



Fiche pédagogique Collectif MAPS 	Modèle EpiSim 	Mai 2014
		MAPS 3
		http://maps.hypotheses.org

Domaine d'application : écologie, épidémiologie

Spécificité pédagogique : comparaison *macro* (modèle mathématique) / *micro* (multi-agents) ; *Network extension* de Netlogo

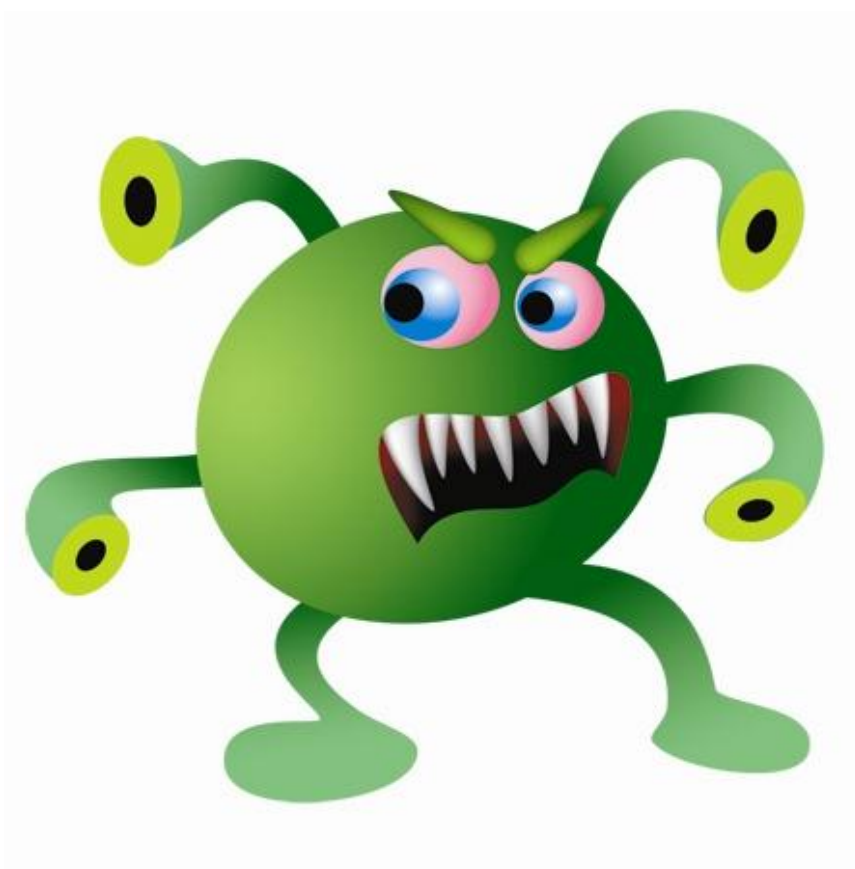
Niveau du public visé : niveau intermédiaire à avancé

Nom du modèle correspondant : EpiSim

Version NetLogo nécessaire : NetLogo 5.0.4

Auteurs : Eric Daudé (IDEES, Rouen), Vincent Laperrière (ESPACE, Aix Marseille), Rémi Lemoy, Sébastien Rey, Paul Salze (Strasbourg)

EpiSim : simulation d'épidémies



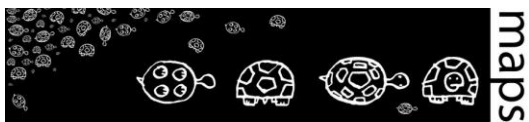



Collectif MAPS 	EpiSim 	Mai 2014
		MAPS 3
		http://maps.hypotheses.org

TABLE DES MATIERES

A. DESCRIPTION DU MODÈLE MATHÉMATIQUE SIR	3
B. CONTEXTUALISATION DU MODÈLE.....	5
C. IMPLÉMENTATION ET EXPLORATION DU MODÈLE DISTRIBUÉ EPISIM	7
Etape 1 : Le modèle distribué SIR a-spatial	7
Etape 2 : Le modèle distribué SIR spatial avec voisinage local	8
Etape 2bis : Le modèle distribué SIR spatial avec voisinage local et contacts inter-individuels explicites	9
Etape 3 : Influence de la structure des contacts sur le développement épidémique.....	11
D. MANIPULATION DU MODÈLE	15
Etape 0 : Le modèle mathématique SIR	16
Etape 1 : Le modèle distribué SIR a-spatial	16
Etape 2 : Le modèle distribué SIR spatial avec voisinage local	17
Etape 2bis : Le modèle distribué SIR spatial avec voisinage local et contacts inter-individuels explicites	17
Etape 3 : le modèle distribué avec contacts inter-individuels spécifiés d'après un réseau de contacts potentiels.....	18
E. BIBLIOGRAPHIE	20

Collectif MAPS 	EpiSim 	Mai 2014 MAPS 3 http://maps.hypotheses.org
--	---	---

Dans le domaine des épidémies, les premiers travaux de modélisation datent du début du 20^{ème} siècle. Il s'agit alors de mettre en équations les connaissances acquises sur la propagation des épidémies et d'étudier analytiquement le comportement de ces modèles. Le modèle SIR (*Susceptible-Infected-Recovered*) proposé par Kermack-McKendrick (1927) est l'un des premiers modèles qui vise à explorer la question relative à l'apparition, la diffusion et l'arrêt d'une épidémie au sein d'une population. Ce modèle repose sur la répartition d'une population en trois catégories qui représentent le statut épidémique des individus (S, I et R). Le modèle décrit par un système d'équations différentielles (1)¹ les flux d'incidence (qui représentent le nombre de nouveaux cas dans un pas de temps) et de guérison qui font varier les populations S, I et R (Figure 1).

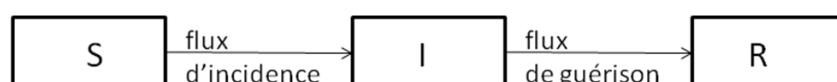




Figure 1. Schéma simplifié du modèle de Kermack-McKendrick (1927)

Eloge de la parcimonie, cette catégorie de modèles permet d'explorer la question des seuils en termes de densités de populations initiales S, I et R à partir desquelles une maladie peut se développer, ces valeurs seuils étant fonction des paramètres qui régissent l'incidence de la maladie et la guérison. La connaissance de ces seuils peut permettre une intervention ciblée pour la préservation des populations. Quelle proportion de la population faut-il vacciner pour qu'une épidémie ne se propage pas ? Quel est l'impact du taux de transmission sur l'incidence globale ?

Une des limites souvent évoquée de ce modèle est la non prise en compte de l'espace. En effet dans le cas d'une maladie transmissible comme la grippe ou la méningite, le caractère localisé des contacts interpersonnels favorisent la transmission du virus (contacts S-I) et sont un élément important de la dynamique du processus de diffusion. Le modèle classique ne tient pas compte de cette hétérogénéité des contacts locaux, il s'appuie sur un contact moyen au sein de la population par l'intermédiaire d'un paramètre global qui décrit le taux de contagion (hypothèse dite de *population mixing*, chaque individu interagit avec tout le monde). Le passage du modèle agrégé à sa version distribuée tente de dépasser cette limite. Nous présentons dans un premier temps un

¹ Cf . équation page suivante.

