HAL
open science

Utilisation de l'intelligence artificielle distribuée pour des simulations reproductibles de l'épidémie de Covid19

Benjamin A. Antunes, David R.C. Hill

To cite this version:

Benjamin A. Antunes, David R.C. Hill. Utilisation de l'intelligence artificielle distribuée pour des simulations reproductibles de l'épidémie de Covid19. Giseh 2022, Jul 2022, Saint-Etienne, France. hal-03739929

HAL Id: hal-03739929

https://uca.hal.science/hal-03739929v1

Submitted on 28 Jul 2022

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Utilisation de l'intelligence artificielle distribuée pour des simulations reproductibles de l'épidémie de Covid19

Antunes Benjamin[1], Hill David[1]

[1] Université Clermont-Auvergne, CNRS, Mines de Saint-Étienne, Clermont-Auvergne-INP LIMOS UMR 6158 – ISIMA – F-63000 Clermont-Ferrand, FRANCE.

Benjamin.Antunes@uca.fr , David.Hill@uca.fr

Résumé. L'intelligence artificielle distribuée est une branche des systèmes multi-agents qui, en épidémiologie, peuvent être utilisée de façon complémentaire aux approches réductionnistes classiques pour prendre en compte les différences individuelles, les interactions et les différences spatiales (densité de population). Nous proposons ici un modèle multi-agents permettant de modéliser l'évolution d'une épidémie de Covid. Les agents, qui sont des personnes humaines, vont se déplacer sur une carte et se contaminer. Les paramètres de l'épidémie reflètent les connaissances médicales et sont ajustables. Il est possible d'adapter le modèle à différents variants du Covid, voire à d'autres virus. Nous avons obtenu des résultats cohérents de l'évolution de l'épidémie selon les mesures sanitaires en place, ce qui permet de fournir une première étape de vérification de ce modèle en cours de développement.

Mots clés : Intelligence Artificielle Distribuée, Système multi-agents, Covid, Simulation Stochastique.

Introduction

L'intelligence artificielle distribuée (IAD) est apparue comme un sous-domaine de l'intelligence artificielle qui traitait des interactions d'agents intelligents dans le courant des années 1970 [Whitle et Rudge, 1974]. Les systèmes d'intelligence artificielle distribuée ont été conçus comme un groupe d'entités intelligentes, appelées agents, qui interagissaient par coopération, par coexistence ou par compétition [Lesser et Corkill, 1978]. L'IAD est classée dans les systèmes multi-agents et la résolution de problèmes distribués [Durfee et Rosenschein, 1994]. Dans les systèmes multi-agents cognitifs, l'accent est mis sur la manière dont les agents coordonnent leurs connaissances et leurs activités [Ferber et Weiss, 1999]. Pour la représentation de systèmes complexes distribués ou des comportements émergeants de l'interaction d'agents plus élémentaires, on parle souvent d'agents réactifs [Campos et Hill, 1998]. Ce qui émerge des interactions n'existe qu'au niveau du système, on ne peut pas l'observer au niveau des composants élémentaires du système (les agents). Dans ce cas de la modélisation d'une épidémie, le système n'est pas nécessairement complexe, mais peut être constitué d'agents humains en interaction, avec des caractéristiques hétérogènes. Pour prendre en compte l'espace, les agents peuvent être distribués spatialement suivant les densités des populations considérées. Les modèles réductionnistes sont très intéressants pour travailler à grande échelle, plusieurs approches existent. Une approche intéressante a vu le jour en revisitant les modèles de percolation [Mathiot et al., 2021], d'autre part les modèles proposés par l'institut Pasteur en sont des exemples remarquables [Salje et al., 2020]. Ils ne sont pas incompatibles avec une modélisation fine. Se baser sur le comportement d'agents garde son intérêt pour l'aide à la décision et regarder l'impact local de mesures sanitaires telles que des confinements avec des distances de déplacement différentes par exemple. En matière de modèles multi-agents, le travail réalisé autour de Comokit [Gaudou et al., 2020] est le plus complet que nous connaissons. Ceci dit, si de très nombreux modèles existent pour modéliser la propagation du Covid, nous n'avons rencontrés que très peu de modèles accessibles et reproductibles : un seul sur vingt modèles testés [Hill et Antunes, 2022]. Des travaux plus anciens avaient montré l'absence de reproductibilité avec résultats bien différents pour l'exécution du même modèle sur des plateformes différentes [Bajracharya et Duboz 2013]. Nous avons donc choisi de rendre accessible un modèle multi-agents, le plus portable possible et capable de répéter et de reproduire ses résultats pour l'avancement de la Science. Nous allons dans la section suivante vous présenter

les choix de conception de notre modèle multi-agents, puis nous discuterons des résultats préliminaires et des études statistiques que le modèle permet d'effectuer.

