



HAL
open science

Mobilité quotidienne et diffusion des épidémies

Alexandre Cebeillac, Éric Daudé

► **To cite this version:**

Alexandre Cebeillac, Éric Daudé. Mobilité quotidienne et diffusion des épidémies. Julie Vallée. Mobilité quotidienne et santé, ISTE Group, pp.7-47, 2023, Encyclopédie des Sciences - Domaine Géographie et Démographie (Géographie des réseaux d'infrastructure et des mobilités), 9781789481099. 10.51926/iste.9109.ch1 . hal-04184046

HAL Id: hal-04184046

<https://hal.science/hal-04184046v1>

Submitted on 21 Aug 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.

1

Mobilité quotidienne et diffusion des épidémies

Alexandre Cebeillac et Éric Daudé

CNRS IDEES, Normandie Université, Rouen, France

1.1. Introduction

Les maladies infectieuses transmissibles sont causées par des micro-organismes, appelés agents pathogènes (virus, champignons, bactéries, parasites) qui infectent un organisme vivant appelé hôte. Les agents pathogènes se transmettent d'un hôte infecté à un hôte sain par divers canaux. Une première catégorie de canal de transmission est directe, elle concerne les contacts physiques (salive, sang, voie sexuelle : SIDA, hépatite B, syphilis, etc.) ou les voies aériennes ou respiratoires (toux : grippe, tuberculose, coqueluche, rhinopharyngite, etc.). Une seconde catégorie concerne un mode de transmission indirecte, soit par ingestion (aliment, eau : hépatite A, choléra, rotavirus, poliomyélite) soit par vecteur (moustique, tique, puce : dengue, Zika, chikungunya, Lyme). Qu'il soit direct ou indirect, ce schéma de transmission implique une proximité des hôtes qui se déplacent dans l'espace géographique. Les déplacements sont donc un élément clé de la compréhension des processus de diffusion des épidémies.

Une épidémie correspond à une augmentation rapide du nombre de cas d'une maladie dans un territoire local ou national – la pandémie étant son expression mondiale. Identifier l'émergence d'un agent pathogène responsable d'une maladie

ainsi que ses modes de propagation doit permettre une meilleure compréhension voire anticipation de sa diffusion géographique. L'exemple de la diffusion de la Covid-19 à partir de l'identification des premiers cas en Chine démontre le poids des mobilités internationales puis nationales dans cette propagation. À une échelle locale, celle des territoires du quotidien, le rôle et le poids des mobilités est plus complexe à démêler, car les mobilités sont alors concomitantes à de nombreux autres facteurs qui, combinés, dessinent les cartes de la diffusion locale des maladies : actions locales de surveillance et de contrôle des maladies, caractéristiques des environnements fréquentés, comportements des populations à risque... Cette complexité explique en partie pourquoi les mobilités quotidiennes locales sont restées longtemps peu étudiées dans les analyses rétrospectives. Dans la plupart des cas, les facteurs d'expositions individuelles sont alors déduits des seules caractéristiques de l'espace de vie des personnes malades, biais en partie lié à l'enregistrement du cas à son lieu de résidence. Ce verrou tend cependant à être en partie dépassé avec les outils et les données numériques. Les mobilités quotidiennes, parce qu'elles viennent modifier une vision statique de l'exposition aux pathogènes, renouvellent ainsi les recherches sur la diffusion des maladies transmissibles.

La première partie de ce chapitre (section 1.2) propose une synthèse de l'évolution des connaissances sur la contagiosité des maladies et leurs modes de transmission dans le cadre des épidémies, en insistant sur le lien entre mobilités quotidiennes et épidémiologie. La modélisation des mobilités quotidiennes est ensuite abordée dans la section 1.3. Nous y discuterons de différentes méthodes de modélisation et des concepts mobilisés en contexte épidémique. Elle fera une large place aux classes de modèles les plus récents, dits individus-centrés. Ces modèles permettent d'intégrer dans un même formalisme des informations géographiques, des connaissances sociales et épidémiologiques qui autorisent l'exploration d'une grande variété de scénarios. Enfin une dernière partie (section 1.4), qui prendra la forme d'une revue de littérature sélective, est dédiée aux données aujourd'hui utilisées pour mieux comprendre les mobilités quotidiennes et pour calibrer des modèles épidémiologiques de plus en plus détaillés.

1.2. Analyser le rôle des mobilités quotidiennes dans la propagation des épidémies : concepts, études et outils

La compréhension des mécanismes responsables de la diffusion d'une épidémie est un préalable à toute action pour tenter de s'en prémunir. L'épidémiologie spatiale tient aujourd'hui un rôle majeur dans cette lutte.

1.2.1. Prise en compte des mobilités quotidiennes dans la réflexion géographique sur la diffusion des maladies transmissibles

Lorsqu'il atteint l'Europe en 1829, peu de controverses médicales seront nécessaires pour identifier le choléra-morbus asiatique. Les symptômes décrits de longue date par les médecins coloniaux, en poste notamment en Inde, correspondent

aux symptômes observés aux portes de l'Europe : diarrhée sous forme « d'eau de riz », vomissements abondants de matières liquides, spasmes, crampes horribles, pouls imperceptible, teintes bleuâtres des extrémités et du pourtour des lèvres (d'où le nom de « peur bleue »), refroidissement du corps, collapsus... et surtout un taux de mortalité qui dépasse 50 % dans de nombreuses villes. Le poison ayant un nom et une origine géographique, reste à en établir l'origine médicale, les modes de propagation, les moyens de s'en prémunir et le traitement pour s'en défaire. Ces questions vont alimenter une partie de la recherche médicale du XIX^e siècle où deux courants de pensée vont s'affronter, l'insuffisance de la connaissance médicale conduisant à interpréter de manières différentes des statistiques et des documents cartographiques identiques (Eliot *et al.* 2012).

Les médecins sont alors divisés entre deux écoles : les contagionnistes et les non-contagionnistes. L'acception au XIX^e siècle de la contagion implique que la maladie se transmette de personne à personne, par contact. On exclut ainsi de la liste des maladies contagieuses celles qui se transmettent par l'air ou par l'eau. Une des mesures de lutte contre le choléra pour les médecins qui le classent parmi les maladies contagieuses est donc l'isolement de toute personne infectée pour en préserver la population : la quarantaine. Les anti-contagionnistes pensent au contraire que la maladie se transmet *via* les interactions entre l'Homme et son environnement – le mal provenant d'exhalaisons miasmatiques. Les conditions favorables au développement et à la propagation des épidémies seraient ainsi d'une part liées à l'environnement – le climat, la densité de l'atmosphère, son degré d'humidité, les vents dominants (le terme « malaria » vient d'ailleurs du latin *Mal'aria*, qui signifie « mauvais air », tandis que le terme « palu » désigne un marais) – et d'autre part au type d'habitat, renvoyant alors à la propreté des maisons et des habits, mais également aux mœurs de ces habitants.

En sortant de cette opposition entre contagionnistes, anti-congionnistes et partisans de la théorie des miasmes, John Snow (1813-1858) apporte un éclairage nouveau sur la compréhension des modes de propagation du choléra. Alors que l'Europe connaît un nouvel assaut épidémique et que la « peur bleue » se répand sur les villes et les campagnes, Snow identifie la nature hydrique du poison qui fait des ravages depuis le Bengale jusqu'en Amérique en passant par l'Europe. Dans son célèbre traité *On the mode of communication of cholera* publié en 1855, le médecin anglais offre, cartes et statistiques à l'appui, une démonstration originale pour étayer ses hypothèses relatives au mode de propagation de la maladie (Snow 1855). La singularité du travail de Snow est de faire figurer sur des cartes de topographie médicale, qui recensent ponctuellement les décès et les personnes contaminées par le choléra, les points d'eau par quartiers, notamment celui de Broad Street à Londres. Il montre que la plupart des personnes décédées du choléra résidaient à proximité de points d'eaux souillés. Au-delà de ces cartes, Snow enquêta pour tenter de comprendre pourquoi certaines maisons du quartier étaient épargnées par la maladie, qu'il s'agisse de la maison des pauvres de Poland Street ou de la brasserie de Broad Street. Il s'avérera que le premier établissement avait son propre point d'eau, tandis que les ouvriers du second ne buvaient tout simplement pas d'eau puisqu'ils avaient droit à des rations de liqueur de

malt¹. Autre fait intéressant, ces investigations montraient que les décès de certaines personnes vivant pourtant loin de Broad street étaient dus au fait que ces personnes préféraient se déplacer pour boire l'eau de cette dernière, qu'ils considéraient comme moins souillée que la source à proximité de leur domicile². Lorsqu'il analyse les données de mortalité par genre à Londres en 1848, il se rend également compte qu'en début d'épidémie, plus d'hommes sont touchés que de femmes, mais que cette tendance s'équilibre avec le temps. Son interprétation – paraphrasée en des termes actuels – est liée aux tendances de mobilités de genre, qui révèlent que les hommes ont une plus grande capacité de dispersion dans la ville du fait de leur travail, tandis que les femmes restent généralement au domicile. Les hommes utilisent donc pour satisfaire leurs besoins en eau une plus grande variété de sources et ont donc un risque plus élevé d'être contaminés en début d'épidémie. Dans un second temps et lorsque le choléra se propage dans toute la ville, hommes et femmes deviennent tout autant des populations à risque³. Snow remarque également que les valets et servants étaient les métiers les moins touchés par la maladie, du fait que ces travailleurs restaient constamment chez leurs « maîtres », dans des quartiers riches dotés de meilleures infrastructures sanitaires. Ils étaient ainsi plus épargnés par le choléra que leurs employeurs dont les journées étaient ponctuées de nombreuses visites à travers la ville.

