

Introduction aux processus stochastiques

Projet 1 : Analyse de propagation d'un virus dans un réseau

Maxime GOFFART
180521

Olivier JORIS
182113

Année académique 2019 - 2020

Table des matières

1	Introduction	3
2	Structure du programme	3
3	Etude du modèle exact	3
3.1	Question 1	3
3.2	Question 2	3
3.3	Question 3	3
3.4	Question 4	6
4	Etude sur base de simulations	6
4.1	Question 1	6
4.2	Question 2	6
4.3	Question 3	8
4.4	Question 4	9
4.4.1	Comparaison des différentes mesures	12

1 Introduction

Les processus stochastiques permettent d'étudier des phénomènes aléatoires dans divers secteurs : l'économie, la climatologie, la météorologie, la biologie, ...

En particulier dans ce projet, il nous a été demandé d'étudier un phénomène d'actualité : la propagation d'un virus au sein d'un réseau, pouvant peut être modélisé à l'aide d'une chaîne de Markov. Ainsi, ce projet nous a permis d'appliquer les concepts vus au cours sur un exemple concret et d'actualité.

2 Structure du programme

Je (max) le ferais plus tard tkt.

3 Etude du modèle exact

3.1 Question 1

Le modèle proposé dans l'énoncé est bien un processus de Markov en temps discret caractérisé par ses 3^N états¹. Les états de cette chaînes sont caractérisés par la suite de longueur N des catégories² auxquelles appartiennent les individus³ à l'instant t . Par exemple : pour $N = 3$, l'état "'S' 'I' 'I'" représente le fait que le premier individu est susceptible d'être infecté et que les deux derniers sont infectés.

Les probabilités de transitions d'un état à un potentiel état de l'instant suivant de la chaîne dépendent à la fois de chacune des catégories des individus à l'instant initial et de leurs interactions avec des personnes infectées⁴.

Les états de cette chaîne qui sont uniquement composés d'individus de la catégorie 'R' ou⁵ de la catégorie 'S' sont absorbants car la propagation du virus n'est plus possible s'il n'y a plus d'infectés. Il en va de même pour les états dans lesquels les infectés n'ont de contact avec personne⁶. Cette chaîne n'est donc ni irréductible, ni régulière, ni périodique.

3.2 Question 2

Il faudra en moyenne ... à un individu pour guérir une fois infecté.

3.3 Question 3

Pour répondre à cette question, le programme peut-être lancé à l'aide de la commande suivante :

-
1. N étant la taille de la population.
 2. S, R ou I.
 3. Les individus étant indexés de 1 à N .
 4. Modélisées par le graphe W .
 5. Il s'agit d'un "ou" inclusif.
 6. Cela correspond à une ligne remplie de 0 dans le graphe W .

```
1 $ python3 exact_model.py matrixSize fileName
```

où la première option spécifie la taille de la matrice W utilisée et la deuxième représente le nom du fichier dans lequel cette matrice est encodée. Ensuite, le programme demande à l'utilisateur sur combien de simulations celui-ci veut que les calculs soient effectués pour la génération du graphique.

Ainsi, en lançant le programme avec cette commande :

```
1 $ python3 exact_model.py 6 6x6_lin.txt
```

On obtient le graphique de la figure 1 répondant à la première partie de la question avec les paramètres μ et β fixés aux valeurs suggérées.

