

الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية
République Algérienne Démocratique et Populaire
وزارة التعليم العالي والبحث العلمي
Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique

N Réf :.....

Centre Universitaire Abdelhafid Boussouf Mila
Institut des Sciences et Technologie
Département de Mathématiques et Informatique

Mémoire préparé en vue de l'obtention du diplôme de Master
En:Informatique

Spécialité : Sciences et Technologies de l'Information et de la Communication (STIC)

**Development of an epidemic spreading simulator
using agent-based cellular automata.
Case study : COVID-19**

Préparé par

BOUAOUNE Soumia
FILALI Amina

Devant le jury

Encadré par	Sadek BENHAMMADA	MCB	C.U. Mila
Président	Aissa BOULMERKA	MCA	C.U. Mila
Examineur	AbdElkamel HATTAB	MCB	C.U. Mila

REMERCIEMENT

En premier lieu, nous remercions Dieu, le Tout Puissant pour ses faveurs et ses grâces, de nous avoir donné le courage et la patience de mener ce travail durant toute cette année.

Nous tenons à exprimer notre profonde gratitude et notre respectueuse reconnaissance à notre encadreur : Dr.Sadek Benhammeda Qui a bien voulu nous encadrer. Nous le remercions vivement pour leur soutien et leurs conseils précieux.

Nous exprimons aussi nos sincères remerciements à tous nos enseignants de l'université pour leurs efforts fournis durant toute la période d'étude.

Nous remercions tous les étudiants de la promotion 2020/2021 et tous ceux qui ont collaborés de près ou de loin à l'élaboration de ce travail.

Soumia ET Amina

Dédicace

Je dédie cet ouvrage

*A ma maman et mon père qui m'a soutenu et
encouragé durant ces années d'études.*

*Qu'ils trouvent ici le témoignage de ma profonde
reconnaissance.*

*A mes frères, mes sœurs, mon marie, et Ceux qui
ont partagé avec moi tous les moments d'émotion
lors de la réalisation de ce travail. Ils m'ont
chaleureusement supporté et encouragé tout au long
de mon parcours.*

*A ma famille, mes proches et à ceux qui me
donnent de l'amour et de la vivacité.*

*A mon binôme et tous mes amis qui m'ont toujours
encouragé, et à qui je souhaite plus de succès.*

À Tous Mes Enseignants.

A tous ceux que j'aime.

Bouaoune soumia

Dédicace

Je tiens

*C'est avec grande plaisir que je dédie ce modeste
travail :*

À l'être le plus cher de ma vie, ma mère.

À celui qui m'a fait de moi un Femme, mon père.

À Mes chers frères set Sœurs.

*À mon binôme et tous mes amis de promotion de
2éme année Master STIC,*

*Toute personne qui occupe une place dans mon
cœur.*

*À tous les membres de ma famille et toute
personne qui porte le nom.*

À Tous Mes Enseignants.

*Je dédie ce travail à tous ceux qui ont participé à
ma réussite.*

FILALI Amina

ملخص

تسببت جائحة كوفيد-19 ، التي ظهرت في نوفمبر 2019 ، في خسائر بشرية واقتصادية واجتماعية كبيرة على مستوى العالم. إن تطوير أدوات موثوقة لمحاكاة هذا الوباء سيجعل من الممكن فهمه أفضل والتنبؤ بانتشاره، وبالتالي مكافحة هذه الآفة بشكل أفضل. ولهذا، تم اقتراح نماذج مختلفة لدراسة انتشار Covid-19.

الهدف من هذه الأطروحة هو انجاز محاكي لوباء Covid-19 بالاعتماد على نموذج موجود. النموذج الذي اخترناه هو الاتومات الخلوي الاحتمالي تم تحسينه باستخدام خوارزمية جينية تستخدم بيانات حقيقية من انتشار الوباء لتقدير معلمات النموذج.

استنادًا إلى النموذج الأولي الذي قدمه المشرف ، سنثري جهاز المحاكاة بمجموعة من الوظائف التي ستسمح للمستخدم بتكوين عمليات المحاكاة وتصور نتائج المحاكاة باستخدام الرسوم البيانية وحفظ تقارير عمليات المحاكاة.

Résumé

La pandémie du Covid-19, qui a émergé en novembre 2019, a causé d'importantes pertes humaines, économiques et sociales à l'échelle mondiale. Le développement d'outils fiables pour la simulation de cette pandémie permettra de mieux comprendre et de prévoir sa propagation, et ainsi de mieux lutter contre ce fléau. De ce fait, de nombreux modèles ont été proposés pour étudier la propagation du Covid-19 dans la littérature.

L'objectif de ce mémoire est la réalisation d'un simulateur d'épidémie de Covid-19 basé sur un modèle existant. Le modèle que nous avons choisi est un automate cellulaire probabiliste, optimisé à l'aide d'un algorithme génétique qui exploite des données réelles de la propagation de l'épidémie pour estimer les paramètres du modèle.

En se basant sur un prototype fourni par l'encadreur, nous allons enrichir le simulateur par un ensemble de fonctionnalités qui permettront à l'utilisateur de paramétrer les simulations, de visualiser les résultats de la simulation à l'aide de graphiques, et de sauvegarder les rapports des simulations.

Abstract

The Covid-19 pandemic, which emerged in November 2019, has caused significant human, economic and social losses globally. The development of reliable tools for the simulation of this pandemic will make it possible to better understand and predict its spread, and thus to better fight against this scourge. To this end, various models have been proposed to study the spread of Covid-19 in the literature.

The objective of this thesis is the realization of a Covid-19 epidemic simulator based on an existing model. The model we have chosen is a probabilistic cellular automaton, optimized using a genetic algorithm that uses real data from the spread of the epidemic to estimate the parameters of the model.

Based on a prototype provided by the supervisor, we will enrich the simulator with a set of functionalities that will allow the user to configure the simulations, visualize the results of the simulation using graphs, and save the reports of the simulations.

Table de matières

Résumé.....	6
Abstract	7
Introduction général.....	1
Chapitre 1. Modélisation et simulation	1
1.1 Introduction	2
1.2 Modélisation de la simulation informatique.....	2
1.2.1 Définition des systèmes.....	2
1.2.2 Modèle et modélisation	3
1.2.3 La simulation.....	4
1.2.4 Types de modèles de simulation	6
1.2.5 Expérimentation et optimisation de simulation.....	7
1.3 Étapes d'une étude de simulation.....	9
1.3.1 Formulation de problème	9
1.3.2 Fixation des objectifs et plan global du projet	9
1.3.3 Conceptualisation du modèle	9
1.3.4 Collecte de données.....	9
1.3.5 Traduction de modèle.....	10
1.3.6 Vérifié.....	10
1.3.7 Validé	10
1.3.8 Conception expérimentale.....	10
1.3.9 Cycles de production et analyse	10
1.3.10 Plus de courses.....	10
1.3.11 Documentation et rapports.....	10
1.3.12 Implémentation	11
1.4 Les automates cellulaires	13
1.4.1 Définition	13
1.4.2 La cellule	13
1.4.3 Le Grille	13
1.4.4 Les voisinages	14

1.4.5	La Fonction de transition :	14
1.4.6	Les propriétés fondamentales des automates cellulaires.....	16
1.4.7	Modélisation de systèmes à l'aide d'automates cellulaires.....	16
1.5	Conclusion :	17
Chapitre 2. Vue d'ensemble de la Modélisation Epidémique.....		18
2.1	Introduction	19
2.2	Généralités sur les épidémies	19
2.2.1	Terminologie	19
2.2.2	Historique de certaines grandes épidémies	20
2.2.3	Mécanismes de diffusion d'une épidémie.....	23
2.3	Modèles de diffusion d'une épidémie	24
2.3.1	Modèles à compartiments (déterministes).....	24
2.3.2	Les modèles agents.....	29
2.3.3	Modèles d'automates cellulaires.....	30
2.4	Conclusion.....	33
Chapitre 3. Implémentation et test du simulateur		34
3.1	Introduction	35
3.2	Description du modèle.....	35
3.2.1	Modèle épidémiologique.....	36
3.2.2	Automate cellulaire probabiliste	38
3.2.3	Optimisation des paramètres à l'aide d'un algorithme génétique.....	39
3.3	Implémentation.....	42
3.3.1	Outils de développement.....	42
3.3.1	Prototype de départ.....	43
3.3.2	Implémentation des fonctionnalités	44
3.3.1	Test du simulateur	47
3.1	Conclusion.....	49
Conclusion générale.....		50

Liste de figures

Figure 1.1: Exemple d'un système de production	2
Figure 1.2 : Exemples de simulation d'environnement virtuel.	4
Figure 1.3: Un modèle de système à serveur unique.	6
Figure 1.4: Un cercle de rayon unitaire pour calculer la valeur de π via une simulation Monte Carlo.	7
Figure 1.5 : Cadre expérimental pour l'optimisation de la simulation.	8
Figure 1.6: Les différentes étapes de simulations.	12
Figure 1.7: Cycle de simulation d'automate cellulaire.	13
Figure 1.8: Les transitions d'état dépendent des états voisins.	14
Figure 1.9 : Les voisinages les plus couramment utilisés.	14
Figure 1.10 : Exemple sur l'application des règles de jeu de la vie.	15
Figure 2.1. Progression de la peste noire en Europe au 14ème siècle.	20
Figure 2.2. Récente pandémie de SRAS à travers le monde	21
Figure 2.3. Récente pandémie de COVID-19 à travers le monde	21
Figure 2.4. Cartographie des pays affectés par la pandémie A(H1N1) en 2009	22
Figure 2.5. Carte illustrant la pandémie de la grippe A/H5N1 en 2003	22
Figure 2.6. Schéma de transmission du modèle SI	25
Figure 2.7. Schéma de transmission du modèle SIS	26
Figure 2.8. Schéma de transmission du modèle SIR	28
Figure 2.9. Schéma de transmission du modèle SIRS	28
Figure 2.10. Schéma de transmission du modèle SEIR/SEIRS	29
Figure 2.11. Schéma de transmission du modèle MSIR	29
Figure 2.12. Schéma de transmission du modèle MSEIR/MSEIRS	29
Figure 2.13. Capture d'une simulation d'une épidémie à l'aide d'un modèle basé automate cellulaire.	32
Figure 3.1: Méthodologie de construction du modèle	36
Figure 3.2: Diagramme schématique de la dynamique de transmission de la maladie sous la forme d'un modèle <i>SEIQR</i> modifié. Les probabilités de transition p_{se} , p_{ei} , p_{iq} , p_{ir} et p_{qr} sont mentionnées. Les délais de transition d'état associés sont indiqués sur l'axe du temps.	37

Figure 3.3: Evolution temporelle du réseau spatial au cours de la propagation de l'infection dans une population. Les couleurs des sous-populations respectives (c.-à-d. sensibles, exposées, infectées, mises en quarantaine et retirées) sont les mêmes que celles illustrées en figure 3-1.	37
Figure 3.4. Voisinage de Moore modifié (<i>d</i> -Voisinage).....	38
Figure 3.5. Interface du prototype.....	44
Figure 3.6. Fenêtre «Accueil».....	44
Figure 3.7. Fenêtre «Simulation du COVID-19» Avant le lancement de la simulation....	45
Figure 3.8. Fenêtre «Simulation du COVID-19» au cours de la simulation.....	45
Figure 3.9. Fenêtre «Histogramme»	46
Figure 3.10. Fenêtre «Rapport»	46
Figure 3.11. Résultat de l'expérimentation	47
Figure 3.12. Représentation graphique de pics d'infection en fonction des valeurs de paramètres	49

Introduction général

L'épidémie du COVID-19 qui a été identifiée en Décembre 2019 à Wuhan, en Chine, et s'est propagée rapidement à travers le monde, a provoqué d'énormes pertes humaines, économiques, et sociales, et a impacté la vie de milliard de personnes à travers le monde. En l'absence de vaccins efficace et de traitements de cette maladie, il est indispensable de mettre en œuvre des mesures sanitaires efficaces pour limiter sa propagation. Ainsi, immédiatement après la détection de l'épidémie, divers pays ont commencé à mettre en place des stratégies pour contrôler l'épidémie. Les mesures ainsi prises comprennent la distanciation sociale, la fermeture de lieux de culte, les restrictions sur les activités commerciales, les restrictions sur les voyages, l'annulation d'événements sportifs, culturels, etc, ainsi que la mise en quarantaine à l'hôpital ou à domicile des personnes infectées et suspects. Cependant, ces mesures contribuent directement à d'énormes pertes économiques, et impact lourdement la vie de milliard personnes, d'autant plus qu'on ne connaît pas avec précision l'efficacité de ces mesures. D'où l'importance d'avoir des modèles fiables pour prévoir et tester les stratégies de lutte contre ce fléau.

La modélisation de la propagation des épidémies est devenue un domaine de recherche important dans la situation actuelle de pandémie. De nombreux modèles mathématiques et informatiques ont été élaborés pour comprendre et prédire la propagation des épidémies. Le premier modèle proposé en 1927 par Kermack et McKendrick [31], est une approche mathématique basée sur des équations différentielles, ultérieurement, un éventail de diverses extensions de ce modèle a été proposé. Cependant, ces modèles mathématiques sont basés sur des hypothèses irréalistes, entre autres, l'homogénéité des individus et de leurs interactions, en plus, cette approche mathématique modélise le système au niveau macroscopiques, autrement dit, l'objectif est de prédire l'évolution du nombre d'individus dans chaque compartiment, sans se soucier de l'effet des interactions locales sur l'état global du système. Dans ce contexte, des approches alternatives ont été proposées pour surmonter les limites des approches mathématiques classiques. Les modèles alternatifs qui attirent le plus des intentions sont ceux basés sur le concept de l'Automate Cellulaire

Introduction générale

(AC). Les automates cellulaires introduits par Von Neumann (1966), sont des représentations de systèmes complexes par une grille de cellules qui peuvent prendre différents états. Les cellules changent d'état en fonction de règles de transition et des états des cellules voisines. Les cellules mettent à jour leurs états dans des étapes discrètes de manière synchrone. Les AC ont de nombreuses caractéristiques qui les rendent attrayantes dans la modélisation des phénomènes de diffusion, y compris la propagation épidémique, en fait, les AC permettent d'atténuer les hypothèses irréalistes des modèles basés sur les équations différentielles, et permettent aussi d'observer comment les interactions microscopiques peuvent influencer le comportement macroscopique du système.

L'objectif de notre travail est la réalisation d'un simulateur de propagation de l'épidémie du Covid-19, en partant d'un prototype du simulateur offert par l'encadreur. Le simulateur à réaliser est basé sur un modèle d'automate cellulaire probabiliste, qui dispose de nombreux paramètres optimisés à l'aide d'un algorithme génétique. Le simulateur à développer disposera d'une interface graphique qui permettra à l'utilisateur de paramétrer les simulations, de visualiser l'évolution de l'automate cellulaire, et de représenter graphiquement les résultats de la simulation. Le simulateur permettra aussi de sauvegarder les résultats dans une base de données.

Le présent mémoire est organisé en trois chapitres dont nous donnons une brève description dans les lignes suivantes :

Dans le premier chapitre nous allons présenter des concepts de bases de modèles et de modélisation, et nous allons mettre l'accent sur les automates cellulaires et nous expliquons leurs applications pour la simulation de l'épidémie du Covid-19.

Dans le deuxième chapitre nous allons d'abord présenter quelques généralités relatives aux épidémies, particulièrement les mécanismes de propagation d'une maladie contagieuse, ensuite, nous allons passer en revue les modèles proposés dans la littérature pour étudier ce fléau.

Dans le chapitre trois nous allons présenter une description du modèle que nous avons choisi pour notre application, puis, nous allons détailler l'implémentation de notre simulateur.

Finalement, le mémoire se termine par une conclusion générale.

Chapitre 1. **Modélisation et simulation**

1.1 Introduction

Depuis les années 1970, il s'est développé l'idée de concevoir et implémenter des modèles informatiques qui représentent des phénomènes du monde réel, dans le but d'utiliser la puissance de l'ordinateur pour décrire ces phénomènes et les étudier. Cette discipline est connue sous le nom de la simulation. Dans ce chapitre nous allons présenter des concepts de bases concernant la simulation informatique, et nous allons mettre l'accent sur les automates cellulaires et nous expliquons leurs applications pour la simulation de l'épidémie de COVID-19.

1.2 Modélisation de la simulation informatique

1.2.1 Définition des systèmes

Un système est défini comme une agrégation ou un assemblage d'objets joints dans une interaction ou interdépendance régulière en vue d'atteindre un objectif [1].

