

---

# **Systemes multi-agents et Équations différentielles Ordinaires : Simulation de propagation du virus**

---

Master Modélisation et Science de données

**Pierjos Francis COLERE MBOUKOU**  
**Youssef HOURRI**  
**Hamza IHIKKI**

M. Julien Randon-Furling  
julien.randon-furling@univ-paris.fr

## Table des matières

<b>1</b>	<b>Introduction</b>	<b>2</b>
<b>2</b>	<b>Modélisation</b>	<b>3</b>
2.1	Modèle SIR . . . . .	3
2.2	Schéma d'Euler explicite . . . . .	4
2.3	Modèle multi-agents . . . . .	5
2.3.1	Agent Personne . . . . .	5
2.3.2	Classe SIR . . . . .	5
<b>3</b>	<b>Résultats de la simulation</b>	<b>6</b>
3.1	Initialisation . . . . .	6
3.2	Simulation . . . . .	7
<b>4</b>	<b>Conclusion</b>	<b>9</b>

## 1. Introduction

Au carrefour entre systèmes multi-agents (SMA) et simulation numérique, la simulation multi-agent est largement utilisée dans de nombreux domaines (biologie, économie, etc), particulièrement pour les systèmes complexes nécessitant l'interaction entre nombre d'entités. Elle est donc devenue un outil indispensable permettant de comprendre les phénomènes très complexes.

La crise sanitaire mondiale actuelle (Covid-19) a démontré que les modélisations mathématiques jouent un rôle primordial dans la prise de décisions politiques et sanitaires. Ainsi, ce travail consiste à modéliser et simuler l'évolution d'un virus en combinant modèle multi-agents et modèle SIR basé sur les équations différentielles modélisant l'évolution d'un virus. En effet, la combinaison de connaissances et compétences apprises dans les modules Analyse Numérique et Modélisation Aléatoire (en particulier les SMA), nous a motivé à réaliser ce projet.

Ce faisant, la section 1 sera consacrée au modèle SIR. Nous présenterons, dans la section 2, le modèle multi-agents utilisé pour simuler cette propagation de virus. En fin, la section 3 montrera les résultats de notre travail.

## 2. Modélisation

### 2.1. Modèle SIR

Le modèle SIR a été présenté pour la première fois par KERMACK et. McKENDRICK [1]. Ce dernier est un exemple de modèle à compartiments, c'est à dire que l'on divise la population en plusieurs catégories. Dans notre cas, à chaque instant on divise la population en trois catégories :

- S : les individus Sains ou Susceptibles d'être infectés.
- I : les individus Infectés, malades ou tout simplement contagieux.
- R : les individus Rétablis (Recovered en anglais). En d'autres termes, ceux qui ont déjà contracté le virus et sont désormais immunisés contre ce virus.

Ces populations varient bien sûr dans le temps. Nous les notons respectivement  $S(t)$ ,  $I(t)$ ,  $R(t)$ . Alors,  $P = S(t) + I(t) + R(t)$  représente la population constante totale au cours du temps.

Ce modèle peut être représenté graphiquement par ces trois compartiments connectés par des flux d'individus qui passent de l'un à l'autre :

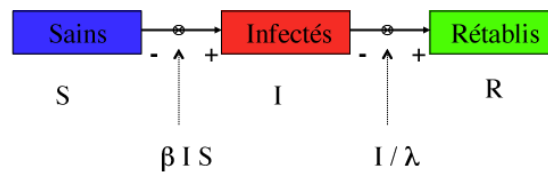


FIGURE 2 – Diagramme des flux d'individus dans le modèle SIR.

où  $\beta > 0$  désigne le taux d'incidence (transmission du virus),  $\lambda$  est le nombre de jours en moyenne durant lesquels un individu reste malade. C'est-à-dire, les malades guérissent en moyenne au bout d'un temps  $\lambda$ .