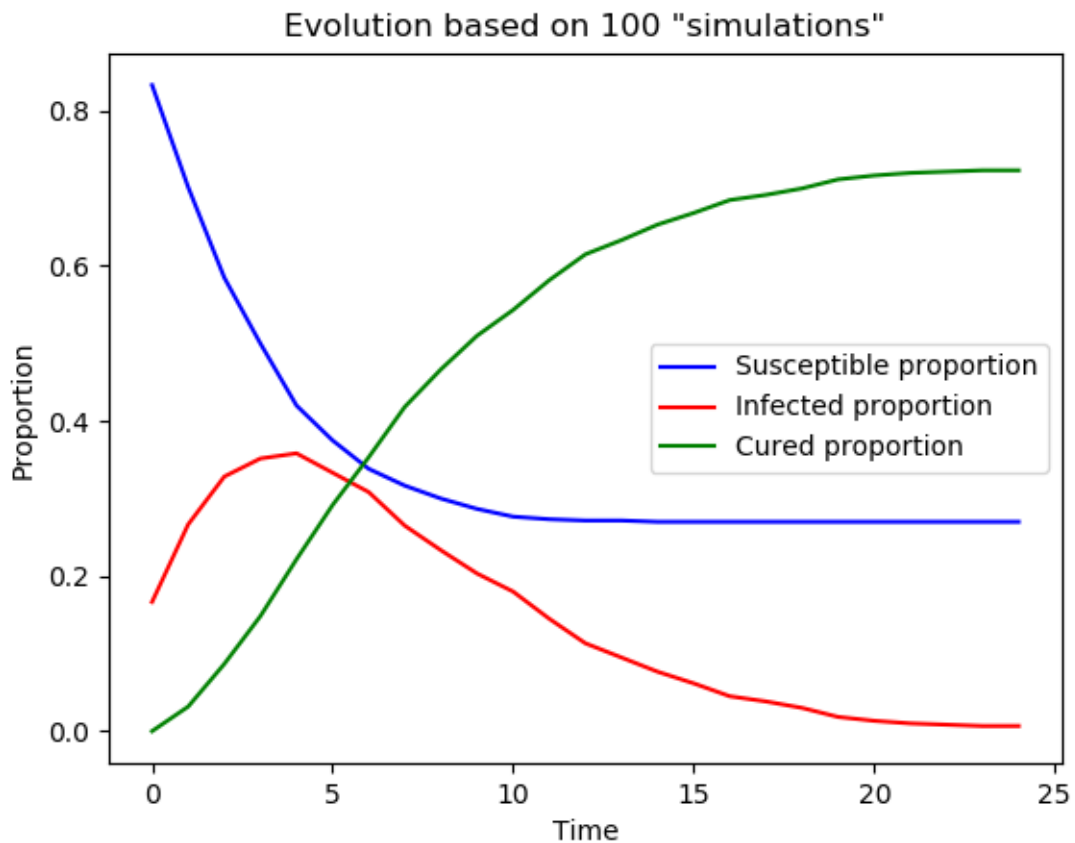


FIGURE 1 – Evolution des proportions d'individus dans chacune des catégories au cours du temps suivant un modèle représenté par une matrice W_{lin} .

Sur la figure 1, on observe le fait que la proportion d'individus infectés est décroissante. En effet, les individus ayant peu de contacts les uns avec les autres, la probabilité qu'un individu soit infecté est faible. De plus, les individus initialement infectés finissent par

guérir. On observe, également, qu'une partie de la population reste "susceptible" d'obtenir le virus car elle ne l'a jamais contracté car les relations entre les individus sont limitées.

De la même façon en lançant le programme à l'aide de cette commande :

```
$ python3 exact_model.py 6 6x6_full.txt
```

On obtient le graphique de la figure 2 répondant à la deuxième partie de la question avec les paramètres μ et β fixés aux valeurs suggérées.

