



HAL
open science

Reproductibilité et modèles Covid - un modèle multi-agents

David R.C. Hill, Benjamin A. Antunes

► **To cite this version:**

David R.C. Hill, Benjamin A. Antunes. Reproductibilité et modèles Covid - un modèle multi-agents. Journées DEVS Francophones - Convergences entre la Théorie de la Modélisation et de la Simulation et les Systèmes multi-agents, IES Cargèse, France. 2022, Mar 2022, Cargèse, France. hal-03768175

HAL Id: hal-03768175

<https://uca.hal.science/hal-03768175v1>

Submitted on 2 Sep 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.

Reproductibilité et modèles Covid – un modèle multi-agents

David R.C. HILL - Benjamin A. ANTUNES

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

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

Résumé : *Il existe une myriade de modèles pour simuler les épidémies. Nous avons essayé de tester une vingtaine de modèles CoVid et nous constatons qu'il est bien rare que nous puissions rejouer les simulations. Sans aller jusqu'à espérer une répétabilité et une portabilité parfaite, l'accès au modèle, la capacité à reproduire des résultats similaires avec les mêmes conclusions scientifiques est essentielle pour l'avancement de la Science. Dans cet article, nous dressons un aperçu de l'état de l'art concernant la modélisation Covid, puis nous rappelons ce que sont les concepts de répétabilité et de reproductibilité dans le cadre scientifique, et enfin nous esquissons les choix faits pour disposer d'un modèle de simulation multi-agents avec un code disponible, une prise en main rapide sans négliger la prise en compte des principales mesures sanitaires pour l'aide à la décision et à la compréhension de ce type de pandémie.*

Mots-clés : Reproductibilité, Modèle épidémiologique, Simulation Multi-agents, CoVid 19.

1 Introduction

En matière de modélisation épidémiologique, quelle que soit l'approche retenue, les prédictions sont souvent illusoire, mais l'apport des modèles reste indéniable pour l'aide à la décision. Il est important d'améliorer notre compréhension des phénomènes épidémiologiques, et dans ce cadre, la simulation est un des rares outils permettant d'appréhender les systèmes complexes. En effet, nous ne sommes pas dans un contexte de modèles physiques déterministes et maîtrisés. De plus, il existe également des modèles déterministes complètement élémentaires qui montrent de façon surprenante et flagrante les limites de nos connaissances [51 ; 52] et l'importance des simulations pour explorer le fonctionnement de ces systèmes que l'on nomme complexes [50]. De fait, Christophe Langton propose avec sa fourmi un automate cellulaire bidimensionnel avec

un jeu de règles excessivement simples dont le comportement surprenant en 3 phases ne peut s'observer qu'à travers une simulation (symétrique, chaotique, dérive à l'infini) [15]. Il est important de connaître ce type de système avant de se lancer comme des apprentis sorciers dans la programmation du vivant, de loin bien plus obscure que la programmation de la fourmi de Langton qui déjà nous dépasse. Les schémas utilisés pour l'évolution dans le temps, la gestion de l'évolution simultanée d'agents, engendrent eux aussi des variations parfois surprenantes comme l'ont montré [12].

Dans une première partie, nous abordons le besoin de reproductibilité des expériences numériques, puis nous dressons un historique des modèles épidémiologiques avant de tester la reproductibilité d'un large ensemble de modèles Covid disponibles. Nous présentons ensuite nos choix de modélisation pour un modèle Covid multi-agents reproductible, simple et où la parallélisation peut-être simplement appliquée pour exploiter du matériel de calcul à haute performance. Enfin, après avoir listé les principaux paramètres de notre modèle, nous discutons les résultats préliminaires avant de conclure.

2 Un besoin reproductibilité des expériences numériques

Depuis les travaux initiaux de Jon Claerbout, géophysicien et sismologue américain à Stanford [44], la communauté scientifique se remet en cause sur sa capacité à faire avancer la Science dans bien des cas où la rigueur méthodologique n'est plus toujours de mise sur les expériences numériques. Outre le manque de partage des données, le manque de détails sur les méthodes et les difficultés inhérentes aux domaines liés à la recherche sur le vivant, les chercheurs en informatique réalisent de plus en plus que même leur domaine, supposé reposer sur des machines et des « piles logicielles » déterministes est

aussi impacté par une fréquente absence de reproductibilité des expériences numériques [10]. Il faut alors revenir sur l'étude des méthodes de recherche et d'analyse qui nous sont propres à l'informatique, c'est précisément la méthodologie qu'il faut révisiter. Il s'agit d'une branche de l'épistémologie (Philosophie des Sciences) qui vise à faire un examen critique des principes et des méthodes qui nous permettent de produire des connaissances. Les physiciens et les électroniciens se sont surpassés pour nous produire des machines les plus déterministes possibles, les erreurs étaient exceptionnelles. De nos jours elles sont moins rares, il faut réaliser que nous gravons nos puces à l'échelle du nanomètre. La couche logicielle est plus fragile, nous en sommes au point où nous arrivons à constater que deux « builds », supposés identiques d'un logiciel lourd, peuvent donner des exécutables légèrement différents [33]. Il peut y avoir également une perte (très rare) de répétabilité d'une exécution à l'autre [21], rarement pour des erreurs matérielles mais c'est notamment dans le cas de calculs scientifiques parallèles, et cela bloque la possibilité de déboguer. Dans le cas de la répétabilité, rien ne doit changer, même configuration matérielle et logicielle et mêmes données d'entrée. Les résultats numériques attendus doivent être strictement identiques. Quand ces différences arrivent, et c'est le cas sur certaines machines parallèles et autres supercalculateurs, la machine n'est plus utilisable, une utilisation dégradée et une mise au point particulièrement complexe est de mise [24]. Par contre, la reproductibilité n'est pas la répétabilité. Elle suppose un changement, de modèle, d'équipe, de méthode, de données. Avec un modèle reproductible, on obtient pour une question donnée des résultats similaires – non identiques – mais reflétant les mêmes conclusions scientifiques. C'est une étape importante dans la validation des modèles de simulation, et même une étape fondamentale pour le déroulement sérieux de la méthode scientifique selon Karl Popper. Il existe un cas particulier de reproductibilité en informatique, la portabilité d'un logiciel. Elle implique bien un changement d'environnement, mais on vise à obtenir des résultats identiques (c'est essentiel pour bien des calculs scientifiques). Lorsque l'on souhaite ces résultats identiques pour une expérience numérique avec un logiciel utilisant les mêmes données d'entrée, et

ce malgré un changement de machine, de contexte d'exécution, de système d'exploitation, la terminologie anglaise (qui se cherche) utilise pour ce cas précis : « bitwise reproducibility ». Dans le monde du calcul à haute performance, c'est une sorte de 'Gaal' inaccessible et il faut se contenter de résultats similaires.

3 Les modèles épidémiologiques

3.1 Un peu d'histoire

Avant de disposer de modèles informatiques, ce sont les modèles mathématiques qui ont été utilisés pour étudier les phénomènes épidémiologiques. Les modèles à compartiments ont été introduits au début du XXe siècle par les Ecossais Kermack et McKendrick (1932). Ces travaux ont été revisités de nombreuses fois [6] [32] et sont connus sous différents acronymes tels que celui utilisé pour les modèles dit SIR. Cet acronyme désigne les différents compartiments d'individus : (S) pour ceux qui sont susceptibles d'être infectés par le virus, (I) pour ceux qui sont infectés et (R) pour ceux qui sont guéris (Recovered) et ont acquis une immunité. Pour ce type de modèle, un algorithme simple à base de règles permet de régir l'évolution d'une épidémie. Un paramètre important est le nombre de reproduction de base nommé R_0 . Il donne le ratio du nombre moyen d'individus contaminé par une personne infectieuse. Une estimation de ce nombre n'est pas toujours aisée, les essais par plusieurs équipes au début de la pandémie de Covid montraient des écarts allant de 1.5 à 6.8 [5]. Une fois ce ratio estimé, on peut aussi faire évaluer les effectifs des différents compartiments avec des équations différentielles discrétisées. Ces modèles, s'ils ont leurs limites, restent toujours intéressants, dans de nombreux cas concrets tels que ceux présentés par [19].

Ce type de modèle ne permet pas de prendre en compte l'environnement local des individus, leurs caractéristiques propres (super contaminateur asymptomatique), leurs caractéristiques sociales et les réseaux de relation qui régissent la propagation du virus. On peut aller plus loin en différenciant les individus. Ils sont en effet bien différents dans leurs nombres de contacts. La prise en compte des réseaux de connexions entre individus est un paramètre pertinent à ne pas négliger [41]. Ces aspects

étaient bien étudiés par [4] qui mettent plus d'accent sur l'impact des comportements différents des individus, certains étant bien plus sociaux et d'autres plus isolés. Les modèles dits individus centrés (IBM ou Individual Based Models) sont adaptés à cette modélisation [30]. Lorsque l'on prend en compte les interactions sociales, on tombe dans le cadre des systèmes multi-agents (SMA). Ces systèmes peuvent prendre en compte de façon très détaillée le fonctionnement d'une épidémie à petite échelle comme dans [35] pour étudier l'interaction entre les humains et le bâtimentaire dans le contexte du COVID, ou évaluer la pertinence d'une application de suivi de cas contact [42]. On peut également utiliser l'approche multi-agents à plus grande échelle. Plusieurs modèles ont été proposés récemment dans le cadre de la pandémie de COVID [7] et un modèle individu centré est proposé depuis peu en Open Source [3]. Dans ce contexte, nous souhaitons prendre en compte les densités variables des populations sur de larges territoires (pays entier) et sur de longues périodes, ce qui suppose le recours à des capacités de calcul respectables et à une capacité d'analyse de plans d'expériences sérieux tout comme ce qui a été réalisé dans l'étude [48]. Nous avons développé par le passé une expertise sur ce type de modèle autour de l'épidémie de H1N1 à une échelle départementale (Corse), régionale (Auvergne) et nationale en lien à l'époque avec l'URML de Corse (Union Régionale des Médecins Libéraux de Corse) et le GROG (Groupement de Recherche sur la Grippe) [22] [23] [46]. Nous avons vu récemment que la prise en compte de réseaux sociaux peut-être intégrée dans un modèle basé sur la percolation, c'est ce qu'une équipe Clermontoise a réalisé récemment [38]. Ce modèle se nomme PERCOVID et représente des ménages interconnectés avec leurs réseaux de relations sociales. Ce modèle a été testé pour comprendre la dynamique d'évolution de la pandémie COVID-19 en France entre décembre 2019 et décembre 2021... Pour la France, la référence en termes de reproductibilité est donné par l'Institut Pasteur, le code en R et les données sont disponibles ici : <https://zenodo.org/record/3889894#.Yg9qXpbjPY>. L'article correspondant a été publié dans Science [43]. Nous allons étudier dans la section suivante ce qu'il en est pour un échantillon d'autres modèles publiés.