Collectif MAPS 	EpiSim 	Mai 2014 MAPS 3 http://maps.hypotheses.org
--	---	---

modèle épidémiologique agrégé puis développons dans la suite les étapes d'évolution de ce modèle vers un modèle de simulation individu-centré (Bian, 2004² ; Dunham, 2005).

A. Description du modèle mathématique SIR



Le modèle est décrit par le système d'équations différentielles suivant (Keeling & Rohani, 2008) :

$$(1) \begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N} \\ \frac{dI}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \alpha I \\ \frac{dR}{dt} = \alpha I \end{cases}$$

Le nombre d'individus infectés I augmente avec le flux d'incidence, qui est lié à la force de l'infection. Cette force de l'infection dépend d'un taux de contacts adéquats (suffisants) pour la transmission β , supposant que la probabilité de transmission de la maladie lors d'un contact est égale à un. $\beta I/N$ représente le nombre moyen de contacts qu'un susceptible entretient avec des infectés par unité de temps. Le nombre d'individus contaminés décroît avec le départ d'une partie de cette sous-population vers la catégorie *recovered* ou remis, en fonction d'un taux de guérison α par unité de temps. La valeur $(1/\alpha)$ représente la période infectieuse moyenne (Hethcote, 2005).

Un indicateur fondamental pour décrire la dynamique d'un tel système est le taux de reproduction de base R_0 , qui indique le nombre moyen d'infections secondaires causées par un individu infecté plongé dans une population totalement saine ($S-I \cong N$). Pour une épidémie caractérisée par une période infectieuse moyenne de $1/\alpha$ et un taux de transmission β , le taux de reproduction de base est égal à β/α , multiplié par la proportion de susceptibles dans la population initiale (quasiment égale à un). L'indicateur R_0 varie entre 0 et l'infini, avec une valeur de déclenchement de l'épidémie autour de 1 (Choisy *et al.*, 2007). Plus précisément une maladie infectieuse avec un R_0 donné ne se propagera que si la fraction de population susceptible est supérieure à $1/R_0$. Cette connaissance permet de rechercher un effet d'immunité de groupe, c'est-à-dire la proportion

² Les références entre parenthèses sont à retrouver dans la bibliographie, en fin de fiche.

<p>Collectif MAPS</p> 	<p>EpiSim</p> 	<p>Mai 2014</p> <p>MAPS 3</p> <p>http://maps.hypotheses.org</p>
--	---	--

d'individus qu'il faut vacciner pour éviter la propagation de la maladie. Dans une population isolée, ou sur une courte période, une maladie avec un R_0 donné ne se diffuse que si la proportion de susceptibles dépasse $1/R_0$. Réduire la proportion de la population susceptible S en dessous de cette valeur permet d'éviter la propagation. Ainsi si V est la proportion de la population vaccinée, V doit être supérieur à $1-(1/R_0)$ pour que la diffusion ne se réalise pas.

La Figure 2 représente le portrait de phase du modèle mathématique : chaque trajectoire représente la variation des proportions de susceptibles et d'infectés pour une simulation avec des valeurs différentes de ces deux proportions à l'initialisation. On y retrouve la valeur seuil $1/R_0$ pour la proportion de susceptibles initiale en-dessous de laquelle la proportion d'infectés ne peut que diminuer.

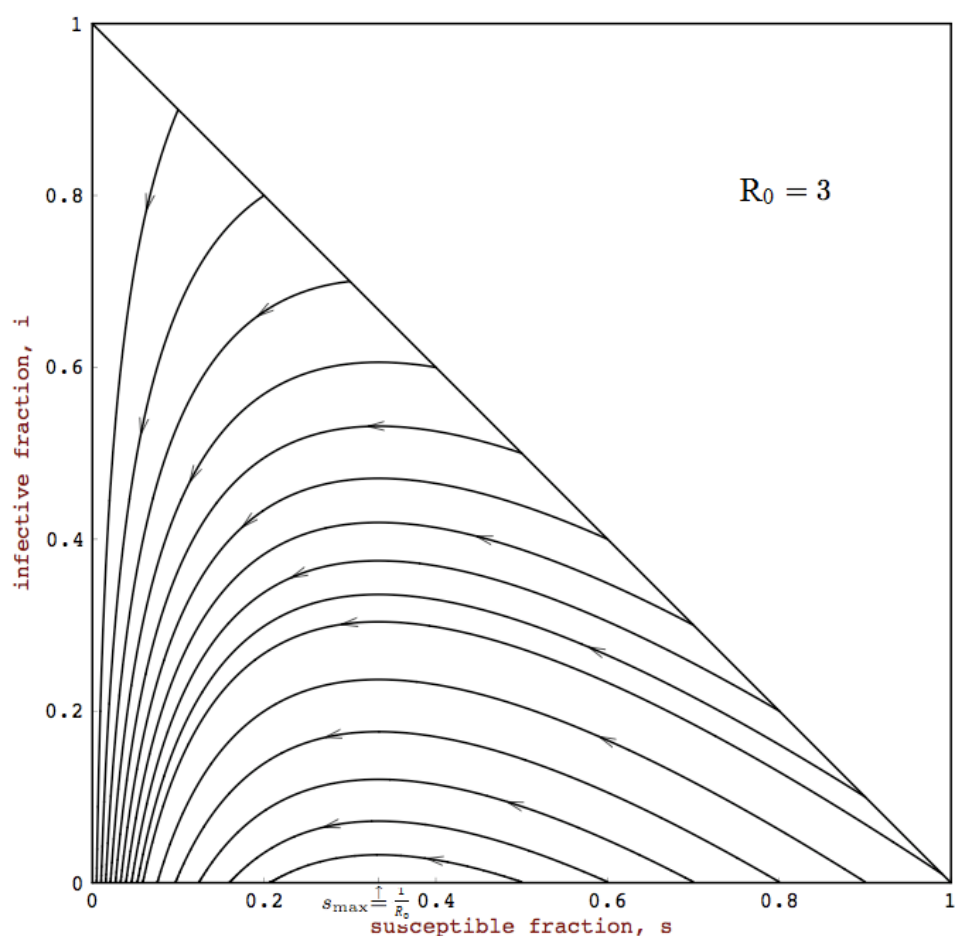
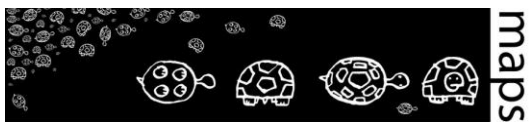



Figure 2. Portrait de phase du modèle mathématique SIR

Collectif MAPS 	EpiSim 	Mai 2014
		MAPS 3
		http://maps.hypotheses.org

B. Contextualisation du modèle

De nombreuses études s'appuient sur le modèle SIR afin de caractériser le développement d'une épidémie dans une population. Ce modèle est particulièrement adapté pour reproduire des épidémies infantiles telles que la rougeole et la rubéole ou des maladies fortement contagieuses telles que la grippe (Figure 3).

