
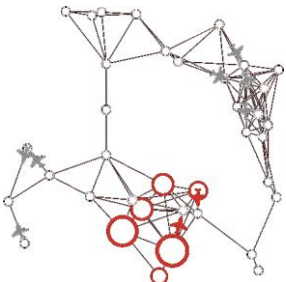


<b>Fiche pédagogique</b>  <b>Collectif MAPS</b>  	<b>Modèle MicMac</b>  	Mai 2014
		MAPS 4
		<a href="http://maps.hypotheses.org">http://maps.hypotheses.org</a>

**Domaine d'application :** mathématiques, informatique, épidémiologie, géographie

**Spécificité pédagogique :** Intégration de systèmes d'équations différentielles ordinaires et manipulation de réseaux dans Netlogo, couplage de modèles micro et macro, modélisation à différentes échelles

**Niveau du public visé :** Avancé

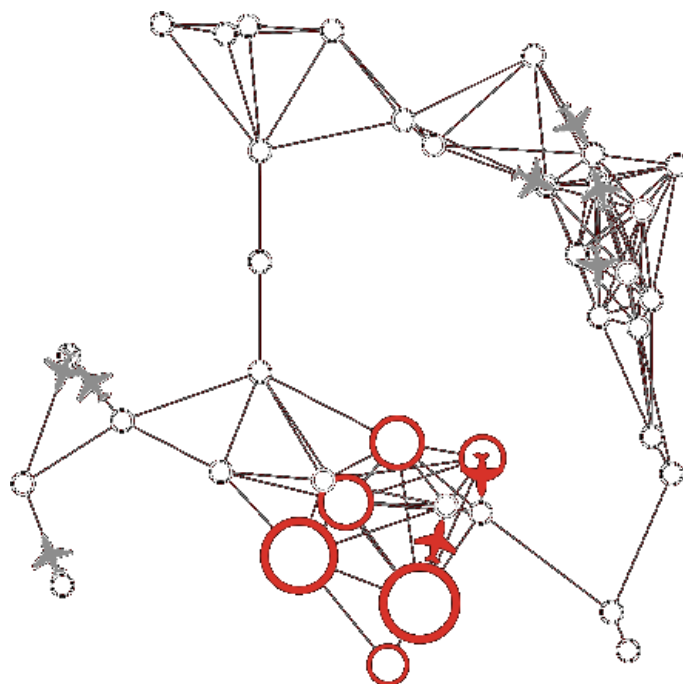
**Nom du modèle correspondant :** MicMac


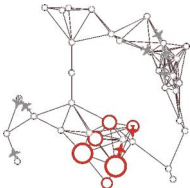
**Version NetLogo nécessaire :** Netlogo 4.1.3

**Auteurs :** Arnaud Banos (Géographie-Cités, Paris), Nathalie Corson (UMR DYNAFOR, Toulouse), Benoit Gaudou (IRIT, Toulouse), Vincent Laperrière (UMR ESPACE, Aix en Provence), Sebastien Rey Coyrehourcq (Géographie-Cités, Paris)

## MicMac


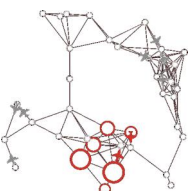
### Modélisation agrégative d'une épidémie dans un réseau de villes



<b>Collectif MAPS</b>  	<b>Modèle MicMac</b>  	Mai 2014  MAPS 4  <a href="http://maps.hypotheses.org">http://maps.hypotheses.org</a>
--	---	---

## TABLE DES MATIERES

<b>A. DEFINITION DU MODELE.....</b>	<b>3</b>
<b>B. CONTEXTUALISATION DU MODELE .....</b>	<b>3</b>
Un nœud, une ville, trois équations .....	4
Une arête, un axe de transport, des agents mobiles (avions) .....	9
Le réseau, couplage des deux modèles précédents .....	9
Les stratégies de contrôle d'une épidémie .....	9
<b>C. FONCTIONNEMENT DU MODELE.....</b>	<b>10</b>
Diagramme de classes et diagramme d'activité .....	10
Le fonctionnement général du modèle .....	11
<b>D. INTERFACE DU MODELE.....</b>	<b>17</b>
Les entrées.....	17
Le calage .....	22
Les sorties .....	22
<b>E. MANIPULATION DU MODELE.....</b>	<b>25</b>
Installation .....	25
Découverte du modèle .....	25
Effets des stratégies de contrôle .....	26
<b>F. CONCLUSION.....</b>	<b>26</b>
<b>G. BIBLIOGRAPHIE.....</b>	<b>27</b>

<b>Collectif MAPS</b>  	<b>Modèle MicMac</b>  	Mai 2014  MAPS 4  <a href="http://maps.hypotheses.org">http://maps.hypotheses.org</a>
--	---	---


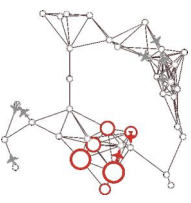
## A. Définition du modèle

MicMac est un modèle de propagation interurbaine de maladies infectieuses via le trafic aérien. La dynamique de l'épidémie est modélisée au sein de chaque ville selon le schéma SIR classique, qui spécifie les règles de transition entre les classes de populations Susceptibles, Infectées et Retirées. Les villes, qui émettent des flux d'individus se déplaçant en groupes vers d'autres villes, forment un réseau de villes considérées comme une métapopulation. Lors du déplacement en avion, un processus de contagion de type SIR intervient également. Ces différentes dynamiques (SIR sur les nœuds, mobilité, contagion pendant la mobilité) sont toutes synchronisées, applicables à différentes maladies à transmission inter-humaine directe et un indicateur d'erreur a été implémenté, permettant de vérifier la préservation des quantités gérées. Par ailleurs, des stratégies d'adaptation à l'épidémie ont été ajoutées, complexifiant ainsi la dynamique d'ensemble. Ces stratégies s'appliquent au niveau des nœuds (quarantaine), des avions (distribution de masques) ou des passagers (choix des destinations, décision de ne pas voyager en cas de symptômes). L'objectif est d'étudier à travers les simulations l'impact de la mise en place de ces différentes stratégies visant à contrôler les déplacements sur la dynamique épidémique globale. On cherchera quelle est la stratégie ou la combinaison de stratégies qui permettent de minimiser le pic épidémique et la durée de l'épidémie tout en minimisant les pertes de trafic qui représentent un coût économique.

## B. Contextualisation du modèle

Le choix d'un modèle *micro* ou *macro* pour un problème donné dépend de la problématique étudiée, de l'échelle de description, des résultats attendus, de la puissance de calcul disponible, etc.

*La modélisation individu-centrée* est de faible niveau d'abstraction. Elle est basée sur des règles données à chaque individu et permet un niveau de détail important, avec un nombre de paramètres qui peut devenir très grand. Le comportement des agents est évalué à chaque pas de temps, les interactions des individus entre eux et avec leur environnement sont prises en compte. L'utilisation de modèles individu-centrés peut donc nécessiter une grande puissance de calcul si le nombre d'agents impliqué est important. De tels modèles ne permettent que peu d'analyse analytique et les résultats sont obtenus par simulation.

<b>Collectif MAPS</b>  	<b>Modèle MicMac</b>  	Mai 2014  MAPS 4  <a href="http://maps.hypotheses.org">http://maps.hypotheses.org</a>
--	---	---

*La modélisation agrégative* est d'un niveau d'abstraction plus élevé, elle ne prend pas en compte les individus mais des populations entières, dont l'évolution est décrite par des équations différentielles qui moyennent les différences individuelles et globalisent les interactions entre individus. Un modèle agrégatif ne peut donc contenir un nombre trop élevé de paramètres et de variables, ni ne peut être appliqué à une population de petite taille. Ce type de modélisation permet par contre une étude analytique et, si l'on opte pour la simulation numérique, une exploration de l'espace des paramètres du modèle plus rapide.

Nous verrons que deux grandes difficultés sont soulevées :

- Le temps : une représentation du temps commune à ces deux catégories de modèles doit être définie.
- Le passage du continu au discret : les transitions entre modèles doivent être gérées de manière à assurer une préservation permanente des stocks de population.

L'équipe MicMac de MAPS4 a proposé une combinaison de ces deux approches de modélisation pour la simulation d'un même phénomène : la propagation d'une épidémie au sein d'une population structurée. L'idée ici est d'utiliser simultanément les deux types de modélisation pour les différentes composantes du modèle.


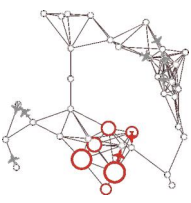
## Un nœud, une ville, trois équations

### 1. Le Modèle SIR

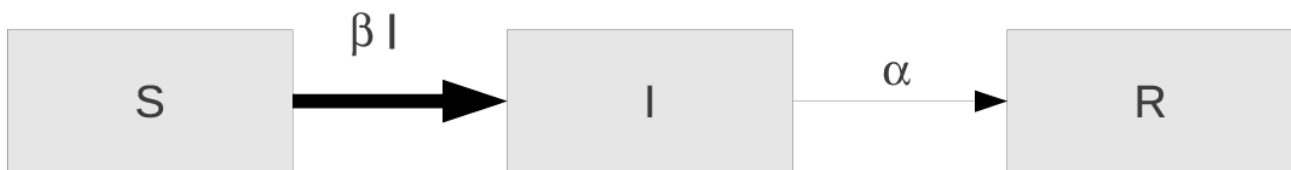
Au début du XX<sup>e</sup> siècle, W.O. Kermack (médecin de santé publique) et A.G. MacKendrick (biochimiste) ont publié un modèle simple de la propagation des épidémies par contact direct (voir [1]). Ils ont confronté leur modèle avec les données réelles de la diffusion de la peste de Bombay entre 1905 et 1906.

