

Chaines de Markov et épidémiologie : propagation d'une épidémie dans une population

3I005

5 mai 2020

L'objectif de ce projet est de manipuler des chaînes de Markov pour étudier la propagation d'une épidémie dans une population. Votre rendu sera un notebook, il est attendu que les codes soient commentés et les résultats interprétés. Les packages `random` et `matplotlib` sont conseillés.

Description du modèle

Dans le modèle *SIR*, un individu est initialement sain *S*, peut devenir infecté *I* puis être guéri *R*. La probabilité pour un individu être dans un de ces 3 états au temps t , ne dépend que l'état dans lequel il est au temps $t - 1$.

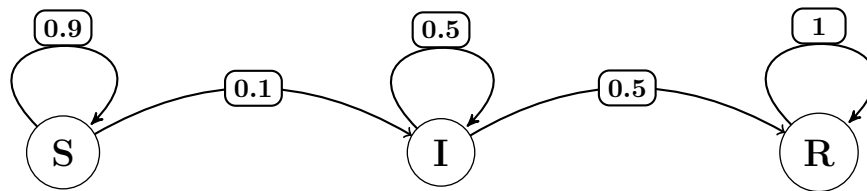


FIGURE 1 – Diagramme représentant les 3 états du modèles et les probabilités de transition

Un individu dans l'état sain a une probabilité de 0.9 de rester sain et une probabilité de 0.1 de devenir infecté. Si l'individu est infecté, il peut le rester avec une probabilité de 0.5 et être guéri avec une probabilité de 0.5. S'il est dans l'état guéri, il reste dans cette état avec une probabilité de 1.

1. Créez la matrice de transition, la matrice contenant les probabilités de transition entre les différents états. Vérifiez que cette matrice est stochastique.

Au temps $t = 0$, un individu a une probabilité de 0.9 d'être sain et 0.1 d'être infecté.

2. Créez Π_0 la distribution de probabilité initiale.

Nous allons regarder l'évolution du nombre d'individu sains, infectés et guéris au cours du temps.

Tirage aléatoire des états

Vous allez générer une séquence de taille n à l'aide de cette chaîne de Markov. Pour générer une séquence aléatoire, choisissez un état initial au hasard (en utilisant Π_0); puis choisissez les états suivants en suivant les probabilités de transition (= la matrice de transition).

Vous pouvez prendre $n=50$.

Probabilité d'une séquence

1. Calculez la probabilité d'obtenir la séquence d'état : *SSSSSSIIIIIIIIIR*.
2. Calculez la probabilité d'obtenir la séquence d'état : *SSSSSSSSSSSSSIIR*.

Modélisation d'une population

Vous avez généré une séquence d'état pour un individu. Maintenant vous allez générer un ensemble de séquence pour une population de 20000 individus. A chaque pas de temps, comptez le nombre d'individus sains, infectés et guéris dans la population et affichez l'évolution du nombre d'individus dans les trois états en fonction du temps.

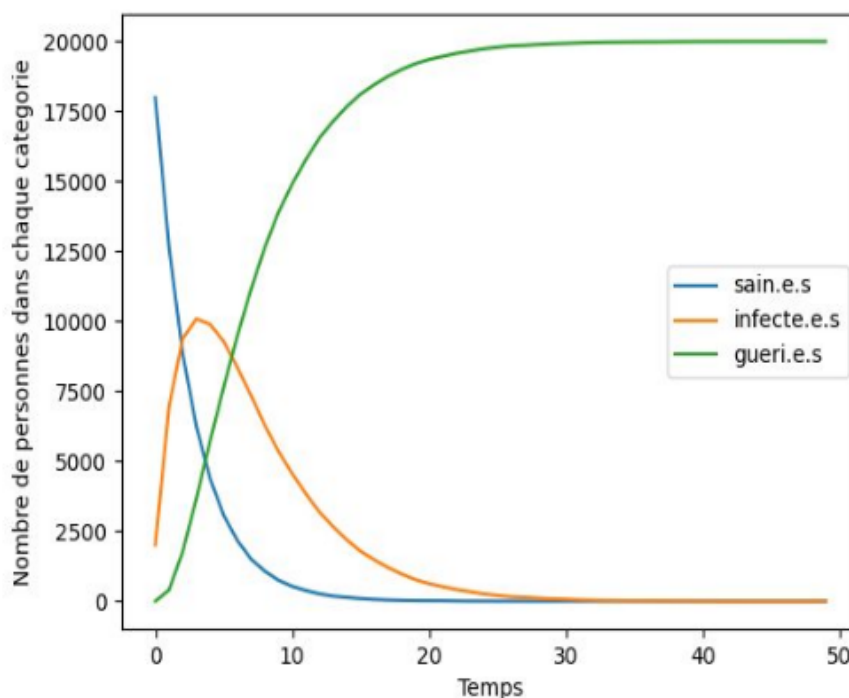


FIGURE 2 – Nombre d'individus dans chaque état en fonction du temps

Modification du modèle

Vous pouvez maintenant modifier le modèle pour étudier différents cas de figure :

1. Vous pouvez modifier la taille de la population, la distribution de probabilité initiale et les probabilité de transition pour voir comment cela va affecter la propagation de l'épidémie.
2. Comment l'épidémie évolue-t-elle si vous modifiez la probabilité pour un individu sain de devenir infecté ? On peut notamment imaginer que si des mesures de distanciation sociale sont mises en place, la probabilité de devenir infecté est plus faible.
3. Comment la population évolue-t-elle si un individu guérit peut redevenir infecté ?
4. Quelle remarque critique pouvez faire sur le modèle *SIR* ? Proposez-vous des améliorations ?