

Modélisation de la propagation d'une épidémie

L'exemple du coronavirus en France

Objectifs

- Être capable d'évaluer l'efficacité d'une politique publique dans le cas de la propagation d'un virus
 - En nombre de morts
 - En nombre de jours d'épidémie
- Évaluer si la France doit entrer en confinement
- Évaluer le nombre de jours à partir duquel la vie reprend son cours normal sans risque de nouvelle propagation du virus

Intuitions

- 1) Avant tout, il faut être capable de modéliser la propagation d'une épidémie dans un cluster fermé
- 2) On souhaite ensuite ajouter des flux de population entre clusters, dans un pays fermé
- 3) On souhaite ensuite ajouter des arrivées exogènes de touristes ou de retours de vacanciers dans certains clusters
- 4) On souhaite intégrer des paramètres exogènes dépendant des choix du gouvernement
- 5) On souhaite visualiser l'évolution de la propagation du virus

Sommaire

- 1) Modélisation dans un cluster fermé
- 2) Échange de populations entre clusters dans un pays fermé
- 3) Ajout de paramètres extérieurs variant dans le temps et par cluster
- 4) Données nécessaires pour l'étude
- 5) Dataviz
- 6) Perspectives

Sommaire

1) Modélisation dans un cluster fermé

- 1) Description des hypothèses et modélisation
- 2) Fonction de contamination
- 3) Fonction d'évolution

2) Échange de populations entre clusters dans un pays fermé

3) Ajout de paramètres extérieurs variant dans le temps et par cluster

4) Données nécessaires pour l'étude

5) Dataviz

6) Perspectives

Sommaire

1) Modélisation dans un cluster fermé

- 1) Description des hypothèses et modélisation
- 2) Fonction de contamination
- 3) Fonction d'évolution

2) Échange de populations entre clusters dans un pays fermé

3) Ajout de paramètres extérieurs variant dans le temps et par cluster

4) Données nécessaires pour l'étude

5) Dataviz

6) Perspectives

Des paramètres liés à l'épidémie

- Probabilité de contagion
- Taux de porteurs sains
- Taux de contaminés malades
- Taux de contaminés malades graves
- Taux de mortalité parmi les contaminés malades (ou parmi les personnes porteuses)
- Durée de la maladie (& durée de la contagion)
- Durée à partir de laquelle les symptômes sont visibles

Une population diversifiée



Population
résistante

Population
vulnérable

La population est donc divisée en différentes « populations »

Des paramètres liés aux populations

- Taux de porteurs sains par population
- Taux de contaminés malades graves par population
- Taux de mortalité par population
- Nombre de contacts avec l'ensemble de la population locale
- Stock de personnes ayant été touchées et ne pouvant plus être contaminées

Des paramètres qui évoluent au cours du temps

- **Les mesures peuvent amener un confinement des personnes à risque ou de l'ensemble de la population**
 - Nombre de contacts avec l'ensemble de la population locale évolue au cours du temps
- **Les hôpitaux peuvent être surchargés**
 - Taux de mortalité des malades graves varie au cours du temps
- **Les malades détectés sont confinés**
 - Nombre de contacts des personnes varient au cours du temps => il faut distinguer des paramètres en fonction du stade la maladie