3.2 Modèles Covid et tests de reproductibilité

Notre étude porte avant tout sur la reproductibilité d'un modèle Covid. Nous souhaitons avoir la possibilité de lancer les modèles en mode console, d'établir des plans d'expériences, de pouvoir rejouer des résultats attendus, et bien sûr de pouvoir paramétrer les modèles pour faire nos propres études. Parmi les modèles cités, des modèles multi-agents existent. La référence dans ce domaine est Comokit [17]. Ce type de modèle est très complet, il reste cependant complexe à prendre en main. En l'état, l'exécution bloque, et le modèle ne se prête pas encore au lancement d'un plan d'expérience en parallèle sur des serveurs de calcul. Nous avons rencontré des difficultés d'utilisation du mode console ainsi que d'autres petits soucis que nous avons remontés en question aux auteurs. Nous avons retenu dans notre étude vingt modèles Covid. Certains sont à base de multi-agents, d'autres se fondent sur des modèles mathématiques. Par contre, on constate que très peu de ces modèles fournissent le code source, et encore moins sont réellement disponibles en mode console pour lancer des plans d'expériences. Il est extrêmement dommageable pour l'avancement de la Science de ne pas fournir le code source qui permettrait de reproduire des résultats d'articles, les calculs étant impossible à reproduire sans le code.

Outre le fait que beaucoup d'articles ne donnent pas accès aux codes, ceux qui prennent la peine de fournir des liens ne sont pas exempts d'erreurs : liens morts (erreur 404, 5XX), problèmes de bibliothèques, documentation pas suffisamment claire ou incomplète. Dans d'autre cas, nous avons aussi parfois simplement des exceptions/erreurs qui surviennent lorsque l'on exécute le code malgré le fait d'avoir suivi la procédure fournie. Les personnes ayant fourni les codes sources et une documentation visent la reproductibilité, mais elle n'est pas toujours au rendez-vous. Faire tester les codes en repartant d'une machine vierge et en suivant la documentation « à partir de zéro » sans connaissances implicites n'est pas toujours simple et reste consommateur de ressources humaines. Il pourrait être intéressant de demander à une personne qui n'est pas impliquée dans le projet d'essayer de suivre la documentation afin de voir si les explications fournies dans celle-ci

sont claires pour rejouer l'exemple de référence qui pourrait être fourni. Ces différents points peuvent être une piste pour améliorer la reproductibilité des modèles, les nôtres et ceux de nos collègues. On notera également que, par manque de temps, le protocole que nous avons mis en place limite pour la prise en main en mode console des modèles s'est limité à

une heure par modèle. Cela peut desservir les modèles riches complexes de mise en œuvre comme Comokit [17] et MatSim-Covid [2], qui nécessitent à notre avis beaucoup de temps pour une prise en main, mais cela en vaut certainement la peine. Dans la table 1 ci-après nous présentons les résultats de notre étude.

	Code Disponible	Facilité de Prise en main	Langage	Console HPC	Portabilité
Percovid [38]	-	-	?	?	?
Comokit [17]	Oui	-	Gama/Java	Oui	Oui
SimPest [34]	-	-	NetLogo	?	?
CovidTracker	-	-	?	-	-
MicMac [16]	-	-	R + Java	?	?
EpiSim [40]	-	-	C++	Oui	?
MATSim-Covid [2]	Oui	-	Java	Oui	?
OpenABM-Covid19 [25]	Oui	Oui	C	Oui	Oui
[26]	-	-	?	?	?
SABCoM [11]	Oui	-	Python	Oui	?
[45]	-	-	?	?	?
[1]	-	-	?	?	?
[49]	Oui	Pas de Doc	Python	?	?
JUNE [3]	Oui	-	Python	Oui	?

FluTe [9]	-	-	C/C++	?	?
COCOA SMA [42]	-	-	?	?	?
MOMA [36]	Oui	Pas de doc	Gama	?	?
REINA [47]	Oui	-	Python	Oui	Oui
INFEKTA [18]	Oui	~	Python	Oui	?
[8]	-	-	?	?	?
[29]	-	-	?	?	?

Table 1 : Bilan du test de reproductibilité de différents modèles Covid

Le tableau ci-dessus présente les vingt modèles épidémiologiques que nous avons testés. Parmi ces modèles, la moitié ne fournissent pas le code source (1^{ère} colonne du tableau). Fournir le code source est un élément essentiel pour reproduire des résultats scientifiques, à l'heure où toutes les opérations sont informatisées. La seconde colonne détermine si nous pouvons utiliser le modèle sans interface graphique (mode console) pour rejouer les exemples fournis, ou notre propre expérience, et cela en 1 heure maximum, en suivant la documentation. Hélas, seul un modèle nous a permis de réaliser cette performance : OpenABM-Covid19 [25]. La colonne langage indique le langage de programmation utilisé afin de développer le modèle : Nous avons pu indiquer cela uniquement pour les modèles fournissant le code source, et les modèles décrivant les technologies utilisées dans leur article. La quatrième colonne indique si oui ou non le modèle est utilisable en mode console, cela ayant pour but de réaliser du calcul haute performance. On constate que sur les modèles pour lesquels nous avons pu obtenir des informations permettent théoriquement presque tous l'utilisation d'un mode console. On pourra donc

souligner que les scientifiques ont conscience de l'importance de l'utilisabilité d'un modèle sans mode graphique, afin de pouvoir établir des plans d'expériences concret, essentiel dans le domaine de la simulation. Et enfin, la portabilité indique le fait de pouvoir utiliser ce modèle sur différents systèmes. Encore une fois, nous n'avons pu remplir que pour les modèles dont nous disposons des informations suffisantes. La portabilité dépend avant tout de la technologie utilisée, et n'est visiblement pas le problème majeur de reproductibilité que nous pouvons retenir ici.

4 Proposition d'un modèle multi-agents

4.1 Les choix de modélisation

Les approches mathématiques réductionnistes sont très pertinentes pour un travail à l'échelle d'un pays [43] [38]. Elles sont complémentaires avec des modèles centrés sur les individus qui permettent une compréhension fine des impacts des politiques sanitaires. Pour notre étude, nous avons choisi de réaliser un modèle multi-agent simple capable d'étudier l'évolution du Covid 19 avec des comportements

spatialisés et des caractéristiques individuelles. Nous utilisons des agents réactifs et spatialisés. Ce type de modèle ayant explosé durant la pandémie (2020/2021), nous avons conscience que notre apport est modeste. Partant du constat de non reproductibilité des nombreux outils existants, nous avons une volonté forte de pouvoir fournir un modèle reproductible capable de prendre en compte les principales mesures barrières. Le modèle doit pouvoir être utilisé très simplement en se comparant avec les résultats attendus et doit aussi permettre de mettre en place facilement ses propres expériences concernant les différentes mesures sanitaires. Ce modèle stochastique utilise pour chaque choix aléatoire le générateur de nombre pseudo-aléatoire Mersenne Twister [37]. Correctement utilisé et initialisé, il permet de déployer les plans d'expériences sur du matériel de calcul parallèle.

L'échelle spatiale que nous avons retenue est celle d'une ville, d'un département ou d'une région. Nous avons une carte où chaque case représente un mètre carré, les agents humains sont situés sur ces cases et se déplacent de façon aléatoire sur la carte. Le mouvement brownien a souvent été utilisé en épidémiologie pour modéliser la part de hasard existant dans le fait qu'un individu soit contaminé ou en contamine un autre [39]. Les déplacements peuvent être limités potentiellement par certaines mesures barrières paramétrables. Dans le cas d'une ville comme Paris avec une taille 10km², nous sommes donc sur une carte de 10 000 x 10 000 cellules.

L'échelle de temps que nous avons choisie pour notre modèle est le jour. Chaque jour, les humains se déplacent sur la carte un certain nombre de fois par jour (actuellement fixé à 12). Ce nombre peut être diminué par la mise en place de mesures barrières.

Les agents humains sont répartis suivant les classes d'âge de la population Française. Ils peuvent être sains, asymptomatiques, malades (soit confinés, soit à l'hôpital, soit en réanimation) ou encore guéris. Nous pouvons donc étudier l'impact des mesures barrières sur le développement de la maladie de jour en jour (confinements, masques, gel hydroalcoolique, couvre-feu, vaccination, etc). Tous les paramètres sont accessibles et modifiables. Cette

souplesse permet de suivre les évolutions de la connaissance sur les taux de protection de la vaccination ou des masques par exemple, ainsi que les évolutions de la maladie au cours du temps (variant). Ces évolutions nous amènent à modifier les paramètres représentatifs de la maladie, tels que : le taux de contamination des voisins, le taux d'hospitalisation, etc.

Au départ de la simulation, nous pouvons fixer le nombre d'humains infectés, ou partir d'un patient 0. Chaque humain infecté peut, lors de ses déplacements, infecter les personnes rencontrées selon un voisinage de Moore d'ordre 2 avec une probabilité paramétrable selon l'ordre (1 ou 2). Toutes les mesures barrière, masques, gel, vaccins... peuvent être prises en compte pour limiter la contamination.

Un humain infecté va d'abord être asymptomatique durant deux jours. Nous faisons abstraction de la période d'incubation variable, pour arriver directement dans la phase contaminante : Deux jours avant le début des symptômes, puis pendant neuf jours ensuite en se basant sur les probabilités observées par l'INSERM (<https://www.iserm.fr/dossier/coronavirus-sars-cov-et-mers-cov/>). Ceci donne au total une durée de onze jours pour la période contaminante. Le taux de contamination varie selon les jours, et est paramétrable en fonction des nouvelles connaissances sur les variants.