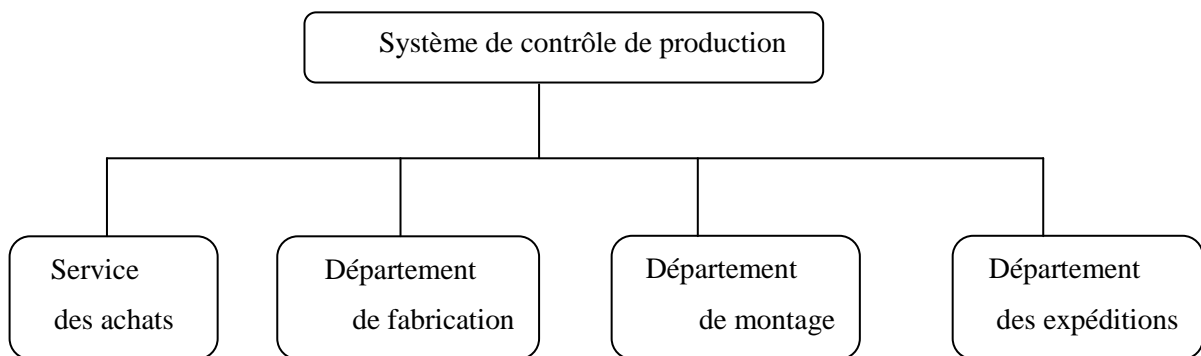


Figure 1.1: Exemple d'un système de production

Dans le système ci-dessus (Figure 1.1), il existe certains objets distincts, dont chacun possède des propriétés intéressantes. Il existe également certaines interactions qui se produisent dans le système qui provoquent des changements dans le système.

1.2.1.1 Composants d'un système

- **Entité**

Une entité est un objet d'intérêt dans un système.

Ex : Dans le système d'usine, les départements, les commandes, les pièces et les produits sont les entités [1].

- **Attribut**

Un attribut désigne la propriété d'une entité [1].

Ex : Les quantités pour chaque commande, type de pièce ou nombre de machines dans un département sont des attributs du système d'usine.

- **Activité**

Tout processus provoquant des changements dans un système est appelé activité[1]

Ex : Processus de fabrication du département.

- **État du système**

L'état d'un système est défini comme l'ensemble des variables nécessaires pour décrire un système à tout moment, par rapport à l'objectif de l'étude. En d'autres termes, l'état du système signifie une description de toutes les entités, attributs et activités tels qu'ils existent à un moment donné [1].

- **Événement**

Un événement est défini comme une occurrence instantanée qui peut changer l'état du système [1].

1.2.2 Modèle et modélisation

1.2.2.1 Le modèle

Un modèle est une image simplifiée de la réalité qui nous sert à comprendre le fonctionnement d'un système en fonction d'une question [2].

Les modèles peuvent être classés sous différents types. Ils peuvent être selon leur vocation, descriptive ou explicative. Aussi, ils peuvent être classés à des modèles basés sur les mesures ou sur les entités [2]:

- **Les modèles descriptifs**

Les modèles descriptifs ont pour vocation de saisir un invariant observé d'un système, par exemple la trajectoire d'une planète ou l'évolution d'une population. Il n'est alors pas nécessaire de savoir pourquoi il y a cette trajectoire ou cette évolution mais seulement comment.

- **Les modèles explicatifs**

Les modèles explicatifs ont pour vocation de rendre compte d'un mécanisme ou processus génératif dont le résultat peut être entre autres, une trajectoire ou une évolution déterminée si tant est que les conditions initiales et les valeurs des paramètres du modèle produisent effectivement un tel invariant.

- **Les modèles basés sur les mesures**

L'état s'exprime comme un ensemble de variables représentant des grandeurs mesurables du système que l'on modélise (position, nombre d'individus dans une population).

- **Les modèles basés sur les entités**

L'état s'exprime comme un ensemble structuré, éventuellement variable, d'objets dont non seulement les états mais aussi les relations et le nombre peuvent changer au cours du temps.

1.2.2.2 La modélisation

La modélisation c'est l'activité qui consiste à construire des modèles, c'est l'une des deux principales composantes de la démarche scientifique avec l'expérimentation. En fait les chercheurs passent la majeure partie de leurs temps à construire, comparer et tester les modèles.

Lors de la modélisation d'un système complexe, il existe un compromis entre le degré d'abstraction d'un modèle et son utilité [3].

1.2.3 La simulation

1.2.3.1 Définition

Une définition du dictionnaire de la simulation est "la technique consistant à imiter le comportement d'une situation au moyen d'une situation ou d'un appareil analogue pour obtenir des informations plus facilement ou pour former (ou divertir) le personnel". « Une situation » dans la définition correspond à un système source, et un appareil est un simulateur. Comme expliqué dans la définition, il existe deux types d'objectifs de simulation : l'un est d'obtenir des informations et l'autre est de former ou de divertir le personnel. La première est souvent appelée simulation analytique et la seconde simulation d'environnement virtuel [4].



Figure 1.2 : Exemples de simulation d'environnement virtuel.

L'objectif principal d'une simulation analytique est l'analyse quantitative du système source sur la base de données « exactes ». Ainsi, la simulation doit être exécutée le plus rapidement possible et être capable de reproduire avec précision la séquence d'événements du système source. Une simulation analytique est souvent appelée simulation d'horodatage. Une simulation d'environnement virtuel est exécutée en temps réel mis à l'échelle lors de la création d'environnements virtuels, et elle est souvent appelée simulation de délai. La Figure 1.2 montre des scènes d'une simulation de jeu de guerre et d'un jeu informatique.

1.2.3.2 Pourquoi simuler ?

La modélisation et la simulation sont au cœur de notre réflexion. Lorsque la situation est trop complexe pour être analysée par la seule simulation mentale, nous utilisons un ordinateur pour simuler la situation. Considérons les situations suivantes [4] :

1. Trouver des règles de répartition optimales dans une fabrique moderne de semi-conducteurs de 300 mm.
2. Évaluer des conceptions alternatives pour les hôpitaux, les bureaux de poste, les centres d'appels, etc.
3. Concevoir le système de manutention d'un écran à cristaux liquides (TFT-LCD) à couche mince de 3 milliards de dollars Fab.
4. Planification d'un réseau sans fil pour une entreprise de télécommunications.
5. Évaluation des systèmes d'armes de haute technologie pour une acquisition basée sur la simulation.
6. Concevoir ou moderniser le système de circulation urbaine d'une grande ville.
7. Évaluer les politiques anti-pollution pour contrôler les pollutions des systèmes fluviaux.
8. Évaluer les risques dans les échéanciers des projets et les dérivés financiers.

Pour les situations réelles ci-dessus, la simulation peut être le seul moyen de résoudre les problèmes. En pratique, la simulation peut être nécessaire car il n'est pas possible d'expérimenter avec le système réel ; le budget ne permet pas d'acquérir un prototype coûteux ; un vrai test est risqué.

La simulation d'un système à événements discrets est appelée simulation à événements discrets et celle d'un système continu une simulation continue. Une classe de schémas de calcul qui reposent sur un échantillonnage aléatoire répété pour calculer leurs résultats est

appelée simulation de Monte Carlo. Parmi les situations ci-dessus, les situations 1 à 6 concernent une simulation d'événements discrets. La situation 7 concerne une simulation continue et la situation 8 une simulation Monte Carlo [4].

1.2.4 Types de modèles de simulation

Il existe différents types de modèles de simulation en fonction des types de systèmes. La simulation à événements discrets et la simulation continue sont largement effectuées sur des ordinateurs, aussi, la simulation de Monte Carlo est un type populaire de simulation informatique.

1.2.4.1 La simulation continue

La simulation continue est une évaluation numérique d'un modèle informatique d'un système dynamique physique qui suit en permanence les réponses du système au fil du temps selon un ensemble d'équations impliquant généralement des équations différentielles. Soit $Q(t)$ et $X(t)$ les vecteurs d'état du système et de trajectoire d'entrée, respectivement. Ensuite, une simulation linéaire continue est une évaluation numérique de la fonction de transition d'état linéaire $dQ(t)/dt = AQ(t) + BX(t)$, où A et B sont des matrices de coefficients [4].

1.2.4.2 La simulation à événements discrets

La simulation à événements discrets est une évaluation informatique d'un modèle de système dynamique à événements discrets où le fonctionnement du système est représenté sous la forme d'une séquence chronologique d'événements. Dans la modélisation basée sur les états, la dynamique du système est décrite par une fonction de transition d'état interne ($\delta_{int} : Q \rightarrow Q$) et une fonction de transition d'état externe ($\delta_{ext} : Q \times X \rightarrow Q$), où Q est un ensemble d'états du système et X est un ensemble d'événements d'entrée. Ainsi, la simulation à événements discrets peut être considérée comme une évaluation informatique des fonctions de transition internes et externes (Figure 1.3) [4].

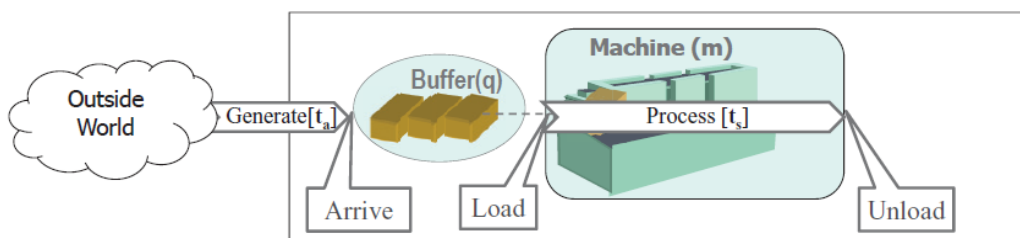


Figure 1.3: Un modèle de système à serveur unique.

1.2.4.3 La simulation Monte Carlo

Un autre type de simulation informatique populaire est la simulation Monte Carlo, qui n'est pas une simulation de système dynamique. Il s'agit d'une classe d'algorithmes de calcul qui reposent sur un échantillonnage aléatoire répété pour calculer l'intégration numérique de fonctions issues de l'ingénierie et de la science qui sont impossibles à évaluer avec des méthodes analytiques directes. Ces dernières années, la simulation Monte Carlo a également été utilisée comme technique pour comprendre l'impact du risque et de l'incertitude dans les modèles financiers, de gestion de projet et autres modèles de prévision (Figure 1.4) [4].

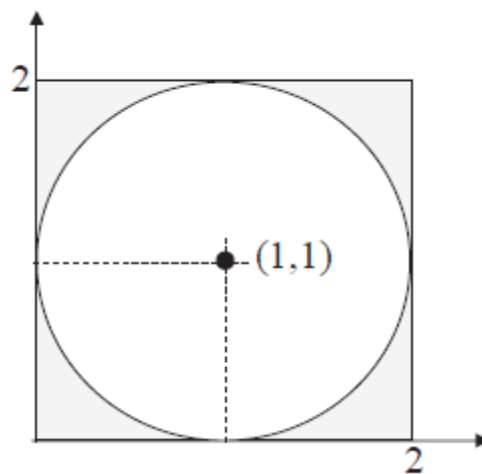


Figure 1.4: Un cercle de rayon unitaire pour calculer la valeur de π via une simulation Monte Carlo.

1.2.5 Expérimentation et optimisation de simulation

Les règles qui régissent le comportement du système sont appelées lois, tandis que les règles sous notre contrôle sont appelées politiques. Lorsque nous expérimentons pour déterminer les effets de la modification des paramètres des lois, nous effectuons une analyse de sensibilité. Lorsque nous expérimentons des changements dans les facteurs de contrôle des politiques, nous faisons de l'optimisation [5]. L'optimisation et l'analyse de sensibilité peuvent être effectuées dans une étude de simulation. Une étude de simulation doit être réalisée avec :

- Des objectifs clairs de l'étude ainsi qu'un ensemble de mesures de performance ;
- Des variables de sortie qui peuvent être mappées dans les mesures de performance ;

- Poignées bien définies avec lesquelles les exécutions de simulation doivent être contrôlées.

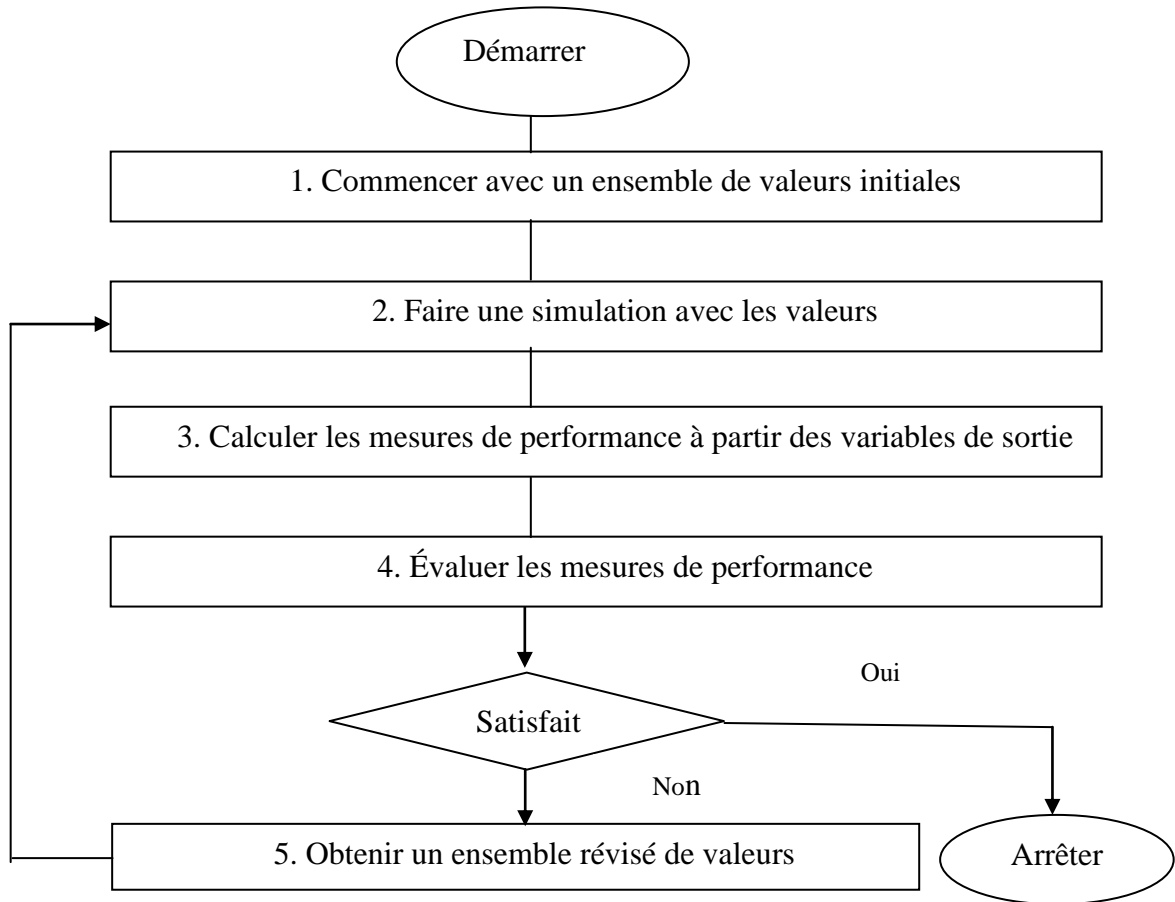


Figure 1.5 :Cadre expérimental pour l'optimisation de la simulation.

Un cadre expérimental est une spécification des conditions dans lesquelles le simulateur est expérimenté [6], et il concerne l'optimisation de la simulation. Comme le montre la Figure 1.5, un cadre expérimental pour l'optimisation de la simulation se compose de cinq étapes : (1) Des valeurs initiales sont générées ; (2) une simulation est effectuée pour calculer les valeurs des variables de sortie ; (3) les mesures de performance sont calculées à partir des variables de sortie ; (4) les mesures de performance sont évaluées pour voir si les résultats sont acceptables; (5) si les résultats ne sont pas acceptables, retournez à l'étape 2 avec un ensemble révisé de valeurs de poignée. Les étapes 3, 4 et 5 sont souvent appelées transducteur, accepteur et générateur, respectivement [4].

1.3 Étapes d'une étude de simulation

Une étude de simulation, i.e., la construction d'un simulateur et son utilisation pour réaliser des études passe par des étapes qu'on peut résumer comme suit [1] :

1.3.1 Formulation de problème

Chaque étude commence par un énoncé du problème, fourni par les décideurs. L'analyste s'assure qu'il est clairement compris. S'il est développé par des analystes, les décideurs politiques devraient le comprendre et l'accepter [1].

1.3.2 Fixation des objectifs et plan global du projet

Les objectifs indiquent les questions auxquelles la simulation doit répondre. À ce stade, il convient de déterminer si la simulation est la méthodologie appropriée. En supposant que cela soit approprié, le plan global du projet devrait inclure [1]

- Un énoncé des systèmes alternatifs
- Une méthode d'évaluation de l'efficacité de ces alternatives
- Plans pour l'étude en termes de nombre de personnes impliquées
- Coût de l'étude
- Le nombre de jours requis pour accomplir chaque phase du travail avec les résultats escomptés.

