

# Modèle épidémique SIR dans les populations structurées

Bakari Matènè Traoré

Laboratoire Analyse, Géométrie et Applications  
Institut Gallilé  
Université Paris 13 Nord

2 Avril à Aussois

# Plan

- 1 Présentation d'une épidémie SIR
- 2 Epidémie dans une population en compartiments
- 3 Epidémie dans une population avec une structure de graphe
  - Quelques notions sur le graphe
  - Epidémie sur le graphe
- 4 Simulation de quelques résultats
  - Epidémie dans la population structurée en compartiments
  - Epidémie dans la population avec une structure de graphe de configuration
  - Epidémie dans la population avec une structure de graphe d'Erdős Rényi
- 5 References

# Plan

- 1 Présentation d'une épidémie SIR
- 2 Epidémie dans une population en compartiments
- 3 Epidémie dans une population avec une structure de graphe
  - Quelques notions sur le graphe
  - Epidémie sur le graphe
- 4 Simulation de quelques résultats
  - Epidémie dans la population structurée en compartiments
  - Epidémie dans la population avec une structure de graphe de configuration
  - Epidémie dans la population avec une structure de graphe d'Erdős Rényi
- 5 References

# Plan

- 1 Présentation d'une épidémie SIR
- 2 Epidémie dans une population en compartiments
- 3 Epidémie dans une population avec une structure de graphe
  - Quelques notions sur le graphe
  - Epidémie sur le graphe
- 4 Simulation de quelques résultats
  - Epidémie dans la population structurée en compartiments
  - Epidémie dans la population avec une structure de graphe de configuration
  - Epidémie dans la population avec une structure de graphe d'Erdős Rényi
- 5 References

# Plan

- 1 Présentation d'une épidémie SIR
- 2 Epidémie dans une population en compartiments
- 3 Epidémie dans une population avec une structure de graphe
  - Quelques notions sur le graphe
  - Epidémie sur le graphe
- 4 Simulation de quelques résultats
  - Epidémie dans la population structurée en compartiments
  - Epidémie dans la population avec une structure de graphe de configuration
  - Epidémie dans la population avec une structure de graphe d'Erdős Rényi
- 5 References

# Plan

- 1 Présentation d'une épidémie SIR
- 2 Epidémie dans une population en compartiments
- 3 Epidémie dans une population avec une structure de graphe
  - Quelques notions sur le graphe
  - Epidémie sur le graphe
- 4 Simulation de quelques résultats
  - Epidémie dans la population structurée en compartiments
  - Epidémie dans la population avec une structure de graphe de configuration
  - Epidémie dans la population avec une structure de graphe d'Erdős Rényi
- 5 References

# Introduction

Le modèle épidémique SIR est l'un des modèles les plus fréquents qui s'applique sur une population fermée ou ouverte.

Elle se constitue de trois types d'individus : susceptibles **S**, infectés **I** et rémis **R**. Les tailles de ces sous-populations sont entières.

Ici dans toute la suite notre population est fermée de taille **N**. Les conditions au début de l'épidémie sont :

**$m > 0$**  individus infectés initialement et  **$R_0 = 0$**  infectés remis initialement.

On étudie la propagation d'une épidémie dans 2 cas : lorsque la population est mélangeante et lorsqu'elle est structurée par un graphe.

Dans cette présentation, quelle que soit la structure de la population :

Le taux d'infection sera noté  $\lambda > 0$ . Il pourra dépendre de  $N$ .

Le taux de rémission sera noté  $\beta > 0$ .

# Modèle SIR pour des populations mélangeantes

Chaque infecté peut contaminer chaque susceptible.  
Voici un schéma récapitulatif du mécanisme de l'épidémie.

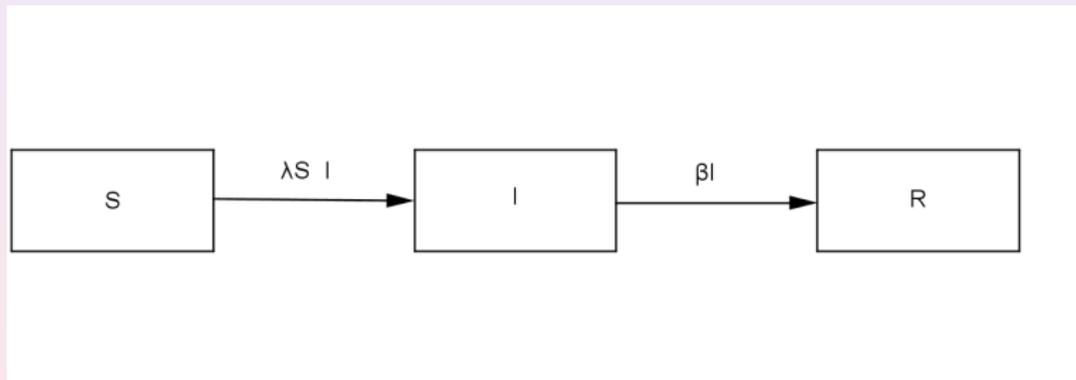


Figure : Description du mécanisme de l'épidémie

# Modèle SIR sur des graphes

Un graphe modélise les relations entre les individus pour mieux approcher l'épidémie sur la population de monde réel.

