

VERS UN MODELE DE DIFFUSION SPATIALE D'UNE PANDEMIE

Cynthia BASILEU (*), Ahmed BOUNEKKAR (*), Nadia KABACHI (*), Michel LAMURE (*)
cbasileu@yahoo.fr, bounekkar@univ-lyon1.fr, kabachi@univ-lyon1.fr, lamure@univ-lyon1.fr

(* Université Claude Bernard Lyon 1, 11 rue Guillaume Paradin, 69008 Lyon.

Mots clefs :

Modélisation, systèmes dynamiques, gestion de crise, prétopologie, simulation, système multi-agents.

Keywords:

Modeling, dynamic systems, crisis management, pretopology, simulation, multi-agent system.

Palabras clave :

Modelización, sistemas dinámicas, gestión de crisis, pretopología, simulación, sistema multi-agentes.

Résumé

Face à une situation de crise sanitaire liée à l'apparition d'une pandémie de grande envergure, des mesures adéquates doivent rapidement être prises pour la contenir tout en préservant la capacité de production de l'économie. C'est pourquoi nous nous sommes focalisés sur le développement d'un modèle d'aide à la décision à base d'agents hybrides simulant la diffusion d'une pandémie, fondé sur les caractéristiques médicales de la pandémie ainsi que sur la structure socio-économique de la zone géographique concernée. Cette structure socio-économique étant au cœur du modèle, une modélisation prétopologique du concept de réseau social est proposée et intégrée dans l'approche agent.

1 Introduction

Depuis quelques années, les problèmes d'infection sont de plus en plus présents dans notre quotidien. Chaque individu est amené à rencontrer un certain nombre d'individus au cours d'une journée que ce soit dans le milieu professionnel ou lors de sorties diverses (voyages, cinéma, centres commerciaux...). Ainsi, une épidémie peut très rapidement être propagée à l'échelle mondiale si les mesures nécessaires ne sont pas prises au moment opportun. Cela peut s'illustrer par la pandémie intestinale (gastro-entérite), celle de la grippe que nous observons chaque année ou encore plus récemment celle de la grippe A, type H1N1 observé cette année. Face à ces multiples pandémies, les pouvoirs publics se doivent de réagir c'est-à-dire de prendre instantanément les décisions adéquates de manière à réduire la propagation de la pandémie. Ces mesures prises dépendent entre autre de l'offre de soins fournie par le service médical en regard de l'ampleur de l'épidémie. La figure 1 illustre deux situations différentes de propagation d'une épidémie où le seuil de saturation du système de santé est dépassé, sur des périodes très différentes, engendrant ainsi des situations devant être gérées différemment. Nous avons la représentation de l'évolution de l'épidémie en fonction du temps. L'offre de soin considérée comme une constante est représentée par la droite horizontale en caractère gras.



Figure 1 : Présentation de deux cas différents d'évolution d'une épidémie.

On peut noter que le graphe de droite est préférable à celui de gauche puisque la période où l'offre de soin est saturée est plus courte. L'idéal serait d'être dans un système de fonctionnement de droit commun du système de santé c'est-à-dire d'avoir une courbe de telle sorte que le seuil de saturation de l'offre de soin ne soit pas franchi. Les pouvoirs publics, en tant que décideur, ont pour objectif de gérer toute pandémie en conservant au mieux les fonctions vitales de la société, entre autre l'économie. En particulier, le décideur peut être amené à gérer les déplacements de la population qu'ils soient intra ou inter communaux tout en conservant le fonctionnement de l'économie. Ce travail tend vers un modèle de simulation permettant aux décideurs de prendre les décisions nécessaires le plus rapidement possible tant au niveau économique que politique. Dans cet article, la partie simulation ne sera pas détaillée. Nous allons présenter un modèle basé sur les systèmes multi-agents puisqu'ils modélisent parfaitement bien le comportement humain, exposé dans la partie suivante. Les systèmes multi-agent apportent une solution radicale au concept même de modèle et de simulation des systèmes complexes en offrant la possibilité de représenter directement les individus, leurs comportements et leurs interactions. La simulation multi-agent est fondée sur l'idée qu'il est possible de représenter sous forme informatique le comportement des entités qui agissent dans le monde et qu'il est ainsi possible de représenter un phénomène comme le fruit des interactions d'un ensemble d'agents disposant de leur propre autonomie opératoire.

Cet article est scindé en deux parties. La première partie présentera un état de l'art sur les modèles épidémiologiques puis, dans une deuxième partie, nous détaillerons notre modèle.

2 Etat de l'art sur les modèles épidémiologiques

Dans ce papier, nous nous intéresserons à une approche du type de celle proposée par Carrat [13], à savoir une approche fondée sur la simulation de la diffusion en utilisant les données relatives aux déplacements quotidiens des individus. En effet, cette approche nous permet de mieux cerner les facteurs favorisant la diffusion d'un virus. Notre proposition est de prolonger l'approche de F. Carrat en intégrant dans un modèle la gestion géoréférencée et temporalisée des contacts entre individus. Le présent papier propose la première étape de la mise au point d'un modèle spatiotemporel de simulation. Après un tour d'horizon des modèles épidémiologiques, l'approche proposée par F. Carrat et ses limites sont analysées dans cette section.

2.1 Modèle épidémiologique

On a pu constater depuis quelques années l'émergence de problèmes infectieux dans notre société. Ce phénomène engendre toute une série de maladies infectieuses et c'est pour cette raison que de nombreux travaux ont vu le jour, à ce sujet, dans le domaine de l'épidémiologie : [33], [27], [29], [9], [10].

On peut relever les travaux de D. Bernoulli. Ce dernier a développé le premier modèle mathématique pour générer la dynamique de la population dans le cas de la variole, une maladie infectieuse, en 1766 [8]. En 1927, W.O Kermack, médecin en santé publique et A.G McKendrick, biochimiste, ont mis au point un modèle simple de propagation des épidémies [25].

Nous pouvons également citer les modèles de diffusion spatiale de [24], [20], [21], [28], [17], [18], [11] qui traitent de divers types d'épidémie à savoir la grippe, la fièvre agricole, le SIDA et la coqueluche. Dans ces articles, l'interaction est modélisée à l'aide des notions de distance et de masse.

