

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	5

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

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 $ python3 exact_model.py matrixSize fileName wType
```

où la première option spécifie la taille de la matrice W utilisée, la deuxième représente le nom du fichier dans lequel cette matrice est encodée et la troisième permettant

-
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 .

d'ajuster l'échelle du graphique en spécifiant si on a choisit une matrice W_{big} ou W_{lin} ⁷. Ensuite, le programme demande à l'utilisateur sur combien de simulations celui-ci veut que les calculs soient effectués.

Ainsi, en lançant le programme avec cette commande :

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

On obtient ce graphique répondant à la première partie de la question avec les paramètres μ et β fixés aux valeurs suggérées :

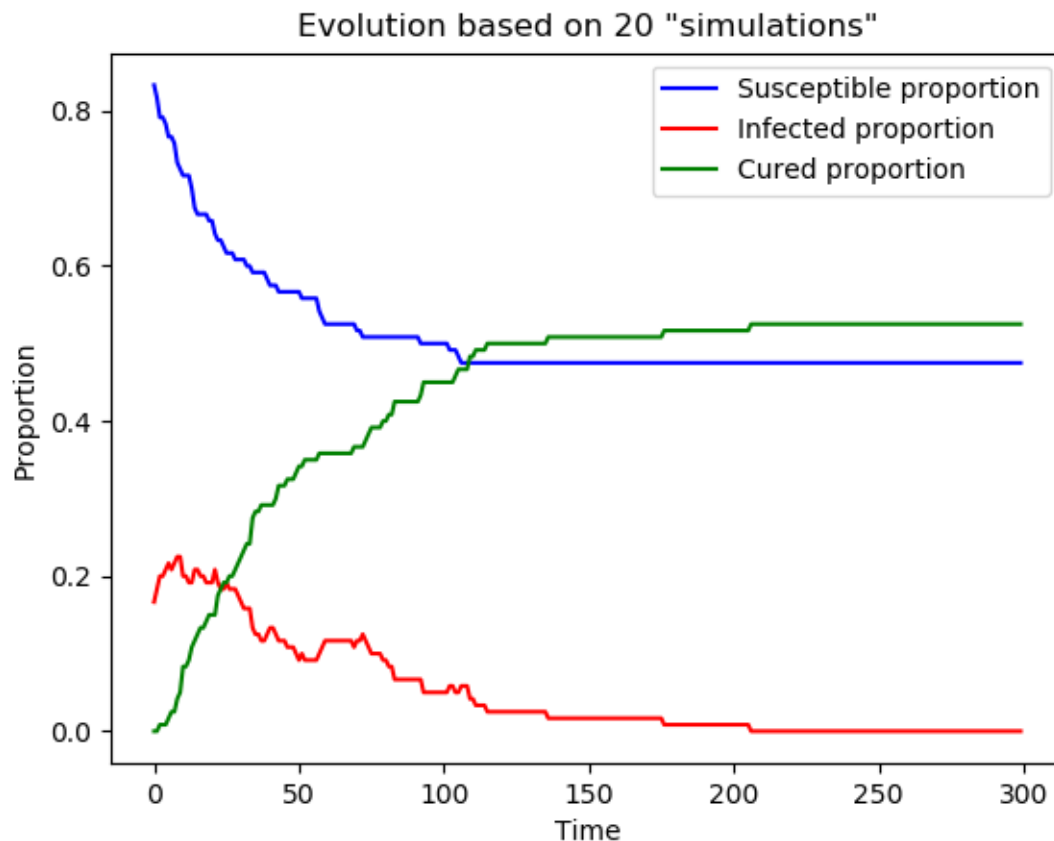


FIGURE 1 – Evolution des proportions d'individus dans chacune des catégories au cours du temps suivant un modèle représenté par une matrice W_{lin} .

Sur la figure 1, on observe le fait que la proportion d'individus infectés ne cesse de diminuer. En effet, les individus ayant peu de contacts les uns avec les autres, la probabilité qu'un individu soit infecté tend vers 0. De plus, les individus infectés initialement finissent par guérir.

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

7. A l'aide du mot-clé `lin` ou `full`