On peut donc noter que ce modèle est très simplifié car il ne prend pas en considération le nombre de morts que le virus peut engendrer. Ainsi, on ajoute  $-\mu I$  aux infectés afin de prendre en compte la mortalité liée au virus ;  $\mu$  représente le taux de mortalité étant proportionnelle à la virulence de l'agent contaminant. Il est très évident que l'on peut écrire ce problème d'évolution du virus, en fonction du temps, au sein d'un ensemble d'individus (populations) comme un système d'équations différentielles auxquelles obéissent ces populations. Ce système s'écrit ainsi :

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = -\beta IS \\ \frac{dI}{dt} = \beta IS - \frac{I}{\lambda} - \mu I \\ \frac{dR}{dt} = \frac{I}{\lambda} \end{array} \right. \quad (1)$$

Notre objectif est de connaître l'évolution de ces quantités au cours du temps. Pour ce faire, on approche ces équations différentielles par les méthodes numériques. Plusieurs méthodes d'approximation d'équations différentielles ordinaires (EDO) existent mais on se limite au schéma d'Euler explicite [2][3] qui donnent les résultats efficaces en un laps de temps permettant de prendre de décisions le plus tôt possible.

## 2.2. Schéma d'Euler explicite

Les équations différentielles apparaissent dans beaucoup de problèmes de la physique, mécanique, biologie, médecine, etc. Elles modélisent l'évolution ou variation d'une certaine quantité en fonction du temps ou de l'espace. Dans ce cadre l'on a fait recours afin d'approcher les quantités du système (modèle) SIR.

Une équation différentielle du premier ordre avec condition initiale s'écrit d'une manière générale :

$$\begin{cases} y' = f(t, y(t)), & t \in [t_0, t_0 + T] \\ y(t_0) = y_0 \end{cases} \quad (2)$$

Le problème (2) est appelé «Problème de Cauchy».  $t$  est la variable du temps et  $f$  est une fonction continue sur  $[t_0, t_0 + T] \times \mathbb{R}$ . On cherche alors l'unique solution  $y(t)$  vérifiant le problème de Cauchy (2).

On commence par subdiviser l'intervalle  $[t_0, t_0 + T]$  en  $N$  sous-intervalles de même longueur  $h = \frac{T}{N}$ . Dans ce travail, on calcule les valeurs des quantités  $S$ ,  $I$ ,  $R$  chaque jour (step que l'on verra dans la modélisation d'agents). Donc, après chaque itération (step), l'intervalle du temps qui n'est autre que  $[0, 1]$  est subdivisé en  $N$  sous-intervalles.

On note par  $y_n$  l'approximation de  $y(t_n)$  et  $y_{n+1}$  l'approximation de  $y(t_{n+1})$ . En intégrant le système (2), avec la méthode des rectangles à gauche, sur un intervalle  $[t_n, t_{n+1}]$  on trouve le schéma d'Euler explicite (ou progressif) :

$$\begin{cases} y_{n+1} = y_n + hf(t_n, y_n) \\ y_0 \text{ connu} \end{cases} \quad (3)$$

Ce schéma itératif est très simple à mettre en oeuvre. Bien sûr, au système SIR (1), il faut adjoindre des conditions initiales  $S(0) = S_0$ ,  $I(0) = I_0$ ,  $R(0) = R_0$ . On suppose ici que  $R_0 = 0$ , qui exprime le fait qu'aucun individu n'est immunisé au début de la période d'infection. En utilisant la méthode d'Euler explicite, le système (1) devient :

$$\begin{cases} S_{n+1} = S_n - \beta h I_n S_n \\ I_{n+1} = I_n + h(\beta I_n S_n - \frac{I_n}{\lambda} - \mu I_n) \\ R_{n+1} = R_n + h \frac{I_n}{\lambda} \end{cases} \quad (4)$$

À travers le système (4), on peut calculer les quantités  $S$ ,  $I$ ,  $R$  à l'instant  $t$  précis. Il suffit juste de connaître les paramètres  $\beta$ ,  $\lambda$ ,  $\mu$  ainsi que les quantités initiales  $S_0$  et  $I_0$ . Dans le modèle multi-agents, on fait appel à cette méthode d'Euler pour calculer ces quantités après chaque itération (step) de la simulation.