L'origine hydrique du choléra sera donc établie, ainsi que les premières réflexions sur le rôle de la mobilité et des espaces de vie des populations sur leur exposition à des pathogènes et sur la diffusion des épidémies. Fort de ces premiers résultats sur le choléra, Snow en vient à conclure que la peste et la fièvre jaune se propagent de la même manière⁴. Les travaux en épidémiologie ne montreront que quelques décennies plus tard qu'il s'agit dans les deux cas de maladies à transmission vectorielle. Il est probable que la cooccurrence des moustiques avec les points d'eau et des rats qui pullulent dans les quartiers insalubres ait pu l'induire en erreur.

1. « The men are allowed a certain quantity of malt liquor, and Mr. Huggins believes they do not drink water at all ; and he is quite certain that the workmen never obtained water from the pump in the street » dans Snow (1855).

2. « It requires to be stated that the water of the pump in Marlborough Street, at the end of Carnaby Street, was so impure that many people avoided using it. And I found that the persons who died near this pump in the beginning of September, had water from the Broad Street pump » dans Snow (1855).

3. « The greater part of the female population remain almost constantly at home, and take their meals at home, whilst a considerable number of the men move about in following their occupations, and take both food and drink at a variety of places ; consequently, in the early part of an epidemic, when the disease only exists in a few spots, the male part of the population is most liable to come within the operation of the morbid poison ; but at a later period of the epidemic, when the cholera is more generally diffused, it may reach those who stay at home as readily as those who move about » dans Snow (1855).

4. Dans la section « evidence that plague, yellow fever, dysentery and typhoid fever are communicated in the same way as cholera ».

Au début du XX^e siècle et alors que les agents pathogènes responsables des principales maladies mortelles de l'époque sont connus ainsi que leur mode de transmission, la compréhension de l'émergence et de la diffusion de nouveaux agents pathogènes sous la forme épidémique reste un défi. Le Sida dans les années 1980, la dengue depuis les années 1990 et le SARS-CoV2 depuis 2019 en sont des illustrations. Car si les principaux mécanismes qui concourent à la transmission et à la propagation des maladies transmissibles sont connus, leurs combinaisons dans des territoires hétérogènes et au sein de populations d'hôtes aux susceptibilités variées est complexe. Tout ceci nécessite de prendre en compte des critères environnementaux et sociaux dans lesquels se développent les pathogènes ainsi que les caractéristiques sociodémographiques et les comportements des hôtes, notamment les mobilités quotidiennes et leurs interactions, comme facteurs d'exposition directe ou indirecte à ces pathogènes.

1.2.2. Les mobilités dans la diffusion des épidémies

Parler de diffusion spatiale d'une maladie infectieuse et transmissible implique qu'un agent pathogène se multiplie et se propage d'un hôte à un autre en empruntant un canal de propagation (par exemple la voie aérienne ou un vecteur animal). Il faut donc pouvoir identifier les acteurs du cycle de transmission (hôtes potentiels et les canaux de transmission du pathogène) et les processus qui interagissent dans ce cycle, notamment les mécanismes de propagation du pathogène qui entraîne la contamination des hôtes (Langlois et Daudé 2007).

Le **processus de contamination** agit sur les hôtes : il représente l'envahissement et le développement du pathogène dans l'hôte. Associé à l'infection, ce processus peut modifier l'état de santé de l'hôte lorsque la quantité d'agents pathogènes présents dans l'hôte atteint un certain seuil. Il permet ainsi de définir différents états de santé pour l'hôte, notamment :

- la contamination, moment de l'envahissement de l'agent pathogène ;
- l'infection, moment du développement de l'agent pathogène dans l'hôte ;
- la virémie ou contagiosité, période durant laquelle il devient possible à l'hôte d'émettre une quantité suffisante d'agents pathogènes pour contaminer une autre personne susceptible (n'ayant pas développé de défenses immunitaires aptes à combattre l'infection).

Ces états de santé peuvent être associés (ou non) à des symptômes, et l'infection peut s'achever par la guérison partielle ou totale, avec ou sans immunité contre le pathogène, ou entraîner le décès. Ce processus peut être représenté globalement par l'effectif d'hôtes contaminés par l'agent pathogène et nécessaire pour pouvoir qualifier la maladie d'épidémie. Il faut en effet atteindre un certain seuil de densité d'agents pathogènes chez un individu pour déclencher la maladie, et atteindre un volume suffisant d'individus contaminés pour déclencher une épidémie.

Le **processus de propagation** représente le comportement de l'agent pathogène émis depuis chaque hôte infecté. La survie du pathogène à l'extérieur de l'hôte et avant l'invasion d'un nouvel hôte est variable selon les conditions environnementales. Le virus de la grippe A par exemple survit entre 1 et 2 jours sur des surfaces dures et moins de 12 heures sur du tissu. On peut alors représenter globalement le processus de propagation par l'effectif de pathogènes en activité dans le canal de propagation, ici dans l'environnement. Lorsque cet effectif est très faible, en phase pré-épidémique notamment, la réussite épidémique est un processus stochastique qui dépend des conditions sociales et environnementales : fortes concentrations de personnes, absence de mesures barrières, conditions environnementales défavorables. C'est à ce moment-là que des moyens de lutte très ciblés peuvent s'avérer efficaces pour prévenir la propagation de la maladie. La viabilité du pathogène émis depuis l'hôte infecté peut également dépendre du comportement de son vecteur éventuel. Ainsi, les virus de la dengue qui sont transmis par des moustiques peuvent constituer un risque pour l'Homme durant toute la vie du moustique infecté. L'effectif d'agents pathogènes peut alors être confondu avec celui de la population de vecteurs infectés pour évaluer le risque épidémique.

Les mobilités quotidiennes des populations, en multipliant et différenciant les espaces possibles de contamination et de propagation, contribuent donc à la diffusion spatiale de l'agent pathogène. Cela offre des stratégies de réduction des risques : l'arrêt des mobilités réduit le nombre, la nature et les lieux d'interactions entre les hôtes et peut permettre de stopper, sinon de freiner, la propagation de la maladie (objectif des quarantaines et confinements). La connaissance des mobilités des hôtes peut permettre de prédire les prochains lieux de contamination ou *a posteriori* de retracer les sources de contamination pour découvrir l'agent zéro (soit la première personne contaminée). Enfin, des études épidémiologiques dans des lieux d'échange et de brassage des populations (marchés, écoles, transport en commun, etc.) ou dans des lieux de coprésence d'hôtes et de vecteurs (jardin, parc, etc.) peuvent permettre d'identifier les lieux potentiels d'émergence d'agents pathogènes ou de contamination et de réduire le risque à la source (fermeture des écoles, contrôle anti vectoriel dans les jardins).

La mobilité prend alors un statut différent selon le mécanisme à l'origine de la transmission d'un agent pathogène à un hôte ou à un vecteur. D'une part, la mobilité peut être un intermédiaire de la transmission de l'agent entre des lieux. L'agent est donc introduit d'un lieu vers un autre lieu à partir d'un foyer-source de l'infection. La mobilité est ici vectrice de la contamination (figure 1.1, n° 1). C'est par exemple le cas lorsqu'une personne contagieuse à la grippe introduit dans son lieu de travail le virus, en partageant un repas dans une salle de convivialité avec plusieurs collègues susceptibles. D'autre part, la mobilité peut conduire à des situations d'exposition aux agents pathogènes. La contamination est alors le résultat d'une mobilité qui expose l'hôte de par les lieux qu'il fréquente (figure 1.1, n° 2). Ici c'est le collègue susceptible qui se rend dans la salle de convivialité de son lieu de travail qui se trouve exposé à l'agent pathogène, alors qu'il n'était potentiellement pas exposé à un tel niveau de risque à son domicile. Le déplacement est ainsi « à l'origine » de la contamination de l'agent. Enfin, la mobilité peut constituer un « canal » dans lequel la contamination

est réalisée. C'est au cours de ses déplacements que l'hôte est contaminé par un agent pathogène et l'introduit dans le lieu de destination, on parle alors de mobilité-caprice (figure 1.1, n° 3). C'est le cas lorsque les transports en commun deviennent un lieu de contamination essentiel entre hôtes en déplacement.

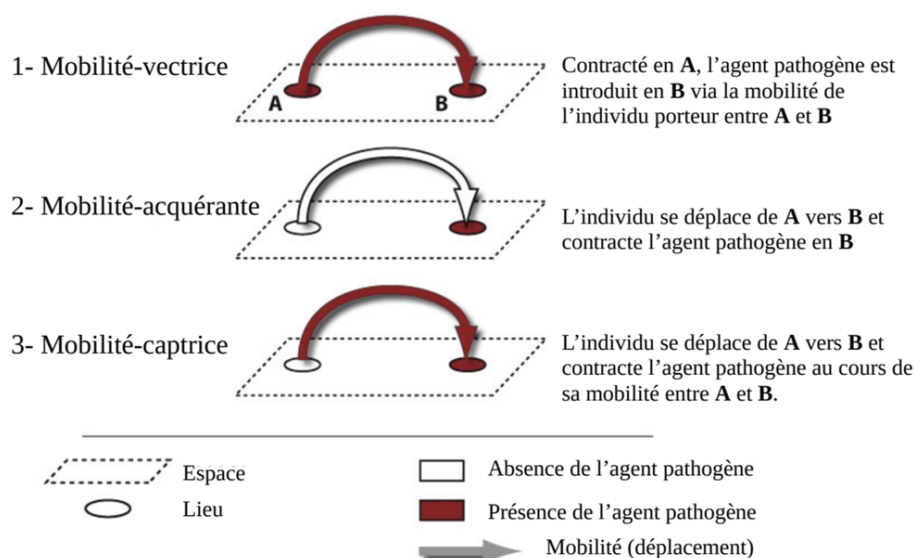


Figure 1.1. Mobilité et types de transmissions d'agents pathogènes (d'après (Daudé and Eliot 2005))

Si ces trois formes élémentaires de contamination sont exclusives dans la propagation d'un agent pathogène à l'échelle d'un individu-hôte, elles ne le sont pas à l'échelle d'un groupe et encore moins d'une population. Cela rend d'autant plus complexe l'ambition d'identifier les lieux où se réalisent le plus de contaminations, les motifs de déplacements les plus à risque, les durées et le nombre de contacts au cours des déplacements les plus à même de propager une maladie donnée. Les études de terrain sont alors une première tentative pour évaluer le rôle de ces différentes formes de contamination dans la diffusion d'un pathogène.