Après la période de deux jours durant laquelle l'humain se déplace et peut contaminer ses voisins, un choix s'opère : Il peut devenir symptomatique, et donc se confiner à cause de la maladie, ou bien rester asymptomatique, et continuer de se déplacer en contaminant. Après le délai des onze jours, un humain contaminé deviendra un humain guéri (et plus résistant au virus), sauf s'il doit aller en réanimation. Pour les humains symptomatiques confinés, un nouveau choix s'opère à l'itération suivante (i.e. au jour suivant, chaque itération étant un jour) : en effet, ils peuvent avoir besoin d'être hospitalisé. Si les hôpitaux sont saturés, alors ils ont une probabilité de décès. Après avoir été hospitalisés, les agents humains risquent d'avoir besoin d'aller en réanimation. Si les lits de réanimation sont saturés, alors l'agent meurt. Parvenu en réanimation, un délai aléatoire de durée d'occupation de la réanimation est mis en place. A

l'itération suivant son arrivée en réanimation, un humain a des chances de mourir. Les agents qui survivent à l'épidémie : asymptomatiques, passés par l'hôpital ou la réanimation, sont guéris et disposent d'un niveau d'immunité, ce qui tend à faire disparaître l'épidémie. L'introduction de variant crée des

« vagues » qui peuvent se croiser, notre modèle actuel ne permet pour le moment que de visualiser une seule vague d'épidémie, que l'on peut paramétrer. L'intérêt premier est de pouvoir étudier l'impact des différentes mesures. La figure 1 décrit visuellement le comportement de notre modèle.

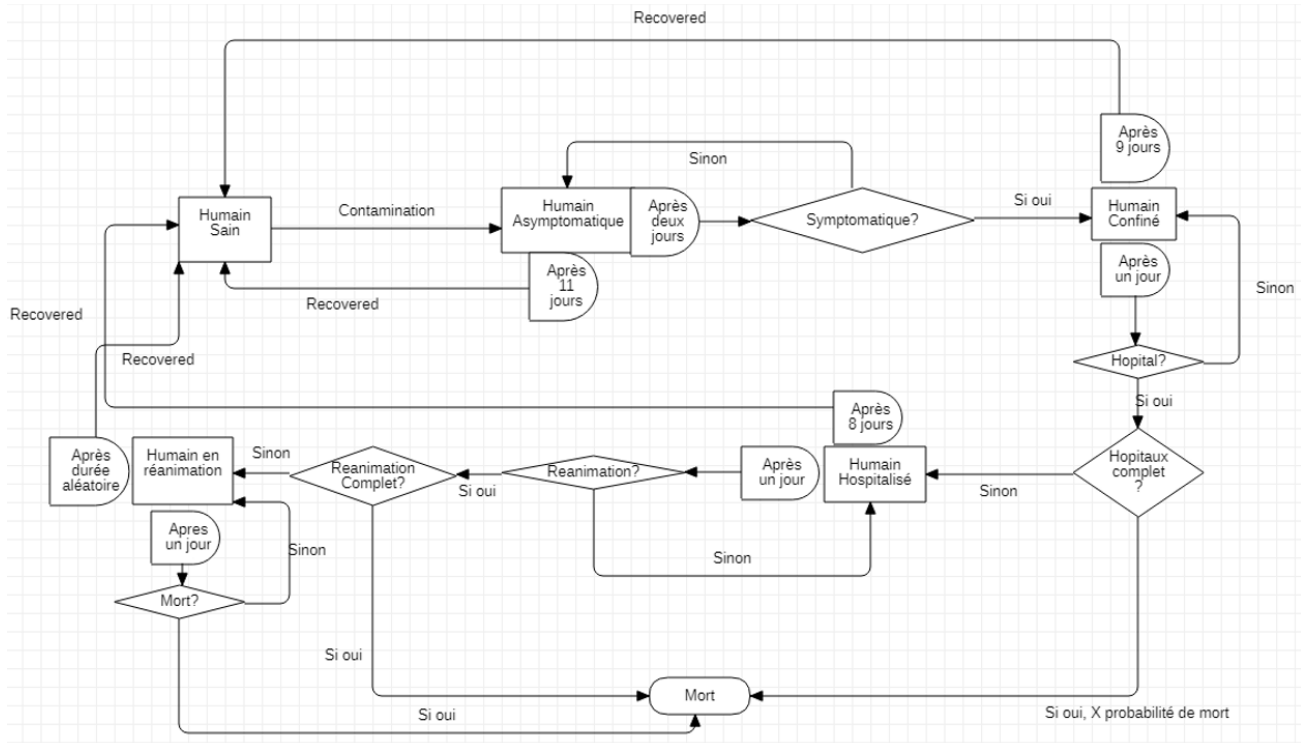


Figure 1 : Diagramme de flux

4.2 Les paramètres du modèle

Comme décrit dans la présentation du modèle ci-dessus, des éléments sont paramétrables afin de faire facilement des plans d'expériences. Les paramètres sont les suivants :

- size : Taille de la carte.
- nbHumain : Nombre d'humains dans la simulation.
- nbMalade : Nombre de malades initial dans la simulation.
- nbIteration : Nombre d'itérations de la simulation correspondant au nombre de jours.
- nbPlaceHospital : Places disponibles dans les hôpitaux.
- nbPlaceReanimation : Places disponibles en réanimation.
- tauxMortRea : Taux de mortalité une fois en réanimation.
- isVaccin : Booléen indiquant si oui ou non la population est vaccinée.
- resistanceInfectionValuesByAge : Huit valeurs flottantes correspondant aux huit classes d'âge représentées dans la simulation pour définir la résistance à la contamination après avoir été infecté une première fois.
- maxResistanceInjectionValuesByAge : Huit valeurs flottantes correspondant aux huit classes d'âge représentées dans la simulation pour définir la résistance maximale à la contamination après avoir reçu deux doses de vaccin.
- minResistanceInjectionValuesByAge : Huit valeurs flottantes correspondant aux huit classes

- d'âge représentées dans la simulation pour définir la résistance minimale à la contamination après avoir reçu deux doses de vaccin.
- tableTauxHospitalisationByAge : Huit valeurs flottantes correspondant aux huit classes d'âge représentées dans la simulation pour définir la probabilité d'hospitalisation.
 - histogrammeContamination : Onze valeurs flottantes correspondant aux onze jours de contamination, définissant le taux de contamination par jour.
 - pourcentAsymptotique : Probabilité d'être asymptomatique.
 - tauxDeChanceDeMourirHospitalFull : Probabilité de mourir si les hôpitaux sont saturés.
 - tauxVaccination : Taux de vaccination de la population (actif si « isVaccin » est utilisé)
 - tauxContaDistanceDeux : Taux de contamination d'un humain sur un voisinage de Moore avec une distance de 2 mètres (cases). Ce facteur se multiplie au paramètre « histogrammeContamination » afin d'établir un taux de contamination sur la distance deux.
 - tauxVaccinationRappel : Taux de vaccination pour la 3ème dose.
 - tauxDeProtectionHospVaccinByAge : Taux de protection de deux doses de vaccin vis-à-vis de l'hospitalisation.
 - tauxDeProtectionReaVaccinByAge : Taux de protection de deux doses de vaccin vis-à-vis de la réanimation.
 - tauxDeProtectionHospVaccinRappelByAge : Taux de protection d'une 3ème dose de vaccin vis-à-vis de l'hospitalisation.
 - tauxDeProtectionReaVaccinRappelByAge : Taux de protection d'une 3ème dose de vaccin vis-à-vis de la réanimation.
 - tauxDeProtectionHospInfectionByAge : Taux de protection d'une précédente infection vis-à-vis de l'hospitalisation.
 - tauxDeProtectionReaInfectionByAge : Taux de protection d'une précédente infection vis-à-vis de la réanimation.
 - isMedicament : Booléen déterminant la présence de traitement médicamenteux.
 - tauxProtectionReaMedicament : Taux de protection des médicaments vis-à-vis de la réanimation.
 - isMasqueTissu : Booléen déterminant l'utilisation de masques en tissus.
 - tauxProtectionMasqueTissu : Taux de protection des masques en tissu.
 - isMasqueChir : Booléen déterminant l'utilisation de masques chirurgicaux.
 - tauxProtectionMasqueChir : Taux de protection des masques chirurgicaux.
 - isMasqueFFP2 : Booléen déterminant l'utilisation de masques FFP2.
 - tauxProtectionMasqueFFP2 : Taux de protection des masques FFP2.
 - isConfinement : Booléen activant la mise en place d'un confinement.
 - nbDeplacementReductionConfinement : Réduction du nombre de déplacements journaliers lié au confinement.
 - nbLimiteDistanceMaxConfinement : Distance maximale journalière possible lié au confinement.
 - isDeplacementLimites : Booléen activant la mise en place d'une limitation dans la distance des déplacements.
 - nbDistanceMax : Distance maximale journalière possible liée à la limite des déplacements.
 - isGelHydroalcolique : Booléen déterminant l'utilisation du gel hydro-alcoolique.
 - tauxProtectionTransmissionGelHydro : Taux de protection de transmission de la maladie lié à l'utilisation du gel hydro-alcoolique.
 - isTestCovid : Booléen activant l'utilisation de test.
 - tauxDeDivisionAsymptotique : Réduction du nombre d'asymptomatiques en circulation lié à l'utilisation des tests.
 - isCouvreFeu : Booléen activant la mise en place d'un couvre-feu.
 - nbDeplacementReductionCouvreFeu : Réduction du nombre de déplacements journaliers lié au couvre-feu.
 - isSuperContaminateur : Booléen activant la présence d'humains super-contaminants.

- nbDeplacementSuperContamineur : Nombre de déplacements journaliers des super-contamineurs.
- probasCumulativesTrancheAge : Proportions cumulatives des individus de la population à étudier par tranches d'âge (0 à 10 ans, 10 – 20, 20 – 30, 30 - 40, 40 – 50, 50 – 60, 60 – 70, 70 ans et +).

Ces paramètres sont stockés dans des fichiers et permettent de rejouer précisément une ou plusieurs expériences numériques. Nous avons retenu huit tranches d'âges. La répartition de la population est simulée suivant les données disponibles en France.