1.3.3 Conceptualisation du modèle

La construction d'un modèle de système relève probablement autant de l'art que de la science. L'art de la modélisation est renforcé par une capacité [1]

- Faire abstraction des caractéristiques essentielles d'un problème
- Sélectionner et modifier les hypothèses de base qui caractérisent le système
- Enrichir et élaborer le modèle jusqu'à ce qu'une approximation utile en résulte

Ainsi, il est préférable de commencer avec un modèle simple et de progresser vers une plus grande complexité. La conceptualisation du modèle améliore la qualité du modèle résultant et augmente la confiance de l'utilisateur du modèle dans l'application du modèle.

1.3.4 Collecte de données

Il existe une interaction constante entre la construction du modèle et la collecte des données d'entrée nécessaires. Fait dans les premiers stades. Des données objectives doivent être collectées [1].

1.3.5 Traduction de modèle

Les systèmes du monde réel donnent lieu à des modèles qui nécessitent beaucoup de stockage et de calcul d'informations. Il peut être programmé à l'aide de langages de simulation ou d'un logiciel de simulation spécialisé. Les langages de simulation sont puissants et flexibles. Le temps de développement des modèles de logiciels de simulation peut être réduit [1].

1.3.6 Vérifié

Il s'agit du programme informatique et de la vérification des performances. Si les paramètres d'entrée et la structure logique et correctement représentés, la vérification est terminée [1].

1.3.7 Validé

Il s'agit de déterminer si le modèle est une représentation précise du système réel. Obtenu grâce à l'étalonnage du modèle, un processus itératif de comparaison du modèle au comportement réel du système et aux écarts entre les deux [1].

1.3.8 Conception expérimentale

Les alternatives à simuler doivent être déterminées. Les alternatives à simuler peuvent être fonction des exécutions. Pour chaque conception de système, des décisions doivent être prises concernant [1]

- Durée de la période d'initialisation
- Durée des simulations
- Nombre de répliques à effectuer à chaque exécution

1.3.9 Cycles de production et analyse

Ils sont utilisés pour estimer les mesures de performance pour les conceptions de système qui sont simulées [1].

1.3.10 Plus de courses

Sur la base de l'analyse des exécutions terminées. L'analyste détermine si des analyses supplémentaires sont nécessaires et quelle conception ces expériences supplémentaires doivent suivre [1].

1.3.11 Documentation et rapports

Deux types de documentation.

- Documentation du programme

- Documentation du processus
- ✓ **Documentation du programme**

Peut être utilisé à nouveau par les mêmes analystes ou par des analystes différents pour comprendre le fonctionnement du programme. La modification ultérieure sera plus facile. Les utilisateurs de modèles peuvent modifier les paramètres d'entrée pour de meilleures performances [1].

- ✓ **Documentation du processus**

Donne l'historique d'un projet de simulation. Le résultat de toutes les analyses doit être présenté de manière claire et concise dans un rapport final. Cela permet d'examiner la formulation finale et les alternatives, les résultats des expériences et la solution recommandée au problème. Le rapport final fournit un véhicule de certification [1].

1.3.12 **Implémentation**

Le succès dépend des étapes précédentes. Si l'utilisateur du modèle a été complètement impliqué et comprend la nature du modèle et ses résultats, la probabilité d'une mise en œuvre vigoureuse est renforcée [1].

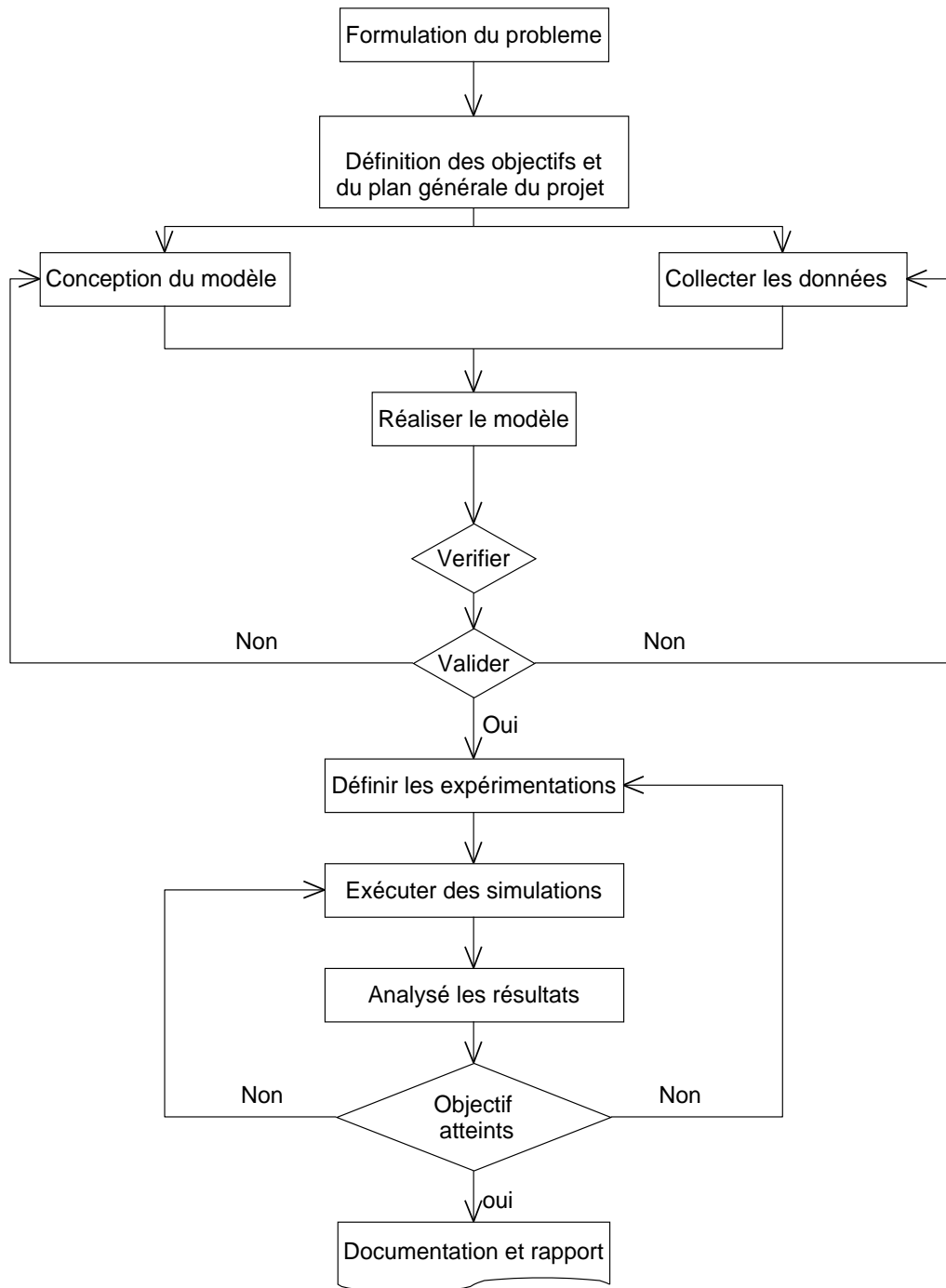


Figure 1.6: Les différentes étapes de simulations.

1.4 Les automates cellulaires

1.4.1 Définition

Un automate cellulaire est un objet mathématique, étudié aussi en informatique théorique, évoluant par étapes selon des règles très simples et imitant d'une certaine manière les capacités autoreproductrices des êtres vivants. Il est constitué d'une grille dont les cases sont appelées « cellules », pouvant prendre plusieurs états, le plus souvent deux, « mort » ou « vivant ». L'application la plus simple est le Jeu de la vie, proposé en 1970 par le mathématicien britannique John Horton Conway (Figure 1.7) [7].

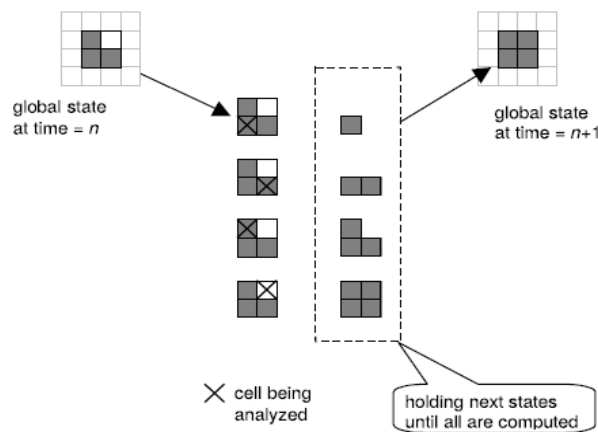


Figure 1.7: Cycle de simulation d'automate cellulaire.

1.4.2 La cellule

L'unité comportementale de base dans notre modèle est une cellule.

L'élément de base d'un automate cellulaire est la cellule. Une cellule est définie par ses coordonnées. Exemple : dans un réseau bidimensionnel, une cellule est définie par deux entiers (i,j) , i est le numéro de la ligne et j est le numéro de colonne [37].

1.4.3 Le Grille

Les cellules sont disposées sur un réseau régulier de dimension d [37].

Un automate cellulaire consiste en une grille régulière de « cellules » contenant chacune un « état » choisi parmi un ensemble fini et qui peut évoluer au cours du temps.

1.4.4 Les voisinages

Le voisinage des interactions est une collection de cellules voisines que la fonction de mise à jour interroge pour obtenir des informations d'état. La taille et la forme des quartiers varient d'une application à l'autre (Figure 1.8) [8].

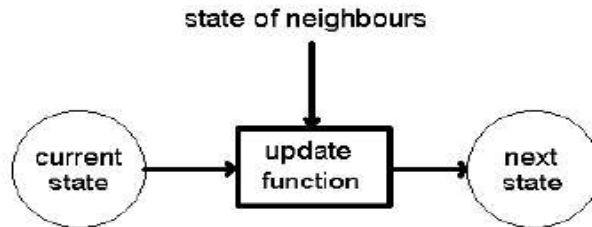


Figure 1.8: Les transitions d'état dépendent des états voisins.

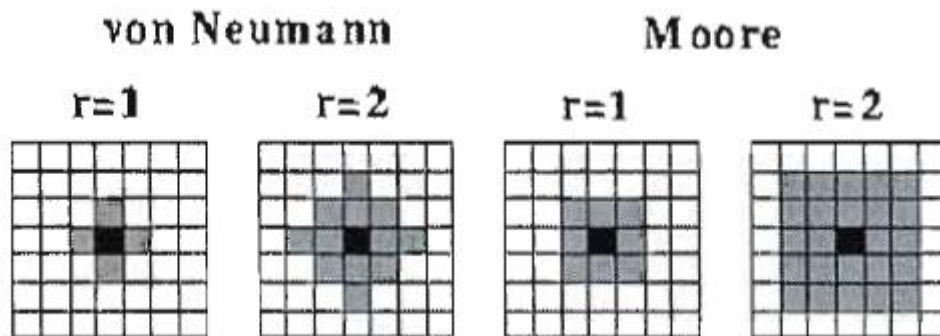


Figure 1.9 : Les voisinages les plus couramment utilisés

Les voisinages les plus connus sont ceux de von Neumann, Moore et Margolus⁴. On peut également utiliser d'autres types de voisinages mais leur application à des modèles du monde réel semble restreinte. Comme la Figure 1.9 le démontre, les voisinages ne sont pas restreints à un rayon de 1.

1.4.5 La Fonction de transition :

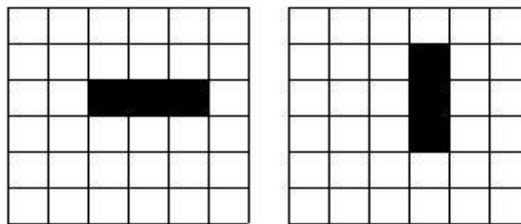
La règle d'évolution permet de déterminer l'état d'une cellule au pas du temps $t+1$ en fonction de l'état des cellules de son voisinage à l'instant t (Figure 1.10)

A titre d'exemple, nous présentons dans la suite l'automate cellulaire : Jeu de la vie (game of life). C'est un automate cellulaire proposé par John Horton Conway en 1970 [9]. Les éléments du Jeu de la vie peuvent être exposés comme suit :

1. Une cellule peut prendre deux états :
 - 0 (morte ou inactive), et

➤ 1 (vivante ou active).

1. Le jeu de la vie évolue sur un réseau carré bidimensionnel. ($d=2$)
2. Le jeu de la vie utilise le voisinage de Moore.
3. Les règles d'évolution du jeu de la vie sont :
 - Une cellule inactive entourée de 3 cellules actives devient active ;
 - Une cellule active entourée de 2 ou 3 cellules actives reste active ;
 - Dans tous les autres cas, la cellule devient ou reste inactive.



À l'instant t À l'instant t+1

Figure 1.10 : Exemple sur l'application des règles de jeu de la vie.

Formellement, un automate cellulaire est défini comme un 4-uplet (d, Q, V, δ) où :

- d est la dimension de l'automate, son réseau est alors Z^d , l'espace discret de dimension d .
- Q un ensemble fini, est son alphabet, i.e., l'ensemble des états que les cellules peuvent prendre.
- $V \subseteq Z^d$ un sous-ensemble fini de Z^d , le voisinage de l'automate : $V = (V_1, V_2, \dots, V_a) = (V_j \in Z^d; 1 \leq j \leq a)$
- $\delta : Q^a \rightarrow Q$ est sa règle de transition et $a = |V|$.

On appelle alors configuration l'attribution d'un état à chaque cellule du réseau : une configuration est une fonction de Z^d dans Q .

➤ Exemples : automate cellulaire simple Il s'agit d'un automate cellulaire $A = (Z^{d-1}, Q, V, \delta)$ ou :

- $Q = \{0,1\}$
- V : Les voisins d'une cellule i sont les cellules $:i, i - 1$ et $i + 1$ pour simplifier ce voisinage peut être décrit par le triplet $V = (-1,0,1)$

- δ est une transition qui est définie par le tableau suivant :

Voisinage (q1, q2, q3)	111	110	101	100	011	010	001	000
□ (q1, q2, q3) Valeur suivante de la cellule centrale	0	0	0	1	1	1	1	0

Cela signifie que si par exemple, à un temps t donné, une cellule est à l'état «1»son voisinage de gauche à l'état «1» et sa voisin de droite à l'état «0», au temps $t+1$ elle sera à l'état «0».

1.4.6 Les propriétés fondamentales des automates cellulaires

De tels systèmes sont appelés automates cellulaires à la condition que ceux-ci rencontrent les trois propriétés fondamentales suivantes [10] :

- **Le parallélisme**

L'ensemble des constituantes de l'automate évoluent simultanément

Un système est dit parallèle si ses constituants évoluent simultanément et de manière indépendante, toutes les cellules constituant l'univers de l'automate sont mises à jour de manière simultanée et synchrone.

- **La localité**

Le nouvel état d'une cellule ne dépend que de son état actuel et de l'état du voisinage immédiat.

- **L'homogénéité**

Les lois sont universelles, c'est-à-dire communes à l'ensemble de l'espace de l'automate cellulaire.

Toutes les cellules de l'automate utilisent les mêmes règles de transition pour déterminer leur état suivant.

1.4.7 Modélisation de systèmes à l'aide d'automates cellulaires

De nombreux modèles sont basés sur les automates cellulaires. Il serait trop long de les décrire tous en détail mais voici une liste, non exhaustive, de phénomènes ayant été modélisés par des automates cellulaires [10] :

- L'épidémie de COVID-19.
- Feux de forêts.
- Trafic automobile dans un réseau de rues.
- Étalement urbain.

- Dissolution de cristaux, fonte de glace.
- Croissance des arbres, des feuilles, des fleurs, des plantes, des mollusques, des coraux, des cristaux (flocons de neige).
- Turbulence dans les fluides, dynamique des fluides, dynamique des gaz (i.e., modèles Lettice-gaz).
- La diffusion (thermique, électrique, chimique, etc).

1.5 Conclusion :

Dans ce chapitre nous avons présenté des concepts de bases liés à la modélisation et la simulation informatique, et nous avons mis l'accent sur les automates cellulaires comme formalisme de modélisation utilisé pour modéliser différents systèmes et phénomènes.

Ce chapitre nous permis d'acquérir des connaissances primordiales pour se focaliser sur la modélisation et la simulation de propagation des épidémies dans le deuxième chapitre.

Chapitre 2. Vue d'ensemble de la Modélisation Epidémique

2.1 Introduction

La modélisation joue un rôle très important dans le domaine de la recherche scientifique. Pour comprendre le mécanisme d'un modèle épidémiologique, il est nécessaire de faire la découverte des principaux travaux dans le domaine. L'historique de certaines grandes épidémies ou pandémies ayant touchées le monde peut nous renseigner davantage sur leurs caractéristiques et sur le choix des données nécessaires à la modélisation. La mise en équations du phénomène épidémique passe obligatoirement par la connaissance des modèles de base déterministes très connus pour aboutir enfin aux modèles stochastiques.