1.2.3. Études de cas : dynamiques des épidémies à partir de la localisation de cas avérés

Une difficulté majeure dans l'explicitation du rôle et du poids des mobilités quotidiennes dans la diffusion d'une épidémie est de pouvoir identifier la circonstance, le lieu et le moment de la contamination. Les données de santé publique et la plupart des enquêtes épidémiologiques identifient en effet dans la plupart des cas les personnes malades à leur seul lieu de résidence. Tenter de reproduire la diffusion de la maladie à partir des clusters de malades est alors délicat – un cluster de résidents dans un quartier ne signifie pas nécessairement qu'il existe un risque élevé de contamination résidentielle. De même, une absence de clusters selon le lieu de

résidence ne signifie pas nécessairement qu'un autre type de cluster n'aurait pas émergé si les cas avaient été localisés autrement (par exemple à leurs lieux de travail ou de loisirs).

1.2.3.1. À la recherche des cas contacts

Pour pallier cette limite, des enquêtes complémentaires peuvent être réalisées pour collecter des données *ad hoc* et tenter ainsi de reconstruire le parcours d'une personne, sur quelques jours ou semaines avant la maladie. La recherche des cas contacts consiste ainsi, à partir d'un questionnaire posé à la personne hospitalisée ou malade, à retracer précisément ses déplacements depuis l'apparition des premiers symptômes, ou quelques jours avant selon la période de virémie. Sont également interrogés la famille, les proches, les collègues afin d'identifier les contacts, leurs natures et leurs durées, avec la personne malade. Cette méthode varie selon le pathogène considéré et notamment selon sa contagiosité : un virus très contagieux nécessitera d'étendre le champ d'investigation au plus grand nombre de cas contacts potentiels, avec toutes les imprécisions que cela induit. Demander à une personne le temps qu'elle a passé à proximité d'une autre personne et à quelle distance dans une queue de supermarché induit systématiquement un biais de surreprésentation du risque. Pour répondre en partie à cette difficulté, des applications de détection des contacts de proximité par la technologie bluetooth embarquée dans les téléphones portables ont été développées et diffusées massivement lors de la pandémie de Covid-19. Peu de retours d'expériences ou d'études permettent cependant aujourd'hui de caractériser les apports et les limites de ces méthodes.

1.2.3.2. Analyse par cluster spatio-temporel

Au-delà du suivi des trajectoires individuelles, l'analyse par cluster spatio-temporel part de l'hypothèse que les cas détectés sont à la fois liés dans le temps (durée de la période de contagion et durée d'exposition) et dans l'espace (coprésence des personnes lors de la contamination). Mais en raison de la difficulté de connaître le lieu de la contamination, ces études sont le plus souvent réalisées en prenant en compte les lieux de domicile des personnes infectées. Cette limite est rendue encore plus prégnante pour les maladies transmises par un vecteur, car elle déconnecte la coprésence des hôtes sains et infectés dans le processus de contamination/propagation. En effet un hôte infecté habitant un quartier A peut contaminer un vecteur durant sa présence matinale dans un parc dans un quartier B, ce vecteur pouvant quelques jours plus tard contaminer en B un hôte au cours de son jogging nocturne alors que celui-ci réside un quartier C. Évaluer la part des contaminations qui se réalisent durant les déplacements en dehors du lieu de résidence est donc un défi méthodologique. La phylogéographie, qui étudie la distribution des différentes lignées génétiques d'un virus, est une approche qui permet en partie de faire sauter ce verrou.

Les virus sont des organismes qui ont tendance à muter plus ou moins rapidement et de légères mutations apparaissent au gré des infections et des transmissions. Plus il existe de différences entre deux mêmes virus touchant deux personnes, moins il y a de chance que ces individus fassent partie de la même chaîne de contamination. Ainsi découle la phylogéographie, qui permet de suivre le déplacement des virus *via*

l'analyse de l'évolution de leur génome entraînant de nouveaux variants. Cette approche est très utilisée à l'échelle mondiale, notamment dans le cadre de la grippe afin d'estimer quelle souche sera dominante et quel vaccin sera préconisé.

C'est la méthode qu'ont employée Salje et son équipe (2017) pour déterminer les chaînes de contamination de la dengue à Bangkok. Pour ce faire, ils ont d'abord élaboré un arbre phylogénétique à partir de 640 séquençages génétiques de virus de la dengue, issus d'échantillons sanguins d'enfants atteints de la dengue entre 1994 et 2010, et dont l'adresse du domicile était connue. Deux individus font partie de la même chaîne de transmission lorsque les différences entre les génomes d'un même virus sont relativement faibles. Ils ont ainsi pu déterminer que 60 % des cas d'une même chaîne avaient des domiciles éloignés de moins de 200 m, ce qui souligne l'importance du voisinage résidentiel dans la diffusion de l'épidémie. Il convient toutefois de noter que les personnes étudiées par Salje *et al.* (2012, 2017) étaient des enfants, dont les mobilités sont moins importantes que celles des adultes car souvent réduites au quartier du domicile et aux écoles, dans la plupart des cas, situées dans ou à proximité de ce dernier.

Dans une autre étude et avec une autre méthode, Vazquez-Prokopec *et al.* (2010) ont étudié la répartition spatiale des domiciles des cas confirmés de dengue lors de l'épidémie de 2003 qui a touché la ville de Cairn en Australie. Il s'agissait de la première grande épidémie, ce qui signifie que l'essentiel de la population était naïf face au virus, donc susceptible d'être infectée. À partir des 383 cas confirmés, l'équipe a évalué les niveaux d'agrégation et/ou de dispersion du semis de point selon la distance, en se basant sur le K de Ripley (Ripley 1977). Ils ont pu montrer que 63 % des cas avaient leur résidence située à moins de 800 m de la résidence du cas index, soit le premier cas de dengue confirmé. Ils ont également appliqué une méthode de partition spatio-temporelle permettant de relier les cas à la fois proches dans le temps (moins de 20 jours) et dans l'espace (à moins de 100 m des lieux de résidence) et mis en évidence 18 clusters indépendants. Ils ont enfin analysé l'ordre d'apparition de ces clusters et observé que la maladie s'était propagée à la fois dans le sens des vents dominants (qui peuvent faciliter les déplacements des moustiques) et le long des axes de communication.

De ces deux études illustratives, il ressort que si près de 60 % des cas de dengue étudiés présentent une forte probabilité de contamination locale, confirmant ainsi l'utilité de connaître le lieu de résidence des personnes malades, près de la moitié n'est alors pas associable à des cas à proximité, ni n'ont eux-mêmes été à l'origine de contaminations locales. En l'absence de données sur les mobilités dans les études rétrospectives, d'autres méthodes, utilisant la modélisation, sont développées pour tenter d'évaluer le rôle des mobilités dans la propagation des épidémies.

1.3. Modélisation des épidémies et mobilité quotidienne

La diffusion d'une épidémie peut être modélisée comme un processus d'expansion dans le temps et dans l'espace. Ce processus est activé par la circulation d'individus

et/ou de groupes qui se déplacent différemment selon leur profil socio-démographique et qui transmettent ainsi un agent pathogène selon différentes modalités. Les travaux de géographie qui portent sur les épidémies identifient trois modes de propagation :

- le premier s’appuie sur l’ordonnement des lieux (diffusion hiérarchique) ;
- le second, sur le voisinage entre les lieux (diffusion par contiguïté spatiale) ;
- le troisième, sur les possibilités de relocalisation d’un phénomène (diffusion par saut).

Pourtant anciens, ces travaux sont restés largement confinés à l’univers disciplinaire de la géographie et n’ont pas été mobilisés par d’autres disciplines impliquées dans des recherches sur la diffusion des épidémies, au premier rang desquelles l’épidémiologie.

1.3.1. La mobilité, grande absente des premiers modèles mathématiques

Une approche de modélisation classique en épidémiologie est de partitionner une population d’hôtes selon différents états cliniques et de modéliser la transition des individus entre ces différents compartiments (Kermack et McKendrick 1927). Le premier état concerne une fraction de la population totale qui est susceptible (S) d’être contaminée. Une partie de ce groupe peut être contaminée et rejoindre le compartiment des Infectés (I). Après une certaine durée, les personnes infectées sont guéries et développent, ou pas, une immunité contre l’agent pathogène (R, pour Recovered). Il est d’usage de décrire sous la forme de stocks et de leurs transitions ce modèle $S \Rightarrow I \Rightarrow R$, avec $S+I+R$ égal à la population totale.

