

## TP 4

### Laboratoire de programmation mathématique

---

#### Exercice 1 Epidémiologie, partie 1 : simuler la maladie.

Nous allons étudier un modèle simple de propagation d'une maladie dans une population donnée. Ce modèle est appelé SIR.

##### La population

On décompose la population en trois parties.

- La première partie est composée des individus Sains. Ils n'ont jamais été en contact avec la maladie mais peuvent l'attraper. On note  $S(t)$  le nombre d'individus sains à un temps  $t$ .
- La seconde partie est composée des individus Infectés. Ils sont actuellement malades et peuvent transmettre la maladie. On note  $M(t)$  le nombre d'individus infectés à un temps  $t$ .
- La troisième partie est composée des individus Rétablis. Ils ont été malades mais sont maintenant guéris et de plus immunisés : ils ne peuvent plus attraper la maladie. On note  $R(t)$  le nombre d'individus rétablis à un temps  $t$ .

La population totale  $N = S(t) + M(t) + R(t)$  est constante dans le temps.

##### Evolution

Modélisons maintenant l'évolution de la maladie dans la population. Nous considérons ici un modèle discret, c'est-à-dire que le temps évolue par à-coup. Le temps prend des valeurs entières correspondant par exemple à un nombre de semaines.

Introduisons maintenant des paramètres d'évolution du modèle.

- Une personne rencontre en moyenne  $C$  autres personnes par unité de temps (ici, par semaine) ;
- Lorsqu'une personne infectée rencontre une personne saine, elle a une probabilité  $P$  de contaminer cette dernière ;
- Une personne infectée reste en moyenne contagieuse  $D$  semaines avant d'être guérie.

Avec ces paramètres, il y a en moyenne  $M(t)/D$  personnes guéries par unité de temps. On a donc l'évolution,

$$R(t+1) = R(t) + \frac{M(t)}{D}.$$

Un individu sain rencontre  $C$  personnes par unité de temps, chacune avec une probabilité  $\frac{M(t)}{N}$  d'être infectée. Il rencontre donc, en moyenne,  $C \times \frac{M(t)}{N}$  personnes infectées par unité de temps et a donc une probabilité  $P \times C \times \frac{M(t)}{N}$  d'être infecté. On a donc  $S(t) \times b \times \frac{M(t)}{N}$  nouveaux infectés avec  $b = P \times C$ . Ceci donne l'évolution

$$\begin{cases} S(t+1) = S(t) - \frac{b}{N}S(t)M(t) \\ M(t+1) = M(t) + \frac{b}{N}S(t)M(t) - \frac{M(t)}{D} \end{cases}.$$

Vous avez maintenant toutes les informations nécessaires à la simulation d'une épidémie avec Matlab. Nous partirons de valeurs initiales  $S(0) = S0$ ,  $R(0) = R0$  et  $M(0) = M0$ .

### Questions

1. On veut simuler l'évolution de la maladie pour  $t$  allant de 0 à une valeur  $t_{final}$ . Pour préparer la suite, supposons d'abord qu'il ne peut pas y avoir ni contamination, ni guérison. Les nombres de personnes infectées, saines et guéries est donc constant.

Tracez un graphe sur lequel sont représentés  $S(t)$ ,  $M(t)$  et  $R(t)$  pour  $t = 0, \dots, t_{final}$ . On prendra les valeurs numériques  $t_{final} = 48$ ,  $S0 = 157756$ ,  $M0 = 3$  et  $R0 = 0$  (on va se baser sur les chiffres d'une épidémie de grippe aux Etats-Unis fournies par le CDC).

*Indication* : Attention à la taille des vecteurs construits pour tracer le graphe ! On part de  $t = 0$ .

2. On suppose maintenant que la maladie circule librement et suit le modèle décrit plus haut. Dans un fichier `Evolution.m` indépendant, écrivez une fonction **Evolution** prenant comme entrées les paramètres  $(t_{final}, D, b, S0, M0, R0)$  et donnant comme sorties les vecteurs  $S = [S(0)S(1) \dots S(t_{final})]$ ,  $M = [M(0)M(1) \dots M(t_{final})]$  et  $R = [R(0)R(1) \dots R(t_{final})]$ .

Dans le script principal de cet exercice, testez cette fonction avec les paramètres  $b = 4$  et  $D = 0.28$  et les données initiales construites à la question précédente et tracez les graphes de  $S(t)$ ,  $M(t)$  et  $R(t)$ .

*Indication* : Vous pouvez, par exemple, utiliser une boucle pour construire la fonction **Evolution**.

### Exercice 2 Epidémiologie, partie 2 : Etudier l'épidémie.

Pour avoir un modèle proche de la réalité, il faut avoir une bonne idée de la valeur des paramètres. On peut essayer de trouver ces dernières en utilisant des mesures relevées sur le terrain. Nous allons ici considérer des chiffres relevés lors d'une épidémie de grippe sur une population de  $N = 157759$  personnes sur une durée de  $t_{final} = 48$  semaines. Supposons que nous connaissons  $D = 0.28$ . Nous allons déterminer le produit  $b = C \times P$  par la méthode des moindres carrés.