```
1 $ python3 exact_model.py 6 6x6_full.txt full
```

On obtient ce graphique répondant à la deuxième partie de la question avec les paramètres μ et β fixés aux valeurs suggérées :

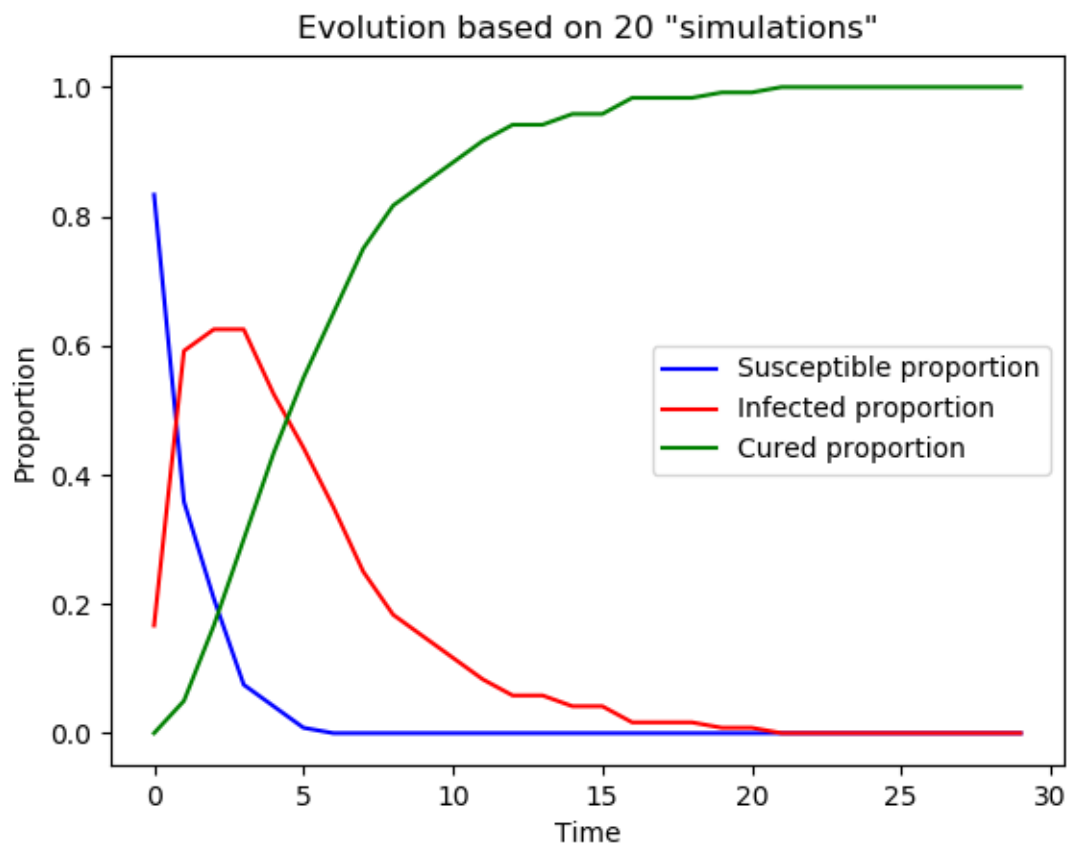


FIGURE 2 – Evolution des proportions d’individus dans chacune des catégories au cours du temps suivant un modèle représenté par une matrice W_{full} .

Sur la figure 2, on observe, à l’inverse de la situation précédente, que la population connaît un nombre important d’infectés. Au temps $t = 25$, on peut voir que la proportion d’individus susceptibles est proche de 0, c’est-à-dire que toute la population a été infectée. 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. On observe que le premier modèle⁸ nécessite un temps supérieur au second. Cela peut sem-

8. Celui dont la matrice d’adjacence est W_{lin}

bler étrange à première vue mais quand on y réfléchit, cela devient compréhensible. En effet, les individus suivant le premier modèle de propagation n'ayant pas beaucoup de contacts, la transmission du virus existe quand même mais est plus lente. A l'opposé, celle des individus suivant le second modèle est plus rapide car une fois qu'ils sont tous contaminés⁹, ils ne peuvent que guérir.

9. Ce qui arrive assez vite.