Chaque infecté ne peut contaminer que ses voisins susceptibles et cela au taux  $\lambda$ .

Chaque infecté est rémis au taux  $\beta > 0$ .

## Questions

- ★ Comment décrire l'épidémie et quelles sont les conditions sous lesquelles l'épidémie devient une pandémie (une "grande" épidémie)?
- ★ Quelle estimation pouvons nous faire de la taille et la durée de l'épidémie?
- ★ Que pouvons nous vérifier par simulation?

# Structure en compartiments

On se réfère à Andersson-Britton (2000).

La population est décrite par le vecteur  $(S_t^N, I_t^N, R_t^N)$  où  $S_t^N$ ,  $I_t^N$  et  $R_t^N$  sont respectivement le nombre de susceptibles, d'infectés et de rémis à l'instant  $t$  pour une population de taille  $N$ .

Les taux de transition sont donnés comme suit :

$$(S_t^N, I_t^N, R_t^N) \longrightarrow (S_t^N - 1, I_t^N + 1, R_t^N) \text{ au taux } \lambda^N S_t^N I_t^N$$

$$(S_t^N, I_t^N, R_t^N) \longrightarrow (S_t^N, I_t^N - 1, R_t^N + 1) \text{ au taux } \beta I_t^N$$

# Equations différentielles stochastiques

## Proposition

Le processus de Markov  $(S_t^N, I_t^N, R_t^N)$  décrivant la trajectoire de l'épidémie est l'unique solution du système définie pour  $t \in \mathbb{R}_+$  et  $(S_0^N, I_0^N), R_0^N$  variables aléatoires définies sur  $\mathbb{N}^2 - \{(0, 0)\}$  et  $\mathbb{N}$  par:

$$\begin{cases} S_t^N = S_0^N - \int_0^t \lambda^N S_s^N I_s^N ds + M_1^N(t) \\ I_t^N = I_0^N + \int_0^t (\lambda^N S_s^N - \beta) I_s^N ds + M_2^N(t) \\ R_t^N = R_0^N + \int_0^t \beta I_s^N ds + M_3^N(t) \end{cases} \quad (1)$$

# Décomposition semi-martingale

avec

$$\left\{ \begin{array}{l} \langle M_1^N \rangle_t = \int_0^t \lambda^N S_s^N I_s^N ds \\ \langle M_2^N \rangle_t = \int_0^t (\lambda^N S_s^N I_s^N + \beta I_s^N) ds \\ \langle M_3^N \rangle_t = \int_0^t \beta I_s^N ds. \end{array} \right. \quad (2)$$

# Equations différentielles stochastiques

## Proof.

La preuve de cette proposition vient du fait que  $\forall t \geq 0$  on a  $S_t^N + I_t^N + R_t^N = N < \infty$  ce qui implique existence de la solution. L'algorithme de simulation de Sylvie Méléard et de Nicolas Fournier, pour construire le processus, nous donne l'unicité de la solution partant des conditions initiales fixées.  $\square$

## Algorithme de simulation (1)

Supposons que l'épidémie ait été simulée jusqu'au  $k^{\text{ième}}$  événement ( $k \geq 0$ ), à l'instant  $T_k$  la population est  $(S_{T_k}^N, I_{T_k}^N, R_{T_k}^N)$ .

- calculer la somme des taux des événements :

$$q_k^N = q_1^N(T_k) + q_2^N(T_k) \text{ où } q_1^N(t) = \lambda^N S_t^N I_t^N, q_2^N(t) = \beta I_t^N.$$

- simuler  $\mu_k$  indépendante de distribution exponentielle de paramètre  $q_k^N$  et poser  $T_{k+1} = T_k + \mu_k$ .

- poser

$$(S_t^N, I_t^N, R_t^N) = (S_{T_k}^N, I_{T_k}^N, R_{T_k}^N)$$

pour tout  $T_k \leq t < T_{k+1}$ .

## Algorithme de simulation (2)

- simuler  $u_k$ , une Bernoulli indépendante de paramètre  $\frac{q_1^N(T_k)}{q_k^N}$ .
  - si  $u_k = 1$  : poser  $(S_{T_{k+1}}^N, I_{T_{k+1}}^N, R_{T_{k+1}}^N) = (S_{T_k}^N - 1, I_{T_k}^N + 1, R_{T_k}^N)$
  - si  $u_k = 0$  : poser  $(S_{T_{k+1}}^N, I_{T_{k+1}}^N, R_{T_{k+1}}^N) = (S_{T_k}^N, I_{T_k}^N - 1, R_{T_k}^N + 1)$ .

On obtient une suite d'événements à des instants

$T_k, T_{k+1}, T_{k+2}, \dots$ , jusqu'à un instant  $t \wedge T$  où  $T > 1$  fixé et  $I_t = 0$ .

$t \wedge T$  est la durée de l'épidémie.