1. Dans un fichier `MoindreCarres.m`, écrivez une fonction **MoindreCarres** prenant comme

entrée des vecteurs  $Mexp(t)$  et  $Mth(t)$  et calculant  $\epsilon = \sum_{t=0}^{t_{final}} (Mexp(t) - Mth(t))^2$ .

Téléchargez le fichier `grippedata.dat` à partir de moodle. Ce fichier contient un vecteur de taille 49 dont les éléments donnent le nombre d'individus infectés par la grippe de la semaine  $t = 0$  à la semaine  $t = 48$ . Utilisez-le pour créer un vecteur  $Mexp$  correspondant dans le fichier `Exercice3.m`.

Représentez sur un même graphe des cercles représentant ces données expérimentales en fonction du temps et le résultat du modèle décrit au dessus avec les données  $t_{final} = 48$ ,  $b = 4$ ,  $D = 0.28$ ,  $P = 0.2$ ,  $R0 = 0$ ,  $M0 = 3$  et  $S0 = N - M0$ .

Calculez l'erreur commise avec cette modélisation en utilisant la méthode des moindres carrés.

2. Nous allons maintenant chercher à évaluer la valeur du produit  $b = C \times P$  pour cette épidémie. Pour cela, en utilisant la fonction `MoindreCarres`, calculez l'erreur commise pour des valeurs de  $b$  allant de 1 à 7. Trouvez la valeur optimale  $b^*$  de  $b$  dans cet intervalle avec une précision de 0.01. Tracez sur un même graphe les données expérimentales et le résultat du modèle pour cette valeur de  $b$ , les autres paramètres étant conservés comme au-dessus.

---

### Exercice 3 Epidémiologie, partie 3 : test des stratégies pour combattre l'épidémie.

Nous allons maintenant étudier différentes méthodes pour combattre l'épidémie et juger de leur efficacité par simulations. Pour la suite, nous considérons les valeurs des paramètres de la question précédente avec la valeur  $b^*$  obtenue par la méthode des moindres carrés. Nous allons considérer trois mesures permettant d'atténuer l'épidémie. Nous allons les comparer en les appliquant indépendamment. Dans chacun des cas suivants, nous allons modifier un seul paramètre du modèle en laissant les autres inchangés.

#### 1. La vaccination.

En vaccinant la population, on peut disposer dès le départ d'un groupe de personnes immunisées car vaccinées. Ceci permet d'augmenter la valeur initiale  $R_0$  tout en abaissant d'autant le nombre de personnes  $S_0$  susceptibles d'être contaminées.

Tracez sur un graphe l'évolution de l'épidémie en supposant que l'on a vacciné 5% de la population.

#### 2. Distanciation et éducation.

Par des mesures de distanciation sociale et d'hygiène, on peut réduire le paramètre  $b^*$ . Supposons que nous parvenions à abaisser la valeur de  $b^*$  de 5% (c'est très facile à faire en pratique!).

Tracez sur un graphe l'évolution de l'épidémie en résultant.

#### 3. Médication

Supposons maintenant que nous disposions d'un médicament permettant de réduire le temps de maladie de 5%.

Tracez sur un graphe l'évolution de l'épidémie en résultant.

#### 4. Comparaison

Finalement comparez toutes ces méthodes en traçant sur un même graphe :

- Les données expérimentales issues du fichier `grippedata.dat` représentées par des cercles ;
- En rouge, l'évolution du nombre de malades  $M(t)$  obtenue par simulation pour la valeur  $b^*$  si aucune mesure n'est prise ;
- En vert, l'évolution du nombre de malades  $Mv(t)$  obtenue par simulation en cas de vaccination ;
- En bleu, l'évolution du nombre de malades  $Md(t)$  obtenue par simulation en cas de mesures de distanciation ;
- En noir, l'évolution du nombre de malades  $Mm(t)$  obtenue par simulation avec l'utilisation d'un médicament.

Dans chaque cas, calculez le nombre de personnes touchées par la grippe au cours de l'épidémie.

---

#### Exercice 4 Matrices aléatoires

Nous allons observer le comportement du spectre d'une matrice aléatoire symétrique réelle de grande taille. Nous retrouverons ainsi une loi universelle qui remplace la loi Gaussienne lorsque les variables aléatoires ne sont plus indépendantes. Cette loi, découverte lors de l'étude de "gros" atomes, est appelée loi du demi-cercle de Wigner, en hommage à son découvreur.

1. Construisez une matrice aléatoire symétrique  $m$  de taille  $N \times N$  avec  $N = 5000$ .

*Indication :* Si  $M$  est une matrice réelle, alors  $m = \frac{M^T + M}{2}$  est une matrice symétrique.

2. Avec la fonction `histogram` (cf. TP3, exercice 3), construisez un histogramme décrivant la répartition des valeurs propres de  $m$ . Ajustez les paramètres de l'histogramme (en particulier la position des arêtes de l'histogramme) pour obtenir une répartition justifiant le nom *loi du demi-cercle*.

*Indication importante :* Une matrice aléatoire symétrique a toujours une unique valeur propre beaucoup plus grande que les autres qui ne suit pas la loi du demi-cercle ! Il faut donc régler l'intervalle à considérer pour l'histogramme afin d'éliminer cette valeur propre.