



HAL
open science

La logistique de crises sanitaires

Andréa Cynthia Santos, Thierry Derrey, Cyrille Bertelle

► **To cite this version:**

Andréa Cynthia Santos, Thierry Derrey, Cyrille Bertelle. La logistique de crises sanitaires. Cahiers de la logistique, 1, 2020. hal-03287825

HAL Id: hal-03287825

<https://hal.science/hal-03287825v1>

Submitted on 10 Sep 2021

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.



Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial - NoDerivatives 4.0 International License



La logistique de crises
sanitaires

**PÔLE INGÉNIEUR
LOGISTIQUE
LE HAVRE NORMANDIE**

**CAHIERS DE LA
LOGISTIQUE**



CAHIERS DE LA LOGISTIQUE

CL2020 – N° 01

LA LOGISTIQUE DE CRISES SANITAIRES

Novembre, 2020
Copyright © 2020, ISEL - SFLog



La présente publication est protégée par le code de la propriété intellectuelle et plus précisément ses articles relatifs au respect du droit d’auteur.

Les auteurs demeurent seuls responsables du contenu de leur œuvre. Ils garantissent disposer des autorisations nécessaires de la part des tierces parties titulaires de droits sur des œuvres partiellement ou globalement reproduites. Les droits moraux et patrimoniaux sur l’œuvre demeurent attachés à leurs auteurs. Afin de faciliter le partage et l’utilisation de leur création, les auteurs autorisent les utilisateurs à :

- Télécharger et imprimer une copie de la présente publication à des fins d’études, de recherche, de diffusion de la culture scientifique et de partage des connaissances ;
- Distribuer gratuitement et sans aucune contrepartie l’URL identifiant la publication.

La présente publication, et l’URL associée ne peuvent en aucun cas être distribuées ou utilisées dans le cadre d’une activité à but lucratif ou à des fins commerciales. Aucune modification du contenu de l’œuvre n’est autorisée.

PREFACE

Nous avons le plaisir d'éditer le premier volume indexé des « Cahiers de la logistique », antérieurement appelé de « Cahiers du campus de la logistique ». Ces publications sont une initiative conjointe de l'Institut Supérieur d'Etudes Logistiques (ISEL) et de la Structure Fédérative de recherche en Logistique (SFLOG) de l'Université Le Havre Normandie (ULHN), avec l'appui du Service Commun la Documentation (BU-SCD) d'ULHN. L'objectif majeur est de diffuser des réflexions, des avancés et des innovations autour de la logistique auprès des élèves, des acteurs du milieu socio-économique, des chercheurs et de toute personne intéressée par cette thématique.

Ce premier volume indexé est dédié à la logistique de crise sanitaire. En effet, depuis le début de la crise sanitaire liée à la COVID-19, divers pays ont été confrontés à des problèmes majeurs de logistique, tels que la gestion des stocks de matériel de protection (masques, blouses, lunettes, etc), des tests de dépistages, de la mobilité et de ses effets sur la propagation du virus, entre autres. Très vite, la logistique est apparue aux yeux de tous comme un pilier incontournable de la gestion de cette pandémie. Dans ce contexte, ce volume aborde deux problématiques logistiques liées à la crise de la COVID-19 :

- La première contribution, de M. Dageons et Pr. Santos, porte sur les stratégies de dépistages. L'objectif est d'analyser les impacts d'un dépistage en fonction de la dynamique de l'épidémie et en utilisant des indicateurs tels que le nombre total de patients non-testés, le nombre de jours de rupture, le nombre de patients symptomatiques non-testés et de patients issus de clusters non-testés.
- La deuxième contribution, de M. Le Galloudec, Pr. Bertelle et Pr. Aziz-Alaoui, est dédiée à la modélisation et l'extension d'un modèle épidémiologique, afin de prendre en compte plusieurs aspects importants d'une crise sanitaire, tels que le confinement et la capacité d'accueil dans les hôpitaux. Les auteurs considèrent également la mobilité entre régions ou départements et les impacts sur la propagation de la maladie.

Nous apportons dans ce volume une dimension logistique à la gestion de la crise sanitaire et espérons que ces contributions apporteront leur part de réflexions dans le cadre des crises sanitaires. Nous profitons pour remercier l'appui des services de la bibliothèque de l'ULHN dans le processus de publication et d'indexation des Cahiers de la logistique.

Andréa Cynthia Santos

Professeur des Universités
Directrice déléguée à la recherche
de l'ISEL

Vice-Présidente déléguée en
charge du numérique de l'ULHN

Thierry Derrey

Maître de Conférences
Directeur de l'ISEL

Cyrille Bertelle

Professeur des Universités
Directeur SFLOG

ANALYSES DE STRATÉGIES DE DEPISTAGE DANS LA LUTTE CONTRE LA COVID-19

Guillaume Dageons¹, Andréa Cynthia Santos²

¹ISEL, Université Le Havre Normandie
11 Quai Frissard, 76600, Le Havre
guillaume.dageons@etu.univ-lehavre.fr

²Université Le Havre Normandie, LITIS-RI2C, ISEL
15 rue Philippe Lebon, 76600, Le Havre
andrea-cynthia.duhamel@univ-lehavre.fr

RESUME

Dans cette étude, nous traitons le problème lié à la gestion des demandes de dépistage dans la lutte contre la COVID-19. En effet, dans une épidémie à capacité de tests limitée, les décisions doivent être prises de manière à endiguer la propagation du virus, et limiter les conséquences sur les populations, les secteurs économiques et industriels, entre autres. Ainsi, dans un contexte sanitaire difficile, ce qui est dû à la COVID-19, nous nous intéressons aux différentes stratégies de dépistage à partir de la définition de stratégies pour gérer les tests sérologiques et virologiques. Ces stratégies ont été testées et comparées sur différentes dynamiques d'évolution de l'épidémie, en utilisant des critères tels que : le nombre total de patients non-testés, de jours de rupture, de patients symptomatiques non-testés et de patients issus de clusters non-testés. Ceci nous permet d'identifier les meilleures stratégies en fonction de la dynamique d'évolution de l'épidémie.

MOTS CLES: épidémie, coronavirus, dépistage, logistique de crise sanitaire.

ABSTRACT

In this study, we address the problem of management the tests to detect the COVID-19 disease. Indeed, in an epidemic with limited tests' capacity, decisions are taken in order to stem the spread of the virus, and limit the consequences over populations, economic and industrial sectors, among others. Thus, in a difficult health context of COVID-19, we investigate different screening strategies to manage the serological and the virological tests. These strategies were tested and compared using different dynamics of the epidemic evolution, and evaluating by means of the following criteria: the total number of patients not tested, the number of days in rupture, the number of symptomatic patients not tested, and the number of untested patients belonging to clusters. This allows us to identify the best policies based on the evolution dynamics of the epidemic.

KEYWORDS: epidemic, coronavirus, screening, health crisis logistics.

1. Introduction

Au long de l'histoire, les crises sanitaires ont coûté la vie de nombreuses personnes et ont aussi fortement impacté nos modes de vie, l'économie, l'industrie, entre autres. L'épidémie de la COVID-19 a été déclarée état d'urgence de santé publique de portée internationale en janvier 2020 par l'Organisation mondiale de la santé, puis pandémie en mars 2020, depuis son apparition à Hubei en Chine en 2019. Les premiers effets de cette crise sanitaire se font sentir en France depuis mars 2020, ainsi que les faiblesses au niveau de la logistique, notamment dans la gestion des stocks de masques et de tests de dépistage.

Dans plusieurs pays, cette crise due à la COVID-19 a mis à rude épreuve les systèmes de santé, les modèles socio-économiques et logistiques. A titre d'exemple, à ce jour, plus de 1 million de décès ont été officiellement recensés à travers le monde, dont plus de 50 000 en France (Université Johns Hopkins, 2020). L'impact sur l'industrie est aussi très important. En France, les résultats économiques du premier trimestre de 2020 sont les pires depuis le choc pétrolier de 1974 et la crise de 2008 (Francetvinfo(a), 2020). Ainsi, les prévisions du PIB (Produit Intérieur Brut) sur l'année 2020 annoncent une baisse de 8,2% (Statista, 2020). Plusieurs secteurs et la population ont été durement touchés tels que le tourisme avec une perte estimée en dizaines de milliards d'euros, l'éducation nationale avec l'annulation des épreuves du baccalauréat, la santé publique où des nombreuses personnes ont arrêté leur soin de santé pendant le confinement, et plus globalement les impacts sociologiques et psychiques de cette période sur les populations ; conséquence du confinement et du déconfinement plus ou moins compliqué pour certaines tranches de la population; de la peur d'une crise économique, voire des taux de chômage élevés.

Les problèmes liés à la gestion de la crise ne sont pas à l'abri de se répéter car la production interne stratégique, la logistique et les organisations nécessitent un temps d'adaptation, des investissements pour trouver une réorganisation et des nouveaux équilibres structurels et économiques, afin de confronter ce type de crise. **Dans ce sens, cette étude apporte une contribution en rendant la gestion de certains flux de ressources critiques plus résilients, notamment la gestion des tests de dépistages sérologiques (capables d'identifier la présence d'anticorps) et virologiques (capables d'identifier si une personne est contaminée au temps t).** A l'actualité, deux pays dans le monde ciblent (ou plutôt « visent ») un dépistage massif de la population, la Chine pour la région de Wuhan et le Brésil après la découverte de l'hôpital Albert Einstein d'un test basé sur le séquençage de l'acide ribonucléique. Ceci est loin d'être la réalité dans d'autres pays du monde. Puis, un dépistage massif à l'instant t ne garantit pas une gestion stratégique efficace pour contrôler la maladie dans le temps.

Dans la littérature scientifique, plusieurs modèles épidémiologiques sont retrouvés depuis le modèle pionnier de Reed-Frost, 1929, jamais publié, mais analysé en (Abbey, 1952). Globalement, on distingue deux grands types de modèles, les modèles macroscopiques et les modèles microscopiques (Lejournal.crsn, 2020). Dans le premier cas, la modélisation est à l'échelle réelle des populations et considère des groupes (aussi appelés de compartiments). Ceci permet d'effectuer des analyses intéressantes de l'impact de certaines stratégies telles que le confinement ou encore la vaccination. Ces modèles sont en général déterministes et décrits à partir d'équations différentielles, équations aux dérivées partielles, etc. Un exemple de modèle de base est celui formé par trois groupes de personnes : Saines, Infectées et Rétablies (Hethcote, 1989), appelé SIR. Les modèles microscopiques sont à l'échelle des individus et distribués. De ce fait, il est possible d'intégrer par exemple, les comportements individuels, la mobilité, entre autres. Ils

sont donc plus intéressants pour une communauté plus petite. Le principe de ces modèles est de considérer la propagation d'une maladie infectieuse comme un processus aléatoire. C'est donc des modèles stochastiques (Britton, 2010) décrits, par exemple, sur des graphes aléatoires, des chaînes de Markov, etc. Les modèles épidémiologiques sont importants, malgré certaines limitations, aussi bien du point de vue pratique, car ils peuvent appuyer le processus décisionnel lors des crises comme celle de la COVID-19, que du point de vue scientifique. Le focus de notre travail n'est pas de définir un $i^{\text{ème}}$ modèle épidémiologique, mais il est dédié à la logistique de dépistage en fonction de la dynamique et l'évolution d'une épidémie (ceci peut être estimé à partir de modèles épidémiologiques). **Les questions auxquelles nous souhaitons répondre sont : existe-t-il des stratégies de dépistages pour des tests sérologiques et virologiques plus intéressantes que d'autres ? Si oui, lesquelles et sur quels critères ? Quelle est la meilleure stratégie pour une dynamique spécifique d'une épidémie dans une période de temps ?**

Convaincus que la bonne stratégie est de réaliser une gestion dynamique et fine de tests de la population dans un horizon de temps glissant, nous proposons différentes stratégies pour le dépistage de la population, fondées sur la recherche opérationnelle et le numérique afin de répondre aux questions citées précédemment de façon innovante. Ces stratégies sont basées sur la priorisation de tests virologiques ou sérologiques selon l'état du patient et la dynamique de l'épidémie dans l'instant t , et du report de tests à un temps $t+\Delta$ lors d'une saturation pour certains types de tests. Des scénarios de tests sont utilisés pour comparer les différentes stratégies de dépistage en fonction de plusieurs critères, en considérant la situation de la demande (basse, medium, haute, critique) par rapport à la capacité de tests et l'évolution de l'épidémie (croissante, stable, décroissante).

Ce document est organisé comme suit : dans la Section 2, le problème ainsi que les données utilisées dans ce travail sont définis. Puis, dans la Section 3, les stratégies de dépistage développées sont décrites. Après avoir testé expérimentalement nos différentes stratégies, les résultats numériques et les analyses sont fournis dans la Section 4. Les conclusions et les travaux futurs sont présentés dans la Section 5.

2. Définition du problème et des données pour le dépistage de patients

Les stratégies de dépistage diffèrent par rapport aux pays, entre stratégie de dépistage de masses et ciblés, comme cité précédemment. Nous abordons le dépistage ciblé pour une période de temps donnée, avec pour objectif premier la maximisation du nombre de patients pris en charge, en considérant un nombre limité de tests (capacité de tests) par jour et aussi une capacité globale sur toute la période de la simulation.