Dans le modèle de N.T.J. Bailey [6], pour un individu infectieux, on prend en compte sa capacité à répandre la maladie à un autre membre de la population à laquelle il appartient. Par ailleurs, en épidémiologie, il faut noter que la densité de la population influe sur la persistance et la propagation de l'épidémie [3], [22], [23], [30]. Plusieurs études ont été réalisées dans le but de démontrer cette influence [3], [22], [7].

En 1979, les modèles épidémiologiques ont été développés par Anderson [1] et May [2].

D'autres travaux [4], [12], [14], [15], [31], [32] utilisant la notion de voisinage tirée de la théorie des graphes ont été réalisés dans le but d'étudier la propagation de l'épidémie. Dans [12], [32], les auteurs utilisent la notion d'automates cellulaires basée sur les approches de Von Neumann et Moore. Ainsi, ils considèrent qu'un automate ne dispose que de quatre (Von Neumann) ou huit (Moore) voisins.

Plus récemment, Fabrice Carrat s'est intéressé à mettre en évidence l'impact des actions menées, telles que les vaccinations, les fermetures des écoles ou des lieux de travail, les mises en quarantaine... durant une période épidémique. Nous nous focalisons sur ce modèle dans la mesure où il correspond le mieux à notre problématique.

2.1.1 Méthodes

L'auteur établit deux modèles : l'un individuel qui présente les caractéristiques propres à un individu, l'autre un modèle commun qui détaille les caractéristiques d'un ensemble d'individus. Le modèle individuel est de type SEIR pour :

- S : Susceptible
- E : Exposé
- I : Infectieux
- R : Immunisé

L'auteur considère trois paramètres élémentaires pour décrire les transitions entre les différentes étapes précédemment citées :

- Le taux de transmission d'une personne à une autre.
- La longueur de la période de latence fixée à une demi-journée.
- La longueur de la période infectieuse.

La capacité d'infection varie en fonction du moment où on est infecté et est proportionnelle au degré du virus répandu par l'individu infecté. Dans ce modèle, l'âge est un paramètre important dans la mesure où les enfants ont tendance à propager beaucoup plus rapidement le virus que les adultes et les personnes âgées.

En ce qui concerne le modèle commun, l'auteur forme son « petit monde ». Il génère un ensemble d'individus en fonction de leur âge, leur sexe et la taille de leur foyer. Chaque individu dispose d'une maison et d'un lieu de travail (école s'il s'agit d'enfants, travail...). De manière générale, il considère que les enfants sont formés à l'école de leur ville et 80% des adultes travaillent dans leur ville de résidence. Il modélise les rencontres entre les individus dans les divers établissements (école, lieux de travail...) par les graphes de Barabási-Albert. Le modèle de graphes de Barabási-Albert est un algorithme générant des graphes aléatoires de réseaux complexes; il est fondé sur deux principes :

- La croissance du système : Plus la période de temps augmente, plus le nombre de nœuds dans le réseau, peu nombreux au départ, augmente.
- Le système préférentiel : Un nœud est connecté à un autre en fonction du degré du 2^{ème} nœud.

L'avantage de ce travail a été de montrer l'impact d'une vaccination massive. Cela étant, l'efficacité d'une campagne de vaccination dépend essentiellement de la durée de la période entre l'identification du premier cas et la date à laquelle la vaccination est faite. Plusieurs simulations ont démontré l'efficacité de la prévention par des traitements thérapeutiques. En combinant ce traitement avec un système de prévention, l'impact de la grippe est réduit au début. Néanmoins, ce modèle montre un certain nombre de limites.

2.1.2 Limites du modèle

Dans ce modèle, on peut noter qu'une répartition des individus est faite en fonction de leur âge. Seulement, l'auteur ne considère que trois tranches d'âges à savoir 0-18 ans, 19-65 ans et les plus de 65 ans. Or, il paraît judicieux de sectionner la tranche 0-18 ans. On a pu constater, dans le cas de la grippe A (H1N1) cette année, que diverses écoles avaient pu être fermées mais la répercussion fût moindre pour les lycées.

En second lieu, l'auteur ne prend pas en compte les différents modes de transport utilisés lors des déplacements de la population. Or, ce facteur nous semble pertinent dans le cas présent.

Enfin, l'auteur utilise comme outil de simulation les graphes de Barabási-Albert ce qui reste contestable dans la mesure où il s'agit de graphes purement aléatoires. Ce type de graphes reste assez contesté dans le cas de réseaux sociaux car ils ont tendance à omettre certains aspects du monde réel. D'autre part, travailler avec un graphe ne permet de prendre en compte qu'un type de relation entre individus. Les relations sociales sont beaucoup plus complexes que cela.

3 Proposition d'un « modèle social »

A partir des travaux précédemment cités et pour répondre aux critiques que l'on peut en faire, nous proposons un modèle basé sur les systèmes multi-agents. Les systèmes multi-agents peuvent être définis comme un ensemble d'agents qui agissent et interagissent dans le même environnement [34]. Après une description générale du modèle, nous spécifierons le modèle monde puis le modèle individu. Ensuite, nous présenterons une modélisation stochastique des réseaux sociaux et nous terminerons par une description de l'outil de simulation.

3.1 Description du modèle

Le but de ce modèle est de proposer aux décideurs un outil de contrôle de la propagation d'une épidémie, centré sur les habitudes et les structures sociales tout en préservant les fonctions vitales de la société.

En effet, la société humaine est à la fois actrice et victime des effets d'une crise sanitaire. Nous pouvons l'illustrer par l'exemple de la vaccination qui est un acte individuel (chacun est libre de se faire vacciner ou pas) mais aussi civique (la vaccination d'un individu est un frein à la propagation du virus). Au sein de toute société, il existe un certain nombre de réseaux sociaux que nous ne pouvons ignorer dans une modélisation de ce type. La modélisation des réseaux sociaux sera donc développée dans le paragraphe 3.5.

Désormais, un individu sera modélisé par un agent cognitif qui se traduit par une entité logicielle ou physique, autonome, évoluant dans un environnement, qu'elle peut percevoir et sur lequel elle peut agir [19].

Le système multi-agents ainsi défini est plongé dans un environnement métrique et situé composé de N zones, pour lesquelles nous disposons des données journalières relatives aux déplacements des agents dans leur propre zone comme d'une zone à l'autre. Chaque agent a la possibilité d'utiliser le moyen de transport de son choix. On distingue deux types de transport :

- Le transport en commun (transport avec contact potentiel).
- Le transport privé (transport sans contact).

