**Rapport projet programmation avancée**

**Propagation épidémique**

**I / Choix d’implémentation**

Le but de ce projet était de réaliser une simulation de propagation épidémique, à partir d’une liste d’individus et de différentes implémentations de graphes de voisins. Parmis tous les choix d’implémentation possibles, voici ceux que nous avons choisis de réaliser :

Les différents états programmés :

* S, sain
* I, infecté
* R, résistant

La transition Contamination (C) :

* Un individu devient contaminé avec une probabilité pC s'il a au moins un voisin Infecté. pC est passé en ligne de commandes.

Les transitions Guérison (G) et Désimmunisation (D) :

* Temporelle : l'individu reste un certain nombre d’étapes dans l'état, avant de faire la transition, précisé à l'aide de tG (temps, ou nombre d’étapes, avant la guérison) ou tD (temps, ou nombre d’étapes, avant la désimmunisation).

L'état initial :

* Un certain nombre d’individus sont définis au départ comme infectés. Après avoir précisé ce nombre d’infectés dans la ligne de commande, on entre l’identifiant des individus infectés. Si on entre un nombre insuffisant d’infectés par rapport au nombre d'infectés attendus, les autres individus contaminés seront tirés au sort parmis ceux qui ne sont pas encore infectés. Tous les autres individus sont considérés comme sains.

Les topologies implémentées:

* La clique
* L'anneau
* Erdos-Rényi
* Chargement depuis un fichier texte au format Stanford
* Prairie aléatoire
* Watts-Strogatz, ou small world

La condition d'arrêt de la simulation :

* Temporelle : la simulation tourne durant un certain nombre d'étapes, passé en paramètres.

Type de prairie aléatoire :

* Random Disk Graph, modèle plus général avec c (taille du côté de la prairie), rmin et rmax (intervalle parmis lequel le rayon de voisinage de chaque individu est tiré au hasard), qui sont précisés dans la ligne de commande.

Informations en sortie :

* Un fichier contenant une trace de la propagation de la maladie, étape par étape. Pour chaque étape, on affiche l'identifiant de l’individu ainsi que son état.
* Un fichier contenant la liste des liens de voisinage au format Stanford.
* Sur le terminal : le nombre d’étapes effectuées, le nombres d’individus total, le nombre d’individus infectés à la fin de la simulation, le nombre d’individus sains à la fin de la simulation, le nombre d’individus résistants à la fin de la simulation, le nombre de contaminations ayant eu lieu au cours de la simulation, le nombre moyen de voisins par individus ainsi que le taux de maladie (c’est à dire le pourcentage d’individus infectés sur le nombre total d’individus, à la fin de la simulation).

**II / Paramètres en ligne de commande**

**Topologie 1 : Clique**

Les paramètres attendus sont :

-topo : la topologie, ici égale à 1 pour la clique.

-nb : le nombre d’individus dans la simulation.

-nbi : le nombre d'infectés au départ.

-i : l’identifiant d’un individu infecté (ce paramètre peut être utilisé plusieurs fois).

-dm : le nombre d’étapes avant la fin de la simulation.

-td : le nombre d’étape avant la désimmunisation, c’est à dire avant qu’un individu résistant redevienne sain.

-tg : le nombre d’étape avant la guérison, c’est à dire avant qu’un individu infecté devienne résistant.

-probaI : probabilité d’infection, c’est à dire probabilité qu’un individu sain devienne infecté s’il a au moins un voisin infecté.

-fr : nom du fichier de sortie contenant une trace de la propagation de la maladie à la fin de la simulation.

*Exemple de ligne de commande fonctionnelle :*

./projet -topo 1 -nb 10 -nbi 2 -dm 10 -td 3 -tg 5 -probaI 0.9 -fr resultats.txt

**Topologie 2 : Anneau**

Les paramètres attendus sont :

-topo : la topologie, ici égale à 2 pour l’anneau.

-nb : le nombre d’individus dans la simulation.

-nbi : le nombre d'infectés au départ.

-i : l’identifiant d’un individu infecté (ce paramètre peut être utilisé plusieurs fois).

-dm : le nombre d’étapes avant la fin de la simulation.

-td : le nombre d’étape avant la désimmunisation, c’est à dire avant qu’un individu résistant redevienne sain.

-tg : le nombre d’étape avant la guérison, c’est à dire avant qu’un individu infecté devienne résistant.

