



HAL
open science

Analyse de la propagation de la grippe aviaire à partir des informations extraites de dépêches de presse et de données environnementales

Nejat Arinik, Roberto Interdonato, Mathieu Roche, Maguelonne Teisseire

► To cite this version:

Nejat Arinik, Roberto Interdonato, Mathieu Roche, Maguelonne Teisseire. Analyse de la propagation de la grippe aviaire à partir des informations extraites de dépêches de presse et de données environnementales. French Regional Conference on Complex Systems (FRCCS 2022), Jun 2022, Paris, France. hal-03936677

HAL Id: hal-03936677

<https://hal.science/hal-03936677v1>

Submitted on 12 Jan 2023

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.

Analyse de la propagation de la grippe aviaire à partir des informations extraites de dépêches de presse et de données environnementales

Nejat Arinik^{1,3}, Roberto Interdonato^{2,3}, Mathieu Roche^{2,3} & Maguelonne Teisseire^{1,3}

1. INRAE, Montpellier F-34398, France (e-mail: firstname.lastname@inrae.rf)

2. CIRAD, Montpellier F-34398, France (e-mail: firstname.lastname@cirad.fr)

3. TETIS, Univ. Montpellier, AgroParisTech, CIRAD, CNRS, INRAE, Montpellier 34090, France

January 12, 2023

1 Introduction

La grippe aviaire est une maladie animale hautement contagieuse, qui infecte de nombreuses espèces d'oiseaux sauvages et domestiques. La transmission entre les oiseaux peut être directe en raison d'un contact étroit entre eux, ou indirecte par l'exposition aux matières contaminées (eau, nourriture). En particulier, les oiseaux sauvages migrateurs jouent un rôle clé dans cette transmission et font que les virus se propagent sur de longues distances. Bien que la grippe aviaire soit une maladie bien étudiée dans la littérature et qu'il existe plusieurs systèmes de veille épidémiologique pour suivre l'évolution de la maladie, dans la pratique, nous connaissons difficilement les véritables voies de transmission des virus de grippe aviaire, c'est-à-dire les informations de provenance lorsqu'un nouveau cas est confirmé dans un emplacement donné. En conséquence, l'absence de ces informations de provenance rend la détection précoce des épidémies de grippe aviaire très difficile.

Dans ce travail, nous nous intéressons au problème de la propagation de la grippe aviaire en l'absence de véritables voies de transmission de la maladie. Contrairement à l'analyse des réseaux de contact qui sont au niveau individuel dans les fermes, notre analyse se fait au niveau de la métapopulation, donc à une échelle plus large [4]. Nous reconstruisons les voies de transmission en nous fondant sur la manière dont les épidémies de grippe aviaire évoluent à partir des informations extraites des dépêches collectées par les plateformes de surveillance, accompagnées de données environnementales liées aux emplacements des foyers, par le biais d'un réseau dynamique attribué. Ensuite, nous étudions la dynamique sous-jacente du réseau pour dévoiler les motifs de transmission de la grippe aviaire (e.g. accélérateurs et inhibiteurs). Dans notre construction de réseau, les nœuds correspondent aux entités spatiales d'une hiérarchie spécifique (e.g. villes, régions), et les liens entre eux représentent les voies de transmission possible de la maladie (voir la figure 1). Notre hypothèse est que la probabilité de transmission de la maladie entre les emplacements est principalement liée à deux aspects : 1) le délai entre les épidémies, et 2) la distance entre les emplacements des épidémies.

Nous analysons le réseau dynamique extrait avec deux groupes de mesures spatio-temporelles. Le premier groupe caractérise un seul nœud par des mesures macroscopiques (e.g. le Pagerank dynamique adapté), qui permettent d'identifier les emplacements clés dans la transmission des maladies, tandis que le second groupe résume la structure entière du réseau (e.g. indices spatio-temporels basés sur l'analyse des hotspots [2]). Nous montrons l'intérêt de notre approche en l'appliquant aux jeux de données d'épidémies de la grippe aviaire collectées par PADI-Web [3] et ProMED [1], deux plateformes de surveillance bien connues en intelligence épidémique, pour la période 2019-2021. Nos résultats préliminaires confirment l'existence des emplacements particulièrement importants dans la transmission de la grippe aviaire, dans nos jeux de données.

Remerciements : Ce travail a été financé par le projet MOOD¹ du programme de recherche et d'innovation Horizon 2020 de l'union européenne, sous la convention de subvention n° 874850. Nous remercions le personnel

¹<https://mood-h2020.eu/>

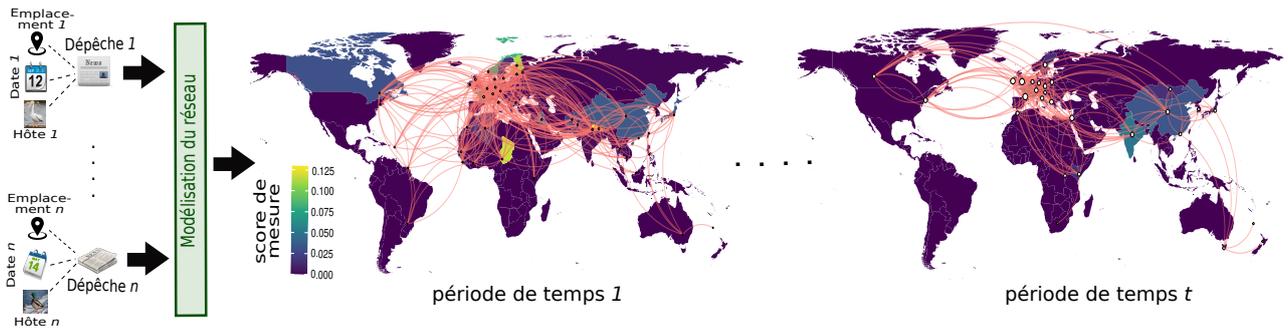


Figure 1: Modélisation du réseau complexe pour l'analyse de la propagation de la grippe aviaire à partir des dépêches de presse et données environnementales.

de ProMED-mail pour avoir partagé avec nous leur jeu de données. ProMED est un programme de la Société Internationale pour les maladies Infectieuses.

References

- [1] M. Carrion and L. C. Madoff. "ProMED-mail: 22 years of digital surveillance of emerging infectious diseases". In: *International Health* 9.3 (2017), pp. 177–183. DOI: [10.1093/inthealth/ihx014](https://doi.org/10.1093/inthealth/ihx014).
- [2] M. Nanni, L. Tortosa, J. F. Vicent, and G. Yeghikyan. "Ranking places in attributed temporal urban mobility networks". In: *PLOS ONE* 15.10 (2020). Ed. by Alireza Abbasi, e0239319. DOI: [10.1371/journal.pone.0239319](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0239319).
- [3] S. Valentin, E. Arsevska, J. Rabatel, S. Falala, A. Mercier, R. Lancelot, and M. Roche. "PADI-web 3.0: A new framework for extracting and disseminating fine-grained information from the news for animal disease surveillance". In: *One Health* 13 (2021), p. 100357. DOI: [10.1016/j.onehlt.2021.100357](https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2021.100357).
- [4] X. Yang, J. Liu, X.-N. Zhou, and W. K. W. Cheung. "Inferring disease transmission networks at a metapopulation level". In: *Health Information Science and Systems* 2.1 (2014). DOI: [10.1186/2047-2501-2-8](https://doi.org/10.1186/2047-2501-2-8).