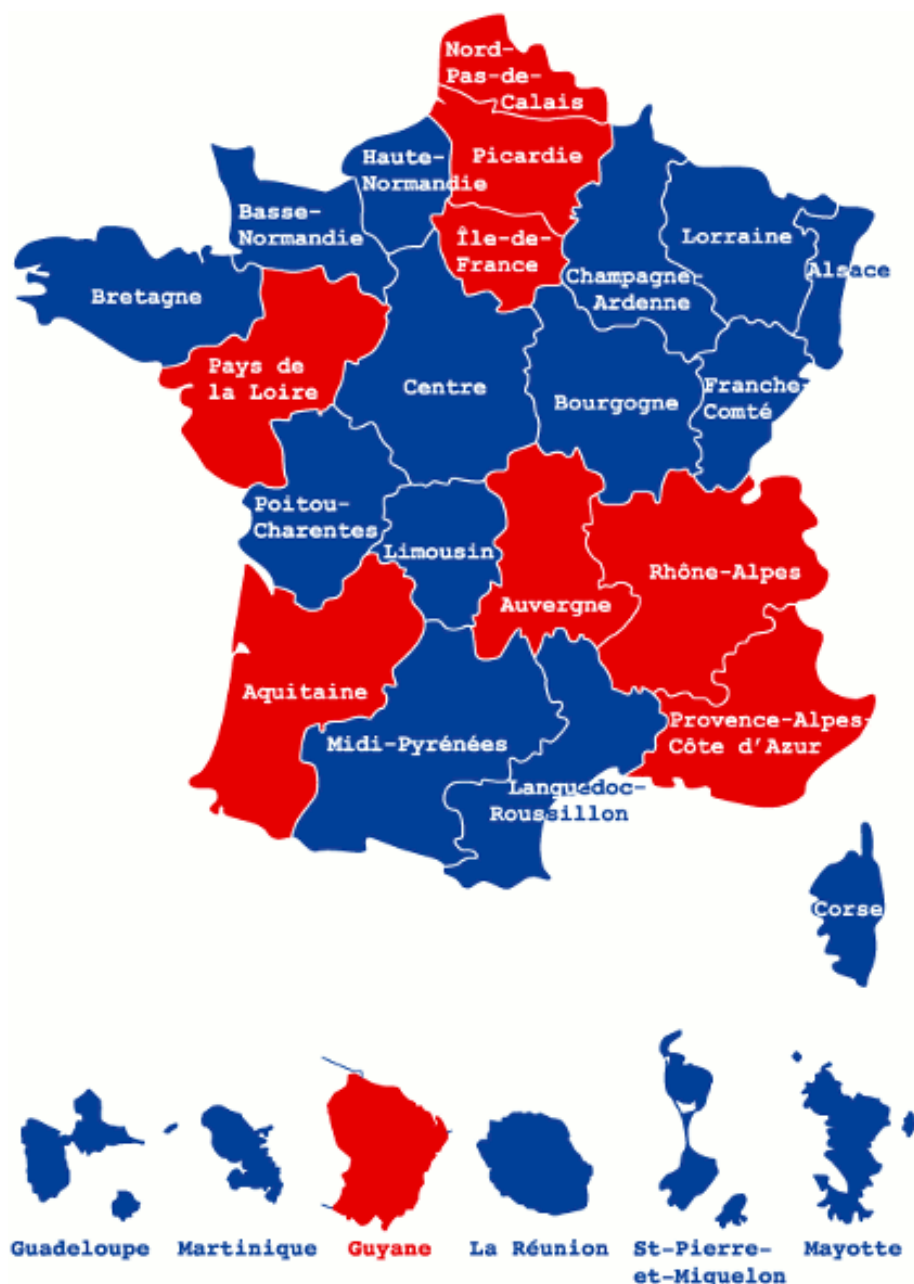


LA PROPAGATION DU SIDA EN FRANCE PAR LES RAPPORTS SEXUELS



Résumé du programme (Français) (rédigé par Manon, relu par Sophia):

Nous avons pour but de produire un programme capable de simuler la propagation du sida en France.

Notre modélisation se base sur des données réelles de l'évolution du sida en France.