2 Un modèle multi-agents reproductible de propagation du Covid19

De nombreux modèles Covid19 ont vu le jour durant les deux dernières années. Notre modèle espère apporter sa contribution modeste dans le domaine de l'aide à la décision sur la gestion de la crise sanitaire. Comme nous l'avons montré dans [Hill et Antunes, 2022], très peu de ces modèles sont effectivement accessibles et reproductibles. Nous pouvons donc difficilement compter sur ceux-ci pour établir nos propres plans d'expériences. Un des objectifs principaux de notre modèle est de pouvoir ajuster les paramètres d'interaction à l'échelle d'individus spatialisés pour, selon le besoin, observer les résultats de ces interactions dans un processus d'aide à la décision et compléter les apports des modèles réductionnistes type SIR et ses variantes utilisés à grande échelle pour la gestion de la santé publique (S population saine, I pour infectée et R pour la population qui a récupéré). Le modèle que nous proposons est disponible sur Git Hub (https://github.com/LeBane63/SMA-Covid).

2.1 Les choix de modélisation

Notre modèle utilise des agents « humains » placés sur une grille en 2 dimensions. Chaque case correspond à un mètre carré et se retrouve peuplée ou non d'un humain à la manière des automates cellulaires. Les personnes peuvent se trouver dans cinq états différents :

- Sain : la personne n'est pas malade.
- Asymptomatique : la personne est malade mais ne le sait pas.
- Confiné : la personne sait qu'elle est malade et donc reste chez elle.
- Hospitalisé : la personne est trop malade pour rester chez elle et prend une place à l'hôpital car elle a besoin de soin.
- En réanimation : l'humain prend une place en réanimation.

En l'absence de lieux à forte probabilité de contamination (prévus dans les évolutions du modèle), les personnes se déplacent sur toute la carte de manière aléatoire, sauf en cas de mesures sanitaire réduisant les déplacements (mouvements browniens). Une itération correspond à un jour. L'ensemble des paramètres est accessible et modifiable pour réaliser des plans d'expériences. Chaque jour, les personnes se déplacent plusieurs fois. Les personnes asymptomatiques vont contaminer leurs voisins selon un voisinage de Moore d'ordre 1 ou d'ordre 2 avec une probabilité moindre (paramétrable). Nous envisageons pour la suite des personnes que l'on perçoit comme super contaminateurs. Les personnes contaminées, hospitalisées ou en réanimation, ne se déplacent plus et ne contaminent plus les autres.

En se basant sur les données de l'Inserm (https://www.inserm.fr/dossier/coronavirus-sars-cov-et-mers-cov/), nous avons choisi la modélisation suivante : Lorsqu' une personne est infectée, l'infection va durer 11 jours. Durant les deux premiers jours, la personne sera forcément asymptomatique mais contagieuse. Il s'agit d'une période de deux jours avant symptômes durant laquelle une personne infectée sera contaminante même si elle est asymptomatique. La période d'incubation variable d'une semaine à quinze jours n'est pas modélisée ici. Sur les humains malades depuis deux jours, un choix va s'opérer : Soit la personne reste asymptomatique et contaminante, soit elle devient symptomatique et reste chez elle confinée pour se soigner. Dans le second cas, la personne n'est plus contaminante, mais est susceptible d'avoir des complications liées à la maladie. Sur les personnes confinées, un test est effectué pour savoir si la personne a besoin d'être hospitalisé. Pour les personnes hospitalisées, un test est effectué pour savoir si elle doit aller en réanimation. Une fois en réanimation, une durée aléatoire va s'appliquer pour la durée de maintien en réanimation qui suit une loi uniforme entre 5 et 20 jours. La personne aura une probabilité de survie une fois en réanimation. Pour les

personnes qui ne sont pas allées en réanimation, elles redeviennent saines après les onze jours de maladie. L'ensemble des paramètres du modèle est accessible pour mener des expériences.