Dans le modèle, nous postulons les hypothèses suivantes :

- H_0 : Les malades déclarés ne se déplacent pas.
- H_1 : La période considérée est la journée.
- H_2 : Il n'y a pas de contamination nocturne.
- H_3 : On suppose que les agents empruntent le même type de transport le soir et le matin.
- H_4 : Un agent est contagieux le 1^{er} jour suivant sa rencontre avec un agent infecté.
- H_5 : La durée de non contagiosité, dans le cas de la grippe, est fixée arbitrairement à un jour.

Un malade est dit déclaré à partir du moment où un personnel médical diagnostique qu'il est atteint du virus.

Dans le paragraphe suivant, nous présentons le modèle monde incluant le modèle individu.

3.2 Spécification du modèle monde

L'environnement socio-économique englobe l'offre de soins et est représenté par les structures suivantes.

- Lieux d'enseignement
- Crèches
- Centres de soins
- Entreprises
- ...

L'offre de soin est mesurée par la présence des centres de soins et des personnels de santé.

Chacune de ces structures, considérée comme système multi-agents, est située dans une zone géographique (l'environnement situé de l'agent) composé d'une population qui elle, est formée d'agents. La figure 2 représente le modèle monde :

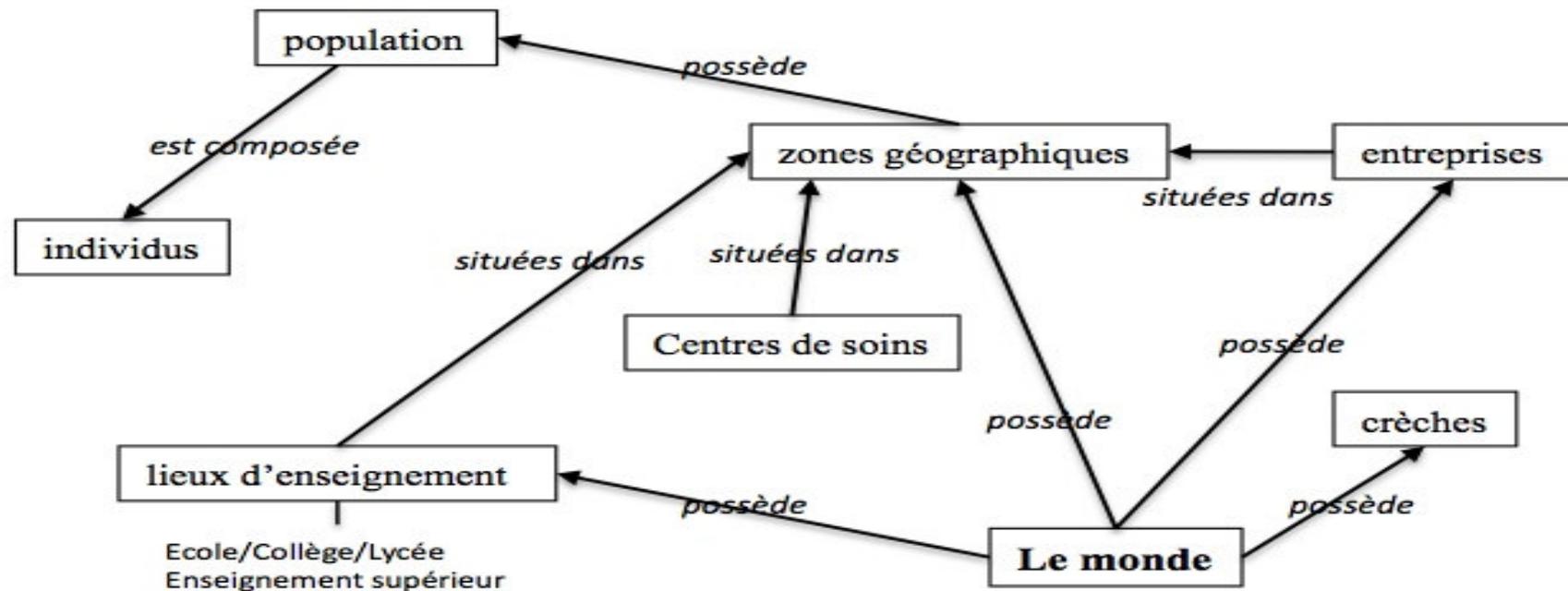


Figure 2 : Représentation du modèle monde.

Ce modèle est une maquette simplifiée de la société. Dans « notre monde », nous avons un certain nombre d'établissements à savoir des lieux d'enseignements, centres de soins, entreprises, crèches qui sont situés dans des zones géographiques qui représentent un ensemble d'agents interagissant entre eux. Chacune de ces zones contient une population constituée d'agents dont les caractéristiques sont détaillées dans le paragraphe suivant.

3.3 Spécification du modèle individu

Le modèle présenté est de type SEIR. L'individu exposé est infecté mais ne peut pas contaminer d'autres individus, contrairement à l'individu infectieux qui lui est infecté mais peut en contaminer d'autres. La transition d'une phase à l'autre est modélisée de façon markovienne comme le montre la figure 3 :

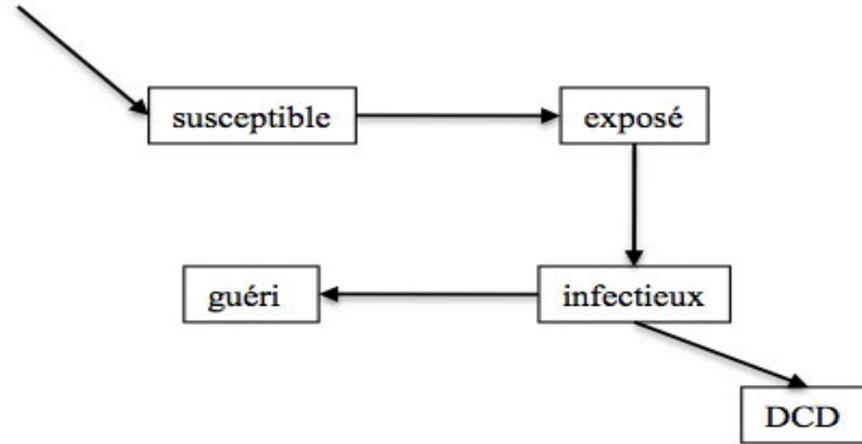


Figure 3 : Présentation des phases de transition pour un agent.