Ce modèle SIR est formalisé sous la forme de trois équations différentielles qui décrivent l’évolution de chacun des états S, I et R à travers le temps et en fonction d’une force d’infection β et d’un taux de guérison γ :

$$\frac{ds}{dt} = -i\beta SI \tag{1.1}$$

$$\frac{dl}{dt} = i\beta SI - \gamma I \tag{1.2}$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \tag{1.3}$$

À chaque pas de temps, le nombre de personnes nouvellement infectées est décrit comme étant le produit de la capacité β (ou force d’infection) d’une personne infectée (I) à transmettre une maladie à une personne susceptible (S), selon le nombre d’interactions possibles i entre les deux sous-groupes S et I. Après une certaine période, les personnes infectées finissent par guérir (R) selon un taux de guérison γ ,

inversement proportionnel à la durée de l'infection, et acquièrent une immunité. Le choix, le nombre et l'ordre des compartiments dépendent de l'épidémie étudiée. On peut par exemple ajouter un état E (Exposé) qui décrit la période durant laquelle l'hôte a été contaminé, développe une charge virale mais n'est pas encore contagieux. On parle alors du modèle SEIR. Cette classe de modèle décrit donc la transmission d'un agent pathogène parmi les hôtes d'une même population, d'autres modèles permettent d'introduire les interactions inter-espèces.

Ronald Ross est le premier à proposer une modélisation mathématique de la transmission de la malaria à partir d'un système à deux équations différentielles prenant en compte les hôtes humains et les vecteurs (Ross 1911a, 1911b). Il montre notamment qu'en dessous d'une valeur seuil de population de moustiques, l'épidémie de malaria devrait disparaître. Les modèles déterministes classiques utilisés dans le contexte de maladies vectorielles reprennent ainsi les bases des modèles SIR ou SEIR et ajoutent de nouveaux compartiments décrivant les différents états du moustique, leur croissance et surtout leurs interactions avec l'Homme (Derouich *et al.* 2003). Ces systèmes d'équations différentielles sont résolus mathématiquement et démontrent une grande sensibilité aux paramètres initiaux. Une force d'infection élevée (dans le cas d'une maladie très contagieuse) va entraîner une rapide contamination de l'ensemble de la population, tandis qu'une période d'infection longue implique que plus de personnes soient malades en même temps. Aussi, ces approches ne modélisent les épidémies que dans un lieu donné, sans prise en compte des mobilités humaines entre les territoires. Très rapidement pourtant la nécessité d'intégrer dans ces modèles des statistiques sur les mobilités et les migrations⁵ émerge (Waite 1910). Mais la difficulté d'obtenir de telles données de mobilité et les limites de capacité et de puissance de calculs au début du xx^e siècle ne permirent pas cette intégration. Ainsi les travaux de Ross et de McKendrick, à la base de l'épidémiologie mathématique moderne, reposent sur le postulat d'une mixité totale de la population, où tous les individus sont susceptibles d'interagir, excluant de fait les structures sociospatiales et les comportements de mobilités individuels.

1.3.2. Les premiers pas des mobilités humaines dans la modélisation des épidémies

Peter Gould (1993) montre clairement les limites de ces modèles avec les recherches épidémiologiques sur le SIDA, mal orientées et partielles car reposant sur une série de modèles de dynamique de population ayant une dimension temporelle mais pas spatiale. Dès la fin des années 1960, des modèles dits métapopulation intègrent pourtant les mobilités, notamment les flux de population entre les villes, et à l'échelle d'un pays (Baroyan et Rvachev 1967). Dans le cadre des épidémies, il

5. « As emigration and immigration vary considerably in different localities, and in the same locality at different times, their influence on the malaria rate cannot be satisfactorily dealt with except in particular cases where the necessary statistics are available ; neither would results in general terms be of much practical use. ».

s'agit de modèles plus ou moins complexes (SIR, SEIR, etc.) qui permettent de considérer des sous-groupes aux caractéristiques sérologiques différentes ainsi que les déplacements des individus entre différentes aires géographiques (Arino et van den Driessche 2003 ; Sattenspiel et Dietz 1995). Concrètement, le modèle SIR est dupliqué autant de fois que de villes présentes dans le système urbain, les volumes de population de chaque ville servant à calibrer chacun de ces sous-modèles (figure 1.2).

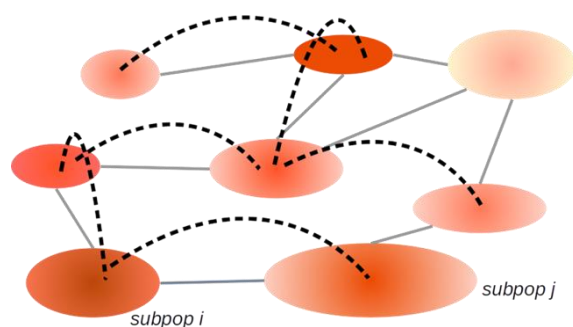


Figure 1.2. Illustration du principe des modèles compartimentaux spatialisés, avec les infrastructures de transport (liens gris) et les flux (pointillés noirs) entre les villes (ellipses), inspiré de Pastor-Satorras et al. (2015)

Des règles d'interactions sont ensuite intégrées dans les équations afin de représenter l'arrivée vers ou le départ depuis une ville vers une autre ville. Les mouvements de populations inter-villes parmi les compartiments des hôtes infectés sont particulièrement explorés. Ces déplacements, traités sous forme de flux ou de probabilités de déplacement, sont généralement représentés par des matrices origines/destinations. Ces modèles métapopulations, encore largement utilisés aujourd'hui, fournissent des simulations performantes à l'échelle macro, car les transports nationaux (les flux autoroutiers) et internationaux (les flux aériens) sont les principaux modes de déplacement d'un pathogène à cette échelle (Arino 2005 ; Sattenspiel et Dietz 1995). Comme tout modèle, ils requièrent d'avoir de bonnes estimations des matrices de flux entre les différentes zones, et dépendent donc de données mobilités de bonne qualité (Tizzoni *et al.* 2014).

Des versions simplifiées, portant sur un nombre moins important d'équations différentielles, ont également été développées pour intégrer l'arrivée et le départ de population dans un territoire. L'épidémie de dengue survenue à Madère en 2012 a ainsi été simulée en utilisant le trafic aérien vers l'île comme proxy pour l'importation de l'épidémie (Lourenço et Recker 2014). Une autre étude a adopté une approche en deux étapes : une épidémie est d'abord simulée dans le secteur de Karachi (Pakistan) – où la dengue est endémique – ce qui permet d'estimer le nombre de personnes infectées. Ils injectent ensuite des personnes infectées dans d'autres zones du nord du pays (où la dengue est saisonnière), en fonction des probabilités d'interactions entre les différents sous-districts du pays (Wesolowski *et al.* 2015).

La modélisation sous la forme d'équations différentielles dispose ainsi d'arguments solides pour son utilisation :

– le premier est qu'elle offre la possibilité de comprendre les propriétés globales d'un système à travers un petit nombre de variables macroscopiques, grâce à un principe de parcimonie ;

– le second est qu'elle permet de déterminer, toutes choses égales par ailleurs, le nombre maximal d'infectés au cours d'un épisode si les tendances observées se poursuivent ;

– le troisième est qu'elle permet de rechercher des effets de seuils dans la dynamique d'un phénomène, effets de seuils qui sont particulièrement intéressants à identifier lorsque plusieurs stratégies de lutte contre une épidémie sont en concurrence et que l'on souhaite trouver celle qui a le plus d'effets pour le moins de contraintes.

Mais ces modèles souffrent d'importantes limites qui sont autant de verrous pour la compréhension des épidémies. Le brassage total et homogène de la population, et donc l'absence de prise en considération des structures sociales et spatiales, en est la première. Il en découle une vision extrêmement simplifiée des caractéristiques et des comportements des individus qui composent cette population. Même s'il est possible de démultiplier les compartiments pour représenter différentes catégories de population, et dupliquer ces compartiments pour représenter différents territoires, le calibrage de tous ces paramètres régissant ces différents systèmes d'équations différentielles devient rapidement difficile.

Une seconde limite de ces modèles est qu'ils ne permettent pas de suivre des individus isolés et tendent à surestimer la propagation et les pics des épidémies (Ajelli *et al.* 2010). Si ces modèles sont performants en milieu d'épidémie, ils peinent à représenter et à simuler l'émergence des épidémies, lorsque « tout se joue » à partir d'interactions stochastiques entre quelques hôtes localisés, ainsi qu'à expliquer les formes de la diffusion, largement dépendantes des structures spatiales préexistantes à l'épidémie. Ainsi, étudier les dynamiques ordinaires de la ville et des espaces de mobilité des populations serait un complément nécessaire, au côté de la compréhension des mécanismes biologiques de contagion inter-hôtes, pour comprendre la géographie et la diffusion locale des maladies transmissibles.

1.3.3. Espaces de vie et mobilités quotidiennes à la loupe

La plupart des individus se déplacent au quotidien pour accomplir leurs obligations, qu'elles soient régulières (travail, éducation, achat de biens et de services) ou ponctuelles (santé, administration). Ils se déplacent également pour réaliser des projets de vie (sociabilisation, loisir), et l'ensemble de ces déplacements est soumis à une série de contraintes (accessibilité des lieux, choix alternatifs dans des agendas plus ou moins contraints) et d'opportunités (concentration des activités rendue possible par la densification urbaine). Ces mobilités augmentent ou diminuent les expositions possibles à des agents pathogènes selon les lieux fréquentés.