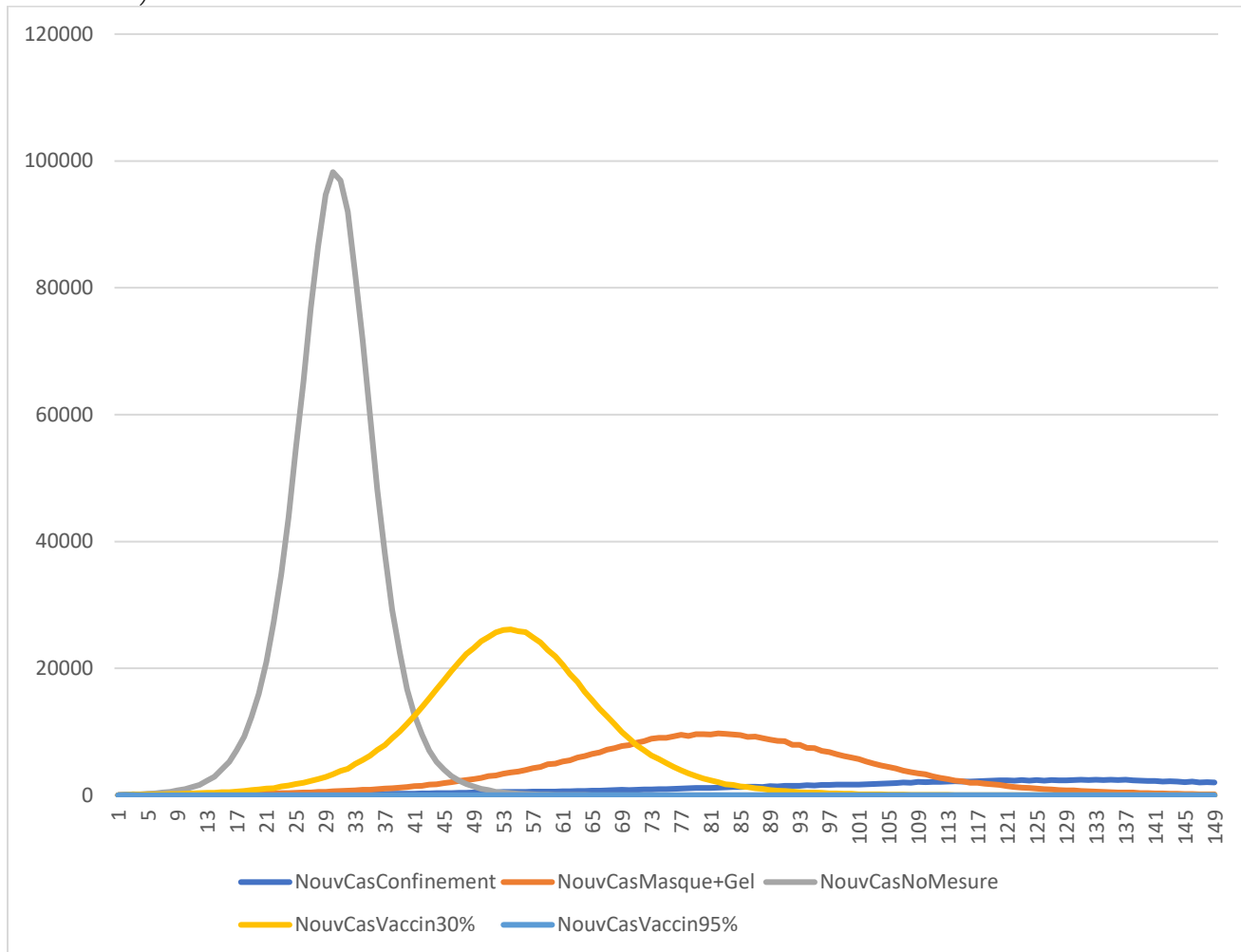


Figure 2 : Courbes comparatives des nouveaux cas sans mesures sanitaires ou avec (confinement, masques et gel, vaccin efficace à 95% ou à 30%).

4.3 Résultats préliminaires

Pour la mise au point du modèle, nous avons étudié cinq scénarios différents. Dans le premier scénario, aucune mesure sanitaire n'est prise. Dans le second, un confinement est mis en place dès le début de l'épidémie. Dans le troisième, il y a utilisation de masques et de gel hydroalcoolique afin de réduire la transmission. Dans le quatrième, nous considérons

que 60% de la population est vaccinée avec un vaccin protégeant de la contamination à 95%, comme évoqué au début de l'épidémie. Et enfin, un scénario dans lequel la population est vaccinée à 60% avec un vaccin protégeant à 30% de la contamination, et également réduisant les chances d'entrer en hospitalisation et en réanimation. Nous avons réalisé trente répliques de chaque simulation et calculé des intervalles de confiance à 95%. Les figures 2 à 10,

présentent les courbes pour une répliation prise au hasard. Toutes les simulations sont lancées avec 100 malades au départ, sur la ville de paris (10km² avec 2 000 000 d'habitants simulés). Un départ avec un seul malade (patient zéro) est tout à fait pertinent et nous a permis de vérifier que les épidémies ne démarrent pas toutes forcément, ce qui est le cas dans la réalité. Nos résultats sont préliminaires, ils permettant simplement d'illustrer et de valider le fonctionnement du modèle.

Voici les résultats du nombre de cas, de nouvelles hospitalisations, de nouvelles réanimations et de nouveaux décès par jour, selon les scénarios de test explorés. L'axe des abscisses représente le temps qui passe, en jours, et l'axe des ordonnées la valeur correspondant à ce que l'on étudie dans la figure.

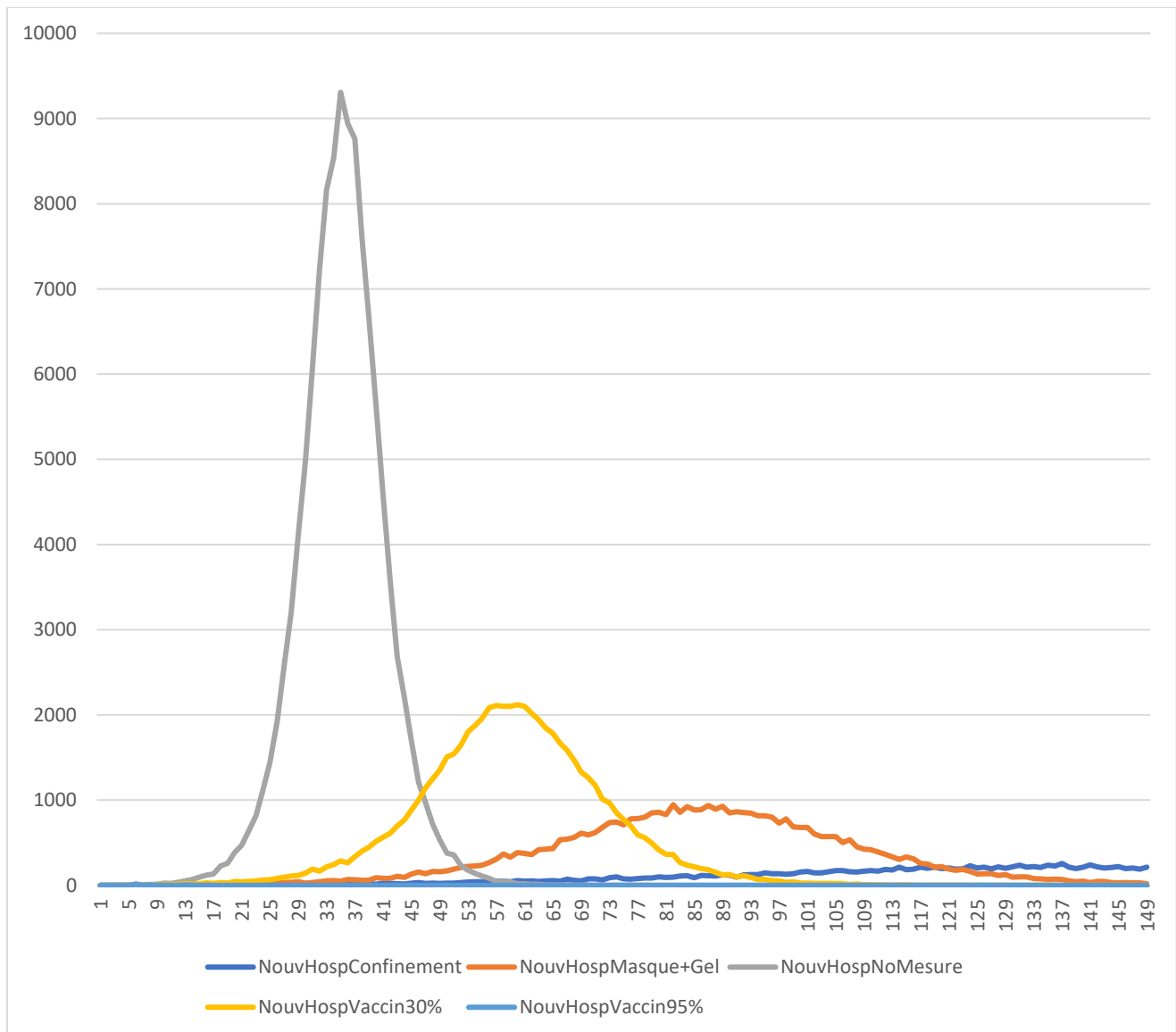


Figure 3 : Courbes comparatives des nouvelles hospitalisations sans mesures sanitaires ou avec (confinement, masques et gel, vaccin efficace à 95% ou à 30%).