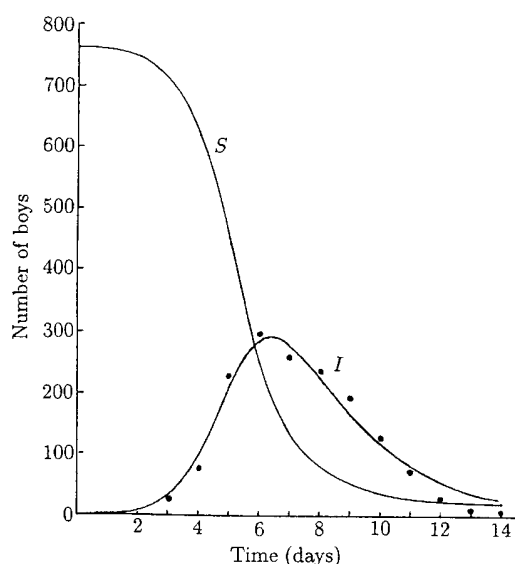
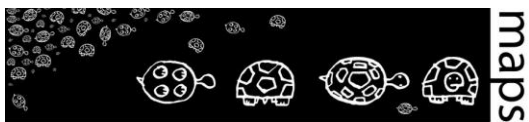



Fig. 19.3. Influenza epidemic data (•) for a boys boarding school as reported in British Medical Journal, 4th March 1978. The continuous curves for the infectives (I) and susceptibles (S) were obtained from a best fit numerical solution of the SIR system (19.1)–(19.3): parameter values $N = 763$, $S_0 = 762$, $I_0 = 1$, $\rho = 202$, $r = 2.18 \times 10^{-3}/\text{day}$. The conditions for an epidemic to occur, namely $S_0 > \rho$ is clearly satisfied and the epidemic is severe since R/ρ is not small.

Figure 3. Résultat du modèle mathématique SIR appliqué à la grippe dans une école anglaise

Des variantes à ce modèle SIR existent pour coller au plus près d'épidémies spécifiques. Il est possible de rajouter des compartiments (E pour exposed, D pour Death, M pour immunité provisoire...) ou de « doubler » le modèle pour prendre en compte le genre par exemple. La multiplication des compartiments permet de jouer sur des règles de transmission différenciées notamment. Enfin dans le cadre d'épidémies vectorielles, de nouvelles populations peuvent être ajoutées (puces, rats, moustiques, bactéries...).

Collectif MAPS 	EpiSim 	Mai 2014 MAPS 3 http://maps.hypotheses.org
--	---	---

Dénégation : Dans la réalité, la taille de la population n'est pas fixe mais varie avec les migrations notamment, ou sur le long terme avec les décès et naissances.

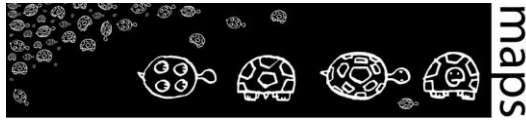

Réponse : Ce modèle caractérise des périodes épidémiques courtes, de quelques jours à quelques semaines, pour lesquelles les variations démographiques sont négligeables au regard du phénomène. Dans un contexte endémique, ces dynamiques de population peuvent être intégrées dans le modèle.

Dans ce modèle tout le monde se comporte de la même manière et chacun est susceptible d'interagir avec tout le monde. Ceci n'est pas très réaliste !

Effectivement ce modèle postule que les variabilités interindividuelles ne sont qu'un bruit que la loi des grands nombres permet de lisser. Par ailleurs le taux de contact qui factorise selon les auteurs des données environnementales, sociales et/ou spatiales masque en fait l'absence de prise en compte de l'hétérogénéité des interactions interindividuelles. Cette limite sera par la suite contournée, nous allons en effet changer le niveau de modélisation, en passant à un niveau individuel.

Le modèle ne prend pas en compte l'espace, or celui-ci agit sur la nature des contacts entre les personnes, qui se distribuent de manière hétérogène !

C'est une des raisons qui va nous conduire dans un premier temps à intégrer des interactions non plus globales mais locales entre les individus de la population.

Collectif MAPS 	EpiSim 	Mai 2014 MAPS 3 http://maps.hypotheses.org
--	---	---

C. Implémentation et Exploration du modèle distribué EpiSim

Sont détaillées dans cette section les différentes étapes de création d'un modèle multi-agents distribué, à partir de la version de base (étape 0) du modèle mathématique. Nous invitons le lecteur et utilisateur du modèle à se référer en parallèle à la section D de cette fiche, qui précise pour chacune des étapes les manipulations à effectuer sur l'interface graphique du modèle.

Etape 1 : Le modèle distribué SIR a-spatial

Une première étape dans la démarche de modélisation consiste à développer le modèle mathématique agrégé dans un formalisme multi-agents tout en conservant les hypothèses fondamentales du premier. Le passage d'un formalisme à l'autre impose de distribuer le modèle SIR à l'échelle de l'individu. Chaque agent est décrit selon son statut épidémiologique (*state*) à un instant donné, celui-ci évoluant selon : $S \rightarrow I \rightarrow R$ (Figure 4).

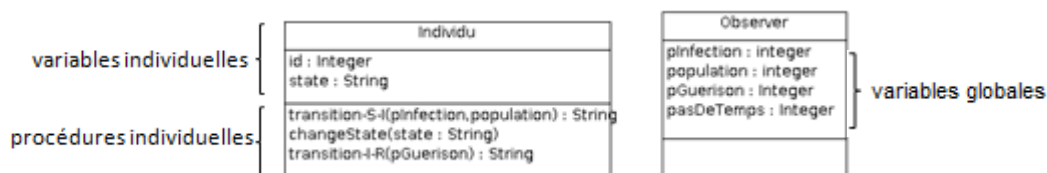
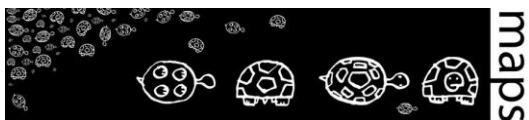