La méthode fut la suivante : nous avons créer une matrice de la population Française en y incluant : le sexe de la personne (femme ou homme), son orientation sexuelle (hétérosexuel ou homosexuel), sa région (France métropolitaine et outre-mer), son infection au sida (infecté ou non infecté). Par la suite, dans cette population, nous allons effectuer des rencontres.

À la suite de ces rencontres, nous allons étudier : la compatibilité entre les deux individus, si oui : un rapport sexuel a-t-il lieu, si oui : est ce un rapport protégé ou non, si oui : y a t-il transmission du sida, en fonction de nos paramètres.

Nous allons ensuite regarder la matrice de la France, qui a désormais changé.

Les résultats marquant sont qu'on observe très peu de transmission du sida.

Programm summary:

Our purpose was to produce a program capable of feigning the distribution of the AIDS in France.

Our modelling bases itself on real data of the evolution of the AIDS in France.

The method was the following one: we have to create a matrix of the French population by including there: the sex of the person (woman or man), his sexual orientation (heterosexual or homosexual), his region (metropolitan France and overseas), its infection in the AIDS (infected or not infected).

Afterward, in this population, we are going to make meetings.

Further to these meetings, we are going to study: the compatibility between both individuals, if yes: a sexual intercourse takes place, if yes: a protected report or not, if yes is it: there is transmission of the AIDS, according to our parameters.

We then go and look at the matrix of France, which changed from now on. The marking results(profits) are that we observe little transmission of the AIDS.

Introduction (rédigé par Sophia, relu par Alice) :

Le syndrome d'immunodéficience acquise, SIDA, est un ensemble de symptômes consécutifs à la destruction de cellules du système immunitaire par le virus de l'immunodéficience humaine (VIH).

Nous formons un groupe de quatre : AFERIAT Sophia, BENBOUAZZA Alex, GOVART Alice, RAMAHERISON Manon. Ensemble, nous nous sommes intéressés à la problématique suivante : comment se propage le sida (VIH) en France ?

Il existe trois modes de transmission du VIH, nous avons décidé de nous concentrer sur la voie sexuelle qui est le principal moyen de contagion.

Par ailleurs, nous n'avons pris en compte ni les rapports entre deux femmes car la transmission du VIH est plus rare que pour les autres rapports, ni la mort des individus infectés.

Notre rapport se divise en deux parties :

- I. Les notions fondamentales du travail
- II. La répartition des tâches et la description des travaux réalisés

I. **Notions fondamentales** (rédigé par Alice, relu par Alex)

Notre travail est composé de plusieurs notions fondamentales que nous allons décrire dans cette partie.

Tout d'abord, notre programme est composé d'une matrice qui représente la population totale en France (France métropolitaine et Outre-mer). Cette matrice décrit chaque individu selon certains critères que nous décrirons dans la partie suivante.

Ensuite, le deuxième élément fondamental est la fonction SIDA qui permet de voir s'il y a transmission du sida pendant le rapport ou non en fonction des critères précédents le rapport.

Pour terminer, notre troisième et dernier élément fondamental est la fonction simulation.

Ce programme nous permet d'observer la matrice de départ modifiée après que des rapports sexuels aient eu lieu.

II. La répartition du travail

- 1) Le travail de Manon RAMAHERISON et Alice GOVART (rédigé et relu par elles même)

Nous nous sommes occupées de la matrice de la France.

Cette matrice regroupe l'ensemble des habitants de France qui sont définis par certains paramètres :

- le genre de l'individu : femme ou homme
- l'orientation sexuelle : hétérosexuel ou homosexuel
- la région
- l'infection au sida : infecté ou non infecté

Pour définir le genre de l'individu, nous avons utilisé la fonction suivante : 'np.random.randint(2)'.

Il nous a permis d'obtenir aléatoirement le genre de chaque individu.

Pour définir l'orientation sexuelle de l'individu, nous avons utilisé 'np.random.random()<C' où C représente le pourcentage de gay en France.