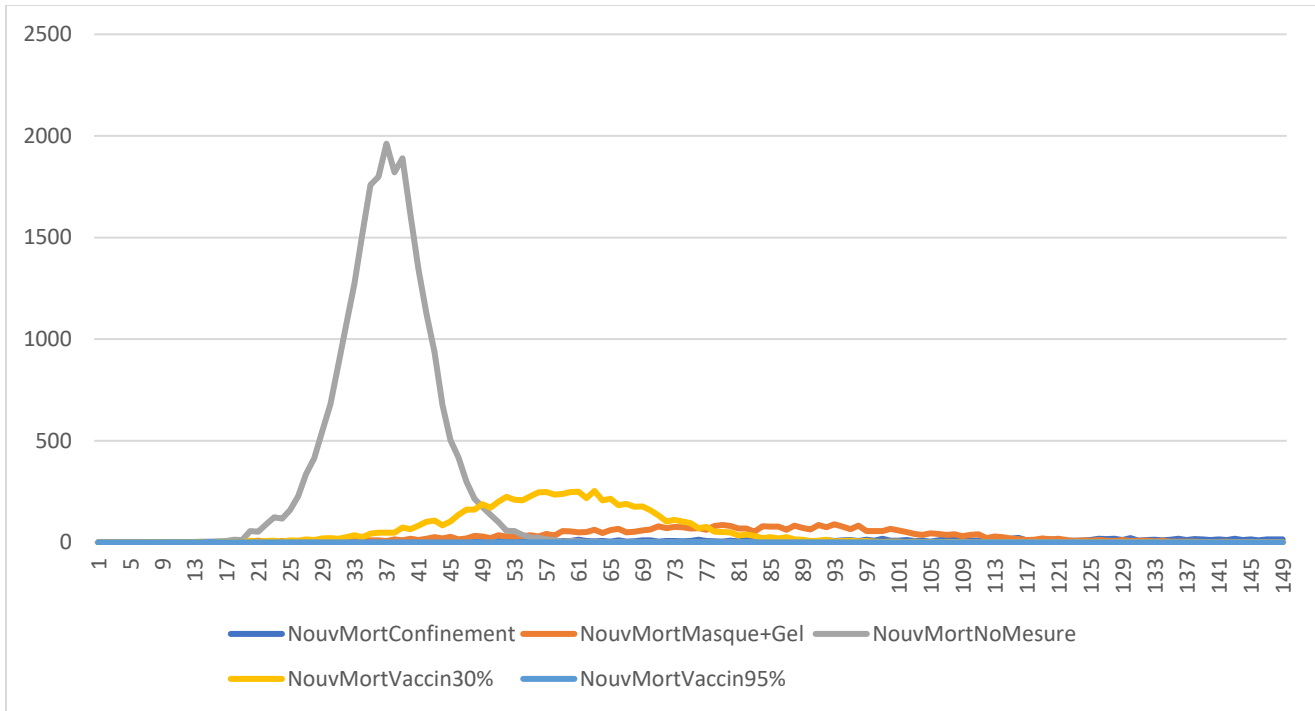


Figure 4 : Courbes comparatives des décès sans mesures sanitaires ou avec cas (confinement, masques et gel, vaccin efficace à 95% ou à 30%).

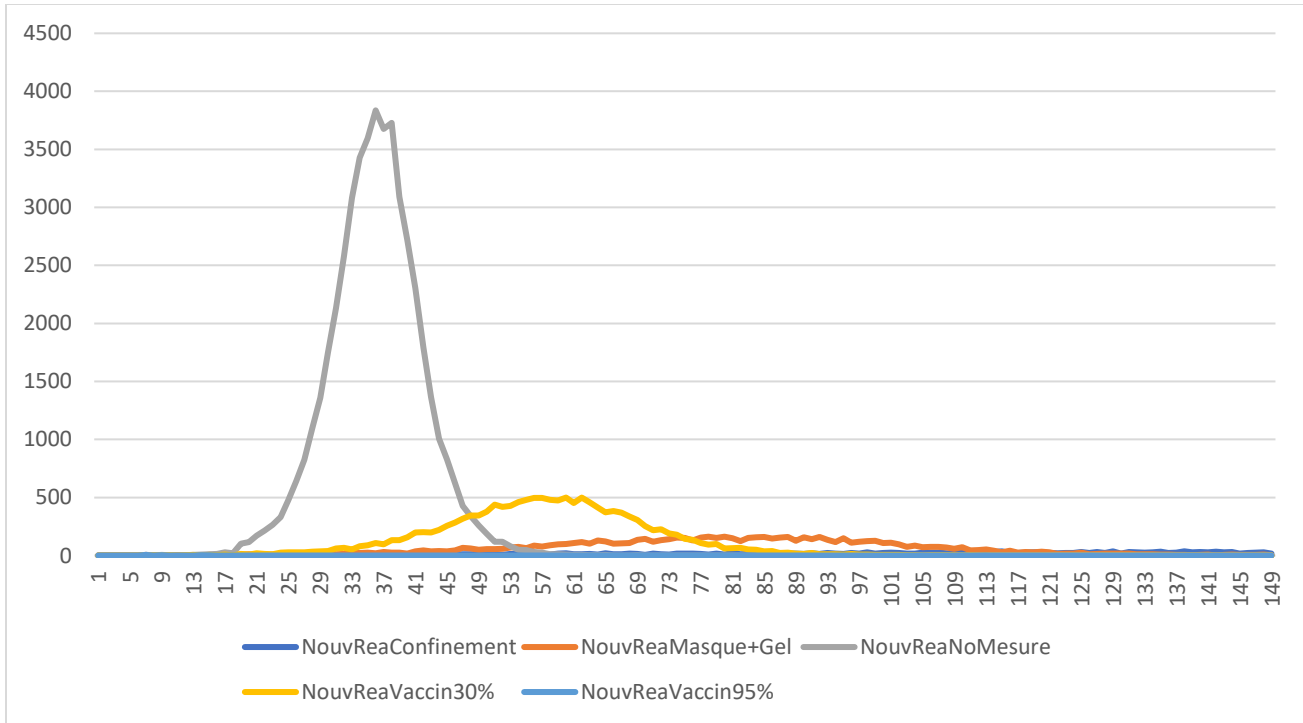


Figure 5 : Courbes comparatives des nouvelles entrées en réanimation sans mesures sanitaires ou avec cas (confinement, masques et gel, vaccin efficace à 95% ou à 30%).

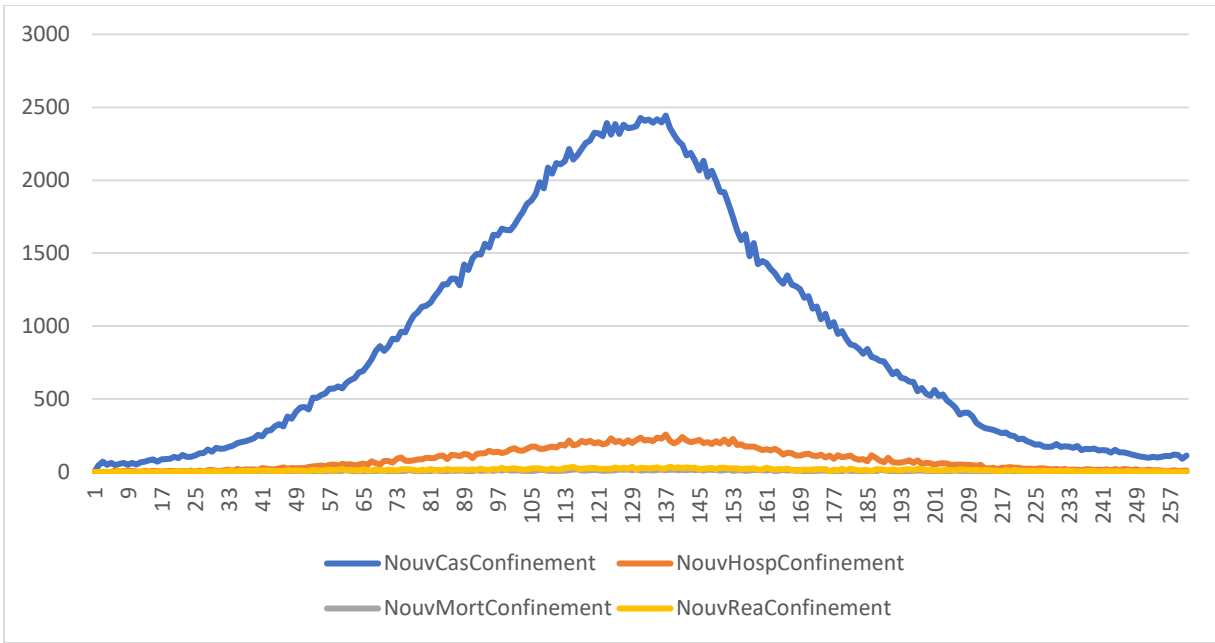


Figure 6 : Evolution de l'épidémie dans le cas du confinement.

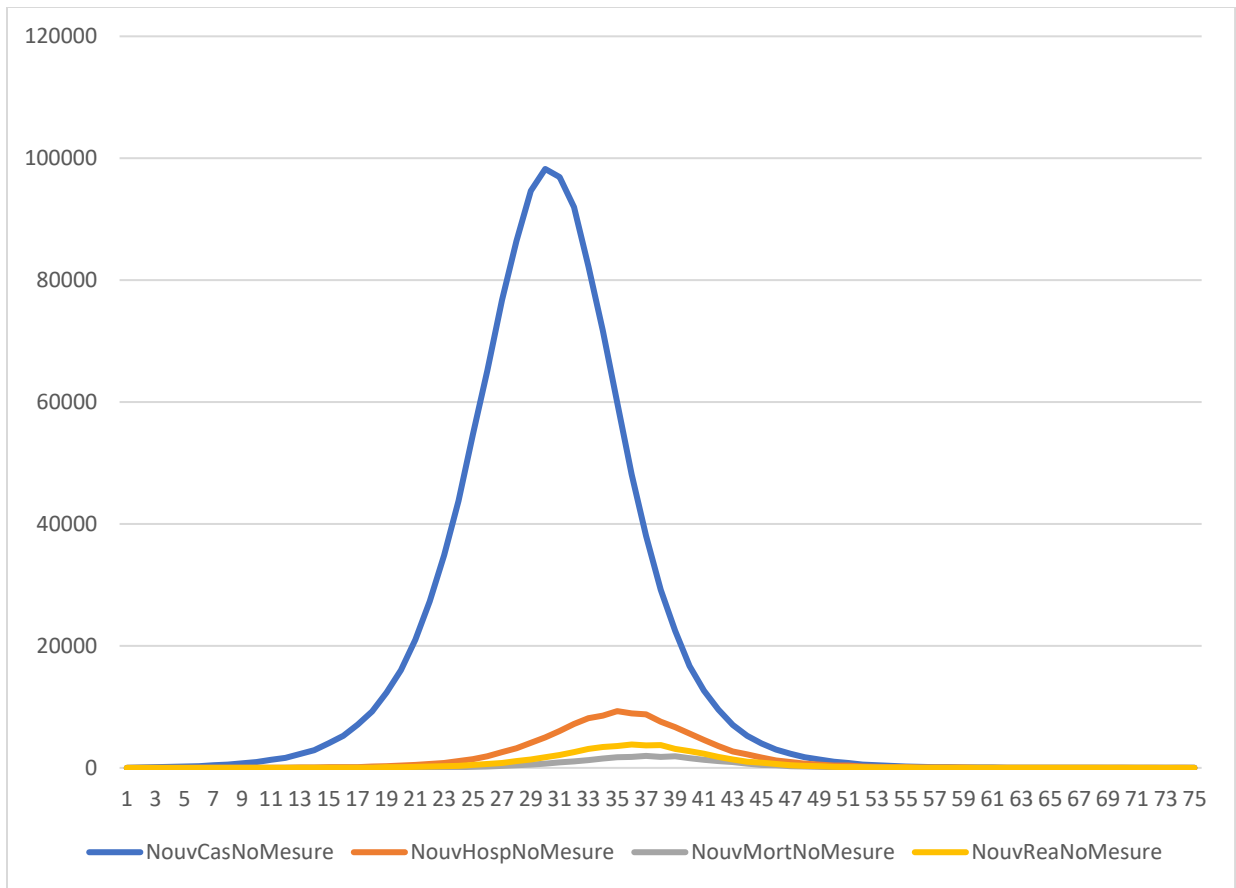


Figure 7 : Evolution de l'épidémie sans mesures sanitaires.