1.3.3.1. *Système pathogène complexe*

En parcourant les territoires, les individus sont susceptibles d'être exposés à des environnements à risques (figure 1.1), les aires pathogènes décrites dans la lignée des travaux sur les complexes pathogènes de M. Sorre (1933). L'endémisation de la dengue dans les villes indiennes tient en effet aux conditions du milieu (régime des moussons, températures favorables, disponibilité de gîtes pontes) qui permettent aux moustiques de se maintenir et de propager le virus au sein de la population qui réside dans et à proximité de cette aire pathogène. Mais l'environnement fréquenté par les individus n'est pas le seul facteur contribuant à définir la géographie des maladies, celle-ci tirant son origine de facteurs sociaux tels que les modes de vie ou de travail, les comportements individuels et collectifs, les niveaux de ressources... La maladie est alors considérée comme le produit de multiples facteurs interagissant. Il revient à H. Picheral (1983), à travers son analyse du système pathogène, d'avoir conceptualisé cette imbrication des liens entre facteurs provoquant, conditionnant et prédisposant dans l'exposition à une maladie. Les risques pour la santé sont alors explorés comme l'articulation complexe de facteurs au sein d'un système pathogène complexe.

Le concept de **système pathogène complexe** propose une représentation de la dynamique globale d'une épidémie à partir des éléments qui en constituent les entités élémentaires, et leurs interactions. Ces entités sont les agents pathogènes et les prérequis propices à leurs développements, les hôtes éventuels avec leurs caractéristiques propres et leurs comportements, et enfin les conditions environnementales et sociétales qui évoluent au cours du temps et se trouvent différenciées dans l'espace. L'étude d'un système pathogène complexe repose alors sur l'analyse des différentes interactions entre les entités du système qui agissent à différentes échelles (ou niveaux) comme l'illustre l'exemple de la dengue (figure 1.3). Ainsi, si la vulnérabilité d'un individu à un pathogène dépend de facteurs de risques individuels (âge, pratiques à risques, etc.), elle dépend également d'effets de contexte macroscopiques (immunité collective, densité de population). Le risque environnemental s'appréhende à plusieurs échelles, celle du quartier avec la présence de gîtes de pontes potentiels pour le moustique, celles plus macroscopiques des conditions météorologiques qui agissent sur les dynamiques de population de vecteurs (Daudé *et al.* 2015).

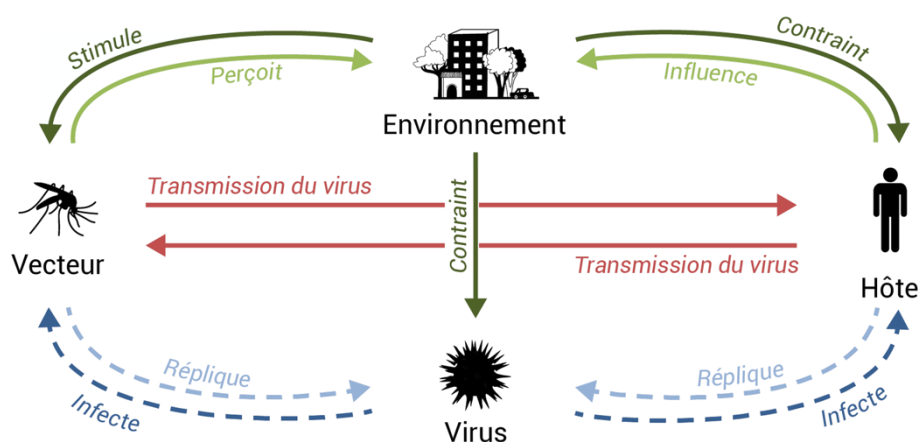


Figure 1.3. Système pathogène complexe de la dengue (d'après Misslin et Daudé 2017)

Les mobilités, parce qu'elles s'expriment également à différentes échelles spatiales, peuvent favoriser la mise en relation des hôtes avec des vecteurs dans des environnements à risque. En effet, si le moustique est le vecteur du virus dans son espace de vie qui est limité à une centaine de mètres depuis son lieu d'émergence (Ordóñez-Gonzalez *et al.* 2001), l'Homme est le principal porteur du virus sur de plus longues distances : aux échelles urbaines (Stoddard *et al.* 2013), nationale (Cummings *et al.* 2004) ou mondiale (Tatem *et al.* 2006). L'intégration des mobilités quotidiennes devient alors centrale pour appréhender la géographie différenciée des épidémies de maladies infectieuses transmissibles, notamment à micro (quartier) et meso échelle (ville).

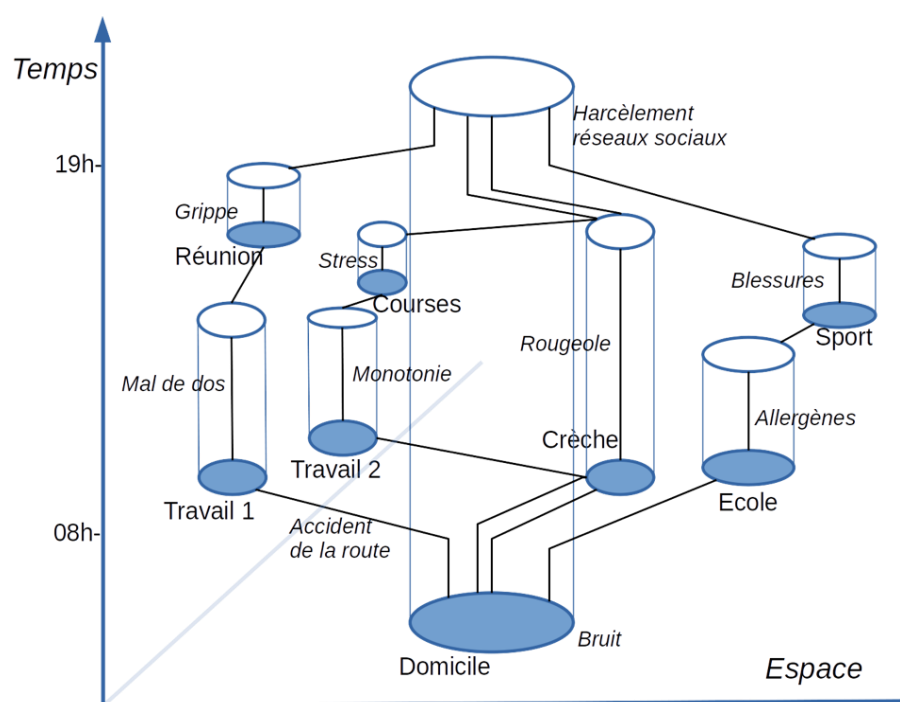
1.3.3.2. Time geography et espace d'activité

L'espace d'activité se définit comme la portion de l'espace urbain qu'un individu fréquente lors de ses activités quotidiennes (voir chapitre 2). Il s'agit de l'ensemble des lieux fréquentés par un individu, associés à des activités (travail, loisirs, etc.). Ces dernières sont définies à la fois dans le temps, par une séquence ordonnée d'activité qui peut se rapprocher d'un agenda, et dans l'espace, selon les lieux où se déroulent ces activités (Hägerstrand 1970). Ces activités peuvent être classées en deux grandes catégories selon leur niveau de flexibilité spatio-temporelle et du degré de liberté de l'individu à leurs égards. Les activités figées (ou contraintes) s'effectuent dans des lieux prédéfinis et sans que les individus n'aient beaucoup de marge de manœuvre quant à leurs horaires d'exécution (par exemple dormir, travailler, étudier, etc.). Les activités flexibles sont moins contraintes dans le temps et l'espace, moins planifiées (par exemple courses impromptues, sorties, etc.).

Cette conceptualisation permet d'attribuer à chaque individu un agenda spatialisé dont les événements sont plus ou moins réguliers. L'étude de ces agendas permet de mettre en avant des différences entre individus, tant sur les distances parcourues que sur le nombre et la localisation des activités réalisées dans l'espace et d'étudier les

coprésences spatio-temporelles des individus dans la ville. Reliées à des informations socio-économiques et démographiques, il est alors possible d'observer les mobilités et d'en quantifier des potentiels selon le statut socio-économique, l'âge, la taille du réseau social, le type de quartier du domicile, etc. Les différentiels dans l'accès à des ressources de base comme aux lieux d'éducation pour les plus jeunes ou les systèmes de santé pour les plus démunis peuvent également être appréciés par cette approche.

La figure 1.4, inspirée des travaux d'Hägerstrand, montre l'espace d'activité de 4 personnes d'un même foyer réalisant différentes activités au cours d'une journée. À chacune de ces activités sont associés différents risques sur la santé selon le type de lieu fréquenté, les personnes rassemblées et l'heure de la journée. L'espace d'activité relie un individu et les lieux qu'il fréquente, il est donc bien adapté pour estimer des potentiels d'expositions d'une personne à divers pathogènes (Perchoux *et al.* 2013). Dans l'absolu, en croisant tous les agendas spatialisés des individus composant une population, et en connaissant le taux d'incidence dans la population d'un pathogène transmissible, il serait possible de calculer la probabilité de présence d'une personne contaminée parmi n personnes présentes en un lieu, et donc de prédire le risque de contamination connaissant le nombre de personnes présentes au même endroit, au même moment (Stoddard *et al.* 2009 ; Vallée 2017).



La prise en compte des espaces d'activités et des mobilités quotidiennes individuelles dans des espaces géographiques différenciés, aussi bien en termes de densité de population, d'usage du sol ou bien encore de niche écologique favorable à la présence de vecteurs, est ainsi à la base d'avancées empiriques et méthodologiques en épidémiologie (voir chapitre 2) mais aussi en santé publique puisqu'elle nourrit la réflexion sur la production des inégalités sociales de santé (voir chapitre 3).