# Limite en grande population (1)

Quand la taille de la population  $N$  tend vers l'infini, on considère la suite  $(S^N/N, I^N/N, R^N/N)_{N \in \mathbb{N}}$  où pour chaque  $N$ ,  $(S^N, I^N, R^N)$  est définie avec le taux  $\lambda^N = \frac{\lambda}{N}$  :

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{S_t^N}{N} = \frac{S_0^N}{N} - \frac{1}{N} \int_0^t \lambda^N S_s^N I_s^N ds + \frac{M_1^N(t)}{N} \\ \frac{I_t^N}{N} = \frac{I_0^N}{N} + \frac{1}{N} \int_0^t (\lambda^N S_s^N - \beta) I_s^N ds + \frac{M_2^N(t)}{N} \\ \frac{R_t^N}{N} = \frac{R_0^N}{N} + \frac{1}{N} \int_0^t \beta I_s^N ds + \frac{M_3^N(t)}{N} \end{array} \right. \quad (3)$$

## Limite en grande population (2)

Soit le système déterministe :

$$\begin{cases} s_t = s_0 - \int_0^t \lambda s_u i_u du \\ i_t = i_0 + \int_0^t (\lambda s_u i_u - \beta i_u) du \\ r_t = r_0 + \int_0^t \beta i_u du \end{cases} \quad (4)$$

avec  $(s_t, i_t, r_t) \in [0, 1] \times [0, 1] \times [0, 1]$ .

L'existence et l'unicité de la solution provient du théorème de Cauchy-Lipschitz car  $(s, i) \mapsto \lambda si$  et  $i \mapsto \beta i$  sont Lipschitziennes.

## Limite grande population (3)

Alors on a le résultat suivant.

### Theorem

Soit  $T > 0$ .

Si  $(\frac{S_0^N}{N}, \frac{I_0^N}{N}, \frac{R_0^N}{N})$  converge en probabilité vers  $(s_0, i_0, r_0)$  quand  $N \rightarrow \infty$ ,

alors  $(\frac{S_t^N}{N}, \frac{I_t^N}{N}, \frac{R_t^N}{N}; t \geq 0)$  converge  $\mathbb{L}^2$  et dans  $\mathbb{D}([0, T], \mathbb{R}^3)$  vers  $(s_t, i_t, r_t; t \geq 0)$  quand  $N \rightarrow \infty$ .

# Illustration de la limite de grande population

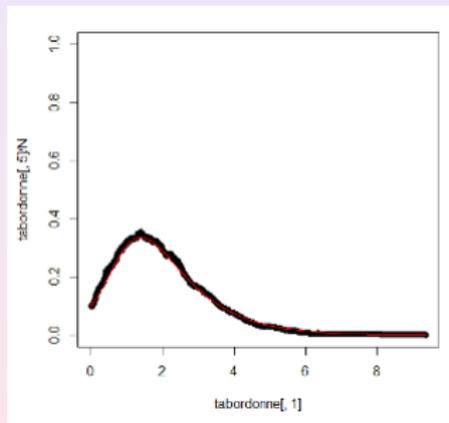


Figure : La représentations de  $\frac{i_t}{N}$  en noir et  $i_t$  en rouge

# Limite grande population et en temps long

Voici un schéma récapitulant les différentes convergences des systèmes stochastiques et déterministes:

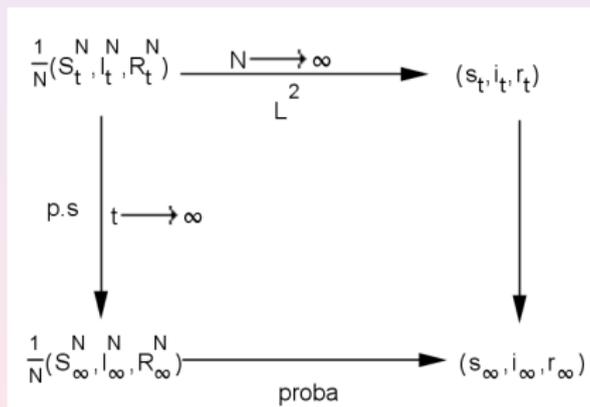


Figure : La converges des systèmes

## Taille de l'épidémie

Partant d'une condition initiale avec une fraction positive d'infectés, on dispose ainsi d'une approximation de la taille de l'épidémie, grâce à l'EDO.

Du fait que  $\forall t \geq 0 \ s_t + i_t + r_t = 1$  et de  $s_t = s_0 e^{-\frac{\lambda}{\beta} r_t}$  alors

$$i_t = 1 - s_0 e^{-\frac{\lambda}{\beta} r_t} - r_t.$$

On sait que :  $r_t$  est croissant et borné par 1 donc converge vers  $r_\infty$  et  $i_t$  converge vers 0 alors

$$r_\infty = 1 - s_0 e^{-\frac{\lambda}{\beta} r_\infty}. \quad (5)$$

$r_\infty$  est la taille finale de l'épidémie.

$R_0$  (1)

Une question importante est de savoir si l'épidémie peut atteindre une proportion positive de la population avec probabilité positive.

Pour cela on introduit le nombre de reproduction de base  $\mathcal{R}_0$  qui est le nombre moyen de susceptibles contaminés par un infecté durant sa période d'infection. Pour le modèle SIR compartimental :

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\lambda}{\beta} \quad (6)$$

## $R_0$ (2)

**Si  $\mathcal{R}_0 \leq 1$**  on est dans un régime sous-critique ou critique et il peut se produire une petite épidémie. Le nombre d'infectés est dominé par un processus de naissances et de morts qui s'éteint presque sûrement.