Le problème considère la planification du dépistage de patients dans un horizon de temps prédéfini. La période utilisée dans nos simulations est de 300 jours, soit environ 10 mois. Puis, selon la stratégie déployée, voir Section 3, décider l'action à prendre pour chaque patient (dépisté avec un test sérologique ou virologique, ou ne pas dépister) et à quel moment (immédiatement, le plus tôt possible, après un pas de temps, etc.).

Pour résoudre ce problème d'optimisation, nous avons construit des scénarii, définis par deux paramètres majeurs de l'épidémie : l'état de la demande (basse, medium, haute, critique) et de son évolution (croissante, stable, décroissante). Ainsi, **le scénario bas** a une demande comprise entre 50% et 66 % de la capacité globale de tests, **un scénario medium**, entre 66% et 90%, **un scénario haut**, entre 90% et 110%, et **un scénario critique**, entre 110% et 140%. L'évolution du scénario quant à elle correspond à la répartition des demandes sur la période de

temps, ce qui nous permet de tester nos stratégies de dépistage dans différentes situations, par exemple, proche d'un début d'une épidémie, de la fin ou encore après l'épidémie. On considère donc l'évolution **décroissante** si la demande diminue avec le temps, **stable** si elle reste homogène, ou **croissante** si la demande augmente dans le temps. Notons que l'état de la demande et les types d'évolutions combinés résultent en douze scénarii à traiter, à savoir, scénario bas-décroissant, bas-stable, bas-croissant, medium décroissant, medium-stable, medium-croissant, etc. Pour chaque type de scénario, 10 instances tests ont été générées, résultant en 120 études de cas, pour la réalisation de nos tests numériques.

Concernant les données du problème, deux autres paramètres sont importants, les patients et le type de tests. Pour les patients, quatre informations sont utilisées : l'identifiant du patient qui permet aussi d'avoir un ordre d'arrivée des patients sur la période globale, la date de sa demande de test, la présence de symptômes de l'épidémie, et le cas échéant, l'appartenance à un cluster de l'épidémie. Il y a donc quatre profils de patients dans nos simulations : (i) les patients symptomatiques n'appartenant pas à des clusters ; (ii) les patients symptomatiques appartenant à des clusters ; (iii) les patients asymptomatiques n'appartenant pas à des clusters ; et (iv) des patients asymptomatiques appartenant à des clusters. Nous avons défini la probabilité qu'un patient soit symptomatique correspond à 1 chance sur 5 tandis que celle d'appartenance à un cluster est de 1 chance sur 10. Les dates d'arrivées des patients ont été définies de façon aléatoire, mais en considérant le type d'évolution de l'épidémie ciblé.

Enfin, il est nécessaire de clarifier comment ont été générés les capacités de tests du type virologiques, ceux exécutés par voie nasale pour savoir si nous sommes actuellement atteints par le virus, et sérologiques qui détectent la présence d'anticorps après prélèvement sanguin. Nous avons analysé des données de plusieurs publications et bases de données en France et nous avons observé des données très variables en France sur le nombre de personnes pouvant être dépistées sur une période de temps (Cascoronavirus, 2020)(Francetvinfo(b), 2020)(Banque des territoires, 2020). En effet, les conditions initiales sont difficiles à observer, et le manque de dépistage rend la tâche plus compliquée. Ainsi, nous avons établi des chiffres qui sont dans la moyenne des chiffres trouvés pour chaque type de test dans les publications analysées. La capacité quotidienne a été fixée à 25 000 tests virologiques, et 2 500 tests sérologiques. Ce sont des capacités qui correspondraient aux premiers mois de l'épidémie en France. Les capacités quotidiennes, qui sont limitées par contraintes de temps ou d'approvisionnement des tests, diffèrent des capacités sur la période globale, qui correspondent à la capacité de production des tests. Ainsi, pour les capacités globales, nous avons déterminé 5 700 000 de tests virologiques, et 570 000 pour les tests sérologiques sur 300 jours. Les capacités sérologiques correspondent toutes les deux à un dixième de celles des virologiques, puisque les informations récoltées indiquent uniquement que les proportions de tests sérologiques sont très inférieures.

Il est pertinent de souligner que le paramétrage des données décrit dans cette Section peut être aisément modifier, afin de s'adapter à des situations spécifiques, et la simulation rejouée. L'important est que nous avons une problématique d'optimisation définie et qui a été testée en utilisant différentes stratégies de dépistage et nos 120 études de cas. Puis, les résultats sont analysés selon différents critères.

3. Les stratégies de dépistage

On considère ici, une stratégie de dépistage comme un ensemble de règles utilisées pour planifier le dépistage d'un patient. Les stratégies de dépistage pour la COVID-19 dans ce travail

sont fondées sur la théorie de files d'attente, un domaine de recherche très ancien (Erlang, 1917), dont les premières applications sont dédiées aux systèmes de télécommunications. Toutes nos stratégies sont régies par la loi FIFO (de l'anglais First In, First Out), le premier arrivé sera le premier traité ; mais l'ordre de traitement du patient peut être bousculé par l'ensemble des règles d'une stratégie spécifique. Ceci peut être la priorisation systématique d'un certain profil de patients, le report d'un dépistage, la décision de ne pas dépister certains profils, entre autres. Puis, il y a des stratégies (1, 2 et 3) qui utilisent une file unique sans ou avec priorité sur des profils de patients et des files d'attente multiples (4 et 5).

Nous avons testé plusieurs stratégies de dépistage et retenu les cinq plus intéressantes selon les critères ciblés dans nos expérimentations. Pour toutes les stratégies, l'hypothèse suivante a été adoptée : des patients symptomatiques ne seront pas affectés à des tests sérologiques. Ceci parce que selon plusieurs sources (Vidal, 2020) (Francerein, 2020), les anticorps prennent un certain temps pour apparaître suite à une contamination à la COVID-19. Puis, pour ce type de patient, l'objectif est de détecter la présence du virus (test virologique) et puis l'isoler afin de réduire la transmission aux personnes saines.

Dans la première stratégie, les patients symptomatiques, indépendamment s'ils appartiennent à un cluster ou pas, sont affectés aux tests virologiques, mais pas les asymptomatiques. Les patients sont traités dans l'ordre d'arrivée sans aucune priorité. Les asymptomatiques sont donc affectés à des tests sérologiques. En cas de rupture de tests sérologiques et s'il y a des disponibilités de tests virologiques, le patient asymptomatique se verra affecter un test virologique dans la journée qu'il est arrivé. Sinon, il est considéré comme non-testé. **Cette stratégie de dépistage vise à réserver le stock de tests virologiques principalement pour les profils symptomatiques.**

La deuxième stratégie met en place un système de priorité. La priorité est donnée dans une journée aux profils symptomatiques et aux profils d'un cluster sans distinction entre ces profils. De ce fait, la différence majeure par rapport à la première stratégie est que l'ordre FIFO de traitement d'un patient sera bousculé par ces règles. Les asymptomatiques qui n'appartiennent pas à un cluster passent donc après les profils prioritaires. Concernant le type de test qui sera utilisé, les profils prioritaires vont être affectés à un test virologique. En cas de saturation de tests virologiques, les profils asymptomatiques d'un cluster seront testés avec des tests sérologiques. Si ces derniers sont aussi en rupture, ils seront considérés comme non-testés. En cas de saturation de tests virologiques, les profils prioritaires sont mis en file d'attente pour un dépistage le lendemain. De plus, ces patients sur une liste d'attente seront traités en priorité, ensuite le système prend les nouveaux patients arrivés dans la journée. Il est pertinent de souligner que la liste d'attente est journalière et seulement les patients symptomatiques sont maintenus, les autres sont considérés comme non-testés. **Cette stratégie favorise la mise en place de la traçabilité qui est intéressante lorsque le nombre de cas est encore maîtrisable.**

La troisième stratégie considère deux niveaux de priorité. Dans le premier niveau de priorité les profils symptomatiques sont traités dans une journée, indépendamment s'ils appartiennent à un cluster ou pas. Puis, dans le deuxième niveau de priorité se trouve les patients asymptomatiques appartenant à un cluster. De plus, dans cette stratégie, une liste d'attente, disponible tout au long de la simulation, stocke tous les jours, les patients, en considérant à la fois le niveau de priorité et l'ordre d'arrivée. Notons que cette liste d'attente est différente de la liste d'attente de la stratégie 2 car elle considère aussi les patients asymptomatiques qui n'appartiennent pas à un cluster. Les ajouts de nouveaux patients dans la liste d'attente sont réalisés à la fin de la liste, mais en respectant, pour la journée en question, les niveaux de priorité et l'ordre d'arrivée.

De ce fait, les patients symptomatiques d'un jour J+1 qui vont en liste d'attente, seront traités après les patients déjà présents dans la liste d'attente du jour J. Une conséquence de cette structure est que, si la liste est déjà saturée, il est possible que des patients symptomatiques ne soient pas aisément testés. De ce fait, lorsque nous atteignons un patient symptomatique sur la liste d'attente et seulement des tests sérologiques sont disponibles, il restera en tête de liste d'attente pour le lendemain afin d'être testé avec un test virologique. **La structure d'organisation de cette stratégie permet donc de tester un échantillon des différents types de profils des journées successives, notamment à cause de la structure de la file d'attente.**

Afin d'illustrer la gestion des files d'attentes, nous allons considérer la légende ci-dessous pour identifier les profils de patients :

- patient symptomatique hors cluster ; ○ patient asymptomatique hors cluster ;
- ⊗ patient symptomatique d'un cluster ; ⊗ patient asymptomatique d'un cluster ;

Pour tous les exemples des Figures 1, 2 et 3, nous considérons qu'il y a une rupture et qu'une liste d'attente commence à se former d'un jour à l'autre. Ceci afin de pouvoir illustrer comment sont gérées les listes d'attentes dans la 3^{ème}, la 4^{ème} et la 5^{ème} stratégie.

En considérant la priorité et l'ordre d'arrivée des patients, dans la stratégie 3, la liste sera construite comme indiquée dans l'exemple de la Figure 1. On observe notamment que les nouveaux arrivés en liste d'attente dans le jour J+1 sont ajoutés en fin de la liste. Ainsi, il est possible que des profils asymptomatiques (cluster ou non) du jour J soient traités avant les symptomatiques (cluster ou non) du jour J+1.

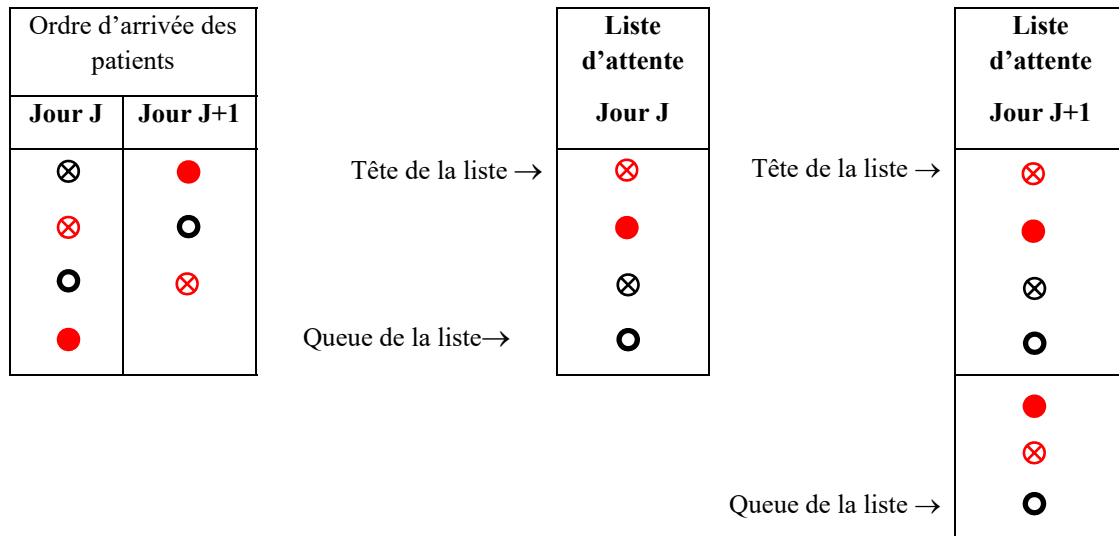


Figure 1: Exemple d'évolution de la liste d'attente pour la stratégie 3.

La quatrième stratégie dérive de la troisième et implémente de facto deux listes d'attentes : la première sera composée des patients symptomatiques, la seconde des patients asymptomatiques, sans prise en compte de l'appartenance à un cluster. La différence par rapport à la troisième stratégie est que les patients non traités symptomatiques et asymptomatiques d'un jour J+1 entreront à la fin de ces respectives listes d'attentes du jour J, s'elles existent. La liste d'attente des patients symptomatiques est prioritaire sur la seconde et sur les nouveaux arrivés. **Cette structure favorise clairement le dépistage des patients symptomatiques.** Un exemple est fourni dans la Figure 2.

