

UNIVERSITÉ CATHOLIQUE DE LOUVAIN

FACULTY OF BIOSCIENCE ENGINEERING

LBRTI2102 - Process-based modelling in bioscience engineering

---

# Modèle de propagation des oreillons sur le campus de Louvain-la-neuve

---

Étudiants : Romain LEMAIRE - 50 58 1700  
Louis PARYS - 72 56 1700

Professeur : Emmanuel HANERT

Assistant : Lauranne ALAERTS



December 2022

# Contents

<b>1</b>	<b>Introduction</b>	<b>3</b>
<b>2</b>	<b>Les oreillons</b>	<b>3</b>
<b>3</b>	<b>Hypothèses du modèle</b>	<b>4</b>
<b>4</b>	<b>Modèle</b>	<b>5</b>
4.1	Explication des équations du modèle . . . . .	6
4.1.1	Susceptible . . . . .	6
4.1.2	Exposé . . . . .	6
4.1.3	Asymptomatique . . . . .	6
4.1.4	Infecté . . . . .	6
4.1.5	Rétabli . . . . .	6
<b>5</b>	<b>Modèle initial</b>	<b>7</b>
5.1	Paramètres . . . . .	7
5.2	Analyse de sensibilité des différents paramètres. . . . .	8
<b>6</b>	<b>Automate cellulaire</b>	<b>10</b>
6.1	Hypothèses du modèle . . . . .	10
6.2	Résultats de l'analyse du paramètre de vaccination . . . . .	10
6.3	Regard critique . . . . .	12
<b>7</b>	<b>Modélisation de réseaux</b>	<b>13</b>
7.1	LFR benchmark graph . . . . .	13
7.2	Random cograph . . . . .	14
7.3	Évaluation des modèles . . . . .	14
<b>8</b>	<b>Validation et conclusion</b>	<b>16</b>
<b>9</b>	<b>Annexe</b>	<b>17</b>

# List of Figures

1	Représentation du modèle de transmission des oreillons SEIAR . . . . .	5
2	Modélisation des oreillons, modèle mathématique. . . . .	7
3	Analyse de sensibilité des différents paramètres sur le nombre d'individus infectés. . . . .	8
4	Automate cellulaire sans vaccination . . . . .	10
5	Automate cellulaire avec vaccination : 0.0001 . . . . .	11
6	Automate cellulaire avec vaccination : 0.0002 . . . . .	11
7	Automate cellulaire avec vaccination : 0.0007 . . . . .	12
8	Automate cellulaire avec vaccination : 0.001 . . . . .	12
9	LFR benchmark graph où les communautés ont été mises en évidence à l'aide du "Louvain community algorithm" . . . . .	13
10	Modélisation SEIR . . . . .	13

11	Random cograph . . . . .	14
12	Modélisation SEIR . . . . .	14
13	Histogramme de degré LFR graph . . . . .	14
14	Histogramme de degré random cograph . . . . .	14
15	Analyse de sensibilité des différents paramètres sur le moment d'apparition du pic épidémic. . . . .	17
16	Analyse de sensibilité des différents paramètres sur la proportion d'individus infectés au cours du temps. . . . .	17

## List of Tables

1	Paramètres initiaux issus de Estimating the Transmissibility of Mumps in Wuhan [1] . . . . .	7
2	Table d'évolution du temps pour atteindre le pic, de la somme d'infectés et du nombre d'individus d'infectés au pic de l'épidémie le tout en fonction du taux de vaccination . . . . .	12

# 1 Introduction

Dans le cadre du cours LBRTI2102 - Process-based modelling in bioscience engineering, un travail de modélisation nous a été demandé afin de mettre en pratique les différents modèles vus en cours. Nous avons décidé de modéliser la propagation d'une épidémie d'oreillons au sein du campus de Louvain-la-Neuve.

Le but de cette modélisation est dans un premier temps de visualiser l'évolution d'une épidémie d'oreillons sur base de paramètres issus de la littérature couplés à des données propres à notre campus. Cette modélisation se fera sur base de la résolution des équations différentielles provenant de l'étude sur laquelle nous nous sommes basés [1]. Dans un deuxième temps, deux autres modèles seront étudiés afin de mettre en exergue différents paramètres. Pour l'automate cellulaire, qui sera notre deuxième modèle, l'objectif sera de montrer l'impact de la vaccination sur l'évolution d'une épidémie. Pour notre dernier modèle, nous créerons un réseau d'individus (network), l'objectif sera de mettre en avant l'influence du degré de connexion entre les individus sur la propagation de l'épidémie.

Avant de présenter les résultats issus des trois modélisations réalisées en *python*, nous donnerons un bref résumé de la maladie que nous allons modéliser.

## 2 Les oreillons

Les oreillons sont une maladie virale qui se manifeste par une parotidite et transmise par le virus eucaryotes à ARN appelé *paramyxoviridae* atteignant principalement les glandes salivaires situées en avant des oreilles ainsi que les tissus nerveux. Cette maladie contagieuse se transmet facilement via des gouttelettes de salive en suspension dans l'air issues d'une toux, d'éternuements, ou même simplement en parlant ainsi que par contact direct avec une personne infectée. La maladie était auparavant une maladie infantile, mais la vaccination a presque complètement supprimé les formes de l'enfance et a paradoxalement augmenté le nombre de cas chez l'adulte jeune, ayant souvent reçu une vaccination incomplète, mais parfois correctement vaccinés.

Les symptômes associés sont la fièvre, des douleurs au niveau des oreilles, mais aussi le gonflement et les douleurs associées à ce gonflement des glandes parotides. Dans les cas les plus graves, l'infection par le virus des oreillons peut entraîner une inflammation des testicules chez l'homme et des ovaires chez la femme, qui peut entraîner des douleurs abdominales et des problèmes de fertilité à long terme, mais aussi une encéphalite qui elle-même peut entraîner la mort. La maladie confère une immunité à vie, même lorsqu'elle est asymptomatique, mais ne concerne que le sérotype du virus ourlien concerné, rendant possible théoriquement une nouvelle maladie [2].

### 3 Hypothèses du modèle

Dans le cas d'une modélisation appliquée aux campus de l'UCLouvain, il est nécessaire d'émettre un certain nombre d'hypothèses afin de garder uniquement les paramètres pertinents pour simplifier la modélisation. De plus, afin d'éviter une sensibilité trop importante liée au caractère aléatoire de certains paramètres (ex : temps d'incubation), une valeur moyenne leur sera attribuée.