Pour leur modèle, ils ont considéré que les individus d'une population peuvent être répartis dans 3 groupes :

- Le groupe des individus Sains et susceptibles d'être infectés (S)
- Le groupe des individus Infectés (I)
- Le groupe des individus Remis et immunisés (R)

<b>Collectif MAPS</b>  	<b>Modèle MicMac</b>  	Mai 2014  MAPS 4  <a href="http://maps.hypotheses.org">http://maps.hypotheses.org</a>
--	---	---

Un individu initialement sain (appartenant au compartiment S) va s'infecter (et donc entrer dans le compartiment I) avec un taux de contagion proportionnel, avec un taux  $\beta$ , proportionnel à la quantité d'individus infectés dans la population totale (I). Ce taux  $\beta I$  est le taux de contagion. De plus, les individus infectés guérissent avec un taux  $\alpha$  et passent alors dans le compartiment R (cf. Figure 1). Ce taux  $\alpha$  est le taux de guérison.



**Figure 1.** Modèle compartimental de propagation de l'épidémie. Un individu initialement sain (appartenant au compartiment S) va s'infecter (et donc entrer dans le compartiment I) avec un taux de contagion proportionnel (avec un taux  $\beta$ ) à la quantité d'individus

La formulation mathématique de ce problème donne l'évolution du nombre d'individus au cours du temps  $dS/dt$ ,  $dI/dt$ ,  $dR/dt$  dans chacun des compartiments S, I, R résultant des entrées et sorties. Ce modèle est un système de 3 équations différentielles ordinaires (EDO), déterministe, autonome (le temps n'apparaît pas explicitement), d'ordre 1 (seule la dérivée première apparaît), non linéaire (par la présence du terme  $IS$ ).


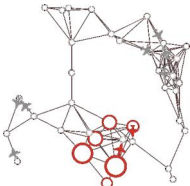
$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta IS \\ \frac{dI}{dt} = \beta IS - \alpha I \\ \frac{dR}{dt} = \alpha I \end{cases}$$

## 2. Étude (rapide) du modèle SIR

Afin de s'intéresser à la dynamique de propagation d'une épidémie dans une ville du réseau, on peut étudier ce modèle à l'aide d'outils théoriques et/ou numériques.

Notons que la démographie n'étant pas prise en compte, la population reste constante :

$$N = S(t) + I(t) + R(t).$$

<b>Collectif MAPS</b>  	<b>Modèle MicMac</b>  	Mai 2014  MAPS 4  <a href="http://maps.hypotheses.org">http://maps.hypotheses.org</a>
--	---	---

De plus, il s'agit de population donc les quantités  $S(t)$ ,  $I(t)$  et  $R(t)$  sont positives  $S(t) \geq 0$ ,  $I(t) \geq 0$  et  $R(t) \geq 0$ .

Il existe des outils mathématiques pour montrer que ce système, muni des conditions initiales  $S(0)$ ,  $I(0)$  et  $R(0)$ , admet des solutions qui restent positives et bornées.


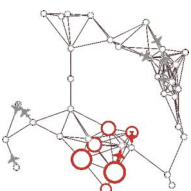
Par ailleurs, on peut montrer que le nombre d'infectés augmente si la variation du nombre de  $I$  est positive, donc si  $\beta IS - \alpha I > 0$ , ou encore, si  $(\beta S - \alpha)I > 0$  i.e. si  $I > 0$  et  $(\beta/\alpha)S > 1$ .

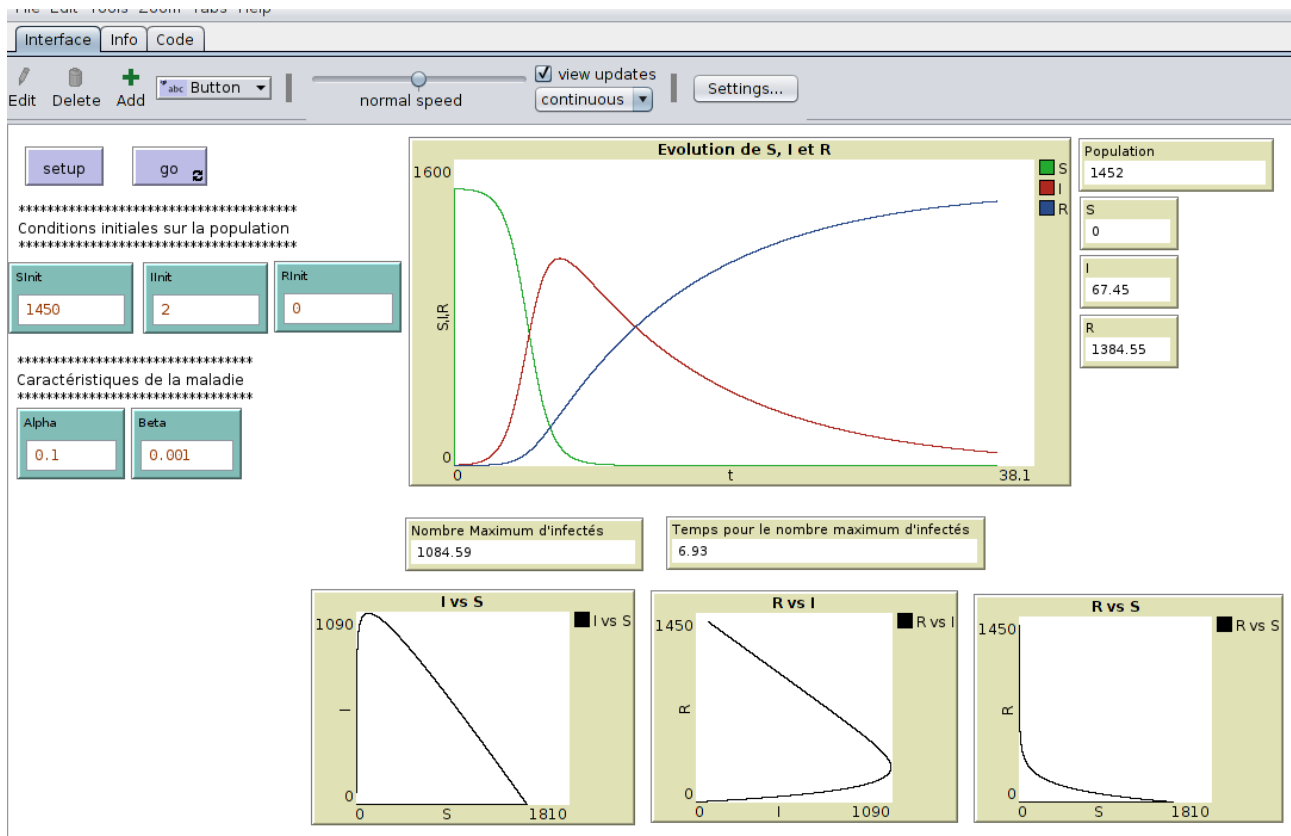
Ainsi, pour  $(\beta/\alpha)S > 1$ , chaque individu infecté contaminera plus d'un individu et la maladie se propagera à un nombre toujours grandissant d'individus. Il en sera ainsi jusqu'à ce que le nombre de susceptibles  $S$ , soit tel que  $(\beta/\alpha)S < 1$ .

Il est souvent difficile d'obtenir une expression analytique de la solution d'un tel problème. On peut cependant approximer la solution à l'aide de méthodes numériques d'intégration. La méthode proposée par défaut dans NetLogo est la méthode d'Euler. Cette méthode, proposée en 1768 par Leonhard Euler, est une méthode à un pas, et l'erreur est donc proportionnelle, asymptotiquement, au pas d'intégration. Parmi les méthodes développées par la suite, il existe par exemple les méthodes de Runge-Kutta, proposées en 1901 par les mathématiciens Carl Runge et Martin Wilhelm Kutta. La méthode de Runge Kutta 4 permet d'obtenir une bonne approximation des solutions de ce type de système. C'est donc cette méthode d'intégration numérique que nous utilisons pour obtenir des approximations des solutions de ce système.

La dynamique épidémique de chacun des nœuds-ville de notre réseau de villes étant représentée par un modèle SIR, ceux-ci doivent être intégrés numériquement simultanément. La méthode de Runge-Kutta 4 a donc été externalisée pour des raisons de vitesse de calcul.

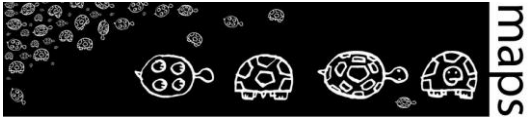
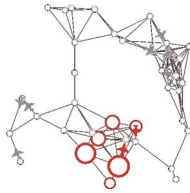
Le principal paramètre de la méthode de Runge-Kutta est son pas d'intégration. Plus ce pas est petit et plus la trajectoire obtenue est précise, plus la simulation est coûteuse.