Figure 4. Diagramme de classes du modèle multi-agents

Dans cette première étape, même si les agents sont situés dans l'espace, celui-ci n'agit pas comme une contrainte aux interactions, les agents interagissent avec tout le monde en fonction du taux de contact β , on dira que le graphe d'interaction est trivial. Chaque agent dispose de deux fonctions de transitions telles que :

$$P(S \rightarrow I) = \beta * I / N \text{ avec } \beta = 1.66 \quad (2)$$

$$P(I \rightarrow R) = \alpha = 0.44 \quad (3)$$

Collectif MAPS 	EpiSim 	Mai 2014 MAPS 3 http://maps.hypotheses.org
--	---	---

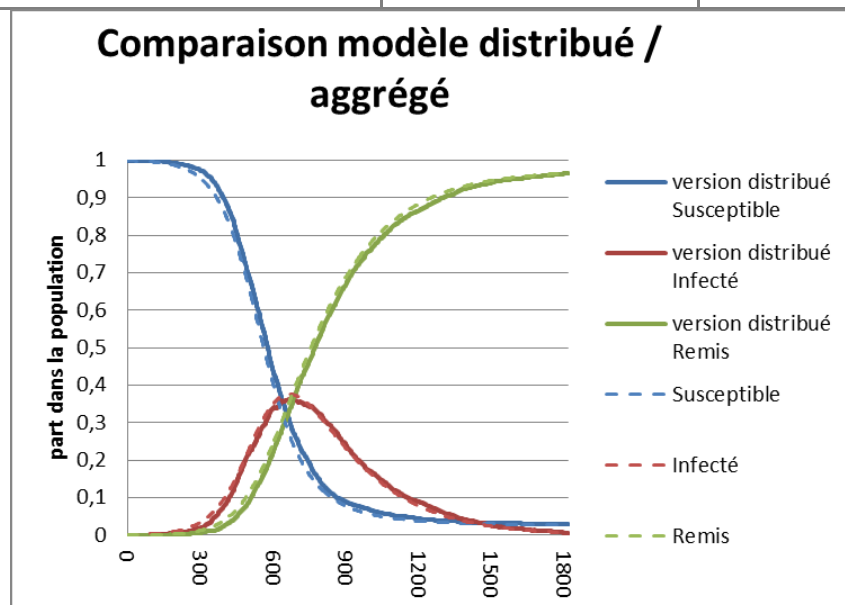


Figure 5. Comparaison de la version 0 (modèle mathématique) et de la version 1 (modèle distribué a-spatial) du modèle SIR



Avec un nombre moyen de contact égal à 1.66 et une probabilité de guérison égale à 0.45, la Figure 5 montre qu'il existe une parfaite adéquation entre le modèle agrégé a-spatial et le modèle distribué a-spatial.

Etape 2 : Le modèle distribué SIR spatial avec voisinage local

Dans une seconde version du modèle, les probabilités individuelles de transition sont calculées en fonction du voisinage local (rayon = 3) des agents (distance euclidienne autour de l'agent), mais les agents ont une mobilité sans limite dans le domaine, à chaque unité de temps.

$$P(S \rightarrow I) = \beta * I_{local} / N_{local} \text{ avec } \beta = 1.66 \quad (4)$$

$$P(I \rightarrow R) = \alpha = 0.44 \quad (5)$$

Collectif MAPS 	EpiSim 	Mai 2014
		MAPS 3
		http://maps.hypotheses.org

Etape 2bis : Le modèle distribué SIR spatial avec voisinage local et contacts interindividuels explicites

Nous choisissons enfin une approche totalement distribuée et comportementale, notée 2b sur les courbes de la Figure 6. Chaque agent « S » a un nombre de contacts n défini selon une loi de poisson de moyenne 1.66. Il rencontre effectivement n agents dans son voisinage V . Si l'état de l'un de ses n voisins est « I », alors $S \rightarrow I$.

$$P(S \rightarrow I) = 1 \text{ si } \sum_v I \geq 1 \quad (6)$$

$$P(I \rightarrow R) = \alpha = 0.44 \quad (7)$$

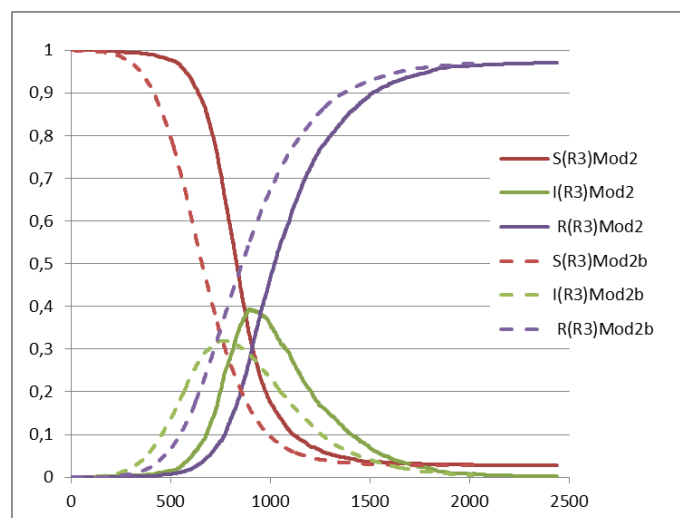




Figure 6. Comparaison de la version 2 et de la version 2bis du modèle distribué

Comme on l'a vu avec la Figure 5, la version 2 exhibe un comportement similaire au modèle *macro*. La version 2bis en revanche s'éloigne de ce comportement global, les taux de contamination étant moins élevés que dans le premier. La prise en compte du déplacement des agents, ainsi que le caractère localisé et contraint de leurs contacts agit sur la transmission du virus et « diminue » l'efficacité de sa propagation.

Sur la base de la version 2bis du modèle, la Figure 7 ci-après décrit le comportement du modèle lorsque varient à la fois le rayon d'interaction des agents et la mobilité des agents.

<p>Collectif MAPS</p> 	<p>EpiSim</p> 	<p>Mai 2014</p> <hr/> <p>MAPS 3</p> <hr/> <p>http://maps.hypotheses.org</p>
--	---	--

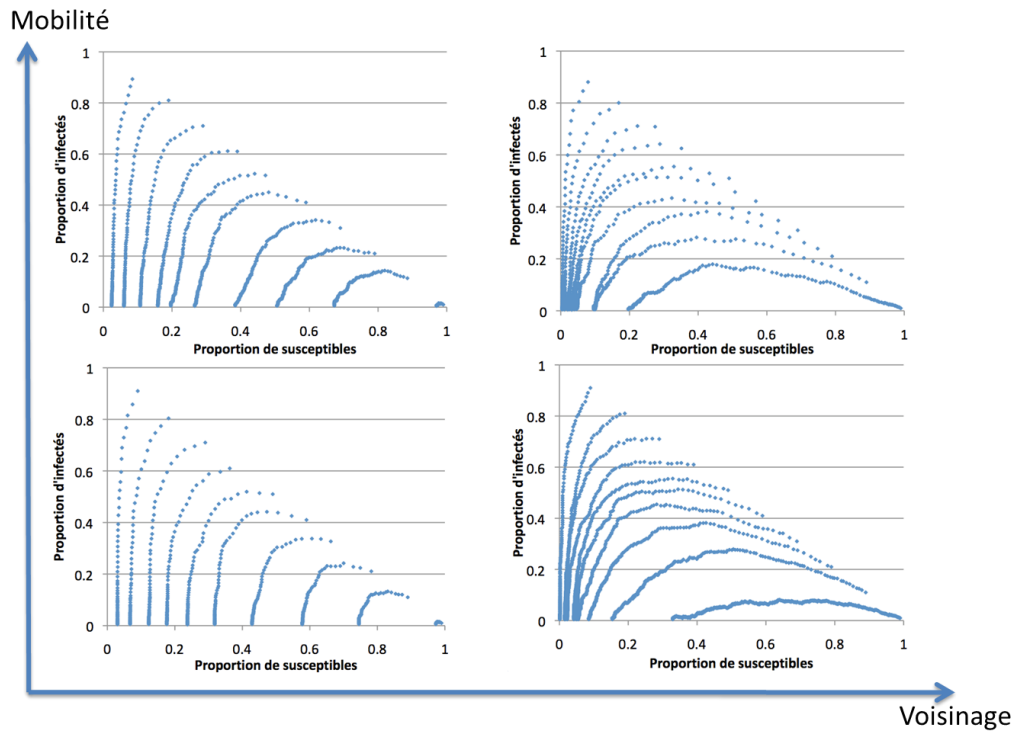


Figure 7. Conséquences de la mobilité et de l'augmentation du rayon de voisinage sur les trajectoires prises par le système