L'agent est dans un premier temps susceptible d'attraper le virus. Il restera à ce stade tant qu'il ne sera pas en contact avec un individu infectieux. Si tel est le cas, il devient exposé c'est-à-dire qu'il sera infecté mais durant une certaine période, il ne pourra transmettre le virus à un agent. Il devient ensuite infectieux et peut donc transmettre le virus. L'agent devient ensuite immunisé car au cours de la période de propagation du virus, un agent ne peut être infecté qu'une fois. Il peut également être immunisé suite à la prise d'un vaccin sur cette même période. Il en ressort qu'un agent qui n'est pas malade et qui, de surcroît, est immunisé ne sera jamais malade sur la période considérée.

Par définition, un malade déclaré est un patient qui a consulté et pour lequel le diagnostic s'est révélé positif. Nous faisons l'hypothèse qu'il reste chez lui pendant un certain nombre de jours et que par la suite il est immunisé.

Globalement, le modèle individu peut être illustré de la façon suivante (voir figure 4) :

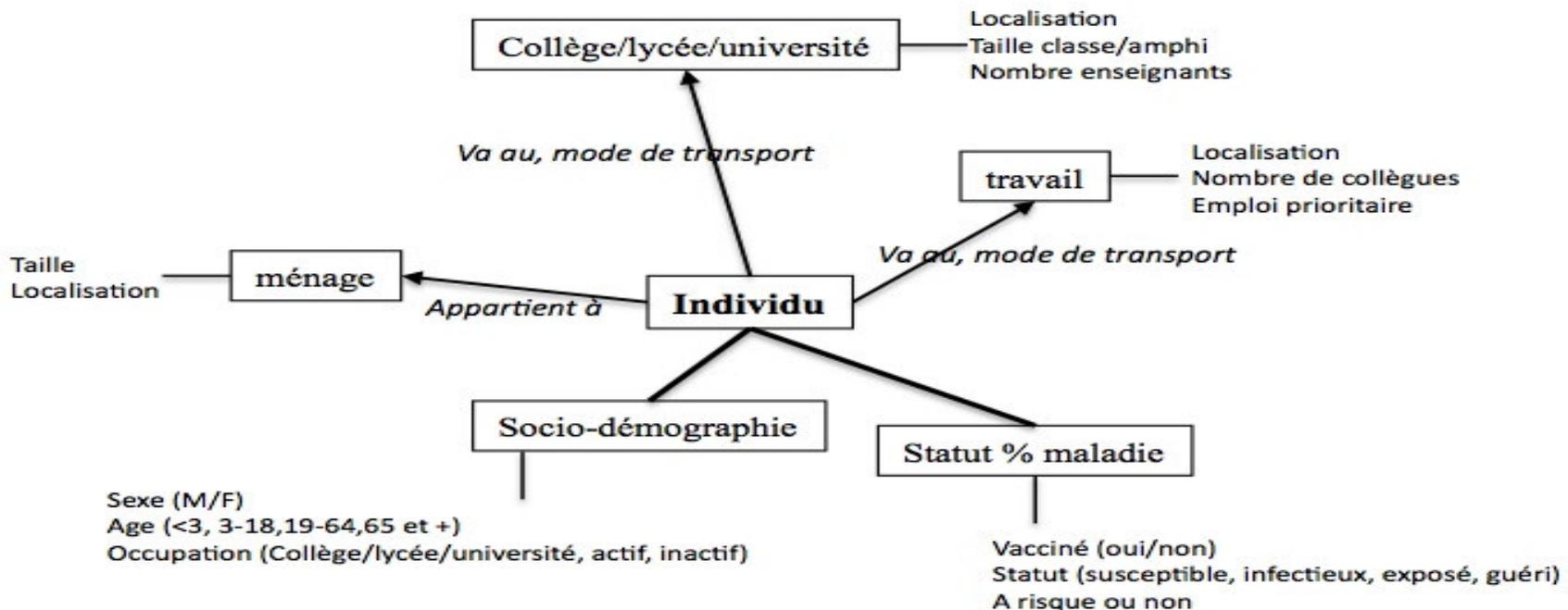


Figure 4 : Représentation des caractéristiques d'un agent.

Chacun des individus (agents) appartient à un ménage dont nous connaissons la taille et la localisation. Chaque agent se déplace d'un lieu géographique à un autre au moyen d'un type de transport (privé ou commun). Les bases de données permettent de connaître la matrice des flux de transport entre ces différents lieux (données INSEE). L'agent est caractérisé par son statut par rapport à la maladie :

- Vacciné ou non : cela nous permettra de juger de son immunité.
- Son statut (S, E, I, ou R).
- Sujet à risque ou non (asthmatique, femme enceinte...).

Nous disposons également d'informations sociodémographiques à son sujet :

- Son sexe.
- Son âge.
- Sa catégorie socioprofessionnelle.

Il est en effet important de connaître la catégorie socioprofessionnelle des agents, certains devant être protégés en cas de risque sanitaire. C'est le cas notamment des personnels de santé (médecins, infirmières...), des personnels de sécurité (pompiers, policiers...), ainsi qu'un certain nombre de salariés travaillant dans des secteurs sensibles (centrales nucléaires...). Les agents qui jouent un rôle dans la chaîne décisionnelle doivent être aussi protégés prioritairement.

Au cours de la journée, un agent est amené à effectuer un certain nombre de déplacements « aller-retour » où il sera soit seul soit en groupe pour des raisons professionnelles (collège, lycée, université, lieux de travail) ou privées. Le transport privé est postulé comme étant tout mode de transport où l'agent se déplace seul, sans contact. Il n'y a donc pas de contamination dans ce cas. Les différents modes de déplacement sont pris en compte dans le modèle de manière à intégrer les possibilités de contamination dans les transports en commun. Notons qu'un agent peut aussi prendre la décision de ne pas se déplacer au cours d'une journée.