Plusieurs groupes vis-à-vis de la maladie

Groupe
Non
contaminé

Groupe
Porteur sain

Groupe
Malade non
déclaré

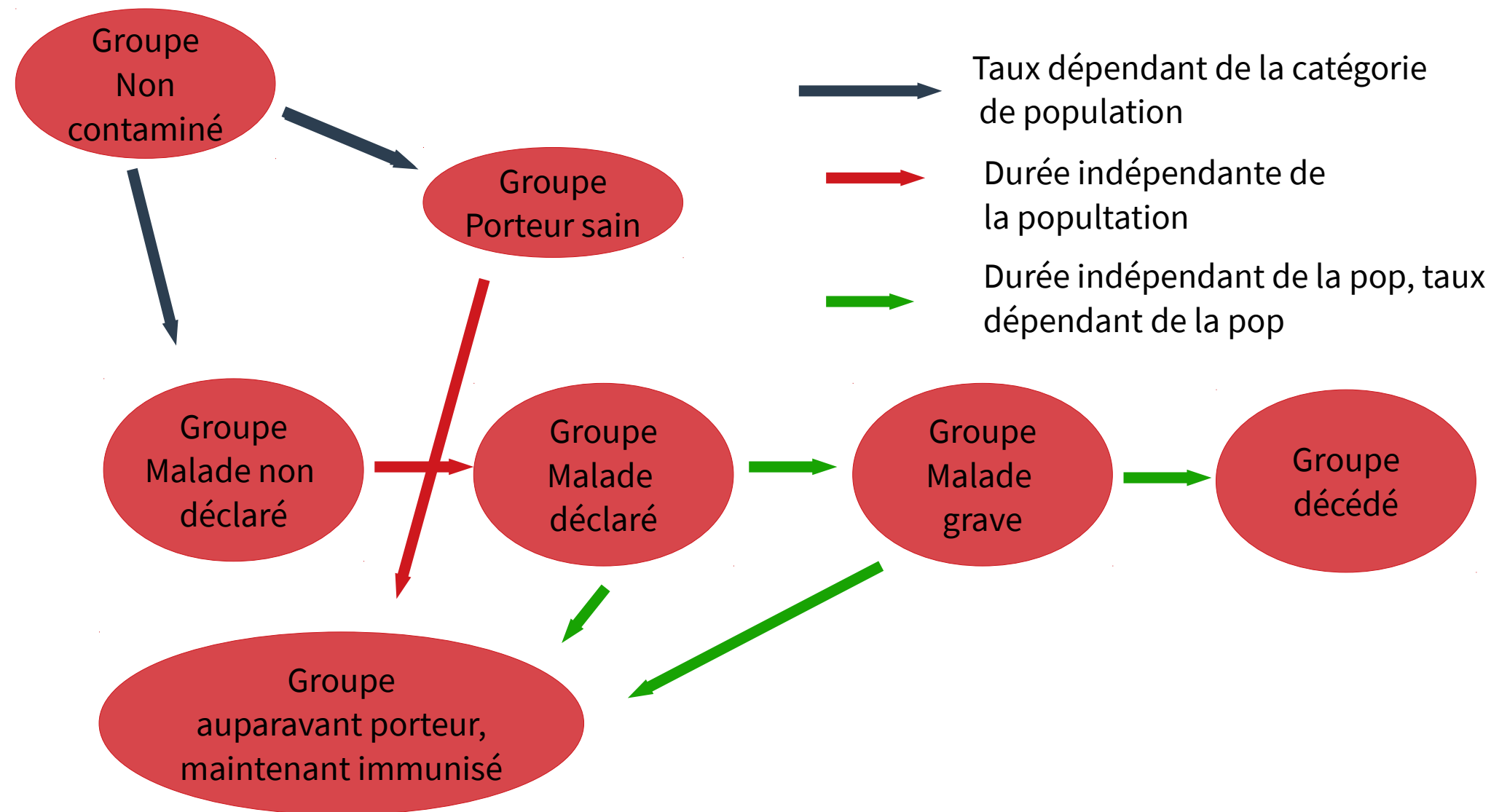
Groupe
Malade
déclaré

Groupe
Malade
grave

Groupe
décédé

Groupe
auparavant porteur,
maintenant immunisé

Variabilité des paramètres en fonction de la vulnérabilité



Récapitulatif des paramètres (1/2)

- **Paramètres invariant dans le temps et selon la population**
 - Probabilité de contagion
 - Durée de la contagion / maladie
 - Pour les malades, durée pendant laquelle les symptômes ne sont pas visibles
 - Pour les malades, durée avant laquelle ils tombent malades graves
 - Pour les malades graves, durée à partir de laquelle ils décèdent

Récapitulatif des paramètres (2/2)

- **Paramètres invariant dans le temps et variant selon la population**
 - Quand contaminé, probabilité d'être porteur sain
 - Quand malade, probabilité d'être malade grave
- **Paramètres variant dans le temps et variant selon la population**
 - Quand malade grave, probabilité de décéder (varie dans le temps en fonction de la saturation des hôpitaux)
 - Nombre de contacts avec d'autres personnes (dépend des mesures du gouvernement)

Hypothèses

- Hypothèse centrale : le virus ne mute pas, une personne qui a été contaminée est immunisée au bout de 14 jours de maladie, sauf en cas de décès

Déroulé d'une journée

- **Une journée se déroule en deux temps**
 - Contamination de personnes non malades, le stade des malades n'évolue pas
 - Avancée de la maladie, pas de nouvelles contaminations