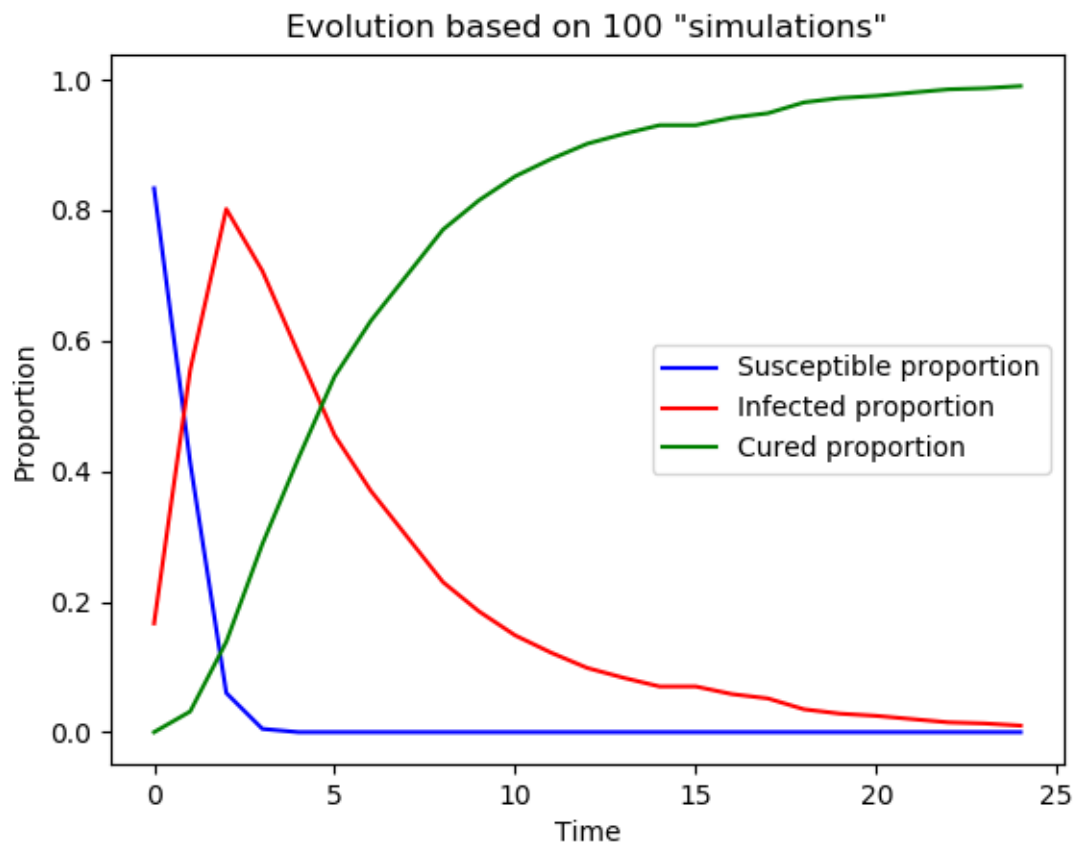


FIGURE 2 – Evolution des proportions d'individus dans chacune des catégories au cours du temps suivant un modèle représenté par une matrice W_{full} .

Sur la figure 2, on observe, à l'inverse de la situation précédente, que la population connaît un nombre important d'infectés et très rapidement car les gens sont tous en contact. Au temps $t = 25$, on peut voir que la proportion d'individus susceptibles est proche de 0, c'est-à-dire que presque toute la population a été infecté à un instant inférieur ou égal à celui-ci. En effet, les individus ayant tous des contacts les uns avec les autres, le virus ne fait que se propager au sein de la population jusqu'à ce que celle-ci soit entièrement guérie.

3.4 Question 4

Lors de l'exécution des deux précédentes commandes, le programme nous retourne également le temps moyen nécessaire à la disparition du virus dans la population. Nous avons obtenus une moyenne de 11,56 dans le cas où les contacts entre les gens sont limités⁷ et une moyenne de 14,48 dans l'autre cas⁸.

On observe que le premier modèle⁹ nécessite un temps inférieur au second avant d'atteindre une situation stable. Ceci s'explique par le fait que le virus se répand moins rapidement¹⁰ donc les gens qui sont infectés transmettent le virus à moins d'individus donc la proportion de personnes infectées est plus rapidement sous contrôle. Comme mentionné précédemment, une partie de la population n'est pas infectée par les virus donc il n'est pas nécessaire de les soigner ce qui permet de gagner du temps.

A l'inverse, dans le deuxième cas¹¹, le temps avant la disparition du virus est plus long car une grande majorité de la population est rapidement atteinte donc le seul moyen d'arriver à une situation "stable" est de soigner tout le monde. Dans le cas de la question 3, la probabilité d'être guéri est donné par $\mu = 0,2$ donc le temps nécessaire pour avoir une population entièrement guérie est long.

4 Etude sur base de simulations

4.1 Question 1

L'hypothèse d'indépendance posée par les auteurs de l'article n'est en général pas vérifiée car la probabilité qu'un individu se trouve dans un état à un instant t dépend en partie de son interaction avec les autres personnes de la population et de leur état à un instant précédent. Ainsi, si un individu dans un état *susceptible* a des contacts avec des individus dans un état *infectieux*, alors son état à un instant $t' > t$ sera impacté par ces derniers. L'indépendance n'est donc vérifiée que dans le cas où un individu n'a de contact avec personne.

4.2 Question 2

Pour répondre à cette question, le programme peut-être lancé à l'aide de la commande suivante :

```
$ python3 simulations_study.py populationSize fileName
```

où la première option spécifie la taille de la matrice W utilisée et la deuxième option correspond au nom du fichier dans lequel cette matrice est encodée.