### 2.3. Modèle multi-agents

Dans cette partie, nous expliquons le Modèle Multi-agents permettant de réaliser cette simulation. Nous avons ainsi mis en oeuvre en utilisant le langage de programmation Python et plus précisément la bibliothèque Mesa :

#### 2.3.1. Agent Personne

Pour simuler cette propagation, il faut alors un agent. Dans notre, l'agent n'est autre que la Personne. Ainsi, une personne peut être dans un de ces 3 états possibles : Saine (noir), Infectée (rouge) et Rétablie (vert). De plus, la personne peut se déplacer vers toutes les directions ou rester où elle est (fixe). Donc cet agent a toutes ces caractéristiques. On illustre ces déplacements par l'image ci-dessous :

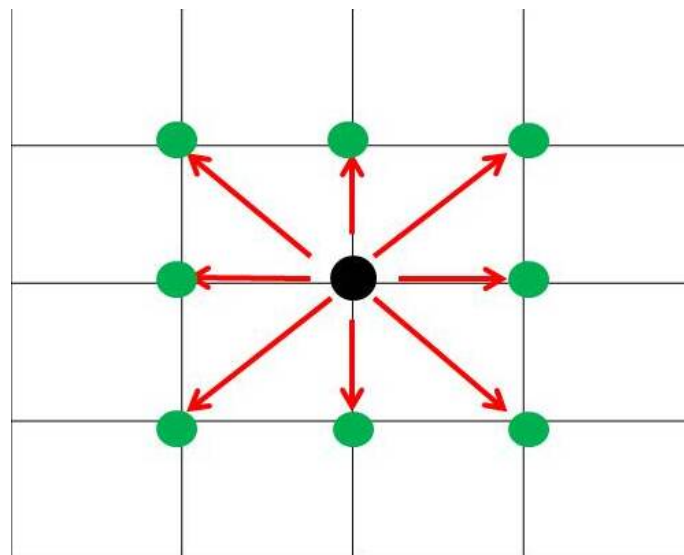


FIGURE 3 – Mouvements possibles d'un agent.

#### 2.3.2. Classe SIR

Nous avons défini une classe SIR qui permet de mettre en oeuvre tous les aspects contribuant à la simulation de propagation du virus. Elle prend en entrée les paramètres du modèle SIR défini dans la section 2.1. Une fois les paramètres initialisés, elle fait appel

à la fonction Euler qui approxime, à chaque itération (step), les effectifs des personnes saines, infectées et rétablies (si possible).

L'évolution de cette propagation du virus est représentée par les courbes et les mouvements des agents d'un état à un autres dans la grille qui soulignent cette évolution.

**TABLE 1** – CNN Baseline layers configuration.

Paramètres	Signification
n_agents	Nombre de personnes (population totale)
taux_infecte	Taux de personnes infectées à l'instant initial
taux_transmission	Taux de transmission du virus
taux_mortalité	Taux de mortalité (virulence du virus)
temps_guerison	Temps moyen pour se guérir du virus
width	Largeur de la grille
height	Longueur de la grille

### 3. Résultats de la simulation

#### 3.1. Initialisation

Après avoir implémenté la classe SIR, nous avons simulé la propagation du virus en utilisant cette classe.

En prenant les paramètres initiaux :

- Population : 1000
- Taux de personnes infectées : 20%
- Taux de transmission du virus : 50%
- Temps moyen de guérison : 12
- Taux de mortalité : 5%

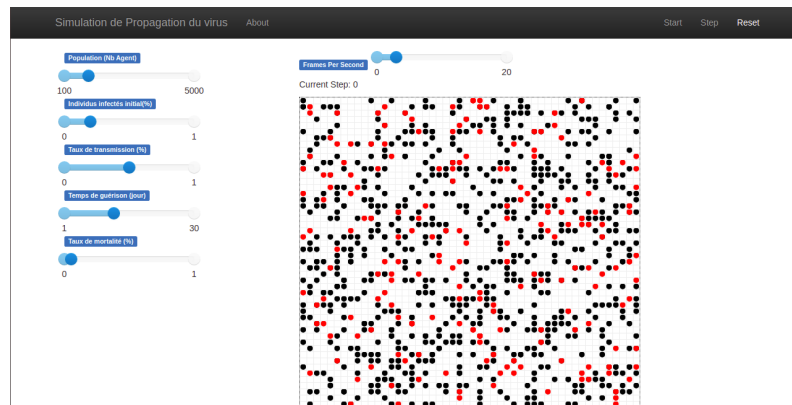


FIGURE 4 – Interface web avant simulation.