1. La population reste constante. Le taux de natalité proche de zéro au sein de la population étudiante est donc supposé nul. Il en va de même pour le taux de mortalité naturelle.
2. La saisonnalité liée aux oreillons n'est pas prise en compte dans le modèle.
3. La période d'incubation de la maladie dure 21 jours.
4. La proportion vaccinée de la population sera ignorée dans le premier modèle ainsi que dans le troisième.
5. Les personnes asymptomatiques ont une même probabilité de transmission que les personnes symptomatiques. Les personnes asymptomatiques ont une charge virale inférieure aux personnes symptomatiques. De plus, n'ayant aucun symptôme, ils ne toussent pas et n'éternuent pas, diminuant aussi leur potentiel de transmission. Cependant, étant asymptomatiques, ils ne prendront aucunes précautions pour se protéger et éviter de contaminer d'autres individus. Dès lors, ces phénomènes étant difficilement quantifiables, nous avons opté pour un taux de transmission commun entre symptomatiques et asymptomatiques. Au vu du peu de différences attribuées à la dissociation de ces deux groupes d'individus, nous ferons le choix pour les modèles 2 et 3 de ne représenter qu'une catégorie comprenant la somme des deux groupes.

## 4 Modèle

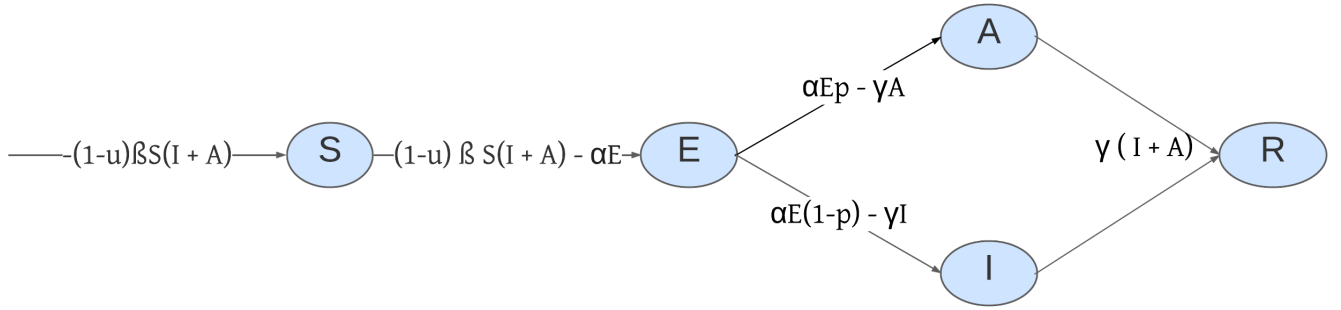


Figure 1: Représentation du modèle de transmission des oreillons SEIAR

Ce modèle, est inspiré de l'article Estimating the Transmissibility of Mumps: A Modelling Study in Wuhan City, China [1] mais a été modifié pour correspondre à notre modélisation. C'est un modèle SEAIR, par conséquent, les personnes susceptibles qui ont été infectées passent d'abord par un état exposé. Dans ce dernier, elles possèdent déjà le virus en elles, mais ne peuvent pas encore le transmettre. Après 21 jours (période d'incubation), les personnes exposées peuvent soit devenir infectées, auquel cas elles auront la possibilité d'infecter d'autres agents de la simulation, soit elles deviendront asymptomatiques, mais pourront aussi infecter d'autres individus. Par la suite, ces deux catégories de personnes deviendront immunisées à la maladie.

Les équations du modèle sont reprises ci-dessous :

$$\frac{d(S)}{dt} = -(1-u)\beta S(I+A) \quad (1)$$

$$\frac{d(E)}{dt} = (1-u)\beta S(I+A) - \alpha E \quad (2)$$

$$\frac{d(A)}{dt} = \alpha E p - \gamma A \quad (3)$$

$$\frac{d(I)}{dt} = \alpha E(1-p) - \gamma I \quad (4)$$

$$\frac{d(R)}{dt} = \gamma(I+A) \quad (5)$$

$$N(t) = S(t) + E(t) + A(t) + I(t) + R(t) \quad (6)$$

## 4.1 Explication des équations du modèle

### 4.1.1 Susceptible

$$\frac{d(S)}{dt} = -(1 - u)\beta S(I + A) \quad (7)$$

Cet état caractérise le taux de variation des individus sains, de ce fait non porteurs de la maladie. Où  $(1-u)$  correspond à l'exposition à la maladie. Elle permet de modéliser un confinement. Si  $u$  est égal à zéro cela équivaut à ne pas mettre de restriction sanitaire alors qu'un  $u$  égal à un correspondrait à un isolement total où les contacts entre individus seraient inexistantes. Les quatre termes  $\beta$ ,  $S$ ,  $I$  et  $A$  multipliant  $(1-u)$  sont respectivement le taux de transmission de la maladie, la fraction d'individus susceptibles, la fraction d'individus infectés et la fraction d'individus asymptomatiques.

### 4.1.2 Exposé

$$\frac{d(E)}{dt} = (1 - u)\beta S(I + A) - \alpha E \quad (8)$$

Cet état caractérise le taux de variation des individus contaminés en cours d'incubation. La première partie de l'équation est égale la quantité de personnes infectées au temps  $t$ . Dans la deuxième partie,  $\alpha$  est le taux auquel la population exposée devient infectieuse, où  $E$  est la taille de la population exposée. La période de temps moyenne dans l'état exposé est la période d'incubation de la maladie et est égale à  $\frac{1}{\alpha}$ . Dans ce cas-ci, la période d'incubation sera fixée à 21 jours (3).

### 4.1.3 Asymptomatique

$$\frac{d(A)}{dt} = \alpha EP - \gamma A \quad (9)$$

Cet état caractérise le taux de variation de la fraction de la population infectée ne présentant pas de symptômes de la maladie.  $\gamma$  est le taux auquel la population asymptomatique se rétablit et devient résistante à une nouvelle infection.  $A$  est la taille de la population asymptomatique. Les individus ont une probabilité  $P$  de devenir asymptomatiques et comme nous le verrons par après, auront une probabilité  $P-1$  de devenir infectés. La valeur du paramètre  $P$  provient encore une fois de l'étude sur laquelle nous nous sommes basés pour le modèle [1], cette dernière a été fixée à 0.2.

### 4.1.4 Infecté

$$\frac{d(I)}{dt} = \alpha E(1 - P) - \gamma I \quad (10)$$

Cet état caractérise le taux de variation de la fraction de la population infectée présentant des symptômes (2).  $\gamma$  est le taux auquel la population infectée se rétablit et devient résistante à une nouvelle infection.  $I$  est la taille de la population infectée.

### 4.1.5 Rétabli

Cet état représente le taux de variation des individus rétablis des oreillons.

$$\frac{d(R)}{dt} = \gamma(I + A) \quad (11)$$

## 5 Modèle initial

### 5.1 Paramètres

Dans cette section, nous présenterons les résultats obtenus après résolution des équations différentielles vues dans la section précédente. Les paramètres initiaux du modèle sont issus de l'étude sur la modélisation des oreillons à Whuan [1]. Le paramètre  $u$  (exposition à la maladie) sera mis à zéro ce qui veut dire qu'aucun confinement n'est mis en place lors de la simulation.