7. Celui qui utilise la matrice W_{lin} .

8. Celui qui utilise la matrice W_{full} .

9. Celui dont la matrice d'adjacence est W_{lin} .

10. Car les gens sont moins en contact les uns avec les autres.

11. Celui dont la matrice d'adjacence est W_{full} .

Ainsi, en lançant le programme avec cette commande :

```
1 $ python3 simulations_study.py 6 6x6_lin.txt
```

Le programme demande à l'utilisateur les paramètres que celui-ci souhaite utiliser pour les simulations. Ensuite, le script retourne le graphique de la figure 3 ainsi que le temps moyen de disparition des individus infectieux y correspondant. On observe ainsi que l'étude sur base du modèle exact et celle sur base de simulations coïncident pour le cas où la matrice d'adjacence correspond à W_{lin} .

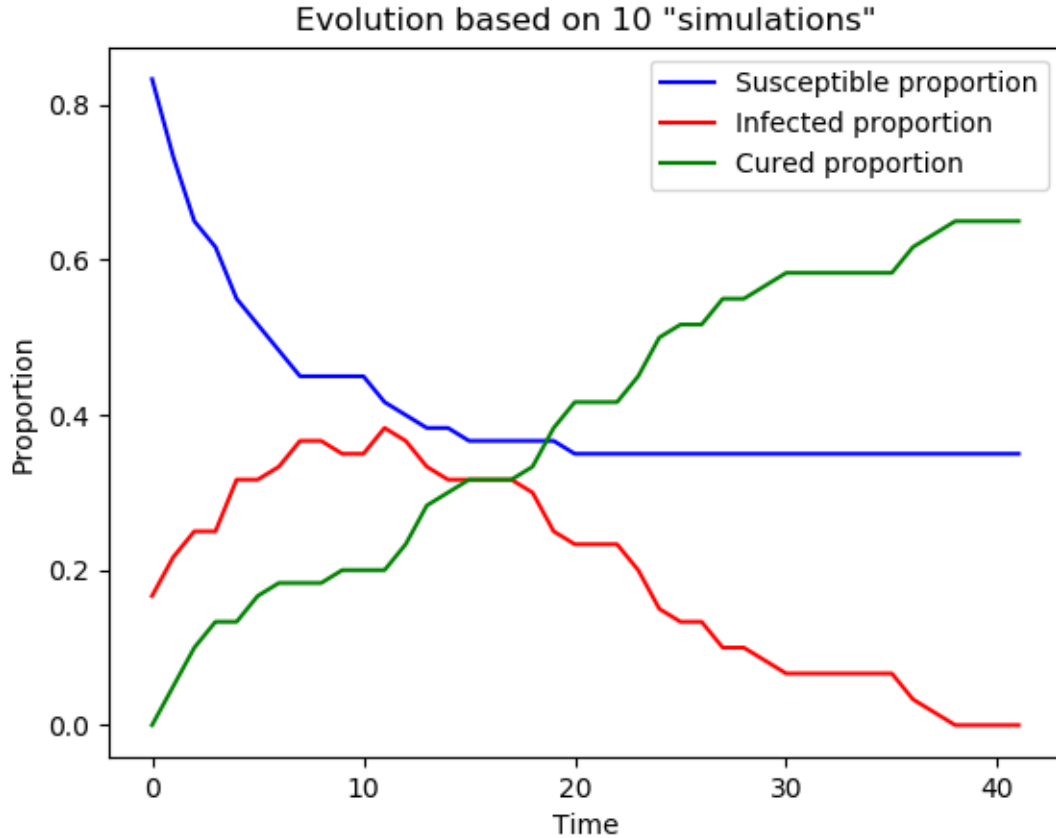


FIGURE 3 – Evolution des proportions d'individus dans chacune des catégories au cours du temps suivant un modèle représenté par une matrice W_{lin} de taille 6×6 .

De la même façon en lançant le programme à l'aide de cette commande ¹² :

```
1 $ python3 simulations_study.py 6 6x6_full.txt
```

On obtient le graphique de la figure 4 ainsi que le temps moyen de disparition des individus infectieux y correspondant avec les probabilités β et μ fixées aux valeurs suggérées. On observe que l'étude sur base du modèle exact et celle sur base de simulations coïncident également dans ce cas de figure. On peut donc penser que cette simulation approxime de

12. Et en choisissant d'utiliser 10 simulations.

manière satisfaisante la réalité et permettrait ainsi de modéliser cette même simulation avec une population plus nombreuse¹³.