Pour définir la région de chaque individu, nous avons créé une liste de tuples tel que :

```
L = [ ('Haut de France', 0.09), ('Grand Est', 0.08), ('Normandie', 0.05), ('Bretagne', 0.05), ('Pays de la Loire', 0.06), ('Centre Val de Loire', 0.04), ('IDF', 0.18), ('Bourgogne Franche Comté', 0.04), ('Nouvelle Aquitaine', 0.09), ('Auvergne Rhone Alpes', 0.12), ('Occitanie', 0.09), ('Provence Alpes Cotes d Azur', 0.07), ('Corse', 0.01), ('Guadeloupe', 0.01), ('Martinique', 0.01), ('Guyane', 0.01), ('Reunion', 0.01), ('Mayotte', 0.01) ]
```

La fonction provenance permet d'attribuer une région à un individu dans la matrice en fonction d'une probabilité

```
def provenance (L) :  
    e=0  
    i,j=L[e]  
    s=j  
    p = np.random.random()  
  
    while p> s:  
        e=e+1  
        s = s +L[e][1]  
    return L[e][0]
```

Enfin, pour finir nous avons étudié l'infection des individus en vérifiant à l'état initial si l'individu est infecté ou non. Pour cela, on utilise 'np.random.random' un nombre choisi aléatoirement, et S la probabilité qu'une personne soit infectée du SIDA en France.

- 2) Le travail de Sophia AFERIAT (rédigé par elle-même, relu par Alex)

J'ai travaillé sur mise en fonction des paramètres.

Tout d'abord, la fonction compatibilité permet de vérifier si deux personnes sont compatibles.

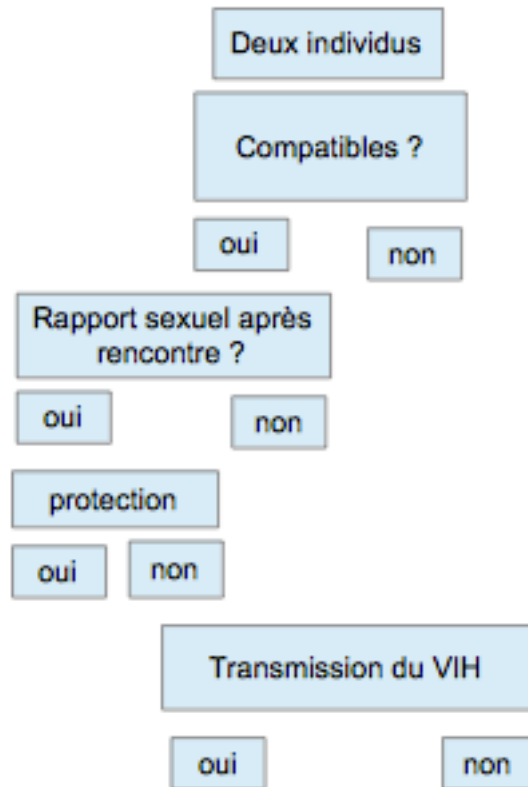
Pour cela, on observe le genre et l'orientation sexuelle de deux individus sélectionnés aléatoirement, on observe alors s'ils sont compatibles ou non.

Ensuite, on utilise la fonction rapport_sexuel permettant de vérifier si les deux

personnes proviennent de la même région et en fonction de la probabilité que deux personnes aient un rapport sexuel après une rencontre.

Puis, on a recourt à la fonction protection qui permet de vérifier si le rapport est protégé ou non en fonction de la probabilité attribuée.

Enfin, j'ai participé à la réalisation de la fonction permettant de vérifier s'il y a transmission du sida en fonction des résultats obtenus aux fonctions précédentes.



3) Le travail de Alex BENBOUAZZA (rédigé par lui-même et relu par Sophia)