**Si  $\mathcal{R}_0 > 1$**  on est dans un régime sur-critique. Il peut se produire une grande épidémie. On peut coupler initialement le nombre d'infectés avec un processus de naissances et de morts sur-critique qui explose avec probabilité positive.

Pour bien comprendre les couplages avec les processus de branchement, intéressons nous aux "boucles" de l'épidémie.

## Boucles et “ghosts” (1)

Maintenant on s'intéresse au nombre d'infections et à la durée avant l'apparition du premier **ghost**, “le premier contact entre deux individus infectés.”

### Theorem

*Le nombre d'infections avant l'apparition du premier ghost est de l'ordre de  $\sqrt{N}$ . On se réfère à Britton (2009).*

Nous allons donner une idée de la preuve.

## Boucles et "ghosts" (2)

Soit  $I_0 = m$ , et  $p_k$  la probabilité que le premier ghost apparaisse après la  $k^{\text{ième}}$  infection.

$$p_1 = \frac{N - m}{N}$$

$$p_2 = \frac{N - m}{N} \times \frac{N - m - 1}{N}$$

$$\vdots$$

$$p_k = \frac{N - m}{N} \times \frac{N - m - 1}{N} \times \dots \times \frac{N - m - k + 1}{N}$$

## Boucles et "ghosts" (3)

En exploitant  $p_k$  on obtient :

$$p_k = \exp\left(-\frac{k^2}{2 \times N} + b(k, m, N)\right)$$

avec

$$|b(k, m, N)| \leq C\left(\frac{k}{N} + \frac{k^3}{N^2}\right).$$

## Boucles et “ghosts” (4)

Soient  $k_1(N)$ ,  $k_2(N)$  deux suites à valeurs dans  $\mathbb{N}$ .

Si  $\frac{k_1(N)}{\sqrt{N}} \rightarrow +\infty$  alors  $\lim_{N \rightarrow \infty} p_{k_1(N)} = 0$  ce implique

$$\lim_{N \rightarrow \infty} p(T_g > T_{k_1(N)}^N) = 0 \quad (7)$$

Si  $\frac{k_2(N)}{\sqrt{N}} \rightarrow 0$  alors

$$\lim_{N \rightarrow \infty} p_{k_2(N)} = 1 \iff \lim_{N \rightarrow \infty} p(T_g > T_{k_2(N)}^N) = 1 \quad (8)$$

Alors des équations (7) et (8)

$$\forall \xi > 0, \exists N_0, \forall N \geq N_0, p(T_{k_2(N)}^N < T_g < T_{k_1(N)}^N) \leq \xi.$$

## Couplages avec des processus de branchement

Alors en choisissant deux processus de naissances et morts  $Z^+$  et  $Z^-$  avec taux de naissance respectifs  $\lambda$  et  $(1 - \xi)\lambda$  ( $\xi > 0$ ) et de même taux de mort  $\beta$  on a :

$$Z_t^- \leq^D I_t \leq^D Z_t^+$$

" $\leq^D$  signifie stochastiquement inférieur".

D'après le corollaire 1 du chapitre 3 de Athreya Ney  $T_g$  serait de l'ordre de  $\log N$ .

# Plan

- 1 Présentation d'une épidémie SIR
- 2 Epidémie dans une population en compartiments
- 3 Epidémie dans une population avec une structure de graphe**
  - Quelques notions sur le graphe
  - Epidémie sur le graphe
- 4 Simulation de quelques résultats
  - Epidémie dans la population structurée en compartiments
  - Epidémie dans la population avec une structure de graphe de configuration
  - Epidémie dans la population avec une structure de graphe d'Erdős Rényi
- 5 References

## Modèle de configuration

Soit  $G(N, d = (d_i)_{i \in [N]})$  où  $[N] = \{1, \dots, N\}$  un graphe de configuration avec  $N$  sommets et  $(d_i)_{i \in [N]}$  suite d'entiers, avec  $\sum_{i \in [N]} d_i$  pair.

On dira que  $i \in [N]$  est voisin de  $j \in [N]$  s'il existe une arête liant  $i$  et  $j$ . Dans ce graphe, le sommet  $i$  a pour degré  $d_i$ .

Ce graphe peut comporter des auto-boucles et des arêtes multiples entre les sommets.

Ce graphe, introduit par Bollobas (1981) possède des proximités avec le graphe de configuration introduit dans les années cinquante par Erdős et Rényi.

# Graphe d'Erdős-Rényi

## Definition

Un graphe de  $N$  sommets avec une probabilité  $p$  de placer une arête entre chaque couple de sommets est appelé graphe d'Erdős-Rényi il est noté  $ER_N(p)$ .

Le degré d'un sommet suit une distribution binomiale de paramètre  $N - 1$  et  $p$ .

Si  $p = \frac{q}{N}$  avec  $q > 0$ , alors quand  $N$  est grand cette distribution converge vers la distribution de Poisson de paramètre  $q$ .