Etudier, comprendre, analyser la propagation l'épidémie du COVID-19 est une tâche difficile, mais indispensable pour prédire sa propagation, et agir pour le freiner voire l'empêcher. Ces études permettent aussi de prévoir les conséquences pour la population d'actions que la vaccination, la mise en quarantaine ou la distribution de tests de dépistage.

Dans ce chapitre nous allons d'abord présenter quelques généralités relatives aux épidémies, particulièrement les mécanismes de propagation d'une maladie contagieuse, ensuite, nous allons passer en revue les modèles proposés dans la littérature pour étudier ce fléau.

2.2 Généralités sur les épidémies

2.2.1 Terminologie

Nous définissons ici quelques termes qui seront fréquemment utilisés au cours de ce chapitre.

- **Maladie infectieuse** : maladie provoquée par la transmission d'un agent pathogène: virus, bactérie, parasite, mycose, prion, etc.
- **Épidémie** : augmentation rapide de l'incidence d'une pathologie. Bien que souvent utilisé dans un contexte de maladies infectieuses, ce terme peut être utilisé pour des phénomènes biologiques généraux (obésité, fracture de la hanche chez les personnes âgées, suicide, etc.)
- **Pandémie** : épidémie causée par une maladie infectieuse émergente qui prend des proportions continentales voire planétaires.
- **Endémie** : présence habituelle et stable d'une maladie dans une population.

2.2.2 Historique de certaines grandes épidémies

Depuis des dizaines d'années, les problèmes d'infection sont de plus en plus présents dans notre quotidien. Les épidémies très fréquentes entraînent une augmentation de la mortalité en milieux très peuplés et pauvres ce qui peut être parfois catastrophique[12].

On peut citer comme exemple la peste noire (Figure 2.1), qui au moyen âge, a fait des ravages. Au cours du 14^{ème} siècle, la même peste noire fit son apparition et engendra de nombreuses pertes humaines à tel point que des villes importantes furent dévastées[12].

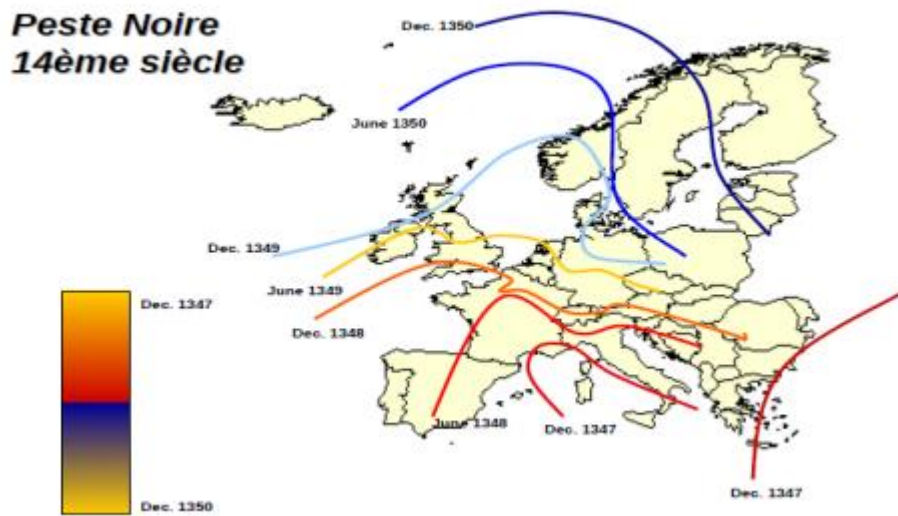


Figure 2.1. Progression de la peste noire en Europe au 14^{ème} siècle.

Puis, nous avons les épidémies et les pandémies telles que le syndrome de l'immunodéficience acquise (SIDA), le syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS) (Figure 2.2) le cancer du poumon, la vache folle, le paludisme, la grippe aviaire souche H5N1, la pandémie intestinale (gastro-entérite), la grippe saisonnière que nous observons chaque année, la grippe A/H1N1, etc. [12].

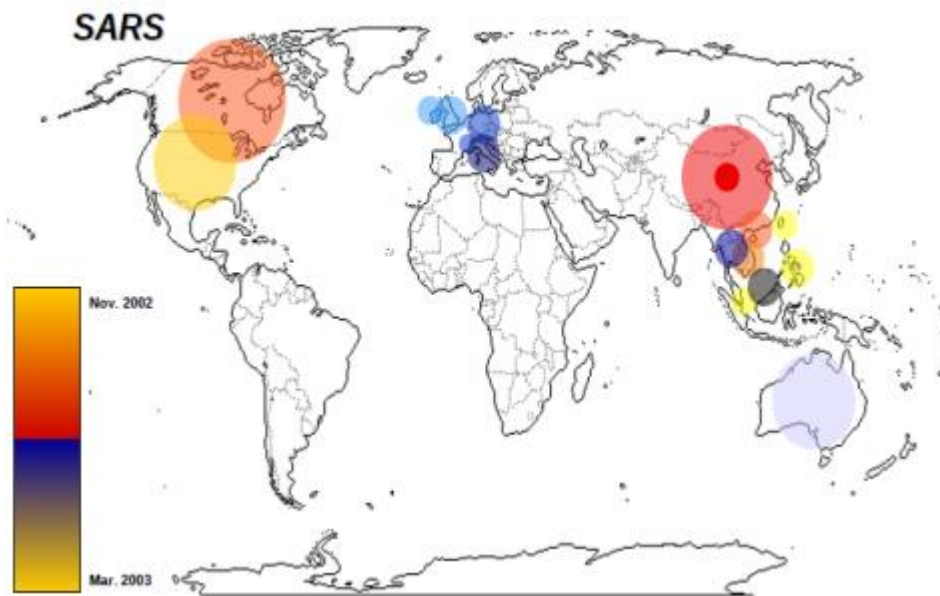


Figure 2.2. Récente pandémie de SRAS à travers le monde

Et plus récemment, la situation actuelle de pandémie (coronavirus (COVID-19)) (Figure 2.3) qui provoque un trouble respiratoire aigu dans les voies respiratoires humaines (qui peut être fatal) s'est propagé à de nombreux pays du monde entier et a déjà été déclaré comme une pandémie par l'Organisation mondiale de la santé.

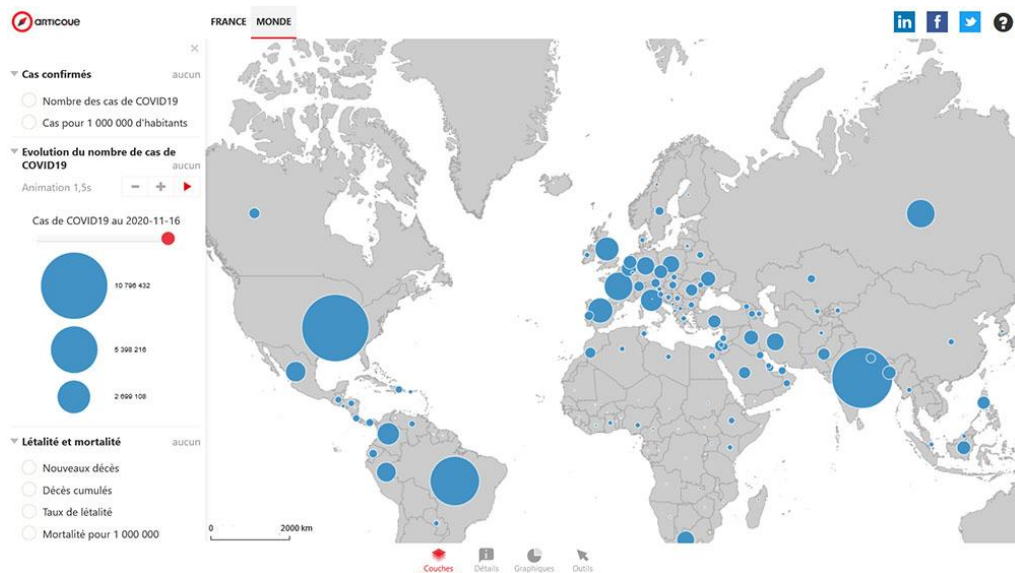


Figure 2.3. Récente pandémie de COVID-19 à travers le monde

Toutes ces épidémies voire pandémies autant dévastatrices les unes que les autres ont conduit à de nombreuses recherches dans le but de comprendre le phénomène, réduire la mortalité ou éradiquer la maladie.

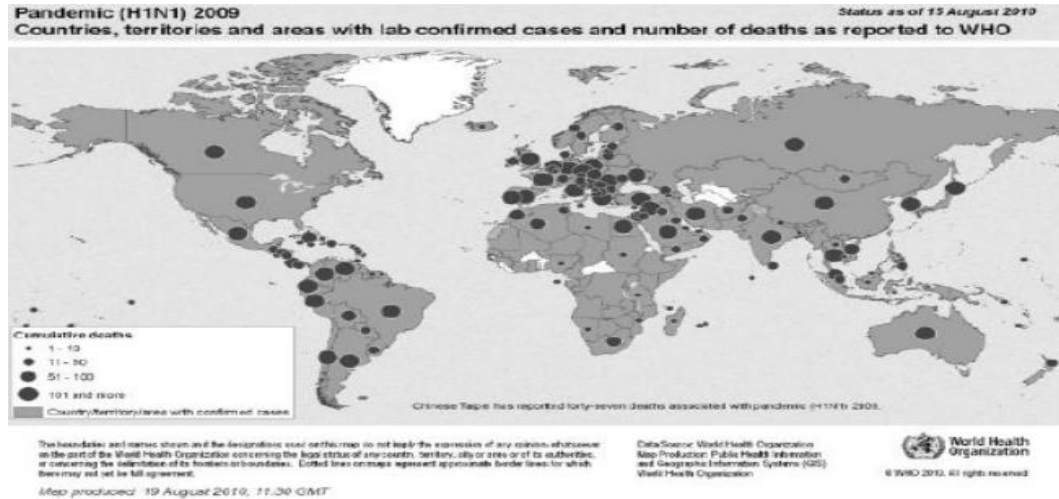


Figure 2.4. Cartographie des pays affectés par la pandémie A(H1N1) en 2009

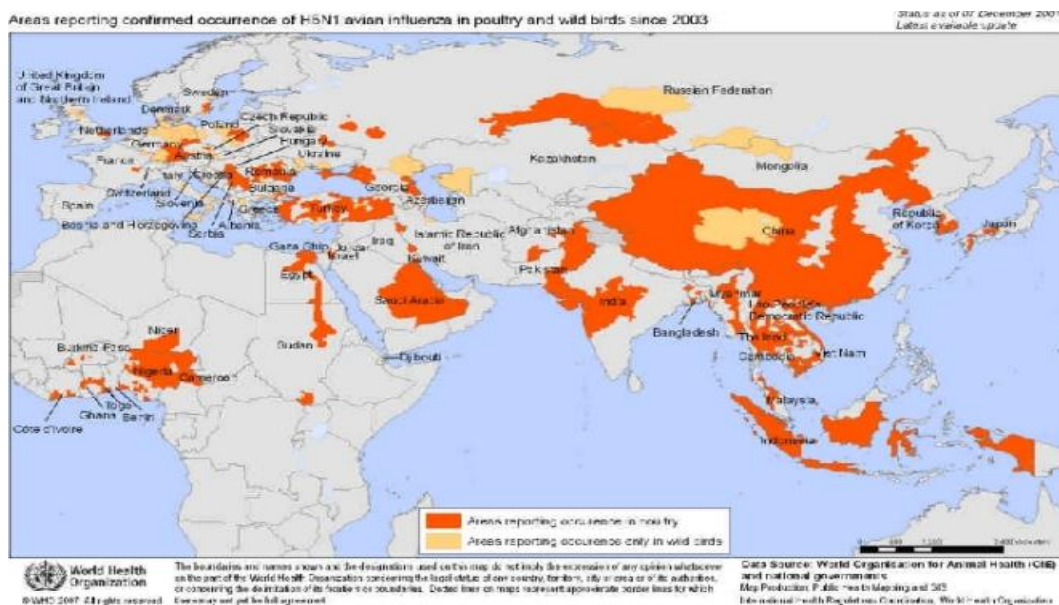


Figure 2.5. Carte illustrant la pandémie de la grippe A/H5N1 en 2003

2.2.3 Mécanismes de diffusion d'une épidémie

La diffusion ou la propagation de l'épidémie est définie comme étant la croissance du nombre d'individus infectés en considérant les aspects temporel et spatial. Il faut noter qu'une épidémie a tendance à se propager d'autant plus rapidement que chaque individu est amené à rencontrer un certain nombre d'individus au cours d'une journée que ce soit sur le lieu du travail, dans les établissements scolaires ou lors de sorties diverses telles que les voyages, le cinéma, les concerts, les centres commerciaux, les transports en commun[12].

La transmission de la grippe d'un individu à un autre s'effectue surtout par les aérosols à grosses particules émis lors des éternuements ou la toux. Cette transmission sous-entend une proximité des individus mais les particules posées sur une surface restent vivantes durant un à deux jours et constituent une source de diffusion.

Les réseaux de contacts sont probablement différents selon la culture, la taille de communauté et l'appartenance à un milieu rural ou urbain. Les transports modernes ont tendance à aggraver les risques de contracter une épidémie.

On distingue trois types de diffusion de l'épidémie [12] :

- **La diffusion par contagion** : c'est la transmission directe inter-individus c'est-à-dire de l'agent pathogène d'un individu contaminé à un individu susceptible. L'individu est donc le seul réservoir et le seul transmetteur du virus.
- **La diffusion hiérarchique ascendante** (propagation s'effectuant d'une petite ville à une grande ville) ou inversement c'est-à-dire de manière descendante : la contamination s'effectue de manière ordonnée. Par exemple, d'un centre métropolitain à un village distant, elle est engendrée par l'utilisation des transports routiers, aériens, ferroviaires, maritimes.
- **La combinaison de la diffusion par contagion et la diffusion hiérarchique.**

Ainsi, la notion de proximité est un facteur très important car le risque qu'un individu soit contaminé est d'autant plus élevé qu'il est en interaction avec un individu infectieux.

En fonction de la structure de voisinage choisie, le nombre de voisins peut être de quatre(4) selon la méthode de Von Neumann ou de huit(8) d'après Moore. En plus des travaux qui visent l'analyse de la diffusion de l'épidémie, la modélisation dans le domaine de l'épidémiologie est en plein essor

2.3 Modèles de diffusion d'une épidémie

Un modèle n'est pas la réalité et n'est pas supposé reproduire toute la réalité. Il doit reproduire au mieux les caractéristiques du phénomène étudié en fonction des objectifs fixés pour le cadre de l'étude. La modélisation est devenue de nos jours un outil incontournable pour évaluer un problème de santé public que ce soit dans le cas d'une maladie contagieuse ou non contagieuse. La modélisation épidémiologique doit permettre de comprendre des phénomènes sociaux en se basant sur la régularité de certains phénomènes collectifs malgré la diversité et la complexité individuelle.

Dans le domaine de l'épidémiologie, on distingue en particulier, deux grands types de modélisation [12] :

Les modèles déterministes : ce sont les conditions initiales qui déterminent de façon univoque le futur du système ; ces modèles étudient souvent les phénomènes à l'échelle « macroscopique ». En épidémiologie on modélise l'évolution de l'état des populations.

Les modèles stochastiques : Ils sont probabilistes et étudient davantage les phénomènes à l'échelle « microscopique », ceux qui concernent l'individu en épidémiologie.

Pour chacun de ces deux types de modèles, on a recours à des modèles simples, généraux ou récurrents, mais très peu d'entre eux autorisent une résolution analytique. En épidémiologie, il s'agit d'expliquer, de prévoir la dynamique des maladies transmissibles et d'adopter en conséquence des mesures sanitaires ou économiques. Par exemple, les modèles peuvent indiquer s'il est plus urgent de concentrer les efforts sur la vaccination ou sur l'isolement des infectés ou sur les deux.

2.3.1 Modèles à compartiments (déterministes)

Les modèles compartimentaux sont des modèles déterministes où la population est divisée en un nombre de catégories selon différentes caractéristiques (âge, sexe, caractère génétique particulier) et selon l'état par rapport à la maladie (susceptible à se faire infecter, infecté non-contagieux, infecté contagieux, immunisé, décédé, etc.). Le changement d'état des individus, i.e. le changement du nombre d'individus dans chacune de ces boîtes, est gouverné par un ensemble d'équations différentielles [14].

Parmi les avantages de ces modèles, on note la simplicité de leur conception en plus du fait qu'ils se prêtent souvent très bien à un traitement analytique fort révélateur

de leur comportement. Ils présentent cependant des défaillances majeures lorsque l'on compare leur dynamique à celle de la situation biologique à modéliser, particulièrement en ce qui a trait aux délais [12].