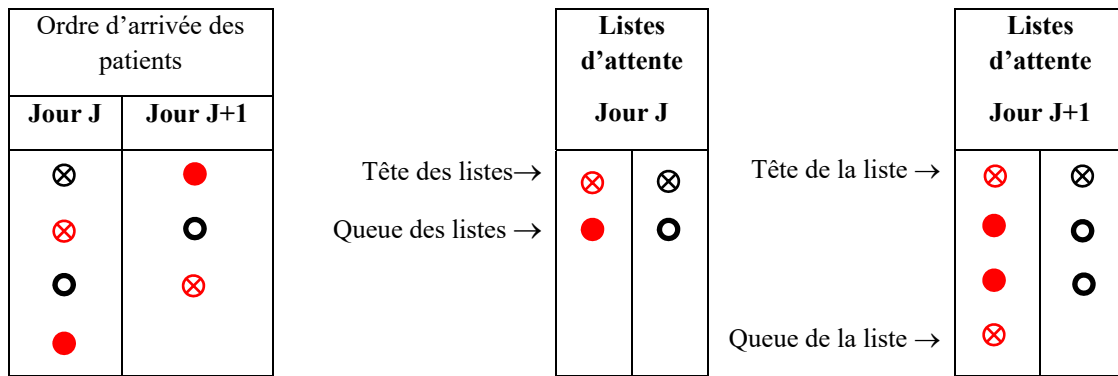


Figure 2 - exemple d'évolution des listes d'attentes pour la stratégie 4.

La cinquième stratégie utilise trois files d'attentes multiples et distinctes pour les profils suivants : une file d'attente pour les profils symptomatiques, une deuxième pour les asymptomatiques appartenant à un cluster et une troisième dédiée aux profils asymptomatiques n'appartenant pas à un cluster. **Cette stratégie facilite le traitement discriminant des différents types de patients, par exemple, pour l'affectation des types de tests, ainsi que pour le report de tests sur certains types de profils.**

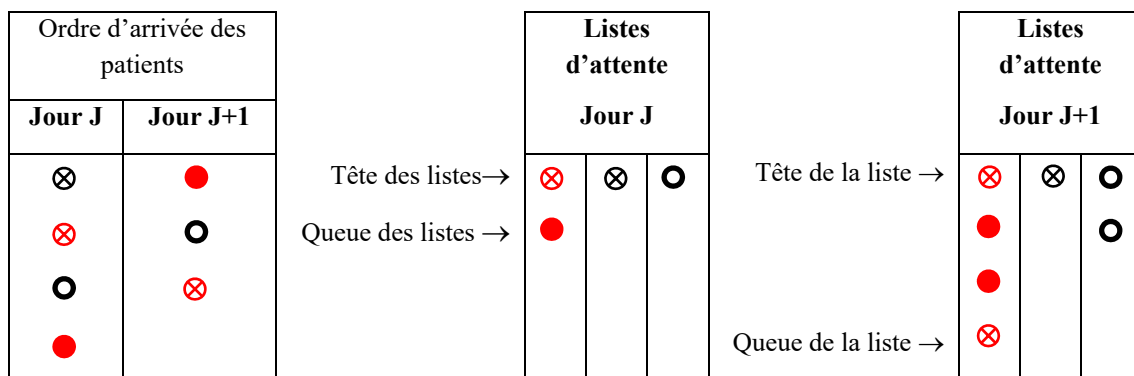


Figure 3 : évolution des listes d'attentes pour la stratégie 5.

4. Résultats numériques

Les algorithmes de génération de scénarii et pour la gestion des stratégies de dépistages ont été développées en Python version 3.6, sur l'environnement Spyder. Pour analyser les résultats, quatre critères d'évaluation sont utilisés en considérant l'horizon de temps global de la simulation :

- Le pourcentage total de patients non testés ;
- Le pourcentage global de patients symptomatiques non testés, appartenant à un cluster ou pas ;
- Le pourcentage de patients non testés appartenant à un cluster, symptomatiques ou pas ;
- Le pourcentage de jours de rupture par rapport à l'horizon de temps de la simulation des deux types de tests (virologiques et sérologiques).

Notons que pour chacun de ces quatre critères, la meilleure stratégie est celle qui trouve la plus petite valeur. L'objectif d'optimisation est donc la minimisation du nombre de patients non testés (ceci correspond à la maximisation des patients testés), de patients symptomatiques non testés, de patients de clusters non testés et le nombre de jours de rupture.

Nous avons, comme dit précédemment, 12 scénarios de test, dont chacun a été représenté par 10 instances, résultant en 120 études de cas. Par souci de simplicité, nous présentons les résultats numériques sous forme de graphique radar. Les points affichés dans ces graphiques correspondent à une moyenne des pourcentages pour les 10 instances des scénarios et plus une stratégie est proche du centre du graphique, mieux c'est. De plus, nous nous concentrons sur les scénarios haut (croissant, décroissant, stable), respectivement dans les Figures 4, 5 et 6, et critiques (croissant, décroissant, stable), respectivement dans les Figures 7, 8 et 9, parce que les différences des stratégies sont notables en considérant les quatre critères ciblés pour ces scénarios.

On observe dans le scénario « Haut-Croissant » (voir Figure 4) que les méthodes 3, 4 et 5 donnent des résultats identiques et sont globalement les plus performantes stratégies, tandis que les méthodes 1 et 2 ont le plus grand nombre de patients non-testés. En revanche, la stratégie 2 est celle qui trouve les meilleurs résultats en considérant les profils symptomatiques. De plus, la méthode 1 présente les plus mauvais indicateurs pour le traitement de patients symptomatiques et appartenant à un cluster.

Les stratégies 3, 4 et 5 sont les plus performantes pour les scénarios « Haut-Décroissante » (voir Figure 5) et « Haut-Stable » (voir Figure 6). Elles présentent un comportement similaire pour les quatre critères. Puis, la stratégie 1 est celle qui présente les pires performances et la stratégie 2 présente des faiblesses dans le nombre total de patients testés. Ceci est dû au fait qu'il y a plus de patients asymptomatiques que de symptomatiques et cette stratégie écarte les asymptomatiques de la file d'attente.

Lorsqu'on observe le critère de rupture de tests, on remarque que ceci se produit dans les scénarios « Haut-Décroissant » et « Haut-Stable » dans les stratégies 3, 4 et 5. Les raisons de ces résultats sont différentes par rapport à la stratégie et aux scénarios considérés. Les stratégies 1 et 2 n'ont pas de rupture de tests. Ceci se produit car les patients asymptomatiques sont plus nombreux que les symptomatiques. Puis, la stratégie 1 n'a pas de file d'attente et dans la stratégie 2, seulement les profils symptomatiques sont maintenus dans la file d'attente. De ce fait, les stocks de tests sont maintenus jusqu'à la fin de l'horizon de temps des simulations réalisées. Les stratégies 3, 4 et 5, quant à elles, entrent en rupture à partir du jour 250 sur 300 et dans les scénarios « Haut-Décroissant » et « Haut-Stable ». La raison principale pour cela est que le nombre de patients en début de la simulation est plus important, ce qui épuise les stocks rapidement, alors que dans le scénario « Haut-Croissant », le nombre de patients en début de la simulation est petit et donc, les stocks sont maintenus. Puis, une deuxième explication est que globalement ces stratégies testent plus de patients tous profils confondus.

Concernant les scénarios « Critique-Croissant », « Critique-Décroissant » et « Critique-Stable », dont les résultats sont montrés dans les Figures 7, 8 et 9, respectivement, on note que la méthode 1 est celle qui présente les plus mauvais résultats pour trois critères, sauf la rupture. Ceci est une conséquence de l'absence de file d'attente et d'une décision de non-testés un grand nombre de profils. On remarque que les stratégies les plus performantes sont les 4 et 5, avec un léger avantage pour la stratégie 5, à cause du nombre de patients testés appartenant à un cluster. Ceci est une conséquence de la création d'une liste intermédiaire pour prioriser davantage les patients appartenant à un cluster.

L'interprétation des résultats numériques pour les scénarios critiques peut être nuancé en fonction du contexte de l'épidémie, incluant la capacité de tests, entre autres. Même si les stratégies 4 et 5 sortent gagnantes sur plusieurs critères, elles semblent plus adaptées dans un contexte de dépistage massif. Notons que la stratégie 2 perd juste sur un critère, le nombre de patients non-testés. Elle est donc aussi intéressante, mais pour un dépistage ciblé.

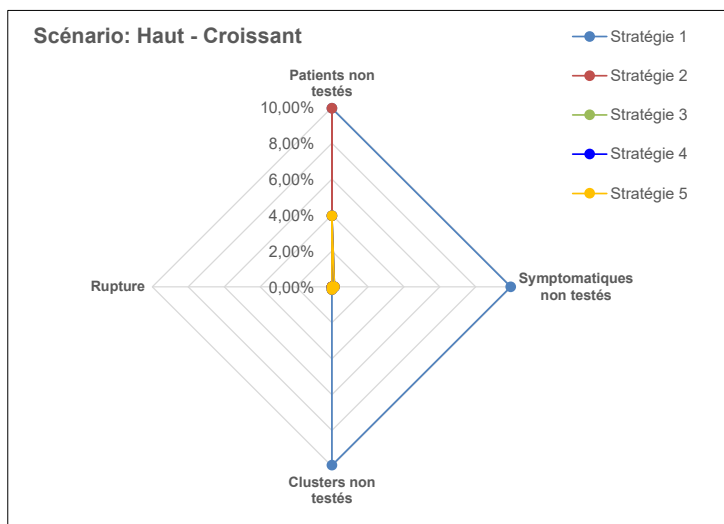


Figure 4 : Résultats pour le scénario « Haut – Croissant »

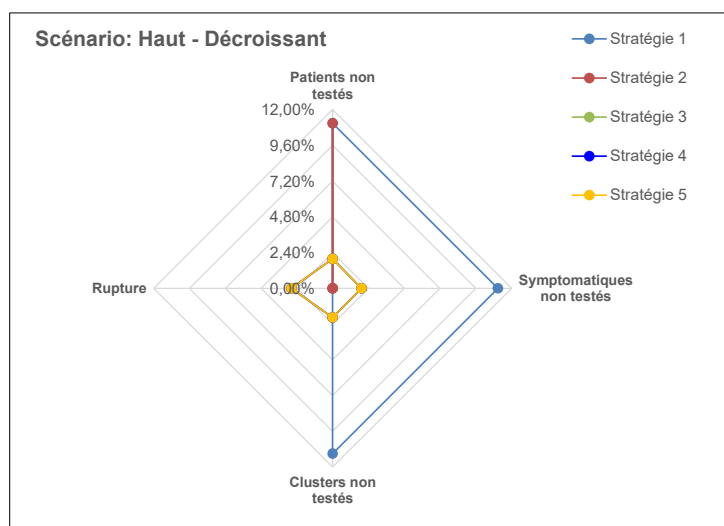


Figure 5 : Résultats pour le scénario « Haut – Décroissant »

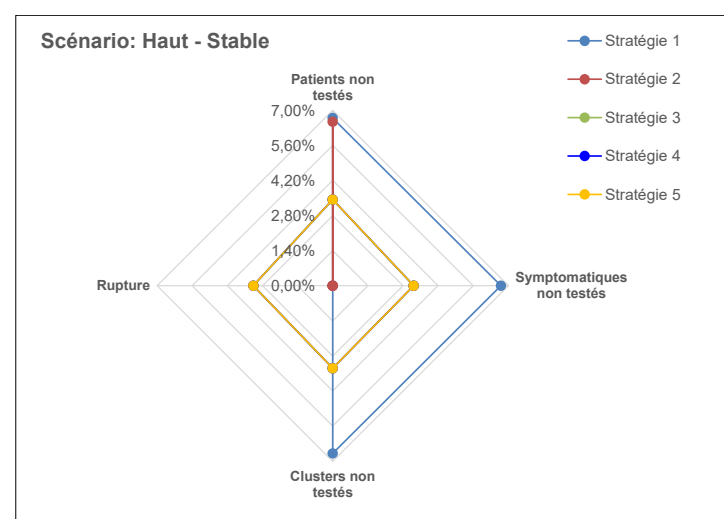


Figure 6 : Résultats pour le scénario « Haut – Stable »

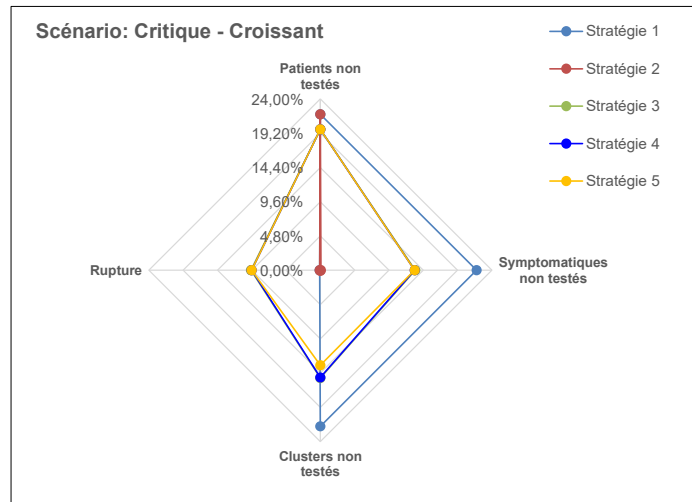


Figure 7 : Résultats pour le scénario « Critique – Croissant »