J'ai réalisé à l'aide de Sophia AFERIAT la fonction SIDA qui permet de vérifier s'il y a transmission du sida ou non en fonction des résultats obtenus aux fonctions précédentes : les deux individus pris au hasard sont ils compatibles, y a-t-il rencontre puis rapport sexuel, le rapport est protégé ou non, un des individus est-il infecté, le virus est-il transmis.

```
def sida(a,b,Prs,RAR,RI,RVR,newstate):

    print(a,b)
    protege = protection(a,b,Prs,Prp,newstate)

    (ya,zb,_,d) = a
    (e,f,_,h) = b

    if protege == 'rapport non protégé':
        print("non protégé")

    if (ya,zb,_,d) == (1,False,_, 'infecté') and (e,f,_,h) == (0,False,_, 'non infecté'):
        s = random.random()
        print('r')
        if s <= RVR:
            newstate[ligne_d] = np.array([0, False,_, 'infecté'], dtype=object)
            return newstate
            # 'femme infectée'
    elif (ya,zb,_,d) == (1,False,_, 'non infecté') and (e,f,_,h) == (0,False,_, 'infecté'):
        s1 = random.random()
        print('r')
        print(s1)
        if s1 <= RI:
            newstate[ligne_c] = np.array([1, False,_, 'infecté'], dtype=object)
            return newstate
            # 'homme infecté'
        print(newstate[ligne_a])

    elif (ya,zb,_,d) == (0,False,_, 'infecté') and (e,f,_,h) == (1,False,_, 'non infecté'):
        s2 = random.random()
        print('r')
```

```

elif (ya,zb,_,d) ==(0,False,_, 'non infecté') and (e,f,_,h)==(1,False,_, 'infecté'):
    s3 = random.random()
    print('r')
    if s3 <= RVR:
        newstate[ligne_c]= np.array([0, False,_, 'infecté'], dtype=object)
        return newstate
        #femme infectée'
elif (ya,zb,_,d) ==(1,True,_, 'infecté') and (e,f,_,h)==(1,True,_, 'non infecté'):
    s4 = random.random()
    print('r')
    if s4 <= 0.5:
        if s4<=RI:
            newstate[ligne_d]= np.array([1, True,_, 'infecté'], dtype=object)
            return newstate
    elif s4>0.5:
        if s4>RAR:
            newstate[ligne_d]= np.array([1, True,_, 'infecté'], dtype=object)
            return newstate
elif (ya,zb,_,d) ==(1,True,_, 'non infecté') and (e,f,_,h)==(1,True,_, 'infecté'):
    s5 = random.random()
    print('r')
    if s5 <= 0.5:
        if s5<=RI:
            newstate[ligne_c]= np.array([1, True,_, 'infecté'], dtype=object)
            return newstate
    elif s5>0.5:
        if s5>RAR:
            newstate[ligne_c]= np.array([1, True,_, 'infecté'], dtype=object)
            return newstate

```

Enfin, la fonction simulation, qui est un programme simulateur de la dynamique de propagation du sida au sein de la population représentée par la matrice.

```

def simulation(nb,newstate):
    i = 0

    while i<= nb :
        ligne_c=np.random.randint(N)
        a=(newstate[ligne_c])
        ligne_d=np.random.randint(N)
        b=(newstate[ligne_d])
        print(a,b)
        protege = protection(a,b,Prs,Prp,newstate)

        (ya,zb,_,d) = a
        (e,f,_,h) = b

        if protege == 'rapport non protégé':
            print("non protégé")

        if (ya,zb,_,d) ==(1,False,_, 'infecté') and (e,f,_,h)==(0,False,_, 'non infecté'):
            s = random.random()
            print('r')
            if s <= RVR:
                newstate[ligne_d]= np.array([0, False,_, 'infecté'], dtype=object)
                return newstate
                #femme infectée'
        elif (ya,zb,_,d)==(1,False,_, 'non infecté') and (e,f,_,h)==(0,False,_, 'infecté'):
            s1 = random.random()
            print('r')
            print(s1)
            if s1 <= RI:
                newstate[ligne_c]= np.array([1, False,_, 'infecté'], dtype=object)
                return newstate
                print(newstate[ligne_a])
                #'homme infecté'

        elif (ya,zb,_,d) ==(0,False,_, 'infecté') and (e,f,_,h)==(1,False,_, 'non infecté'):
            s2 = random.random()
            print(newstate[5])
            if s2 <= RI:
                newstate[ligne_d]= np.array([1, False,_, 'infecté'], dtype=object)
                return newstate
                #'homme infecté'