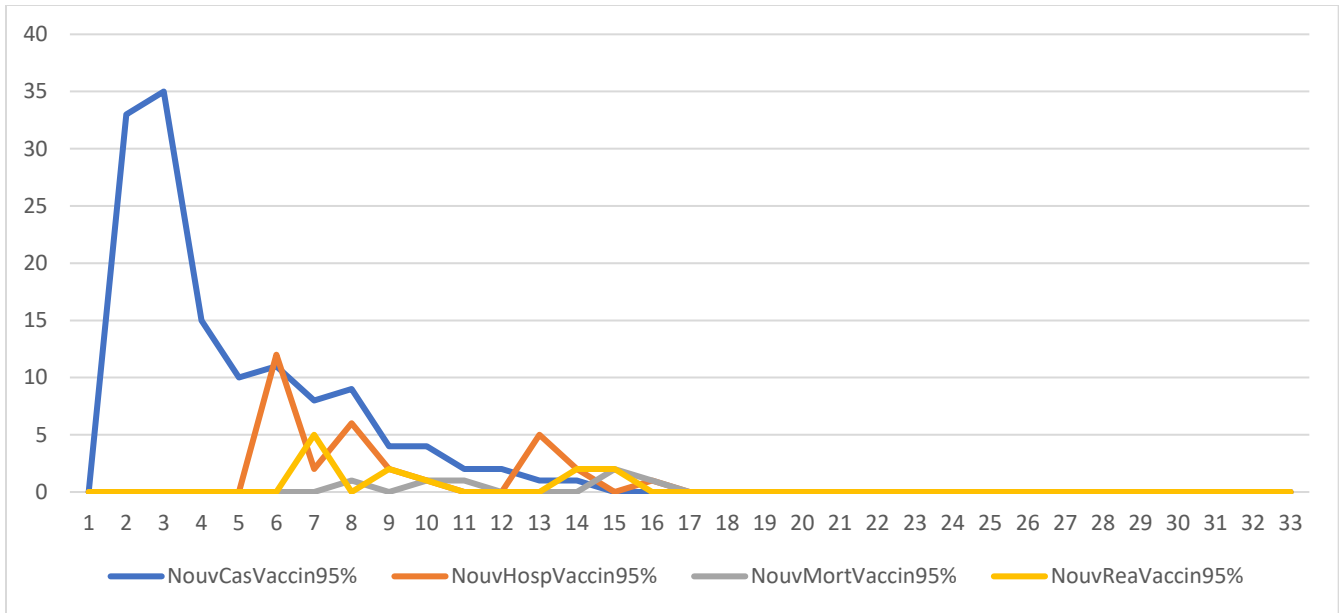


Figure 8 : Evolution de l'épidémie en superposant les résultats des nouveaux cas, hospitalisation, réanimation et mort dans le cas où 60% de la population est vaccinée avec un vaccin efficace contre les contaminations à 95%. L'épidémie est vite stoppée.

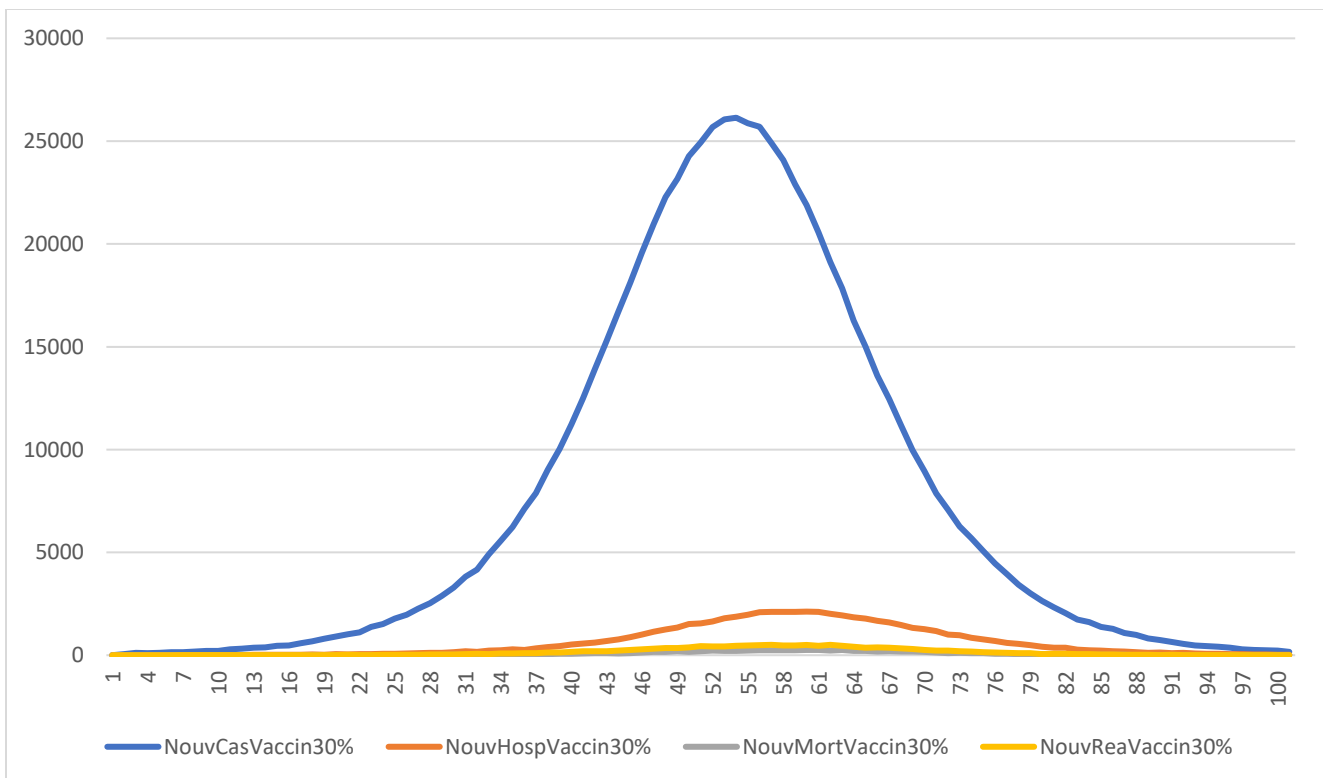


Figure 9 : Evolution de l'épidémie en superposant les données de nouveaux cas, hospitalisation, réanimation et décès dans le cas où 60% de la population est vaccinée avec un vaccin efficace contre les contaminations à 30%.

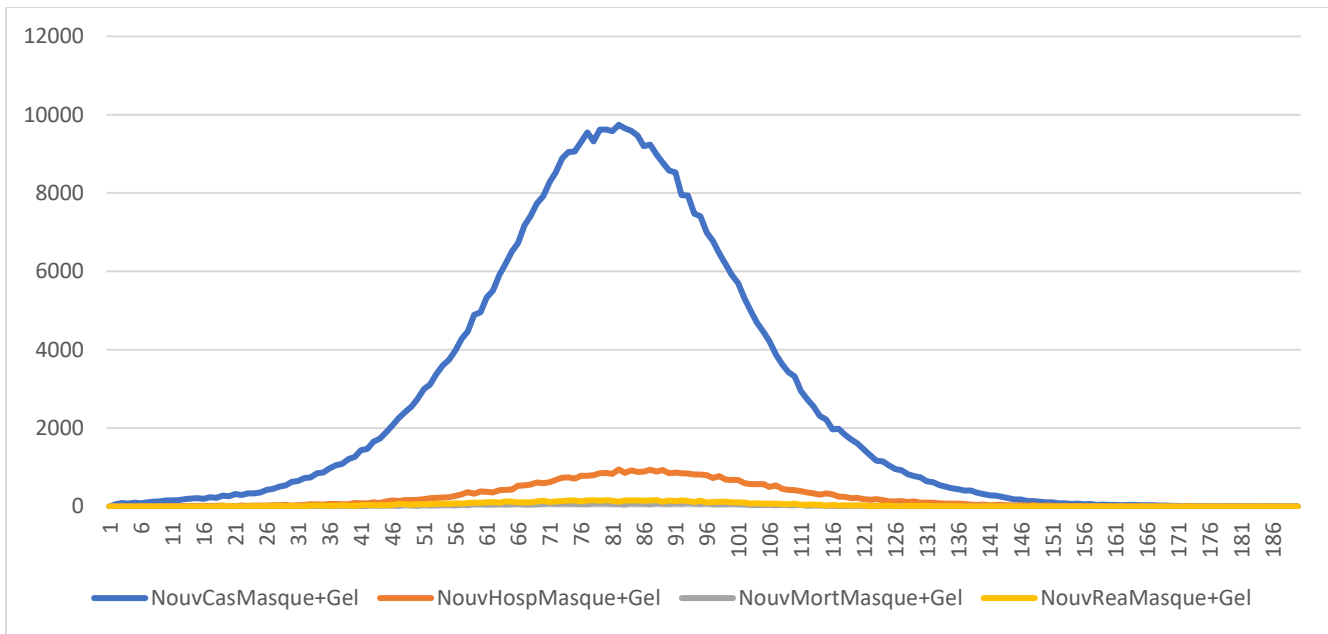


Figure 10 : Evolution de l'épidémie avec superposition des résultats de nouveaux cas, hospitalisation, réanimation et mort dans le cas de l'utilisation de masque et de gel hydro-alcoolique

Les différents graphiques ci-dessus permettent de percevoir le potentiel de notre modèle qui part d'interaction simples entre agents répartis en fonction des classes d'âge de la population réelle avec la densité de population d'une ville comme Paris (100 km² – 21000 habitants par km²). Ces agents se plient aux différentes mesures barrières et on peut étudier et refléter les choix de politique sanitaire. Notre modèle individu-centré permet de ressortir les résultats nécessaires pour éclairer des spécialistes en épidémiologie : taux d'incidence, taux de reproduction, nombre de personnes hospitalisées ou en réanimation... Voici quelques observations validant le fonctionnement correct du modèle :

- Sans aucune mesure barrières, l'épidémie peut générer de nombreux décès très rapidement. L'épidémie est beaucoup plus courte que lors de la présence de mesure barrières.
- Le confinement, est une des mesures barrières efficaces pour éviter une saturation des hôpitaux en étalant l'épidémie dans le temps. Les décès par saturation des hôpitaux sont évités également. Il ne faut bien sûr pas oublier les

effets négatifs « collatéraux » : opérations déprogrammées, manque de soins par isolement, impacts psychologiques, ...