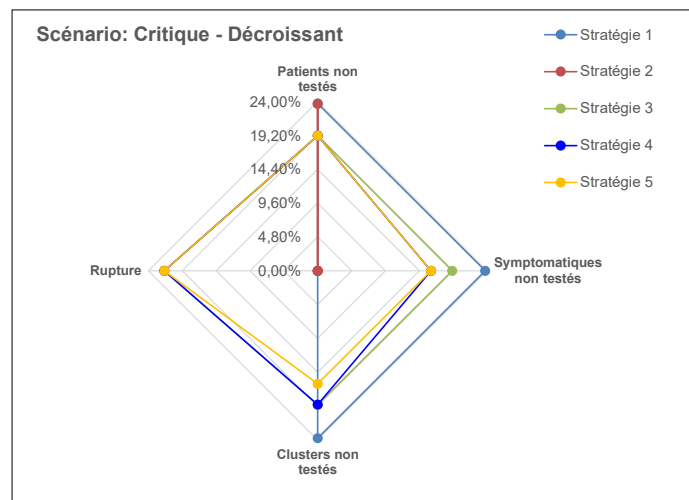


Figure 8 : Résultats pour le scénario « Critique – Décroissant »

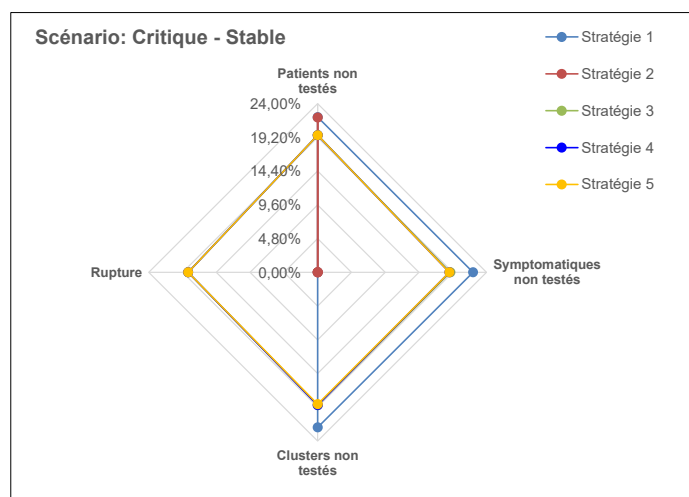


Figure 9 : Résultats pour le scénario « Critique – Stable »

5. Conclusions

Dans cette contribution, après un travail de recherche de données, sur des bases de données publiques françaises, nous avons construit des scénarios de test pour le dépistage d'une population suite à une épidémie comme celle de la COVID-19. Puis, nous avons développé plusieurs stratégies de dépistages fondées sur la théorie des files d'attente. Ensuite, afin d'analyser les études de cas sur des stratégies développées, on a défini quatre critères de minimisation pour l'évaluation ces stratégies : le nombre de patients non-testés, le nombre de profils symptomatiques non-testés, le nombre de jours de rupture et le nombre de patients issus de clusters non-testés.

Bien que notre contribution reste dans le domaine purement numérique (pas médicale), nous avons pu observer les variations dans les résultats selon les types de scénarios et la stratégie adoptée. Tout ceci dans un moment où plusieurs pays passent pour des difficultés au niveau de la stratégie de dépistage à adopter. Clairement, nos résultats indiquent que la façon dont les files d'attente sont organisées, ou bien l'absence de file d'attente impactent fortement les résultats en bout de chaîne. Certaines stratégies comme la 4 et 5 s'inviterait dans une approche de dépistage à grande échelle, alors que la stratégie 2 serait plus intéressante pour un dépistage ciblé. Pour les travaux futurs, on avancera sur les équilibres des différentes stratégies proposés dans cette étude, d'autres critères d'évaluation des stratégies et des modèles et méthodes probabilistes.

6. Références bibliographiques

Abbey H., An examination of the Reed-Frost theory of epidemics. *Human Biology*, 3:201, 1952.

Banque des territoires, <https://www.banquedesterritoires.fr/requisition-les-laboratoiresdepartementaux-enfin-autorises-pratiquer-les-tests-covid-19>, consulté le 24 juin 2020.

Britton T., Stochastic epidemic models: A survey, *Mathematical Biosciences*, 225 (1), 24-35, 2010.

Cascoronavirus, <https://www.cascoronavirus.fr/>, consulté le 24 juin 2020.

Erlang, A.K. Solution of some problems in the theory of probabilities of significance in automatic telephone exchanges. *Post Office Electrical Engineer's Journal*, 10, 189-197, 1917.

Francereinfo, <https://www.francerein.org/region/auvergne/actualite/3-utilisation-des-testsserologiques-de-depistage-du-covid19>, consulté le 11 septembre 2020.

Francetvinfo(a), https://www.francetvinfo.fr/sante/maladie/coronavirus/crise-economique-limpact-sur-l-industrie-risque-d-etre-historique_4023225.html, consulté le 11 août 2020.

Francetvinfo(b), <https://www.francetvinfo.fr/>, consulté le 24 juin 2020.

Futura sciences, <https://www.futura-sciences.com/>, consulté le 25 juin 2020.

Hethcote H. W., Three Basic Epidemiological Models, *Applied Mathematical Ecology*, Editors

Lejournal.cnrs, <https://lejournal.cnrs.fr/articles/covid-19-comment-sont-concus-les-modelesdes-epidemies>, consulté le 21 août 2020.

Levin S. A., Hallam T. G. and Gross L. J., 119-144, 1989.

Sciences et avenir, <https://www.sciencesetavenir.fr/>, consulté le 25 juin 2020.

Statista, <https://fr.statista.com/statistiques/1103533/glisement-annuel-pib-coronavirus-france/>, consulté le 11 août 2020.

Université Johns Hopkins, <https://coronavirus.jhu.edu/map.html>, consulté le 01 septembre 2020.

Vidal,

https://www.vidal.fr/actualites/25280/tests_serologiques_de_la_covid_19_une_interpretation_ui_n_est_pas_si_simple/, consulté le 11 septembre 2020.

Biographie des auteurs



Guillaume Dageons est un étudiant de l'Institut Supérieur d'Etudes Logistiques, en seconde année de cycle ingénieur pour l'année 2020-2021. Il effectue cette contribution dans le cadre d'un stage ingénieur, financé par la SFLog.



Andréa Cynthia Santos est Professeur des Universités à Normandie Université et Directrice Déléguée à la Recherche de l'ISEL (Institut Supérieur d'Études Logistiques). Elle réalise ses travaux de recherche au LITIS-RI2C (Laboratoire d'informatique, de Traitement de l'Information et des Systèmes-Réseaux d'Interaction et Intelligence Collective). Andréa a soutenu sa thèse de doctorat ès Sciences Informatiques en 2006 à PUC-Rio au Brésil et son HDR (Habilitation à diriger des recherches) en 2016 à l'Université de Technologie de Compiègne (UTC). Ses travaux de recherche entrent dans le cadre de la Recherche Opérationnelle appliquée à des problèmes d'optimisation dans le cadre de crises majeures (catastrophe naturelles et industrielles, crises sanitaires) et ville durable, incluant des aspects pluridisciplinaires pour résoudre des problématiques sociotechniques réelles et à l'échelle des villes. Andréa a porté 9 projets de recherche et industriels, la plupart pluridisciplinaire et avec des retombées sur les systèmes existants. Ces projets ont eu une reconnaissance nationale et internationale. Elle a réalisé 33 publications dans des revues internationales, participé à 89 conférences nationales et internationales et a édité 2 volumes spéciaux dans des revues internationales.

MODÉLISATION DE LA PROPAGATION DU VIRUS DE LA COVID-19 EN FRANCE

Melvin Le Galloudec^{1,2}, Cyrille Bertelle¹, M.A. Aziz-Alaoui²

¹Normandie Univ, UNIHAVRE, LITIS, FR-CNRS-3638, ISCN, Le Havre 76600, France
cyrille.bertelle@univ-lehavre.fr

²Normandie Univ, UNIHAVRE, LMAH, FR-CNRS-3335, ISCN, Le Havre 76600, France
aziz.alaoui@univ-lehavre.fr
mel.legalloudec@hotmail.fr

RESUME

Dans cette étude, un modèle de propagation du virus de la Covid-19 en France est proposé afin de permettre la description de la première vague de l'épidémie du printemps 2020. La modélisation proposée consiste à enrichir le système classique SEIR couramment utilisé en épidémiologie mathématique, en prenant en compte plusieurs des caractéristiques essentielles de la crise sanitaire que sont le confinement, la gestion des hospitalisations, notamment les capacités d'accueil dans les hôpitaux. Enfin nous proposons de déployer le modèle obtenu sur un réseau afin de simuler le processus de propagation à l'échelle des régions ou des départements, conformément aux analyses restituées durant la crise sanitaire. Des résultats numériques sont donnés aux différentes étapes de la construction du modèle. La diffusion de l'épidémie sur réseau est simulée à partir des bases de données publiques et à partir d'hypothèses sur les origines de la pandémie. Elle permet de simuler la situation sanitaire nationale en mai 2020. Cette démarche apporte ainsi aux opérationnels des outils d'aide à la décision en s'appuyant sur leurs propres critères d'analyse.

MOTS CLES : Épidémie, Covid-19, modèle mathématique, systèmes complexes, réseaux complexes

ABSTRACT

In this study, a model of the spreading of the Covid-19 virus in France is proposed in order to describe the first wave of the health crisis, in Spring 2020. The proposed modelling consists in enriching the classical SEIR epidemiological system by taking into account some essential characteristics of the health crises: the lockdown and the hospitalization management, notably the capacity in hospitals. Finally, we propose to develop this epidemiological model on a network in order to simulate the spreading process on the scale of regions or departments, in conformity with the analyses established during the crisis. Numerical results are given at each step of the modelling. The spreading of the epidemy on a network is simulated from public data bases and from hypothesis about the origins of the pandemic. It enables to simulate the national crisis situation on May 2020. In this way, this approach provides decision support tools to operational managers by relying on their own analysis criterion.

KEYWORDS: Epidemic, Covid-19, mathematical model, complex systems, complex networks

Ce travail a été soutenu par l'université Le Havre Normandie, par le LMAH, le LITIS et la fédération FR-CNRS-3335 de mathématiques

1. Introduction

Les épidémies sont, depuis la nuit des temps, une source de terreur et de mort pour les Hommes. Nous savons notamment que des paléopathologistes ont découvert que, pendant la Pré-histoire, diverses tribus ont été éteintes à cause de la propagation d'une variante de la peste. D'autres épidémies et pandémies ont marqué l'histoire, par exemple la peste d'Athènes qui frappa la ville éponyme en l'an 430 av. J-C, emportant des dizaines de milliers de vies athéniennes au beau milieu de la guerre du Péloponnèse. Entre les années 541 et 542, la peste de Justinien naît et, au fil des années, emporte plus de 25 million de vies autour du bassin méditerranéen. Constantinople, capitale d'un empire byzantin au paroxysme de sa gloire, perd environ 40% de sa population. On ne peut guère oublier la fameuse Peste Noire qui ravagea l'Europe entre 1346 et 1353 ; emportant près de 40% de la population européenne, elle aura été source d'une raréfaction de la main d'œuvre européenne, d'une pénurie alimentaire de tout le continent et d'un confinement qui perturba la société de l'époque. L'on peut également citer les cas de la Grande Peste de Londres de 1665, la Grande Peste de Marseille de 1720, la Peste Russe de 1770, l'épidémie de grippe de 1889, ou encore la grippe espagnole de 1918 [1].

Ces exemples ne forment qu'une petite partie de la liste d'épidémies qui ont frappé les Hommes depuis toujours. La pandémie de la Covid-19 fait désormais partie de ces événements marquants. Elle restera certainement inscrite dans l'Histoire de l'Humanité du fait de sa diffusion presque synchronisée à l'échelle mondiale, portée par la modernisation et la facilitation des transports et des échanges internationaux. Ce virus, qui serait né en décembre 2019 à Wuhan, en Chine, s'est propagé à travers le monde essentiellement dès le début de l'année 2020. Il se propage de telle sorte que, en septembre 2020, le million de victimes est atteint, et près de 60 million d'individus ont été déclarés infectés. Le virus impacte également l'économie mondiale. En effet, sa propagation exponentielle pousse les états à confiner leurs populations, ce qui impacte directement les échanges internationaux, le tourisme et l'économie en conséquence.

Néanmoins, au XXI^e siècle, les moyens mis en œuvre afin de lutter contre les épidémies se font plus performants que d'antan. En effet, à l'époque de la Peste Noire, les normes d'hygiène étaient moindres et les moyens dont disposait la médecine étaient moins développés. Les virus et autres maladies se propageaient sans que l'on dispose de moyens de contrôle évolués afin de parvenir à les éliminer rapidement. De nos jours, l'équipement médical dont nous disposons ainsi que les normes d'hygiène suffisamment développés permettront certainement de gagner contre ce virus.