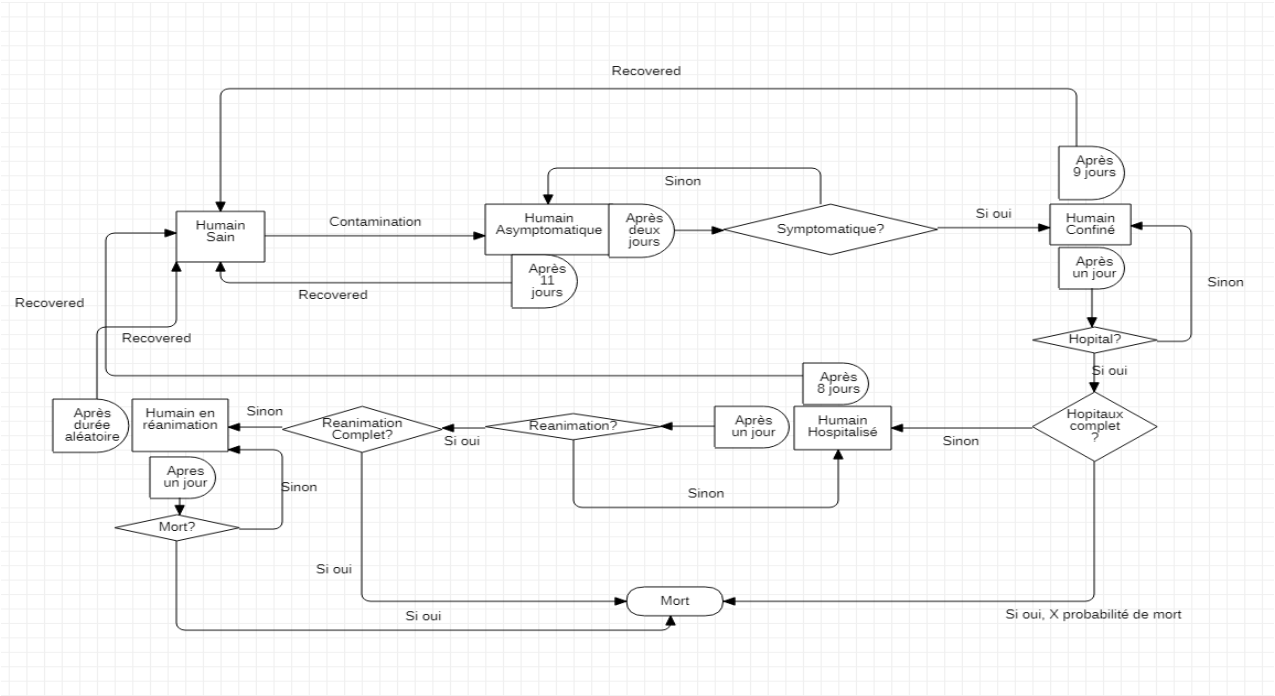

Figure 1 : Diagramme de flux [Hill et Antunes, 2022]

2.2 Implémentation et choix techniques

Notre modèle stochastique est implémenté avec le langage C++. Il est prévu pour être utilisé sur des serveurs ou nœuds de calculs permettant d'exécuter simplement en parallèle les réplications ou les plans d'expériences. Pour faciliter l'interprétation et la reproductibilité des résultats, un notebook Jupyter est en place (accessible grâce à une interface de programmation en Python directement sur dans un navigateur Web). Ce type d'outil, avec la possibilité de coder dans de nombreux langages, de prendre des notes, est très utile pour la mise au point (répétabilité) et d'une façon générale pour faciliter la reproductibilité des résultats annoncés dans des travaux. La technique de parallélisation que nous avons retenue est simple, performante en fonction du nombre de cœurs disponibles. Elle se nomme SPMD : Single Program Multiple Data et permet de faire nos expériences avec le même programme (« simulation covid19 ») lancé en parallèle N fois avec N jeux de paramètres différents et cela un certain nombre de fois en fonction des réplications qui sont faites pour chaque expérience. Ces expériences sont facilement gérées via le Notebook Jupyter. Le générateur de nombres pseudo-aléatoires utilisé est le Mersenne Twister de [Matsumoto et Nishimura, 1997]. Une liste de fichiers d'état du générateur est stockée dans le dossier du simulateur et permet d'avoir des statuts d'initialisations indépendants. Chaque réplication de simulation sera lancée en utilisant un état du générateur différent pour l'initialisation, espacé de tel sorte à ne pas avoir de recouvrement. Les explications de bonnes pratiques pour une parallélisation correcte et reproductible en utilisant des générateurs de nombre pseudo-aléatoire sont détaillées par [Hill et al, 2013].

2.3 Les paramètres du modèle

Dans notre modèle, beaucoup de paramètres sont ajustables. Il y a les paramètres propres aux villes/pays/territoires sur lesquels on souhaite faire la simulation, et des paramètres propres à l'épidémie, qui peuvent changer selon le type de variant du Covid par exemple. D'autres paramètres sont liés à la mise en place de mesures barrières par le gouvernement. La liste exhaustive des paramètres est décrite dans l'article [Hill et Antunes, 2022]. Une analyse de sensibilité permettra de décider de futurs plans d'expérience.

3 Résultats et discussion

Nous avons réalisé différentes simulations dont nous avons récupéré les résultats. Etant informaticiens et non experts en épidémiologie, ces résultats ne sont pas à considérer d'un point de vue médical, mais ils permettent de présenter la portée de notre modèle et la démarche de vérification que nous avons mis en place.