$\alpha$	$\beta$	$\gamma$	Proportion d'asymptomatiques	Période d'incubation
0.0476	0.2941	0.05882	0.2	21

Table 1: Paramètres initiaux issus de Estimating the Transmissibility of Mumps in Wuhan [1]

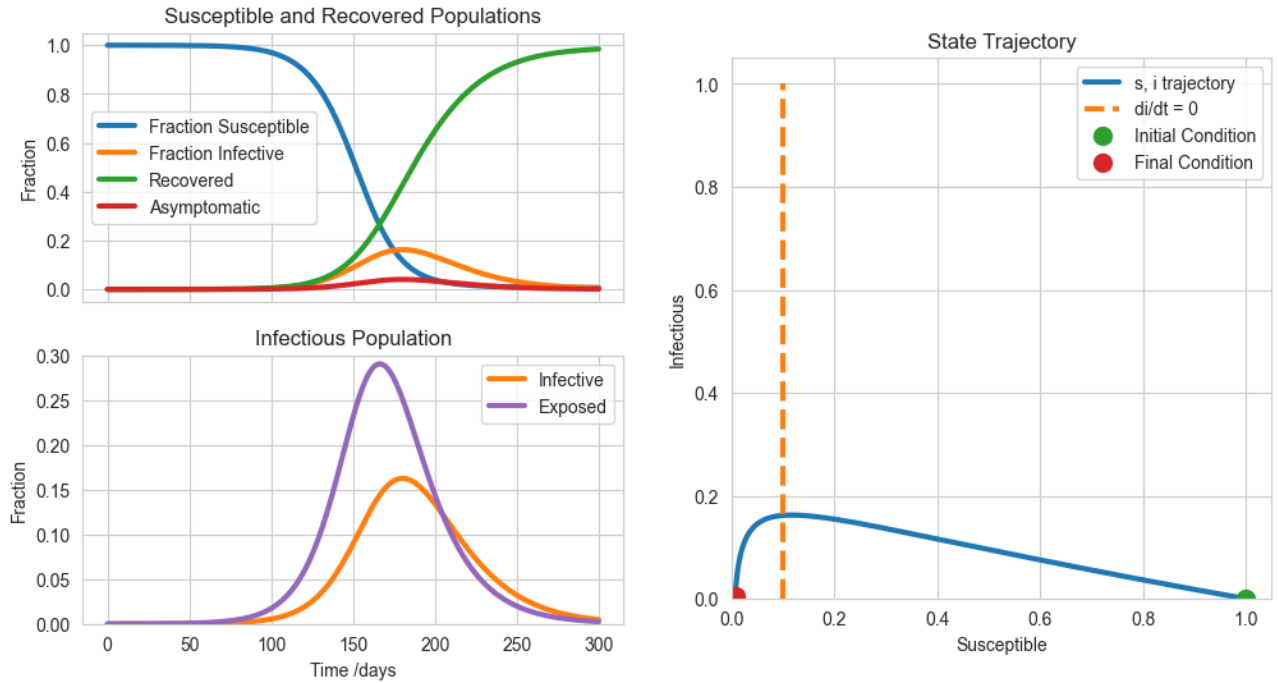


Figure 2: Modélisation des oreillons, modèle mathématique.

Nous pouvons constater que le nombre d'infectés met du temps à grimper. Cela provient probablement du fait de la présence d'une période d'incubation  $\frac{1}{\alpha}$  retardant d'au moins 21 jours le début de la simulation. La proportion de la population asymptomatique au cours du temps est comme attendu inférieure à celle des infectés, la probabilité de devenir asymptomatique étant inférieure. Leurs tendances respectives sont naturellement identiques. Nous pouvons voir sur le dernier graphique à droite que le pic de l'épidémie ( $\frac{di}{dt}$ ) a lieu quand déjà 90% de la population a été infectée. Ce pic tardif est aussi la conséquence de la longue période d'incubation des oreillons.



## 5.2 Analyse de sensibilité des différents paramètres.

Une des finalités d'une bonne modélisation est de permettre de prédire l'évolution d'une maladie sur base de certains paramètres. Ceci plus précisément dans le but de pouvoir estimer à l'avance le nombre de personnes infectées à un moment donné pour pouvoir adapter le système hospitalier en conséquence ou imposer un confinement. Il est donc important de bien choisir les paramètres du modèle, mais il est aussi intéressant de savoir quel paramètre aura le plus d'influence sur la prédiction du nombre de cas. Cela nous permettrait d'avoir une vue d'ensemble sur la marge d'erreur autorisée dans la paramétrisation du modèle.

Une analyse de sensibilité sera effectuée sur les trois paramètres principaux du modèle, à savoir :  $\alpha, \beta, \gamma$ . Une variation (par multiplication) de -0.9 à +0.9 sera appliquée sur chacun d'entre eux et le modèle sera recalculé à chaque itération. Nous allons mesurer pour chaque valeur de paramètre le nombre de personnes infectées et voir son évolution.

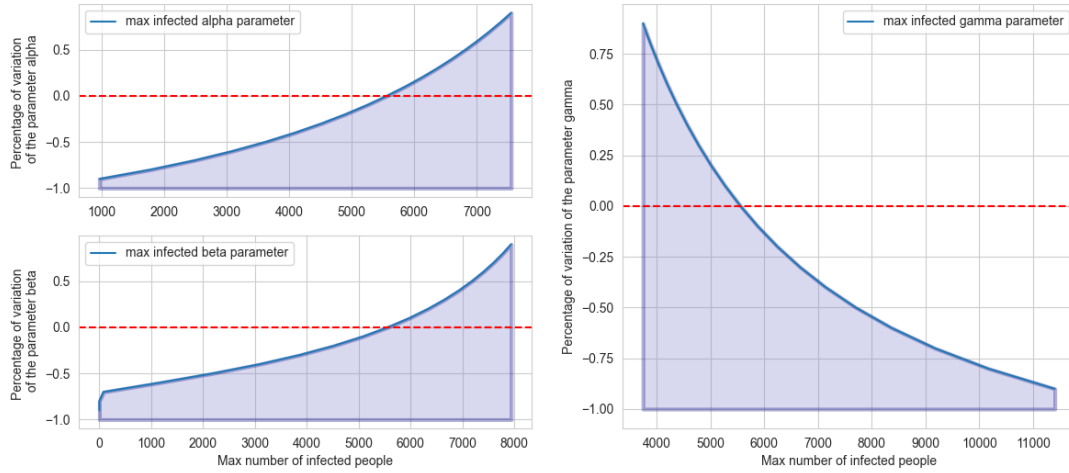


Figure 3: Analyse de sensibilité des différents paramètres sur le nombre d'individus infectés.