Ces modèles supposent que l'effectif N de la population est constant, ainsi on ne prend pas en compte les naissances, ni les décès. Bien que des modèles plus compliqués puissent rendre compte de ces facteurs, cette hypothèse est plutôt raisonnable si on modélise, par exemple, la propagation d'une épidémie au sein d'une population qui ne reçoit pas de nouvel individu pendant le temps de l'étude de l'épidémie. Ces modèles supposent aussi que la population étudiée est brassée de façon homogène : tout individu non contaminé court le même risque d'être exposé à la maladie qu'un individu déjà contaminé [12].

2.3.1.1 Le modèle SI (Susceptibles, Infectives)

Le SI (*Susceptibles, Infectives*) est le premier modèle dynamique simple, il a été développé par W. H. Hamer en 1906. Il suppose au départ qu'il n'y a ni décès ni guérison, et l'individu infecté reste et demeure contagieux jusqu'à la fin de sa vie [13].

Ce modèle comprend donc deux compartiment : (i) les individus susceptibles d'être infectés (S), (ii) les individus infectés (I).

Dans le domaine d'épidémiologie, nous pouvons schématiser le modèle d'épidémie par des boîtes ou des compartiments qui représentent les différents statuts dans lesquels peuvent se trouver les individus d'une population pendant la maladie, les changements d'états (statuts) possibles étant indiqués par des flèches [13]. En effet, le schéma du modèle SI est illustré par la (Figure 2.6) :

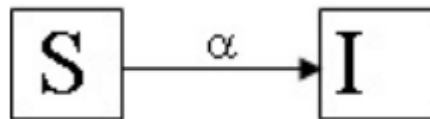


Figure 2.6. Schéma de transmission du modèle SI

La transmission de l'infection se fait à travers un contact direct entre des susceptibles S avec un ou des infectés I avec un facteur α de proportionnalité (aussi appelé taux d'infection ou taux de transmission) [13].

Le nombre de nouveaux cas atteints par l'infection pendant l'intervalle de temps dt sera égal à αSI . Cela conduit à deux équations différentielles :

$$\begin{cases} \frac{ds}{dt} = S'(t) = -\alpha \cdot I(t) \cdot S(t) \\ \frac{dI}{dt} = I'(t) = \alpha \cdot I(t) \cdot S(t) \end{cases}$$

Avec N est la population totale, $N = S(t) + I(t)$.

2.3.1.2 Le modèle SIS

Dans le modèle SIS, la population considérée est divisée en deux compartiments [15]:

S : les individus susceptibles d'être infectés

I : les individus infectés

On introduit ci-dessous des paramètres utilisés en épidémiologie :

$b > 0$: Le taux de naissance.

$\gamma > 0$: Le taux de guérison.

$\beta > 0$: Le taux de contact.

Dans ce modèle :

- Un individu susceptible devient infecté et infectieux après un contact positif avec un individu infectieux mais ne développe pas d'immunité à la maladie : il redevient susceptible à taux γ .
- Les naissances se font à taux b et les nouveau-nés ne sont pas infectés.
- Les morts se font à taux b aussi, ce qui permet de supposer que la population reste constante.

Le graphe suivant résume de manière concise le modèle SIS (Figure 2.7) :

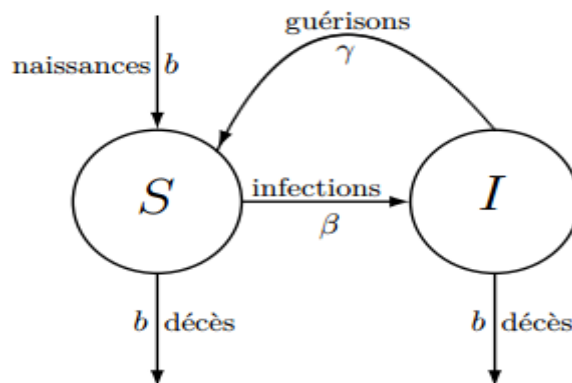


Figure 2.7. Schéma de transmission du modèle SIS

2.3.1.3 Le modèle de base SIR

Dans de nombreuses épidémies, les individus infectés périssent ou développent une immunité contre la maladie, qui peut être temporaire ou permanente, de ce fait, le modèle « S.I.R. » (Susceptible, Infected, Removed) proposé par Kermack & McKendrick en 1927 [31], prend en compte ce type d'épidémie très fréquent. Le modèle SIR a été pour expliquer a posteriori l'évolution de l'épidémie de peste à Bombay en 1905-1906 leur méthode est toujours considérée comme valide, elle est largement utilisée dans des travaux de recherches d'actualité.

Les compartiments de la modèle SIR

Les maladies infectieuses sont les maladies qui peuvent être transmises d'une personne à une autre ou d'une population à une autre. Elles sont causées par des agents Infectieux [11], exemples : Coronavirus SARS-Cov-2 (COVID-19), Rhinovirus (Rhume), le VIH (SIDA), etc. Nous pouvons étudier la propagation de ces agents en divisant la population en trois compartiment (sous-population) [11] [16]:

- Compartiment S: représente les individus « Susceptibles » ou « Sains », ceux qui n'ont jamais eu la maladie, et peuvent la contracter.
- Compartiment I: les individus « Infectés » les malades, ce sont aussi les contagieux (c'est-à-dire qui contribuent à la transmission du pathogène).
- Compartiment R: les individus « Retirés » (« Removed » en anglais) ceux qui ont déjà eu la maladie et sont désormais immunisés contre cette maladie . On inclut dans ce groupe les personnes décédées (puisqu'elles ne peuvent plus contracter la maladie).

La propagation d'un agent infectieux au sein d'une population est un phénomène dynamique : les effectifs d'individus Sains et Infectés évoluent dans le temps, en fonction des contacts au cours desquels cet agent (le virus) passe d'un individu infecté à un individu sain non immunisé [11].

A ces trois états différents, nous pouvons associer trois équations d'évolutions propres telles que [17]:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = S'(t) = -\alpha \cdot I(t) \cdot S(t) \\ \frac{dI}{dt} = I'(t) = \alpha \cdot I(t) \cdot S(t) - \beta \cdot I(t) \\ \frac{dR}{dt} = R'(t) = -\beta \cdot I(t) \end{cases}$$

Un organigramme est présenté à la Figure 2.8. Il repose sur les hypothèses suivantes :

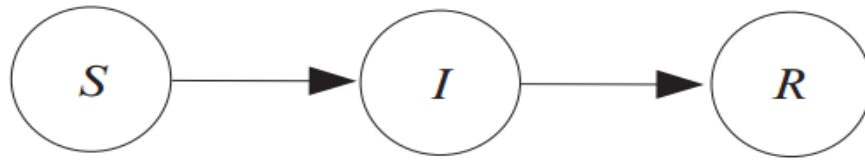


Figure 2.8. Schéma de transmission du modèle SIR

2.3.1.4 Les Extensions du modèle SIR

Le modèle SIR est la base de la plupart des modèles étudiant le phénomène de la diffusion de la grippe. Il est aujourd'hui régulièrement utilisé comme par exemple dans le cas de la grippe A en 2009. De plus, ce modèle a subi des changements par l'ajout des extensions au modèle standard. Ces extensions de modèle ont tous les mêmes principes de base énoncés précédemment mais comprennent des degrés de complexité variés [13], parmi eux :

- Prise en compte de la démographie (taux de natalité et taux de décès) ce modèle permet entre autres d'étudier les épidémies « récurrentes » où le groupe des susceptibles est reconstitué grâce aux nouvelles naissances.
- Prise en compte de la démographie et distinction morts/guéris, simulation par l'ENS Cachan Bretagne.

Le modèle SIRS : le modèle SIR avec immunisation temporaire : les individus de la classe R réintègrent après un délai la classe des susceptibles (Figure 2.9) [13].

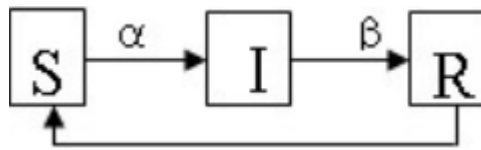


Figure 2.9. Schéma de transmission du modèle SIRS

Le modèle SEIR/ SEIRS : le modèle SIR avec introduction d'une nouvelle classe Exposé et donc d'un nouveau compartiment qui modélisent la population des individus infecté qui n'ont pas encore des symptômes [13]. Le modèle a deux variantes (Figure 2.10) :

SEIR: Immunité permanente.

SEIRS : Immunité temporaire.

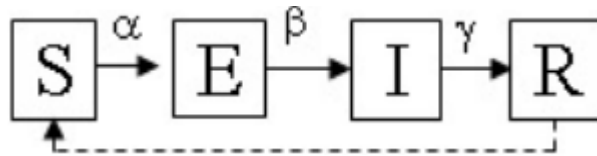


Figure 2.10. Schéma de transmission du modèle SEIR/SEIRS

Le modèle MSIR : le modèle SIR avec immunité passive un individu est né avec une immunité passive transférée naturellement de la mère (Figure 2.11) [13].

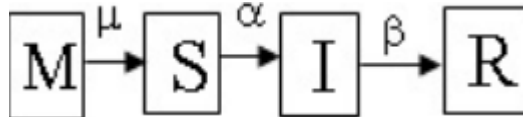


Figure 2.11. Schéma de transmission du modèle MSIR

Le modèle MSEIR/MSEIRS: le modèle SIR avec immunité passive et période de latente avec le facteur d'immunité passive, on ajoute la période de latence (Figure 2.12) [13] :

MSEIR: immunité permanente.

MSEIRS: immunité temporaire.

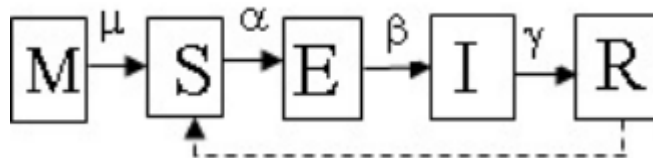


Figure 2.12. Schéma de transmission du modèle MSEIR/MSEIRS

2.3.2 Les modèles agents

Les modèles agents, aussi appelés individus-centrés, permettent de décrire précisément chacun des individus de la population virtuelle, contrairement aux modèles comportementaux. À tout moment les individus sont distincts et différenciables les uns des autres. Un modèle agent est généralement composé de trois éléments principaux [18] :

- un ensemble d'agents, ou individus, autonomes qui possèdent chacun un ensemble de caractéristiques les définissant ;
- un ensemble de règles de comportement définissant les interactions possibles entre les agents.

- l'environnement dans lequel évoluent les agents et avec lequel ils peuvent également interagir.

L'un des intérêts de la modélisation agent est de pouvoir représenter toute la diversité de la population à étudier et d'observer la dynamique globale qui émerge des comportements individuels.

La modélisation agent est de plus en plus utilisée en épidémiologie [19, 20,21] puisqu'elle permet d'étudier les phénomènes émergeant à l'échelle d'une population en partant d'événements individuels, ce qui correspond parfaitement au domaine d'étude de l'épidémiologie.

Ainsi les modèles agents permettent d'inclure des aspects qui sont inaccessibles à d'autres types de méthodes, tels que la dimension spatiale des phénomènes de santé ou l'interdépendance de certains processus qui peut être induite par les règles de comportement observées par les individus. Ce type de modèle est très utile pour simuler ou étudier des relations causales et prendre en compte des phénomènes complexes d'interactions dynamiques et parfois non linéaires [18].

2.3.3 Modèles d'automates cellulaires

Traditionnellement, la majorité des modèles mathématiques existants pour simuler les épidémies sont basés sur des équations différentielles ordinaires. Ces modèles présentent de sérieux inconvénients en ce qu'ils négligent les caractéristiques locales du processus de propagation et qu'ils n'intègrent pas la susceptibilité variable des individus. Plus précisément, ils ne parviennent pas à simuler de manière appropriée (1) les processus de contact individuel, (2) les effets du comportement individuel, (3) les aspects spatiaux de la propagation de l'épidémie et (4) les effets des schémas de mixage des individus.

Les automates cellulaires (AC en abrégé) peuvent surmonter ces inconvénients et ont été utilisés par plusieurs recherches comme une méthode alternative efficace pour simuler la propagation des épidémies.

Les chercheurs ont utilisé des automates cellulaires (AC) pour explorer les mécanismes d'infection et de transmission épidémiques chez les animaux, les plantes et les humains. En raison de leur capacité à fournir des modèles de réseau intuitifs, les automates cellulaires sont utilisés pour identifier le regroupement local et les caractéristiques sociales (par exemple, la spatialité, l'hétérogénéité et l'interactivité) considérées comme essentielles pour étudier la dynamique de transmission. Comme le montre la Figure 2.13, l'espace social dans les automates cellulaires peut être représenté comme un réseau

bidimensionnel. Chaque point d'intersection dans un réseau représente un individu hétérogène et les liens représentent leurs interactions [11].

Ainsi, de nombreux modèles ont été proposés pour modéliser la propagation des épidémies à base d'automates cellulaires [22-31]. Les modèles proposés sont différents sur plusieurs points, particulièrement, les états des cellules et les règles de propagation de l'épidémie. Cependant, ces modèles partagent des points communs, que nous pouvons résumer comme suit :

1. Représentation de la population par une grille de cellules, où chaque cellule représente un ou plusieurs individus (**Figure 2.13**).
2. Chaque cellule peut prendre un ensemble états, qui dépendent du modèle appliqué.

Les modèles les plus utilisés sont :

- **SIR.** Les cellules peuvent prendre les états : *Susceptible, Infecté, Retiré, et Vide*.
 - **SEIR.** Les cellules peuvent prendre les états : *Susceptible, Exposé, Infecté, Retiré, et Vide*.
 - **SEIQR.** Les cellules peuvent prendre les états : *Susceptible, Exposé, Infecté, mise en Quarantaine, Retiré, et Vide*.
3. Toute cellule possède un voisinage et des règles de transition. Les règles de transition permettent de calculer le prochain état de la cellule à partir de son état courant et de l'état courant de toutes les cellules de son voisinage. Bien que ces règles soient différentes d'un modèle à un autre dans le cas d'une transition de l'état susceptible à l'état exposé ou infecté, elles sont plus au moins similaires dans les autres cas, et peuvent être résumées comme suit :
 - (1) Une cellule vide reste vide.
 - (2) Une cellule Retirée reste Retirée.
 - (3) Une cellule Infectée devient Retirée dans les modèles SIR et SEIR, ou mise en Quarantaine dans les modèles SEIQR.
 - (4) Une cellule en Quarantaine devient Retirée (modèle SEIQR).
 - (5) Une cellule Exposé devient infectés dans les modèles SEIR et SEIQR.
 - (6) Une cellule susceptible de vient exposée (SEIR et SEIQR) ou infectée (SIR) avec une certaine probabilité dont le calcul dépend du modèle appliqué et des états des cellules voisines, sinon, elle reste à l'état susceptible.

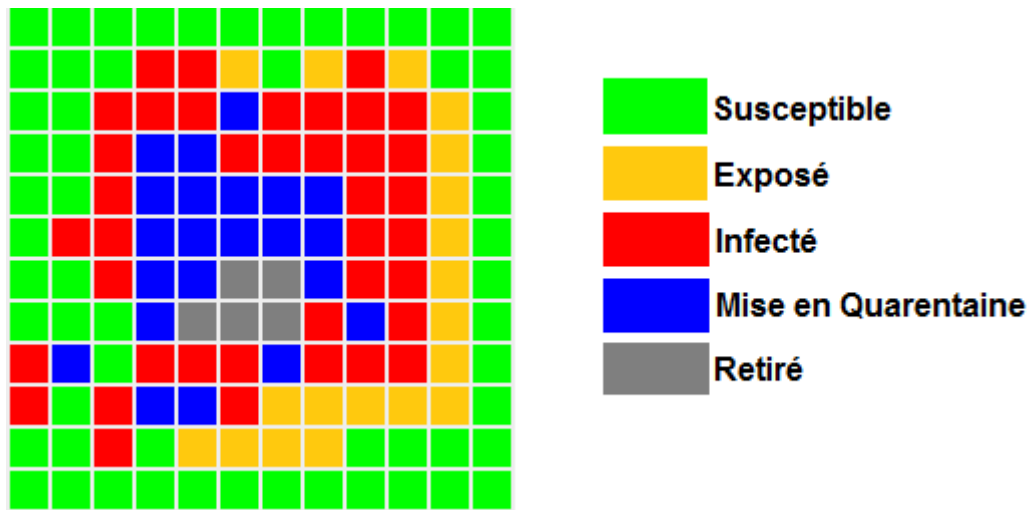


Figure 2.13. Capture d'une simulation d'une épidémie à l'aide d'un modèle basé automate cellulaire

Les automates cellulaires sont devenus un outil puissant pour modéliser la propagation des maladies. Fuentes et al. (1999) [22] ont proposé l'un des premiers modèles de propagation des épidémies.