<b>Collectif MAPS</b>  	<b>Modèle MicMac</b>  	Mai 2014  MAPS 4  <a href="http://maps.hypotheses.org">http://maps.hypotheses.org</a>
--	---	---

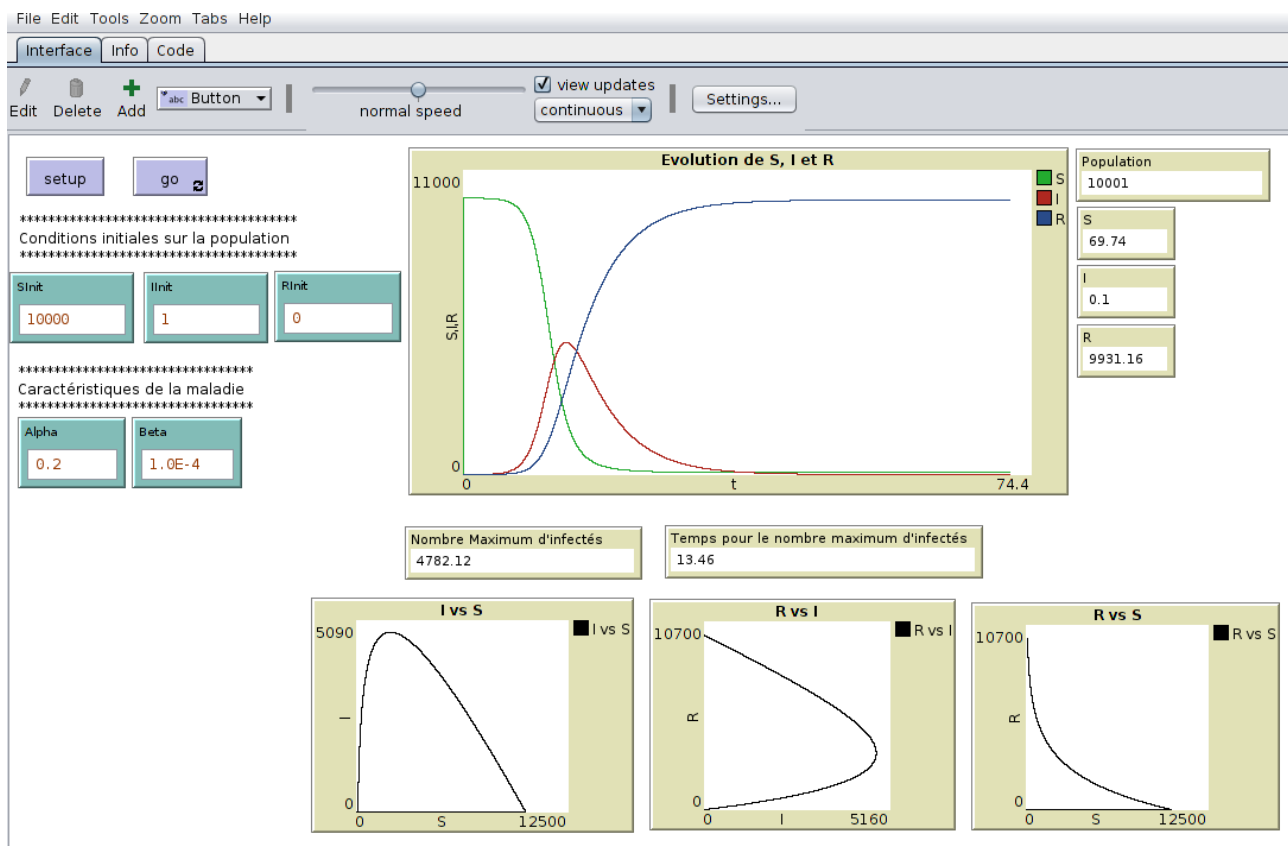


**Figure 2.** Capture d'écran de trajectoires obtenues par la méthode numérique de RK4 appliquée au modèle SIR. La valeur des paramètres  $\alpha$  et  $\beta$ , la population totale ( $S_{Init}$ ,  $I_{Init}$  et  $R_{Init}$ ) à l'instant  $t = 0$  sont choisies par l'utilisateur

Sur la **Erreur ! Source du renvoi introuvable.**, le graphique « Évolution de S, I et R » montre l'évolution du nombre de susceptibles, d'infectés et d'immunisés au cours du temps. On appelle ces graphiques les séries temporelles. Les 3 présentés en bas de la figure montrent les projections du portrait de phase sur les plans (S,I), (I,R), et (R,S). Ils permettent de voir l'évolution du nombre d'infectés en fonction du nombre de susceptibles, l'évolution du nombre d'immunisés en fonction du nombre d'infectés, et enfin l'évolution du nombre de susceptible en fonction du nombre d'immunisés. Ici,  $\alpha = 0.1$ ,  $\beta = 0.001$ ,  $I_{Init} = 2$ ,  $S_{Init} = 1450$  et  $R_{Init} = 0$ . On constate sur les séries temporelles qu'au cours du temps un certain nombre d'individus sains deviendront infectés. En effet, au début de la simulation, la courbe représentant le nombre de susceptibles décroît et celle individus infectés croît jusqu'à atteindre son maximum. Les infectés deviennent ensuite immunisés, d'où une croissance importante de la courbe représentant le nombre d'individus immunisés. La dynamique atteint son équilibre lorsque tous les infectés


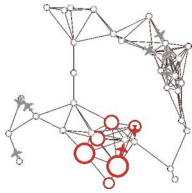
<b>Collectif MAPS</b>  	<b>Modèle MicMac</b>  	Mai 2014  MAPS 4  <a href="http://maps.hypotheses.org">http://maps.hypotheses.org</a>
--	---	---

sont guéris. Le modèle atteint à ce moment son équilibre et aucune de ces quantités n'évolue ensuite. La première figure de droite montre que le nombre d'individus infectés croît avec le nombre d'individus susceptibles jusqu'à atteindre son maximum. Une fois ce maximum atteint, le nombre d'infectés commence à décroître. On peut lire de la même façon les 2 autres graphiques. Enfin, il est possible de faire apparaître le nombre maximum d'infectés ainsi que le temps auquel ce maximum est atteint.



**Figure 3.** Capture d'écran de trajectoires obtenues par la méthode numérique de RK4 appliquée au modèle SIR. Ici,  $\alpha = 0.2$ ,  $\beta = 0.0001$ ,  $S_{init} = 10000$ ,  $I_{init} = 1$ ,  $R_{init} = 0$



<b>Collectif MAPS</b>  	<b>Modèle MicMac</b>  	Mai 2014  MAPS 4  <a href="http://maps.hypotheses.org">http://maps.hypotheses.org</a>
--	---	---

## Une arête, un axe de transport, des agents mobiles (avions)

Sachant que dans chaque nœud, l'épidémie se propage suivant un modèle SIR, on connaît, à tout moment, le nombre des individus de chaque ville qui sont sains, infectés ou remis.

L'idée est alors de choisir des individus de chaque ville (nombre entier) pour les faire circuler vers une autre ville. Ces individus circulent en avion le long des arêtes à bord d'agents avions. L'état viral des individus du groupe de voyageurs est choisi uniformément dans chacun des stocks S, I et R de la ville de départ. Les individus choisis de cette façon sont donc extraits de leur ville de départ et vont parcourir les arêtes en avion. Dans ces agents avion, les agents sont soumis au même modèle SIR que dans chacune des villes.

## Le réseau, couplage des deux modèles précédents


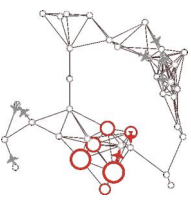
Il s'agit ici de considérer le couplage entre les deux modèles précédents.

Chaque nœud a une dynamique épidémique qui suit un modèle SIR. Des individus peuvent sortir de la ville et parcourir les arêtes pour rejoindre d'autres villes, à bord d'agents avions. Durant les vols, la propagation peut se poursuivre, toujours suivant le modèle SIR. Ainsi, il faut actualiser le nombre d'individus dans chacun des compartiments de toutes les villes à chaque pas de temps afin de ne plus prendre en compte, dans le système dynamique, les individus qui ont quitté la ville, et ceux qui y sont entrés.

## Les stratégies de contrôle d'une épidémie

En cas de propagation d'épidémie au sein d'un tel réseau, le modèle prévoit 4 stratégies de contrôle possible, à l'échelle de la ville ou de l'individu :

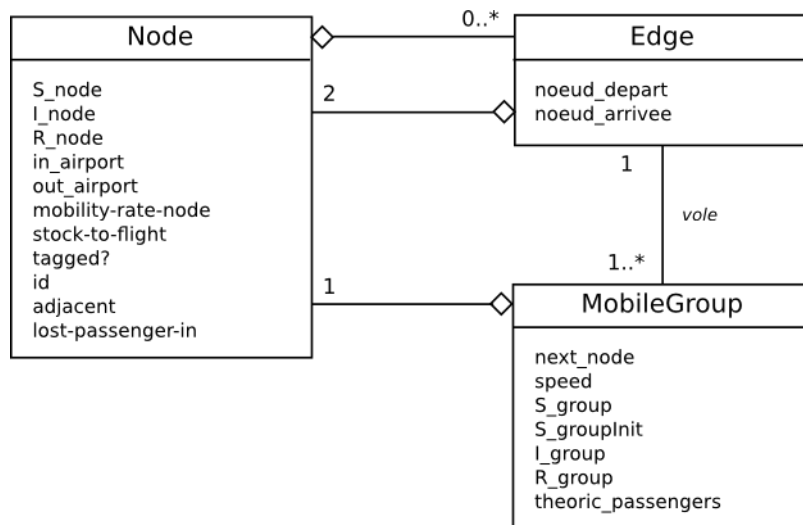
- **Quarantaine** : Une ville  $i$  est mise en quarantaine si :  $I_i / (S_i + I_i + R_i) > \tau_1$  où  $\tau_1$  représente un seuil compris entre 0 et 1. En cas de mise en quarantaine d'une ville, plus personne n'entre ou ne sort de la ville.
- **Évitement** : Les agents évitent de choisir comme destination une ville  $i$  si :  $I_i / (S_i + I_i + R_i) > \tau_2$  où  $\tau_2$  représente un seuil compris entre 0 et 1. Ces villes continuent à émettre des vols.