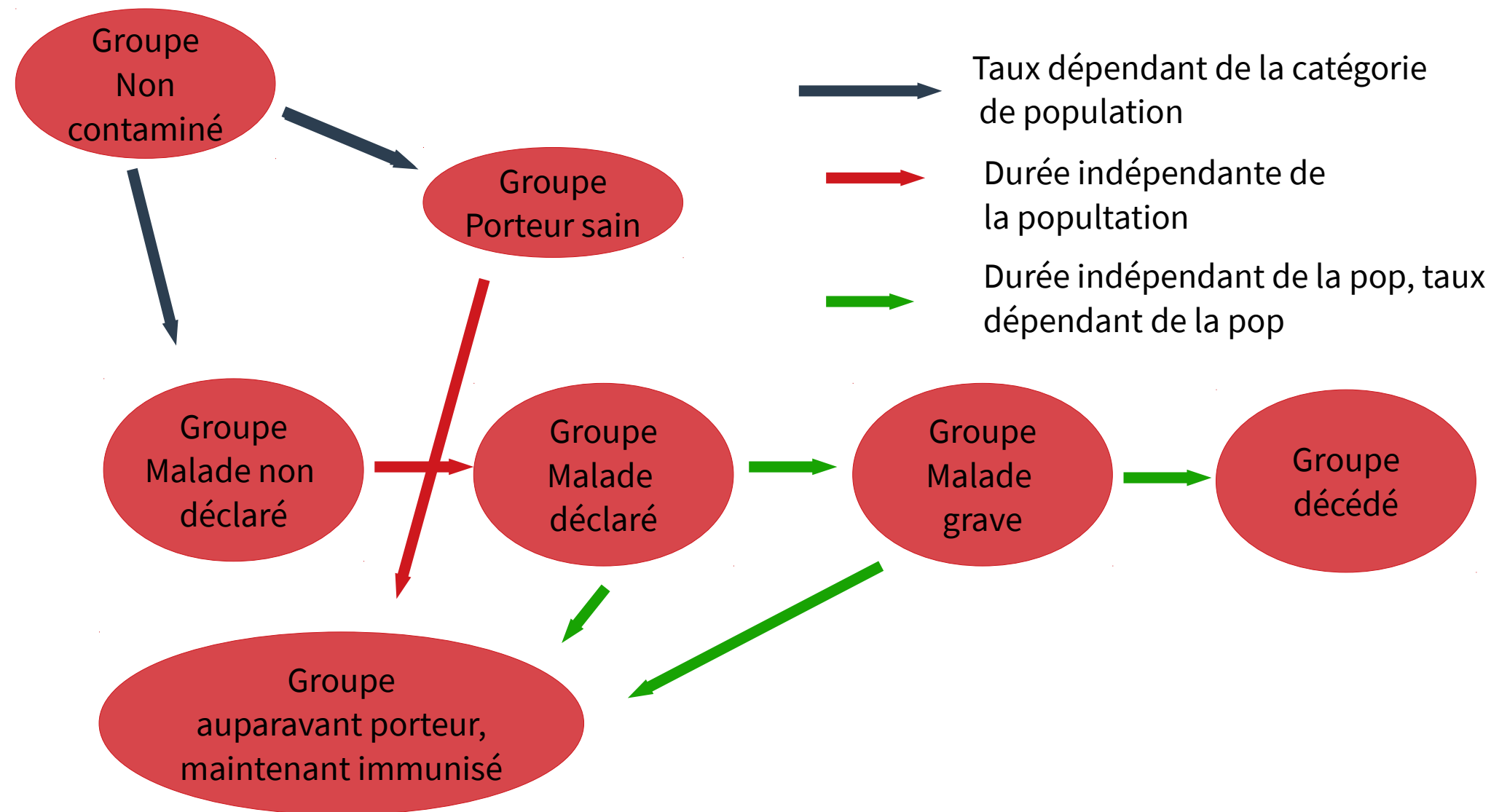
Modélisation d'une journée

- **Avoir deux fonctions dans une journée**
 - Une fonction de contamination : la maladie se propage
 - Variation
 - Du stock de personnes non contaminées (ne peut que diminuer)
 - Du stock de personnes porteuses saines (ne peut qu'augmenter)
 - Du stock de personnes malades non déclarées (ne peut qu'augmenter)
 - Invariance
 - Du stock de personnes malades déclarées
 - Du stock de personnes malades graves
 - Du stock de morts
 - Du stock de personnes immunisées