La ligne en rouge représente la valeur de départ de chaque paramètre. Sans surprise, les paramètres  $\alpha$  et  $\beta$  influencent positivement la quantité de personnes infectieuses et  $\gamma$  l'influence négativement comme le montrent les équations utilisées dans le modèle (4). En appliquant la fonction polyfit sur chaque graphique, nous pouvons retrouver les équations respectives qui les définissent :

- $\alpha : 3.45 \times 10^{-8}x^2 - 3.45 \times 10^{-5}x - 0.85$
- $\beta : 2.08 \times 10^{-8}x^2 + 2.93 \times 10^{-5}x - 0.75$
- $\gamma : 3.47 \times 10^{-8}x^2 - 7.38 \times 10^{-4}x + 3.08$

Avec cela, nous pouvons calculer la dérivée première de chaque équation et trouver les pentes de ces dernières en  $y = 0$  afin de pouvoir quantifier la sensibilité de chacun des paramètres aux abords de leur valeur réelle. Les pentes respectives sont les suivantes :

- Pente pour  $\alpha = 3.45 \times 10^{-4}$
- Pente pour  $\beta = 2.53 \times 10^{-4}$
- Pente pour  $\gamma = -3.42 \times 10^{-4}$

Parce que nous faisons varier  $y$  (pourcentage de variation du paramètre) et non pas  $x$ , une pente importante traduira une faible sensibilité et inversement. Tous les paramètres semblent être extrêmement sensibles comme en témoignent leurs valeurs de pente.  $\beta$  a la sensibilité la plus importante. Les sensibilités des différents paramètres sont identiques si on s'intéresse au moment où le pic de l'épidémie apparaît (15).

## 6 Automate cellulaire

Dans le premier modèle, l'effet de la vaccination sur la dynamique de l'épidémie a été ignoré. N'ayant pas de composante spatiale, les conséquences de la vaccination auraient simplement été une réduction de la population susceptible (S). Le résultat final a été exprimé en tant que fraction de la population et le nombre de personnes vaccinées aurait uniquement été soustrait de la population totale.

Dans ce deuxième modèle, nous avons souhaité visualiser l'importance de la vaccination pour stopper une épidémie en prenant en compte une répartition spatiale aléatoire de personnes vaccinées.

### 6.1 Hypothèses du modèle

Cette visualisation par automate cellulaire suppose que le nombre de connexions entre différents individus est constant. Chaque cellule est entourée du même nombre de cellules sauf celles aux limites de notre grille de simulation. La dissociation entre symptomatiques et asymptomatiques pourra être ignorée dans cette analyse (3).

### 6.2 Résultats de l'analyse du paramètre de vaccination

Afin de comparer les différentes simulations entre elles, trois paramètres ont été choisis afin d'évaluer les différences de propagation.

1. Le temps pour atteindre un pic d'infection.
2. Le nombre d'infectés maximum durant ce pic.
3. Le nombre d'infectés total de la simulation.

Les paramètres pour cette modélisation sont similaires au modèle précédent en ajoutant un paramètre de vaccination. La grille de l'automate est constituée de 40 000 cellules représentant les 40 000 étudiants de Louvain-la-Neuve. Le nombre d'infectés initial a été arbitrairement choisi comme étant égal à 10, leurs restera identique pour l'ensemble des simulations pour garder toutes choses égales par ailleurs. Le niveau d'avancement choisi pour comparer ces propagations est le pic d'infection.<sup>1</sup>

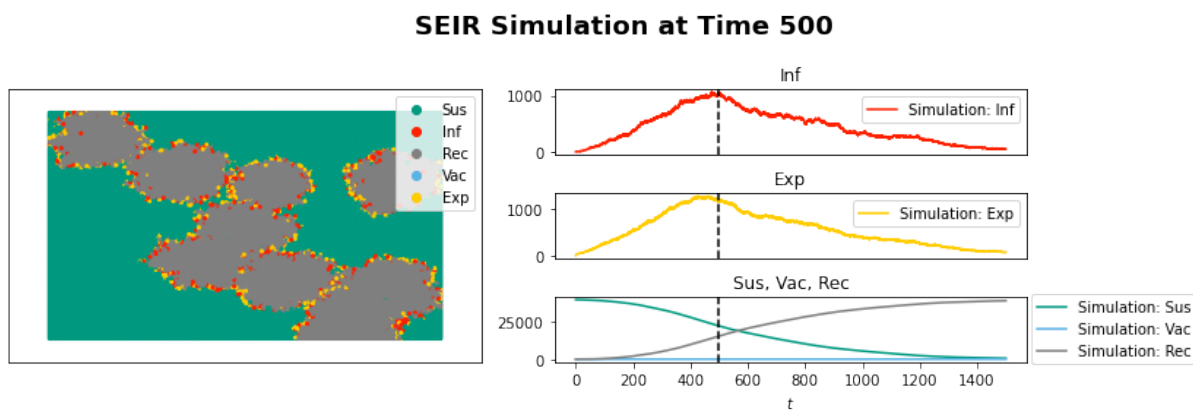


Figure 4: Automate cellulaire sans vaccination

<sup>1</sup>Les vidéos des différentes simulations se trouvent en pièce jointe du dossier zippé