<b>Collectif MAPS</b>  	<b>Modèle MicMac</b>  	Mai 2014
		MAPS 4
		<a href="http://maps.hypotheses.org">http://maps.hypotheses.org</a>

- **Culture du risque** : Les agents infectés évitent de voyager, selon une probabilité fixée par le paramètre  $pcr$  :  $0 < pcr < 1$ .
- **Protection** : Les compagnies aériennes fournissent des protections aux passagers : le paramètre de transmission dans les avions beta est multiplié par un facteur  $\gamma$  tel que  $0 < \gamma < 1$ .


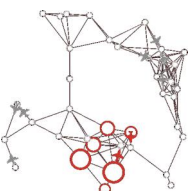
## C.Fonctionnement du modèle

### Diagramme de classes et diagramme d'activité



**Figure 4.** Diagramme de classes du modèle

La structure spatiale du modèle est représentée sous la forme d'un réseau défini par deux classes d'objets : des nœuds (Node, un *breed* Netlogo) et des arêtes (Edge, un type particulier de *link* en Netlogo). Chaque Node, représentant une ville et son aéroport, est caractérisé par sa sous-population vue comme 3 stock de Sains ( $S\_node$ ), infectés ( $I\_node$ ) et guéris ( $R\_node$ ). Du point de vue de la mobilité, il est caractérisé par les deux booléens : *in\_airport*, signifiant que la ville peut (resp. ne peut pas) recevoir d'avions et *out\_airport* signifiant que la ville peut (resp. ne peut pas) émettre d'avions. Lorsque la ville est en **quarantaine** les deux paramètres sont à 0

<b>Collectif MAPS</b>  	<b>Modèle MicMac</b>  	Mai 2014  MAPS 4  <a href="http://maps.hypotheses.org">http://maps.hypotheses.org</a>
--	---	---

(i.e. pas d'entrées, pas de sorties), tandis que lorsqu'elle est à **éviter**, *out\_airport* vaut 1 et *in\_airport* vaut 0. Le paramètre *tagged?* contient la valeur du *tick* auquel le nœud a été infecté, *stock-to-flight* contient le nombre de personnes qui sont prêts à quitter la ville. Le Node connaît également tous les autres Nodes auxquels il est relié par un Edge.

Lorsque des individus quittent une ville, des agents *MobileGroup* sont créés. Ils sont également caractérisés par leurs 3 stocks d'individus (*S\_group*, *I\_group*, *R\_group*), ainsi que leur Node destination (*next\_node*). La vitesse de déplacement (*speed*) est calculée à l'issue de la phase de calage. Les autres attributs servent pour des calculs internes (par exemple, *S\_groupInit* est utilisé pour calculer les contaminations qui ont lieu lors des voyages, tandis que *theoric\_passengers* est utilisé pour évaluer la perte de trafic liée à la stratégie 3).

Enfin les villes sont reliées entre elles par les arrêtes du graphe (Edge). Un Edge ne contient donc que les 2 Nodes qu'il relie. Les liens ne sont pas orientés.

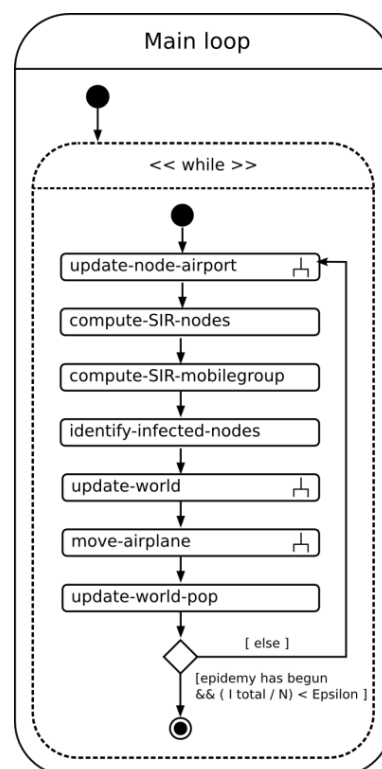
On peut remarquer que les patches de Netlogo ne sont pas utilisés dans notre modèle.


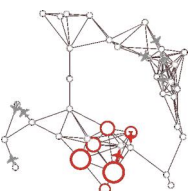
## Le fonctionnement général du modèle

### 1. Enchaînement des procédures au cours d'un pas de temps

#### Main loop

Cette boucle, qui gère l'ensemble du programme, est active tant que l'évaluation de la condition suivante est fausse : l'épidémie a été enclenchée, et le rapport entre la population totale d'infectés *I* et la population totale  $N=S+I+R$  est inférieur au paramètre epsilon.



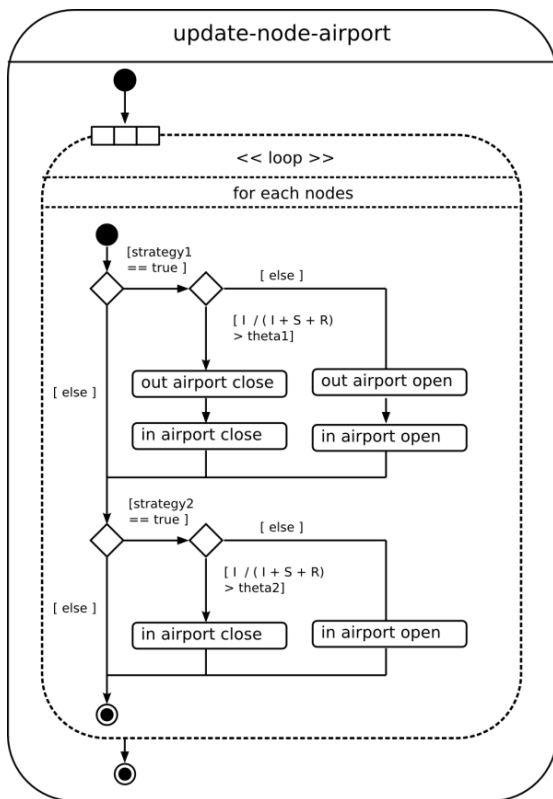
<b>Collectif MAPS</b>  	<b>Modèle MicMac</b>  	Mai 2014  MAPS 4  <a href="http://maps.hypotheses.org">http://maps.hypotheses.org</a>
--	---	---

### Update-node-airport

La procédure est appelée à chaque pas de temps pour recalculer la gestion des entrées et sorties des aéroports, qui est amenée à varier en fonction des deux premières stratégies.

Pour chaque nœud, on teste si la stratégie 1 est active, si c'est le cas, on calcule si la proportion des infectés sur ce nœud dépasse le seuil *theta1* défini par l'utilisateur dans l'interface. Si c'est le cas, on entre en quarantaine, l'entrée et la sortie de l'aéroport est fermée, sinon les deux sont rouverts, s'ils ne l'étaient pas déjà (sortie de quarantaine).

Dans un deuxième temps, on teste de la même façon si la stratégie 2 est active. Si c'est le cas, on calcule la proportion d'infectés. Si la valeur de ce calcul est supérieure à la variable *theta2* définissant le seuil à partir duquel l'aéroport passe en stratégie d'évitement, alors l'aéroport voit ses entrées fermées au trafic extérieur.


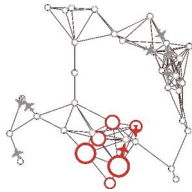


### compute-SIR-Nodes

Une procédure qui met à jour les stocks *S\_node*, *I\_node* et *R\_node* de chacun des nœuds, suivant les équations d'un système dynamique classique SIR. L'intégration numérique se fait en utilisant la méthode RK4, externalisée dans un plug-in écrit en Scala (pour des raisons de performance). Les conditions initiales de la méthode numérique sont réinitialisées à chaque pas de simulation pour tenir compte des arrivées et des départs.

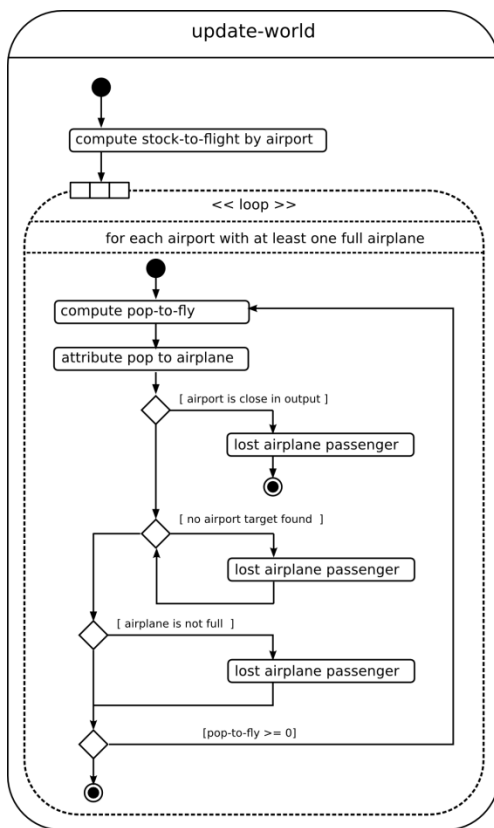
### compute-SIR-mobilegroup

Pour garder une cohérence entre l'évolution de l'épidémie dans les villes et dans les avions, les stocks des avions sont également mis à jour en utilisant le même système d'équations SIR et la même méthode d'approximation (RK4) avec le même pas d'intégration. Nous tenons donc compte de la contamination qui peut avoir lieu lors d'un voyage en avion.