Dans cette étude, il est question de se concentrer sur l'un des moyens dont nous disposons afin de comprendre, expliquer et apporter des éléments de prédiction pouvant aider à ralentir, voire inverser la courbe de croissance de la propagation du virus. En effet, grâce à la modélisation épidémiologique, aux systèmes dynamiques et aux réseaux complexes d'interaction, il est possible, en posant diverses hypothèses correspondant aux moyens mis en place - ou à mettre en place -, d'écrire un système d'équations différentielles dans lequel la solution correspond à l'évolution de différentes catégories de sous-population établies suivant leur état face à la pandémie (Susceptible, Infecté, Rétabli, etc...). **C'est dans cette optique que cette étude est menée, en tenant compte des effets de retard et d'incubation inhérents à cette maladie. Différentes simulations numériques viennent ensuite apporter des éléments d'explication quant à l'évolution de l'épidémie selon les différentes stratégies adoptées.**

La suite de cette étude est organisée de la manière suivante. Dans un premier temps seront

abordés le contexte dans lequel le virus a progressé en France, ainsi que les différentes stratégies mises en place par le gouvernement français afin de contenir la pandémie. Dans un deuxième temps sera présenté le modèle mathématique permettant la simulation de l'évolution des différentes catégories de population. Dans un troisième temps, le modèle est déployé sur un réseau complexe décrivant les modalités de diffusion spatiale de l'épidémie. Des simulations numériques sont ensuite appliquées au cas particulier du réseau des régions françaises. Une comparaison sera alors établie entre les résultats obtenus et les chiffres observés pendant la pandémie. Pour conclure seront présentées les limitations et les perspectives d'évolution de ce travail.

2. Contexte de la propagation de la Covid-19 en France

La Covid-19, *SARS-Cov-2* ou encore *Corona Virus Disease 2019* est une infection transmise par la famille des coronavirus. Certains de ses symptômes sont relativement similaires à ceux d'une grippe (fièvre, fatigue, toux sèche, ...), pouvant rendre confus les diagnostics des médecins lors de l'apparition du virus. D'autres symptômes peuvent cependant apparaître, tels que la perte du goût et de l'odorat, des conjonctivites, ou des difficultés à respirer et des sensations d'oppression au niveau de la poitrine dans les cas les plus graves (OMS, 2020).

Les premiers infectés en France auraient été détectés en janvier 2020. Dès lors, le virus s'est propagé petit à petit à travers le pays. L'un des premiers foyers les plus importants a été identifié dans la région Grand-Est, la Covid-19 a ensuite, et en quelques mois, atteint la France entière avec une diffusion plus ou moins forte dans ses différentes régions. La propagation du virus est telle que la pandémie est déclarée le 11 mars 2020 par l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS). Six jours plus tard, le 17 mars 2020, la France est confinée afin de freiner les risques de transmission. En effet, bien que les cas graves fussent rares, le nombre d'individus placés en réanimation à l'hôpital ne cessait de croître, si bien qu'une saturation apparaissait progressivement dans les hôpitaux. À l'exception des individus dont les emplois représentaient une nécessité majeure pour le pays (grande distribution, production de matières premières, forces de l'ordre, pompiers, personnels de santé, ...), les déplacements des Français étaient restreints aux motifs tels que le ravitaillement, les rendez-vous médicaux, les sorties sportives (limitées à une heure et à un rayon d'un kilomètre autour du domicile), les problèmes de famille impérieux, les convocations judiciaires et les missions d'intérêt général. Ce confinement dura deux mois ; il fut levé le 11 mai 2020 avec l'instauration d'une phase de dé-confinement.

Afin d'étudier la propagation du virus pendant la crise sanitaire, les spécialistes ont analysé les chiffres locaux, région par région. Toutefois, ces analyses se sont avérées complexes par l'intervention de plusieurs éléments contextuels perturbateurs. Tout d'abord, la période d'incubation relativement longue. En effet, pendant cette période, les individus infectés peuvent ne montrer aucun symptôme, tout en étant contagieux. De manière plus générale, le nombre très important d'individus asymptomatiques, c'est-à-dire des individus infectés par le virus mais ne souffrant d'aucun symptôme même une fois la période d'incubation achevée, a engendré non seulement une propagation plus importante comme expliqué précédemment, mais il a également conduit à de très nombreux doutes et incertitudes quant au nombre d'individus infectés, si bien que l'estimation précise de la propagation du virus était très difficile. Les déplacements inter-régionaux ou internationaux des individus ont également grandement facilité la propagation du virus avant qu'ils ne soient progressivement stoppés aux échelles nationales et internationales.

À partir du 25 février 2020, en France, toute personne infectée ou à risque et connue est automatiquement confinée. Afin de confiner ces individus, il est ainsi indispensable de les

identifier pour les isoler. C'est dans cette optique que des tests de dépistage ont été mis en circulation. Cependant, les cas asymptomatiques compliquent la tâche, la population entière ne pouvant être testée vu le nombre limité de tests disponibles à cette époque.

Le nombre de lits équipés en moyens de réanimation étant limité et la période d'hospitalisation relativement longue ont conduit à des saturations des hôpitaux malgré la déprogrammation de nombreuses opérations relatives à d'autres pathologies. Le confinement avait donc pour fonction essentielle d'empêcher la saturation des hôpitaux et de leurs services de réanimation.

3. Modèle épidémiologique non spatialisé

La littérature sur l'épidémiologie mathématique est très riche. Un des premiers articles de référence est donné dans [7]. Plusieurs travaux ont été publiés sur la pandémie actuelle de la Covid-19, voir par exemple [8, 9, 10] et les références qui y sont citées.

Dans ce travail, nous proposons un modèle épidémiologique enrichi par la prise en compte du confinement et de la limitation due au nombre limité de places dans les hôpitaux, qui sont les éléments essentiels qui ont caractérisé la crise sanitaire. Dans un premier paragraphe, on développe le modèle non spatial. Dans le paragraphe suivant, le modèle est spatialisé en le portant sur un réseau dans lequel les nœuds correspondent à des villes ou des régions, et les couplages correspondent à des déplacements entre ces nœuds.

3.1. Construction du modèle non spatialisé

Tout d'abord, cette modélisation est basée sur les techniques utilisées usuellement en épidémiologie mathématique en séparant les individus en plusieurs compartiments : susceptibles (S, individus sains pouvant être contaminés), exposés (E, stade intermédiaire), infectés (I) et rétablis (R, individus guéris et temporairement immunisés). Ces modèles décrivent l'évolution temporelle des échanges et des interactions entre ces compartiments. Nous proposons de les enrichir afin de prendre en compte le confinement des populations et les capacités d'accueil des malades dans les hôpitaux.

- *Modèle SEIR classique*

On donne ci-dessous le modèle à compartiments classique SEIR :

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = \alpha R - \beta SI \\ \frac{dE}{dt} = \beta SI - \varepsilon E \\ \frac{dI}{dt} = \varepsilon E - \gamma I - \mu I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \alpha R \end{array} \right.$$

Dans ce modèle, la population S représente les individus sains et susceptibles d'être contaminés par contact avec un individu de la population I (population des infectés), cette contamination se faisant à un taux défini par le paramètre β . Les individus contaminés passent d'abord par un état transitoire E (individus exposés) afin de tenir compte de la situation où ils sont

dans une situation d'incubation : ils ne sont pas contagieux. Une proportion ϵ des individus exposés deviennent infectés et sont comptés dans la population I. Une proportion γ des individus infectés guérissent : ils ne font donc plus partie du compartiment I mais sont comptabilisés dans le compartiment R où ils sont temporairement immunisés. Enfin, une proportion α des individus guéris du compartiment R perdent leur immunité et redeviennent susceptibles d'être infectés : ils sont alors comptabilisés dans la population S. Par ailleurs, nous ne prenons pas en compte la mortalité naturelle, mais seulement celle due au virus. Ainsi, une proportion de la population I meurt avec un taux μ .

- **Modèle SEIR avec confinement**

L'instauration d'un confinement vise à réduire les contacts entre les individus sains et les individus infectés. Dans les équations précédentes, le confinement va agir sur le terme de propagation βSI pour freiner la maladie. Ainsi, une proportion c_S de la population S sera confinée, seule la partie non confinée de la population S, notée S^* , intervient dans le terme de propagation : $S^* = (1 - c_S)S$. De même pour la population I, seule la partie non confinée de la population I, notée I^* , intervient dans le terme de propagation : $I^* = (1 - c_I)I$. Le modèle SEIR avec confinement s'écrit alors :

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = \alpha R - \beta S^* I^* \\ \frac{dE}{dt} = \beta S^* I^* - \epsilon E \\ \frac{dI}{dt} = \epsilon E - \gamma I - \mu I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \alpha R \end{array} \right.$$

En conséquence, le nouveau modèle avec confinement s'écrit :

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = \alpha R - \beta(1 - c_S)(1 - c_I)SI \\ \frac{dE}{dt} = \beta(1 - c_S)(1 - c_I)SI - \epsilon E \\ \frac{dI}{dt} = \epsilon E - \gamma I - \mu I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \alpha R \end{array} \right.$$

Par ailleurs, l'ensemble de la population susceptible ne peut être confiné : une partie continue à travailler (forces de l'ordre, pompiers, personnels de santé, ...). De ce fait, c_S est strictement plus petit que 1. Remarquons qu'une application stricte du confinement pour tous les infectés conduirait à $c_I=1$. Dans la situation de la Covid-19, on ne peut détecter tous les infectés, puisqu'une grande proportion est asymptomatique, c_I est ainsi strictement plus petit que 1.

- **Modèle SEIHR : prise en compte du confinement et de l'hospitalisation contrôlée**

Nous enrichissons le modèle en y incorporant le compartiment correspondant à la population d'individus hospitalisés, qui est donc isolée et complètement confinée. Comme nous l'avons expliqué précédemment, le nombre de places dans les hôpitaux est limité, nous conduisant

ainsi à définir un seuil maximal d'hospitalisation, H_{max} et la fonction $f(H, H_{max}) = e^{1 - (\frac{H_{max}}{H_{max} - H})^q}$, où H est le nombre d'hospitalisés au temps t et q un paramètre arbitraire qui caractérise la manière de contrôler l'anticipation de la saturation des hôpitaux. Cette fonction permet d'exprimer le fait que plus le nombre d'hospitalisés est important, moins il y a de places disponibles, faisant diminuer le nombre de nouveaux patients admis.

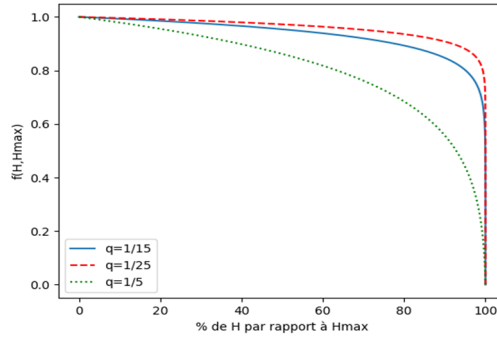


Figure 1 : Représentation des valeurs de la fonction d'hospitalisation $f(H, H_{max})$ en fonction de la proportion d'hospitalisés par rapport au seuil maximal d'hospitalisations possibles H_{max} , ici $H_{max} = 100$. Cette illustration donne la fonction f pour 3 valeurs de q , $q = 1/15$ (courbe bleue continue), $q=1/25$ (tirets rouges) et $q=1/5$ (pointillés verts) arbitrairement.

Sur cette figure, on observe que plus le nombre d'hospitalisés augmente, plus la fonction d'hospitalisation décroît. Ainsi, plus le nombre de places disponibles dans les hôpitaux se fait rare, plus le nombre de nouveaux patients admis à l'hôpital baisse. Par exemple, pour une proportion d'environ 99% de places occupées dans les hôpitaux, les nouvelles admissions sont proches de 0. Ces nouvelles hypothèses conduisent donc au modèle suivant :

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = \alpha R - \beta(1 - c_s)(1 - c_i)SI \\ \frac{dE}{dt} = \beta(1 - c_s)(1 - c_i)SI - \varepsilon E \\ \frac{dI}{dt} = \varepsilon E - \gamma_I I - \lambda f(H, H_{max})I - \mu_I I \\ \frac{dH}{dt} = \lambda f(H, H_{max})I - \gamma_H H - \mu_H H \\ \frac{dR}{dt} = \gamma_I I + \gamma_H H - \alpha R \end{array} \right.$$

où :

- γ_I et γ_H correspondent respectivement au taux de guérison des individus infectés et des individus hospitalisés ;
- μ_I et μ_H correspondent respectivement au taux de mortalité des individus infectés et des individus hospitalisés ;
- λ correspond au taux d'individus nécessitant une hospitalisation.