### SEIR Simulation at Time 500

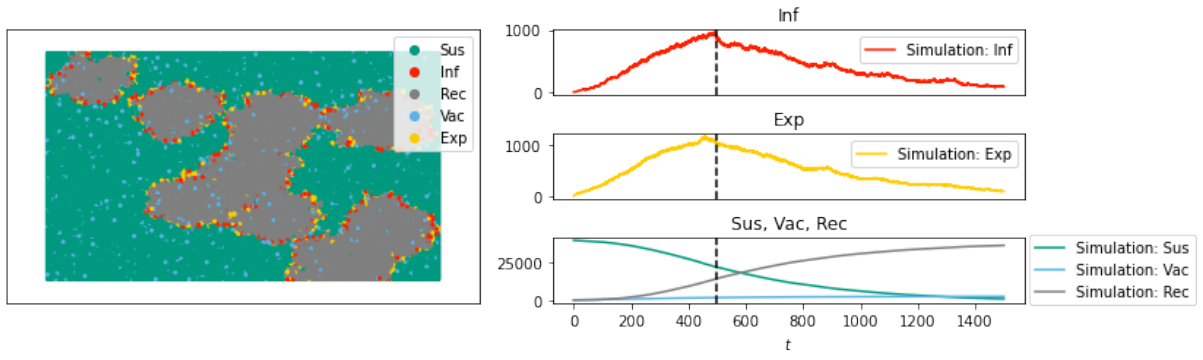


Figure 5: Automate cellulaire avec vaccination : 0.0001

### SEIR Simulation at Time 500

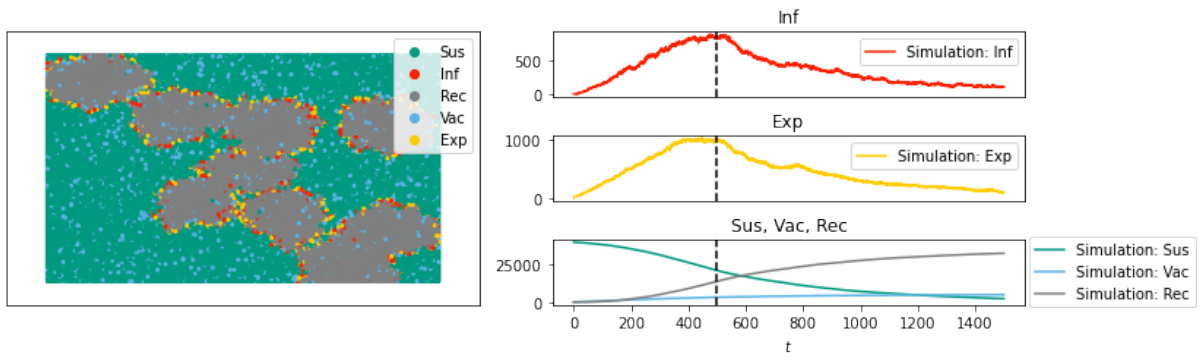


Figure 6: Automate cellulaire avec vaccination : 0.0002

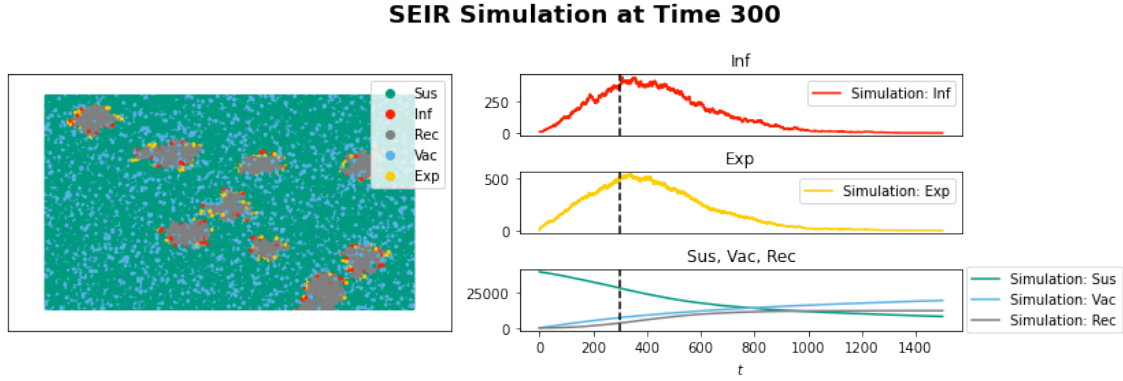


Figure 7: Automate cellulaire avec vaccination : 0.0007

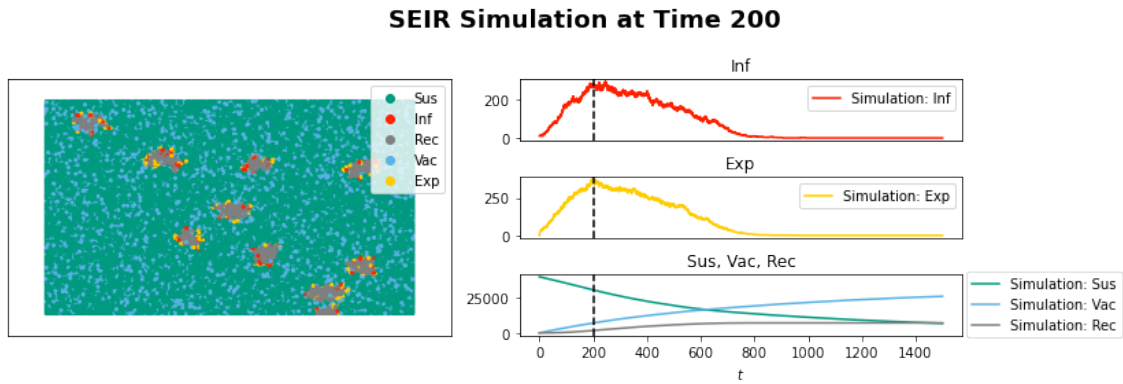


Figure 8: Automate cellulaire avec vaccination : 0.001

	Vaccin 0	Vaccin 0.0001	Vaccin 0.0002	Vaccin 0.0007	Vaccin 0.001
Temps au pic d'infections	474	489	475	307	245
Somme des infectés	45351	44149	43758	19631	16549
Valeur d'infectés au pic	1060	963	869	449	295

Table 2: Table d'évolution du temps pour atteindre le pic, de la somme d'infectés et du nombre d'individus d'infectés au pic de l'épidémie le tout en fonction du taux de vaccination

On peut voir tant sur les figures en fonction de la taille des différents clusters au pic d'infection que quantitativement dans la table 2 que le nombre total d'infectés diminue drastiquement en fonction de la stratégie de vaccination adoptée. Le pas de temps et la valeur d'infectés au pic diminuent, eux aussi, au plus la vaccination augmente. On peut observer que la vaccination a tendance à faire atteindre un pic plus tôt et moins élevé dans la plupart des cas.

### 6.3 Regard critique

Les automates cellulaires sont basés sur des équations de transitions qui définissent comment les états des cellules évoluent d'une itération à l'autre. Ces équations, basées sur des probabilités de changement d'état, nous donnent des valeurs discrètes non-représentatives de la réalité. Ce modèle permet tout de même de voir l'effet de barrière créée par la vaccination, qui est visualisable grâce à la composante spatiale de l'automate cellulaire jouant un rôle important sur cette simulation.

## 7 Modélisation de réseaux

Pour cette dernière section, nous allons étudier un troisième moyen de modéliser une épidémie dans une population. La modélisation en réseau. Dans ce type de modèle, la population est représentée sous la forme d'un réseau, chaque nœud de ce dernier correspond à un individu et les interactions entre ces individus seront représentées par des arêtes. Comme dans la section sur les automates cellulaires, nous nous affranchirons de la distinction entre les individus asymptomatiques et les infectés pour ne garder que ces derniers (3). Le but de cette partie sera d'étudier l'impact des "clusters" induits par la création initiale du réseau et par la différence de degré de connexions entre les nœuds sur l'évolution de l'épidémie. Aussi, par souci de vitesse d'exécution, le nombre de nœuds/individus ne sera plus égal à la population de Louvain-la-Neuve. Nous l'avons fixé à 250. Nous garderons les valeurs des paramètres  $\alpha$ ,  $\beta$  et  $\gamma$  utilisées dans les sections précédentes.

### 7.1 LFR benchmark graph

Le premier réseau que nous allons analyser est le **LFR benchmark graph** [3]. Le LFR benchmark est un réseau utilisé pour évaluer les performances de différentes méthodes de clustering de graphes. Il génère des graphes aléatoires qui ont une structure de communauté connue à l'avance, de sorte que l'on puisse évaluer à quel point une méthode de clustering est capable de détecter ces communautés.