1.3.3.3. L'apport des modélisations à base d'agents pour l'étude du rôle des mobilités quotidiennes dans la diffusion des maladies transmissibles

Conjointement aux théories des systèmes complexes (Morin et Lemoigne 1999) qui alimentent les réflexions sur les systèmes pathogènes complexes, des méthodes de modélisation ont été développées pour les étudier et dépasser les verrous des modèles mathématiques. Il s'agit en effet de modéliser des processus distribués et spatialisés. Dans ce contexte, les systèmes multi-agents (SMA) sont à ce jour le principal cadre méthodologique utilisé (Treuil *et al.* 2008). Ces modèles informatiques simulent les interactions et les comportements d'entités – appelées agents – dans le but de comprendre le fonctionnement d'un système et ses possibles évolutions. Les SMA permettent de modéliser et de simuler des phénomènes dynamiques dans des environnements où les composantes individuelles sont très hétérogènes, et permettent d'ajouter des règles qualitatives et quantitatives à différents niveaux hiérarchiques (Daudé 2004 ; Sanders 2006). Ces systèmes permettent également de prendre en compte les structures collectives émergentes dérivant des comportements individuels des agents. De plus en plus de travaux à base d'agents en épidémiologie investissent la question des mobilités individuelles, favorisée par l'explosion des données disponibles pour la calibration et l'évaluation de ces modèles (voir section 1.4). Générer des populations synthétiques mobiles dans une ville virtuelle permet alors de simuler les activités dans différents secteurs de la ville, à différents moments, selon diverses règles et tendances de déplacement, et d'évaluer les lieux et les durées d'exposition à des maladies transmissibles.

1.3.4. EpiSim : un exemple concret de modélisation des épidémies en milieu urbain avec prise en compte des mobilités quotidiennes

Un des premiers modèles dynamiques d'une épidémie de maladie transmissible et modélisé par système multi-agents porte sur la grippe dans six comtés du sud de la Californie (Eubank *et al.* 2004). Dans ce modèle (nommé « EpiSim »), 18,8 millions d'individus sont générés, vivant et se déplaçant dans un espace composé de 2,3 millions de lieux. Ces lieux qui forment un espace physique (maison, école, bâtiment, etc.), sont connectés entre eux *via* un graphe du réseau routier. Les individus sont partitionnés en 6,3 millions de ménages, dont la distribution des caractéristiques est représentative des données démographiques des quartiers couvrant les six comtés. En plus de son appartenance à un ménage, chaque individu peut appartenir à un ou plusieurs groupes (classes, groupe de travail, collègue associatif, etc.) afin de permettre les opportunités de contact entre individus. Dans le modèle EpiSim, chaque individu dispose d'un programme d'activité quotidien, composé d'activités ayant une

heure de début et de fin, et un lieu d'exécution. Ces programmes d'activités ont été établis à partir d'une enquête portant sur un échantillon de la population composé de 60 000 ménages (*National Household Transportation Survey*, NHTS). Le modèle s'assure que le nombre d'individus affectés dans les différents lieux correspond aux statistiques d'occupation de ces lieux et que les distances de commutation du domicile au lieu de travail, et entre lieux intermédiaires (ni vers, ni depuis le domicile), correspondent à celles établies par le NHTS.

À partir de ce modèle, différents événements épidémiques sont simulés suivant différents scénarios d'intervention : stratégies de mise en quarantaine, scénarios de vaccination, port de masque, comportements d'évitement, fermetures des écoles, etc. En étant modélisée au niveau individuel, la maladie et sa progression au sein de la population peuvent être suivies en retraçant les contacts interpersonnels à l'origine de la contamination et de la propagation de l'agent pathogène par l'individu. En effet, entre le moment d'arrivée d'un individu en un lieu et le moment de son départ, le modèle enregistre l'ensemble de ses contacts-temps avec d'autres individus ainsi que le graphe dynamique de son réseau relationnel. Le modèle peut alors calculer la probabilité de transmission de la maladie en se basant sur le temps de contact entre les personnes infectées et les personnes saines. La probabilité qu'un individu soit contaminé durant une activité est fonction du temps cumulé passé avec des individus contaminés. Un taux de transmission de base (par contact/heure) définit alors le risque de transmission.

Pour aller plus loin dans la différenciation interindividuelle, EpiSim modélise le risque de transmission du virus comme étant égal à ce taux de transmission du virus multiplié par un potentiel de susceptibilité et un potentiel infectieux. Le potentiel de susceptibilité, propre à chaque individu, dépend de son âge, de son genre et de ses antécédents médicaux. Il est attribué à chaque agent en début de simulation et ne varie pas. Le potentiel infectieux, propre à chaque individu également, dépend du stade de l'infection chez le contaminé, des traitements qui lui ont été administrés le cas échéant et évolue au cours de la simulation.

La modélisation à l'échelle des individus, regroupés au sein de ménages, de groupes sociaux et localisables au cours de la simulation permet alors de conduire des analyses statistiques à différentes échelles spatio-temporelles ou socio-démographiques. La distribution du nombre de contacts par jour et par agent permet par exemple de suivre précisément ceux qui ont eu le plus de contacts, et d'identifier les potentiels « super spreader ». La distribution des durées de contacts au sein de la population et pour chaque type d'activité permet quant à elle de mesurer un effet dose-réponse et d'y associer des types de lieux ou d'activités. Ces possibilités offrent donc des solutions à de nombreux verrous méthodologiques souvent mentionnés autour du contexte spatial et temporel en épidémiologie. Il est en effet possible d'identifier les coprésences spatio-temporelles des individus et les contextes de la contamination propres à un pathogène directement transmissible de personne à personne, ou indirectement *via* un vecteur.

Pour une population d'agents entièrement susceptible, l'introduction d'un virus grippal dans le modèle EpiSim permet de tirer quelques enseignements sur la zone de simulation concernée. Les résultats sont variables selon les simulations du fait de la stochasticité des premiers stades de l'épidémie, car le faible nombre de cas au démarrage peut faire échouer l'émergence de l'épidémie, la ralentir ou l'accélérer selon le lieu et les premiers ménages touchés. Dans un scénario où un virus grippal serait nouvellement introduit dans une population totalement saine, le nombre de cas au terme de l'épidémie est d'environ 8 650 000 cas, avec 46 % de la population contaminée dont 30 % asymptomatiques. Du fait de la conservation des traces individuelles des activités lors d'une contamination, les simulations montrent que la fraction des nouvelles infections à domicile passe de 50 % en début d'épidémie à près de 65 % en fin d'épidémie. Celle-ci passe de 10 à 15 % pour les lieux d'activités professionnelles, alors qu'elle passe respectivement de 25 % à 3 % dans les écoles.

L'analyse détaillée du taux d'attaque, c'est-à-dire du nombre de nouveaux cas rapporté à la population susceptible, donne également des informations précises sur le cheminement du virus grippal. Les travaux de l'équipe de Eubank (Eubank *et al.* 2004) montrent ainsi une forte corrélation entre le taux d'attaque et la taille moyenne des ménages et la part de la population scolarisée – le taux d'attaque étant plus élevé dans les quartiers composés de familles nombreuses, où le nombre d'enfants scolarisés est plus important. Si près de 60 % de la variation du taux d'attaque par secteur est corrélée négativement avec le revenu par habitant, ni la densité de population, ni la population par secteur ne sont corrélés avec le taux d'attaque. Ce dernier résultat montre clairement l'importance de prendre en compte à la fois les activités des individus et la composition des ménages.

EpiSim illustre ainsi l'intérêt d'une approche individu-centrée dans la modélisation des maladies transmissibles. Cette approche permet d'étudier de nombreux scénarios de risque, en lien notamment avec la vulnérabilité des personnes, les flux de populations, les réponses apportées ou bien encore de leur temporalité. De nombreux scénarios ont pu être testés dans EpiSim fournissant un support d'aide à la décision intéressant pour les décideurs : laissez faire pour rechercher l'immunité collective, opter pour une solution de vaccination égalitaire ou équitable avec tirage aléatoire, ou bien pour une solution fondée sur les propriétés des réseaux sociaux, en privilégiant par exemple la vaccination des personnes qui ont un nombre de contacts supérieur à la moyenne. Dans ce dernier cas, comme le modèle permet de générer des réseaux dynamiques de contacts grâce au suivi des agents qui se trouvent au même endroit au même moment, il est possible de voir dans quelles mesures la vaccination d'un agent, et de tous ses contacts, est efficace au niveau global.

Depuis ce premier modèle pionnier, l'utilisation d'une telle approche tend à se généraliser dans d'autres zones urbaines. Mais un verrou important demeure la disponibilité et l'acquisition de données adaptées, notamment pour construire des agendas d'activités.

1.4. L'importance des données de mobilité dans l'analyse et la modélisation de la propagation des épidémies en milieu urbain

Il existe plusieurs méthodes pour acquérir des données de mobilité quotidienne, chacune ayant des avantages et inconvénients que ce soit dans la méthode de collecte ou sur le type de données collecté.

1.4.1. Aborder les mobilités par la collecte de données in situ, ou données actives

Jusqu'à récemment, peu de solutions étaient disponibles pour analyser les mobilités quotidiennes. On pouvait se baser sur des collectes de données institutionnelles réalisées sur un grand échantillon d'individus et prenant en compte des mobilités, pour peu que ces dernières soient récentes et disponibles dans la zone d'étude, et que l'approche soit quantitative. On pense ici aux données domicile-travail issus des recensements ou des enquêtes origine-destination (Commenges 2013), ou encore aux enquêtes dites « emploi du temps ». Par exemple, les enquêtes ménages-déplacements⁶ en France interrogent plusieurs milliers d'individus dans une même agglomération et renseignent à un pas de temps très fin les activités réalisées, les temps de parcours et les modes de transports utilisés un jour donné de la semaine. Ces études sont jugées fiables de par une méthodologie d'échantillonnage éprouvée, contiennent des informations socio-économiques et démographiques et servent souvent de bases pour évaluer la qualité d'un autre jeu de données (par exemple Calabrese *et al.* 2011a ; Lenormand *et al.* 2014). En cas d'absence de ce type d'étude, ou choix délibéré d'effectuer une enquête plus qualitative ou hybride, il est toujours possible de récolter des données en procédant à des entretiens individuels, soit directement soit à distance (questionnaires en ligne ou par téléphone).