## Quelques notions sur les graphes (1)

La matrice adjacente est donnée par l'équation suivante :

$$G = (G_{i,j})_{i,j \in [N]}, \text{ où } G_{i,j} = G_{j,i} = \begin{cases} 1 & \text{si } i \text{ et } j \text{ sont liés} \\ 0 & \text{sinon} \end{cases} \quad (9)$$

le degré d'un sommet  $i$  est alors donné par :

$$k_i = \sum_{j=1}^N G_{i,j} \quad (10)$$

## Quelques notions sur les graphes (2)

Si  $v \in [N]$  on notera par  $C(v) = \{u \in [N], v, u \text{ sont liés}\}$  la composante connexe contenant  $v$  (ou groupe de  $v$ ).

Sa taille est noté  $|C(v)|$ .

La plus grande composante est celle qui a la plus grande taille,

$$|C_{\max}| = \max\{|C(v)|, v \in [N]\} \quad (11)$$

## Quelques notions sur les graphes (3)

Soient  $C_1, C_2, \dots$  tels que  $|C_1| \geq |C_2| \geq \dots$  avec Van Der Hofstad on a le resultat suivant :

### Theorem

- 1 Si  $q > 1$ ,  $C_{max} = C_1$  est la composante géante : elle est telle que  $\frac{|C_1|}{N} \xrightarrow{P} \nu > 0$  avec  $\exists k > 0, |C_2| \leq k \log N$ . Le régime est sur-critique.
- 2 Si  $q < 1$  il n'y a pas de composante géante et  $\exists k > 0, |C_1| \leq k \log N$ . Le régime est sous-critique.

# Plan

- 1 Présentation d'une épidémie SIR
- 2 Epidémie dans une population en compartiments
- 3 Epidémie dans une population avec une structure de graphe**
  - Quelques notions sur le graphe
  - Epidémie sur le graphe**
- 4 Simulation de quelques résultats
  - Epidémie dans la population structurée en compartiments
  - Epidémie dans la population avec une structure de graphe de configuration
  - Epidémie dans la population avec une structure de graphe d'Erdős Rényi
- 5 References

# Epidémie

Une liaison susceptible-infectieux  $SI$  devient infectieux-infectieux  $II$  au taux  $\lambda$  et devient susceptible-rémis  $SR$  au taux  $\beta$ . Idem pour les autres possibilités.

L'arbre d'infection nous permet de définir un sous-graphe du graphe initial. On se réfère à Deijfen (2000).

Le graphe d'épidémie peut être vu comme une percolation de liens, avec la probabilité  $\frac{\lambda}{\lambda+\beta}$  de garder une arête existante.

Si on part d'un Erdős-Rényi, on obtient à nouveau un Erdős-Rényi  $ER'_N(\frac{\lambda q}{\lambda+\beta})$ .

Voici un schéma montrant un arbre issue d'un graphe et celui issue de l'épidémie sur ce graphe

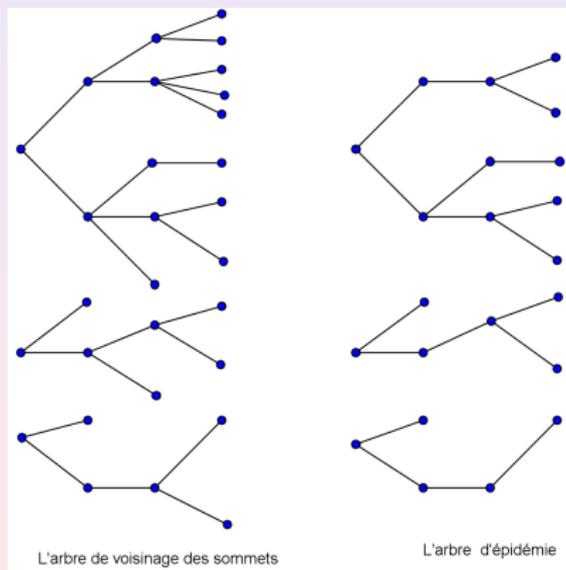


Figure : Arbre de voisinage avant l'épidémie et après épidémie

# Epidémie sur un graphe d'Erdős-Rényi

## Theorem

- 1 Si  $\frac{\lambda q}{\lambda + \beta} > 1$ , il existe une composante géante notée  $C'_1$  telle que  $\frac{|C'_1|}{N} \xrightarrow{P} \nu > 0$  avec  $\exists k > 0, |C'_1| \leq k \log N$ . On a une grande épidémie de la taille de  $C'_1$ , le régime est sur-critique.
- 2 Si  $\frac{\lambda q}{\lambda + \beta} < 1$  il n'y a pas de composante géante, d'où une petite épidémie. Le régime est sous-critique.

## Remarque

Le nombre de reproduction de base est donné par :  $\mathcal{R}_0 = \frac{\lambda q}{\lambda + \beta}$ .