Dans les résultats suivants, nous avons calibré le modèle pour qu'il fonctionne sur la métropole de Lyon : 533km² et 1 411 571 habitants. Nous avons lancé deux expériences différentes : Dans un cas, la maladie est peu virulente, et dans le second cas, elle se transmet plus facilement et circule beaucoup plus. L'objectif est de pouvoir observer différents comportements, afin de présenter comment peut être utilisé le modèle.

Toutes les simulations ont été effectué avec 30 réplications et nous calculons l'intervalle de confiance. Ce code a été exécuté sur une machine des 96 cœurs physiques hyperthreadés (soit 192 cœurs logiques), sur des processeurs Intel(R) Xeon(R) Platinum 8160CPU @ 2.10GHz, et 768 Go de RAM. Lors de l'exécution, plus de 100 processus étaient lancés en parallèle, prenant chacun 0.6% de la RAM, soit environ 4 Go de RAM nécessaire pour chaque simulation. Le système d'exploitation est une version Debian 4.19 (Linux) pour machine parallèle symétrique.

3.1 Test d'un scénario d'épidémie faiblement transmissible sur la métropole de Lyon

Le premier graphique ci-dessous représente le nombre de nouveaux cas journaliers en fonction des mesures mises en place. L'axe des abscisses représente le nombre de jours, et l'axe des ordonnées le nombre de cas. On constate que l'épidémie se propage bien pour un variant si aucune mesure n'est en place, c'est la courbe jaune, l'épidémie durant approximativement trois mois. Néanmoins, toutes les autres courbes avec des mesures barrière « s'écroulent » directement même lors d'un « départ » initial à 1000 malades.

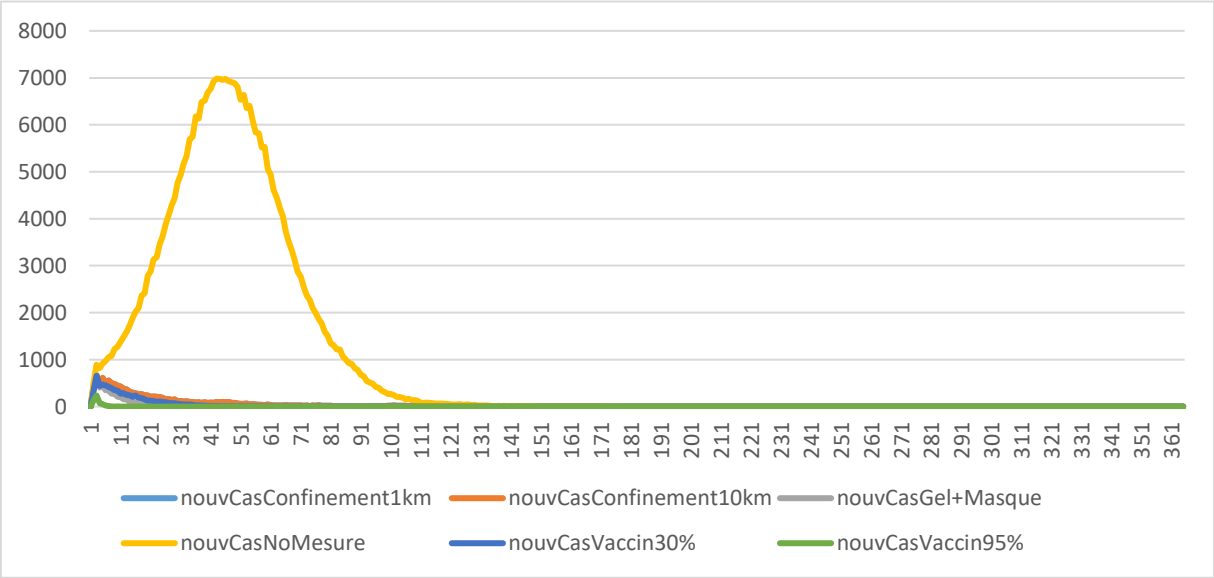

Figure 2 : Courbes des nouveaux cas selon les mesures, pour une épidémie faible

Notre modèle permet également de récupérer le nombre de nouvelles hospitalisations, les entrées en réanimation, les décès ainsi que le taux d'incidence et le paramètre Reffectif qui fluctue au cours du temps. Voici en exemple des résultats correspondants dans le cas de cette simulation pour le taux d'incidence et le Reffectif :