Modélisation d'une journée

- **Avoir deux fonctions dans une journée**
 - Une fonction d'évolution de la maladie : pas de contagion mais évolution du stade de la maladie
 - Variation
 - Du stock de personnes porteuses saines (ne peut que diminuer)
 - Du stock de personnes malades non déclarées (ne peut que diminuer)
 - Du stock de personnes malades (peut augmenter ou diminuer)
 - Du stock de personnes malades graves (peut augmenter ou diminuer)
 - Du stock de morts (ne peut qu'augmenter)
 - Du stock de personnes immunisées (ne peut qu'augmenter)
 - Invariance
 - Du stock de personnes non contaminées

Variabilité des paramètres en fonction de la vulnérabilité



Fonction contamination

Groupe
Non
contaminé

Groupe
Porteur sain

Taux dépendant de la catégorie
de population

Groupe
Malade non
déclaré

Groupe
Malade
déclaré

Groupe
Malade
grave

Groupe
décédé

Groupe
auparavant porteur,
maintenant immunisé

Fonction évolution

Groupe
Non
contaminé

Groupe
Porteur sain

Groupe
Malade non
déclaré

Groupe
Malade
déclaré

Groupe
Malade
grave

Groupe
décédé

Groupe
auparavant porteur,
maintenant immunisé

→ Durée indépendante de la population

→ Durée indépendante de la pop, taux dépendant de la pop

Objet nécessaire pour décrire une zone d'intérêt donné

- **Objet « cluster »**
 - Liste d'objets « population »
 - Pas de limite sur le nombre de « populations » dans la liste
 - Permet d'intégrer autant de populations différentes qu'on veut pour modéliser leurs comportements et les mesures qui s'appliquent à différentes populations (confinement de la population vulnérable, arrêt des écoles pour les enfants...)
 - Sera fixé à 2 (une population vulnérable et une population résistante) dans nos travaux

Objet nécessaire pour décrire une zone d'intérêt donné

- **Objet « population » : liste de 8 éléments, dont 7 groupes et 1 paramètre**
 - Élément 1 : nombre de personnes n'étant jamais tombées malades
 - Élément 2 : tableau de 14 jours avec dans chaque case (numérotée de 0 à 13) le nombre de personnes porteuses (dans la case 0, le nombre de personnes qui ont été contaminées dans la journée ; dans la case 1, le nombre de personnes contaminées depuis 1 jour...)
 - Élément 3 : tableau de 14 jours avec dans chaque case (numérotée de 0 à 13) le nombre de malades non déclarés
 - Élément 4 : tableau de 14 jours avec dans chaque case (numérotée de 0 à 13) le nombre de malades déclarés
 - Élément 5 : tableau de 14 jours avec dans chaque case (numérotée de 0 à 13) le nombre de malades graves
 - Élément 6 : nombre de morts
 - Élément 7 : nombre de personnes immunisées
 - Élément 8 : catégorie de population (enfants, population résistante, population vulnérable, personnes âgées...)

Objet nécessaire pour décrire une zone d'intérêt donné

- **Objet « temps »**
 - Liste d'objets « cluster »
 - Retracer l'évolution de la maladie dans le cluster
 - Pas de limite sur le nombre d'objets « cluster » dans la liste : on veut pouvoir mesurer l'évolution de la maladie dans le cluster autant que cela sera nécessaire

Sommaire

1) Modélisation dans un cluster fermé

- 1) Description des hypothèses et modélisation
- 2) Fonction de contamination
- 3) Fonction d'évolution

2) Échange de populations entre clusters dans un pays fermé

3) Ajout de paramètres extérieurs variant dans le temps et par cluster

4) Données nécessaires pour l'étude

5) Dataviz

6) Perspectives

Fonction `contamination_cluster`

- Prend l'objet « cluster » en entrée le jour J, et ressort un objet « cluster » avec la liste actualisée avec les personnes contaminées au jour J
- Applique la fonction « contamination » à chacune des populations du « cluster »

Fonction contamination_cluster

- **Entrées**

- Globaux, invariants dans le temps

- Probabilité de contagion
- Probabilité d'être porteur sain pour chaque population
- Matrice de proportion de contacts de taille $P \times P$
La case i, j indique la proportion de contacts d'un individu de la population i avec des individus de la population j
Toutes les lignes somment à 1

- Globaux, variant dans le temps

- Vecteur de nombre de contacts d'un individu non contaminé de chaque population avec les autres individus dans une journée (varie en fonction du confinement de la totalité de la population, d'une partie de la population, du fait d'être hospitalisé ou non...)
Vecteur de taille P