## Cas général : approximation déterministes (1)

Il a été proposé (voir la revue de House (2012)) de décrire l'évolution d'épidémies sur un graphe par le système suivant :

$$[S'] = -\lambda[S],$$

$$[I'] = \lambda[S] - \beta[I],$$

$$[R'] = \beta[I],$$

$$[S'S] = -2\lambda[SS],$$

$$[S'I] = \lambda([SS] - [SI] - [SI]) - \beta[SI]$$

$$[S'R] = -\lambda[SR] + \beta[SI],$$

$$[I'I] = 2\lambda[SI] + [SI] - 2\beta[II],$$

$$[I'R] = \beta[IR] + \beta([II] - [IR]),$$

$$[R'R] = \beta[IR].$$

## Cas général : approximation déterministes (2)

où dans les équations précédentes, on a considéré que  $S$ ,  $I$  et  $R$  étaient les vecteurs d'indicatrices :

$$S = (\mathbf{1}_{i \in S})_{i \in [M]}, \quad I = (\mathbf{1}_{i \in I})_{i \in [M]}, \quad R = (\mathbf{1}_{i \in R})_{i \in [M]},$$

et où on a utilisé les notations suivantes :

$$[A] = \sum_i A_i, \quad [AB] = \sum_{i,j} A_i B_j G_{i,j}, \quad [ABC] = \sum_{i,j,k} A_i B_j C_k G_{ij} G_{jk}, \quad (13)$$

Plusieurs hypothèses sont faites dans la littérature pour fermer le système précédent. Par exemple, pour un graphe  $n$ -réguliers, House suppose que

$$[ABC] \approx \frac{n-1}{n} \frac{[AB][BC]}{[B]} \quad (14)$$

# Algorithme de simulation pour graphe (1)

**Etape 1** simulation du graphe et détermination de la matrice adjacente :

- Pour le graphe ER : pour  $i$  allant de 1 à  $N$ , pour  $j$  allant de  $i$  à  $N$  poser  $G[i, j] = u_{ij}$  où  $u_{ij}$  est une variable indépendante de loi  $B(1, p)$ . Poser  $G[j, i] = G[i, j]$ .
- Pour le graphe de configuration, simuler un graphe simple de  $N$  sommets avec  $(d_i)_{i \in [N]}$  suite de degrés.

## Algorithme de simulation pour graphe (2)

**Etape 2** : Propagation de l'épidémie.

Supposons l'état  $k$  simulé et connu.

Le taux d'infection global est  $q_1^N(T_k) = \lambda[S_{T_k} I_{T_k}]$ . Le taux de rémission global est  $q_2^N(T_k) = \beta[I_{T_k}]$ .

- calculer la somme du taux des événements

$$q_k^N = q_1^N(T_k) + q_2^N(T_k).$$

- simuler une variable exponentielle indépendante  $\mu_k$  de taux  $q_k^N$  et poser  $T_{k+1} = T_k + \mu_k$ .

## Algorithme de simulation pour graphe (3)

- simuler une variable de Bernoulli indépendante  $u_k$  de paramètre  $q_1^N(T_k)/q_k^N$ .

Si  $u_k = 1$ , on choisit une arête  $IS$  uniformément qu'on transforme en arête  $II$ .

Si  $u_k = 0$ , on choisit un sommet  $I$  uniformément qu'on transforme en  $R$ .

- le processus s'arrête quand il atteint un instant  $t \wedge T$  où  $T > 1$  fixé et  $I_t = 0$ .

$t \wedge T$  est la durée de l'épidémie.

# Simulation de l'épidémie stochastiques et déterministe graphe ER

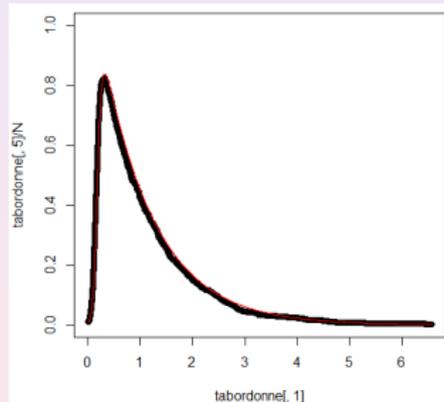


Figure : La courbe de  $\frac{i_t}{N}$  en noir et  $i_t$  en rouge pour le graphe d'Erdős Rényi

# Simulation de l'épidémie stochastiques et déterministe

## Graphe configuration

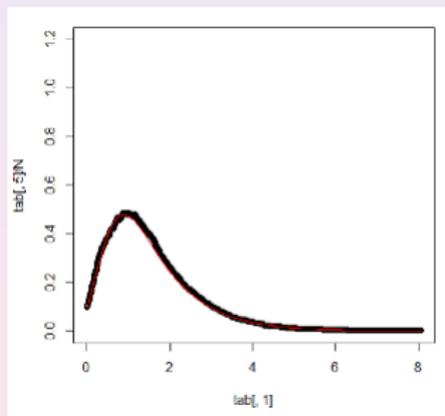


Figure : La courbe de  $\frac{i_t}{N}$  en noir et  $i_t$  en rouge pour le graphe de configuration

## Simulation de quelques résultats

Dans ces simulations on vérifie la convergence pour le théorème 1, déterminé la taille et la durée de l'épidémie pour toutes les structures de population.

### Remarque

A savoir que : le nombre de simulations est  $n = 10$ . La taille population  $N$  varie de 100 à 1000 au pas de 100. Le temps est majoré par  $T = 10000$ . Le nombre d'infectés initiaux est  $I_0 = 10$ .  $\lambda = 3$  et  $\lambda^N = \frac{\lambda}{N}$  et  $\beta = 1$ . Pour le graphe ER(N,P)  $P = \frac{10}{N-1}$ . Pour le graphe de configuration le degré des sommets est  $w = 3$ .