Que l'on peut schématiser par le graphique suivant :

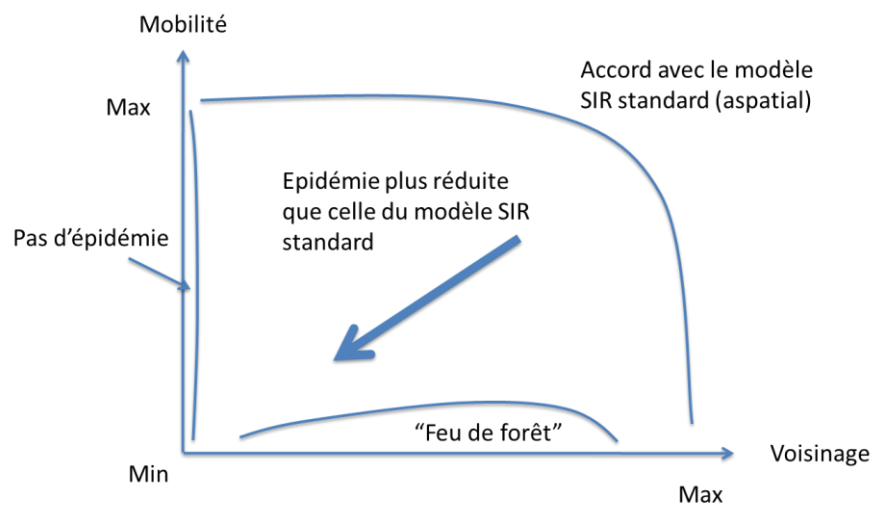




Figure 8. Schématisation des conséquences de la mobilité et de l'augmentation du rayon de voisinage sur la dynamique modélisée



Collectif MAPS 	EpiSim 	Mai 2014
		MAPS 3
		http://maps.hypotheses.org

La Figure 8 basée sur la version 2bis du modèle montre sous quelles conditions paramétriques les taux d'incidence des 2 modèles sont équivalents. Il y a accord entre le modèle SIR standard, c'est-à-dire a-spatial, et le modèle multi-agents, quand la dynamique du modèle multi-agents tend justement vers une dynamique a-spatiale, où les contraintes spatiales n'existent pas. C'est ce qui se passe lorsque le voisinage des agents est sans limite, c'est-à-dire lorsque chaque agent interagit avec tous les autres. C'est également le cas lorsque le voisinage est non nul et que la mobilité est maximale. En effet, dans ce dernier cas, les déplacements aléatoires de tous les agents à chaque itération conduisent également à une probabilité d'interaction de chaque agent avec tous. D'autre part, quand la mobilité est très réduite, les agents ne se déplacent pas et la propagation de l'épidémie, lorsque le voisinage a une taille intermédiaire (c'est-à-dire ni nulle ni maximale), ressemble à la dynamique des modèles de feu de forêt (Langlois & Daudé, 2007).

Etape 3 : Influence de la structure des contacts sur le développement épidémique

Dans la version spatiale du modèle présentée précédemment (étape 2), les individus sont répartis aléatoirement dans l'espace. Les contacts s'effectuent au hasard, globalement ou localement, selon les contraintes spatiales imposées lors de la mise en place de l'expérience. Aucune structure de contacts potentiels n'est donc définie *a priori* (il serait possible de reconstruire *a posteriori* le graphe des contacts qui se produisent effectivement au cours de la simulation pour en étudier la topologie).

Dans une nouvelle étape (étape 3 « réseau ») de la modélisation, on se propose donc de maîtriser en entrée du modèle la structure des contacts potentiels, et donc les graphes d'interaction entre les agents. Chaque individu est représenté par un nœud, et ses contacts potentiels sont représentés par un ensemble de liaisons, qui constituent son voisinage (son réseau de contacts potentiels). Au cours de la simulation, il réalise des contacts avec des individus choisis parmi ce voisinage, mais le nombre de contacts est limité par le paramètre *nombre moyen de contacts* issu de l'étape 2 du modèle (fixé à 1.66,

Collectif MAPS 	EpiSim 	Mai 2014 MAPS 3 http://maps.hypotheses.org
--	---	---

distribution selon une loi de Poisson). Nous testons différents graphes afin d'étudier le rôle de leurs typologies sur la diffusion d'une épidémie (Fig. 9, 10, 11) :

- **Graphe régulier** : graphe dans lequel tous les sommets ont le même nombre k de voisins, on parle de graphe k -régulier.
- **Graphe aléatoire à distribution des degrés fixée** : le nombre d'arêtes est défini préalablement pour obtenir une distribution des degrés voulue, puis chaque arête connecte deux sommets pris au hasard.
- **Graphe *small world*** (petit monde), vu comme un intermédiaire entre le graphe régulier et le graphe aléatoire. Pour le générer, on part d'un graphe régulier et on réaffecte aléatoirement un pourcentage donné d'arêtes.
- **Graphe *scale free*** (invariant d'échelle) c'est-à-dire hiérarchisé ou en étoile, qui présente une distribution très hétérogène du nombre k de voisins des nœuds, égal à une loi de puissance.

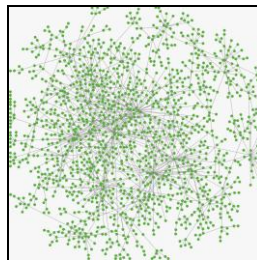


Figure 9. Exemple de graphe *scale free* pour 1500 nœuds et 1502 liens

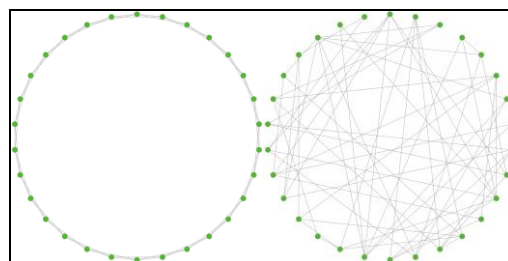


Figure 10. Exemples de réseaux réguliers (à gauche) et aléatoires (à droite) pour 30 nœuds et 60 liens. Les nœuds sont arbitrairement disposés en cercle.