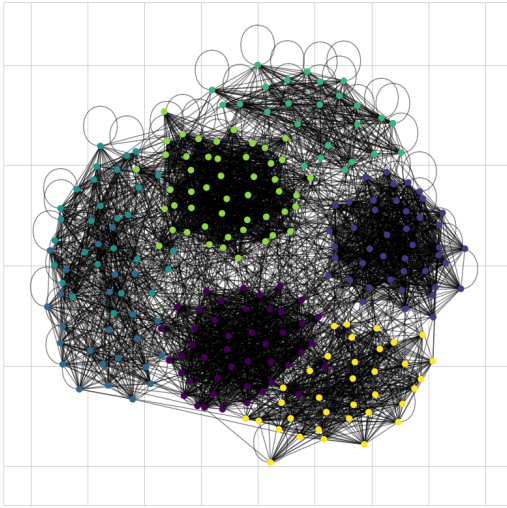


Figure 9: LFR benchmark graph où les communautés ont été mises en évidence à l'aide du "Louvain community algorithm"

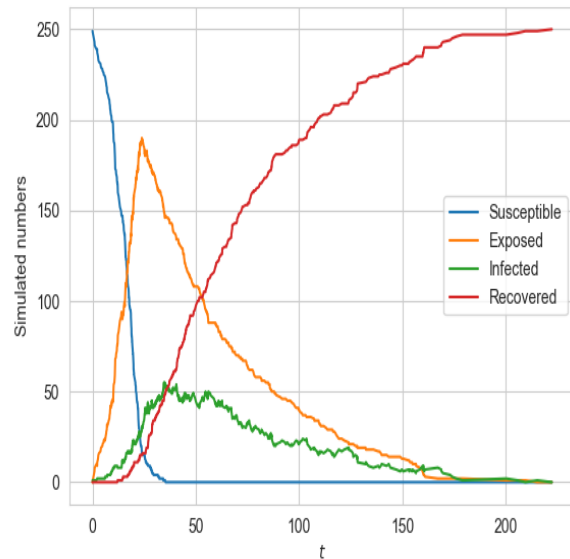


Figure 10: Modélisation SEIR

Le LFR benchmark graph a été créé à l'aide du package python "networks" [4]. La paramétrisation du graphe étant assez compliquée, il n'est pas possible de choisir précisément le nombre de communautés. Nous avons donc utilisé le **Louvain community algorithm** [5] pour mettre ces dernières en évidence. Nous pouvons constater sur la figure 12 que la présence de communauté n'a pas ralenti la propagation de l'épidémie. Au contraire, au pic de cette dernière 24% de la population est au stade d'infection contre 16% pour le modèle de base (2).

## 7.2 Random cograph

Le deuxième type de réseau que nous allons analyser est un **random cograph** [6] possédant  $2^8$  nœuds (la paramétrisation du graphe nous l'oblige à choisir  $2^x$  nœuds [7]).

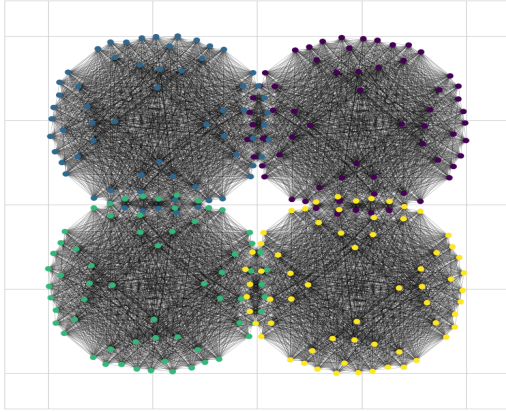


Figure 11: Random cograph

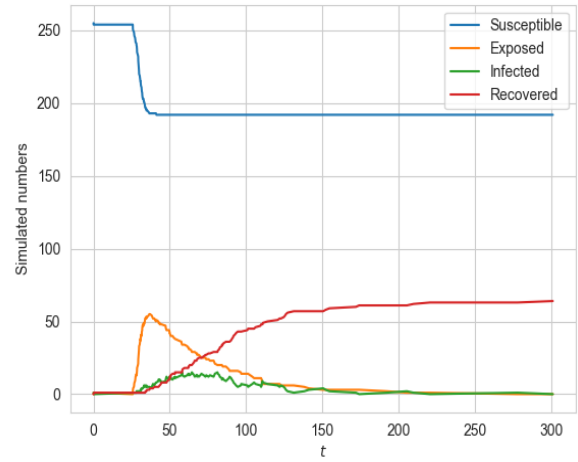


Figure 12: Modélisation SEIR

La présence de communautés a encore été révélée à l'aide du Louvain algorithm. Nous pouvons constater que bien que le random cograph possède lui aussi des communautés, l'épidémie évolue de façon diamétralement différente. Celle-ci a du mal à prendre de l'ampleur et s'arrête avant même que l'entièreté de la population n'ait été infectée.

## 7.3 Évaluation des modèles

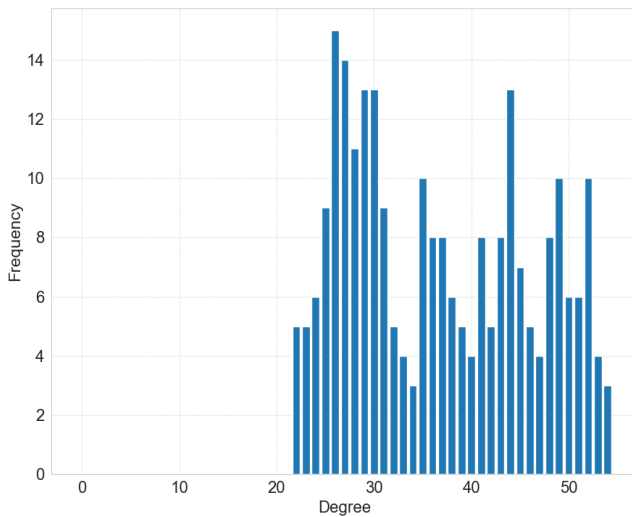


Figure 13: Histogramme de degré LFR graph

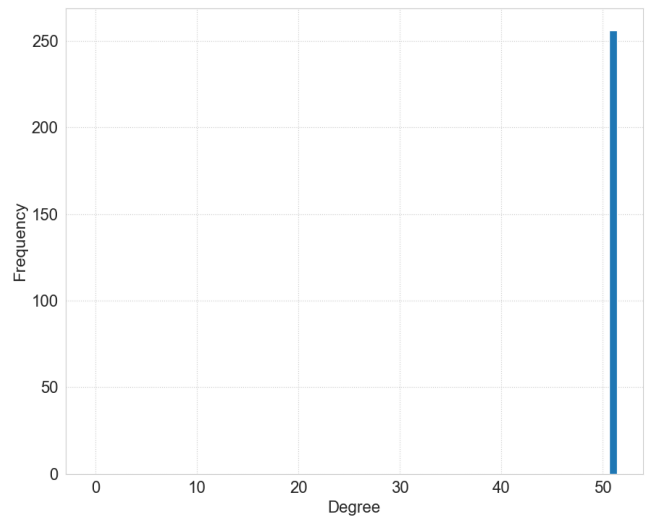
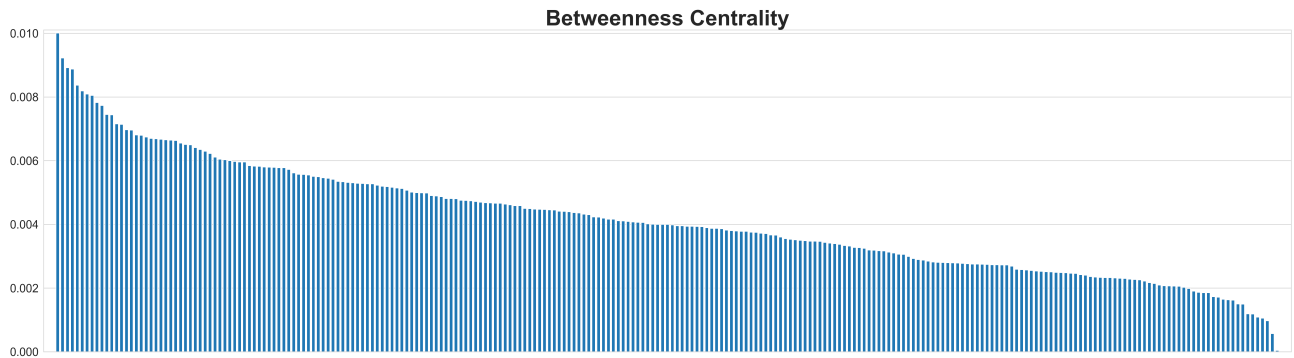