3.2. Résultats numériques

Dans ce paragraphe, des simulations numériques sont effectuées à partir du dernier modèle proposé, intégrant le confinement et l'hospitalisation contrôlée en fixant les valeurs des paramètres de la manière suivante :

- Le paramètre de contagion $\beta = 0,65$;
- Les paramètres de confinement $c_S = 0,4$ (susceptibles) et $c_I = 0,5$ (infectés) ;
- Le taux de fin d'immunité $\alpha = 0$, on considère donc que les individus rétablis ne peuvent plus être infectés ;
- Le taux de passage à l'état infecté $\varepsilon = 0,7$;
- Le taux de guérison des infectés $\gamma_I = 0,2$;
- Le taux de mortalité des infectés $\mu_I = 0,00001$;
- Le coefficient d'hospitalisation $\lambda = 0,015$;
- Le seuil d'hospitalisation $H_{\max} = 0,006$ et $q = 1/5$;
- Le taux de guérison des hospitalisés $\gamma_H = 0,001$;
- Le taux de mortalité des hospitalisés $\mu_H = 0,033$ ($\mu_I \ll \mu_H$, on considère naturellement que les cas les plus graves sont dans la catégorie des hospitalisés).

Dans la suite, nous allons regarder l'impact de plusieurs paramètres importants du modèle.

a- Impact du paramètre de contagion

Nous étudions dans ce paragraphe l'impact du paramètre de contagion sur la dynamique de l'épidémie.

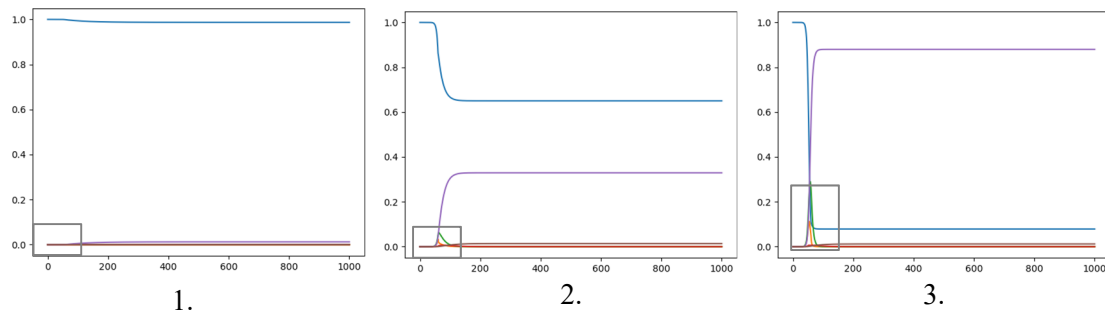


Figure 2 : Courbes représentant l'évolution des différents compartiments dans le temps dans le cas où $\beta = 0,5$ (sous-figure 1.), $\beta = 0,65$ (sous-figure 2.) et $\beta = 0,8$ (sous-figure 3.). Les courbes bleues représentent les susceptibles, les violettes les rétablis, les vertes les infectés, les marron les décédés, les orange les exposés, les rouges les hospitalisés. Les petits rectangles seront élargis dans la figure suivante.

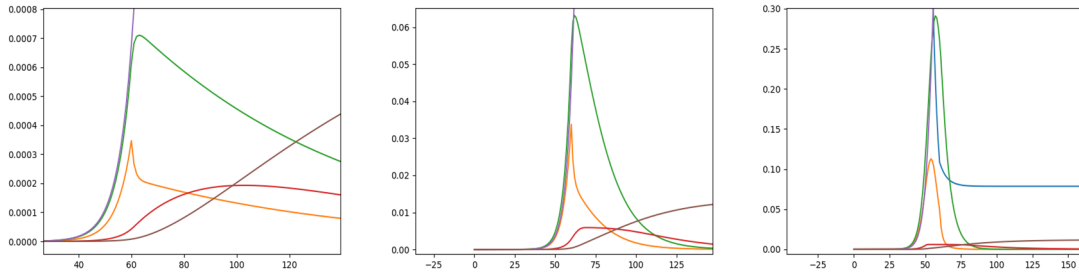


Figure 3 : Élargissement des courbes précédentes.

Les figures 2 et 3 illustrent le fonctionnement du paramètre de contagion β . En augmentant ce dernier, le nombre d'individus infectés augmente (la courbe verte de la dernière sous-figure de la figure 2 présente un pic plus élevé et un nombre bien plus faible d'individus susceptibles). Dans le cas où ce coefficient diminue, les effets contraires sont observés (voir la première sous-figure des figures 2 et 3).

b- Impact des paramètres de confinement

Nous étudions dans ce paragraphe l'impact des paramètres de confinement c_S et c_I sur la dynamique de l'épidémie.

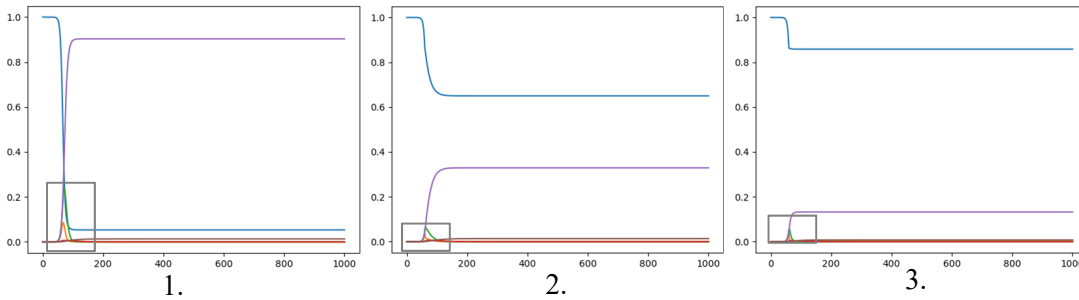


Figure 4 : Courbes représentant l'évolution temporelle des différents compartiments, dans le cas où $c_S = 0$ et $c_I = 0$ (sous-figure 1), $c_S = 0,4$ et $c_I = 0,6$ (sous-figure 2), $c_S = 0,8$ et $c_I = 0,9$ (sous-figure 3). Les courbes bleues représentent les susceptibles, les violettes les rétablis, les vertes les infectés, les marron les décédés, les orange les exposés, les rouges les hospitalisés. Les petits rectangles seront élargis dans la figure suivante.

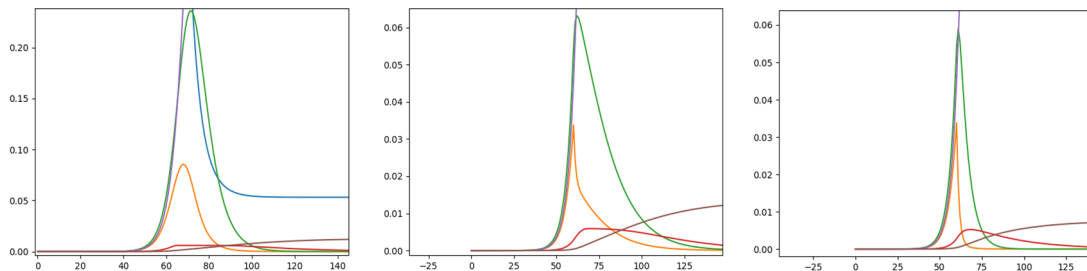


Figure 5 : Élargissement des courbes précédentes.

Les figures 4 et 5 illustrent le fait que diminuer les paramètres de confinement c_S et c_I fait naturellement diminuer le nombre de contaminations (la courbe bleue des susceptibles est d'amplitude plus élevée dans la sous-figure 1). Les augmenter produit l'effet inverse (dans la sous-figure 3, environ 85% de la population initiale n'a pas été frappée par le virus, contre 5% dans la sous-figure 1 et 65% dans la sous-figure 2). Contrairement au cas du modèle sans confinement, dans lequel la force d'infection change avec le paramètre de contagion β , pour le modèle avec confinement, sans modifier β on peut contrôler la propagation de l'épidémie grâce aux paramètres de confinement c_S et c_I . Modifier ces derniers impacte cette propagation (voir figure 4).

c- Impact du taux d'hospitalisation : λ

Dans ce paragraphe, nous étudions l'impact du paramètre d'hospitalisation sur la dynamique de l'épidémie.

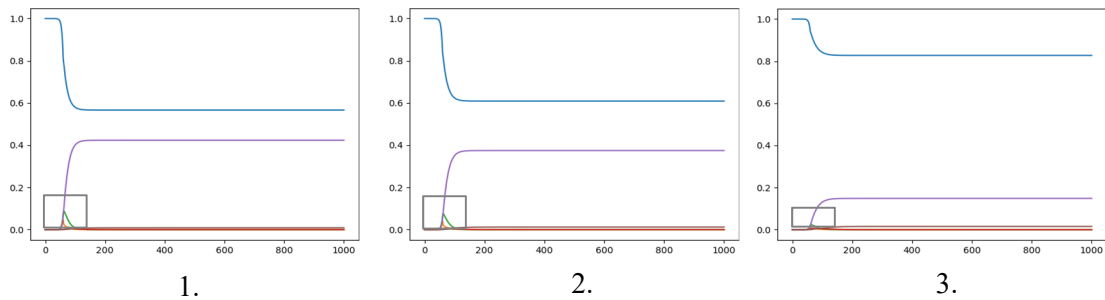


Figure 6 : Courbes représentant l'évolution temporelle des différents compartiments dans le cas où $\lambda = 0,005$ (sous-figure 1), $\lambda = 0,01$ (sous-figure 2) et $\lambda = 0,04$ (sous-figure 3). Les courbes bleues représentent les susceptibles, les violettes les rétablis, les vertes les infectés, les marron les décédés, les orange les exposés, les rouges les hospitalisés.

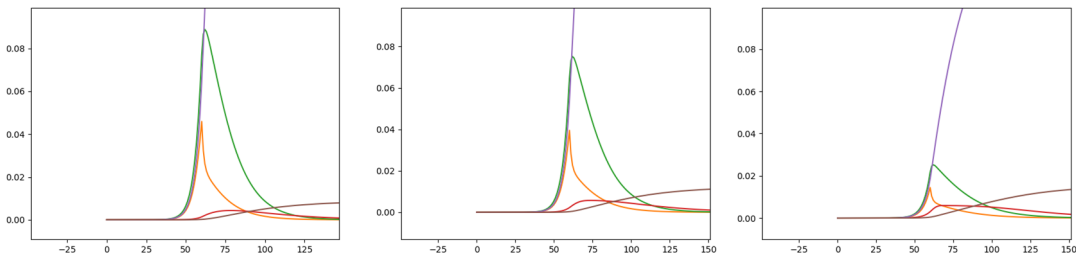


Figure 7 : Élargissement des courbes précédentes.

Les figures 6 et 7 illustrent le fait qu'augmenter le paramètre d'hospitalisation entraîne une baisse de la contagion (la courbe bleue des susceptibles est plus élevée dans la sous-figure 3 de la figure 6).

4. Modèle spatialisé dans un réseau

Le modèle précédent permet de décrire une propagation d'une épidémie sans prendre en compte les effets de la mobilité des individus. Assez rapidement, certaines données de la crise de

la Covid-19 en France ont été récoltées région par région. La question soulevée au moment du dé-confinement était de comprendre comment la mobilité entre les régions allait impacter la dynamique de l'épidémie. Une manière de modéliser cette problématique, en cohérence avec les données récoltées par région, consiste à déployer le modèle local précédent (donné pour un seul nœud) sur un réseau où chaque nœud correspond à une région du pays, les arêtes modélisant la mobilité entre ces régions. Ainsi, la modélisation de la propagation du virus sur le territoire français conduit à un système de 18 sous-systèmes, autant que de régions, c'est-à-dire à 18x5 équations différentielles couplées. De manière générale, lorsque l'on souhaite modéliser la propagation du virus dans un réseau de N nœuds, il faut déployer un système de N sous-systèmes différentiels ($N \times 5$ équations différentielles).

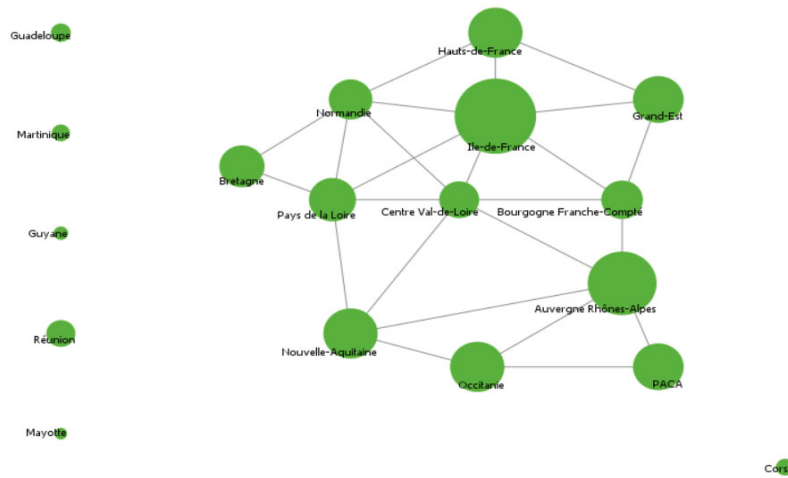


Figure 8 : Représentation du réseau des 18 régions françaises, graphe pour lequel les nœuds désignent les régions et les arêtes les liens entre ces régions.

Une arête sur le réseau traduit un flux possible d'individus entre 2 nœuds du réseau et correspond à un terme de couplage dans les deux systèmes d'équations décrivant l'épidémie sur chacun des 2 nœuds.