- Si le vaccin avait été efficace à 95% contre les contaminations du Covid 19 comme annoncé, l'épidémie de Covid se serait effondrée. Un vaccin protégeant à 30% des contaminations, permettrait d'obtenir des résultats proches des observations réalisées sur l'épidémie en cours, mais il y a bien d'autres facteurs et mesures barrières qui entrent en jeu pour limiter la propagation de l'épidémie.

Nous n'avons pas la prétention, en tant qu'informaticien, d'analyser ou de comprendre tous les mécanismes, nos interprétations visent à valider le fonctionnement du modèle. Notre rôle est de fournir un outil ouvert utilisable par les personnes compétentes pour tester des scénarios fins et aider les médecins et spécialistes à comprendre.

Notre modèle est actuellement en cours de développement. De nombreuses pistes sont à explorer afin d'améliorer celui-ci. Notre principal objectif étant basé sur la reproductibilité, notre modèle n'a

pas la prétention de surpasser en termes de modularité et précision un modèle très complet comme Comokit. Néanmoins, notre modèle se veut facile à prendre en main, et utilisable simplement sur des serveurs de calcul et sur du calcul à hautes performances pour la réalisation de plans d'expériences. Cela peut faire de lui un logiciel sérieux au regard de l'état de l'art que nous avons effectué, notamment pour la reproductibilité des expériences. Les résultats sont encourageants, nous avons pu tester l'impact des mesures sanitaires et ils donnent des intervalles de confiance reproductibles numériquement. Nous étudierons de près les risques de létalité liés à l'âge des individus qui est un paramètre très significatif avec celui des comorbidités.

Les résultats ont été obtenus sur un serveur Unix, le modèle a été développé en C++ pour la vitesse d'exécution et l'utilisabilité sur des machines de calcul à haute performance qui ne disposent souvent que du C, du C++ (et du Fortran !). Sa conception permet une parallélisation simple avec une approche SPMD (Single Program Multiple Data), puis une répétabilité des expériences réalisées en parallèle. Nous espérons une bonne portabilité avec reproductibilité bit à bit des résultats. Le modèle est en accès libre dans sa version de développement afin de favoriser les retours. Des scripts et des Notebook Jupyter codés en Python viennent assister ce code et faciliter la reproductibilité des expériences. Nous pouvons, avec ces notebooks, lancer des répliques, puis afficher des statistiques et graphiques simples pour la mise au point du modèle (fichiers Python ou avec des résultats au format CSV – séparés par des virgules). Le code préliminaire est disponible en ligne sur la plateforme Github : <https://github.com/LeBane63/SMA-Covid>.

5 Conclusion

Les sociétés ne restent pas sans réaction face aux épidémies et encore moins face aux pandémies. Pour comprendre les dynamiques que nous observons, les modèles doivent permettre d'étudier, en plus des paramètres évoqués, l'ensemble des mesures barrières et des politiques sanitaires, telles que le port de masques, l'utilisation de gel hydro-alcoolique, la distanciation, l'utilisation de tests, les qua-

rantaines individuelles, les couvre-feux, les confinements, les différentes limites de déplacements, les traitements possibles et enfin les vaccins ou booster d'immunité expérimentaux quand les traitements sont interdits. En France, l'équipe de référence donnant des projections pertinentes est l'Unité de Modélisation Mathématique des Maladies Infectieuses de l'Institut Pasteur à Paris. Ses analyses permettent d'estimer les risques, d'évaluer les impacts des mesures barrières et d'anticiper à court terme la charge et les besoins en matière d'hospitalisation [43]. Nous avons posé les bases d'un modèle simple à base d'agents réactifs et spatialisés. Ce modèle est multi-échelle, outre les contaminations locales entre individus, il est capable de travailler à l'échelle d'une ville, d'un département et nous espérons qu'il sera assez efficace pour travailler à l'échelle d'un pays en prenant en compte les disparités régionales et départementales. Les tests préliminaires nous ont montré que cet outil nous permet de mieux comprendre l'évolution fine d'une pandémie telle que celle que nous vivons. Il est possible notamment de tester l'impact des mesures barrières et les choix des politiques sanitaires. Il se prête au calcul parallèle pour accélérer le calcul des répliques, des intervalles de confiance et des plans d'expériences reproductibles en suivant les bonnes pratiques de parallélisation de Mersenne Twister [24]. Outre une mise à disposition du code, d'un exemple reproductible et d'un mode d'emploi simple, il convient d'être vigilant sur la capacité à reproduire les résultats numériques réalisés sur des ressources de calcul intensif. Ce type de modèle étant stochastique par conception, il reste répétable pour la mise au point grâce à la maîtrise d'un générateur de nombres pseudo-aléatoires de qualité (en l'occurrence le Mersenne Twister). Nous allons par la suite travailler sur des évolutions de ce modèle. L'approche fine retenue, permettra de prendre en compte ce qui a été évoqué ainsi que la possibilité géographique de clusters (écoles, hôpitaux, salles de sport, bars, restaurants, salles de spectacles, ...). Tout comme dans les modèles de propagation de feu ou de cancer, les déplacements d'individus, notamment dans le cas de super-contaminateurs, peuvent jouer le rôle de saute de feu dans la propagation d'un incendie [27] [13] [14]. Enfin, une évolution majeure, sur laquelle nous travaillons, permettra de

suivre une ligne de temps pour introduire de nouveaux variants au cours d'une simulation, mais également permettre le démarrage ou l'évolution des mesures sanitaires à différents moments de la simulation.

