

Un apport de l'IA aux crises épidémiologiques

Kiss the Covid

P. Mathieu^{a,1,*}, N. Mauhé^a

^aUniv. Lille, CNRS, Centrale Lille, UMR 9189 – CRISTAL Lab, F-59000 Lille, France

Abstract

Lors d'une crise sanitaire liée à l'apparition d'une maladie infectieuse, il est impératif d'avoir des systèmes d'aide à la décision des politiques publiques (évolution de la maladie, immunité collective, nombres dates et durées de périodes de confinement).

L'évolution d'une maladie infectieuse peut-être modélisée de différentes façons (approche centrée-individus, réseaux sociaux, equations mathématiques, modèles de flux).

Toutes ces modélisations necessite l'usage de paramètres pour calibrer le modèle. Plus il y a de paramètres, plus il est facile de coller aux données (tout comme il existe toujours un polynome de degrés n qui passe par n points).

Certains modélisateurs pensent que plus les paramètres sont précis (et nombreux), plus le modèle sera fiable. C'est un course sans fin.

L'important est de trouver l'essence du problème, le modèle le plus économe en paramètres (parcimonieux) rendant compte des phénomènes observés.

L'IA est d'une grande aide pour éviter les biais et régler au mieux ces modèles.

Keywords: Infectious disease, SIR modelling, Decision support system, artificial intelligence

2010 MSC: 00-01, 99-00

*Corresponding author

Email addresses: philippe.mathieu@univ-lille.fr (P. Mathieu),
nicolas.mauhe@univ-lille.fr (N. Mauhé)

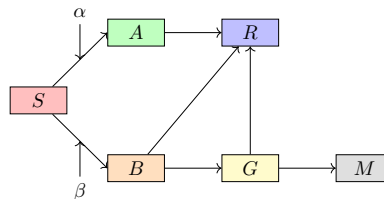
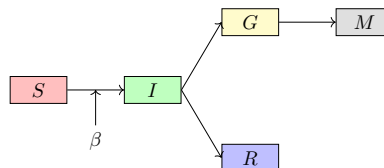
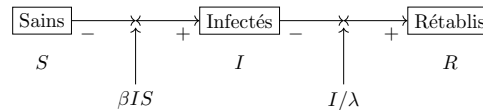
1. Introduction

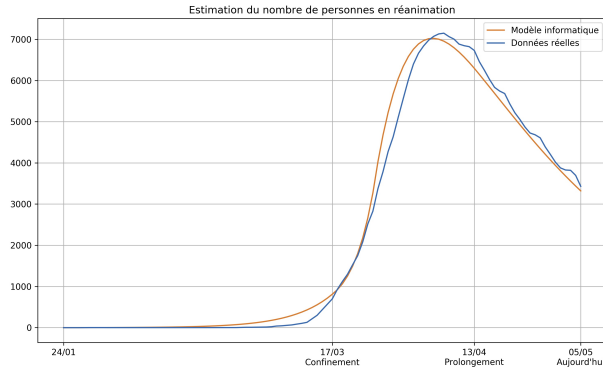
Depuis exactement un siècle et le papier séminal de Kermack et McKendrick, la modélisation épidémiologique a pris une part prépondérante dans l'étude de ces phénomènes complexes. La crise du H1N1 en 2008 a nettement amplifié ce phénomène, faisant apparaître un nombre important de modèle tous plus complexe les uns que les autres. Dans ce papiers nous montrons que les techniques d'intelligence artificielle Utilisées à bon escient, Permettent d'une part de concevoir des modèles plus facile à comprendre et à utiliser par les thématiciens et d'autre part de faciliter grandement la conception d'outils d'aide à la décision pour les politiques sanitaires.

Le modèle présenté s'appuie sur des taux de contagion adaptable chaque jour, dont la valeur est automatiquement calculée par apprentissage génétique.

Le modèle SIR de Kermack et McKendrick [1] a été proposé en 1927 pour expliquer la hausse et la baisse rapides du nombre de patients infectés observées lors d'épidémies telles que la peste (à Londres en 1665, à Bombay en 1906) ou le choléra (à Londres en 1865). Il a été remis à l'avant-plan à la fin des années 1970 par Anderson et May [2].

2. Notre modèle





References

- [1] R. M. May, R. M. Anderson, Population biology of infectious diseases: Part
25 ii, *Nature* 280 (5722) (1979) 455–461.
- [2] J. Stehlé, N. Voirin, A. Barrat, C. Cattuto, V. Colizza, L. Isella, C. Régis,
J.-F. Pinton, N. Khanafer, W. Van den Broeck, et al., Simulation of an
seir infectious disease model on the dynamic contact network of conference
attendeers, *BMC medicine* 9 (1) (2011) 87.
- [3] W. Duan, Z. Fan, P. Zhang, G. Guo, X. Qiu, Mathematical and computa-
30 tional approaches to epidemic modeling: a comprehensive review, *Frontiers
of Computer Science* 9 (5) (2015) 806–826.
- [4] W. O. Kermack, A. G. McKendrick, A contribution to the mathemati-
cal theory of epidemics, *Proceedings of the royal society of london. Series
A, Containing papers of a mathematical and physical character* 115 (772)
35 (1927) 700–721.
- [5] M. J. Keeling, P. Rohani, *Modeling infectious diseases in humans and ani-
mals*, Princeton University Press, 2011.
- [6] C. Kamp, M. Moslonka-Lefebvre, S. Alizon, Epidemic spread on weighted
40 networks, *PLoS computational biology* 9 (12).

- [7] B. Wilder, M. Charpignon, J. A. Killian, H.-C. Ou, A. Mate, S. Jabbari, A. Perrault, A. Desai, M. Tambe, M. S. Majumder, The role of age distribution and family structure on covid-19 dynamics: A preliminary modeling assessment for hubei and lombardy, Available at SSRN 3564800.
- 45 [8] B. M. Ndiaye, L. Tendeng, D. Seck, Analysis of the covid-19 pandemic by sir model and machine learning technics for forecasting, arXiv preprint arXiv:2004.01574.
- [9] J.-Q. Liao, X.-B. Hu, M. Wang, M. S. Leeson, Epidemic modelling by ripple-spreading network and genetic algorithm, Mathematical Problems
50 in Engineering 2013.
- [10] D. Benvenuto, M. Giovanetti, L. Vassallo, S. Angeletti, M. Ciccozzi, Application of the arima model on the covid-2019 epidemic dataset, Data in Brief 29 (2020) 105340.
- [11] N. Pearce, F. Merletti, Complexity, simplicity, and epidemiology (2006).
- 55 [12] S. A. Levin, T. G. Hallam, L. J. Gross, Applied mathematical ecology, Vol. 18, Springer Science & Business Media, 2012.
- [13] R. Verity, L. C. Okell, I. Dorigatti, P. Winskill, C. Whittaker, N. Imai, G. Cuomo-Dannenburg, H. Thompson, P. G. Walker, H. Fu, et al., Estimates of the severity of coronavirus disease 2019: a model-based analysis,
60 The Lancet Infectious Diseases.