Par exemple, Mossong *et al.* (2008) ont effectué une analyse par questionnaire auprès de plus 7 000 personnes dans 8 pays de l'Union européenne. Ils ont collecté des informations sur les tranches d'âges, le genre, mais également sur les 97 000 personnes que les membres de l'échantillon ont fréquentées, avec un contact physique ou non. Ils ont noté le type de lieu où s'était déroulé ce contact ainsi que sa durée. Ces données ont ensuite été utilisées pour calibrer un modèle mathématique épidémique servant à explorer différents scénarios. Ce modèle permet par exemple de définir sous quelles conditions les plus jeunes seraient susceptibles d'enregistrer les plus forts taux d'incidence dans le cas d'une maladie émergente lorsque l'ensemble de la population est naïf, et donc d'évaluer les effets de mesures spécifiques sur ces tranches d'âge.

Depuis une vingtaine d'années, de nombreuses études reposent sur les traces issues de GPS fournis à des enquêtés consentants (voir (Shen et Stopher 2014)) pour une revue de littérature ou encore le chapitre 2 de cet ouvrage). À partir de données issues de GPS fournis à quelques habitants d'Iquitos (Pérou), Stoddard *et al.* (2009), ont pu

6. Aujourd'hui appelée « Enquêtes Mobilités Certifiées Cerema » (EMC²).

par exemple reconstruire les espaces d'activités des individus qu'ils ont mis en regard de la densité de moustiques responsables de la dengue. Ils ont ensuite calculé un niveau de risque individuel qui dépendait des activités réalisées, de la densité de moustiques, ainsi que de la durée et de l'heure d'exposition. Dans ce cas précis, les lieux de domiciles enregistrent les niveaux de risques les plus élevés. Poursuivant leur étude en appliquant la méthode du *contact tracing*, les chercheurs concluent que les déplacements entre ces lieux, au gré des liens sociaux, contribuent significativement à la propagation locale de la dengue (Stoddard *et al.* 2013).

Si ce type d'études basées sur des GPS fournis à des individus permet de recueillir des informations géographiques très précises, elles ne peuvent cependant pas être réalisées sur des échantillons trop grands, essentiellement pour des raisons de coût – en temps et/ou main-d'œuvre – ni sur de trop longues périodes, car assez intrusives et contraignantes pour l'enquête.

1.4.2. Aborder les mobilités par des données collectées ex situ, ou données passives – traces numériques et données en ligne

Le développement technologique dans les domaines des communications et de l'informatique depuis la fin des années 2000 a vu la généralisation de l'usage des téléphones portables et depuis peu des réseaux sociaux, au gré d'un meilleur accès à des réseaux de communication (meilleurs débits, baisse des prix, bond technologique des téléphones portables, etc.). Ces comportements en ligne et en itinérance génèrent une masse de données et **traces numériques** parfois géolocalisées, et donc utilisables dans l'analyse des mobilités individuelles ou collectives.

1.4.2.1. Étudier les mobilités à partir de données issues de la téléphonie mobile

Un téléphone mobile allumé va chercher continuellement à se connecter et s'identifier auprès de l'antenne relais offrant le meilleur signal (hypothétiquement la plus proche) afin d'être joignable ou de pouvoir passer un appel en tout temps. La localisation du téléphone peut donc être associée à celle de l'antenne, qui est connue. Il est donc théoriquement possible de tracer au cours du temps un téléphone, et son porteur, avec une précision spatiale qui dépend du maillage du réseau des antennes relais (figure 1.5A). Cette précision spatiale, va ainsi en France de quelques centaines de mètres en milieu urbain densément peuplé, à quelques kilomètres en milieu rural. Les informations spatio-temporelles sur les connexions représentent une masse considérable de données qui ne sont pas nécessairement stockées par les opérateurs. Elles sont de surcroît difficilement accessibles à des fins de recherche, car les opérateurs ne souhaitent pas concurrencer les offres qu'ils peuvent eux-mêmes commercialiser. D'autres données, plus « dégradées », sont aussi mobilisables. Ainsi, les statistiques d'appels téléphoniques (*Call Detail Report* ou CDR), qui sont enregistrées pour des raisons pratiques (facturation et continuité du service) ne permettent pas un suivi dans l'espace/temps complet de déplacement du téléphone puisque le téléphone n'est localisé que lorsqu'un appel téléphonique (ou un message) est émis ou reçu (figure 1.5B). Toutefois les données CDR ont l'avantage de permettre

l'analyse du réseau social à partir du nombre d'appels entre deux personnes. Ces données CDR ont été utilisées à des fins de recherche à partir du milieu des années 2000, notamment dans le cadre d'études sur flux de mobilités humaines.



Figure 1.5. Localisation d'un téléphone auprès d'antennes relais (d'après (Montjoye et al. 2013)).

a) représente la localisation exacte du téléphone, et b) les polygones de Voronoï où le téléphone a été actif et où sera donc localisé l'utilisateur d'après les CDR

À l'échelle urbaine, les données issues de la téléphonie mobile ont permis de révéler le haut niveau de régularité spatio-temporelle des mobilités humaines qui s'explique par le fait que les personnes passent le plus clair de leur temps dans quelques lieux (González *et al.* 2008). La même équipe a également étudié le caractère entropique des mobilités de 50 000 utilisateurs téléphonant suffisamment régulièrement pour semer des traces relativement continues dans le temps. Ils en ont conclu que 93 % des déplacements pouvaient être prédits, et que ce taux était constant sur l'ensemble de la population, indépendamment des distances généralement parcourues (Song *et al.* 2010b). Il convient cependant de relativiser ce résultat. En effet, dans les villes, les individus passent généralement la plupart de leur temps entre leur domicile et leur lieu de travail, à des horaires relativement réguliers. Il y a donc une forte probabilité qu'entre deux tranches horaires contiguës un individu soit présent dans un même lieu, surtout la nuit ou lors des heures ouvrées. Il faut également prendre en compte le niveau de précision spatiale, au minimum une centaine de mètres.

Dans la lignée des travaux de l'équipe de González *et al.* (2008), un modèle de déplacement a été proposé où lorsqu'un agent décide de changer de lieu, ce dernier peut soit visiter un nouveau lieu avec une probabilité qui décroît avec le nombre de lieux déjà visités, soit revenir dans un lieu déjà visité – modèle EPR, pour *Exploration and Preferential Return* (Song *et al.* 2010a). Cette formalisation, relativement simple, a permis de reproduire à la fois deux informations observées : l'augmentation du nombre de lieux fréquentés par un individu au cours du temps ainsi que la distribution de la probabilité de présence en chaque lieu.

De nombreuses études sur les mobilités ont donc été réalisées à partir de ces jeux de données téléphoniques, dans différents contextes, qu'il s'agisse de l'évaluation de la représentativité de l'échantillon, de la recherche de lois de déplacement, de l'analyse des interactions spatiales, ou de la comparaison avec des modèles de mobilités classiques (gravitaire, radiatifs, etc.). Voir Blondel *et al.* (2015) pour une revue de littérature sur l'analyse des mobilités à partir de ces données et Barbosa *et al.* (2018) pour une revue plus spécifique aux modèles de mobilités issus des CDR.

1.4.2.1.1. Traces téléphoniques en contexte d'épidémies de maladies infectieuses

Un nombre croissant d'études sur les liens entre les mobilités et la propagation d'épidémies utilise également les traces téléphoniques. Par exemple dans le cas de l'épidémie d'Ebola de 2014 (Wesolowski *et al.* 2014) soulignent qu'un accès rapide et coordonné aux données de téléphonie permettrait d'estimer la propagation de l'épidémie en temps réel. Ces données sur les dynamiques des populations sont également primordiales dans le cas de la malaria à l'échelle régionale (Wesolowski *et al.* 2012 ; zu Erbach-Schoenberg *et al.* 2016), et comme pour la dengue, les déplacements humains ont une contribution importante dans la propagation de l'épidémie, en plus des déplacements hyper-localisés des moustiques. Mais si les lacunes dans les données épidémiologiques rendent difficile la modélisation de la propagation de l'épidémie (Buckee *et al.* 2013), elles permettent d'estimer les principaux flux responsables de l'importation de la maladie et les zones à haut risque, ce qui permettrait d'améliorer le système de surveillance (Buckee *et al.* 2017).

1.4.2.1.2. Traces téléphoniques dans le cadre d'épidémies en milieu urbain

Frias-Martinez *et al.* (2011) ont construit un modèle de mobilité à base d'agents appliqué à la grippe H1N1 en prenant en compte à la fois les déplacements, ainsi que le réseau social à partir des données de CDR. Chaque agent se voit affecter une probabilité de se trouver dans une cellule (un polygone de voronoï correspondant à l'emprise spatiale de l'antenne relais) à un instant t , variable selon les jours de la semaine et du week-end, le tout basé sur son historique de localisation. L'aspect lié au réseau social est déterminé à partir du nombre d'appels entre deux personnes, notamment lorsqu'elles sont localisées autour d'une même antenne relais, en général annonciateur d'une future rencontre physique (Calabrese *et al.* 2011b). Frias-Martinez *et al.* (2011) ont donc contraint leur modèle par la prise en compte d'une plus forte probabilité de contact entre une personne infectée et une personne saine si ces dernières se sont déjà appelées auparavant et se trouvent dans la même zone. Ils ont ensuite appliqué leur modèle aux cas de H1N1 enregistrés en 2009 dans une ville au Mexique. Ils ont estimé que les mesures de contraintes de déplacements imposées par le gouvernement auraient réduit de 10 % le pic de personnes contaminées.