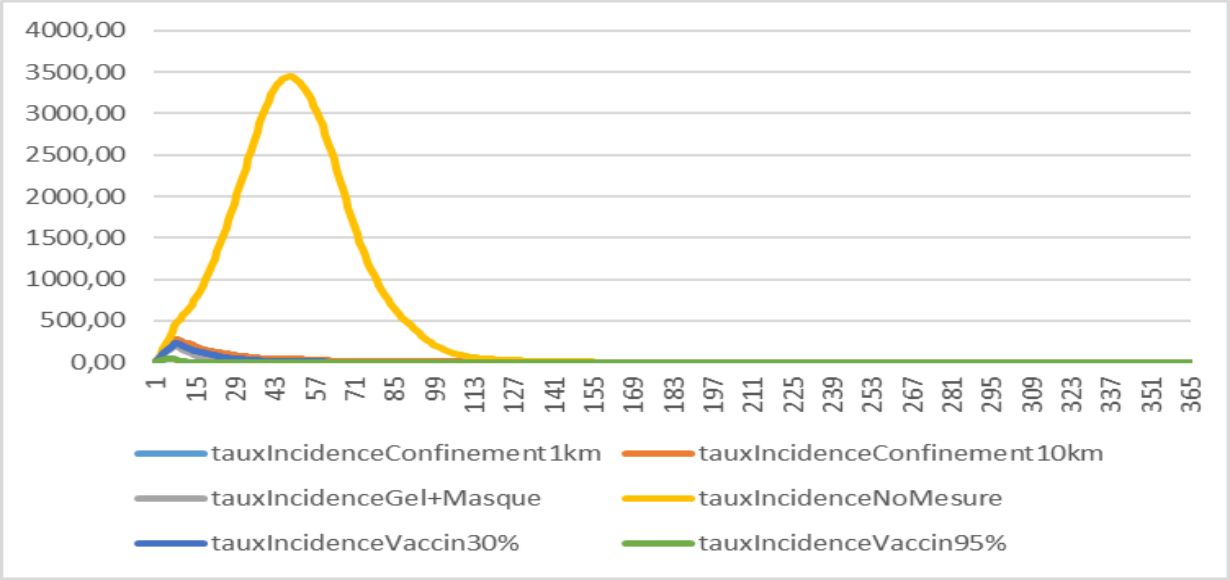

Figure 3: Courbes des taux d'incidence selon les mesures, pour une épidémie faible

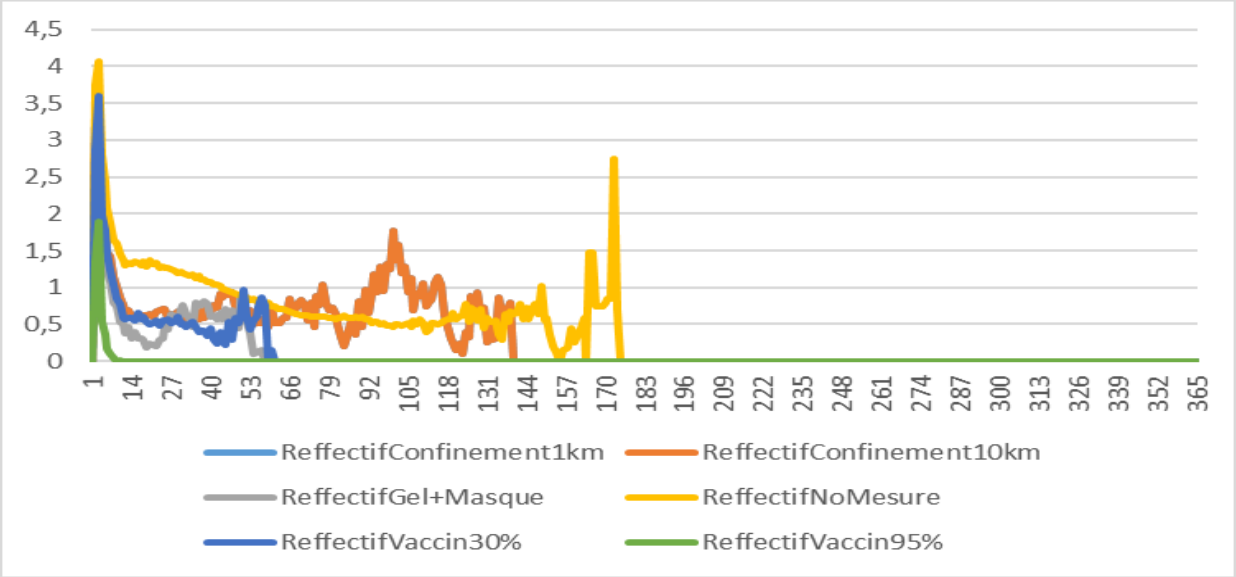

Figure 4: Courbes des Reffectif selon les mesures, pour une épidémie faible

Les données des nouvelles hospitalisations et du taux d'incidence sont des points de repères utilisés par les gouvernements pour quantifier l'état de l'épidémie.