<b>Collectif MAPS</b>  	<b>Modèle MicMac</b>  	Mai 2014  MAPS 4  <a href="http://maps.hypotheses.org">http://maps.hypotheses.org</a>
--	---	---

### identify-infected

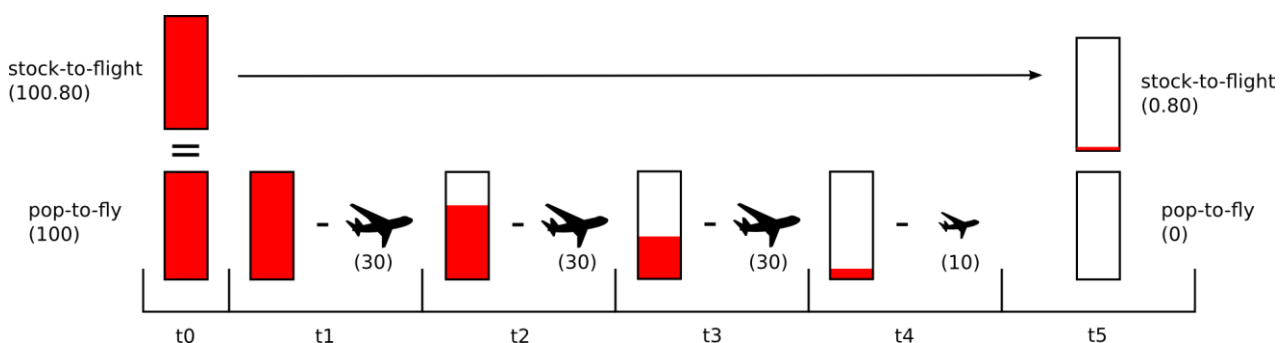
Cette procédure teste pour chacun des nœuds s'il existe des infectés, et met à jour la couleur en fonction de ce résultat.


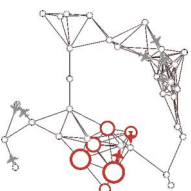


### update-world

Pour chaque aéroport, on gère un stock de population (*stock-to-flight*) qui représente la population prête à partir de ce nœud. Ce stock est incrémenté à chaque pas de simulation en fonction du taux de mobilité *mobility-rate-node* défini par l'utilisateur dans l'interface, ce paramètre représentant la proportion de la population du nœud qui va partir à chaque pas de simulation.

Puis pour chacun des aéroports, si ce stock est suffisant pour remplir un avion, on fait quitter l'aéroport à ces personnes : on calcule le nombre de personnes qui part (*pop-to-fly*), puis on génère autant d'avions que nécessaire pour faire partir tous ces individus.

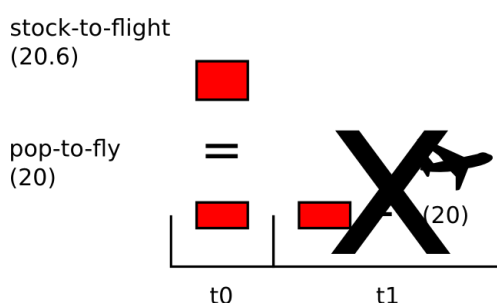


<b>Collectif MAPS</b>  	<b>Modèle MicMac</b>  	Mai 2014  MAPS 4  <a href="http://maps.hypotheses.org">http://maps.hypotheses.org</a>
--	---	---

Dans cet exemple, après discrétisation du stock réel *stock-to-flight* calculé en fonction du taux de mobilité sur chaque nœud, le stock de population équivalent *pop-to-fly* permet de générer trois avions pleins de trente personnes, et la population restante (résiduelle) permet de générer un avion de plus petite taille.


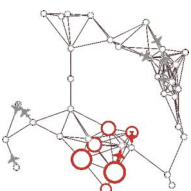
Le résidu de population restant après discrétisation est conservé pour le tour suivant, via l'attribut permanent du nœud *stock-to-flight*.

Dans le cas particulier où le stock de personnes disponibles au départ est inférieur (20 personnes) à la taille d'avion fixé par l'utilisateur (30 personnes), alors aucun avion n'est créé, ce qui explique la condition de la boucle *loop* de la procédure *update-world* : « for each airport with at least one full airplane ».

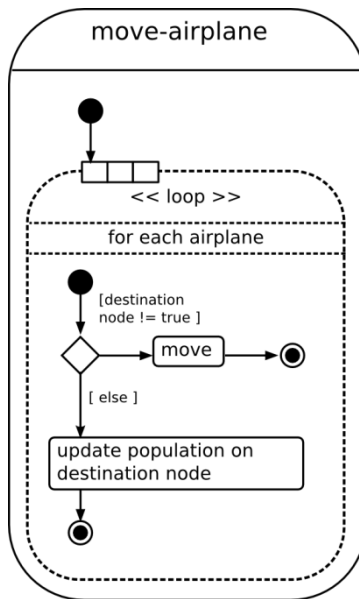


La population qui monte dans chaque avion est fonction d'un tirage à la proportionnelle (via une loterie) basé sur les individus présents dans les états S, I, et R (réalisé dans la procédure *attribute-pop-to-airplane*).

On recherche une destination pour l'avion sauf si l'aéroport est fermé, auquel cas les gens ne partent pas, et la population de l'avion est comptabilisée comme étant perdue. Dans un deuxième temps, on essaye d'attribuer une destination à l'avion en tirant un aéroport au hasard parmi les aéroports voisins. Si l'aéroport choisi n'est pas accessible (en quarantaine ou objet d'une procédure d'évitement), on incrémente la perte de trafic entrant dans la ville du nombre de personnes de l'avion. Ensuite, si la redistribution du trafic est activée, on tire une nouvelle destination ; dans le cas contraire, le trafic est perdu, comptabilisé par la procédure « lost airplane passenger ».

<b>Collectif MAPS</b>  	<b>Modèle MicMac</b>  	Mai 2014  MAPS 4  <a href="http://maps.hypotheses.org">http://maps.hypotheses.org</a>
--	---	---

Si l'avion n'est pas plein du fait de la stratégie 3 (individuelle), alors on comptabilise comme population perdue la différence entre la taille de l'avion théorique et la population réellement présente dans l'avion.

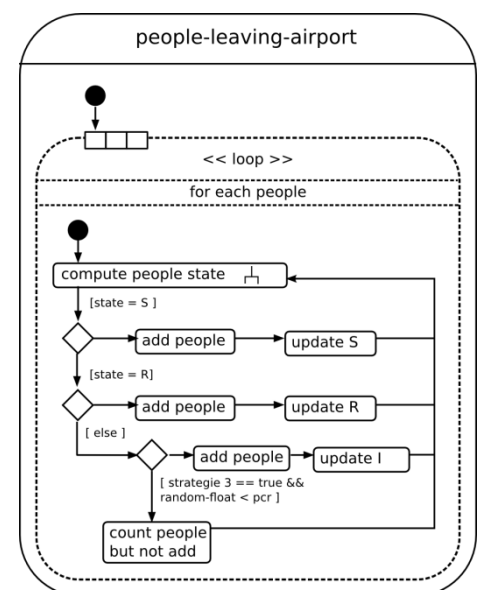


### Move-airplane

Pour chaque avion, à chaque pas de simulation, si le nœud d'arrivée n'est pas atteint alors on continue à avancer, sinon c'est signe que l'aéroport terminus est atteint, et que la population de l'avion doit être réintégrée à la population du nœud, en respectant les stocks S, I et R de celui-ci.

### People-leaving-airport

Le tirage au sort des individus et leur affectation dans l'avion est fonction d'une loterie (*compute-people-state*), le passage d'un stock continu d'individus, à une population discrète se fait lors de cette procédure. Le nœud est mis à jour en fonction des individus partants réellement, et tient compte du choix individuel de la stratégie 3 et du seuil fixé (*pcr*) par l'utilisateur.