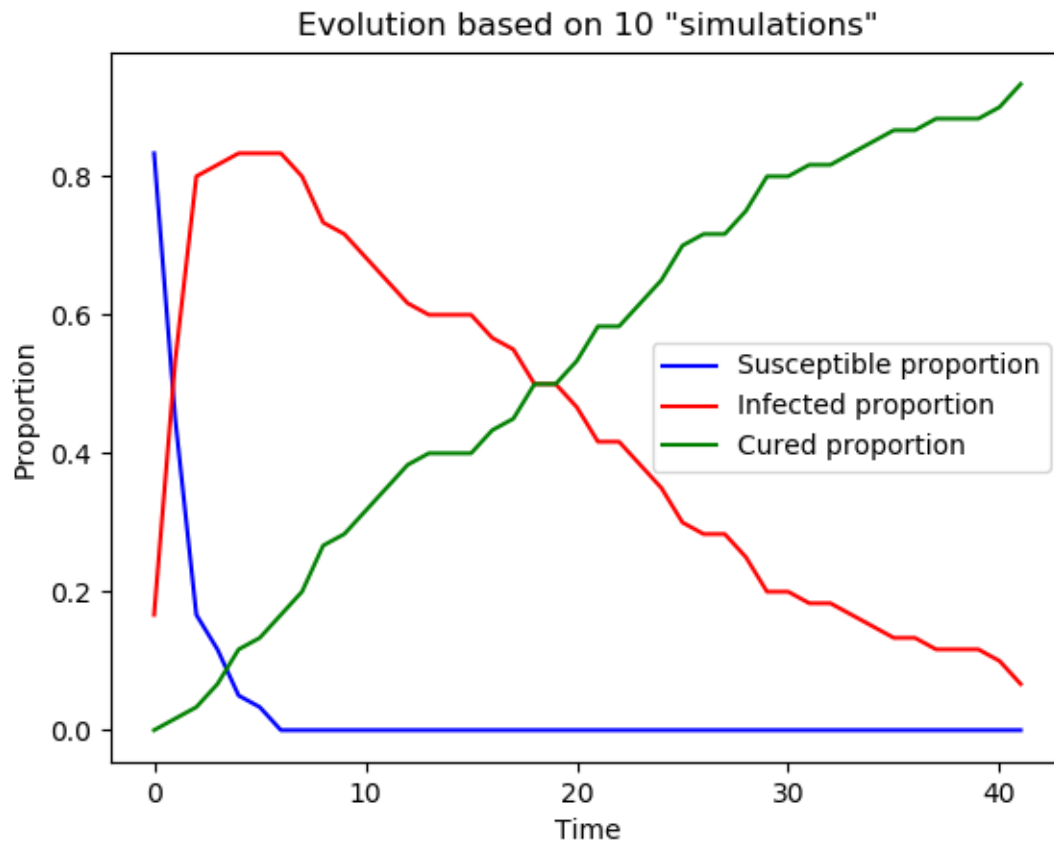


FIGURE 4 – Evolution des proportions d’individus dans chacune des catégorie au cours du temps suivant un modèle représenté par une matrice W_{full} de taille 6×6 .

4.3 Question 3

En lançant le programme à l’aide de la commande suivante¹⁴

```
$ python3 simulations_study.py 2000 Wbig_dense.txt
```

Le programme retourne le graphique de la figure 5 ainsi que le temps moyen de disparition des individus infectieux y correspondant avec les probabilités β et μ fixées aux valeurs suggérées.