Situngkir (2004) [23] après enté l'utilisation de simulations d'automates cellulaires en épidémiologie, en mettant l'accent sur l'analyse de la maladie de la grippe a via ire en Indonésie.

Lichtenegger (2005) [24] a étudié la propagation des maladies épidémiques avec des modèles d'automates cellulaires.

White (2007) [25] a également utilisé les AC pour modéliser les épidémies. L'objectif principal était de comprendre l'évolution temporelle de la maladie dans le but de contrôler la propagation des maladies épidémiques.

Mikler (2005) [26] s'est concentré sur la modélisation des maladies infectieuses à l'aide d'automates cellulaires stochastique set a également utilisé le modèle SIR de base pour l'étude des maladies infectieuses.

Dos Santos et al. (2001) [27] ont étudié la dynamique de l'infection par le VIH au début du SIDA en utilisant l'approche AC. Le modèle était basé sur trois caractéristiques : la réponse immunitaire globale au pathogène, le taux de mutation du VIH, et la répartition géographique de la maladie.

Dascalus et Stafen et al. (2011) [28] ont présenté un simulateur à plusieurs niveaux en utilisant des automates cellulaires hiérarchiques pour démontrer comment la propagation des maladies infectieuses pouvait être modélisée.

La pandémie du COVID-19, qui a émergé en novembre 2019, a causé d'importantes pertes humaines, économiques et sociales, ainsi, de nombreux modèles basés automates cellulaires ont été proposé pour étudier et comprendre la propagation de cette pandémie.

Mondal et al. (2020) [29] ont proposé un modèle basé automate cellulaire pour étudier l'immunité collective.

Schimit (2021) a présenté un modèle pour tester l'effet de l'isolation sociale sur la propagation de l'épidémie [30].

Finalement, Ghosh [32], (2020) a proposé un automate cellulaire pour étudier la pandémie du COVID-19, les paramètres du modèle ont été optimisés à l'aide d'un algorithme génétique adapté qui utilisent des données réelles.

2.4 Conclusion

Dans ce chapitre nous avons abordé des concepts liés aux épidémies et à leur propagation. Puis, nous avons discuté la modélisation des épidémies, et les différents modèles proposés dans la littérature pour étudier ce phénomène. Traditionnellement, les épidémies sont étudiées à l'aide de modèles mathématiques, basés sur des équations différentielles. Cependant, ces modèles souffrent de nombreux inconvénient, entre autres, ils ne prennent pas en considération les facteurs spatiaux tels que la densité de population variable, et ils ont tendance à supposer que les populations sont métissées d'une manière homogène. Les automates cellulaires c'est une approche alternative pour modéliser la propagation de l'épidémie, qui permet d'alléger les hypothèses irréalistes des modèles classiques. L'approche basé automate cellulaire permet de construire des modèles microscopiques, les individus et leurs interactions sont modélisés, et à partir de leurs interactions on peut observer le comportement macroscopique du système. Ainsi, l'hétérogénéité des individus qui forment la population, ainsi que leurs répartitions spéciales hétérogènes peuvent être prise en compte, ce qui permet de construire des modèles plus réalistes et plus fiables pour étudier la propagation des épidémies.

Chapitre 3. Implémentation et test du simulateur

3.1 Introduction

De nombreux modèles basés automates cellulaires ont été proposé pour la simulation de la propagation des épidémies en général, et de l'épidémie du COVID-19 en particulier. Nous avons opté pour l'implémentation du modèle proposé dans [32]. Ce choix est justifié par les caractéristiques du modèle, entre autres, son le modèle épidémiologique SEIQR, qui prend en compte la mise en quarantaine des personnes infectés qui ne peuvent pas transmettre l'infection à d'autres personnes, aussi, le modèle considère explicitement la probabilité de transmission de l'épidémie de personne à personne par voisinage. Ces caractéristiques permettent de mieux comprendre la propagation du COVID-19, ainsi que l'effet des mesures de la distanciation sociale. En outre, les paramètres du modèle choisis optimisés à l'aide d'un algorithme génétique séquentiel à partir de données réelles, ce qui lui donne le pouvoir d'estimer avec précision l'évolution des épidémies.

Dans ce chapitre, nous allons d'abord présenter un modèle de propagation du COVID-19 basé automate cellulaire probabiliste, puis, nous allons décrire brièvement l'implémentation du modèle, finalement, nous allons réaliser des expérimentations pour vérifier l'implémentation du modèle.

3.2 Description du modèle

Nous avons opté pour l'implémentation d'un modèle de propagation du Covid-19, basé automate cellulaire probabiliste, récemment proposé (2020) [32]. La démarche suivie pour construire et optimiser le modèle est représenté dans la Figure 3.1. La méthodologie commence par une propagation de l'infection selon le modèle épidémiologique SEIQR dans une population humaine aléatoire sur une grille bidimensionnelle, initialisée en utilisant les données spécifiques d'un pays. Les paramètres du modèle épidémiologique sont continuellement optimisés à l'aide d'un algorithme génétique séquentiel afin de correspondre aux données réelles de propagation des infections d'un pays spécifique.

Le modèle proposé proposée est constitué de trois parties distinctes [32]:

- (i). Le modèle compartimental qui définit les compartiments et les transitions possibles entre eux ;
- (ii). Automates cellulaires probabilistes (ACP) pour modéliser la population et les règles de la propagation ;
- (iii). Optimisation des paramètres associés à l'ACP en utilisant algorithme génétique (AG) pour s'adapter aux données du monde réel.

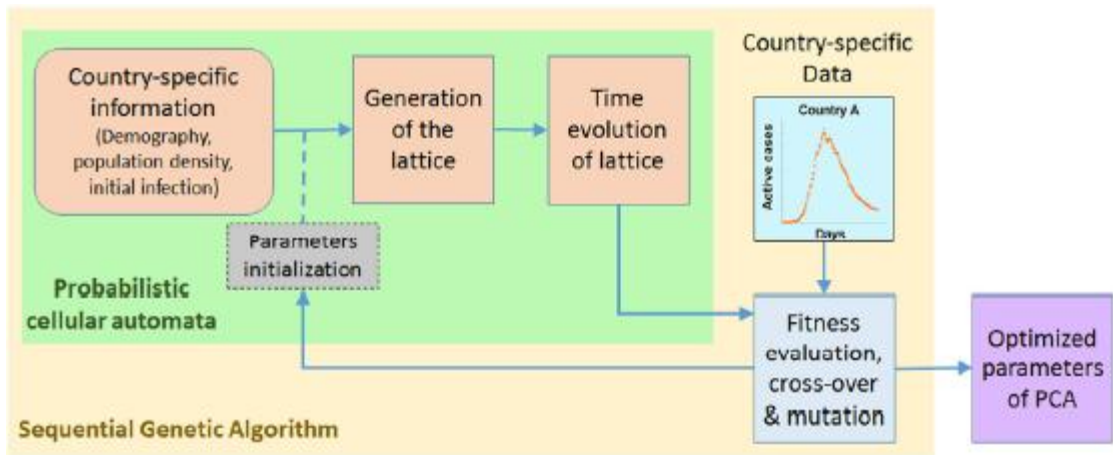


Figure 3.1: Méthodologie de construction du modèle

3.2.1 Modèle épidémiologique

Le modèle épidémiologique, divise la population en cinq états possibles par rapport à la maladie : *Susceptible* (S), *Exposé* (E), *Infecté* (I), en *Quarantaine* (Q), et *Retiré* (R) (Figure 3.2) :

Susceptible (S) : Au début, chaque personne est en bonne santé mais elle est vulnérable à l'infection. Ces personnes sont désignées comme sous-population Sensible (S).

Exposé (E) : à un instant donné, certaines personnes de la population sont exposées à l'infection à partir d'une source connue ou inconnue. Ces personnes exposées ne présentent aucun symptôme particulier de l'infection, mais elles peuvent transmettre l'infection aux personnes susceptibles. Ces personnes asymptomatiques sont appelées sous-population exposée (E).

Infectieux (I) : à un instant donné, certaines personnes présentent des symptômes clairs de l'infection et elles ont également le potentiel de propager l'infection parmi les personnes susceptibles. Ces personnes symptomatiques sont considérées comme une sous-population infectieuse (I).

En Quarantaine (Q) : En raison des installations sanitaires et du temps de test, les personnes infectées sont détectées avec un certain délai moyen et mises en quarantaine. Les personnes mises en quarantaine ne peuvent pas transmettre l'infection à d'autres personnes, bien qu'elles restent elles-mêmes au stade infectieux. Ces personnes sont désignées comme sous-population en quarantaine (Q).

Retiré (R) : Les personnes mises en quarantaine et les personnes infectées (mais non détectées) finiront par sortir du stade infectieux, et après cela, elles ne contribuent plus à la dynamique de propagation de l'épidémie. Ces personnes sont désignées comme sous-population supprimée (*R*) dans le modèle. Cette sous-population supprimée contient deux types de personnes : l'une qui s'est complètement remise de l'infection et qui n'infecte ni ne sera infectée à l'avenir, et l'autre type de personnes qui sont décédées en raison de la gravité de l'infection.

Un diagramme schématique relatif aux transitions, probabilités et délais correspondant à la dynamique de l'infection est représenté dans Figure 3.3 .

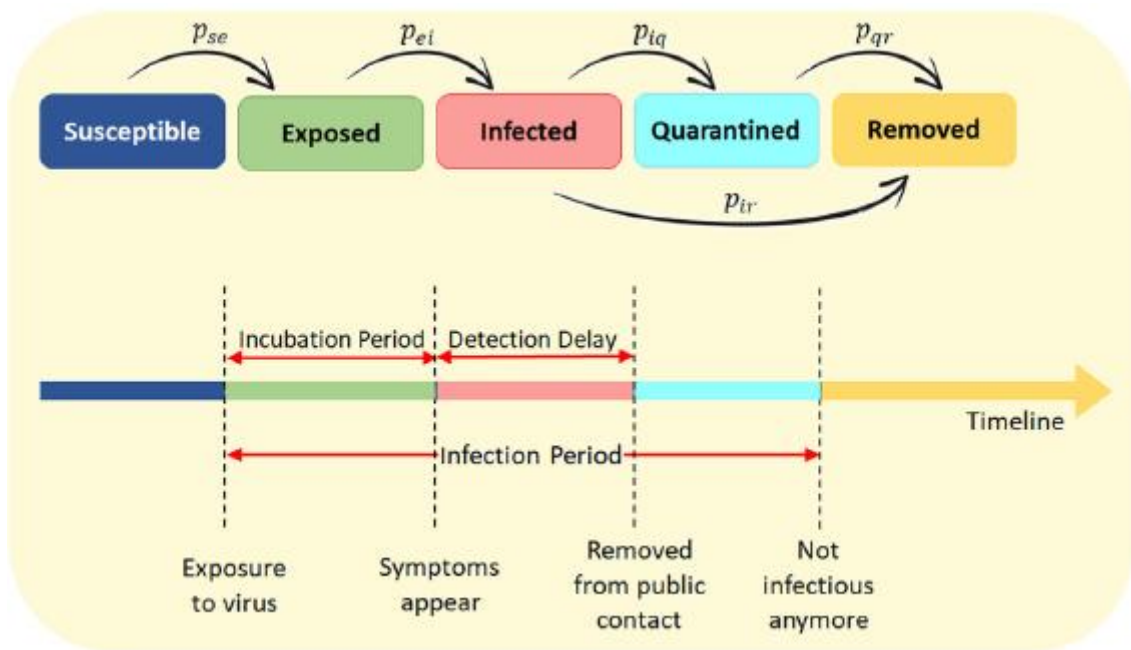


Figure 3.2: Diagramme schématique de la dynamique de transmission de la maladie sous la forme d'un modèle *SEIQR* modifié. Les probabilités de transition p_{se} , p_{ei} , p_{iq} , p_{ir} et p_{qr} sont mentionnées. Les délais de transition d'état associés sont indiqués sur l'axe du temps.

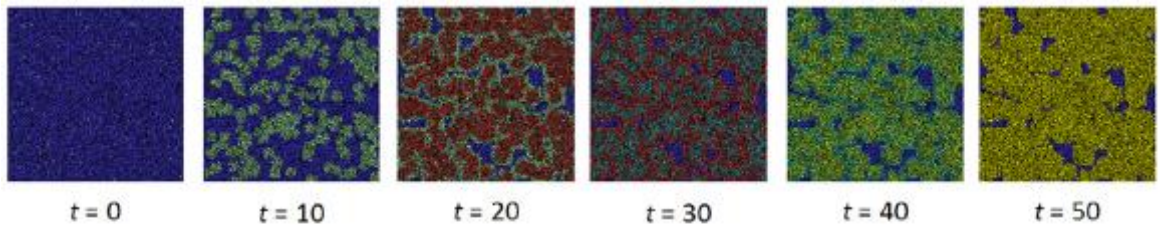


Figure 3.3: Evolution temporelle du réseau spatial au cours de la propagation de l'infection dans une population. Les couleurs des sous-populations respectives (c.-à-d. sensibles, exposées, infectées, mises en quarantaine et retirées) sont les mêmes que celles illustrées en figure 3-1.

3.2.2 Automate cellulaire probabiliste

Soit L un sous-ensemble fini de \mathbb{Z}^2 à l'instant t , noté $L \sqsubset \mathbb{Z}^2$ qui définit un réseau bidimensionnel régulier. Chaque point de ce réseau $x \in L$ peut acquérir un nombre fini d'états $A = \{0, s, e, i, r, q\}$, où les termes s, e, i, q et r désignent les états d'infection possibles particuliers comme indiqué dans la section 3.2.1, et 0 désigne l'absence d'occupant humain ou un espace vide. A l'instant $t = 0$, n_i^0 points sont choisis au hasard dans L et reçoivent l'état a_i où $i \in A$. La population initiale totale est définie comme $N = \sum_{i \in A \setminus 0} n_i^0$. À tout instant t , n_i^t , $i \in A \setminus 0$ désigne le nombre total de personnes dans l'état respectif a_i .

Pour les critères de voisinage, le voisinage de Moore modifié (le d -voisinage) a été utilisé, Ainsi, pour chaque cellule, on définit un sous-ensemble $\Omega_d \sqsubset L$, centré autour de la cellule, où d est le rayon d'interaction avec les voisins Figure 3.4, ainsi, la cardinalité de Ω_d est $4d(d + 1)$.

Les automates cellulaires probabilistes généraux (ACP) sont un processus stochastique qui décrit une séquence d'applications $\Lambda_t^a: L \rightarrow a, i \in A$, où, tout état particulier $\Lambda_t^a(x)$ de $x \in L$ à un instant particulier t dépend des états précédents du d -voisinage de x , noté $x + \Omega_d = \{x + \omega : \forall \omega \in \Omega_d\}$ avec certaines probabilités. Plus précisément, dans la propagation de l'infection COVID-19, $\Lambda_t^E(x)$ sera décidé par $\Lambda_{t-1}(x + \omega), \forall \omega \in \Omega_d$. Les autres applications $\Lambda_t^a(x), a \in A \setminus E$, dépendent de la séquence d'états $\Lambda_k^a(x), 0 \leq \kappa < t$ [32].

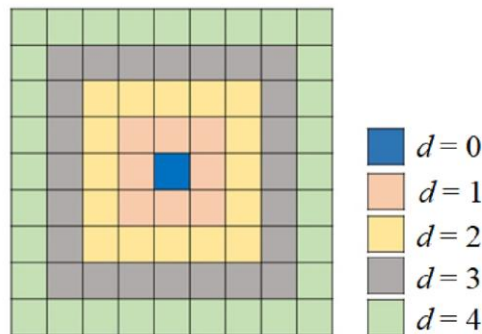


Figure 3.4. Voisinage de Moore modifié (d -Voisinage)

3.2.2.1 Probabilités transitoires

La probabilité de transition $P_{a_i a_j}^t$ dénote la probabilité de transition à l'instant t de l'état a_i à l'état a_j , où $a_i, a_j \in A$. Sans aucune perte de généralité, $P_{a_i a_j}^t$ est noté P_{ij}^t et la transition de l'état a_i à a_j est notée a_{ij} dans le reste de la discussion pour une notation plus simple. Dans les cas où $a_i \neq a_j$, P_{ij}^t est appelé probabilité de transition d'état, et si $a_i = a_j$, P_{ij}^t est appelé probabilité auto-transitionnelle. [32]

Si une transition d'état a_{ij} , $i \neq j$, se produit à la cellule x à l'instant t suivant la probabilité de transition P_{ij}^t et que l'état de transition a_{ij} a un délai de transition τ_{ij} , alors

$$P_{ij}^t = \begin{cases} 0 & \text{si } t < t_{ui} + \tau_{ij} \\ P_{ij} & \text{si } t \geq t_{ui} + \tau_{ij} \end{cases}$$

où t_{ui} est le moment où la transition a_{ui} , $u \neq i$ s'est produite. Dans ce modèle de diffusion de l'infection, seules les probabilités de transition d'état P_{se}^t , P_{ei}^t , P_{iq}^t , P_{qr}^t et P_{ir}^t sont considérées comme non nulles à un certain moment, et pour toutes les autres probabilités de transition, τ_{ij} est défini sur l'infini, où P_{ij} et τ_{ij} sont des paramètres définis par l'utilisateur. Cependant, pour la transition a_{se} , t_{ui} et τ_{ij} sont mis à zéro, et pour $x \in L$, définissons $P_{se}^t = P_{ij} = 1 - P_{ss}^t$ et la probabilité d'auto-transition $P_{ss}^t = (1 - P_i)^{i_{t-1}} (1 - P_e)^{e_t - 1}$ où i_{t-1} et $e_t - 1$ sont le nombre de cellules dans les états i et e respectivement dans le voisinage Ω_d de x à l'instant $t - 1$. Les probabilités P_e et P_i sont définies comme des « probabilités d'infection » qui peuvent être considérées comme les probabilités qu'une personne susceptible soit exposée à l'infection lorsque cette personne rencontre une personne exposée ou une personne infectée, respectivement.