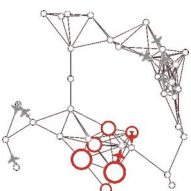


## 2. Condition d'arrêt du modèle

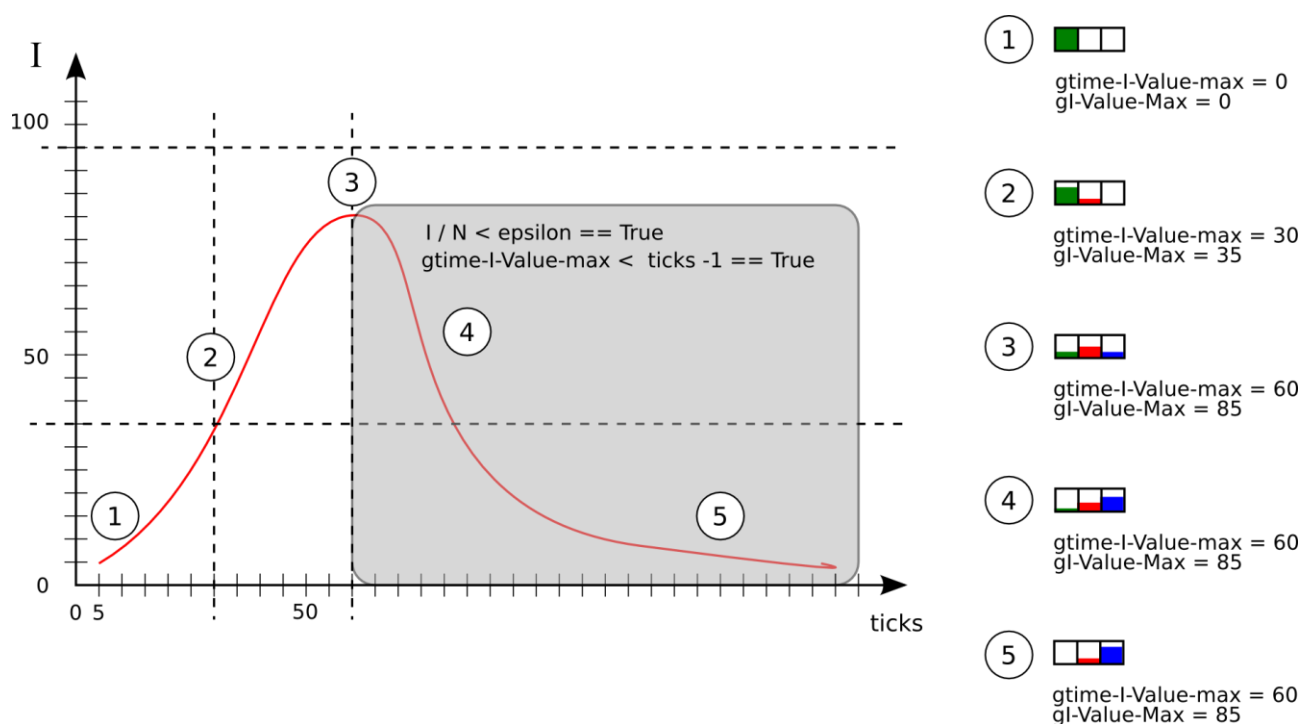
Une simulation s'arrête lorsque l'on considère que l'épidémie est finie, c'est à dire lorsque les trois conditions suivantes sont satisfaites (résumé dans la figure ci-dessous) :

- Une épidémie a eu lieu (i.e. a commencé): Epidémie == Vrai.



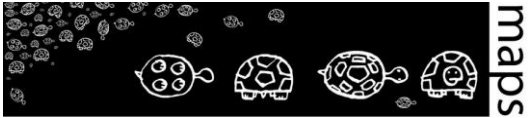
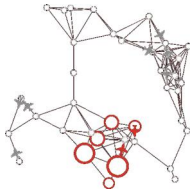
<b>Collectif MAPS</b>  	<b>Modèle MicMac</b>  	Mai 2014  MAPS 4  <a href="http://maps.hypotheses.org">http://maps.hypotheses.org</a>
--	---	---

- Toute la population de susceptibles a été infectée et est passée dans la classe des retirés :  $I/(S+I+R) < \epsilon$ .
- Le maximum de l'épidémie a déjà été atteint ( $gTime-I-Value-max < ticks - 1$ )



**Figure 5.** Illustration de la condition d'arrêt



<b>Collectif MAPS</b>  	<b>Modèle MicMac</b>  	Mai 2014  MAPS 4  <a href="http://maps.hypotheses.org">http://maps.hypotheses.org</a>
--	---	---

### 3. Calage du modèle (temps et espace)

En début de simulation, un modèle SIR est intégré sur un nœud de référence, avec les valeurs de paramètres entrées par l'utilisateur. Ce nœud contient la population totale du modèle, et on utilise la même condition d'arrêt pour le calage que pour la simulation (en particulier le fait que la proportion d'infectés soit sous le *Epsilon-stop*). Le nombre d'itérations de la méthode de RK4 nécessaires pour atteindre cette condition d'arrêt est calculé et on établit le rapport entre la durée de l'épidémie fixée par l'utilisateur et le nombre d'itérations de RK4, afin de déterminer la *durée* d'un pas de temps. L'espace étant incorporé dans le modèle par la structure de réseau, cette opération préalable permet de déduire la taille des arêtes mais également de déterminer les vitesses de déplacement et par conséquent les temps de transport.

## D. Interface du modèle

### Les entrées

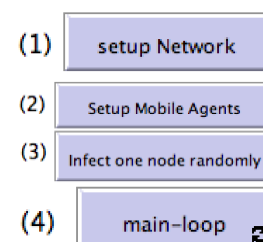
#### 1. Initialisation basique


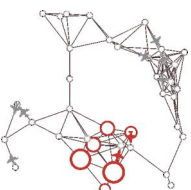
L'initialisation basique du modèle nécessite 2 étapes :

- (1) Création du réseau (bouton (1) Setup Network)
- (2) Initialisation des agents mobiles ((2) Setup Mobile agents)

L'étape suivante est d'infecter un nœud en cliquant sur (3) Infect one node randomly.

Enfin, le modèle peut être exécuté en cliquant sur le bouton (4) main-loop.



<b>Collectif MAPS</b>  	<b>Modèle MicMac</b>  	Mai 2014  MAPS 4  <a href="http://maps.hypotheses.org">http://maps.hypotheses.org</a>
--	---	---

## 2. Initialisation avancée

Le modèle MicMac contient de nombreux paramètres qui peuvent être modifiés pour configurer le modèle.

Avant de créer le réseau et d'initialiser les agents, l'utilisateur doit choisir les paramètres de la maladie, la taille des nœuds, le pas d'intégration et les stratégies à tester.

### Paramétrage de la maladie

L'utilisateur peut configurer les paramètres suivants du modèle SIR régissant la dynamique de la maladie choisie : *alpha* est le taux de guérison, qui peut être considéré comme l'inverse de la période moyenne d'infectiosité, tandis que *beta* est le taux de contagion dans les villes. Le paramètre *beta-airplane* est le taux de contagion à l'intérieur des avions.

```
*****
* Disease parameters
*****
```


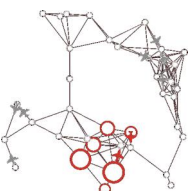
alpha	0.100
beta	1.0E-4
beta-airplane	0.001

Le paramètre *h* fixe le pas d'intégration de la méthode d'intégration numérique (RK4). Plus *h* est petit, plus la simulation sera précise, mais aussi plus elle sera longue. On considère que *h* doit être au minimum de  $10^{-2}$ . Si les paramètres du système dynamique sont très petits, *h* doit être du même ordre. Par exemple si *beta* vaut  $10^{-3}$ , *h* doit également valoir au minimum  $10^{-3}$ .

Ce modèle laisse la possibilité à l'utilisateur de choisir la valeur du pas d'intégration.

RK4 integration step (at least  $10^{-2}$ , to  $10^{-4}$ )

h
0.01

<b>Collectif MAPS</b>  	<b>Modèle MicMac</b>  	Mai 2014  MAPS 4  <a href="http://maps.hypotheses.org">http://maps.hypotheses.org</a>
--	---	---

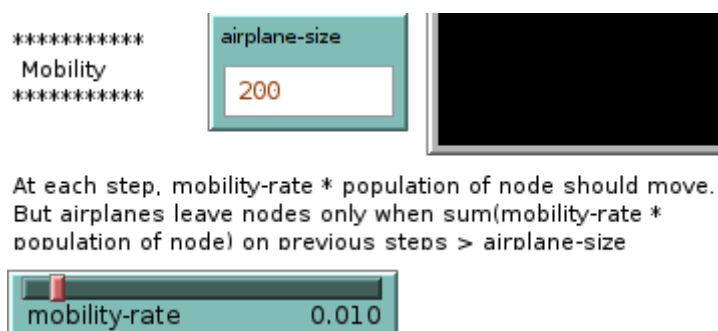
Remarque :

Il est important de noter que le modèle (et en particulier la méthode d'intégration RK4) ne fonctionne que dans certaines plages de valeurs possibles. En particulier, un pas d'intégration trop grand produira des résultats incohérents dans l'application de la méthode d'intégration (avec pour possible conséquence des populations négatives...). Mais un pas trop petit rendrait la simulation trop longue. Nous avons choisi de laisser libre l'utilisateur de changer les valeurs de  $h$ ,  $\alpha$ ,  $\beta$  et de la population initiale. Un message d'erreur apparaîtra dans la console si une erreur apparaît dans les calculs.


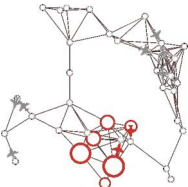
## Paramétrage de la mobilité

Comme les trajets durent plusieurs pas de temps, nous considérons que la dynamique infectieuse a aussi lieu lors de ces voyages. Elle est régie par un système dynamique de type SIR avec comme paramètres  $\alpha$  et  $\beta_{\text{airplane}}$ .

Un des paramètres les plus importants du modèle est le taux de mobilité (*mobility-rate*). Il détermine le nombre d'individus qui doivent quitter un nœud à chaque pas de temps<sup>1</sup>. Ce paramètre sera utilisé à chaque pas de temps.