### 3.2. Simulation

Après avoir simulé notre modèle avec le paramétrage ci-dessus, nous remarquons que l'effectif des personnes infectées augmente au cours du temps et atteint le pic après 6 jours. Par contre, le nombre des personnes saines chute considérablement, cela est dû au taux de transmission qui est élevé (50%). De même, la population totale diminue à cause du taux de mortalité (la virulence du virus) car elle quitte de 1000 personnes à 632 après 66 jours et se stabilise, du fait que tous les agents sont rétablis ou sains.

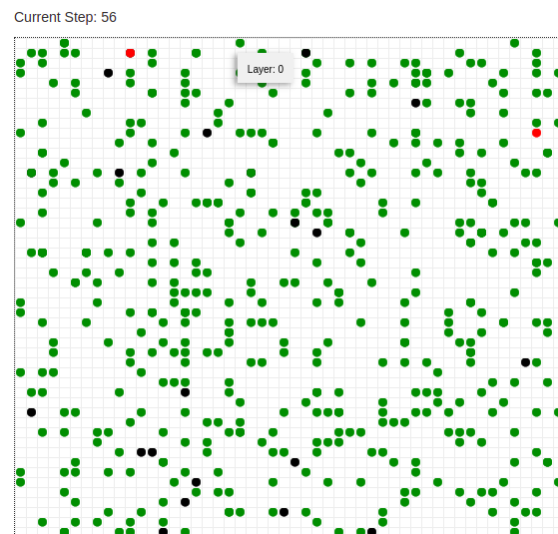
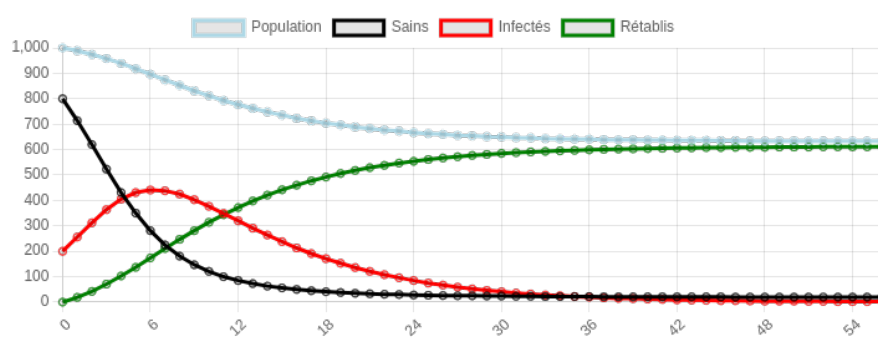


FIGURE 5 – La grille des états des agents après 56 jours.





**FIGURE 6** – L'évolution des états des agents après 56 jours.

## 4. Conclusion

En somme, dans ce projet, nous avons défini, modélisé, implémenté et même simulé la propagation du virus au sein d'une population grâce au modèle système multi-agents. Ce dernier nous a donné des résultats réalistes de l'évolution du virus en fonction du temps. Ainsi, nous pouvons conclure que les systèmes multi-agents sont jusqu'aujourd'hui indispensables et efficaces dans la modélisation et la résolution de problèmes réels et quotidiens permettant donc de prendre les décisions judicieuses au préalable.

## Références

- [1] Kermack, W.O., McKendrick, A.G. "Contributions to the mathematical theory of epidemics—I". *Bltm Mathcal Biology* 53, 33–55 (1991).  
<https://doi.org/10.1007/BF02464423>
- [2] Atkinson, Kendall A. (1989). "An Introduction to Numerical Analysis (2nd ed.)". New York : John Wiley & Sons. ISBN 978-0-471-50023-0.
- [3] [https://en.wikipedia.org/wiki/Euler\\_method](https://en.wikipedia.org/wiki/Euler_method)