

## Évaluation de la vulnérabilité épidémiologique au sein d'un réseau d'échanges

**Encadrement** : Vincent Bansaye (École Polytechnique, CMAP), Elisabeta Vergu (INRAE, MaIAGE)

### Contexte scientifique

La mobilité des populations animales et humaines joue un rôle important dans la propagation des maladies à large échelle. Les réseaux apparaissent comme des représentations naturelles de la structure de connectivité, où les populations sont les nœuds du réseau et les individus en mouvement entre les populations représentent les arêtes [e.g. Pastor-Satorras et al, 2015]. L'évaluation du rôle relatif de chaque nœud dans la vulnérabilité du réseau à la propagation d'une épidémie est une des questions importantes qui se posent dans ce contexte. Construire des indicateurs spécifiques aux nœuds qui tiennent compte conjointement de leur centralité sur le réseau et des caractéristiques de la dynamique épidémique est un enjeu important. Du point de vue applicatif, ces indicateurs sont des outils pertinents pour la mise au point de stratégies ciblées de contrôle des épidémies. Si ces questions ont été explorées dans la littérature dans le cas des réseaux de contacts entre individus, elles l'ont été dans une bien moindre mesure pour les modèles de métapopulation.

Dans des travaux récents [Montagnon et al, 2019 et 2020], nous avons développé un premier modèle de métapopulation consistant en un processus markovien multidimensionnel de saut décrivant la dynamique de population et la dynamique épidémique SIR sur un réseau d'échanges. Via une approximation par processus de branchement, nous avons proposé et calculé trois indicateurs de réseau pour la vulnérabilité des nœuds à la propagation d'une épidémie. Cette approche a permis d'évaluer la vulnérabilité du réseau en fonction du nœud où l'épidémie démarre. Nous envisageons d'étendre ce travail dans ce stage afin de décrire et quantifier les risques pour une partie du réseau d'être atteint par l'épidémie.

### Objectifs

Dans ce stage, il s'agit dans un premier temps de modéliser la mobilité des individus sous-jacente à la propagation d'une épidémie à travers un graphe d'échange entre différents sites. Nous chercherons à construire de nouveaux indicateurs de centralité/vulnérabilité spécifiques pour chaque nœud, telle que la probabilité pour un nœud d'être touché par l'épidémie et l'impact sanitaire conditionnellement à cet événement. D'un point de vue théorique, nous pourrions caractériser les probabilités impliquées à l'aide de fonctions génératrices multivariées. L'objectif sera également d'obtenir une description du graphe aléatoire formé par les nœuds infectés et de la lignée ancestrale d'un échantillon testé au sein d'un site donné. Une approche numérique sera aussi développée afin notamment d'évaluer les performances en termes d'efficacité de contrôle de stratégies consistant à cibler les nœuds selon leurs valeurs pour les indicateurs proposés. Enfin, le stage pourra évoluer vers la description du réseau d'échanges par un grand graphe aléatoire.

Ce stage s'inscrit dans le cadre du projet ANR Cadence.

### Compétences recherchées

Master 2 en mathématiques appliquées ou fin d'études d'ingénieur.

Compétences attendues : processus stochastiques ; programmation bas niveau (C/C++, Python) ; appétence pour la modélisation appliquée à la biologie ; maîtrise de l'anglais scientifique (lecture d'articles).

### Déroulement du stage

Le stage se déroulera au centre CMAP (Centre de Mathématiques Appliquées) de l'École Polytechnique à Palaiseau (91120) et dans l'unité MaIAGE (Mathématiques et Informatique Appliquées du Génome à l'Environnement) du centre INRAE de Jouy-en-Josas (78350). La durée prévue est de 4 à 6 mois. Début

possible en début d'année 2021. Gratification : 550€/mois environ (taux légal).

### **Candidature**

Envoyer CV (inclure la liste des cours suivis en M1/M2 et notes disponibles) et lettre de motivation à [vincent.bansaye@polytechnique.edu](mailto:vincent.bansaye@polytechnique.edu) et [elisabeta.vergu@inrae.fr](mailto:elisabeta.vergu@inrae.fr)

### **Références**

Montagnon P. (2019) A stochastic SIR model on a graph with epidemiological and population dynamics occurring over the same time scale. *Journal of Mathematical Biology* 79, 31–62.

Montagnon P, Deslandes F, Bansaye V, Vergu E. (2020) Indicators of nodes criticality based on a metapopulation SIR epidemic model on an exchange network (*soumis*).

Pastor-Satorras R, Castellano C, Van Mieghem P, Vespignani A (2015). Epidemic processes in complex networks. *Reviews of modern physics* 87 (3), 925.