```

```

elif (ya,zb,_,d) ==(0,False,_, 'non infecté') and (e,f,_,h)==(1,False,_, 'infecté'):
    s3 = random.random()
    print('r')
    if s3 <= RVR:
        newstate[ligne_c]= np.array([0, False,_, 'infecté'], dtype=object)
        return newstate
        #femme infectée
elif (ya,zb,_,d) ==(1,True,_, 'infecté') and (e,f,_,h)==(1,True,_, 'non infecté'):
    s4 = random.random()
    print('r')
    if s4 <= 0.5:
        if s4<=RI:
            newstate[ligne_d]= np.array([1, True,_, 'infecté'], dtype=object)
            return newstate
        elif s4>0.5:
            if s4>RAR:
                newstate[ligne_d]= np.array([1, True,_, 'infecté'], dtype=object)
                return newstate
    elif (ya,zb,_,d) ==(1,True,_, 'non infecté') and (e,f,_,h)==(1,True,_, 'infecté'):
    s5 = random.random()
    print('r')
    if s5 <= 0.5:
        if s5<=RI:
            newstate[ligne_c]= np.array([1, True,_, 'infecté'], dtype=object)
            return newstate
        elif s5>0.5:
            if s5>RAR:
                newstate[ligne_c]= np.array([1, True,_, 'infecté'], dtype=object)
                return newstate

i+=1
return newstate

```

Pour terminer, nous avons réalisé des graphiques en faisant varier les paramètres.

CONCLUSION (rédigé par Alex, relu par Manon) :

Pour conclure nous avons réussi à produire un programme capable de simuler la propagation du SIDA en France selon nos paramètres.

Avec les paramètres des données réelles, la propagation du sida est assez faible par rapport au nombre d'habitants de la population française.

Cela reflète bien la réalité en France.

Nous avons acquis de nombreuses compétences en programmation : nous avons appris sur Python à créer une matrice, la manipuler.

Nous avons aussi appris à utiliser des probabilités sur Python grâce à numpy.

Enfin, nous avons expérimenté la création de graphique.

Etude de l'environnement → En France, selon les différentes régions		
On caractérise les régions de France par le pourcentage de d'habitants dans la région par rapport à la population nationale		
	Type	Valeur initial (fixe)
de France	Float [0 ; 100]	9
d Est		8
nandie		5
igne		5
de La Loire		6
re Val de Loire		4
		18
gogne Franche		4
pté		
relle Aquitaine		9
rgne Rhône Alpes		12
lanie		9
ence Alpes Côte		7
ir		
e		1
leloupe		1
inique		1
une		1
tion		1
otte		1

Liste des Agents			
Nom	Rôle	actions	Attributs caractéristiques
Homme hétérosexuel			(1, False) Type de rapport possible : RI Probabilité de transmettre le sida par le RI: 0,0006
			(0, False) Type de rapport possible : RVR RAR Probabilité de transmettre le sida par le RVR: 0,0015
Femme hétérosexuel	Étude de son infection après une ou plusieurs rencontres-§	- rencontre avec des gens de sa région - rapport sexuel ou non - rapport protégé ou non - infecter/être infecté ou non	Probabilité de transmettre le sida par le RAR: 0,015 Probabilité de transmettre le sida par le RAR: 0,015
			(1, True) Type de rapport possible : RAR RI Probabilité de transmettre le sida par le RAR: 0,015
Homme homosexuel			Probabilité de transmettre le sida par le RI: 0,0006
Femme homosexuel			(0, True) Aucun rapport étudié

Liste des Paramètres

Nom	Type	Intervalle	Valeur initial	fixe
Pourcentage de gay en France	float	0; 1	0,07	oui
Pourcentage de lesbienne en France	float	0; 1	0,01	oui
Probabilité que les deux individus aient un rapport sexuel après la rencontre	Float	0; 1	0,2	non
Probabilité que le rapport soit protégé	Float	0; 1	0,7	non
Probabilité que la femme pratique le sexe anal	Float	0; 1	0,1	oui
Probabilité de transmission du sida selon le rapport :				
RI	Float	0; 1	0	oui
RVR	Float	0; 1	0	oui
RAR	Float	0; 1	0,02	oui

Liste des Indicateurs

Nom	Type	Valeur Initiale
Pourcentage d'infectés en France (départ simulation)	Float	0,00228 (%)

Liste des Experiences|:

Le paramètre|: pourcentage de gay influe sur le nombre de relations anales entrantes (RAR).