:NC  
        Ndepad=Sdep(j,k+2)  
        DSdepp=beta(j)*Popu(Ndepad)/TPopu*coef*Sdep(j,1)*Idep(Ndepad)
```

```

        if j==20 then DSdepp=0
        end
        Sdepp=Sdepp+DSdepp
    end
    Sip(j)=dt*Sdepp+Sdep(j,1)
// -----
    Edepp=beta(j)*Sdep(j,1)*Idep(j)-alpha(j)*Edep(j)-mu(j)*Edep(j)
    for k=1:NC
        Ndepad=Sdep(j,k+2)
        DEdepp=beta(j)*Popu(Ndepad)/Tpopu*coef*Sdep(j,1)*Idep(Ndepad)
        if j==20 then DEdepp=0
        end
        Edepp=Edepp+DEdepp
    end
    Eip(j)=dt*Edepp+Edep(j)
// -----
// -----
    Iip(j)=Idep(j)+dt*(alpha(j)*Edep(j)-gamma(j)*Idep(j)-mu(j)*Idep(j))
// -----
    Rip(j)=Rdep(j)+dt*(gamma(j)*Idep(j)-mu(j)*Rdep(j))
    departement(j)=j
end
scf(2)
plot2d(departement,Sip,rect=[0,0.3,95.,8],leg="S en fonction des départements")
title('Modèle SEIR Coef=0.4   β=0.8 α=0.5 v=0.09 μ=0.095 γ=1. ', 'position',[20.,0.4])
// Pour le département numdep
numdep=39
temps(i)=t
population(i)=N(numdep)
S(i)=Sdep(numdep,1)
I(i)=Idep(numdep)
E(i)=Edep(numdep)
R(i)=Rdep(numdep)

end
scf(1)
plot2d(temps,[population S E I R],[2,3,4,5,6],rect=[0,0,40.,1.2],leg="N population totale@S saine@E infectée non
infectueuse@I infectée@R retirée")
title(['Modèle SEIR   département 39   Coef=0.4   β=0.8 α=0.5 v=0.09 μ=0.095 γ=1.'], 'position',[2.,1.])

```