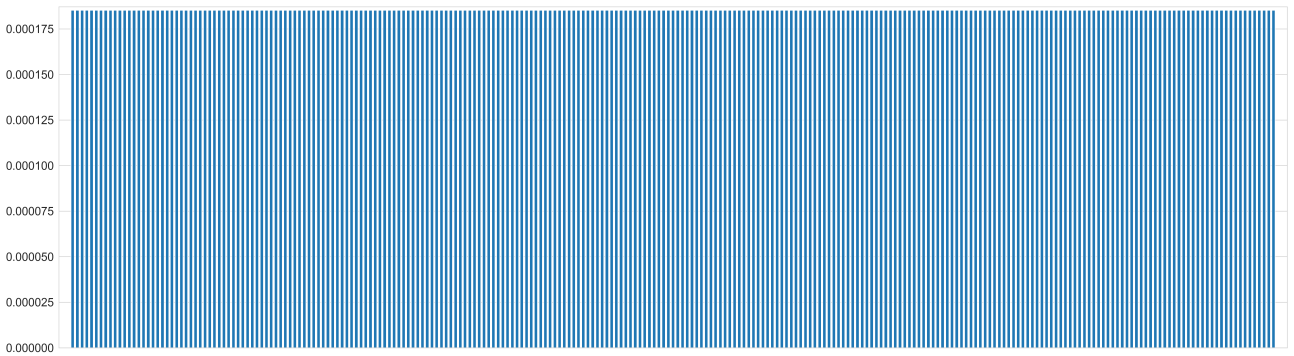
Figure 14: Histogramme de degré random cograph

Le degré d'un nœud représente le nombre d'arêtes reliées à ce dernier et donc le nombre de contacts potentiels entre chaque individu du graphe. Nous constatons dans les figures 13 et 14 que le degré moyen pour le random cograph est plus important que pour de LFR graph. Les nœuds du cograph sont donc en moyenne plus reliés à d'autres nœuds que celui de LFR et pourtant l'épidémie à plus de mal à se propager dans le premier cas. La facilité avec laquelle une épidémie se développe doit, par conséquent, provenir d'autres facteurs.

Nous pouvons utiliser encore d'autres métriques pour analyser ces deux graphes comme la **centralité de passage** [8]. La centralité de passage (Betweenness Centrality en anglais) est un concept de centralité dans les réseaux qui mesure le nombre de fois où un nœud d'un graphe est sur un chemin le plus court entre deux autres nœuds. Un nœud ou un lien avec une forte centralité de passage est considéré comme étant important pour la connectivité du réseau, car il est fréquemment sur le chemin le plus court entre d'autres nœuds.



(a) Centralité de passage graphe LFR



(b) Centralité de passage random cograph

Nous pouvons constater sur les figures 15(a) et 15(b) que la centralité de passage du LFR graphe est moins homogène que celle du cograph. Cela pourrait expliquer la différence d'évolution de l'épidémie dans les deux réseaux. En effet, l'homogénéité du degré de passage du cograph indique qu'il n'y a pas de superinfecteur dans le réseau et donc qu'il n'y a pas de nœud ayant une connexion telle qu'il relancerait l'épidémie. Et c'est exactement ce qu'il se passe lors d'un confinement. Quand on met une population en confinement, les individus et donc les nœuds dans notre cas voient leur degré baisser. De ce fait, la centralité de passage des superinfecteurs va, elle aussi, baisser et se rapprocher de celle des individus les moins connectés. La distribution de la centralité de passage va donc s'homogénéiser. Nous pouvons donc conclure que l'efficacité du confinement d'une population vient, entre autres, de deux choses. Premièrement, la réduction du degré moyen des individus et deuxièmement de l'homogénéisation de la centralité de passage.



## 8 Validation et conclusion

Concernant la partie validation, nous nous sommes heurtés à plusieurs difficultés. Premièrement, comme mentionné dans le *Rapport annuel VPD 2020, Oreillons de Sciensano*[9] il n'existe pas de réseau de surveillance dédié aux oreillons en Belgique. De plus, la plupart des chiffres que nous avons trouvés dénombraient les cas d'oreillons par an. Pour ces derniers, les diagnostics étaient issus de données de laboratoires alors que la majorité des diagnostics est clinique. Cela signifie de ce fait que nous ne pouvons pas savoir si nos modèles ont une utilité pour prédire une évolution d'épidémie d'oreillons.

Comme souvent rappelé durant le cours, la modélisation est rarement globale en termes de processus représentés. Un modèle peut être utile pour mettre en évidence certains aspects d'un phénomène, mais il ne doit pas être considéré comme un substitut à la réalité. Il est important de se souvenir que les modèles sont des simplifications de cette dernière et qu'ils ont leurs limites.

Le modèle d'automate cellulaire est un outil de simulation qui permet de représenter et d'analyser le comportement d'un système composé de nombreuses cellules ou unités individuelles qui interagissent selon des règles prédéfinies. Il peut être utilisé à des fins de prévention, comme dans le cas de la vaccination, en modélisant et en prédisant la propagation de l'infection au sein d'une population et en mettant en place des stratégies pour accélérer ou ralentir cette propagation.

La modélisation en réseau permet de représenter et d'analyser les relations et les interactions entre les éléments d'un système complexe sous forme de graphe. Elle peut être utilisée pour montrer l'utilité d'un confinement d'une personne infectée en fonction de son degré de connexion, c'est-à-dire de la quantité et de la qualité de ses interactions avec d'autres personnes. En représentant chaque individu comme un point et en reliant les points entre eux selon les interactions observées, il est possible de visualiser les liens de transmission de l'infection et de déterminer les individus à risque de propager l'infection. En confinant ces individus, on peut réduire la transmission de l'infection et protéger la population.