<sup>1</sup> A titre d'exemple, on estime qu'au niveau mondial environ 5 milliards de personnes prennent l'avion par an (sur une population de 7 milliards de personnes). Ce qui fait un taux de mobilité de 0.7142 personnes/an, soit 0.0019569 personnes/jour. Pour avoir une simulation avec un taux proche du taux réel, il faudra ramener ce taux à la durée d'un pas de temps de simulation (calculé lors du calibrage).

<b>Collectif MAPS</b>  	<b>Modèle MicMac</b>  	Mai 2014  MAPS 4  <a href="http://maps.hypotheses.org">http://maps.hypotheses.org</a>
--	---	---

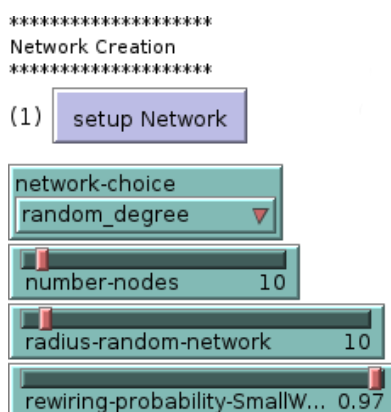
## Création du réseau


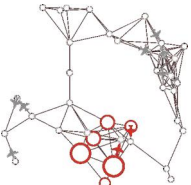
L'utilisateur du modèle peut tout d'abord choisir le type de réseau qu'il veut créer :

- *chain* : tous les nœuds sont reliés en chaîne (un nœud est relié à 2 nœuds, sauf les 2 extrémités).
- *Random* : un réseau aléatoire créé ainsi : les nœuds sont générés aléatoirement dans l'espace, puis les nœuds proches (de distance inférieure au paramètre *radius-random-network*) sont reliés par un lien.
- *Complete* : tous les nœuds sont reliés à tous les autres nœuds (sauf à eux-mêmes).
- *Smallworld* : le réseau généré est de type *small-world* (petit monde), intermédiaire entre un réseau aléatoire et un réseau régulier [3].
- *Scale-free* : le réseau généré est de type *scale-free* (invariant d'échelle), dont les degrés (nombres de liens entrants et sortants des nœuds) suivent une loi de puissance [4].
- *US Air* : ce réseau est importé des données réelles du trafic aérien aux Etats-Unis.

Dans les 5 premiers types de réseaux, le slider *number-nodes* permet de fixer le nombre de nœuds du réseau.

Il est également possible de préciser le rayon des réseaux aléatoires ainsi que la probabilité de réaffectation aléatoire des liens dans les réseaux *small world*.

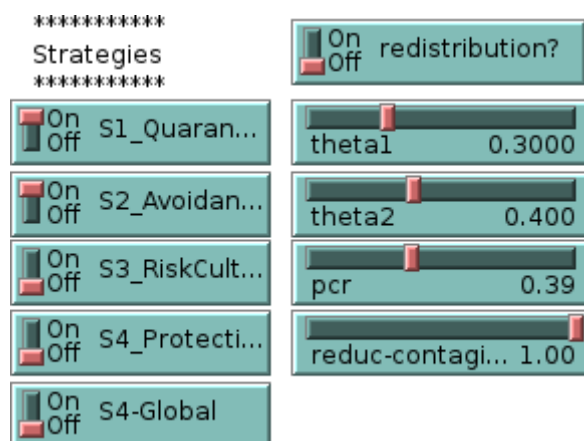


<b>Collectif MAPS</b>  	<b>Modèle MicMac</b>  	Mai 2014  MAPS 4  <a href="http://maps.hypotheses.org">http://maps.hypotheses.org</a>
--	---	---

## Mise en place des stratégies

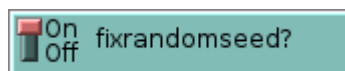
L'utilisateur peut choisir d'activer ou non les différentes stratégies présentées.

De plus, dans le cas de la quarantaine et de l'évitement, l'utilisateur peut choisir les seuils de proportion d'infectés au-delà desquels la stratégie est mise en place. Dans le cas de la culture du risque, il peut choisir le taux de réduction de la mobilité des infectés, et dans le cas de la protection individuelle, le taux de réduction de la contagion.



### Remarques :

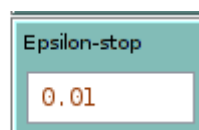
- 1- Un *switch* permet de fixer (ou non) la graine aléatoire afin, notamment, de réduire l'impact de la stochasticité lors des simulations de plans d'expérience par exemple.


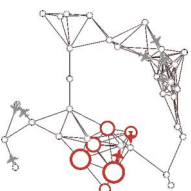


- 2- La condition d'arrêt de la simulation est également réglable par l'utilisateur et correspond au taux d'infectés dans la population globale en dessous duquel on peut considérer que l'épidémie est terminée.

End simulation criteria :  

$$I_{total} / (S_{total} + I_{total} + R_{total}) < \text{Epsilon-stop}$$



<b>Collectif MAPS</b>  	<b>Modèle MicMac</b>  	Mai 2014  MAPS 4  <a href="http://maps.hypotheses.org">http://maps.hypotheses.org</a>
--	---	---

## Le calage


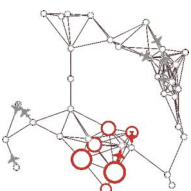
Rappelons qu'en début de simulation, le modèle est calé dans le temps et l'espace. À cette fin, l'utilisateur doit préciser la durée de l'épidémie en nombre de jours (*Duration-Epidemics-days*). La taille du territoire (*TerritorySize-km*) permet d'en déduire la distance des trajets et donc la durée des vols rapportée au pas de temps de l'intégration. Le paramètre *Epsilon-stop* est également utilisé pour caractériser la condition de fin du calage. Enfin, ce calage étant effectué sur un nœud de référence, il faut fixer la taille de la population sur ce nœud (*Population-At-Calibrage-Node*). Pour que le calage soit cohérent avec la simulation, il faut que *Population-At-Calibrage-Node* soit égal à la population totale (nombre de nœuds \* population d'un nœud).

***** Calibration *****	<b>gnbStepCalib</b> <input type="text" value="5660"/>	<b>gdureeDt</b> <input type="text" value="0.0424"/>	<b>guniteEspace</b> <input type="text" value="16.667"/>	<b>gspeed-factor</b> <input type="text" value="0.0025"/>			
<table border="1"> <tr> <td> <b>DurationEpidemy-days</b>  <input type="text" value="10"/> </td> <td> <b>TerritorySize-km</b>  <input type="text" value="1000"/> </td> <td> <b>Population-At-Calibrage-Node</b>  <input type="text" value="10000"/> </td> </tr> </table>					<b>DurationEpidemy-days</b> <input type="text" value="10"/>	<b>TerritorySize-km</b> <input type="text" value="1000"/>	<b>Population-At-Calibrage-Node</b> <input type="text" value="10000"/>
<b>DurationEpidemy-days</b> <input type="text" value="10"/>	<b>TerritorySize-km</b> <input type="text" value="1000"/>	<b>Population-At-Calibrage-Node</b> <input type="text" value="10000"/>					

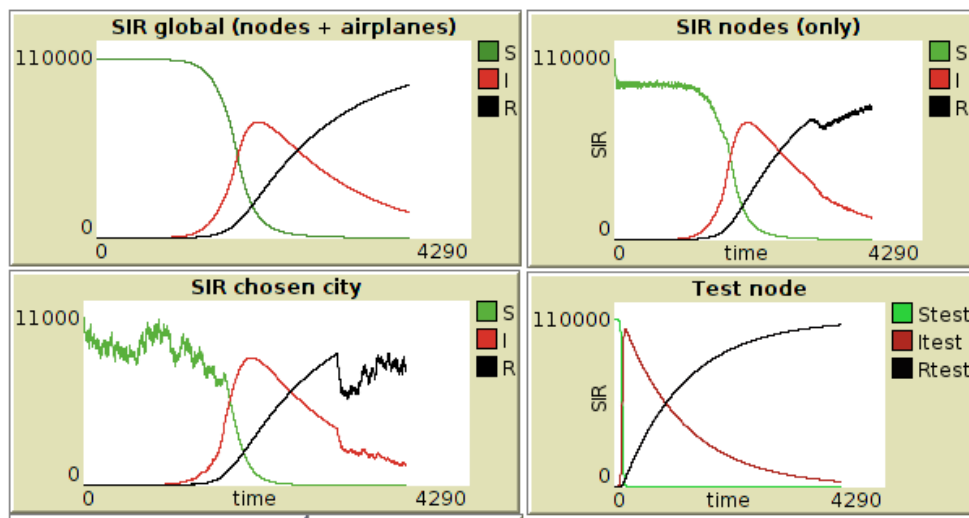
## Les sorties

### 1. Variables de sortie dynamiques mises en graphiques (séries temporelles)

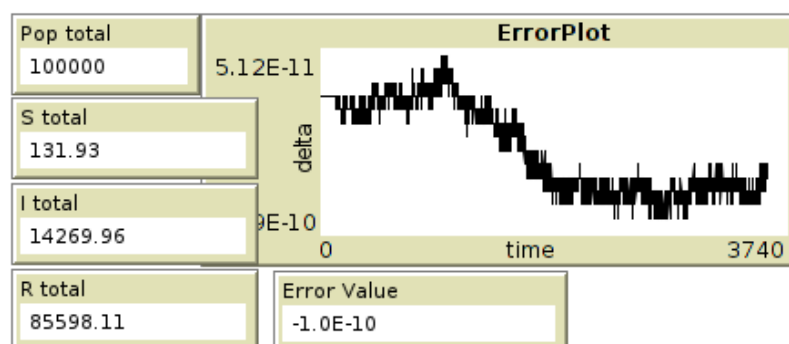
- *SIR Global* (nodes + airplanes) : montre l'évolution dans le temps du nombre de sains, d'infectés et de guéris dans la population globale structurée (répartie dans le réseau comprenant les villes du réseau et les liaisons aériennes).
- *SIR nodes (only)* : montre l'évolution dans le temps du nombre de sains, d'infectés et de guéris dans l'ensemble des villes du réseau (sans la population mobile entre les villes).
- *SIR Chosen city* : montre l'évolution dans le temps du nombre de sains, d'infectés et de guéris dans une ville du réseau (sélectionnée par l'utilisateur).


