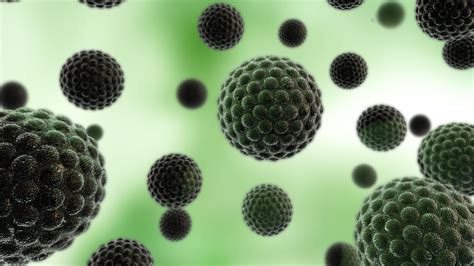


**RAPPORT**



BENYAHIA Samy

CAPITANIO Alexis

TOURE Momar Faly

2017-2018

1RE01 ARE DYNAMIC

SOMMAIRE

1. Introduction
2. Problématique
3. Modèle SIR à l’échelle mondiale
4. Présentation du modèle
5. Etude des paramètres
6. Visualisation : Cartographie
7. Modèle à échelle réduite
8. Présentation du modèle
9. Etude des paramètres
10. Visualisation
11. Bilan
12. Introduction :

Chaque année, à travers les infos, on subit les perpétuels reportages concernant la grippe. **En France**, la grippe touche chaque année entre 2 et 8 millions de personnes selon le [Groupe d’expertise et d’information sur la grippe](http://www.grippe-geig.com/) et provoque entre 1500 et 2000 morts, essentiellement chez les personnes **de plus de 65 ans**.On se rend compte qu’il ne s’agit pas d’un épiphénomène comme on peut le croire à priori. Etant donné que l’on peut s’accorder sur le fait que, grâce au progrès de la médecine, à l’amélioration des conditions de vie et aux campagnes de prévention, on peut constater le recul du nombre de maladies aiguës et du taux d’infectés en baisse, on peut se poser la question à savoir : comment se fait-il que la grippe persiste et est saisonnière ?

1. Problématique :

Après quelques recherches et une concertation il était maintenant clair pour nous que cela avais un lien avec les comportements humains. Quelle est l’influence des comportements humains face à une épidémie ?

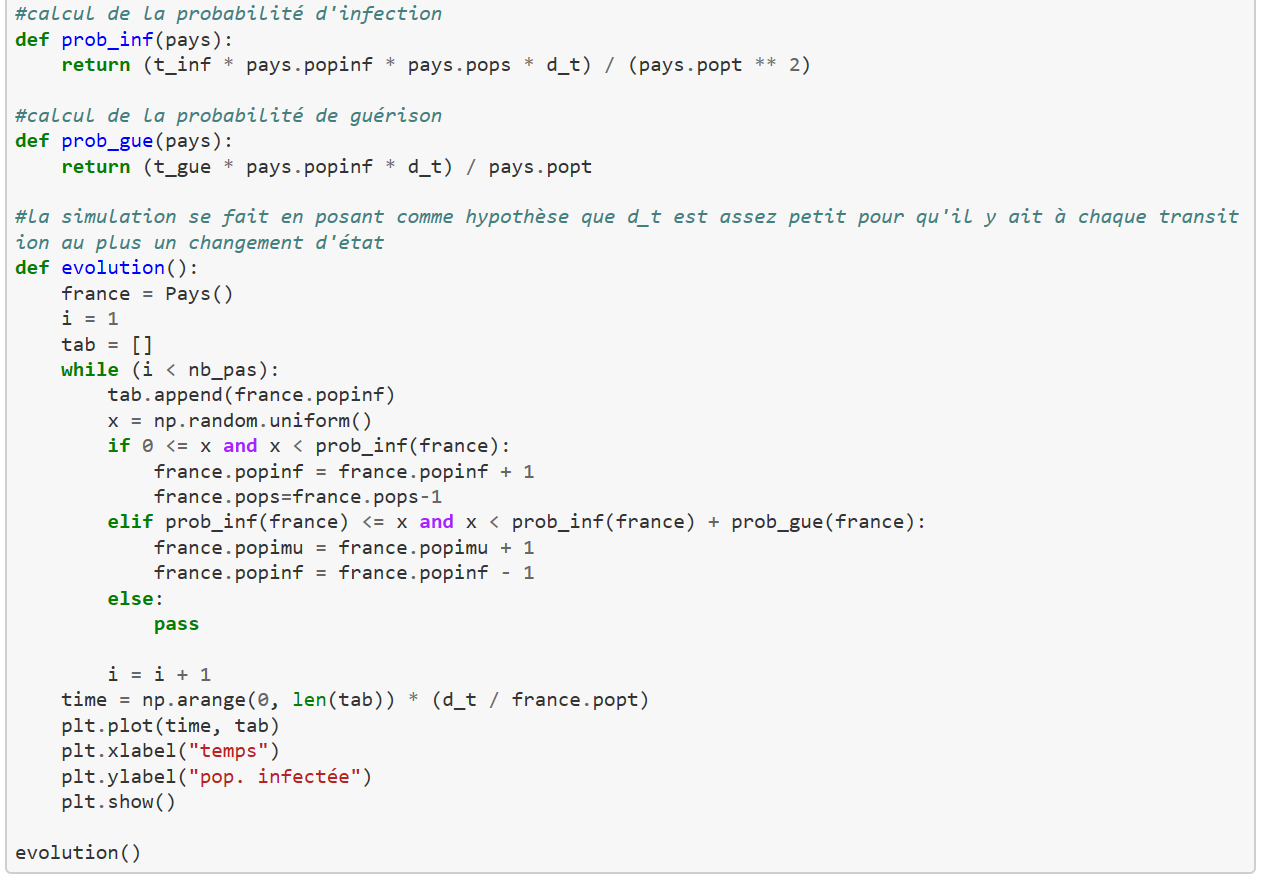
En essayant de répondre à cette question nous allons décliner selon les modèles suivants.