Malgré les limites de la modélisation et les difficultés rencontrées lors de la validation de nos modèles, nous sommes convaincus qu'ils peuvent être utiles pour comprendre et prévoir l'évolution des épidémies, en particulier lorsque les données sont limitées ou incomplètes. Il est important de continuer à développer et à améliorer ces approches pour aider à la prise de décision et à la gestion des crises sanitaires.

## 9 Annexe

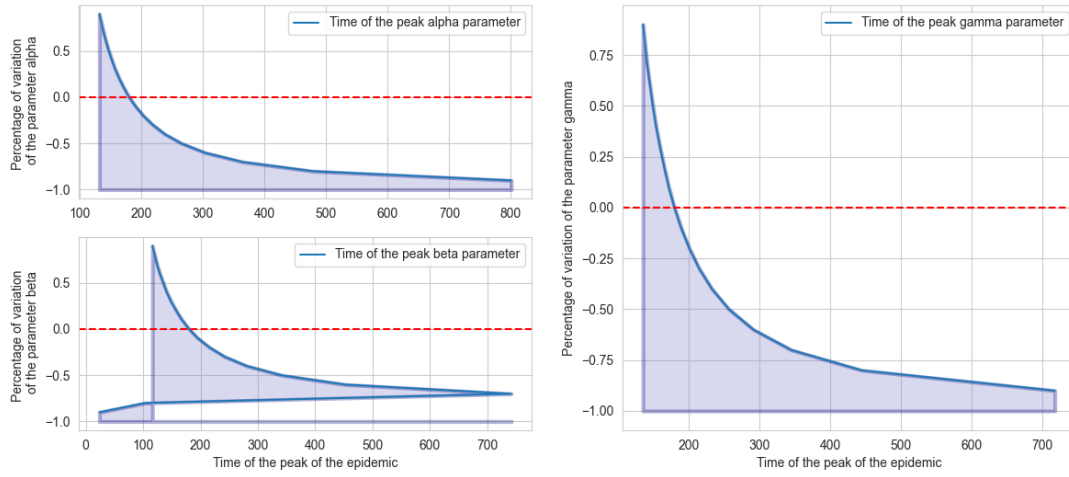


Figure 15: Analyse de sensibilité des différents paramètres sur le moment d'apparition du pic épidémique.

- $\alpha : 5.97 \times 10^{-6}x^2 - 0.008x + 1.74$
- $\beta : 9.56 \times 10^{-7}x^2 - 0.0001x + 0.14$
- $\gamma : 7.91 \times 10^{-6}x^2 - 0.01x + 2.01$
- Pente pour  $\alpha = -6.85 \times 10^{-3}$
- Pente pour  $\beta = -1.45 \times 10^{-3}$
- Pente pour  $\gamma = -7.71 \times 10^{-3}$

À noter que les paramètres sont moins sensibles quant à la prédiction du moment du pic de l'épidémie que du nombre total d'individus infectés lors du pic, comme en témoignent les valeurs de pentes qui sont de l'ordre de  $10^{-3}$  pour le premier cas et  $10^{-4}$  pour l'autre.

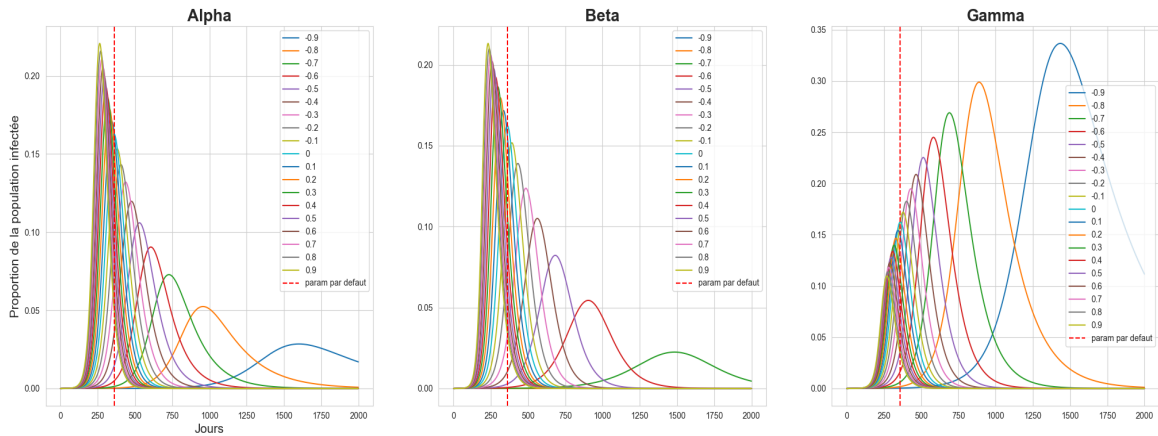


Figure 16: Analyse de sensibilité des différents paramètres sur la proportion d'individus infectés au cours du temps.

## References

- [1] Y. Peng, T. Yang, Y. Zhu, *et al.*, “Estimating the transmissibility of mumps: A modelling study in wuhan city, china,” *Frontiers in Medicine*, p. 1121, 2021.
- [2] *Parotidite épidémique*. [Online]. Available: <https://www.msmanuals.com/fr/professional/p%C3%5C%A9diatrie/diverses-infections-virales-chez-le-nourrisson-et-enfant/panenc%C3%5C%A9phalite-rub%C3%5C%A9oleuse-%C3%5C%A9vulsive>.
- [3] A. Lancichinetti, S. Fortunato, and F. Radicchi, “Benchmark graphs for testing community detection algorithms,” *Physical review E*, vol. 78, no. 4, p. 046 110, 2008.
- [4] *Lfr benchmark graph*, [https://networkx.org/documentation/stable/reference/generated/networkx.generators.community.LFR\\_benchmark\\_graph.html#networkx.generators.community.LFR\\_benchmark\\_graph](https://networkx.org/documentation/stable/reference/generated/networkx.generators.community.LFR_benchmark_graph.html#networkx.generators.community.LFR_benchmark_graph).
- [5] V. D. Blondel, J.-L. Guillaume, R. Lambiotte, and E. Lefebvre, “Fast unfolding of communities in large networks,” *Journal of statistical mechanics: theory and experiment*, vol. 2008, no. 10, P10008, 2008.
- [6] D. G. Corneil, H. Lerchs, and L. S. Burlingham, “Complement reducible graphs,” *Discrete Applied Mathematics*, vol. 3, no. 3, pp. 163–174, 1981.
- [7] *Networkx random cograph*, [https://networkx.org/documentation/stable/reference/generated/networkx.generators.cographs.random\\_cograph.html#networkx.generators.cographs.random\\_cograph](https://networkx.org/documentation/stable/reference/generated/networkx.generators.cographs.random_cograph.html#networkx.generators.cographs.random_cograph).
- [8] *Centralité de passage*, <https://en.wikipedia.org/wiki/Betweenness centrality>.
- [9] *Surveillance épidémiologique des oreillons - virus ourlien*. [Online]. Available: <https://www.sciensano.be/fr/biblio/surveillance-epidemiologique-des-oreillons-virus-ourlien-2020>.