6 Références

- [1] Aleta A., Martin-Corral D., Pastore Y, Piontti A., Ajelli M., Litvinova M., Chinazzi M., Dean N.E., Halloran M.E., Longini Jr I.M., Merler S. et Pentland A., “Modelling the impact of testing, contact tracing and household quarantine on second waves of COVID-19”. *Nature Human Behaviour*, 2020, vol. 4, no 9, pp. 964-971.
- [2] Axhausen K.W., “Modelling COVID19 using an agent-based-model of travel”. In *Institute of Space and Earth Information Science (ISEIS) seminar at the Chinese University of Hong Kong*. 2021, IVT, ETH Zurich.
- [3] Aylett-Bullock J., Cuesta-Lazaro C., Quera-Bofarull A., Icaza-Lizaola M., Sedgewick A., Truong H., Curran A., Elliott E., Caulfield T., Fong K., Vernon I., Williams J., Bower R. et Frank K., “JUNE: open-source individual-based epidemiology simulation”. *Royal Society open science*, 2021, vol. 8, no 7, p. 210506.
- [4] Bansal S., Grenfell B. T. et Meyers I.A., « When individual behaviour matters: homogeneous and network models in epidemiology », *Journal of the Royal Society Interface*, 2007, vol. 4, pp. 879 - 891.
- [5] Bauch C.T., “Estimating the COVID-19 R number: a bargain with the devil?”, *The Lancet Infectious Diseases*, 2021, vol. 21, no 2, pp. 151-153.
- [6] Brauer F., “The Kermack–McKendrick epidemic model revisited”. *Mathematical biosciences*, 2005, vol. 198, no 2, p. 119-131.
- [7] Castro B.M., De Melo Y.D.A., Dos Santos N.F., Da Costa B.A.L., Choren R. et Salles R.M., “Multi-agents simulation model for the evaluation of COVID-19 transmission”. *Computers in Biology and Medicine*, 2021, vol. 136, 16 p.
- [8] Chang S.L., Harding, N., Zachreson, C., Cliff, O.M. and Prokopenko, M., 2020, “Modelling transmission and control of the COVID-19 pandemic in Australia”, *Nature communications*, vol. 11 n°1, pp.1-13.
- [9] Chao D.L., Halloran M.E., Obenchain, Valerie J., Longini Jr, I. M., “FluTE, a publicly available stochastic influenza epidemic simulation model”, *PLoS computational biology*, 2010, vol. 6, no 1, p. e1000656.
- [10] Collberg C. et Proebsting T.A., “Repeatability in computer systems research”, *Communications of the ACM*, 2016, vol. 59, n°3, pp. 62–69.
- [11] Davids, A., Rand, G.D., Georg, C.P., Koziol, T. et Schasfoort, J., “SABCoM: A Spatial Agent-Based COVID-19 Model”, *SSRN Electronic Journal*, 2020. *MedRxiv* preprint doi: <https://doi.org/10.1101/2020.07.30.20164855>, 52 p.
- [12] Fatès N. et Chevrier V., “How important are updating schemes in multi-agent systems? An illustration on a multi-turmite model”, In *proceedings of the 9th International Conference on Autonomous Agents and Multi-agents Systems*, 2010, pp. 533-540.
- [13] Filippi J-B, Morandini F., Balbi J-H, Hill D., “Discrete Event Front-tracking Simulation of a Physical Fire-spread Model”, *Simulation*, October 2010, vol. 86, n°. 10, pp. 629-646.
- [14] Franceschini R., Bisgambiglia P-A, Hill D., “Reproducibility study of a DEVS model application to fire spreading”, *Summer Simulation Multi-Conference 2018, SCS/IEEE/ACM*, July 9-12 July, Bordeaux, France, Invited Paper, pp. 382-392.
- [15] Gajardo A., Moreira A. et Goles E., “Complexity of Langton's ant”, *Discrete Applied Mathematics*, 2002, vol. 117, no 1-3, p. 41-50.
- [16] Gampe, J., Zinn, S., Willekens, F., Van Der Gaag, N., De Beer, J., Himmelspach, J. et Uhrmacher, A., 2009, “The microsimulation tool of the MicMac project”, in *2nd General Conference of the International Microsimulation Association*, 17 p.
- [17] Gaudou, B., Huynh, N.Q., Philippon, D., Brugière, A., Chapuis, K., Taillandier, P., Larmande, P. and Drogoul, A., 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.
- [18] Gomez, J., Prieto, J., Leon, E. et Rodriguez, A., 2020. “INFEKTA: a general agent-based model for transmission of infectious diseases: studying the COVID-19 propagation in Bogotá-Colombia”. *MedRxiv* preprint doi: <https://doi.org/10.1101/2020.04.06.20056119>, 15 p.
- [19] Grais R. F., Ellis J. H. et Glass G. E., « Assessing the impact of airline travel on the geographic spread of pandemic influenza », *European Journal of Epidemiology*, 2003, vol. 18, pp. 1065–1072.
- [20] Hethcote H.W., « The Mathematics of Infectious Diseases », *SIAM Review*, vol. 42, numéro 4, pages 599-653, 2000.
- [21] Hill D., “Parallel Random Numbers, Simulation, Science and reproducibility”. *IEEE Computing in Science and Engineering*, vol. 17 n°4, 2015, pp. 66 – 71.
- [22] Hill D., Muzy A., Barraud R., Crozat B., Madary J. et Leccia F., “Design of a spatial and stochastic simulator for bird flu spreading in Corsica”, *International Simulation Multi-Conference. Grand Modeling Challenge*, 16-19 June, 2008, Edinburgh, Scotland, IEEE Catalog # CFP0874E-CDR, SISO/SCS, pp. 445-452.
- [23] Hill D., Muzy A., Barraud R., Crozat B., Trounaille L. et Leccia F., “Decision Support System For A Regional Spreading of A/H1n1 Influenza Virus”, *IEEE/Eurosis : European Simulation Multi-Conference*, Oct. 26-28 2009, Leicester, United Kingdom, pp. 261-268.
- [24] Hill D., Dao V.T., Mazel C. et Breton V., « Répétabilité et reproductibilité numérique : Constats, conseils et bonnes pratiques pour le cas des simulations stochastiques parallèles et distribuées », *Technique et Science Informatiques*, vol. 36 n° 3-4/2017, pp. 243-272.
- [25] Hinch R., Probert W.J. et Nurtay A., “Open-ABM-Covid19—An agent-based model for non-pharmaceutical interventions against COVID-19 including contact tracing”, *PLoS computational biology*, 2021, vol. 17, no 7, p. e1009146.
- [26] Hufnagel, L., Brockmann, D. et Geisel, T., 2004. “Forecast and control of epidemics in a globalized world”, *Proceedings of the National Academy of Sciences*, vol. 101, n°42, pp.15124-15129.
- [27] Innocenti E, Silvani X., Muzy A. et Hill D., "A software framework for fine grain parallelization of cellular models with OpenMP: Application to fire spread", *Environmental Modelling & Software*, vol 24, 2009, pp. 819–831.
- [28] Kermack W.O. et Mckendrick A.G., “Contributions to the mathematical theory of epidemics. II. — The problem of endemicity”. *Proceedings of the Royal Society of London. Series A*, containing papers of a mathematical and physical character, 1932, vol. 138, no 834, p. 55-83.
- [29] Klôh V.P., Silva G.D., Ferro M., Araújo E., de Melo C.B., de Andrade Lima J.R.P. et Martins E.R., 2020, “The virus and socioeconomic inequality: An agent-based model to simulate and assess the impact of interventions to reduce the spread of COVID-19 in Rio de Janeiro”, Brazil. *Brazilian Journal of Health Review*, vol. 3 n°2, pp.3647-3673.
- [30] Koopman J.S. et Lynch J.W., “Individual causal models and population system models in epidemiology”. *American journal of public health*, 1999, vol. 89, n° 8, pp. 1170-1174.
- [31] Krämer A., Kretzschmar M. et Krickeberg K. (ed.), *Modern infectious disease epidemiology: Concepts, methods, mathematical models, and public health*, Springer Science & Business Media, 2010.
- [32] Kretzschmar M., “Infectious disease modeling”, *International encyclopedia of public health*, éd. Kris Heggenhougen, 2008, pp. 569-576.
- [33] Lamb C. et Zacchiroli S., “Reproducible Builds: Increasing the Integrity of Software Supply Chains”, *IEEE Software*, 2021, 10 p.
- [34] Laperrière, V., “SIMPEST: Un modele multi-agents pour simuler l’expression spatiale à

- grande echelle de la peste malgache”, In RTP MODYS, Réseau thématique pluridisciplinaire Modélisation et Dynamiques Spatiales, Département SHS-CNRS, pp. 60-65.
- [35] Lee B., Mogk M., Mogk J., Goldstein R., Bibliowicz J., Brudy F. et Tessier A., “Designing a Multi-agents Occupant Simulation System to Support Facility Planning and Analysis for COVID-19”, In : *Designing Interactive Systems Conference*, 2021, pp. 15-30.
- [36] Maneerat, S. and Daudé, E., “A spatial agent-based simulation model of the dengue vector *Aedes aegypti* to explore its population dynamics in urban areas”. *Ecological Modelling*, 2016, vol. 333, pp. 66-78.
- [37] Matsumoto M. et Nishimura, T., “Mersenne twister: a 623-dimensionally equidistributed uniform pseudo-random number generator”, *ACM Transactions on Modeling and Computer Simulation*, 1998, vol. 8 n°1, pp.3-30.
- [38] Mathiot J-F., Gerbaud L. et Breton V., “Highlighting the impact of social relationships on the propagation of respiratory viruses using percolation theory”. *Nature Scientific Reports*, 2021, vol. 11, no 1, p. 1-9.
- [39] Mintsá Mi Ondo J., “Les aspects spatiaux dans la modélisation en épidémiologie”, *Thèse de l'Université de Grenoble*, 2012.
- [40] Mniszewski S.M., Del Valle S.Y., Stroud P.D., Riese J.M. et Sydoriak, S.J., "EpiSimS simulation of a multi-component strategy for pandemic influenza”, In *Proceedings of the 2008 Spring simulation multiconference*, pp. 556-563.
- [41] Newman M.E.J., “The structure and function of complex networks”, *SIAM Review*, 2003, vol. 45, p. 167-256.
- [42] Omae Y., Toyotani J. et Hara K., “Effectiveness of the COVID-19 Contact-Confirming Application (COCOA) Based on Multi-agents Simulation”. *Journal of Advanced Computational Intelligence and Intelligent Informatics*, 2021, vol. 25, no 6, pp. 931-943.
- [43] Salje H., Tran Kiem C., Lefrancq N., Courtejoie N., Bosetti P., Paireau J., Andronico A., Hozé N., Richet J., Dubost C.-L., Le Strat Y., Lessler J., Levy-Bruhl D., Fontanet A., Opatowski L., Boelle P.-Y. et Cauchemez S., “Estimating the burden of SARS-CoV-2 in France”, *Science*, 2020, vol. 369, no 6500, p. 208-211.
- [44] Schwab M., Karrenbach M. et Claerbout J., “Making Scientific Computations Reproducible”, *Computing in Science & Engineering*, 2000, vol. 2, n° 6, pp. 61–67.
- [45] Tadić, B. et Melnik R., “Modeling latent infection transmissions through biosocial stochastic dynamics”. *PloS one*, 2020, vol. 15 n°10, p.e0241163.
- [46] Touraille L., Letagneaux A., Mouly D., Leroy A., Bas D., Keruzec J. Mazel C., Muzy A. et Hill D., “Spatial Simulation of A(H1N1) Influenza Virus Spreading. Comparison with Regional Data”, *European Simulation Multi-Conference*, 2011, Oct. 24-26, Guimarães, Portugal, pp. 365-371.
- [47] Tuomisto, J.T., Yrjölä, J., Kolehmainen, M., Bonsdorff, J., Pekkanen, J. et Tikkanen, T., “An agent-based epidemic model REINA for COVID-19 to identify destructive policies”. MedRxiv preprint doi: <https://doi.org/10.1101/2020.04.09.20047498>, 29 p.
- [48] Vyklyuk Y., Manylich M., Škoda M., Radovanovic M. et Petrovic M.D., “Modeling and analysis of different scenarios for the spread of COVID-19 by using the modified multi-agents systems—Evidence from the selected countries”, *Results in Physics*, 2021, vol. 20, 12 p.
- [49] Wang, L., Xu, T., Stoecker, T., Stoecker, H., Jiang, Y. et Zhou, K., “Machine learning spatio-temporal epidemiological model to evaluate Germany-county-level COVID-19 risk”, *Machine Learning: Science and Technology*, 2021, vol. 2 n° 3, p.035031.
- [50] Wolfram S., “Complex Systems Theory”, In : *Emerging syntheses in science*. CRC Press, 2018. pp. 183-190.
- [51] Zwirn H., *Les limites de la connaissance*, Odile Jacob, 2000 ;

[52] Zwirn H., *Les systèmes complexes*, Coll. Mathématiques et biologie, Odile Jacob, 2006.

Rôle des auteurs :

Benjamin Antunes : Conception, Méthodologie, Développement logiciel, Validation, Analyse statistique, Investigation, Ecriture de l'article.

David Hill : Conception, Méthodologie, Développement logiciel, Validation, Analyse statistique, Investigation, Ressources, Supervision, Administration du projet, Ecriture de l'article original.

Remerciements :

Les travaux de thèse de M. Antunes sont financés par le MESRI (Ministère de l'Enseignement Supérieur, de la Recherche et de l'Innovation).

Déclaration de conflits ou de liens d'intérêt :

Les auteurs déclarent qu'ils n'ont pas de conflit ou de liens d'intérêts financiers ou des relations personnelles connues qui ont, ou pourraient être perçus comme ayant, influencé les travaux rapportés dans cet article.