1. Modèle SIR :

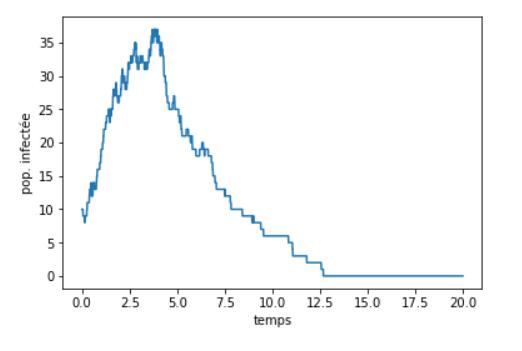
Pour notre premier modèle nous voulions une visualisation global, donc à l’échelle mondial. Pour cela, nous nous sommes inspirés d’un modèle née de la réunions du modèle mathématiques des maladies infectieuses ( d’abord utilisé pour le SIDA ) et des modèles compartimentaux ; le modèle SIR.

Il commence par répartir la population en trois classes. La première est constitué des individus sains ( S ) qui peuvent être contaminer et passer dans la secondes classe, les individus infectés ( I ). Enfin, les personnes malades peuvent guérir pour passer dans la dernière classes, les individus immunisés ( R ). A l’origine la classe R étais pour les personnes décédés mais nous avons associé cette classes à l’immunisation aussi puisque les personne rétablie on très peu de chance de développer la maladie une seconde fois. Il n’est possible de réaliser qu’une seul transition par pas de temps. Ces transitions étant définis dans une matrice de transition avec des probabilités associées.

Bien que ce modèle soit très intéressant il comporte un défaut majeur. Il n’est absolument pas adapté à des populations supérieures à 100 individus. Pour résoudre ce problèmes il faut alors modifiés le pas de temps. Pour un pas de temps (d\_t) donné, il faut alors le divisé par la population total.



Après quelques essais fructueux un second gros problème est alors apparu. Ce code est beaucoup trop lent, quelques secondes pour une centaine d’individus et quelques minutes plusieurs milliers. Pour une visualisation mondial à sept milliard d’individus cela serais beaucoup trop long, sans compter que les échanges entres les pays n’avaient pas encore été implémentés.

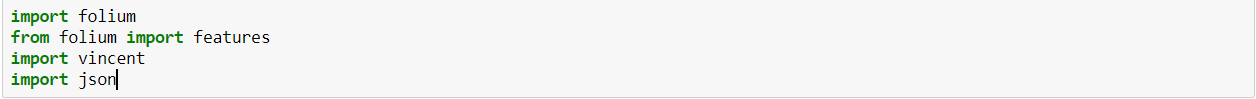


Les paramètres :

En dehors de ce problème de temps, avec ce code il est possible d’accéder à différentes variables au court du temps tel que : la population immunisé, la population saine et la population infectée.

