

Modèle d'une propagation d'une épidémie

 $DRISSI \ Mohamed \ Reda \\ \textbf{reda-mohamed@isty.uvsq.fr}$

10 mars 2019

Table des matières

Ι	Introd	$\operatorname{uction} \ldots \ldots$
II	Modél	$isation \dots \dots$
	II.1	Graphes
	II.2	Spécifications de la machine utilisée
	II.3	Système
	II.4	Topologie du système
	II.5	Paramètres de simulation
III	Simulations	
	III.1	Résultats
		III.1.1 email-Eu-core.txt
		III.1.2 p2p-Gnutella08.txt
		III.1.3 p2p-Gnutella09.txt
		III.1.4 soc-sign-bitcoinalpha.csv
		III.1.5 wiki-Vote.txt
\mathbf{W}	Analy	

I Introduction

Dans le cadre du module "Calcul Haute Performance et Simulation", il nous a été demandé de modéliser le problème de la propagation d'une maladie dans une population. Le but de ce projet est de faire différentes simulation afin de vérifier l'avantage d'une optimisation pageRank appliquée sur un tel problème.

Nous avons choisi de développer notre projet en python 3.7 pour son abandance de librairies en calcul matriciel et parce que nous le maitrisons bien. Nous utilisons la librairie networkx pour nos graphes. Nous utilisons ensuite des matrices numpy pour représenter nos matrices de transitions. Pour avoir les représentation graphique de nos simulation, nous utilisons la bibliothèque matplot.

Ce rapport est découpé en deux parties. Dans un premier temps nous aborderons la modélisation du problème. Puis nous développerons les résultats que nous avons obtenus après simulation.

II Modélisation

Le problème de la propagation d'un virus dans une population peut être assimilé au problème de la promenade aléatoire d'un individus sur internet (d'où le choix de l'optimisation pageRank).

- Internet \rightarrow Une population
- $\bullet\,$ Une page sur internet \to Un individu dans la population
- Un promeneur \rightarrow Un virus
- \bullet La promenade du marcheur \to La propagation du virus
- Le rang d'une page est la probabilité de la présence du promeneur sur cette page \to Le rand est la probabilité d'être infecté par le virus durant une épidémie

II.1 Graphes

Nous avons receuilli plusieurs graphes de ce lien, les fichiers contiennent des listes d'arrêtes, le test par défaut exécutera le graphe <> de taille <> et de densité <>.

II.2 Spécifications de la machine utilisée

• CPU: Intel Core i7

* Modèle : 6700K

 $\ast\,$ Fréquence : 4.0GHZ

 $*\ nombre\ de\ coeurs/nombre\ de\ threads: 4\ cores/8\ logical\ threads(HyperThreading©)$

* Turbo boost : off

• Stockage : Samsung 850 PRO SSD 512GB

II.3 Système

 \bullet OS : Debian 9.8 Stretch (stable) x86_64

• Kernel: 4.9.0-8-amd64

• Python 3.7.0

II.4 Topologie du système

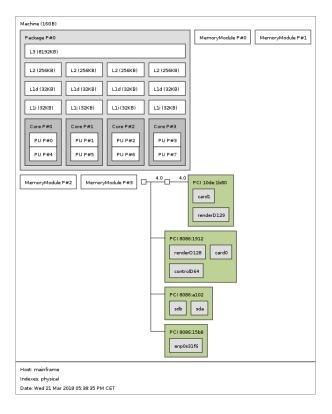


FIGURE 1 – Topologie générée par lstopo

II.5 Paramètres de simulation

Voici quelques paramètres que nous avons utilisé pour les différentes simulations.