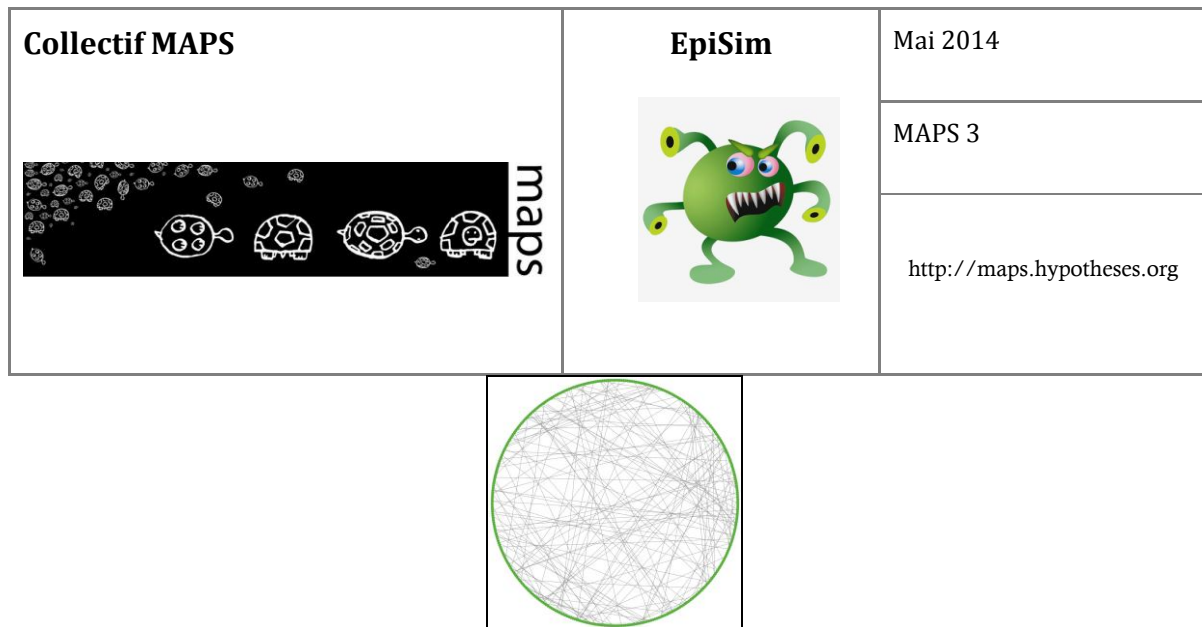


Figure 11. Exemple de réseau *small world*, pour 1500 nœuds et 3000 liens, intermédiaire entre un réseau régulier et un réseau aléatoire

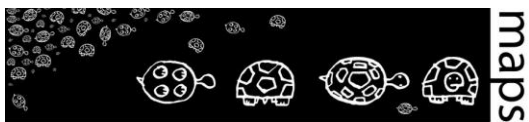

Ces graphes peuvent être caractérisés selon différents indicateurs topologiques globaux (tableau 1), tels que :

- **Degré moyen K** : ou nombre moyen de liens incidents à un nœud.
- **Coefficient d'agglomération C ou *clustering coefficient*** : mesure la tendance du réseau à présenter des *clusters*, c'est-à-dire des groupements de nœuds fortement liés entre eux et mal reliés au réseau global.
- **Moyenne des plus courts chemins L** : moyenne des distances les plus courtes permettant de relier un nœud à n'importe quel autre nœud du graphe.

Graphes	régulier	aléatoire	<i>small world</i>	<i>scale free</i>	clusterisé
K	Selon spécification (4 ; 6 ; 8 ; 10 ; 12)	Selon spécification (4 ; 6 ; 8 ; 10 ; 12)	Selon spécification (4 ; 6 ; 8 ; 10 ; 12)	Faible (distribution selon loi de puissance)	Selon spécification
C	Elevé	Faible	Elevé	Nul	Elevé
L	Elevé	Faible	Faible	Faible	Faible

Tableau 1. Synthèse des différents types de graphes considérés dans le modèle EpiSim et de leurs indicateurs topologiques associés

Nous présentons les résultats de simulations réalisées à partir d'un réseau clusterisé avec 3 valeurs paramétriques testées pour le *degré-k* (6, 8 et 12), qui correspondent à des valeurs (élevé, moyen, faible) pour *L*. Ainsi lorsque le réseau choisi possède un degré-k

<p>Collectif MAPS</p> 	<p>EpiSim</p> 	<p>Mai 2014</p> <p>MAPS 3</p> <p>http://maps.hypotheses.org</p>
--	---	--

élevé, le coefficient d'agglomération C est élevé, et la moyenne des distances les plus courtes L tend à diminuer. Au contraire, plus le réseau présente un degré k faible, plus la moyenne des distances les plus courtes tend à augmenter.

Plusieurs indicateurs en sortie sont calculés : la proportion, dans la population totale, des individus contaminés au pic de contamination (MaxI) ; l'intervalle inter-quartiles (IIQ) qui nous fournit une indication quant à la durée de l'épidémie ; le pourcentage cumulé d'infectés au terme de l'épidémie (*Recovered*). D'une manière générale, les simulations montrent que plus le réseau est connecté, plus l'épidémie est rapide et importante.

Nous étudions ensuite l'influence du paramètre R_0 (égal au ratio du produit de la probabilité d'infection et du nombre moyen de contacts sur la probabilité de guérison) sur les mêmes indicateurs en sortie, toujours en faisant varier le paramètre de *degré-k*.

Les simulations (Figure 12) montrent un décalage temporel important selon le paramètre de *degré-k* : l'épidémie "décolle" plus rapidement lorsque la connectivité augmente, à valeur R_0 équivalente. Par ailleurs la valeur seuil du R_0 pour obtenir une épidémie "fulgurante" (hyper-rapide qui touche tout le monde en très peu de temps) est d'autant plus faible que la connectivité est forte. On note également que la valeur du R_0 nécessaire pour que l'épidémie touche la quasi-totalité de la population peut être inférieure à 1 lorsque le réseau est fortement connecté.