Le taux d'incidence est moyenné sur la semaine, et est calculé de la manière suivante : 100 000 * la somme des nouveaux cas de la semaine / le nombre total d'habitants[1]. Ce chiffre correspond aux nombres de personnes testées positives sur les 7 derniers jours pour 100 000 habitants.

Le Reffectif est le taux de transmission (de reproduction) de la maladie constaté au cours du temps de l'évolution (avec ou sans mesures barrières, vaccination...). Un taux supérieur à 1 indique que l'épidémie progresse, et un taux inférieur indique que l'épidémie diminue. Dans notre modèle, le Reffectif est sur 11 jours selon les données INSERM précitées et retenues pour la mise au point de notre modèle). Notre Reffectif peut être calculé de façon glissante chaque jour, il pourrait être moyenné sur une semaine (ceci pourrait être modifié en vue d'une amélioration). Sur le graphique, nous pouvons constater que le Reffectif subit de fortes

[1] https://www.insee.fr/fr/metadonnees/definition/c1060

variations vers la fin de l'épidémie. Cela est simplement dû au fait que le nombre de nouveaux cas du jour et le nombre de malade sont très faibles, ainsi une faible modification peut induire une grosse différence. Avec peu de personnes contaminées, le résultat partiel de la fin d'épidémie n'est de toute façon pas significatif. On constate également que le Reffectif dure plus longtemps que les courbes d'épidémies correspondante : Ce n'est pas une erreur. Simplement, de très rares nouveaux cas apparaissent en fin d'épidémie, ce qui fait beaucoup bouger le Reffectif, là où ce phénomène est invisible sur la courbe des nouveaux cas.

3.2 Test d'un scénario d'épidémie fortement transmissible sur la métropole de Lyon

Dans le cas d'un scénario d'épidémie plus transmissible que le précédent, nous obtenons des résultats intéressants permettant potentiellement de comprendre d'autres éléments. Voici la courbe des nouveaux cas journaliers selon les mesures sanitaires en place :

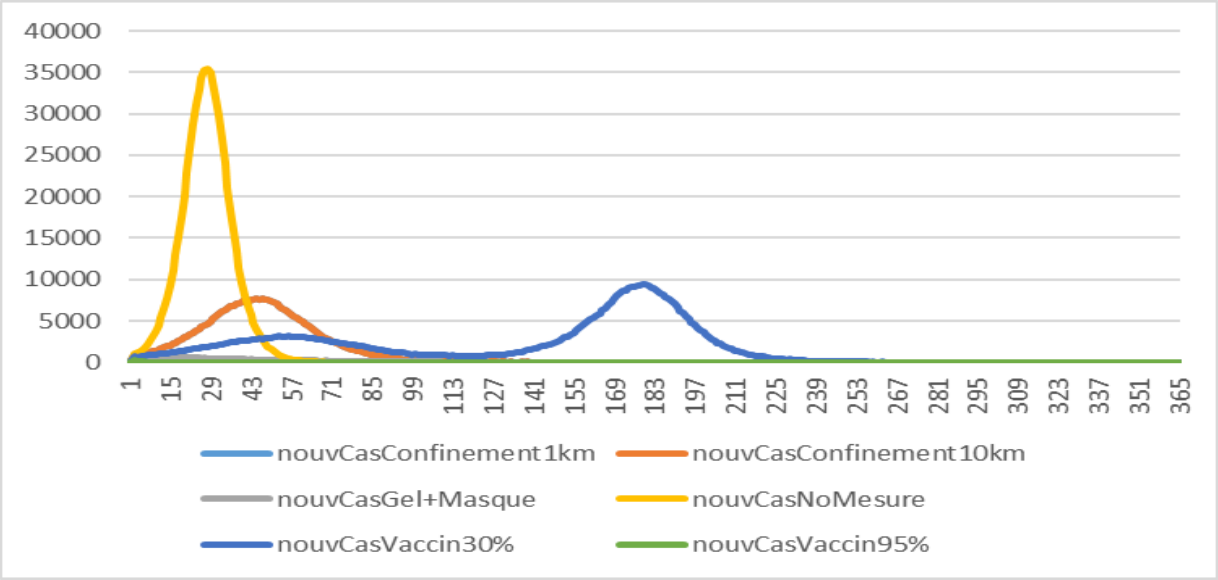

Figure 5 : Courbes des nouveaux cas selon les mesures, pour une épidémie forte

Grâce à ces courbes, nous pouvons constater plusieurs choses potentiellement intéressantes qui valident le modèle par rapport aux connaissances générales en épidémiologie. Sans aucunes mesures, l'épidémie de nouveaux cas explose et contamine une très grande proportion des personnes à « sa portée » (environ 400 000 contaminés au total sur 1 400 000 personnes). Néanmoins, l'épidémie est de ce fait plus courte. Avec des mesures sanitaires, on constate que l'épidémie dure plus longtemps et que les pics sont réduits permettant d'étaler la prise en charge hospitalière.