En ce qui concerne les paramètres, ils sont lu a partir d’un dossier csv qui contient les information nécessaires tel que le nom et la population du pays. Pour réguler la virulence du virus nous avons créé une colonne supplémentaire où est attribuée une note sur 10. Pour la calculé nous avons pris comme référence la France avec les chiffres de l’OMS et sont IDH ; puis nous avons comparé avec les autres pays afin de créer une échelle. Les pays les mieux notées se verront alors associer un taux d’infection plus faible et un taux de rémission plus élevé.

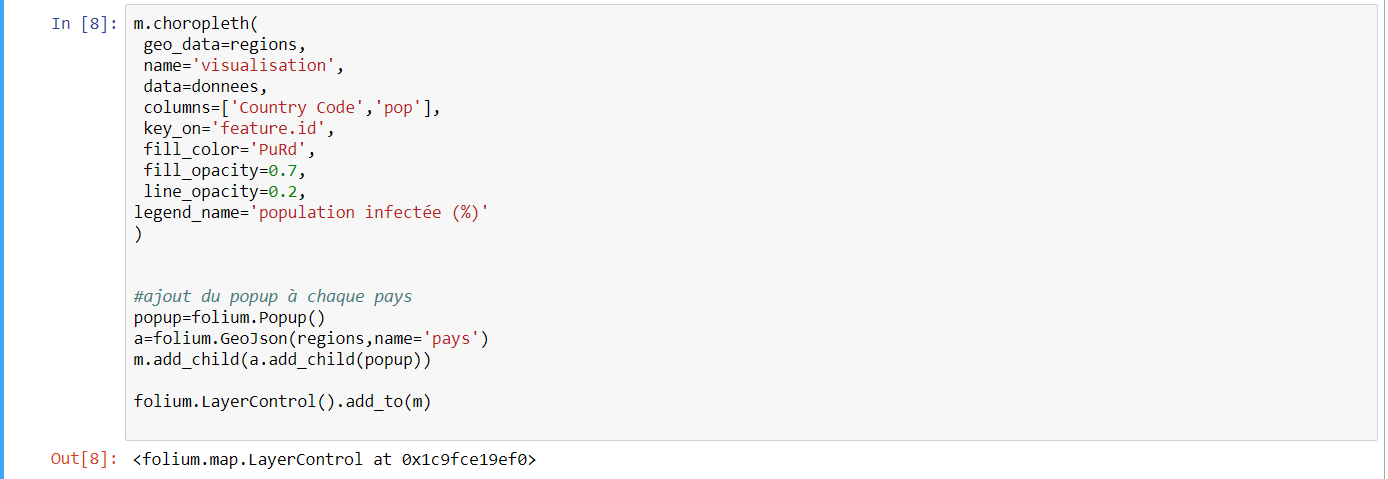
Etant donné qu’il s’agit d’une étude au niveau mondial, les résultats obtenus seraient plus parlant si leur représentation se faisait sous forme de carte. Ainsi, on a utilisé la bibliothèque folium qui est une bibliothèque open-source.