13. En prenant un nombre de simulations suffisamment pour que les calculs soient stables

14. Et en choisissant un nombre suffisant de simulations pour avoir des résultats stables.

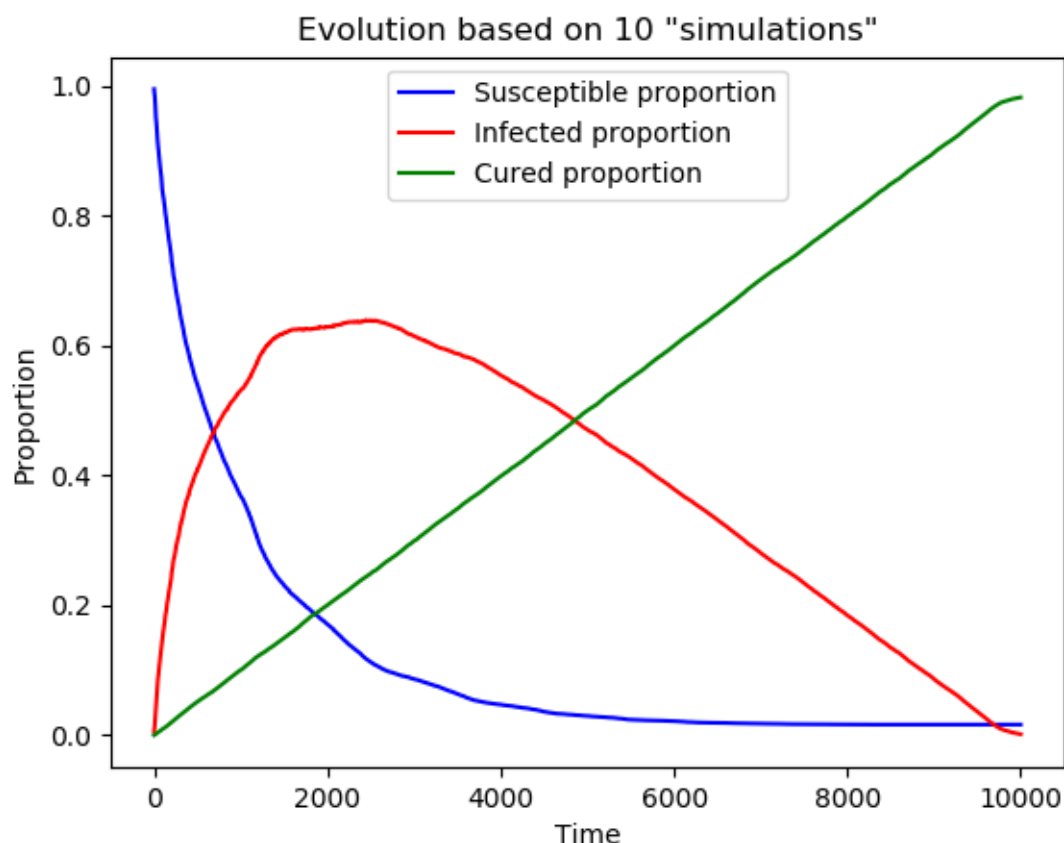


FIGURE 5 – Evolution des proportions d'individus dans chacune des catégories au cours du temps suivant un modèle représenté par une matrice d'adjacence W_{big} de taille 2000×2000 générée aléatoirement selon un modèle "scale-free" avec aucune mesure n'est prise.

4.4 Question 4

Si le graphique de la figure 5 représente l'évolution de l'épidémie dans le cas où aucune mesure n'est prise. Etudions l'impact des mesures suivantes :

(a) Réduire la probabilité de transmission de la maladie via différents moyens revient à diminuer la probabilité de contamination β . Ainsi, en réduisant la probabilité β à 0.2, on obtient le graphique de la figure 6 qui permet de visualiser que cette mesure permet d'avoir une proportion de la population qui ne voit pas infecter par le virus. De plus, le temps de disparition de ce dernier se voit diminuer¹⁵.