Lors des divers trajets journaliers, un agent sera amené à rencontrer à tout instant un certain nombre d'autres agents. Chaque agent possède un système d'accointances, c'est-à-dire une liste d'autres agents avec lesquels il est en contact, d'une manière ou d'une autre. Cette liste est de première importance dans notre cas, puisque le contact est à la base de la diffusion du virus. Le système d'accointances joue également un rôle primordial dans la modélisation des contacts autres que durant les transports : travail, loisirs, etc. On voit bien ici à quel point il est donc nécessaire de prendre en compte divers types de relations entre les individus, ce qui met en évidence l'insuffisance d'une modélisation par un graphe simple.

Notre modèle est fondé sur la combinaison d'un environnement physique et socio-économique. L'espace physique peut être schématisé par un graphe où les sommets représentent les zones géographiques considérées et les arcs représentent les flux de transports. Nous distinguons les flux caractérisant les transports collectifs et ceux caractérisant les transports privés à l'instar de la figure 5 suivante :

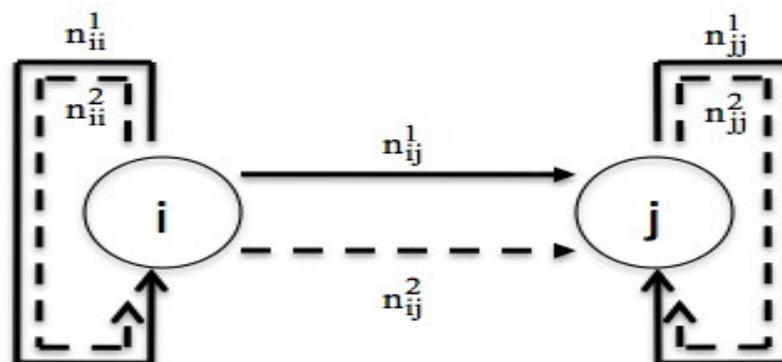


Figure 5 : Représentation des mobilités entre deux zones géographiques.

Nous considérons deux zones géographiques i et j ayant respectivement N_i et N_j habitants. Nous observons des déplacements inter et intra zones où n_{ij}^k représente le nombre de personnes se déplaçant de la zone i à la zone j , avec i pouvant être égale à j , et $k = 1$ ou 2 selon le mode de transport. L'utilisation du trajet en transport privé ($k = 1$) est schématisé par une flèche discontinue alors que le transport en commun ($k = 2$) est en continue.

Chaque matin, nous comptabilisons le nombre d'agents contagieux ou pas. Les contaminations se font lors des contacts durant le transport ou sur les lieux de travail ou de loisirs. Notre unité de temps est la journée est fractionnée en quatre états :

- Le matin : Départ d'une zone i vers une zone j .
- Arrivée dans la zone souhaitée.

- Retour vers la zone d'origine.
- Arrivée dans la zone d'origine.

Avant chacune de ces étapes, nous comptabilisons le nombre d'agents infectés. Le modèle est simplifié du fait de l'hypothèse H_2 : Il n'y a pas de contamination nocturne et de l'hypothèse H_3 : On suppose que les agents empruntent le même type de transport le soir que le matin.

3.4 Analyse des mobilités

Ce modèle nécessite la comptabilisation journalière des malades. Les données du modèle sont présentées dans le tableau 1 ci-dessous :

Tableau 1 : Données du modèle.

Notation	Signification
$N_i(t)$	Nombre d'agents résidant dans la zone i à la date t .
$N_{ii}(t)$	Nombre d'agents qui se déplacent dans la zone i à la date t .
$N_{ij}(t)$	Nombre d'agents qui vont de la zone i vers la zone j à la date t .
$H_i(t)$	$N_{ii}(t) + N_{ij}(t)$ Nombre total d'agents de la zone i qui effectuent un déplacement à la date t .

Les paramètres que nous avons retenus pour établir le modèle sont (voir tableau 2) :

Tableau 2 : Paramètres du modèle.

Notation	Signification
α_i	Taux d'infectés contagieux dans la zone i .
$\alpha_{i'}$	Taux d'infectés non contagieux dans la zone i .
I_i	Taux d'infectés dans la zone i .
β_i	Taux d'infection (Nombre d'infectés par un agent de i).
γ_{ii}	Taux d'infectés contagieux qui circulent en i .
γ_{iir}	Taux d'infectés non contagieux qui circulent en i .
γ_{ij}	Taux d'infectés contagieux qui circulent de i à j .
$\gamma_{ij'}$	Taux d'infectés non contagieux qui circulent de i à j .

δ_{ii}	Taux d'agents qui circulent dans la zone i.
δ_{ij}	Taux d'agents qui circulent de i à j.
τ_i	Taux de contamination nocturne.
λ_{ii}	Taux de contact des agents de i : Pourcentage d'agents de i rencontrés par des agents de i.
λ_{ij}	Taux de contact des agents de i arrivant en j : Pourcentage d'agents de j rencontrés par des agents de i.

Pour toutes zones géographiques (écoles, crèches, lieu de travail, villes...) i et j considérées, avec $i \neq j$, nous avons le dénombrement suivant :

a) Au départ d'une zone i, le matin, à la date t, nous comptabilisons :

- Nombre d'infectés contagieux : $D_{ic}^M(t) = \gamma_{ii} N_{ii}(t) + \gamma_{ij} N_{ij}(t)$
- Nombre d'infectés non contagieux : $D_i^M(t) = \gamma_{ii'} N_{ii}(t) + \gamma_{ij'} N_{ij}(t)$
- Nombre d'agents non infectés : $\underline{D}_i^M(t) = (1 - \gamma_{ii} - \gamma_{ii'}) N_{ii}(t) + (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij'}) N_{ij}(t)$

Des agents sont amenés à se contaminer durant le transport.

b) A l'arrivée en j, nous avons :

- Nombre d'infectés contagieux : $A_{jc}^M(t) = \gamma_{ij} N_{ij}(t)$
- Nombre d'infectés non contagieux : $A_j^M(t) = \gamma_{ij'} N_{ij}(t) + \beta_i (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij'}) n_{ij}^1$ où n_{ij}^1 est le nombre d'agents qui, ayant emprunté le transport en commun, ont été contaminé durant le trajet de i vers j.
- Nombre d'agents non infectés : $\underline{A}_j^M(t) = (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij'}) (N_{ij}(t) - \beta_i n_{ij}^1)$ non infectés.