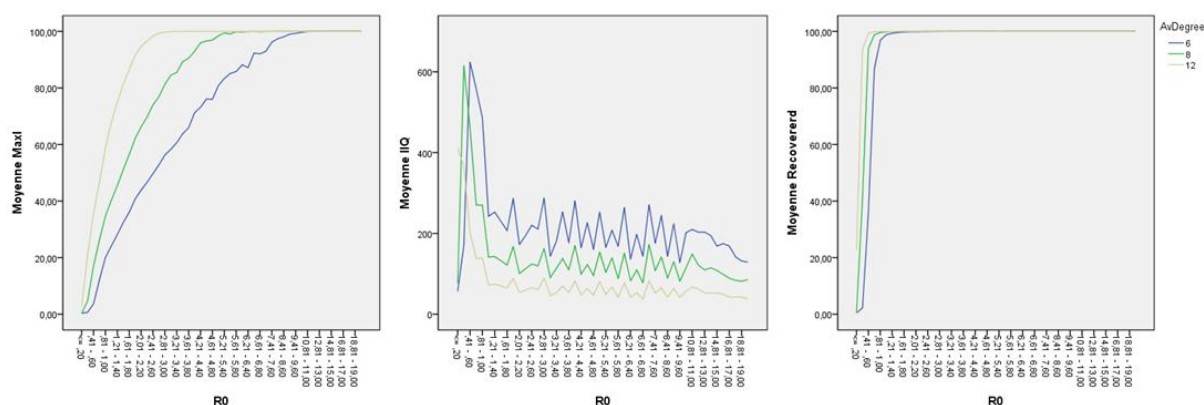




Figure 12. Influence du taux de reproduction de base R_0 sur le développement épidémique pour un ensemble de simulations réalisées sur la base d'un réseau clusterisé spécifié selon trois valeurs différentes de degré (6, 8 et 12)



Collectif MAPS 	EpiSim 	Mai 2014
		MAPS 3
		http://maps.hypotheses.org

D. Manipulation du modèle EpiSim

Les différentes versions du modèle présentées ici sont calibrées par rapport aux données de la grippe reportées dans le British Medical Journal daté du 4 mars 1978. Les paramètres de référence correspondants et les conditions initiales du modèle sont donnés dans le tableau 2.

Paramètre/condition initiale	Dénomination EpiSim	Valeur de référence	Remarque
Taux de contact	« nbre-moyen-contacts »	1.66	nombre moyen de contacts par individu et par unité de temps, choisis parmi un voisinage local ou dans la population totale selon la version du modèle. Dans la version « réseau », le voisinage d'un individu, qui désigne les contacts potentiels, est défini par le degré du nœud correspondant. Si la taille du voisinage est inférieure à « nbre-moyen-contacts », alors ce paramètre prend la valeur de la taille du voisinage
Probabilité d'infection lors d'un contact S-I	« pInfection »	1	cette probabilité est par défaut fixée à 1 comme le plus souvent considéré dans le modèle mathématique
Probabilité de guérison / période infectieuse	« pGuerison »	0.45 / 2.22	Si le chooser « Guérison » est sur « probabilité », alors il s'agit d'une probabilité individuelle de guérison, (à l'instar du taux de guérison considéré dans le modèle mathématique). S'il est sur « temps fixe », alors il s'agit d'une période infectieuse identique pour tous les individus. S'il est sur « temps aléatoire », alors les périodes infectieuses individuelles sont différenciées selon une distribution Poisson de moyenne donnée par la valeur de référence
Taux de reproduction de base	R_0	3.7	Le taux de reproduction de base est estimé d'après la formulation mathématique suivante : $R_0 = \text{nbre-moyen-contacts} * p\text{Infection} / p\text{Guerison}$
Population initiale	« number-of-nodes »	1000	
Nombre d'infectés initial	« nbre_inf_INI »	1	

Tableau 2. Paramètres et conditions initiales du modèle EpiSim

<p>Collectif MAPS</p> 	<p>EpiSim</p> 	<p>Mai 2014</p> <p>MAPS 3</p> <p>http://maps.hypotheses.org</p>
--	---	--

Etape 0 : Le modèle mathématique SIR

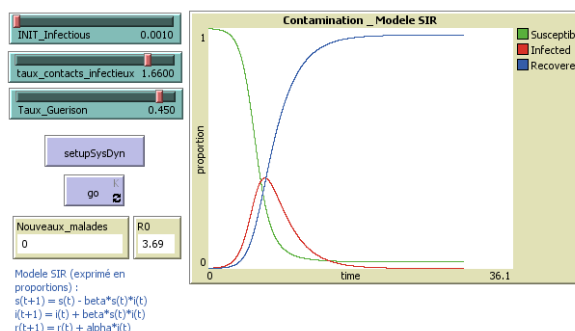




Figure 13. Interface du modèle mathématique EpiMath

- Ouvrir le modèle Epimath.nlogo avec Netlogo 5.0.1. N.B : les populations (s,i,r) sont exprimées en proportions ($n = 1$)
- Initialiser le modèle et lancer une simulation. Le modèle est paramétré tel qu'il permette de reproduire l'épidémie de grippe reportée dans le British Medical Journal daté du 4 mars 1978.
- Vous pouvez explorer le comportement du modèle mathématique en faisant varier le taux de contact infectieux ou le taux de guérison, en recherchant des valeurs de R_0 proche de 1, etc.
- Les résultats de ce modèle agrégé sont ensuite comparés aux résultats du modèle distribué (étape suivante), sous les mêmes conditions paramétriques.

Etape 1 : Le modèle distribué SIR a-spatial

- Ouvrir le modèle EpiSim.nlogo avec Netlogo 5.0.1.
- Choisir « none » pour le sélecteur « network » (les agents ne sont pas structuré en réseau), « implicit » pour le sélecteur « interactions » (chaque agents agit potentiellement avec tous les agents de son voisinage) et « global » pour le

Collectif MAPS 	EpiSim 	Mai 2014 MAPS 3 http://maps.hypotheses.org
--	---	---

sélecteur « neighbourhood » (le voisinage de chaque agent est infini). Le choix *on/off* pour l'interrupteur « IndividualStatic ? » n'est pas important à cette étape.

- Initialiser (bouton setup) puis lancer (bouton go) une simulation.