# Plan

- 1 Présentation d'une épidémie SIR
- 2 Epidémie dans une population en compartiments
- 3 Epidémie dans une population avec une structure de graphe
  - Quelques notions sur le graphe
  - Epidémie sur le graphe
- 4 Simulation de quelques résultats**
  - Epidémie dans la population structurée en compartiments**
  - Epidémie dans la population avec une structure de graphe de configuration
  - Epidémie dans la population avec une structure de graphe d'Erdős Rényi
- 5 References

# Simulation de quelques résultats

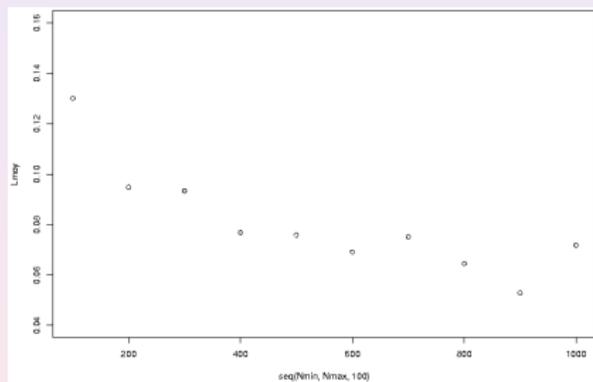


Figure : La valeur moyenne de  $L_t = \max(|\frac{I_t^N}{N} - i_t|)$  en fonction  $N$

# Simulation de quelques résultats

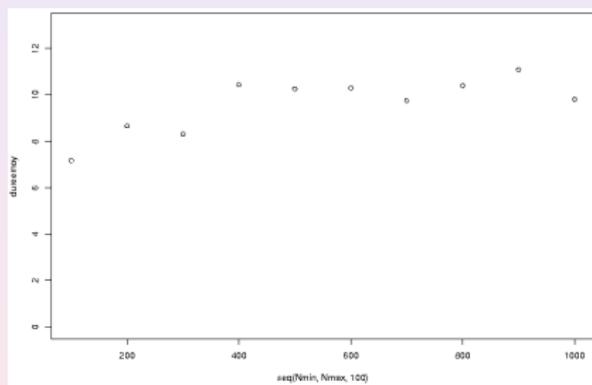


Figure : La durée moyenne de l'épidémie en fonction  $N$

# Simulation de quelques résultats

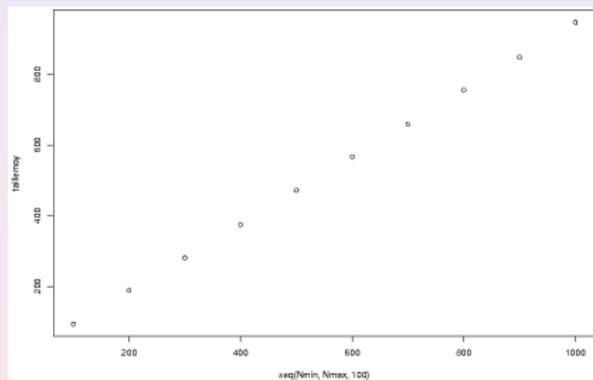


Figure : La taille moyenne de l'épidémie en fonction  $N$

# Plan

- 1 Présentation d'une épidémie SIR
- 2 Epidémie dans une population en compartiments
- 3 Epidémie dans une population avec une structure de graphe
  - Quelques notions sur le graphe
  - Epidémie sur le graphe
- 4 **Simulation de quelques résultats**
  - Epidémie dans la population structurée en compartiments
  - **Epidémie dans la population avec une structure de graphe de configuration**
  - Epidémie dans la population avec une structure de graphe d'Erdős Rényi
- 5 References

# Simulation de quelques résultats

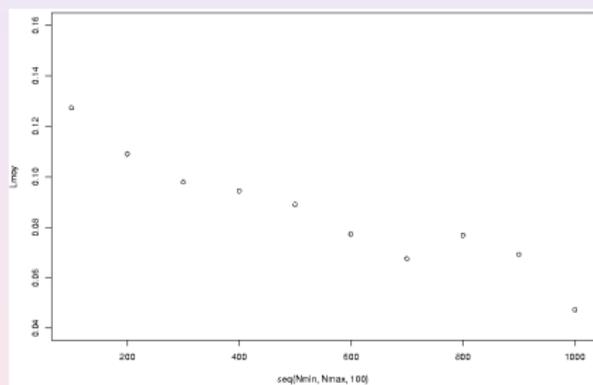


Figure : La valeur moyenne de  $L_t = \max(|\frac{I_t^N}{N} - i_t|)$  en fonction  $N$