Fonction contamination

Groupe
Non
contaminé

Groupe
Porteur sain

Taux dépendant de la catégorie
de population

Groupe
Malade non
déclaré

Groupe
Malade
déclaré

Groupe
Malade
grave

Groupe
décédé

Groupe
auparavant porteur,
maintenant immunisé

Fonction contamination

- **Prend en entrée**
 - le paramètre de la population du « cluster » à laquelle s'applique la fonction
 - l'objet « cluster »
- **Calcule le nombre de contacts avec chaque population contagieuse du cluster et le nombre de porteurs sains et de malades non déclarés supplémentaires dans ce cluster**
- **Ressort l'objet « population » mise à jour de la contamination**

Fonction contamination

- **Entrées :**
 - Paramètre de la population dont on va décrire la contamination (ex : « population vulnérable »)
 - Objet « cluster »
 - Paramètres
 - Globaux, invariants dans le temps
 - Probabilité de contagion
 - Probabilité d'être porteur sain
 - Proportion de contacts avec chaque population
 - Globaux, variant dans le temps
 - Nombre de contacts avec d'autres individus

Fonction contamination

- Actions de la fonction : pour chacune des 2 populations (résistante et vulnérable) :

Etat initial

Groupe non contaminé	C
----------------------	---

Jours	0	1	...	12	13
Porteurs sains	0	S_1		S_{12}	S_{13}

Jours	0	1	...	D	D+1	...	13
Malades non déclarés	0	M_1		M_D	0		0

Etat final

Groupe non contaminé	$C - S_0 - M_0$
----------------------	-----------------

Jours	0	1	...	12	13
Porteurs sains	S_0	S_1		S_{12}	S_{13}

Jours	0	1	...	D	D+1	...	13
Malades non déclarés	M_0	M_1		M_D	0		0

Fonction contamination

- **Pour matérialiser cette contagion**

- Les malades déclarés, les malades graves et les morts ne peuvent contaminer personne, ils sont en isolement
- Seuls les malades non déclarés et les porteurs sains peuvent contaminer les non contaminés
- On calcule le nombre de contacts d'un individu avec chaque population (nombre de contacts * proportion de contact avec cette population)
- On calcule le nombre de contacts par personne avec les contaminés

$$n_{\text{contact contam}} = \sum_{\text{pop}} \frac{N_{\text{port sains, pop}} + N_{\text{malades non décl, pop}}}{N_{\text{non conta}} + N_{\text{port sains, pop}} + N_{\text{malades non décl, pop}} + N_{\text{immun, pop}}} \times N_{\text{contacts, pop}}$$

- La probabilité d'être contaminé est $1 - \prod_{n_{\text{contact contam}}} 1 - \text{proba contag}$
- Le nombre de personnes contaminées $S_0 + M_0$ est ce nombre de contacts multiplié par la probabilité de contagion multiplié par le nombre de personnes non contaminées
- S_0 est $S_0 + M_0$ multiplié par la probabilité de la population donnée d'être porteur sain quand elle est contaminée

Fonction contamination

- **Sorties :**
 - Liste :
 - Élément 1 : Objet cluster actualisé
 - Élément 2 : Paramètres en entrée de la fonction

Sommaire

1) Modélisation dans un cluster fermé

- 1) Description des hypothèses et modélisation
- 2) Fonction de contamination
- 3) Fonction d'évolution

2) Échange de populations entre clusters dans un pays fermé

3) Ajout de paramètres extérieurs variant dans le temps et par cluster

4) Données nécessaires pour l'étude

5) Dataviz

6) Perspectives

Fonction evolution_cluster

- Prend en entrée l'objet « cluster » de la sortie de la fonction contamination le jour J, et ressort l'objet « cluster » tenant compte de l'évolution de l'état des malades et des contaminés à J+1
- Applique la fonction « évolution » à chacune des populations du « cluster »

Fonction evolution_cluster

- **Entrées**

- Objet « cluster »
- Paramètres globaux invariant dans le temps
 - Durée de la contagion / maladie (fixée à 14 jours dans ce qui précède)
 - Pour les malades, durée pendant laquelle les symptômes ne sont pas visibles
 - Pour les malades déclarés, durée avant laquelle ils tombent malades graves
 - Pour les malades graves, durée à partir de laquelle ils décèdent
 - Indicatrice de saturation des hôpitaux
 - Vecteur de taux de passage du stade malade déclaré → malade grave par population
 - Matrice de taux de passage « malade grave - décès » de taille $P \times 2$
 - La première colonne correspond au taux de mortalité des populations sans saturation des hôpitaux
 - La deuxième colonne correspond à ce taux de mortalité des populations avec saturation