-probaI : probabilité d’infection, c’est à dire probabilité qu’un individu sain devienne infecté s’il a au moins un voisin infecté.

-fr : nom du fichier de sortie contenant une trace de la propagation de la maladie à la fin de la simulation.

*Exemple de ligne de commande fonctionnelle :*

./projet -topo 2 -nb 10 -nbi 2 -dm 10 -td 3 -tg 5 -probaI 0.9 -fr resultats.txt

**Topologie 3 : Erdos-Rényi**

Les paramètres attendus sont :

-topo : la topologie, ici égale à 3 pour Erdos-Rényi.

-nb : le nombre d’individus dans la simulation.

-nbi : le nombre d'infectés au départ.

-i : l’identifiant d’un individu infecté (ce paramètre peut être utilisé plusieurs fois).

-dm : le nombre d’étapes avant la fin de la simulation.

-td : le nombre d’étape avant la désimmunisation, c’est à dire avant qu’un individu résistant redevienne sain.

-tg : le nombre d’étape avant la guérison, c’est à dire avant qu’un individu infecté devienne résistant.

-probaI : probabilité d’infection, c’est à dire probabilité qu’un individu sain devienne infecté s’il a au moins un voisin infecté.

-fr : nom du fichier de sortie contenant une trace de la propagation de la maladie à la fin de la simulation.

-p : probabilité qu’il existe un lien de voisinage entre deux individus.

-fs : nom du fichier de sortie contenant la liste des liens de voisinage, au format Stanford.

*Exemple de ligne de commande fonctionnelle :*

./projet -topo 3 -nb 10 -nbi 2 -dm 10 -td 3 -tg 5 -probaI 0.9 -fr resultats.txt -p 0.5 -fs resultatsStanford.txt

**Topologie 4 : Fichier d’entrée au format Stanford**

Les paramètres attendus sont :

-topo : la topologie, ici égale à 4 pour la lecture de fichier au format Stanford.

-fe : nom de fichier d’entrée contenant la liste des liens de voisinage, au format Stanford .

-nbi : le nombre d'infectés au départ.

-i : l’identifiant d’un individu infecté (ce paramètre peut être utilisé plusieurs fois).

-dm : le nombre d’étapes avant la fin de la simulation.

-td : le nombre d’étape avant la désimmunisation, c’est à dire avant qu’un individu résistant redevienne sain.

-tg : le nombre d’étape avant la guérison, c’est à dire avant qu’un individu infecté devienne résistant.

-probaI : probabilité d’infection, c’est à dire probabilité qu’un individu sain devienne infecté s’il a au moins un voisin infecté.

-fr : nom du fichier de sortie contenant une trace de la propagation de la maladie à la fin de la simulation.

*Exemple de ligne de commande fonctionnelle :*

./projet -topo 4 -fe facebook\_combined.txt -nbi 300 -dm 10 -td 3 -tg 5 -probaI 0.9 -fr resultats.txt

**Topologie 5 : Prairie aléatoire**

Les paramètres attendus sont :

-topo : la topologie, ici égale à 5 pour la prairie aléatoire.

-nb : le nombre d’individus dans la simulation.

-nbi : le nombre d'infectés au départ.

-i : l’identifiant d’un individu infecté (ce paramètre peut être utilisé plusieurs fois).

-dm : le nombre d’étapes avant la fin de la simulation.

-td : le nombre d’étape avant la désimmunisation, c’est à dire avant qu’un individu résistant redevienne sain.

-tg : le nombre d’étape avant la guérison, c’est à dire avant qu’un individu infecté devienne résistant.

-probaI : probabilité d’infection, c’est à dire probabilité qu’un individu sain devienne infecté s’il a au moins un voisin infecté.

-fr : nom du fichier de sortie contenant une trace de la propagation de la maladie à la fin de la simulation.

-c : la taille du côté de la prairie.

-rmin : la borne minimale de l’intervalle de rayon de voisinage aléatoire de chaque individu.

-rmax : la borne maximale de l’intervalle de rayon de voisinage aléatoire de chaque individu.

-fs : nom du fichier de sortie contenant la liste des liens de voisinage, au format Stanford.