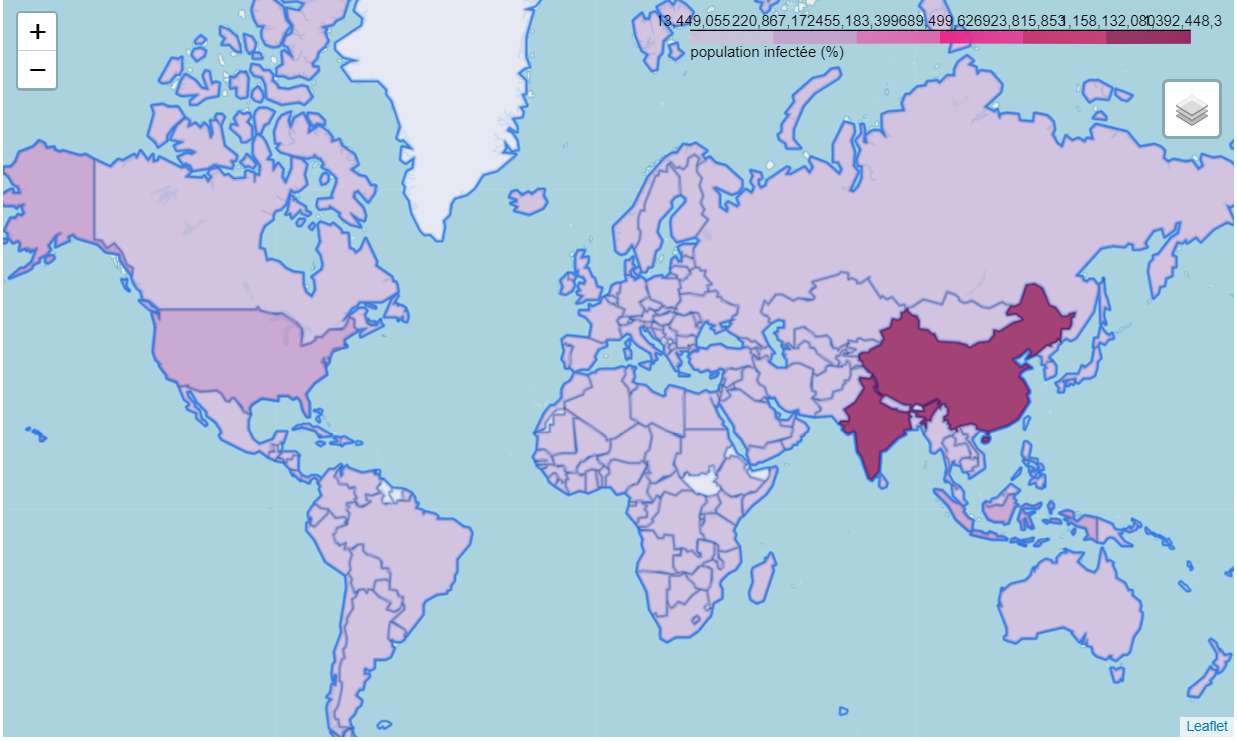


Ces données correspondraient à la population infectée après un certain temps de simulation