Fonction évolution

Groupe
Non
contaminé

Groupe
Porteur sain

Groupe
Malade non
déclaré

Groupe
Malade
déclaré

Groupe
Malade
grave

Groupe
décédé

Groupe
auparavant porteur,
maintenant immunisé

→ Durée indépendante de la population

→ Durée indépendante de la pop, taux dépendant de la pop

Fonction évolution

- Prend en entrée le paramètre qui explique à quelle population la fonction va s'appliquer, l'objet « cluster » de la sortie de la fonction contamination le jour J, et ressort la « population » tenant compte de l'évolution de l'état des malades et des contaminés à J+1

Fonction évolution

- **Une fonction d'évolution de la maladie : pas de contagion mais évolution du stade de la maladie**
 - Variation
 - Du stock de personnes porteuses saines (ne peut que diminuer)
 - Du stock de personnes malades non déclarées (ne peut que diminuer)
 - Du stock de personnes malades (peut augmenter ou diminuer)
 - Du stock de personnes malades graves (peut augmenter ou diminuer)
 - Du stock de morts (ne peut qu'augmenter)
 - Du stock de personnes immunisées (ne peut qu'augmenter)
 - Invariance
 - Du stock de personnes non contaminées

Fonction évolution

- **Une fonction d'évolution de la maladie : pas de contagion mais évolution du stade de la maladie**
 - Progression de 1 jour
 - Les porteurs sains du 13^e jour deviennent immunisés
 - Les personnes malades non déclarées du D^e jour deviennent malades déclarés
 - Soit les personnes malades déclarées du G^e jour deviennent malades graves, soit elles restent malades déclarées
 - Les personnes malades déclarées du 13^e jour deviennent immunisées
 - Soit les personnes malades graves du 13^e jour meurent, soit elles deviennent immunisées

Fonction évolution

- **Entrées**

- Paramètre de population à laquelle s'applique la fonction (ex : « population vulnérable »)
- Objet « cluster » précédemment décrit
- Paramètres globaux invariant dans le temps
 - Durée de la contagion / maladie (fixée à 14 jours dans ce qui précède)
 - Pour les malades, durée pendant laquelle les symptômes ne sont pas visibles
 - Pour les malades déclarés, durée avant laquelle ils tombent malades graves
 - Pour les malades graves, durée à partir de laquelle ils décèdent
 - Probabilité d'être malade grave pour un individu déjà malade
 - Indicateur de saturation des hôpitaux
 - Taux de mortalité s'il y a saturation des hôpitaux
 - Taux de mortalité sans saturation des hôpitaux

Fonction évolution

- Actions de la fonction : pour chacune des 2 populations (résistante et vulnérable) :

Etat initial

Jours	0	1	...	12	13
Porteurs sains	S_0	S_1	...	S_{12}	S_{13}

Etat final

Jours	0	1	...	12	13
Porteurs sains	0	S_0	...	S_{11}	S_{12}

Jours	0	1	...	D	D+1	...	13
Malades non déclarés	M_0	M_1	...	M_D	0	...	0

Jours	0	1	...	D	D+1	...	13
Malades non déclarés	0	M_0	...	M_{D-1}	0	...	0

Fonction évolution

- Actions de la fonction : pour chacune des 2 populations (résistante et vulnérable) :

Etat initial

Jours	0	...	D	D+1	D+2	...	G	G+1	G+2	...	13
Malades déclarés	0	...	0	D_{D+1}	D_{D+2}	...	D_G	D_{G+1}	D_{G+2}	...	D_{13}

Etat final

Jours	0	...	D	D+1	D+2	...	G	G+1	G+2	...	13
Malades déclarés	0	...	0	M_D	D_{D+1}	...	D_{G-1}	$D_G - G_G$	D_{G+1}	...	D_{12}

Fonction évolution

- Actions de la fonction : pour chacune des 2 populations (résistante et vulnérable) :

Etat initial

Jours	0	...	G	G+1	G+2	...	13
Malades graves	0	...	0	G_{G+1}	G_{G+2}	...	G_{13}

Etat final

Jours	0	G	G+1	G+2	...	13
Malades graves	0	0	G_G	G_{G+1}	...	G_{12}

Fonction évolution

- Actions de la fonction : pour chacune des 2 populations (résistante et vulnérable) :