*Exemple de ligne de commande fonctionnelle :*

./projet -topo 5 -nb 10 -nbi 2 -dm 10 -td 3 -tg 5 -probaI 0.9 -fr resultats.txt -c 15 -rmax 10 -rmin 1 -fs resultatsStanford.txt

**Topologie 6 : Watts-Strogatz**

Les paramètres attendus sont :

-topo : la topologie, ici égale à 6 pour Watts-Strogatz.

-nb : le nombre d’individus dans la simulation.

-nbi : le nombre d'infectés au départ.

-i : l’identifiant d’un individu infecté (ce paramètre peut être utilisé plusieurs fois).

-dm : le nombre d’étapes avant la fin de la simulation.

-td : le nombre d’étape avant la désimmunisation, c’est à dire avant qu’un individu résistant redevienne sain.

-tg : le nombre d’étape avant la guérison, c’est à dire avant qu’un individu infecté devienne résistant.

-probaI : probabilité d’infection, c’est à dire probabilité qu’un individu sain devienne infecté s’il a au moins un voisin infecté.

-fr : nom du fichier de sortie contenant une trace de la propagation de la maladie à la fin de la simulation.

-p : probabilité de rebranchement d’un lien de voisinage

-k : nombre de tours de rebranchement

-fs : nom du fichier de sortie contenant la liste des liens de voisinage, au format Stanford.

*Exemple de ligne de commande fonctionnelle :*

./projet -topo 6 -nb 10 -nbi 2 -dm 10 -td 3 -tg 5 -probaI 0.9 -fr resultats.txt -p 0.5 -k 2 -fs*resultatsStanford.txt*

**III/ Exemples de simulations**

**Simulation à l’aide du modèle de lecture de fichier stanford**

Ligne de commande utilsée : *./projet -topo 4 -fe facebook\_combined.txt -nbi 10 -dm 20 -td 7 -tg 7 -probaI 0.9 -fr resultats.txt*

Résultats obtenus :

*Nombre de tours effectues : 20*

*Nombre d'individus infectes : 1272*

*Nombre d'individus sains : 2561*

*Nombre d'individus résistants :205*

*Nombre d'individus total : 4038*

*Nombre de contamination : 8577*

*Taux de maladie : 31.50 %*

*Nombre moyen de voisins : 43.70*

Nous pouvons observer que malgré le nombre d’infectés inital peu élevé (10 individus), le pourcentage de malade final est de plus de 30 %. Ily a finalement 1272 infectés sur un total de 4038 individus. Cela s’explique par la forte probabilité d’être infecté : 0.9.

**Simulation à l’aide du modèle de prairie aléatoire**

Ligne de commande utilsée : *./projet -topo 5 -nb 10 -nbi 2 -dm 10 -td 3 -tg 5 -probaI 0.9 -fr resultats.txt -c 20 -rmax 5 -rmin 1 -fs resultatsStanford.txt*

Résultats obtenus :

*Nombre de tours effectues : 10*

*Nombre d'individus infectes : 5*

*Nombre d'individus sains : 5*

*Nombre d'individus résistants :0*

*Nombre d'individus total : 10*

*Nombre de contamination : 11*

*Taux de maladie : 50.00 %*

*Nombre moyen de voisins : 2.00*

Nous pouvons observer que le nombre moyen de voisin est peu élevé (2.0). Cela s’explique par les grandes dimensions de la prairie et l'intervalle de rayon très réduit (entre 1 et 5). Néanmoins, le taux de maladie final est de 50% avec 11 contaminations observées pour 10 individus. Certains individus ont été malades à plusieurs reprises.

**Simulation à l’aide du modèle Small World**

Ligne de commande utilsée : *./projet -topo 6 -nb 100 -nbi 2 -dm 10 -td 3 -tg 5 -probaI 0.9 -fr resultats.txt -p 0.5 -k 2 -fs resultatsStanford.txt*

Résultats obtenus :

*Nombre de tours effectues : 10*

*Nombre d'individus infectes : 3*

*Nombre d'individus sains : 94*

*Nombre d'individus résistants :3*

*Nombre d'individus total : 100*

*Nombre de contamination : 102*

*Taux de maladie : 3.00 %*

*Nombre moyen de voisins : 4.00*

Dans ces conditions, le nombre moyen de voisin est de 4, ce qui est cohérent puisque cela correspond à 2 \* k, avec k = 2. Avec 2 malades et une probabilité d’infection élevée de 0.9, le nombre total de contamination est élevée. Néanmoins, à la fin de la simulation, seulement 3 individus sur 100 sont infectés.