# Simulation de quelques résultats

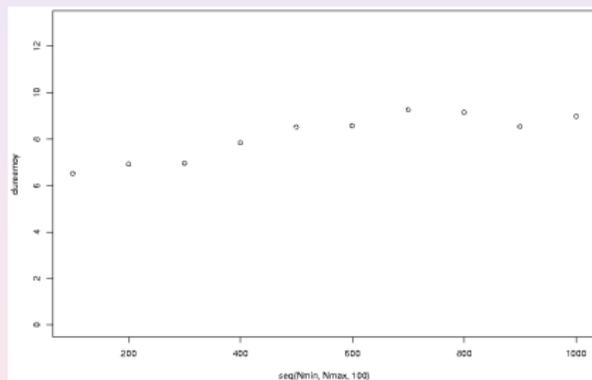


Figure : La durée moyenne de l'épidémie en fonction  $N$

# Simulation de quelques résultats

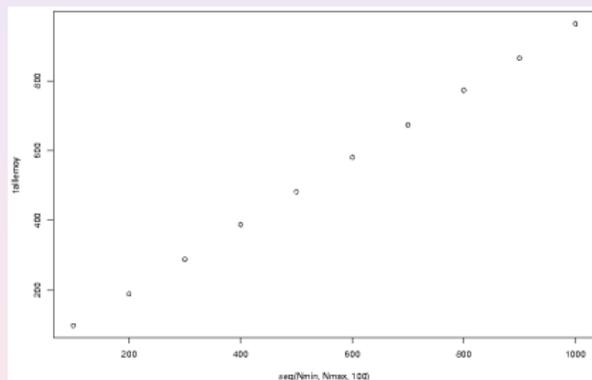


Figure : La taille moyenne de l'épidémie en fonction  $N$

# Plan

- 1 Présentation d'une épidémie SIR
- 2 Epidémie dans une population en compartiments
- 3 Epidémie dans une population avec une structure de graphe
  - Quelques notions sur le graphe
  - Epidémie sur le graphe
- 4 **Simulation de quelques résultats**
  - Epidémie dans la population structurée en compartiments
  - Epidémie dans la population avec une structure de graphe de configuration
  - **Epidémie dans la population avec une structure de graphe d'Erdős Rényi**
- 5 References

# Simulation de quelques résultats

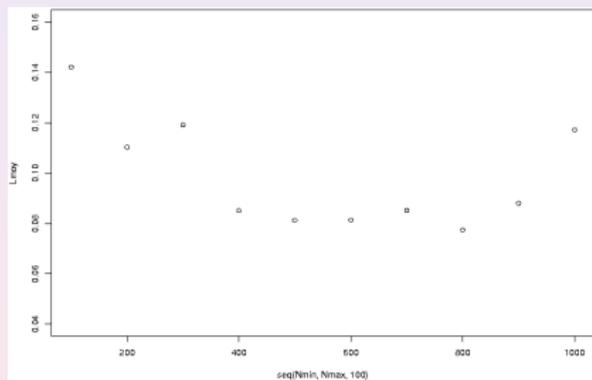


Figure : La valeur moyenne de  $L_t = \max(|\frac{I_t^N}{N} - i_t|)$  en fonction  $N$

# Simulation de quelques résultats

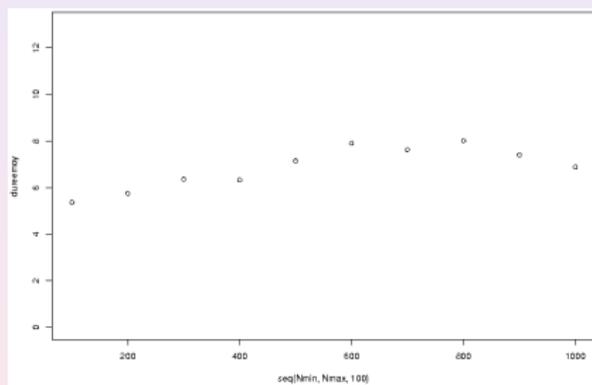


Figure : La durée moyenne de l'épidémie en fonction  $N$

# Simulation de quelques résultats

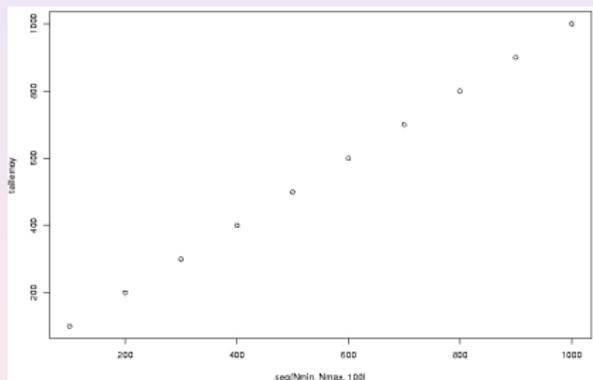


Figure : La taille moyenne de l'épidémie en fonction  $N$

# References

-  H. Andersson, T. Britton (2000) Stochastic epidemic models and their statistical analysis. Springer-Verlag, New York.
-  T. Britton (2009), Stochastic epidemic models : a survey, Stockholm University.

# References

-  T. House(2012) Modelling epidemics on networks, Contemporary Physics.
-  S. Méléard and N. Fournier (2004) : Microscopic probabilistic of locally regulated population and macroscopic approximations, The Annals of Applied Probability.
-  A. Ney (1974) Branching Processes, Dover

# References

-  Remco Van Der Hofstad : Random Graphs and Complex Networks, en cours.
-  M. Deijfen (2000) Epidemics on social network graphs.