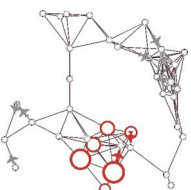
<b>Collectif MAPS</b>  	<b>Modèle MicMac</b>  	Mai 2014  MAPS 4  <a href="http://maps.hypotheses.org">http://maps.hypotheses.org</a>
--	---	---

- *SIR Test node* : montre l'évolution dans le temps du nombre de sains, d'infectés et de guéris dans la population globale non structurée (on se ramène alors au modèle SIR classique, non métapopulationnel).



- *Error plot* : mesure l'écart entre la population initiale dans le réseau et la population à chaque instant. En effet, comme le modèle ne permet ni la mort, ni la naissance d'individus, le nombre d'individus total doit rester constant. Cette sortie permet donc de nous assurer que le passage d'une quantité continue de population à une quantité discrète au moment de l'entrée dans les avions et inversement à la sortie des avions n'a pas d'influence sur le nombre total de personnes circulant dans le réseau. On calcule la différence entre le nombre d'agents en transit ajouté au nombre d'agents dans les nœuds, et la population totale à l'initialisation. On s'assure alors que cette différence, *l'erreur*, est inférieure à l'erreur engendrée par les approximations de la méthode d'intégration numérique utilisée. Cette erreur, pour la méthode de RK4, est liée au pas d'intégration  $h$ . Elle est de l'ordre de  $h^4$ .



<b>Collectif MAPS</b>  	<b>Modèle MicMac</b>  	Mai 2014  MAPS 4  <a href="http://maps.hypotheses.org">http://maps.hypotheses.org</a>
--	---	---

## 2. Variables résumées calculées en fin de simulation :

\*\*\*\*\*  
\* Indicators at the end of the epidemic  
.....


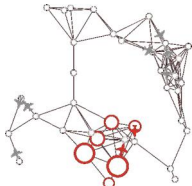
Max #Infected 64850	Taux people infected (%) 0	Taux global Traffic reduction (%) 0
Time Max #Infected 1851	Duration of epidemic 0	Time to reach every node 0

- *Max #Infected* et *Time Max #Infected* : donne le nombre maximum de personnes infectées simultanément et le pas de temps associé.
- *duration of epidemic* : temps (en nombre de pas de temps) qu'il faut pour que la proportion d'infectés dans la population soit inférieure à epsilon.
- *Taux people infected (%)* : donne le pourcentage d'infectés dans la population totale.
- *Time to reach every node* : donne le temps écoulé avant que tous les nœuds soient atteints.
- *Taux global Traffic reduction (%)* : donne le pourcentage total de réduction du trafic en fin de simulation.

## 3. Remarque sur le calcul du Taux global Traffic reduction (%)

Dans le modèle, deux réductions de trafic sont calculées, la réduction du trafic au niveau global et la réduction du trafic entrant de chaque ville. A propos de la réduction du trafic global, il provient des individus qui ne sont pas partis (à cause de la stratégie 3) et de tous les vols qui ne sont pas partis dans le cas où une ville est en quarantaine ou dans le cas où une ville qui n'est pas en quarantaine n'a pas de voisins à qui envoyer des avions (cas où tous les voisins sont en quarantaine (stratégie 1) et/ou à éviter (stratégie 2)). Dans le cas où *redistribution?* est sur *off* (pas de redistribution des vols), lorsque la destination d'un vol est choisie vers une ville à éviter (ou en quarantaine) alors cet avion est annulé (i.e. *perdu*) et le nombre de personnes devant partir est ajouté à la perte de trafic.



<b>Collectif MAPS</b>  	<b>Modèle MicMac</b>  	Mai 2014  MAPS 4  <a href="http://maps.hypotheses.org">http://maps.hypotheses.org</a>
--	---	---

## E. Manipulation du modèle

### Installation

Le modèle MicMac utilise un plug-in supplémentaire écrit en Scala, externalisant l'intégration numérique à l'aide de la méthode de Runge-Kutta 4. Ce plug-in supplémentaire est fourni dans le dossier `rungekutta` du modèle sous la forme d'un fichier `rungekutta.jar`. Ce plug-in est indispensable pour exécuter le modèle. Pour installer ce plug-in dans Netlogo, il suffit de copier le dossier `rungekutta` (contenant le fichier `rungekutta.jar`) dans le dossier `extensions` de Netlogo.

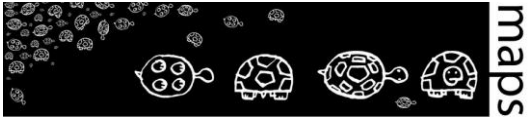
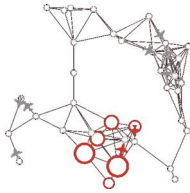
### Découverte du modèle

Dans un premier temps, l'utilisateur peut se familiariser avec le modèle en observant l'effet des paramètres *alpha* et *beta* de la maladie et du réseau de villes sur la propagation de la maladie.

Il peut commencer par lancer le modèle avec les paramètres fournis et observer l'évolution des stocks S, I et R du nœud test et ceux des nœuds et avions. Ensuite, il peut utiliser les valeurs suivantes :  $\alpha = 0.5$  et  $\beta = 10^{-4}$ , pour observer la différence de comportement (en particulier, on peut observer sur la courbe de *SIR global (nodes+airplanes)* le fait que tous les individus susceptibles ne deviennent pas infectés).

En revenant aux paramètres initiaux ( $\alpha = 0.1$  et  $\beta = 0.0001$ ), il peut lancer le modèle avec un réseau complet et observer la propagation de la maladie et comparer avec celui du nœud test (toute la population dans un seul nœud). Dans un second temps, il pourra relancer le modèle avec un réseau de type *scale-free* et observer la différence de propagation avec le réseau complet.

<sup>2</sup> avec  $h = 0.01$ ,  $\text{Epsilon-stop} = 0.01$ ,  $\text{S-at-Node} = 10\,000$ , in a complete 10-nodes graph, without any strategy.

<b>Collectif MAPS</b>  	<b>Modèle MicMac</b>  	Mai 2014  MAPS 4  <a href="http://maps.hypotheses.org">http://maps.hypotheses.org</a>
--	---	---


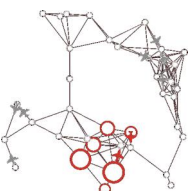
## Effets des stratégies de contrôle

Par défaut les stratégies de contrôle sont toutes désactivées. L'utilisateur peut choisir d'en activer certaines, en faisant varier les paramètres correspondant ensemble ou séparément, afin d'en explorer l'effet sur les variables de sortie. Rappelons que nous avons défini 4 stratégies de contrôle, chacune caractérisée par un paramètre :

- **Quarantaine** : Une ville  $i$  est mise en quarantaine si :  $I_i / (S_i + I_i + R_i) > \tau_1$  où  $\tau_1$  représente un seuil compris entre 0 et 1. En cas de mise en quarantaine d'une ville, plus personne n'entre ou ne sort de la ville.
- **Évitement** : Les agents évitent de choisir comme destination une ville  $i$  si :  $I_i / (S_i + I_i + R_i) > \tau_2$  où  $\tau_2$  représente un seuil compris entre 0 et 1. Ces villes continuent à émettre des vols.
- **Culture du risque** : Les agents infectés évitent de voyager, selon une probabilité fixée par le paramètre  $pcr$  :  $0 < pcr < 1$ .
- **Protection** : Les compagnies aériennes fournissent des protections aux passagers : le paramètre de transmission dans les avions  $\beta$  est multiplié par un facteur  $\gamma$  tel que  $0 < \gamma < 1$ .

## F. Conclusion

Nous avons souhaité ici développer un démonstrateur de couplage de modèles, explicitant à partir de l'exemple très documenté de la propagation d'épidémies au sein de populations structurées en réseau, les difficultés et avantages d'une telle approche. Cela permet d'introduire des stratégies de limitations de la propagation à différentes échelles (villes ou individus).

<b>Collectif MAPS</b>  	<b>Modèle MicMac</b>  	Mai 2014  MAPS 4  <a href="http://maps.hypotheses.org">http://maps.hypotheses.org</a>
--	---	---

## G. Bibliographie

- [1] Kermack, W. O. and McKendrick, A. G., A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics, Proc. Roy. Soc. Lond. A 115, 700-721, 1927.
- [2] B. Ziegler, B. Hierarchical, Modular discrete-event modelling in an object-oriented environment, Simulation 49 (5), 1987.
- [3] Watts, Duncan J.; Strogatz, Steven H. (June 1998). "Collective dynamics of 'small-world' networks". Nature 393 (6684): 440–442.
- [4] Barabási, Albert-László; Albert, Réka. (October 15, 1999). "Emergence of scaling in random networks". Science 286 (5439): 509–512.