Pour illustrer le principe du couplage des nœuds d'un réseau, on donnera l'exemple d'un réseau de 2 nœuds dans un modèle SIR classique (voir paragraphe 3) :

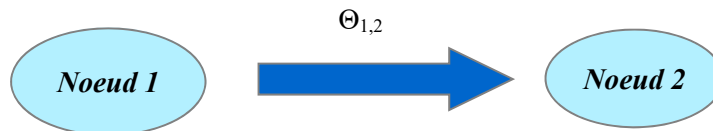


Figure 9 : Illustration d'un couplage entre deux nœuds. La flèche correspond à un flux de population. Le coefficient $\Theta_{1,2}$ représente la proportion d'individus se déplaçant du nœud 1 vers le nœud 2.

Dans l'illustration précédente, on considère que le virus circule dans chacun des nœuds (i.e. dans chaque région). Afin de se concentrer sur l'explication du couplage et pour l'exemple, un modèle SIR sera utilisé dans chaque nœud. On considère qu'une proportion $\Theta_{1,2}$ de la population du nœud 1 se déplace vers le nœud 2. On suppose aussi qu'un temps τ est nécessaire

afin d'effectuer le trajet. On obtient alors le modèle suivant :

$$\begin{cases} \frac{dS_1(t)}{dt} = \alpha R_1(t) - \beta S_1(t)I(t) - \theta_{1,2}S_1(t) \\ \frac{dI_1(t)}{dt} = \beta S_1(t)I_1(t) - \gamma I_1(t) - \mu I_1(t) - \theta_{1,2}I_1(t) \\ \frac{dR_1}{dt} = \gamma I_1(t) - \alpha R_1(t) - \theta_{1,2}R_1(t) \end{cases}$$

$$\begin{cases} \frac{dS_2}{dt} = \alpha R_2(t) - \beta S_2(t)I_2(t) + \theta_{1,2}S_1(t-\tau) \\ \frac{dI_2}{dt} = \beta S_2(t)I_2(t) - \gamma I_2(t) + \mu I_2(t) + \theta_{1,2}I_1(t-\tau) \\ \frac{dR_2}{dt} = \gamma I_2(t) - \alpha R_2(t) + \theta_{1,2}R_1(t-\tau) \end{cases}$$

Sur un réseau à N nœuds, on procédera de même en introduisant un terme de couplage entre 2 nœuds dès qu'une arête est présente sur le réseau. Une arête non orientée entre un nœud i et un nœud j (comme sur le réseau des régions françaises de la figure 8) correspond à deux flux allant de i vers j et de j vers i .

Enfin, on introduit un temps de déplacement des individus. Cela signifie que les individus quittant un nœud n n'atteindront leur destination qu'après un certain laps de temps correspondant au temps de déplacement. Il s'agit ainsi d'introduire ce retard dans le système ; le système d'EDO (équations différentielles ordinaires) devient alors un système d'EDR (équations différentielles à retard).

On obtient ainsi un système constitué de N sous-systèmes d'équations différentielles à retard couplées. On donne ci-dessous une écriture simplifiée de ce modèle :

$$\begin{cases} \frac{dS_i(t)}{dt} = \alpha_i R_i(t) - \beta_i(1 - c_{S,i})(1 - c_{I,i})S_i(t)I_i(t) + \sum_{j=1}^N \delta_{i,j}(-\theta_{i,j}(1 - c_{S,i})S_i(t) + \theta_{j,i}(1 - c_{S,j})S_j(t-\tau)) \\ \frac{dE_i(t)}{dt} = \beta_i(1 - c_{S,i})(1 - c_{I,i})S_i(t)I_i(t) - \epsilon_i E_i(t) + \sum_{j=1}^N \delta_{i,j}(-\theta_{i,j}(1 - c_{S,i})E_i(t) + \theta_{j,i}(1 - c_{S,j})E_j(t-\tau)) \\ \frac{dI_i(t)}{dt} = \epsilon_i E_i(t) - \gamma_{I,i}I_i(t) - \lambda_i f(H_i(t), H_{max})I_i(t) - \mu_{I,i}I_i(t) + \sum_{j=1}^N \delta_{i,j}(-\theta_{i,j}(1 - c_{I,i})I_i(t) + \theta_{j,i}(1 - c_{I,j})I_j(t-\tau)) \\ \frac{dH_i}{dt} = \lambda_i f(H_i(t), H_{max})I_i(t) - \gamma_{H,i}H_i(t) - \mu_{H,i}H_i(t) \\ \frac{dR_i(t)}{dt} = \gamma_{I,i}I_i(t) + \gamma_{H,i}H_i(t) - \alpha_i R_i(t) + \sum_{j=1}^N \delta_{i,j}(-\theta_{i,j}(1 - c_{S,i})R_i(t) + \theta_{j,i}(1 - c_{S,j})R_j(t-\tau)) \end{cases}$$

où :

- $i = 1, \dots, N$;
- S_i , E_i , I_i , H_i et R_i représentent respectivement les taux d'individus susceptibles, exposés, infectés, hospitalisés et rétablis dans le nœud i ;
- α_i représente le taux de fin d'immunité dans le nœud i ;
- β_i représente le taux de transmission du virus dans le nœud i ;
- $c_{S,i}$ et $c_{I,i}$ représentent respectivement le taux de confinement des individus susceptibles et le taux de confinement des individus infectés dans le nœud i ;
- ϵ_i correspond au taux d'exposition dans le nœud i ;
- $\gamma_{I,i}$ et $\gamma_{H,i}$ correspondent respectivement au taux de guérison des individus infectés et au taux de guérison des individus hospitalisés dans le nœud i ;

- $\mu_{I,i}$ et $\mu_{H,i}$ correspondent respectivement au taux de mortalité des individus infectés et au taux de mortalité des individus hospitalisés dans le nœud i ;
- λ_i correspond au taux d'hospitalisation dans le nœud i ;
- $f(H_i, H_{max})$ correspond à la fonction d'hospitalisation dans le nœud i . Ici,

$$f(H_i, H_{max}) = e^{1 - \left(\frac{H_{max}}{H_{max} - H_i}\right)^{\frac{1}{5}}}$$
- $\delta_{i,j} = 1$ si les nœuds i et j sont connectés, 0 sinon ;
- $\theta_{i,j}$ correspond au taux de déplacement de la population du nœud i vers le nœud j ;
- τ correspond au temps de déplacement (on suppose ici que le temps de déplacement est invariant pour tout couple de nœuds i et j) ;
- N correspond au nombre total de nœuds dans le réseau.

5. Simulations numériques : applications au réseau des régions françaises

Le modèle de propagation du virus de la Covid-19 présenté ci-dessous est appliqué au réseau des régions de France. Les nœuds représentent donc les régions, et on décide de relier deux nœuds si les deux régions associées sont voisines (elles doivent avoir une frontière en commun). Afin de valider notre modèle, il est nécessaire de comparer les résultats numériques qu'il exhibe aux données factuelles sur l'épidémie connues auparavant. Une situation particulière sera analysée. Il s'agit de celle qui précède le dé-confinement et qui correspond à la période de confinement (mars – mai 2020).

Toutefois, afin d'être réaliste, il est essentiel de fixer les différents paramètres du modèle en s'inspirant des vraies données factuelles. On sait d'ores et déjà que $N = 18$; la France est composée de 18 régions distinctes. On associe à chaque région un numéro que l'on donne ci-dessous :

1 : Hauts-de-France	2 : Normandie
3 : Ile-de-France	4 : Grand-Est
5 : Bretagne	6 : Pays de la Loire
7 : Centre-Val de Loire	8 : Bourgogne-Franche-Comté
9 : Nouvelle-Aquitaine	10 : Occitanie
11 : Auvergne-Rhône-Alpes	12 : Provence-Alpes-Côte d'Azur
13 : Corse	14 : Guadeloupe
15 : Martinique	16 : Guyane
17 : Réunion	18 : Mayotte

Ainsi, on fixe un temps t_0 à partir duquel le confinement est mis en place, puis on donne les différentes valeurs de paramètres utilisées pour les simulations numériques :

- Les paramètres de contagion $\beta = 0,7$ dans tous les nœuds ;
- Les paramètres de confinement $c_s = 0,4$ et $c_l = 0,5$ dans tous les nœuds ;
- Le taux de fin d'immunité $\alpha = 0$;
- Le taux de passage à l'état infecté $\varepsilon = 0,7$;
- Le taux de guérison des infectés $\gamma_I = 0,2$;
- Le taux de mortalité des infectés $\mu_I = 0,00005$;
- Le coefficient d'hospitalisation $\lambda = 0,005$;

- Le seuil d'hospitalisation maximal $H_{\max} = 0,033$;
- Le taux de guérison des hospitalisés $\gamma_H = 0,001$;
- Le taux de mortalité des hospitalisés $\mu_H = 0,033$;
- Le déplacement des individus est donné par $\theta_{ij} = 0,01$ pour tous les nœuds i et j .

Enfin, afin de lancer une simulation, il est nécessaire de préciser les conditions initiales, c'est-à-dire la valeur des variables S_i , E_i , I_i , H_i et R_i au temps $t=0$. On suppose alors qu'on exécute le programme partant d'un seul individu infecté (patient zéro) se trouvant dans la région Grand-Est (région 4). Ainsi, la condition initiale est :

$$\begin{cases} S_i(t=0) = 1 ; E_i(t=0) = I_i(t=0) = H_i(t=0) = R_i(t=0) = 0 \forall i \neq 4 \\ S_4(t=0) = 0,999 ; I_4(t=0) = 0,001 ; E_4(t=0) = H_4(t=0) = R_4(t=0) = 0 \end{cases}$$

Les résultats numériques suivants sont alors obtenus :

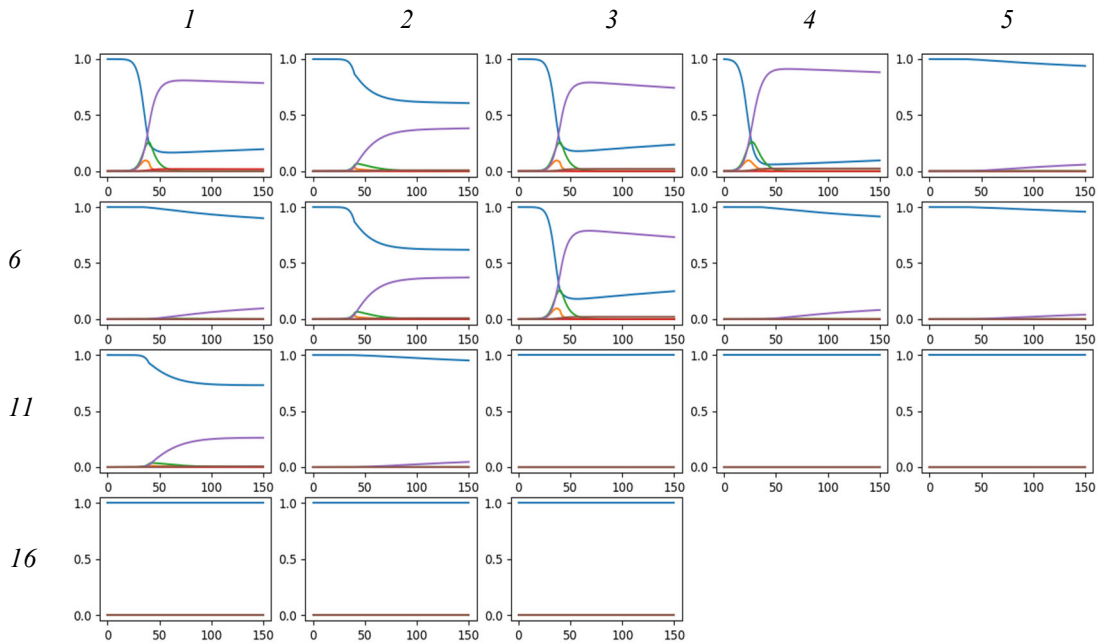


Figure 10 : figures représentant l'évolution temporelle des différentes populations d'individus selon leurs régions. Chacune est numérotée selon leurs régions, de 1 à 18. Les courbes bleues représentent les individus susceptibles ; les courbes violettes les individus rétablis ; les courbes vertes les individus infectés ; les courbes marron les individus décédés, les courbes rouges les individus exposés. Dans ces simulations, il est supposé que les déplacements s'effectuent de proche en proche entre les régions (sans saut aérien par exemple). Les régions contiguës à la région Grand-Est dans laquelle l'épidémie est supposée avoir démarré, semblent, ici, plus contaminées que les autres.