Au cours du séjour en j, les contaminations entre agents sont effectuées sur le lieu professionnel, d'enseignement ou de loisirs.

c) Lors du séjour en j, nous avons :

Dans la zone j, il y a un certain nombre d'agents infectés. Faisons un récapitulatif des habitants de j :

- Nombre d'agents infectés : $S_j(t) = \sum_{i=1}^p (\gamma_{ij} \lambda_{ij} N_{ij}(t) N_j^0) + \alpha_j N_j^0$
- Nombre d'agents non infectés : $\underline{S}_j(t) = N_j^0 - [(\gamma_{ij} \lambda_{ij} N_{ij}(t) + \alpha_j) * N_j^0]$, $\theta = 1$ si l'agent utilise le transport en commun et 2 sinon.

Faisons de même pour les habitants de i séjournant en j :

- Nombre d'agents infectés contagieux de i arrivés en j : $A_j^M(t) + A_{jc}^M(t) = (\gamma_{ij} + \gamma_{ij'}) N_{ij}(t) + \beta_i (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij'}) n_{ij}^1$
- Nombre d'agents infectés non contagieux arrivée en j : $S_{ij}(t) = \alpha_j \underline{A}_j^M(t) = \alpha_j (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij'}) (N_{ij}(t) - \beta_i n_{ij}^1)$
- Nombre d'agents non infectés qui repartent de j : $\underline{S}_{ij}(t) = (1 - \alpha_j) \underline{A}_j^M(t) = (1 - \alpha_j) (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij'}) (N_{ij}(t) - \beta_i n_{ij}^1)$

d) Au départ de la zone j, nous répertorions :

- Nombre d'agents infectés : $D_i^S(t) = (\gamma_{ij} + \gamma_{ij'}) N_{ij}(t) + \beta_i n_{ij}^1 (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij'}) + \alpha_j (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij'}) (N_{ij}(t) - \beta_i n_{ij}^1)$
- Nombre d'agents non infectés : $\underline{D}_i^S(t) = (1 - \alpha_j) (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij'}) (N_{ij}(t) - \beta_i n_{ij}^1)$

En fin de journée, en considérant l'hypothèse H_2 : les agents empruntent le même type de transport le soir que le matin, nous obtenons les résultats suivants.

e) A l'arrivée en i :

- Nombre d'agents infectés : $A_{ij}^S(t) = (1 - \delta_{ij}) [(\gamma_{ij} + \gamma_{ij}') N_{ij}(t) + \beta_i (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij}') n_{ij}^1 + \alpha_j * (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij}') (N_{ij}(t) - \beta_i n_{ij}^1)] + \beta_i * \delta_{ij} * [(\gamma_{ij} + \gamma_{ij}') N_{ij}(t) + \beta_i (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij}') * n_{ij}^1 + \alpha_j * (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij}') (N_{ij}(t) - \beta_i n_{ij}^1)]$
- Nombre d'agents non infectés : $\underline{A}_{ij}^S(t) = (1 - \delta_{ij}) (1 - \alpha_j) (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij}') (N_{ij}(t) - \beta_i n_{ij}^1) + \delta_{ij} (1 - \alpha_j) (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij}') (N_{ij}(t) - \beta_i n_{ij}^1) - \beta_i * \delta_{ij} * [(\gamma_{ij} + \gamma_{ij}') N_{ij}(t) + \beta_i (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij}') n_{ij}^1 + \alpha_j (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij}') (N_{ij}(t) - \beta_i n_{ij}^1)]$

Nous avons à l'issue de la journée en j :

- Nombre d'agents infectés : $F_i(t) = \sum_{j=1 \text{ à } p, j \neq i} A_{ij}^S(t)$
- Nombre d'agents non infectés : $\underline{F}_i(t) = \sum_{j=1 \text{ à } p, j \neq i} \underline{A}_{ij}^S(t)$

Le taux de contamination nocturne est supposé nul dans un premier temps de manière à simplifier le modèle.

Avant le départ en i à la date t+1, nous avons :

- Nombre d'agents infectés : $D_i^M(t+1) = F_i(t) + \tau_i \underline{F}_i(t)$
- Nombre d'agents non infectés : $\underline{D}_i^M(t+1) = F_i(t) - \tau_i \underline{F}_i(t)$

3.5 Réseaux sociaux stochastiques

La particularité du modèle proposé est de mettre la société, et les individus qui la composent, au centre du système. En effet, la société souffre des conséquences de la propagation d'une pandémie, mais en même temps, par ses pratiques sociales et culturelles, elle participe à cette propagation. C'est pourquoi, le concept de réseau social se révèle indispensable dans la modélisation de tout système visant à gérer une situation de crise engendrée par une pandémie.

Le concept de réseau social est souvent modélisé comme une famille $(R_i)_{i=1, \dots, p}$ de relations binaires définies sur un ensemble E fini [16]. Cependant, il faut noter que cette modélisation possède le défaut de ne pas prendre en compte les aspects parfois, voire souvent, aléatoires, des relations humaines. Nous proposons donc le concept de réseau stochastique :

Etant donné un espace probabilisé (Ω, A, p) , un ensemble E de cardinal fini, on appelle réseau stochastique défini sur E, toute famille $(R_i)_{i=1, \dots, p}(\cdot)$ d'opérateurs telle que :

- Pour tout i, $i=1, \dots, p$, $(R_i)(\cdot) : (\Omega, A, p) \rightarrow R(E)$, où $R(E)$ désigne l'ensemble des relations binaires définies sur E. Nous pouvons considérer, sans restreindre la généralité de notre propos, uniquement les relations binaires réflexives.

Par ailleurs, pour tout i, $i=1, \dots, p$, pour tout $\omega \in \Omega$, $R_i(\omega)$ est entièrement caractérisée par $\Gamma_i(x, \omega)$ pour tout $x \in E$ défini par : $\Gamma_i(x, \omega) = \{y \in E / x R_i(\omega) y\}$.

- Pour tout i, $i=1, \dots, p$, pour tout $x \in E$, $\Gamma_i(x, \cdot) : (\Omega, A, p) \rightarrow P(E)$ est supposée être mesurable, donc être un ensemble aléatoire.