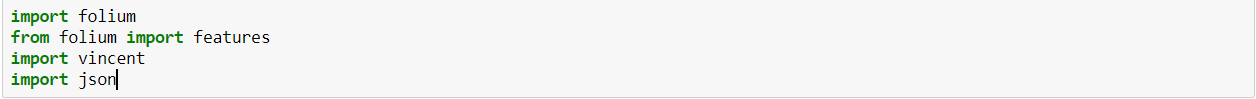


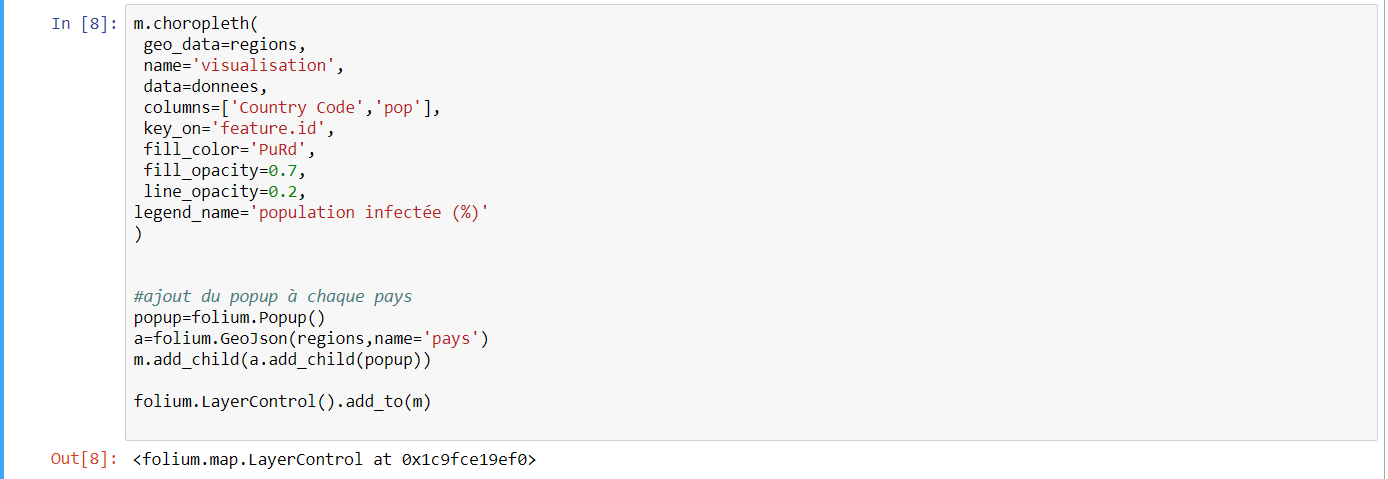
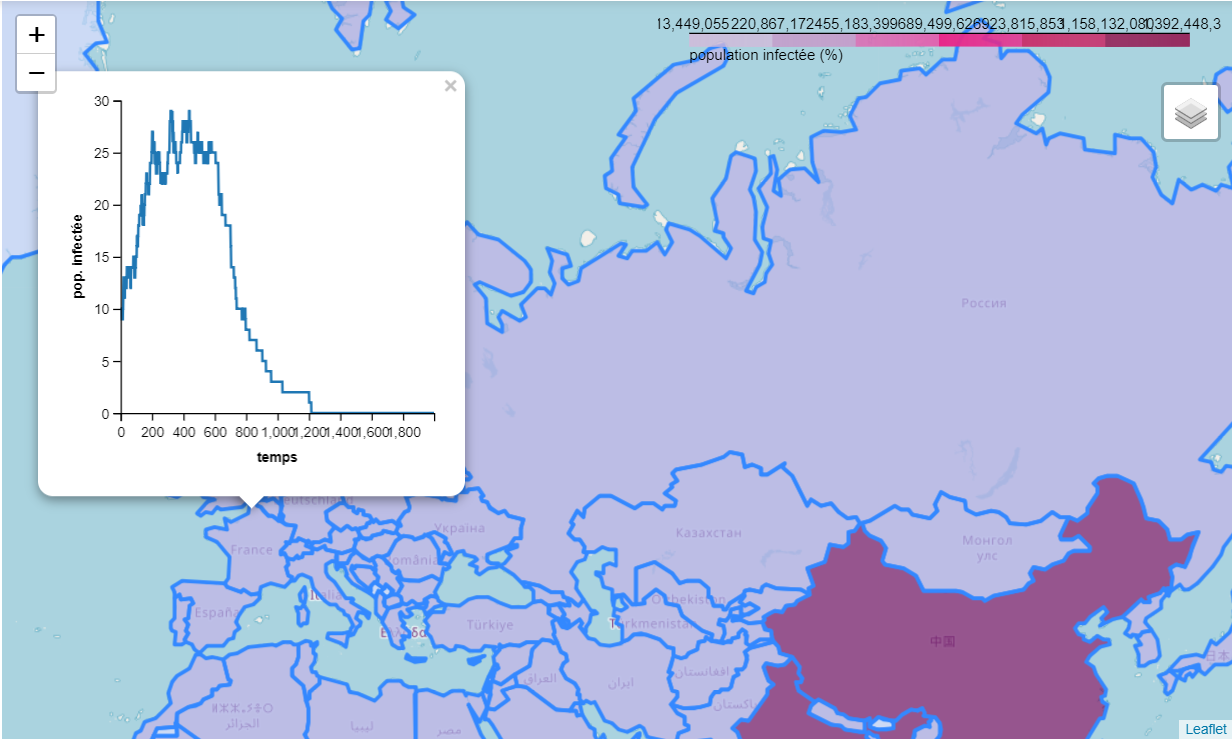
La carte est de type choroplèthe et permettrait la mise en évidence, sur une échelle jaugée, du pourcentage de la population infectée pour chaque pays.



Puisqu’on a pas pu obtenir les résultats attendus à cause des contraintes précédemment évoquées, cette capture d’écran illustre le même principe en affectant une couleur à chaque pays, suivant sa population.

Après la représentation des populations infectée en fonction des pays, on a jugé important de pouvoir, pour chaque pays, afficher l’évolution de cette dernière au cours du temps. Ainsi, nous avons utilisé des popups. D’où l’utilisation des bibliothèques vincent et json.





Ainsi, on aurait pu obtenir, pour chaque pays l’évolution de la population infectée pendant le temps voulu.