Des comportements intéressants émergent de ces interactions individuelles. Par exemple, dans le cas d'une vaccination de 70% de la population avec un vaccin protégeant à 30% contre la contamination, l'hospitalisation et la réanimation mais non 'durable' (3 mois d'immunité puis immunité décroissante). Nous observons alors qu'une première vague d'épidémie plus faible est suivie par une seconde vague plus forte. Une explication serait que le vaccin protégeant les individus au départ diminue la progression de l'épidémie et l'étale dans le temps. Après un certain délai, la protection du vaccin contre l'infection diminue et donc l'épidémie peut repartir. On pourrait imaginer une troisième vague d'épidémie liée à la baisse d'immunité des personnes contaminée durant la première vague.

Aucun de ces résultats n'est à prendre « au pied de la lettre », il ne s'agit pas d'explication possibles de la situation actuelle mais de tester des hypothèses et de montrer la capacité du modèle à étudier de manière fine plusieurs scénarios. Cet exemple illustre très bien l'intérêt des modèles multi-agents (intelligence artificielle distribuée), qui à partir de règles simples, peuvent permettre l'émergence de comportement que

nous n'avions pas forcément envisagé. Une collaboration avec des épidémiologistes est nécessaire pour valider et améliorer les capacités de notre modèle.

Enfin, nous observons que dans le cadre d'une vaccination de 70% de la population qui serait efficace à 95%, même avec un virus très virulant, l'épidémie ne se serait pas développée.

3.3 Statistiques sur les résultats

Le Notebook Jupyter permet de lancer le calcul des statistiques sur les résultats. Dans notre exemple, nous avons réalisé 30 réplications de chaque expérience. Nous établissons en fin de simulation pour chaque résultat, une moyenne, une variance et un intervalle de confiance à 95%. En plus des informations ci-dessus, le modèle nous permet d'obtenir le taux de mortalité de la maladie, le taux de mortalité relatif sur la population globale, et le taux de mortalité de la maladie par tranche d'âge. Voici ci-dessous un exemple de tableau statistique.

Champs	R1	R2	R3		R8	R9	R10	Moyenne	Intervalle95%
nbCasCovidConnuTotal	694924	694424	695850		694290	693634	693850	695121	(694435,544; 695806,455)
tauxDeMortCasConnu	1,425	1,432	1,445		1,441	1,427	1,445	1,441	(1,435; 1,44)
tauxMortalitePopulationGobale	0,702	0,704	0,712		0,709	0,701	0,71	0,71	(0,706; 0,712)
tauxDeMort0-15ans	0	0	0		0	0	0	0	(0; 0)
tauxDeMort15-25ans	0,073	0,056	0,054	...	0,061	0,072	0,068	0,066	(0,063; 0,069)
tauxDeMort25-35ans	0,163	0,132	0,168		0,119	0,135	0,136	0,137	(0,131; 0,142)
tauxDeMort35-45ans	0,47	0,483	0,455		0,474	0,486	0,462	0,481	(0,473; 0,489)
tauxDeMort45-55ans	0,737	0,755	0,716		0,738	0,762	0,753	0,753	(0,741; 0,764)
tauxDeMort55-65ans	2,023	2,036	2,029		2,059	2,013	1,986	2,048	(2,033; 2,063)
tauxDeMort65-75ans	3,04	3,052	3,095		3,069	2,984	3,128	3,052	(3,032; 3,072)
tauxDeMort75+ans	6,61	6,657	6,803		6,767	6,699	6,806	6,724	(6,679; 6,768)
nbRandomGenere	1645279394	1645181099	1645255172		1645090793	1645111645	1645003865	1645201877	(1645110085,952; 1645293668,580)

Figure 6 : Tableaux de statistiques sur les réplications d'une expérience

Sur ce tableau de statistique, la précision a été réduite à seulement 3 décimales, par manque de place pour présenter les résultats de toutes les réplications.

Pour chaque réplication, nous avons le taux de mortalité par tranche d'âge, le taux global et le taux sur les contaminés. Une dernière ligne, nommé « nbRandomGenere », nous permet de connaitre le nombre de nombres pseudo aléatoires utilisés durant la simulation. C'est un résultat utilisé pour s'assurer que nous n'avons pas de recouvrement dans la série des nombres pseudo-aléatoires utilisés (la marge est très importante, nous consommons 1.6 de nombres par réplications et les statuts sont séparés par 10^{12} tirages).