Il est alors possible de structurer l'ensemble E sur la base de la donnée de la famille $(R_i)_{i=1, \dots, p}(\cdot)$, c'est-à-dire en prenant en compte exclusivement le réseau social défini sur E, avec une structure prétopologique stochastique [5], [24] en définissant l'application $a(\cdot, \cdot)$ comme suit :

$a(\cdot, \cdot) : (\Omega, A, p) \times P(E) \rightarrow P(E)$ telle que :

Pour tout $A \subset E$, $a(A, \omega) = \{x \in E / \text{pour tout } i=1, \dots, p, \Gamma_i(x, \omega) \cap A \neq \emptyset\}$

Avec $a(\cdot, \cdot)$ ainsi définie et en posant : Pour tout $A \subset E$, $i(A, \omega) = (E - a(E - A, \omega))$.

On démontre sans peine que $(E, a(\cdot, \cdot), i(\cdot, \cdot))$ est un espace prétopologique stochastique de type v.

Ce modèle peut alors être inséré dans le modèle de simulation proposé pour formaliser, pour tout individu de la population (désigné par x ici), et sous divers scénarios, (les ω de Ω) assortis de leur probabilité (la loi p de l'espace probabilisé (Ω, A, p)), ses accointances en tant qu'agent.

Les concepts de la prétopologie : fermeture, fermés minimaux, connexités, etc. peuvent alors être utilisés pour :

- analyser la structure de E rendant ainsi compte de la structure sociale,
- déterminer les cheminements de propagation du virus et les zones où il peut être bloqué.

Ce modèle de réseau social stochastique, très rapidement évoqué ici, s'avère donc un puissant outil de modélisation complémentaire à la modélisation centrée agents. Il permet de prendre en compte les phénomènes aléatoires et remplace avantageusement, de ce point de vue, la modélisation proposée à base de graphes aléatoires dans le modèle de Carrat. Un autre de ces avantages est de pouvoir utiliser simultanément l'information fournie par chacune des « relations binaires aléatoires » dans la modélisation de la construction de l'espace social des agents.

3.6 Outil de simulation

Dans cette partie, nous allons proposer l'outil de simulation que nous allons utiliser pour mener à bien la simulation. L'information fournie par l'outil de simulation pourrait être illustrée selon la figure 6 :

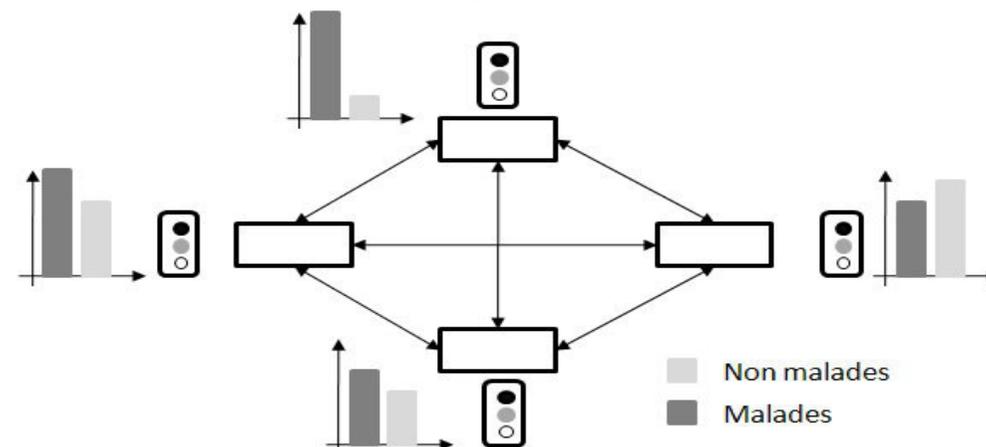


Figure 6 : Type de représentation visée.

Cette figure schématise quatre zones où nous avons en parallèle l'état du service médical représenté par les feux tricolores et l'état de l'évolution de l'épidémie à savoir le nombre de malades et de non malades. Les flèches caractérisent les mobilités d'une zone à une autre. Ce type de représentation nous semble judicieux. En effet, dans le cas où le service médical est sur le point d'être saturé, on pourrait se demander : Comment évoluerait l'épidémie si on décidait d'interdire certaines mobilités? Quel en serait l'impact sur l'économie?

La plateforme SMA de simulation utilisé est Mimosa.

Il existe différentes plateformes de simulation multi-agents mais nous avons opté pour Mimosa, une plateforme en cours de développement, permettant de modéliser et de simuler un modèle. Mimosa représente un enjeu important car elle est une plateforme d'intégration multi-modèles et multi-formalisme.

Mimosa dispose de plusieurs avantages :

- Possibilité de choisir la version anglaise, française ou espagnole du logiciel.
- Mimosa est adapté à divers langages de programmation.
- Détection rapide des erreurs de programmation.

Mimosa est constitué de quatre fenêtres ayant des buts différents :

- Modèle conceptuel
- Modèle concret
- L'ordonnanceur
- Fenêtre de sortie

4 Conclusion et perspectives

Le modèle permet ainsi de déterminer, en chaque zone, le nombre d'agents touchés par la maladie au jour le jour. Le décideur peut ainsi connaître, en chaque unité de son territoire, l'ampleur de la pandémie. En rapprochant ces résultats des données d'offre de soins, il peut déterminer l'instant où cette offre devient insuffisante. En agissant également sur des paramètres liés au déplacement des agents, le modèle fournit aux décideurs le moyen de connaître les conséquences des modifications intervenues sur le système et apporte ainsi à ces derniers des éléments pertinents d'aide à la décision.

Dans le cas de la validation du modèle, nous pourrions profiter d'une expérimentation mise en place dans le département du Vaucluse en France pour lequel nous disposons de données de mobilité et socio-économiques fournies par l'INSEE, ainsi que de données issues des observatoires régionaux de la grippe (GROG). Le personnel médical, dès la détection d'un nouveau cas, envoie un signal à la préfecture du Vaucluse. Ce signal est décodé par un serveur vocal qui fait remonter l'information. Ce procédé permet de suivre assez rapidement l'évolution de l'épidémie.