Une cellule vide ne contribue pas à la propagation de l'infection, par conséquent, la probabilité d'auto-transition $P_{00}^t = 1, \forall t$. Parmi la population totale retirée r_t à l'instant t , une fraction de la population $p_\beta r_t$ est considérée rétablie de l'infection à l'instant t et acquiert une immunité à long terme contre la maladie, et une fraction de population $(1 - p_\beta)r_t$ est considérée décédée. La population supprimée r_t n'est pas prise en compte davantage dans la dynamique de l'infection et on considère que $P_{rr}^{t'} = 1, t' > t$ [32].

3.2.3 Optimisation des paramètres à l'aide d'un algorithme génétique

Bien que l'ACP ait le potentiel de modéliser la transition probabiliste d'états sur un réseau spatial, le principal défi de son utilisation pour modéliser un scénario du monde réel est de trouver les paramètres optimaux pour l'ACP. Etant donné que l'espace de

recherche du modèle ACP proposé est très grand, il est pratiquement impossible de rechercher manuellement le paramétrage optimal pour analyser les caractéristiques de l'infection propagée à partir d'une donnée réelle. Ainsi, un algorithme génétique (AG) a été appliqué pour optimiser les paramètres étant donné de séries temporelles de données réelles.

Supposons un signal temporel discret $y[n]$, $0 \leq n \leq (T - 1)$ associé à la propagation de l'infection dans le monde réel. Le modèle ACP est noté $G(\Theta)$, où $\Theta = [\theta_1, \theta_2 \dots \theta_h]$ désigne l'ensemble des paramètres utilisés pour le modèle ACP. Si $\hat{y}[n]$, $0 \leq n \leq (T - 1)$ est l'évolution temporelle de la variable souhaitée dans le modèle $G(\Theta)$, alors l'objectif est de trouver un ensemble de paramètres optimal Θ^* tel que $\hat{y}[n] \rightarrow y[n], \forall n$. Pour appliquer un AG, chaque θ_i , $1 \leq i \leq h$, est codé sous forme d'une chaîne de chiffres binaires b_i [33,34] en supposant que θ_i a une borne $|\theta_i| < \zeta_i$, $1 \leq i \leq h$. Cette chaîne binaire est appelée gène, et les gènes concaténés dans l'ordre d'apparition des θ_i respectifs dans Θ s'appellent le chromosome. Par exemple, si B est le chromosome correspondant au jeu de paramètres Θ , $G(B)$ est équivalent à $G(\Theta)$. Une collection de N_g nombre de chromosomes de paramètres estimés, souvent appelés *pool génétique*, est évalué à chaque pas du temps (appelé génération). L'erreur de chaque chromosome est évaluée en utilisant la distance norme l_1 . A la $i^{\text{ème}}$ génération, l'erreur du $j^{\text{ème}}$ chromosome B_{ij} est calculée comme

$$e_{ij} = \|y - \hat{y}_{ij}\|_1 = \sum_{n=0}^{T-1} |y[n] - \hat{y}_{ij}[n]|$$

où \hat{y}_{ij} est la sortie estimée de $G(B_{ij})$ sous la forme vectorielle et $\hat{y}_{ij}[n]$ est la valeur de \hat{y}_{ij} à l'instant n . A chaque génération i , l'AG trouve $\min(e_{ij}), \forall j$, et essaie de faire $e_{ij} \rightarrow 0$ quand $i \rightarrow \infty$. Certains paramètres sont des probabilités comprises entre 0 et 1, et certains paramètres sont associés au temps (en jours) qui sont des entiers discrets, et supérieurs ou égaux à zéro. Ainsi, les paramètres sont initialisés de manière aléatoire en gardant intactes leurs restrictions de domaine. [32]

Concernant le croisement, deux chromosomes appelés *parents*, sont sélectionnés dans le pool génétique en tenant compte de leur '*fitness*'. Parmi les deux parents sélectionnés, un point de croisement est sélectionné à b_i , $1 \leq i \leq h$, un croisement aura lieu dans ce point et produit deux descendants. La fitness f_{ij} de chaque chromosome est l'inverse de

son erreur e_{ij} . À chaque génération, le nombre F des meilleurs chromosomes ayant les fitness maximaux sont sélectionnés dans le pool génétique de croisement. Suivant l'idée de [35], le nombre ρF de parents est conservé jusqu'à la génération suivante avec les nouveaux chromosomes pour garantir que l'erreur dans la génération suivante est toujours inférieure ou égale à la génération actuelle. En sélectionnant un nombre de ρF chromosomes des parents, $N_g - \rho F$ enfants sont produits par croisement pour maintenir la taille du pool génétique constante. Une fois les descendants générés, dans l'espace des paramètres, les gènes s sont sélectionnés au hasard et de petites perturbations sont ajoutées individuellement pour imiter la mutation.

Comme l'ont montré plusieurs chercheurs [36], l'homogénéité du pool génétique augmente avec les générations, et comme les perturbations dues aux mutations sont généralement faibles, la réduction de l'erreur devient un problème après quelques générations. Ainsi, *pour* restreindre l'homogénéité du pool génétique, un petit nombre de descendants μ sont sélectionnés parmi le nombre total $N_g - \rho F$ de descendants générés, et remplacés par des chromosomes générés aléatoirement pour maintenir la diversité. Cette étape est appelée « diversification » du pool génétique.

Les paramètres Θ du modèle PCA $G(\Theta)$ sont les probabilités de transition d'état $p_{ei}, p_{iq}, p_{ir}, p_{qr}$, les probabilités d'infection p_e et p_i , les délais de transition d'état $\tau_{ei}, \tau_{iq}, \tau_{qr}, \tau_{ir}$, le rayon de voisinage d , et la probabilité de décès p_β . Étant donné l'optimisation simultanée de ces nombreux paramètres est difficile et nécessite une des ressources importantes, une variante de l'AG est proposée avec un mécanisme d'évolution séquentielle où au lieu d'optimiser les paramètres simultanément, les paramètres sont optimisés de manière séquentielle. Définissons un ensemble de générations comme une ère.

Une première ère un petit nombre de génération, l'AG est appliqué pour avoir un ensemble de paramètres initiaux. À partir de l'ère suivante, seulement deux paramètres sont fixés et optimisés séquentiellement. La mutation et le croisement sont limités à ces deux gènes respectifs, tandis que la sélection des parents se fait sur la base des performances des chromosomes entiers. Cette optimisation séquentielle nouvellement proposée des paramètres de l'ACP à l'aide de l'AG est définie comme l'ACPGA. L'approche proposée peut optimiser un grand nombre de paramètres en utilisant efficacement des ressources limitées.

Notation	Description
L	Treillis spatial
A	Ensemble d'états possibles sur le réseau
A / 0	Ensemble d'états épidémiologiques
n_i^t	Nombre total de personnes à l'état a_i à l'instant t
Ω_d	d-voisinage de $x \in L$
Λ_t^a	Mappage de $L \rightarrow a$ à l'instant t
P_{ij}^t	Probabilité au temps t que $x \in L$ passe de a_i à a_j
τ_{ij}	Délai de transition pour que x passe de a_i à a_j
e_t, i_t	Nombre de personnes exposées et infectées dans le voisinage d de x à l'instant t
P_e, P_i	Probabilités qu'une personne exposée ou infectée transmette l'infection à une personne sensible lorsqu'elle se rencontre
Θ	Un gène contenant tous les paramètres de la méthode PCA
B	Représentation codée binaire de Θ
$G(\theta)$	Le modèle PCA avec le paramètre Θ
Y	Série chronologique d'un état épidémiologique dans un pays
Y	Estimation des séries chronologiques de l'état épidémiologique à partir de l'ACP
e_{ji}	Erreur d'estimation du j ^{ème} gène dans la i ^{ème} génération
N_g	Nombre total de chromosomes dans le pool génétique

Tableau 3.1. Descriptions des paramètres du modèle

3.3 Implémentation

3.3.1 Outils de développement

3.3.1.1 Langage java

Pour réaliser notre application nous avons utilisé le langage Java, ce choix est dû aux avantages qu'il offre, entre autres, sa simplicité et la richesse de sa bibliothèque, ce qui a facilité le codage de l'application, aussi, java est un langage portable, ce qui facilitera d'éventuel adaptation de l'application à d'autres plates-formes. Aussi, java est un langage orienté objet, ce qui a facilité le codage du modèle de simulation, celui-ci est composé de cellules qui possèdent leurs propres états et leurs propres comportements. Ainsi, les cellules de l'automate sont implémentées sous forme d'objets.

3.3.1.2 NetBeans

Concernant l'environnement de développement, nous avons opté pour l'IDE Netbeans. NetBeans est un environnement de développement intégré (IDE) pour Java, placé en open source par Sun en juin 2000 sous licence CDDL (Common Développement and Distribution License). Il comprend toutes les caractéristiques d'un IDE moderne, entre autres, un éditeur en couleur, et un éditeur graphique d'interfaces. Ces caractéristiques ont permis de faciliter considérablement le codage et la conception de l'interface graphique de l'application.

En plus de Java, NetBeans permet également de supporter différents autres langages, comme Python, C, C++, XML et HTML. Il comprend toutes les caractéristiques d'un IDE moderne (éditeur en couleur, projets multi langage, refactoring, éditeur graphique d'interfaces et de pages web). NetBeans est disponible sous Windows, Linux, Solaris (sur x86 et SPARC), Mac OS X et Open VMS.

3.3.1.3 La base de donnée WAMPSEVER

WampServer est une plate-forme de développement Web sous Windows pour des applications Web dynamiques à l'aide du serveur Apache2, du langage de scripts PHP et d'une base de données MySQL. Il possède également PHPMyAdmin pour gérer plus facilement vos bases de données.

Ainsi, chaque développeur peut reproduire fidèlement son serveur de production sur sa machine locale.

3.3.1 Prototype de départ

Le prototype fourni par l'encadreur est une implémentation en langage java du modèle proposé dans [32]. Le prototype est doté d'une interface simple, dotée d'un panneau pour visualiser l'évolution de l'automate cellulaire, et deux boutons pour lancer et arrêter la simulation (Figure 3.5). Cependant, l'interface est assez basique, et ne permet de définir les valeurs des paramètres qui doivent être fixés directement dans le code. Aussi, à part la visualisation de l'automate cellulaire, les résultats numériques des simulations ne sont pas accessibles à l'utilisateur.

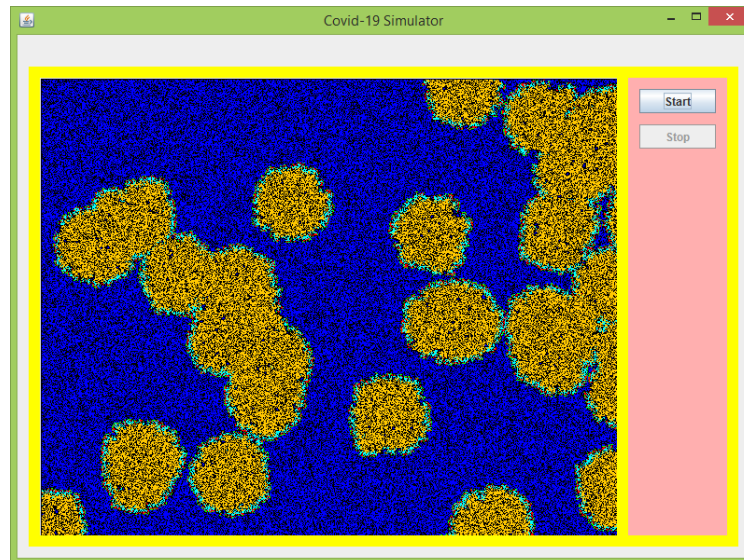


Figure 3.5. Interface du prototype

3.3.2 Implémentation des fonctionnalités

Nous enrichi le prototype par de nombreuses fonctionnalités qui permettent à l'utilisateur de réaliser facilement des simulations et d'observer les résultats. L'application est dotée d'une interface graphique composée de fenêtres, permettant à l'utilisateur d'accéder aux différents services d'une façon conviviale. Dans ce qui suit, nous passons en revue les différentes fenêtres de notre application :

3.3.2.1 Fenêtre «Accueil»

La Fenêtre d'accueil permet à l'utilisateur d'accéder à différentes fonctionnalités de l'application en cliquant sur le bouton correspondant (Figure 3.6).



Figure 3.6. Fenêtre «Accueil»

3.3.2.2 Fenêtre «Simulation du Covid-19»

Cette fenêtre permet à l’expert de définir les paramètres de simulation (Figure 3.7), puis, d’exécuter la simulation, au cours de l’exécution de la simulation, l’évolution de l’automate cellulaire est visualisé en temps réel, avec une légende qui permet d’observer les états des cellules qui formes l’automate du COVID-19. Aussi, un rapport de nombre de cas par compartiment est affiché. Il est possible de visualiser les résultats à l’aide d’un graphique (histogramme), à la fin de la simulation, il est possible de sauvegarder le rapport de simulation dans la base de données (Figure 3.8).

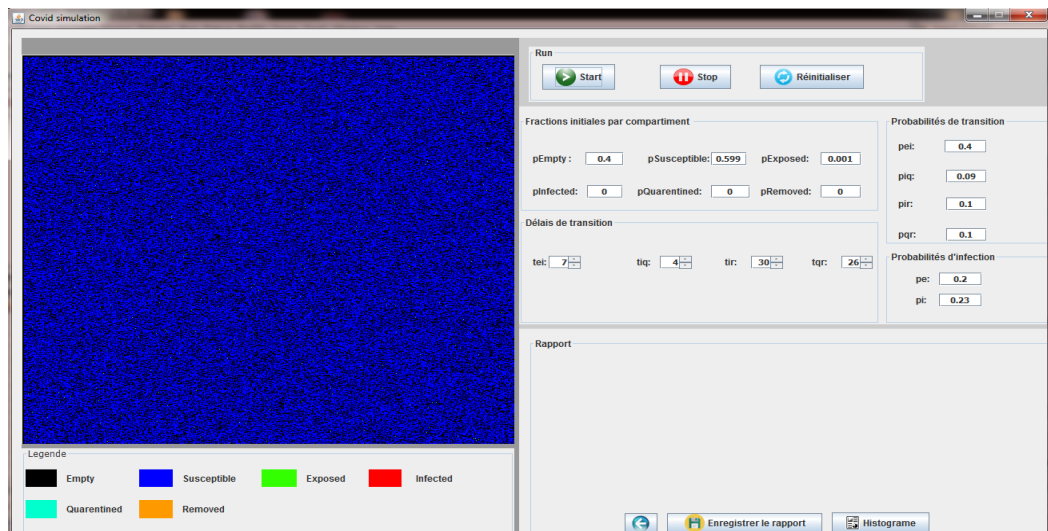


Figure 3.7. Fenêtre «Simulation du COVID-19» Avant le lancement de la simulation

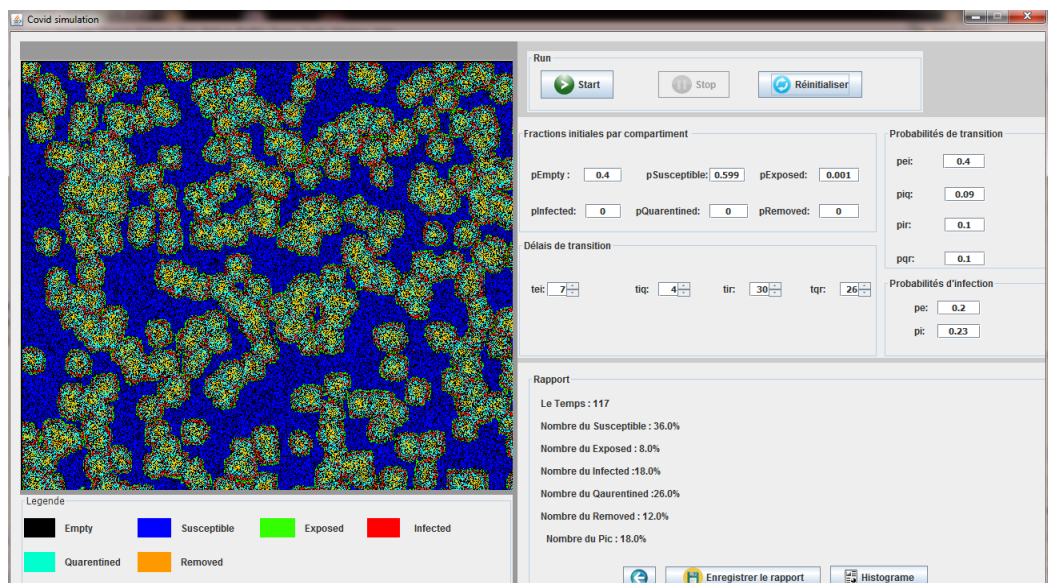


Figure 3.8. Fenêtre «Simulation du COVID-19» au cours de la simulation

3.3.2.3 Fenêtres « Histogramme »

Cette fenêtre affiche le graphique à colonnes des nombres d'individus par compartiment (Figure 3.9).



