

Dynamique des épidémies

Résumé

Notre travail a consisté à modéliser la dynamique d'une épidémie en fonction de comportements individuels face à la maladie.

Pour ce faire nous avons émis plusieurs hypothèses, la principale étant que plus la proportion de personnes informées de la présence d'une épidémie est élevée plus celles ci adapteront leur comportement et ainsi la maladie tendra à s'éteindre rapidement ou sa progression ralentira.

Nous avons également supposé qu'il existait un seuil à partir duquel l'épidémie se propagerait. Notre modélisation s'inspire du Jeu de la Vie. Pour réaliser ce travail nous nous sommes appuyés sur des bibliothèques de fonctions python existantes, dont les principales sont : Numpy pour la gestion de tableaux multidimensionnels du code, Matplotlib pour générer les images et enfin Imageio pour animer ces dernières.

Abstract:

Our work was about modeling an epidemic dynamic that involves individual behaviors.

We then made some assumptions. The main one is that the more people are reacting to the epidemic, the more its progression will be contained.

We also assumed that there is a critical threshold that induces the spreading of the disease.

Moreover, our model is similar to the game of life model and we relied on many python libraries.

Indeed, we mainly used Numpy to manipulate multidimensional tables more easily Matplotlib to display them and Imageio to animate these pictures.

Introduction

Notre projet consistait à montrer qu'un comportement local d'un individu peut avoir des conséquences sur la propagation d'une maladie et ainsi avoir une incidence globale. Notre équipe de développement est constituée de Vivien Demeulenaere, Louis Faure Comte, Cédric Lachemot et de Raphaël Graffigne.

Pour modéliser le phénomène décrit plus haut, nous avons fait le choix de représenter les individus par un plateau avec trois états possibles: malades, en rémissions ou sains auxquels est associée une couleur. Notre modélisation n'inclut pas de notion de spatialité illustrée par les déplacements des individus mais seulement une notion de temporalité. En effet, le plateau

évolue en fonction du temps et l'état des individus évolue en fonction de leurs 8 voisins et ceux même pour ceux sur les bords puisque le plateau a été modélisé comme un tore.

Présentation thématique

Le travail réalisé par notre équipe relève du domaine de la modélisation informatique en épidémiologie, plus précisément nous nous sommes préoccupés du lien entre la propagation d'une maladie au sein d'une population et les comportements individuels.

Nous avons fait plusieurs hypothèses, fixé certaines valeurs pour donner un cadre général à notre modèle :

- Nous avons supposé que les individus sont avertis lorsqu'une épidémie se propage (par les médias par exemple).
- Nos simulations sont réalisées sur une population de 10 000 individus, nous avons choisi ce nombre pour pouvoir rendre visible certains phénomènes liés à la notion de seuil épidémique, entre autres.
- Nous avons fixé un seuil épidémique moyen à partir des données de l'OMS et du réseau Sentinelles (voir références).

Le seuil épidémique se définit comme l'incidence d'une maladie à partir de laquelle il peut être considéré qu'une épidémie est en cours, l'incidence étant le nombre de nouveaux cas sur une période. Ce seuil joue un rôle important dans notre modèle car lorsqu'il est atteint la population reçoit l'information et chaque individu adopte une attitude particulière.

Il s'agira, en quelque sorte, d'une maladie « générique », « moyenne » pourrait-on dire aussi, qui se propage dans notre modèle, dont les caractéristiques s'apparentent à celles de la grippe, la gastro entérite, la rougeole et la varicelle.

La dynamique du phénomène étudié est intimement liée aux réactions de chacun.

Ces réactions se résument à l'adoption par chaque individu d'un comportement spécifique face à la maladie, à savoir :

- Se protéger soi-même afin d'éviter la contamination
- Protéger les autres de l'infection lorsqu'on est infecté
- Ne rien changer à ses habitudes qu'on soit malade ou pas.

Nous introduisons une échelle au sein de ces comportements :

- On se protège plus ou moins
- On protège les autres plus ou moins

Ce degré de protection des individus est lui aussi distribué aléatoirement.

Nous représentons aussi la contagiosité de la maladie, cette notion est figurée ici par le nombre d'individus malades situé dans un voisinage direct (éléments connexes de rang 1) nécessaires pour en rendre une autre malade (celui situé au centre d'une sous matrice 3*3)

Initialisation

La population, à l'état initial, est modélisée par une matrice 100*100 définie par la fonction :

`ini_plateau(ligne,colonne)`

Nous avons considéré une distribution aléatoire des comportements individuels de départ, ainsi qu'un état de santé initial également distribué aléatoirement à chaque individu.

Pour cela nous avons créé plusieurs fonctions notamment :

`rand_prob_infecte(prob1, prob2)`

`rand_prob_comportement(prob1, prob2, prob3)`

En plus des règles d'évolutions nous avons défini plusieurs variables globales qui elles aussi participent à la dynamique de notre modèle, notamment les suivantes :

SEUIL_EPIDEMIQUE

PROB_INFECTE_INCREMENTATION

PROB_REMISSION_INCREMENTATION

TAUX_INFECTIION

TAUX_REINFECTION

TEMPS_INFECTE

TEMPS_REMISSION

TEMPS_IMMUNISE

NB_REINFECTION

NB_INFECTES_TOUR_SUIVANT

NB_TOURS

La description de toutes ces variables figure en commentaire dans le code.