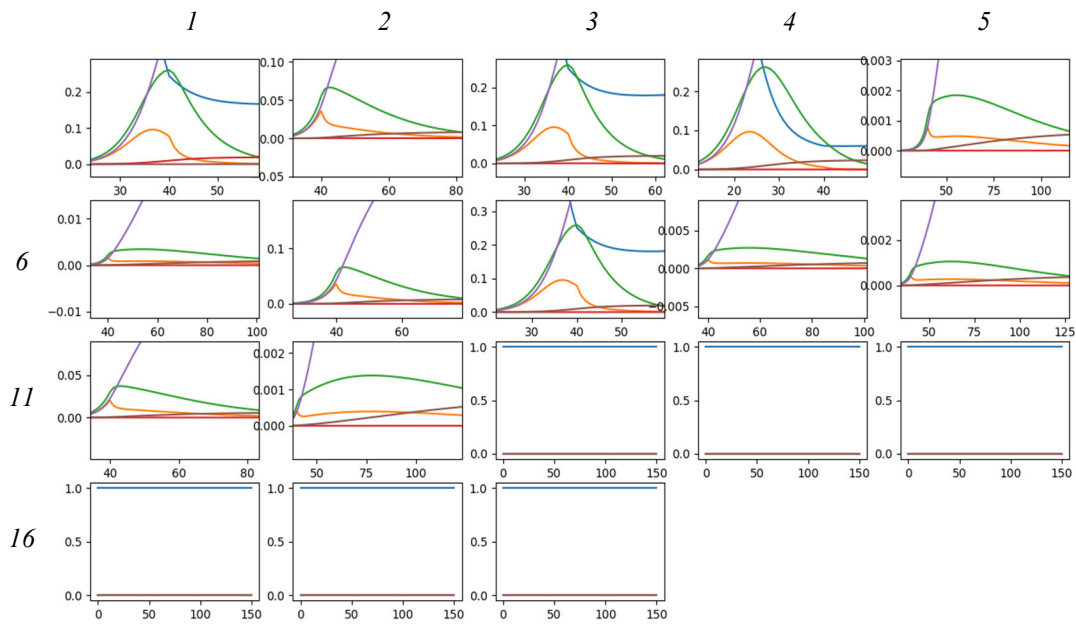


Figure 11 : Agrandissements au voisinage de 0 des courbes précédentes.

On remarque que les résultats précédents sont exagérés par rapport à la propagation réelle du virus. Toutefois, il est possible d'identifier les régions en zone rouge présentées en mai 2020 en préparation à la levée du confinement. Il est aussi possible d'obtenir la distribution des départements en zones vertes et rouges. En effet, en attribuant des couleurs en fonction de la propagation du virus, on obtient l'équivalent de la carte présentée le 7 mai 2020 :

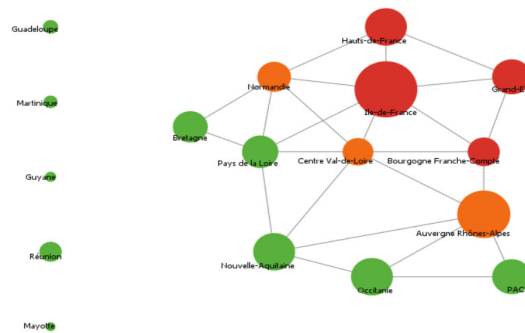


Figure 12 : Carte des régions de France classées en zones rouges, orange ou vertes d'après les résultats numériques obtenus précédemment. Carte obtenue grâce au logiciel Netlogo.

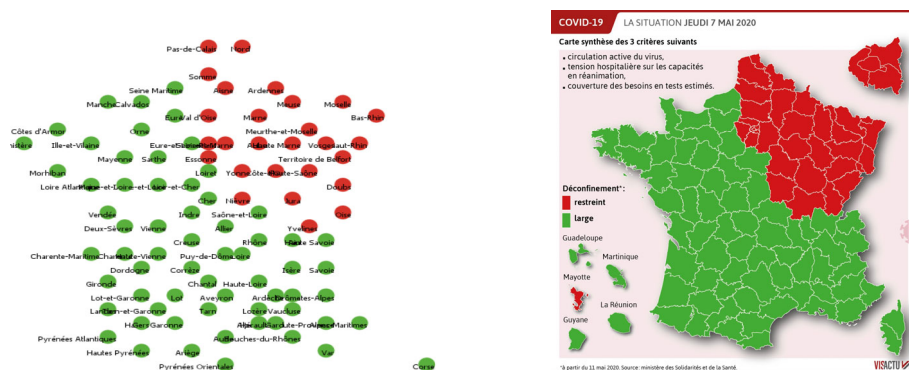


Figure 13 : Carte obtenue sous Netlogo après simulation numérique du modèle (à gauche) et carte officielle du 7 mai 2020 (à droite) des régions de France classées en zones rouges ou vertes selon le taux d'infection, la correspondance est claire.

On remarque donc que nos résultats numériques coïncident fortement avec la carte officielle des données factuelles juste avant le dé-confinement.

6. Conclusion et perspectives

Dans cette étude, nous avons présenté une extension des modèles mathématiques classiques en épidémiologie pour intégrer le confinement et la limitation d'accueil dans les hôpitaux. En déployant ces modèles locaux sur des réseaux, il est possible de les spatialiser en représentant les mobilités entre les nœuds de ces réseaux. Nous avons ainsi produit des simulations numériques qui permettent de retrouver la situation de propagation du virus de la Covid-19 à l'échelle des régions françaises telle que décrite en mai 2020.

Ces modèles permettraient aussi de simuler l'impact de l'introduction d'un vaccin conférant une période d'immunité paramétrable aux bénéficiaires, en adaptant le paramètre α . Grâce à la prise en compte de la diffusion spatiale dans le modèle, on pourrait suggérer des stratégies de vaccination et de confinement partiel ciblées et d'en mesurer leur efficacité. Nous avançons actuellement sur des extensions du modèle dans cet objectif.

7. Références bibliographiques

Historique des épidémies : <https://wukali.fr/2020/04/30/epidemies-et-pandemies-de-la-prehistoire-jusquau-covid-19/5805/>, consulté en novembre 2020.

OMS, <https://www.who.int/fr/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019>, consulté en novembre 2020.

Xinchu F. U., Small M., Chen G. Propagation Dynamics on Complex Network, Wiley, 2014.

Draief M.; Massouli L. Epidemics and rumours in complex networks, Cambridge University Press, 2009.

Juliette Rouchier J., Barbet V. La Diffusion de la Covid-19. Que peuvent les modèles ? Editions matériologiques, 2020.

Le Galloudec M. Impact de structures de réseaux complexes sur des modèles en épidémiologie, Université Le Havre Normandie, 2020.

Kermack, W.O., McKendrick, A. G. A contribution to the mathematical theory of epidemics. Proc. R. Soc. Lond. Ser. A Contain. Pap. Math. Phys. Character, 115, 700–72, 1927.

Ambrosio B., Aziz-Alaoui M. On a coupled time-dependent SIR models fitting with New York and New-Jersey states COVID-19 data, in Biology, Vol. 9(6), 135, 2020.

Baud, D., Qi, X., Nielsen-Saines, K., Musso, D., Pomar, L., Favre, G. Real estimates of mortality following COVID-19 infection. Lancet Infect. Dis., 2020.

Roques, L., Klein, E.K., Papaïx, J., Sar, A., Soubeyrand, S. Using Early Data to Estimate the Actual Infection Fatality Ratio from COVID-19 in France. *Biology*, 9, 97, 2020.

Biographie des auteurs



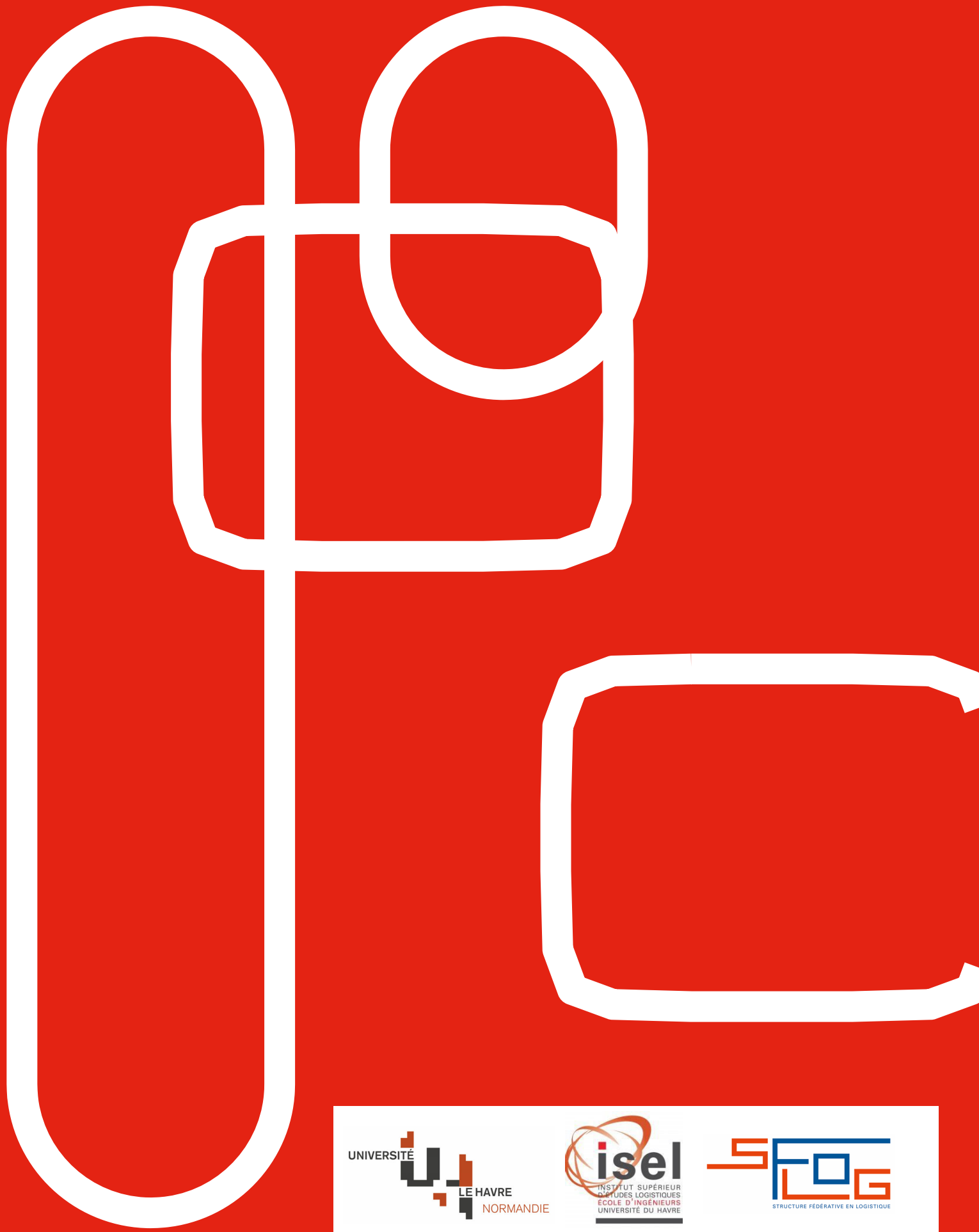
Melvin Le Galloudec a récemment obtenu son diplôme de Master Mathématiques et Applications, option Modélisation et Analyse des Systèmes Complexes (MASC) à Le Havre Normandie. Cette contribution est inspirée de son travail de mémoire portant sur l'impact de structures de réseaux complexes sur des modèles en épidémiologie, dans lequel ce modèle de propagation du virus de la Covid-19 a été étudié.



Cyrille Bertelle est professeur des universités en Informatique à l'université Le Havre Normandie depuis 2005. Il a cofondé avec M.A. Aziz-Alaoui l'institut des systèmes complexes en Normandie. Il est co-coordonateur de l'UniTwin Unesco Complex Systems Digital Campus. Il dirige actuellement la structure fédérative de recherche en Logistique, SFLog et préside le GIS "Institut pour une logistique intelligente en Vallée de Seine". Ses activités de recherche portent sur la modélisation et la simulation des systèmes et réseaux complexes appliqués aux systèmes territoriaux et logistiques afin de produire des outils d'analyse et de reconstruction numérique de la complexité des territoires pour l'ingénierie de l'intelligence territoriale. Il est auteur de plus de 45 publications en revues scientifiques internationales et plus de 100 communications en conférences internationales. Il est coordinateur de 3 livres chez Springer Verlag. Il a été invité comme keynote speaker dans une dizaine de conférences internationales (Paris, Portugal, China, Roumanie, Jordan, Algérie, Tunisie, Corée, Espagne, UK). Il a dirigé 18 thèses de doctorat.



M.A. Aziz-Alaoui est professeur à l'Université de Le Havre Normandie, directeur du laboratoire de mathématiques appliquées du Havre (LMAH FR-CNRS-3335), et de l'équipe systèmes dynamiques et bio-mathématiques. Il est co-fondateur et co-responsable de l'Institut des systèmes complexes de Normandie. Son domaine d'expertise est la théorie des systèmes dynamiques, la théorie du chaos et celle des bifurcations, via l'analyse asymptotique d'équations différentielles ordinaires ou à dérivées partielles, et leur couplage sur des réseaux d'interaction complexes. Avec des applications aux sciences de la vie (neurosciences, écosystèmes, épidémiologie).



25, rue Philippe Lebon BP 1123
76063 Le Havre Cedex France



Quai Frissard
76600 Le Havre



Quai Frissard BP 1123
76063 Le Havre cedex France