Figure 3.9. Fenêtre «Histogramme»

3.3.2.4 Fenêtre «Rapport»

Cette fenêtre donne accès aux rapports de simulations sauvegardés (Figure 3.10).



Figure 3.10. Fenêtre «Rapport»

3.3.1 Test du simulateur

Dans cette section, nous allons d'abord réaliser une expérimentation et observer visuellement la propagation de l'épidémie. La Figure 3.11 montre les résultats de l'expérimentation. Nous pouvons observer la propagation progressive de l'épidémie, jusqu'à que la quasi-totalité des individu bascule dans l'état *Retiré*.

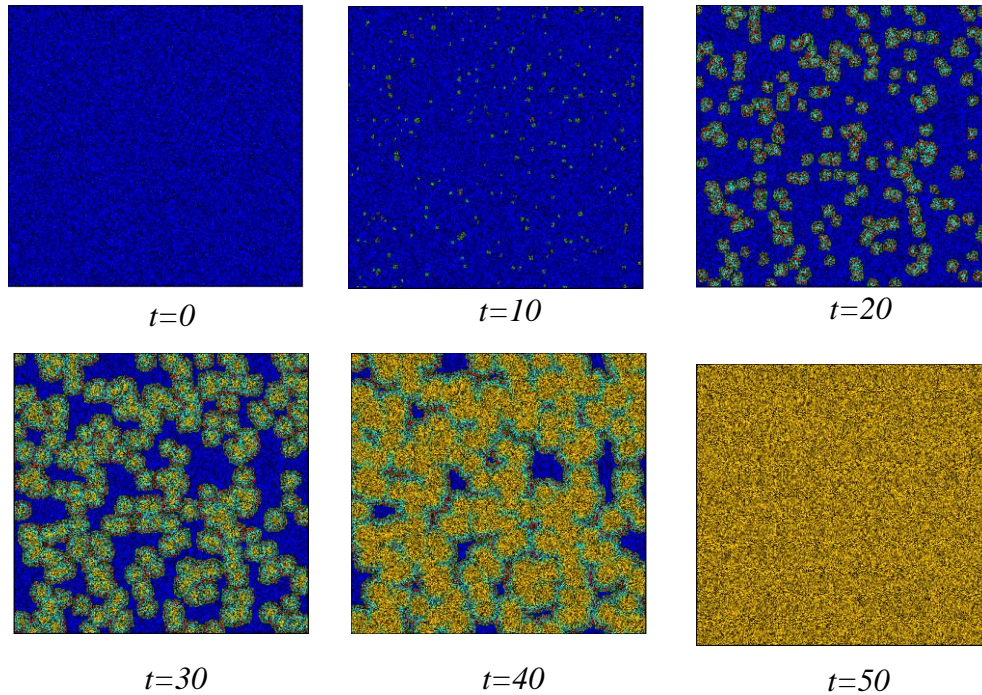


Figure 3.11. Résultat de l'expérimentation

Pour tester l'impact de certains paramètres du modèle sur la propagation de l'épidémie, nous avons varié les valeurs de chaque paramètre testé, et fixé les le reste des paramètres dans leurs valeurs définies dans le Tableau 3.2, et nous avons observé le pic des infections défini par :

$$pic = \frac{\max(n_t^t)}{N}$$

n_t^t est le nombre des infectés à l'instant t , et N est le nombre total de la population (Section 3.2.2).

Paramètre	Valeur
d (rayon d'interaction)	1
Probabilités d'infection	
P_e	0.2
P_i	0.2
Probabilités de transitions	
P_{ei}	0.4
p_{iq}	0.09
p_{ir}	0.1
p_{qr}	0.1
Délais de transition	
τ_{ei}	7
τ_{iq}	4
τ_{qr}	26
τ_{ir}	30
Fractions initiales par compartiment	
p_{Empty}	0.6
$p_{Susceptible}$	0.399
$p_{Exposed}$	0.001
$p_{Infected}$	0
$p_{Quarantined}$	0
$p_{Romaved}$	0

Tableau 3.2. Paramètre des expérimentations

Les résultats obtenus sont récapitulés dans le Tableau 3.3, et représenté graphiquement dans la Figure 3.12. Nous observons que la probabilité d'infection des susceptibles par des individus exposés (P_e) a un impact sur le pic des infections, plus P_e est grand plus le pic est important. Par contre l'impact de P_i (probabilité d'infection par un individu infecté) n'a pas un impact important, ceci est expliqué par la mise en quarantaine des individus infectés. P_{iq} (la probabilité de mise en quarantaine des personnes infectées) est inversement proportionnelle avec le pic des infections est évidente, quand P_{iq} augmente, le pic des infections diminue. Finalement, le rayon d qui détermine le voisinage des cellules, est directement proportionnelle avec le pic d'infections, plus d , plus il est probable d'avoir des cellules infectées ou exposées dans le voisinage, ce qui explique l'impact sur le nombre d'infections.

P_e	P_{ic}	P_i	pic	P_{iq}	pic	D	pic
0,1	0,09	0,1	0,15	0,1	0,15	1	0,16
0,3	0,22	0,3	0,16	0,3	0,08	2	0,54
0,5	0,32	0,5	0,17	0,5	0,06	3	0,71
0,7	0,38	0,7	0,16	0,7	0,05	4	0,77
0,9	0,43	0,9	0,16	0,9	0,05	5	0,82

Tableau 3.3. Impacts de certains paramètres sur le pic des infections

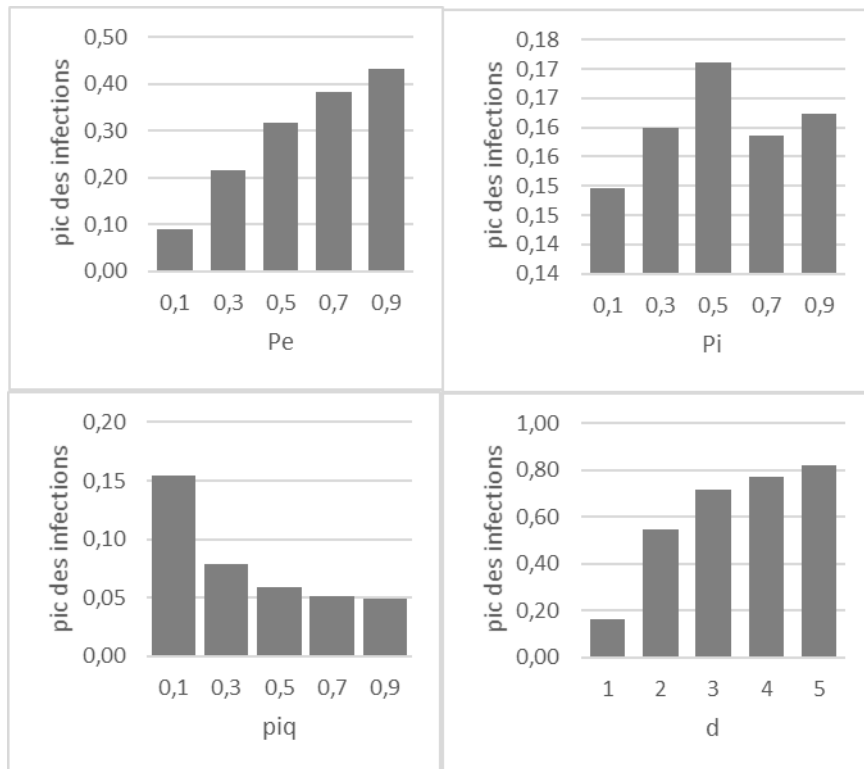


Figure 3.12. Représentation graphique de pics d'infection en fonction des valeurs de paramètres

3.1 Conclusion

Dans ce chapitre nous avons présenté le modèle choisi pour notre simulateur, puis, nous avons enrichi le prototype de départ par de nombreuses fonctionnalités qui permettent à un utilisateur de paramétrer et d'exécuter des simulations, de consulter et de sauvegarder les résultats. Finalement, nous avons réalisé une série d'expérimentations pour tester le simulateur.

Conclusion générale

Au cours de notre projet de fin d'étude, nous avons conçu et implémenté un simulateur de l'épidémie de COVID-19 basée sur un modèle d'automate cellulaire. Dans ce contexte, nous avons cherché à développer une application performante, riche en fonctionnalités, dotée d'une interface conviviale, et d'une visualisation animée des simulations de l'épidémie, où l'utilisateur peut facilement paramétrer les simulations et consulter les résultats, ce qui lui permet de mieux analyser et appréhender les résultats des simulations.

Nous avons pu produire une application qui peut offrir à ce stade de nombreuses fonctionnalités. L'application n'est pas encore à sa phase finale, mais l'essentiel a été fait, et elle reste ouverte à toute évolution. La période passée au développement de notre application, nous a été d'un apport considérable. En effet, c'est une expérience qui nous a permis d'enrichir nos connaissances dans de domaines très variés, entre autres : La modélisation et la simulation, les automates cellulaires, le langage Java et Le WAMPSEVER.

Perspectives

Il est possible d'enrichir le simulateur par d'autres fonctionnalités, particulièrement, la représentation graphique des simulations par des graphiques, en fait, il est important de représenter l'évolution du nombre d'individus chaque compartiment en fonction du temps, ceci, permettra de mieux appréhender les résultats des simulations.

Bibliographie

1. Banks, J. (2005). *Discrete event system simulation*. Pearson Education India.
2. Bousquet, F., Le Page, C., & Müller, J. P. (2002). Modélisation et simulation multi-agent. *deuxiemes assises du GDRI3*, 26.
3. Treuil, J. P., Drogoul, A., & Zucker, J. D. (2008). *Modélisation et simulation à base d'agents: exemples commentés, outils informatiques et questions théoriques*. Dunod.
4. Choi, B. K., & Kang, D. (2013). *Modeling and simulation of discrete event systems*. John Wiley & Sons.
5. Schruben, D.L. and Schruben, L.W. 2001. *Event Graph Modeling with SIGMA*, 4th Ed. Custom Simulations.
6. Zeigler, B.P., Praehofer H., and Kim, T.G. 2000. *Theory of Modeling and Simulation*, 2nd Ed. San Diego, CA: Academic Press.
7. Zeigler, B. P., Muzy, A., & Kofman, E. (2018). *Theory of modeling and simulation: discrete event & iterative system computational foundations*. Academic press.
8. Fu, S., & Milne, G. (2003, December). Epidemic modelling using cellular automata. In *Proc. of the Australian conference on artificial life*.
9. Conway, J. (1970). The game of life. *Scientific American*, 223(4), 4.
10. Lalonde, M. (2006). Modélisation par automates cellulaires de brèches hydrothermales.
11. Younes, J. E. D. D. I., Aziz, P. O., & Laila, P. A. Propagation Vs Confinement: Modèle SIR.
12. Abdelkader, F. LE DIPLOME DE MAGISTER.
13. Younsi, F. Z. (2016). Mise en place d'un Système d'Information Décisionnel pour le Suivi et la Prévention des Epidémies. *PhD diss. University of Lyon*.
14. Allard, A. (2008). Modélisation mathématique en épidémiologie par réseaux de contacts. *Introduction de l'hétérogénéité dans la transmissibilité, Mémoire de Maîtrise en Physique, Faculté des sciences et de Génie université Laval Québec*.
15. Falconet, H., & Jégo, A. (2015). Modéliser la propagation d'une épidémie. *sous la direction d'Amandine Veber et Vincent Calvez. thèse*.
16. White, S. H., Del Rey, A. M., & Sánchez, G. R. (2007). Modeling epidemics using cellular automata. *Applied mathematics and computation*, 186(1), 193-202.

17. Allen, L. J., Brauer, F., Van den Driessche, P., & Wu, J. (2008). *Mathematical epidemiology* (Vol. 1945). Berlin: Springer.
18. Arduin, H. (2018). *Modélisation mathématique des interactions entre pathogènes chez l'hôte humain: Application aux virus de la grippe et au pneumocoque* (Doctoral dissertation, Université Paris-Saclay).
19. Perez, Liliana, and Suzana Dragicevic. "An agent-based approach for modeling dynamics of contagious disease spread." *International journal of health geographics* 8.1 (2009): 1-17.
20. Frias-Martinez, Enrique, Graham Williamson, and Vanessa Frias-Martinez. "An agent-based model of epidemic spread using human mobility and social network information." 2011 IEEE third international conference on privacy, security, risk and trust and 2011 IEEE third international conference on social computing. IEEE, 2011.
21. Hackl, Jürgen, and Thibaut Dubernet. "Epidemic spreading in urban areas using agent-based transportation models." *Future internet* 11.4 (2019): 92.
22. Fuentes, Miguel A., and Marcelo N. Kuperman. "Cellular automata and epidemiological models with spatial dependence." *PhysicaA: statistical mechanics and its applications* 267.3-4 (1999): 471-486.
23. Situngkir, Hokky. "Epidemiology through cellular automata: case of study avian influenza in Indonesia." *ArXivpreprintnlin/0403035* (2004).
24. Lichtenegger, Klaus. *Cellular Automata Models in Disease Spreading and Ecology*. Diss. Faculty of Science, Karl-Franzens Universität Graz, 2005.
25. White, S. Hoya, A. Martín Del Rey, and G. Rodríguez Sánchez. "Modeling epidemics using cellular automata." *Applied mathematics and computation* 186.1 (2007): 193-202.
26. Mikler, Armin R., Sangeeta Venkatachalam, and Kaja Abbas. "Modeling infectious diseases using global stochastic cellular automata." *Journal of Biological Systems* 13.04 (2005): 421-439.
27. Dos Santos, Rita Maria Zorzenon, and Sérgio Coutinho. "Dynamics of HIV infection: A cellular automata approach." *Physical review letters* 87.16 (2001): 168102.
28. Dascalu, Monica, et al. "Applications of multilevel cellular automata in epidemiology." *Proceedings of the 13th WSEAS international conference on Automatic control, modelling & simulation*. 2011.

29. Mondal, Sayantan, Saumyak Mukherjee, and Biman Bagchi. "Mathematical modeling and cellular automata simulation of infectious disease dynamics: Applications to the understanding of herd immunity." *The Journal of chemical physics* 153.11 (2020): 114119.
30. Schimit, Pedro HT. "A model based on cellular automata to estimate the social isolation impact on COVID-19 spreading in Brazil." *Computer Methods and Programs in Biomedicine* 200 (2021): 105832.
31. . Kermack, W.O., McKendrick, A.G.: A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proc. R. Soc. Lond. B* 115, 700–721 (1927).
32. Ghosh, S., & Bhattacharya, S. (2020). A data-driven understanding of COVID-19 dynamics using sequential genetic algorithm based probabilistic cellular automata. *Applied Soft Computing*, 96, 106692.
33. M. Gulsen, A. Smith, D. Tate, A genetic algorithm approach to curve fitting, *Int. J. Prod. Res.* 33 (7) (1995) 1911–1923.
34. C.L. Karr, B. Weck, D.-L. Massart, P. Vankeerberghen, Least median squares curve fitting using a genetic algorithm, *Eng. Appl. Artif. Intell.* 8 (2) (1995) 177–189.
35. Yao, L., & Sethares, W. A. (1994). Nonlinear parameter estimation via the genetic algorithm. *IEEE Transactions on signal processing*, 42(4), 927-935.
36. Holland, J. H. (1992). *Adaptation in natural and artificial systems: an introductory analysis with applications to biology, control, and artificial intelligence*. MIT press.
37. Von Neumann, J., & Burks, A. W. (1966). others. Theory of self-reproducing automata. *IEEE Transactions on Neural Networks*, 5(1), 3-14.