Les fonctions précédemment citées retournent des valeurs utilisées par la fonction `matrice_voisins` qui permet à la fonction `evolution` de construire une nouvelle matrice à chaque étape.

Evolution

Pour chaque individu, à partir de ses coordonnées sur le plateau, on extrait toutes les données le concernant, ainsi que les états des individus l'entourant, dans une matrice de taille 3x3 prévue à cet effet. Ensuite, on extrait de cette nouvelle matrice plusieurs valeurs, comme le nombre d'infectés ou la somme des états des voisins (les états étant représentés par des entiers) afin de les conserver pour la suite. Ensuite, on regarde l'état du sujet que l'on souhaite étudier.

- Si le sujet est dans l'état « sain », on regarde alors son compteur représentant le temps d'immunité qu'il lui reste avant que la maladie ait suffisamment mutée pour pouvoir le réinfecter. Si celui-ci est arrivé à 0, alors on regarde la somme des états des voisins qui, si elle dépasse le seuil fixé, cause l'infection du sujet au tour suivant. Sinon, le compteur décrémente de 1.
- Si l'individu est dans l'état « infecté », on regarde alors son compteur représentant cette fois le temps nécessaire au sujet pour combattre la maladie. Si ce compteur atteint la valeur requise, alors le sujet passe à l'état « en rémission ». Sinon, on incrémente le compteur suivant une fonction annexe prenant une probabilité choisie au préalable, et retournant 1 à cette fréquence, et 0 le reste du temps. Ainsi, on obtient une incrémentation aléatoire, ce qui permet de tenir compte des différences immunitaires entre les individus.
- Si l'individu est dans l'état « en rémission », on regarde le nombre de ses voisins qui possèdent le statut « infecté ». Si ce nombre est supérieur à un seuil fixé, alors le sujet retourne à l'état « infecté ». Cependant, ce retour à l'état « infecté » ne peut se faire qu'un nombre défini de fois, au-delà duquel on ne s'occupera plus de voir s'il ne peut pas se faire réinfecter. Si le sujet ne se fait pas réinfecter, on incrémente alors son compteur selon la même fonction que pour le statut « infecté » (Attention, la probabilité peut cependant différer), et, si celui-ci atteint le seuil fixé, alors le sujet passe à l'état « sain », et acquiert une immunité temporaire à la maladie.

Une fois ces modifications faites, on attribue à de nouvelles variables les 4 données concernant le sujet (à savoir son état, ses deux compteurs et son type de comportement), puis on retourne ces trois éléments sous forme de liste. Ainsi, en appliquant ces modifications séparément à tous les individus du plateau, et en reportant les quatre valeurs obtenues dans

un nouveau plateau, il nous est possible de créer le plateau correspondant à l'évolution du plateau de départ après une étape, puis le nombre d'étapes voulues en faisant ces opérations en boucle.

Comportements

Comme décrit précédemment, on introduit pour chaque individu un comportement tiré aléatoirement parmi quatre disponibles. Le premier étant dit « normal » et adaptatif au seuil épidémique c'est-à-dire que la personne aura une hygiène correcte et sera plus vigilante lorsque le statut d'épidémie sera officiellement déclaré. Ce seuil se trouve en moyenne à 200 cas pour 100 000 personnes mais varie évidemment d'une maladie à l'autre. Le deuxième comportement est identique au premier à l'exception que l'individu n'adaptera pas son comportement. Le troisième est « anormal », ce qui signifie qu'une personne qui le possède n'aura pas une bonne hygiène ou un accès aux soins plus limité. Cependant, ce dernier adaptera tout de même son comportement à l'épidémie. Enfin, le quatrième et dernier comportement sera également « anormal » mais cette fois-ci non-adaptatif. On affiche ensuite sous une forme de graphique 2D les comportements associés à chacun des individus à l'aide de la fonction :

`sauvegarder_image_comportement(plateau,afficher=False)`

qui en plus de sauvegarder l'image permet de l'afficher en mettant `True` en deuxième argument. Ainsi, chaque personne se verra associer un comportement sous la forme d'une couleur, vert pour le premier comportement, jaune pour le deuxième, orange pour le troisième et rouge pour le dernier.

Pour permettre de mieux mettre en avant l'effet de certains comportements, il est possible de mettre en place des regroupements ou clusters de comportement. Ces derniers seront créés en utilisant la fonction:

`cluster(plateau,x,y,cote,matrice,etat)`

et auront une forme carrée en partant du point passé en argument.

Conclusion

Nous nous sommes initiés à l'épidémiologie, nous avons perçu toute la complexité que représente l'étude des épidémies. Ce domaine est l'objet d'une recherche très active.

Par ailleurs nous nous sommes tous familiarisés avec l'utilisation du langage python, notamment avec ses bibliothèques de fonctions mathématiques et graphiques.

Ce travail a été très instructif pour chacun d'entre-nous.

Références :

Sites internet :

<https://www.who.int/fr> (OMS)

<https://websenti.u707.jussieu.fr/sentiweb/> (réseau sentinelles qui collecte en temps réel des données sur les maladies et leur propagation)

<http://invs.santepubliquefrance.fr>

<https://stackoverflow.com> (pour la résolution de certains problèmes liés au code)