Etat initial

Personnes mortes	L
---------------------	-----

Personnes immunisées	I
-------------------------	-----

Etat final

Personnes mortes	$L + G_{13} - V_{13}$
---------------------	-----------------------

Personnes immunisées	$I + S_{13} + D_{13} + V_{13}$
-------------------------	--------------------------------

Fonction évolution

- **Contenu de la fonction :**
 - Décalage de l'état de chaque population contaminée d'une journée
 - Calculer les flux de passage d'une population à une autre (G_G, V_{13})

Fonction évolution

- **Sorties :**

- Liste :

- Élément 1 : Objet cluster actualisé
- Élément 2 :
 - paramètres en entrée de la fonction
 - paramètres calculés dans la fonction (taux de mortalité effectif en fonction de la saturation ou non des hôpitaux calculée dans la fonction)

Sommaire

- 1) Modélisation dans un cluster fermé
- 2) Échange de populations entre clusters dans un pays fermé**
- 3) Ajout de paramètres extérieurs variant dans le temps et par cluster
- 4) Données nécessaires pour l'étude
- 5) Dataviz
- 6) Perspectives

Mobilité dans un pays fermé

- **Les populations ne restent pas au sein d'un cluster :**
 - Mobilités domicile – travail
 - Mobilité pour accéder à des services
 - Mobilité pour les congés
- **On néglige les mobilités autres que le domicile – travail**
 - On suppose que les services auxquels accèdent des individus sont disponibles au sein du cluster
 - On ne modélisera pas les déplacements liés aux vacances (épidémie qui démarre hors vacances scolaires)

Modélisation de la mobilité domicile - travail

- La mobilité quotidienne domicile – travail entraîne une contamination des individus mobiles au sein d'un autre cluster
- Puis, ils reviennent le soir et le matin pour contaminer leur propre cluster
- **Solution**
 - Une journée est composée de 2 applications de la fonction contamination
 - Une au sein de la journée de travail
 - Une au sein de la soirée dans sa famille
 - Une journée se termine par la fonction évolution

Modélisation de la mobilité domicile - travail

- **Modélisation d'une journée**

- **Départ au travail**

- Population vulnérable (âgée) non mobile : pas de confinement (contacts existant avec d'autres personnes, mais pas de départ vers l'extérieur du cluster)
- Population résistante : se déplace dans les autres clusters
 - Elle se déplace dans d'autres clusters via les flux de mobilité domicile – travail
 - Les personnes malades et les personnes malades graves ne se déplacent pas
 - On calcule le nombre de personnes pas encore malades, le nombre de personnes porteurs sains , le nombre de personnes malades pas encore déclarées, le nombre de personnes immunisées qui partent dans chaque cluster

Modélisation de la mobilité domicile - travail

- **Modélisation d'une journée**

- Arrivée au travail

- On récupère pour chaque cluster, l'information du nombre d'individus de chaque population présente dans le cluster pour la journée de travail (en distinguant bien chaque cluster d'origine)
- On applique la fonction contamination au cluster de travail en sommant sur tous les clusters d'origine
- On calcule par différence entre sortie et entrée le nombre de personnes porteuses saines, de personnes contaminées dans la journée pour chaque population au sein du cluster
- On ventile (par population) ces nouvelles personnes contaminées ou porteurs sains dans les clusters d'origine par le taux de personnes de cette population du cluster d'origine par rapport au nombre de personnes de cette population présente dans le cluster dans la journée

Modélisation de la mobilité domicile - travail

- **Modélisation d'une journée**

- Retour au domicile

- On récupère pour chaque cluster, les individus revenant du travail d'autres clusters
- On somme sur tous ces clusters de travail pour récupérer le cluster d'origine
- On applique la fonction contamination
- On applique la fonction évolution pour passer à J+1

Risques de la modélisation de la mobilité domicile - travail

- **Des opérations répétées**
 - Le nombre de clusters peut jouer en temps quadratique si on programme mal les choses, peut être chronophage en temps machine si on code mal certaines étapes
- **Proposition de modéliser la propagation du virus à niveau fin (communal)**
 - Permet de modéliser les mises en quarantaine de communes
 - 35 000 communes => temps quadratique = multiple de 10^9 opérations à chaque journée