5 Bibliographie

- [1] ANDERSON R.M. et MAY R.M., *Population Biology of infectious diseases*, part I, Nature 280, p. 361-367, 1979a.
- [2] ANDERSON R.M. et MAY R.M., *Population Biology of infectious diseases*, part II, Nature 280, p. 455-461, 1979b.
- [3] ANDERSON R.M. et MAY R.M., *Infectious diseases of humans: dynamics and control*, New York: Oxford University Press, 1991.
- [4] ARINO J., DAVIS J., HARTLEY D., JORDAN R., MILLER J., VAN DER DRIESSCHE P., *A multi-species epidemic model with spatial dynamics*, Math. Med. Biol., vol. 22, p. 129-142, 2005.
- [5] AURAY J.P., BONNEVAY S., BUI M., DURU G. et LAMURE M., *Prétopologie et applications : un état de l'art*, Studia Informatica Universalis, Vol. 7.1, p. 27-44, 2009.
- [6] BAILEY N.T.J., *The Mathematical Theory of Infectious Diseases and its Applications*, Hafner Press, New York, 1975.
- [7] BARTLETT M.S., *The critical community size for measles in United States*, J.R. Stat. Soc. A 123, p. 37-44, 1960.
- [8] BERNOULLI D., *Essai d'une nouvelle analyse de la mortalité causée par la petite vérole, et des avantages de l'inoculation pour la prévenir*, Histoire de l'Académie royale des sciences : mémoires de mathématiques et de physique, p. 1-40, 1766.
- [9] BRACONOT P. et MARTI O., *La modélisation du climat*, laboratoire des sciences du climat et de l'environnement CEA-CNRS, direction des sciences de la matière, CLEFS CEA, n°47, p. 16-22, hiver 2002-2003.

- [10] BRAUER, F., *La modélisation des épidémies*, MITACS, 6th Annual Conference, 2005.
- [11] BROUTIN H., ELGUERA E., SIMONDON F. et GUEGAN J.F., *Spatial dynamics of pertussis in a small region of Senegal*, in *Proceeding of the Royal Society, Lond B.*, 271, p. 2901-2998, 2004.
- [12] BROWNLEA A.A., *Modelling the geographic epidemiology of infectious hepatitis*, in *Medical Geography: Techniques and Field Studies*, N.D. McGlashan (Ed.), p. 279-300, 1972.
- [13] CARRAT F., LUONG J., LAO H., SALLE A.-V., LAJAUNIE C. et WACKERNAGEL H., *A 'small-world-like' model for comparing interventions aimed at preventing and controlling influenza pandemics*. BMC Medecine, 2006.
- [14] CLIFF A.D., HAGGETT P. et SMALLMAN-RAYNOR M.R., 2000. *Island Epidemics*, Oxford University Press, p. 563.
- [15] CLIFF A.D. et SMALLMAN-RAYNOR M.R., *War Epidemics: a Geography of Infectious Diseases in Military Conflict and Civil Strife, 1850-2000*, Oxford University Press, p. 800, 2004.
- [16] DALUD-VINCENT M., BRISSAUD M., LAMURE M., *Closed sets and closures in pretopology*, *International Journal of Applied Mathematics*, 2007.
- [17] ELIOT E., *Eléments et propositions pour une géographie du VIH / SIDA en Inde*, in *Espace, Populations et Sociétés*, « maladies émergentes et reviviscentes », 2, p. 179-194, 2000a.
- [18] ELIOT E., *La diffusion du VIH en Inde : test d'un modèle de gravitation*, in *L'Espace Géographique*, 29 (3), p. 255-262, 2000b.
- [19] FERBER J., *Les systèmes multi-agents : Vers une intelligence collective*, InterEditions, 1995.
- [20] GILG A.W., *A study in agricultural disease diffusion : the case of the 1970-71 fowl-pest epidemic*, in *Institute of British Geographers, Publications*, 59, p. 77-97, 1973.
- [21] GOULD P., *The search for spatiotemporal information: predicting the next map of AIDS*, in *Systema Terra*, 3, p. 24-27, 1994.
- [22] GRENFELL B.T. et HARWOOD J., *(Meta) population dynamics of infectious diseases*, *Tree* 12, p. 395-399, 1997.
- [23] GRENFELL B.T., BJORNSTAD O.N. et KAPPEY J., *Travelling waves and spatial hierarchies in measles epidemics*, *Nature* 414, p. 716-723, 2001.
- [24] HUNTER J.M. et YOUNG J.C., *Diffusion of influenza in England and Wales*, in *annals of the Association of American Geographers*, 61, p. 637-653, 1971.
- [25] KERMACK W.O et MCKENDRICK A.G., *A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics*, *Proc. Roy. Soc. Lond. A* 115, p. 700-721, 1927.
- [26] LAMURE M., BONNEVAY S., BUI M. et BEN AMOR S., *Modélisation et simulation de la pollution urbaine - un modèle aléatoire, prétopologique pour la ville de Ouagadougou*, *Studia Informatica Universalis*, Vol. 7.1, p. 27-44, 2009.
- [27] LE PONT F., VALLERON A.J, FLAHAUT A., CHAU N.P. et GUIGET M., *Modèles mathématiques de diffusion de l'épidémie de SIDA*, *revue de la littérature, rétrovirus*, vol. 2, p 107-122, 1989.
- [28] LOYTONEN M. and ARBONA S.I., *Forecasting the AIDS epidemic in Puerto Rico*, in *Social Sciences and medicine*, 42(7), p. 997-1010, 1996.
- [29] PUZIN D. et VALLERON A.J., *La modélisation de l'épidémie de SIDA*, *Hôp Paris*, vol. 110, p. 19-21, 1989.
- [30] ROHANI P., EARN D.J., GRENFELL B.T., *Impact of immunisation on pertussis transmission in England and Wales*, *Lancet* 355, 285-286, 2000.
- [31] SANTOS DOS C.B., BARBIN D., CALIRI A., *Percolation and the epidemic phenomenon: a temporal and spatial approach of the illness spread*, *Scients Agricola*, vol. 55, n° 3, p. 418-427, 1998.
- [32] SIMOES J.M., *A complex system approach to spatial epidemic*, 2005, in http://www.conferences.unimelb.edu.au/smocs05/SMOCSV_Papers/simoes.pdf.
- [33] SOBESKY M., NADAL J.M., PRADINAUD R., DEMEULEMEESTER R., DABIS F., LE BEUX P., *Modélisation de l'épidémie du SIDA en Guyane Française*, *Science de la vie*, vol. 26, n°2, p. 109-114, 1996.
- [34] WOOLDRIDGE M., *An Introduction to MultiAgent Systems*, John Wiley & Sons, 2002.