4 Conclusion

Dans cet article, nous avons présenté un modèle stochastique répétable et reproductible, facilement utilisable et parallélisable sur une machine Linux disposant d'un compilateur C++. Les modèles multi-agents permettent d'observer des comportements intéressants et non attendus, nous l'avons montré sur 2 scénarios dans l'agglomération Lyonnaise avec près de 1,5 millions d'agents sur une surface de 533 km2 (et donc modélisé avec une grille d'environ 530 millions de cellules de 1 m²). Cet outil a vocation à être employé par des personnes compétentes du milieu médical, et ceci suppose à l'avenir un travail sur l'interface utilisateur avec des collègues. En l'état, l'outil est configurable pour différents types d'épidémies. Une collaboration future avec des épidémiologistes permettra de régler au mieux les paramètres, et de faire progresser les connaissances. Les résultats présentés dans cet article ont pour vocation de vérifier comment le modèle se comporte dans l'agglomération Lyonnaise. Comme présenté dans [Hill et Antunes, 2022], de nombreux modèles Covid ne sont malheureusement pas reproductibles, ne serait-ce que parce que les codes sources ne sont pas disponibles. Notre modèle est, nous l'espérons, parfaitement reproductible numériquement. Il est conçu pour que les plans d'expériences soient parallèlisables et disponible sur Git Hub (url fournie en début de section 2). Nous avons différentes perspectives d'améliorations du modèle. Nous envisageons l'ajout de lieux de clusters, permettant de représenter les hôpitaux, les lieux de restauration, les salles de sports, etc, Ceci permettra d'exploiter la spatialisation des modèles multi-agents. De plus, nous envisageons l'ajout

d'individus super-contaminateurs, et enfin nous pensons introduire une 'time line' permettant d'ajouter des variants et des mesures barrières au cours de la simulation, avec par exemple l'étalement de la vaccination et des rappels en utilisant la temporalité de la simulation et les différences entre les individus (prise en compte des co-morbidités). C'est avec cette future version que nous envisagerons de faire des tests de validation sur les données acquises des premiers épisodes de la pandémie.

5 Références bibliographiques

Bajracharya, K. et R. Duboz R. (2013), Comparison of three agent-based platforms with a simple epidemiological model (WIP). In: *Theory of Modeling & Simulation Symposium, SpringSim Multi-Conference*, Sans Diego CA, USA, April 7-10, pp. 362-367.

Campos, A.M.C. et D.R.C. Hill. (1998). An agent-based framework for visual-interactive ecosystem simulations. *Transactions Of The Society For Computer Simulation*, 15:4, 139-152.

Durfee, E.H. et J.S. Rosenschein. (1994), Distributed problem solving and multi-agent systems: Comparisons and examples, In : *Proceedings of the Thirteenth International Distributed Artificial Intelligence Workshop*. pp. 94-104.

Ferber, J. et G. Weiss. (1999).*Multi-agent systems: an introduction to distributed artificial intelligence*. Reading : Addison-Wesley..

Gaudou, B., N.Q. Huynh, D. Philippon, A. Brugière, K. Chapuis, P. Taillandier, P. Larmande, et A. Drogoul. (2020). Comokit: A modeling kit to understand, analyze, and compare the impacts of mitigation policies against the covid-19 epidemic at the scale of a city, *Frontiers in public health*, p. 587.

Hill, D.R.C., J. Passerat-Palmbach, C.Mazel et M.K. Traore. (2013), Distribution of Random Streams for Simulation Practitioners, *Concurrency and Computation: Practice and Experience*, 25:10, 1427-1442.

Hill, D.R.C, et B. Antunes (2022).Reproductibilité et modèles Covid – un modèle multi-agents, In : *Actes des Journées Francophones de la Modélisation et de la Simulation (JFMS 2022)* – Cargèse – Corse, pp. 35-53.

Lesser, V.R. et D.D. Corkill. (1978). Cooperative distributed problem solving: A new approach for structuring distributed systems, University of Massachusetts, Department of Computer Science.

Mathiot, J-F., Gerbaud L. et Breton V. (2021). Highlighting the impact of social relation-ships on the propagation of respiratory vi-ruses using percolation theory. *Nature Scientific Reports*, 11:1, 1-9.

Salje, H., C. Tran Kiem,N. Lefrancq, N. Courtejoie,P. Bosetti,J. Paireau, A. Andronico, N. Hozé, J. Richet, C.-L. Dubost,Y. Le Strat, J. Lessler, D. Levy-Bruhl, A. Fontanet, L. Opatowski, P.-Y.Boelle, et S. Cauchemez. (2020). Estimating the burden of SARS-CoV-2 in France, *Science*, 369: 6500, 208-211.

Whittle, P. et J. Rudge. (1974).The optimal linear solution of a symmetric team control problem", *Journal of Applied Probability*, 11:2, 377-381.