Sommaire

- 1) Modélisation dans un cluster fermé
- 2) Échange de populations entre clusters dans un pays fermé
- 3) Ajout de paramètres extérieurs variant dans le temps et par cluster**
- 4) Données nécessaires pour l'étude
- 5) Dataviz
- 6) Perspectives

Sommaire

- 1) Modélisation dans un cluster fermé
- 2) Échange de populations entre clusters dans un pays fermé
- 3) Ajout de paramètres extérieurs variant dans le temps et par cluster
- 4) Données nécessaires pour l'étude**
- 5) Dataviz
- 6) Perspectives

Données utiles pour un cluster fermé

- **Données à trouver :**

- Probabilité de contagion du virus
- Durée de la contagion / maladie
- Pour les malades, durée pendant laquelle les symptômes ne sont pas visibles
- Pour les malades, durée avant laquelle ils tombent malades graves
- Pour les malades graves, durée à partir de laquelle ils décèdent (on peut sans doute faire une approximation)
- Probabilité d'être porteur sain pour chaque population (combien de populations retient-on ? Lesquelles ?)
- Probabilité d'être malade grave pour chaque population déjà malade
- Nombre de places maximal dans les hôpitaux (quelle échelle ? La commune ?)
- Taux de mortalité s'il y a saturation des hôpitaux pour chaque catégorie de population
- Taux de mortalité sans saturation des hôpitaux pour chaque catégorie de population

Données utiles pour un échange entre clusters

- **Données à trouver :**
 - On se positionne sur le choix cluster = commune
 - La composition par âge de chaque commune pour calculer la taille initiale de chaque population
 - Le flux de mobilité professionnelle d'une commune à l'autre

Sommaire

- 1) Modélisation dans un cluster fermé
- 2) Échange de populations entre clusters dans un pays fermé
- 3) Ajout de paramètres extérieurs variant dans le temps et par cluster
- 4) Données nécessaires pour l'étude
- 5) **Dataviz**
- 6) Perspectives

Sommaire

- 1) Modélisation dans un cluster fermé
- 2) Échange de populations entre clusters dans un pays fermé
- 3) Ajout de paramètres extérieurs variant dans le temps et par cluster
- 4) Données nécessaires pour l'étude
- 5) Dataviz
- 6) Perspectives

Améliorations possibles

- **Ajout d'un aéroport**

- Ajout de mobilités vers un « cluster » spécifique autour de la commune de Roissy
- Hypothèse assez logique d'ajouter un seul « cluster » : les départs d'avions sont concentrés à Roissy et Orly
- Possibilité de modéliser l'impact d'une fermeture de frontières plus proprement
- Mobilité vers les aéroports liée à la richesse des habitants de la commune, à l'âge des individus
=> ajout d'un type de mobilité indépendante de la mobilité domicile - travail

Améliorations possibles

- **Ajout de mobilité vers des zones touristiques**
 - Ajout de mobilités vers plusieurs « clusters » de bord, de mer, de montagne, de grandes villes
 - Possibilité de modéliser l'impact du ralentissement de l'économie (les gens n'ont plus les moyens de se déplacer) sur la propagation de l'épidémie
 - Possibilité de modéliser de potentielles interdictions de se déplacer à plus de X km de son domicile pour des raisons non-professionnelles

Améliorations possibles

- **Augmenter le nombre de populations**
 - Ajouter les enfants
 - Population très spécifique (beaucoup de contacts avec d'autres enfants, 100 % de porteurs sains, peu de déplacements hors de leurs clusters)
 - Possibilité de modéliser la fermeture d'écoles
 - Distinguer les inactifs et les chômeurs des actifs occupés
 - Chômeurs et inactifs se déplacent peu en dehors du cluster, sans être vulnérable pour autant
 - Permet de mieux mesurer l'efficacité des mesures de télétravail

Améliorations possibles

- **Distinguer plus d'âges**
 - Permet de tenir compte que la vulnérabilité dépend beaucoup de l'âge
- **Distinguer les contacts entre différentes catégories de population**
 - Les individus vulnérables (personnes âgées notamment) n'ont pas le même taux de contact avec les personnes vulnérables (moins mobiles) qu'avec les populations à risque
 - De même, les enfants ont plus de contacts avec les autres enfants qu'avec des adultes
 - Permet de mieux capter la propagation de l'épidémie dans un cluster
 - Permet de mieux capter l'influence du confinement de certaines catégories de la population
 - Permet de mieux capter l'influence de la fermeture des écoles