15. Valant ici environ 8300

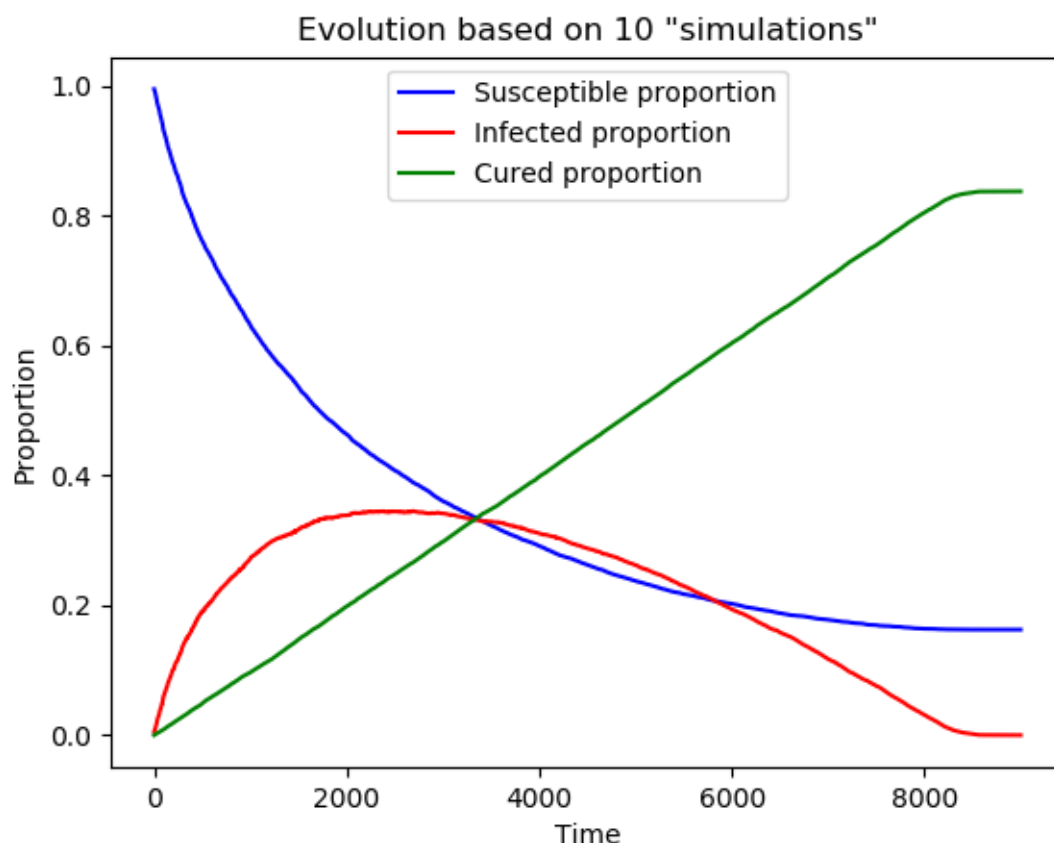


FIGURE 6 – Evolution des proportions d’individus dans chacune des catégorie au cours du temps suivant un modèle représenté par une matrice d’adjacence W_{big} de taille 2000×2000 générée aléatoirement selon un modèle "scale-free" avec une probabilité de transmission réduite.

(b) Réduire les interactions entre les individus revient à diminuer le nombre de 1 dans la matrice W .

(c) Vacciner un certain pourcentage de la population correspond à ajouter cette proportion d’individus dans l’état 'R' à l’instant $t = 0$. Le graphique de la figure 8 représente la situation où 30% de la population est vaccinée. Celui-ci permet également d’avoir une proportion d’individus qui n’est jamais infectée et de réduire le temps de disparition du virus¹⁶.