- Nombre d'itérations = 150
- Facteur de damping $\alpha = 0.8$
- Pour centage de personnes infecté initialement : x=5%
- Probabilité d'infecter un voisin : $\nu = 1 \alpha = 0.2$
- Probabilité de guérir par hasard $:\! \gamma = 0.02$

III Simulations

III.1 Résultats

Nous allons utiliser le script full.sh qui nous calculera tous les graphes fournis, nous avons trouvé ces graphes sur le site de snaps de Stanford [1]. Pour un usage granulaire, une aide est fournie (seul le nom de fichier est obligatoire):

```
bash~$ cd src
bash~$ python -m app.main -h
usage: main.py [-h] [-g FILENAME] [-i INFECTED] [-v RANDOM_VAC¢INATION]
               [-H HEAL] [-c CONTAMINATION] [-t ITER]
Simple epidemic modeling example using PageRank
optional arguments:
  -h, --help
                        show this help message and exit
  -g FILENAME, --input-graph FILENAME
                        File containing the edge list of the matrix
                        to process
 -i INFECTED, --infected INFECTED
                        Ratio of initially randomly individuals
  -v RANDOM_VACCINATION, --vaccinate RANDOM_VACCINATION
                        Ratio of initially randomly vaccinated individuals
 -H HEAL, --heal HEAL Probability of randomly healing when infected
  -c CONTAMINATION, --contamination CONTAMINATION
                        Probability of contaminating each neighbor when
                        infected
  -t ITER, --iteration ITER
                        Number of iterations of the simulation
```

III.1.1 email-Eu-core.txt

The network was generated using email data from a large European research institution Réseau généré avec les données mail d'une institution de recherche européenne.

Name:

Type: DiGraph

Number of nodes: 1005 Number of edges: 25571 Average in degree: 25.4438 Average out degree: 25.4438 Density:0.050684822897464864

Ratio of initially infected individuals:0.05

Ratio of initially randomly vaccinated individuals:0.22 Probability of contaminating each neighbor when infected:0.2

Probability of randomly healing when infected:0.26

Number of iterations:150

Time spent to run each simulation:

No Vaccination: 641 ms Random Vaccination: 374 ms PageRank Vaccination: 391 ms

Epidemic spread simulation using infection vector with different parameters
Simulating email.txt

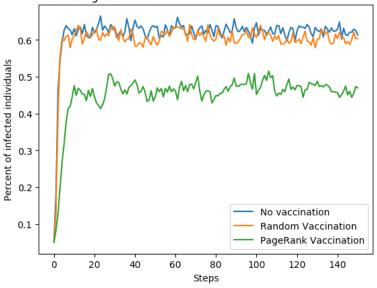


FIGURE 2 – Graphe de simulation email-Eu-core

III.1.2 p2p-Gnutella08.txt

Réseau de partage de fichiers Gnutella en P2P d'août 2002

Name:

Type: DiGraph

Number of nodes: 6301 Number of edges: 20777 Average in degree: 3.2974 Average out degree: 3.2974 Density:0.0010467978123905755

Ratio of initially infected individuals:0.05

Ratio of initially randomly vaccinated individuals:0.22
Probability of contaminating each neighbor when infected:0.2

Probability of randomly healing when infected: 0.26

Number of iterations:150

Time spent to run each simulation:

No Vaccination: 14 seconds 744 miliseconds Random Vaccination: 3 seconds 276 miliseconds

PageRank Vaccination: 974 miliseconds

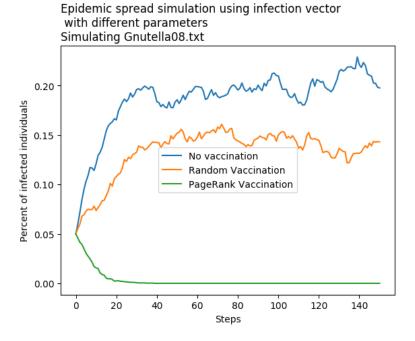


FIGURE 3 – Graphe de simulation p2p-Gnutella08

III.1.3 p2p-Gnutella09.txt

Réseau de partage de fichiers Gnutella en P2P d'août 2002

Name:

Type: DiGraph

Number of nodes: 8114 Number of edges: 26013 Average in degree: 3.2059 Average out degree: 3.2059 Density:0.0007903217921884197

Ratio of initially infected individuals:0.05

Ratio of initially randomly vaccinated individuals:0.22

Probability of contaminating each neighbor when infected:0 2

Probability of randomly healing when infected: 0.26

Number of iterations:150

Time spent to run each simulation:

No Vaccination: 25 seconds 538 miliseconds Random Vaccination: 7 seconds 89 miliseconds PageRank Vaccination: 1 seconds 549 miliseconds

Epidemic spread simulation using infection vector with different parameters
Simulating Gnutella09.txt

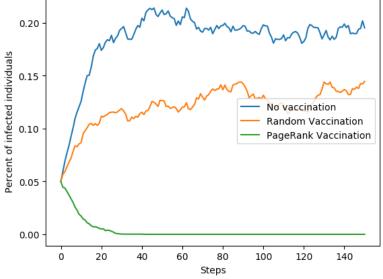


FIGURE 4 – Graphe de simulation p2p-Gnutella09

III.1.4 soc-sign-bitcoinalpha.csv

Réseau représentant les personnes se faisant confiance dans un échange de bitcoins sur la plateforme bitcoin-alpha.

Name:

Type: DiGraph

Number of nodes: 3783 Number of edges: 24186

Average in degree: 6.3933 Average out degree: 6.3933 Density:0.0033809299947872786

Ratio of initially infected individuals:0.05

Ratio of initially randomly vaccinated individuals:0.22

Probability of contaminating each neighbor when infected:0 2

Probability of randomly healing when infected: 0.26

Number of iterations:150

Time spent to run each simulation:

No Vaccination: 11 seconds 582 miliseconds Random Vaccination: 4 seconds 650 miliseconds PageRank Vaccination: 1 seconds 354 miliseconds Epidemic spread simulation using infection vector with different parameters
Simulating soc-sign-bitcoinalpha.csv

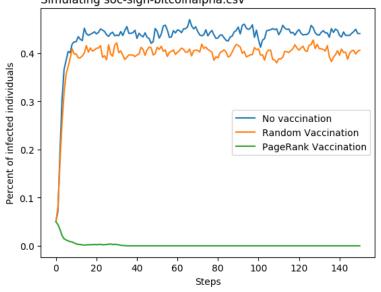


Figure 5 – Graphe de simulation soc-sign-bitcoinalpha

III.1.5 wiki-Vote.txt

Réseau représentant les votes entre les différents utilisateurs de wikipedia.

Name:

Type: DiGraph

Number of nodes: 7115 Number of edges: 103689 Average in degree: 14.5733 Average out degree: 14.5733 Density:0.004097075022161917

Ratio of initially infected individuals:0.05

Ratio of initially randomly vaccinated individuals:0.22

Probability of contaminating each neighbor when infected:0 2

Probability of randomly healing when infected: 0.26

Number of iterations:150

Time spent to run each simulation:

No Vaccination: 22 seconds 609 miliseconds Random Vaccination: 12 seconds 966 miliseconds PageRank Vaccination: 1 seconds 993 miliseconds Epidemic spread simulation using infection vector with different parameters
Simulating wiki-Vote.txt

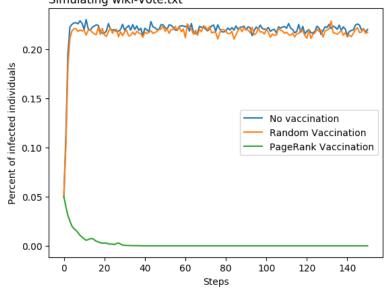


Figure 6 – Graphe de simulation wiki-Vote

IV Analyses

Nous remarquons l'importance de l'optimisation pageRank dans presque tous les exemples, les graphes ont la même allure, et change drastiquement le résultat, nous remarquons aussi que les vaccinations aléatoires génère un graphe à allure similaire à celui de la non vaccination. Donc sur un échantillon assez important nous ne remarquerons donc pas de différence.

Le changement du pourcentage de vaccination vers 0.12 et 0.32 ne change pas l'allure du résultat.

À chaque fois, l'algorithme pageRank commence à se stabiliser entre les itérations 20 et 40, si le pourcentage de vaccination est de 22%. Quand nous augmentons ce pourcentage, cette stabilisation peut changer mais que légèrement.

Bibliographie

[1] Jure Leskovec and Andrej Krevl. SNAP Datasets: Stanford large network dataset collection. http://snap.stanford.edu/data, June 2014.