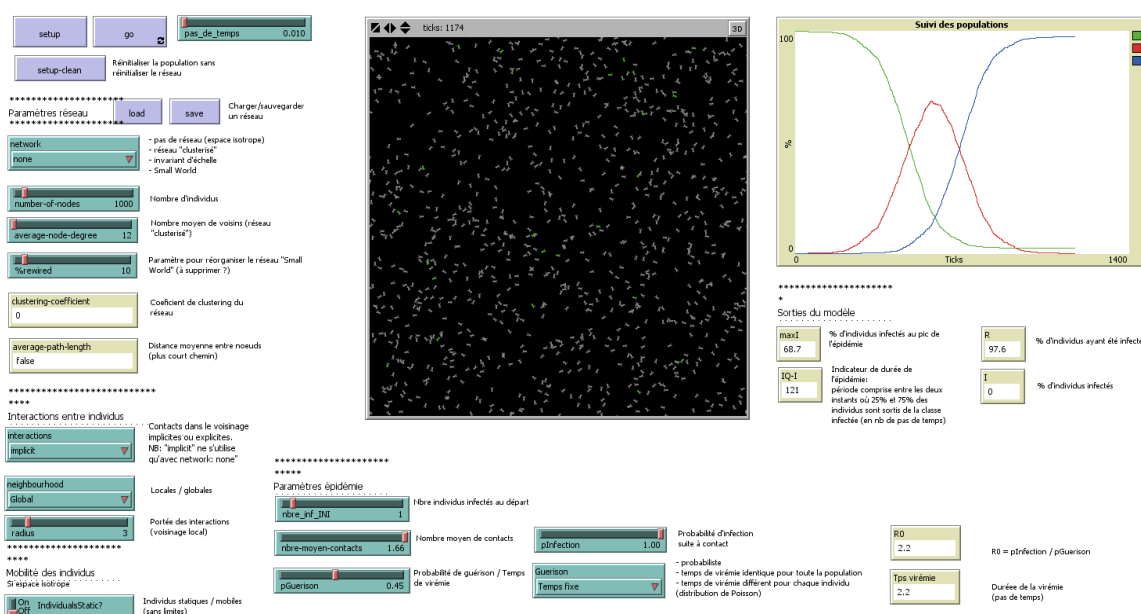




Figure 14. Interface du modèle multi-agents distribué EpiSim

Etape 2 : Le modèle distribué SIR spatial avec voisinage local

- Sélectionner « Local » pour le sélecteur « neighbourhood » (le voisinage de chacun des agents est contraint à une certaine distance de lui-même), mettre le curseur « radius » à 3 (la contrainte de voisinage est défini à 3 cellules autour de l'agent) et mettre en position « off » l'interrupteur « IndividualStatic? » (les agents sont mobiles, ils peuvent se déplacer dans tout le domaine).
- Initialiser (bouton setup) puis lancer (bouton go) une simulation.

Etape 2bis : Le modèle distribué SIR spatial avec voisinage local et contacts interindividuels explicites

<p>Collectif MAPS</p> 	<p>EpiSim</p> 	<p>Mai 2014</p> <p>MAPS 3</p> <p>http://maps.hypotheses.org</p>
--	---	--



- Sélectionner « explicit » pour le sélecteur « interactions » (l'agent n'interagit au cours d'une itération qu'avec les agents qui sont dans son voisinage tel que définit précédemment par « neighbourhood » et par « radius »).
- Initialiser (bouton *setup*) puis lancer (bouton *go*) une simulation.
- Tester l'influence de la portée du voisinage local et de la mobilité en modifiant le curseur « radius » et en modifiant la position *on/off* de l'interrupteur « IndividualStatic ? ».

Etape 3 : le modèle distribué avec contacts inter-individuels spécifiés d'après un réseau de contacts potentiels

Sélectionner un type de réseau à l'aide du sélecteur « network » :

- Sélectionner un type de réseau à l'aide du chooser « network » :
- Pour créer un **réseau régulier**, sélectionner « small world 4, 6, 8 ou 12 » selon le degré (nombre de voisins moyen) souhaité et déplacer le slider « %rewired » à 0%.
- Pour créer un **réseau aléatoire**, sélectionner « small world 4, 6, 8 ou 12 » selon le degré (nombre de voisins moyen) souhaité et déplacer le slider « %rewired » à 100%.
- Pour créer un **réseau de type « small world »**, sélectionner « small world 4, 6, 8 ou 12 » selon le degré (nombre de voisins moyen) souhaité et déplacer le slider « %rewired » à 10%.
- Pour créer un **réseau de type « clusterisé »**, sélectionner « clustered » puis déplacer le slider « average-node-degree » à la valeur souhaitée.
- Pour créer un **réseau de type « scale free »**, sélectionner « scale free ». N.B : le degré moyen du réseau « scale free » n'est pas maîtrisable

Ensuite il faut définir le nombre de nœuds et initialiser le modèle :

Collectif MAPS 	EpiSim 	Mai 2014 MAPS 3 http://maps.hypotheses.org
--	---	---

- Spécifier un nombre de nœuds (représentant la taille de la population), par défaut cette valeur est fixée à 1000.
- Initialiser (bouton setup). Les variables décrivant la topologie (« average-degree », « clustering-coefficient », « average-path-length ») sont alors calculées. Puis, lancer (bouton go) une simulation.



Proposition pour explorer le comportement du modèle :

- Tester l'influence de la topologie du réseau, du réseau régulier au réseau aléatoire en passant par les réseaux « small world » et clusterisé pour un degré moyen fixé.
- Tester l'influence du degré moyen, pour une topologie fixée.

E. Conclusion

S'inscrivant dans le cadre thématique de l'étude de la diffusion des épidémies, l'intérêt pédagogique de cette fiche est de présenter les différentes étapes permettant de passer d'un modèle mathématique agrégé (*macro*) aux propriétés connues à un modèle informatique distribué (*micro*). L'objectif d'un tel changement d'échelle de modélisation est d'aller vers plus de réalisme quant aux hypothèses posées *a priori* et sur lesquelles reposent les différents modèles. Il s'agit en particulier de questionner le mécanisme de transmission d'épidémies par contact direct qui nécessite la coprésence de plusieurs individus. Dans cette optique, on passera ainsi successivement d'un modèle complètement a-spatial à un modèle où les contacts ont lieu dans un espace géographique isotropique, pour aboutir finalement à l'idée d'une diffusion basée sur des réseaux de contacts potentiels.

Plutôt que de chercher à explorer l'ensemble de l'espace des paramètres afin de cerner le fonctionnement du modèle, les quelques résultats présentés dans cette fiche visent essentiellement à montrer que si le passage du modèle *macro* au *micro* permet de s'appuyer sur des hypothèses de plus en plus réalistes, il s'accompagne cependant : i) d'un accroissement du nombre de paramètres qui complique d'autant la compréhension

Collectif MAPS 	EpiSim 	Mai 2014
		MAPS 3
		http://maps.hypotheses.org

de leurs rôles et influences respectifs, et ii) de la nécessité de poser d'autres hypothèses, entre autre quant aux structures de contacts, dont le réalisme peut également être questionné.

F. Bibliographie

Bian, L. (2004). "A conceptual framework for an individual-based spatially explicit epidemiological model." *Environment and Planning B: Planning and Design* 31 : 381-395.

Choisy, M., J. F. Guégan, et al. (2007). Mathematical modeling of infectious diseases dynamics. In : *Encyclopedia of Infectious Diseases: Modern Approaches*. M. Tibayrenc (éd.) Chichester, USA, Wiley & Sons Ltd. : 379-404.

Dunham, J. B. (2005). "An agent-based spatially explicit epidemiological model in MASON." *Journal of Artificial Societies and Social Simulation* 9(1).

Hethcote, H. W. (2005). The basic epidemiology model. In : *Mathematical understanding of infectious disease dynamics*. S. Ma et Y. Xia (éd.) National University of Singapore, Institute for Mathematical Sciences, Lecture Notes Series 16: 2-62.

Keeling, M., Rohani, R. (2008). *Modeling infectious diseases in human and animals*. Princeton University Press, p. 368.

Kermack, W. O., McKendrick, A. G. (1927). "A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics." *Proc. Roy. Soc. Lond. A* 115, 700-721.

Langlois, P., Daudé, E. (2007). "Concepts et modélisations de la diffusion géographique" *Cybergeog: European Journal of Geography* [En ligne], Systèmes, Modélisation, Géostatistiques, document 364, mis en ligne le 09 mars 2007, consulté le 04 avril 2014. URL : <http://cybergeog.revues.org/2898> ; DOI : 10.4000/cybergeog.2898.