16. Valant ici environ 6000

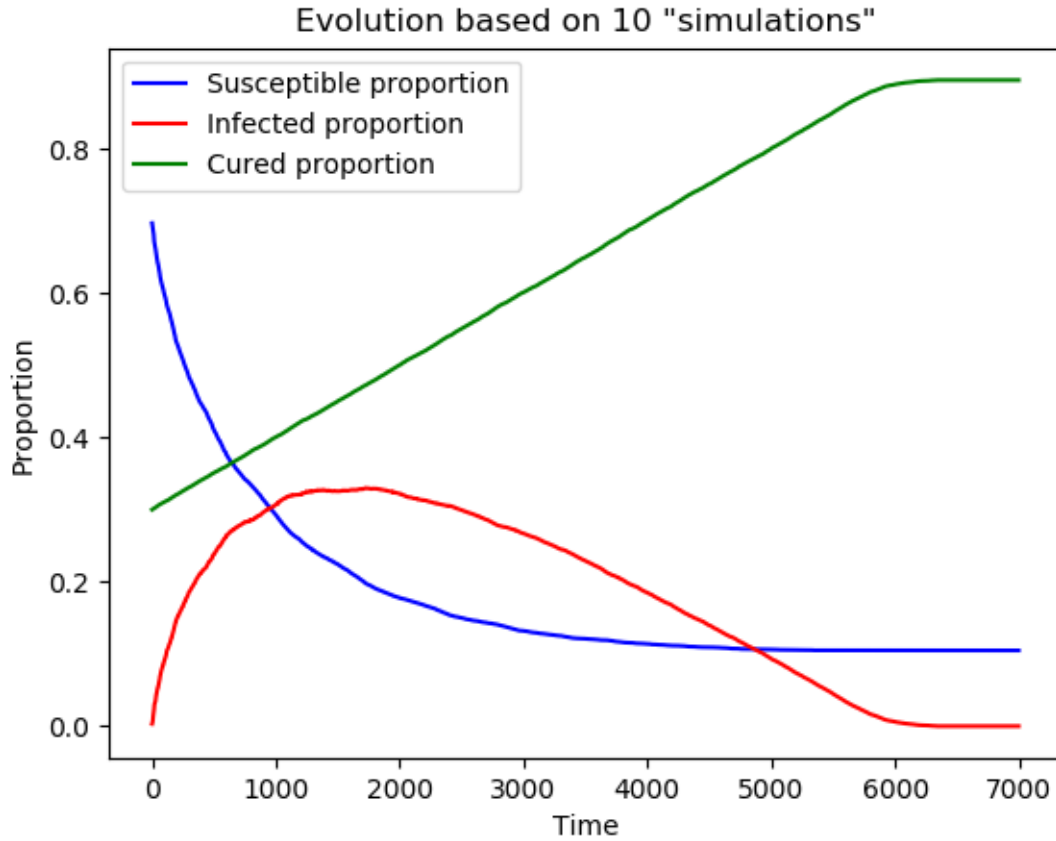


FIGURE 7 – Evolution des proportions d'individus dans chacune des catégories au cours du temps suivant un modèle représenté par une matrice d'adjacence W_{big} de taille 2000×2000 générée aléatoirement selon un modèle "scale-free" avec une proportion d'individus vaccinés.

(d) Traiter les patients avec un médicament qui permettrait d'accélérer la guérison revient à augmenter la probabilité de guérison μ . En augmentant la probabilité de guérison à 0.5, on voit que la principale amélioration est la vitesse de disparition du virus¹⁷. On voit également qu'une proportion d'individu ne se fait pas infecter.

17. Passant ici à environ 3600

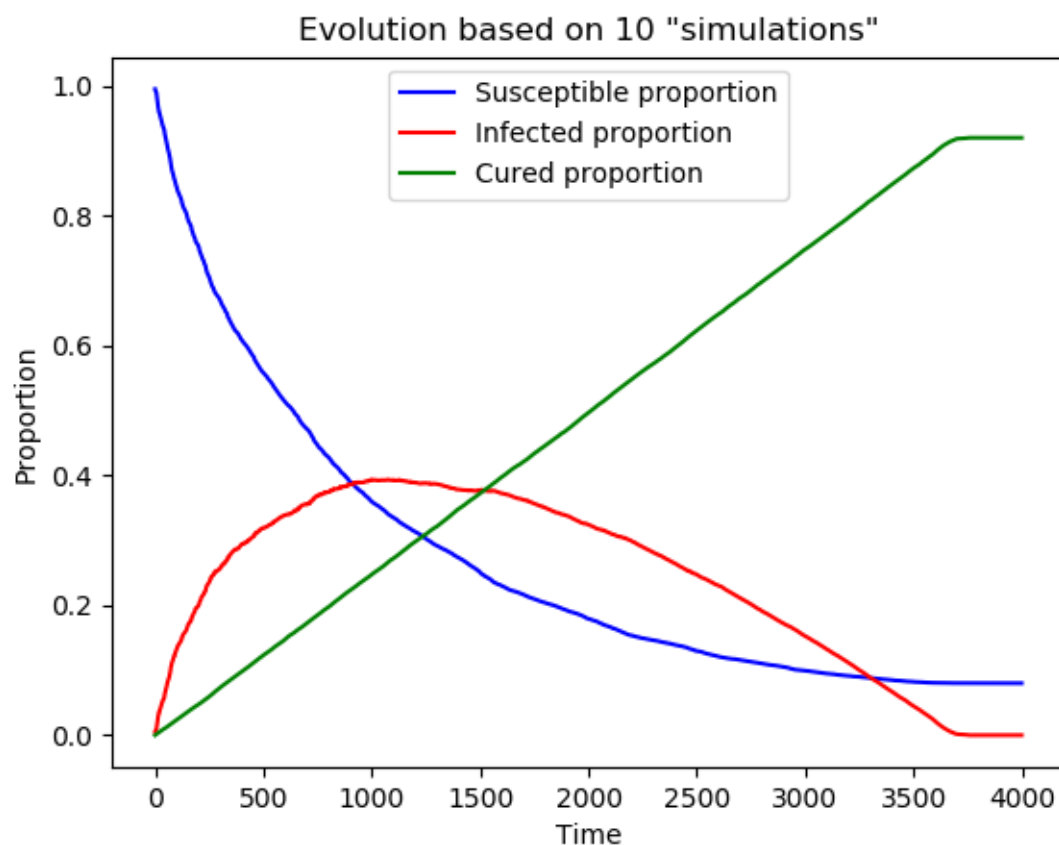


FIGURE 8 – Evolution des proportions d'individus dans chacune des catégories au cours du temps suivant un modèle représenté par une matrice d'adjacence W_{big} de taille 2000×2000 générée aléatoirement selon un modèle "scale-free" avec une proportion d'individus vaccinés.

4.4.1 Comparaison des différentes mesures