Massaro *et al.* (2019) ont étudié l'influence des mobilités sur la dynamique de l'épidémie de dengue à Singapour entre 2013 et 2014. Ils ont pour ce faire construit d'une part des modèles de mobilités quotidiennes, qu'ils ont reliés à des modèles compartimentaux décrivant les interactions entre l'homme et le moustique. À partir de données de téléphonie de 2,3 millions de personnes (soit environ $\frac{1}{4}$ de la population

totale), ils ont construit un modèle à base d'agents reflétant les navettes domicile/travail. Le lieu de domicile et celui de l'activité principale ont été associés à l'antenne où la personne a respectivement émis ou reçu le plus d'appels ou de messages la nuit d'une part, et en journée les jours de semaine d'autre part. Ils ont ensuite construit trois autres modèles individu-centrés (qui se rapportent toutefois plus à des matrices origine destination) : un où les lieux de domicile sont basés sur les CDR mais où les lieux d'activité principale sont répartis de manière aléatoire ; un dans lequel les lieux d'activité principale sont définis tels que les distances de navettage globales suivent une distribution de Levy tronquée, comme suggéré par González *et al.* (2008) ; et enfin un modèle tel que les lieux de domicile correspondent à ceux du recensement, mais où les lieux de travail sont estimés à partir du modèle radiatif (Simini *et al.* 2012). Dans tous ces cas, les individus se déplacent dans des cellules de 320 m², où s'appliquent un modèle compartimental stochastique de la dengue propre à la maille. Le développement des moustiques et de larves (mortalité des larves, taux d'incubation, etc.) dans chaque cellule de la grille dépend uniquement de la température. D'autres paramètres, comme les taux de transitions entre E et I et I et R sont fixés. Le nombre de moustiques par humain et le nombre de piqûres sont estimés par la suite, en calibrant les modèles de mobilités de sorte que les coefficients de corrélation entre les cas de dengues simulés et observés soient les plus proches à l'échelle de la ville. Pour chaque cellule et chaque pas de temps, ils appliquent un modèle par équation différentielle pour chacun des compartiments (vecteurs et hôtes) issu de Lourenço et Recker (2014). Afin de pouvoir suivre la sérologie de chaque agent, ils en estiment le nouvel état en effectuant un tirage indépendant selon une distribution binomiale où la probabilité P dépend du nombre total de personnes changeant d'état dans cette cellule, à l'instant t . Les résultats des modèles sont ensuite comparés aux cas de dengue enregistrés par le système de surveillance singapourien. Leur étude, bien que souffrant de quelques limites (toute la population est susceptible, un seul sérotype de dengue est pris en compte, les agents infectés ne changent pas leurs pratiques de mobilité, elles-mêmes limitées à des navettes domicile-travail, etc.) montre néanmoins que les modèles créés à partir de CDR donnent les résultats les plus proches des observations, à la fois dans le temps et dans l'espace, et que les processus de diffusion de la dengue en zone urbaine dépendent des mobilités et n'ont rien d'aléatoire.

1.4.2.2. Traces numériques et données en ligne

L'arrivée de téléphones de plus en plus sophistiqués et connectés à Internet va de pair avec l'émergence de plateformes de réseaux sociaux. Ces derniers permettent à leurs utilisateurs d'interagir avec le monde, et de partager parfois – de manière plus ou moins consciente – des informations relatives aux lieux qu'ils visitent et aux heures auxquelles ils les fréquentent : on parle alors de traces numériques géolocalisées. Le réseau social Twitter permet par exemple à ses membres de partager leur localisation précise (les coordonnées GPS de leur téléphone), ce qui ajoute du contenu à leur message (ou *tweets*). Certains réseaux sociaux ont des taux de pénétration assez importants à l'échelle mondiale (par exemple Twitter, Facebook, Instagram, etc.), même si leur usage varie selon l'âge et les catégories socio-professionnelles des

utilisateurs et les zones géographiques concernées (Facebook n'est pas utilisé en Chine tandis que les Russes préfèrent Vkontakte).

Dans le cadre de recherche sur les mobilités, les tweets géolocalisés ont dans un premier temps permis d'appréhender une partie des flux aux échelles régionales et mondiales (Hawelka *et al.* 2014 ; Jurdak *et al.* 2015). En milieu urbain, ils ont également montré des potentiels de mobilités différents selon différentes catégories sociales à Chicago (Luo *et al.* 2016) et à Delhi (Cebeillac et Rault 2016). En recoupant ces tweets géolocalisés avec des couches d'utilisations du sol provenant de points d'intérêts (ou POI, pour *Point Of Interest*) de Google, des espaces d'activités individuels ont pu être créés, étudiés et mis en regard des discontinuités spatio-temporelles des cas de dengue observés à Bangkok (Cebeillac *et al.* 2017, 2018).

Plus récemment, la société Facebook⁷ a mis à disposition des données renseignant des flux agrégés toutes les huit heures à des mailles de taille relativement importantes – maille de plusieurs kilomètres ou échelle d'une commune selon les jeux de données (Galeazzi *et al.* 2021). Ces données de déplacements d'individus agrégées dans le temps et l'espace permettent de voir l'effet des confinements sur les mobilités aux échelles locales et régionales pendant la pandémie de Covid-19, et d'étudier les corrélations entre les deux à ces échelles (Shepherd *et al.* 2021). Les compagnies Google et Apple ont fait de même en mettant à disposition des données agrégées et pré-traitées des activités réalisées par les utilisateurs de leurs appareils mobiles ayant activé la géolocalisation⁸. Néanmoins, étant agrégées, ces données ne permettent pas (pour l'instant) d'appréhender les liens directs entre les comportements de mobilités individuels et les processus de contamination et de propagation de l'agent pathogène.

Dans la lignée des travaux qui associent zones fréquentées par des individus et type d'activités présentes dans ces zones, Chang *et al.* (2021) proposent d'étudier les lieux d'infection en couplant un modèle SEIR à des traces numériques géolocalisées. Ces dernières concernent la géolocalisation précise de près de 100 millions d'Américains dans 10 des plus grandes villes du pays. Elles ont été fournies dans le cadre d'une coopération pour mieux comprendre la Covid-19 par l'entreprise Safegraph, qui collecte et recoupe des données individuelles et géolocalisées auprès de partenaires et d'applications tierces⁹, sans plus d'informations sur leur origine. Elles permettent d'estimer la zone de résidence ainsi que les types de lieux fréquentés (point d'intérêt, ou POI) et leur durée médiane de visite. À partir de ces données et informations, les chercheurs ont appliqué un modèle SEIR en réseau, où les contaminations peuvent se produire au domicile ou dans un POI. Les taux d'infection calibrés par leurs simulations varient selon la taille du POI, la durée médiane de visite et la densité de personnes susceptibles. Ils ont pu montrer que certains POI jouent un rôle plus important dans la chaîne de contamination, notamment les restaurants, les clubs de gym, et les bars et cafés – à noter que les lieux d'éducation et les lieux de

7. <https://dataforgood.facebook.com/>.

8. <https://covid19.apple.com/mobility> & <https://www.google.com/covid19/mobility/>.

9. <https://www.safegraph.com/privacy-policy>.

travail ne font cependant pas partie de l'étude. Par exemple à Chicago, 10 % des POIs représentent 85 % des infections d'après leurs simulations. Ils ont également mis en avant des vulnérabilités différentes selon le niveau de revenus de la zone de domicile. En effet, les personnes résidant dans des zones à faible revenu auraient vu leur mobilité moins baisser que celles vivant dans des zones plus aisées, probablement parce que la pratique du télétravail est moins répandue voire réalisable dans les catégories de métiers occupées par les classes sociales les moins favorisées. Aussi, les types de lieux que ce sous-groupe fréquente sont plus à risque, avec des densités de population, des durées d'exposition et des fréquences de visite plus importantes.

Une grande variété de données de mobilité est ainsi mobilisable, qu'elles soient collectées directement auprès de personnes interrogées ou issues des traces numériques. Leur niveau de représentativité et de précision (sociale, spatiale, temporelle ou sémantique), conditionne leur utilisation, tant du point de vue de la description du phénomène que de sa modélisation prospective.

1.5. Conclusion

Les mobilités quotidiennes sont complexes, propres à chaque individu, variables dans le temps et l'espace considéré. Bien qu'elles jouent un rôle central dans les processus de diffusion de maladies infectieuses transmissibles à toutes les échelles, leur prise en compte ne fut que progressive. Ceci peut s'expliquer tout d'abord par la complexité des comportements de mobilité rendant difficile leur mise en relation avec des agents pathogènes, dont le fonctionnement est lui-même complexe. Il a fallu également le temps que les concepts pertinents développés dans les différentes disciplines se croisent (géographie, informatique, épidémiologie, etc.). Des limites techniques sont aussi invoquées, notamment celles qui concernent les capacités et temps de calculs informatiques et de disponibilité des données adaptées.

Bien que l'utilisation des données massives issues de la téléphonie mobile ou des traces numériques géolocalisées soit déconnectée de leur objectif initial de création et pose *de facto* des questions éthiques liées à la surveillance et à la vie privée, ces données massives permettent néanmoins de mieux appréhender les mobilités quotidiennes et d'éclairer les processus de diffusion de maladies à différentes échelles. Leur utilisation dans le cadre de modèles dynamiques, distribués et spatialisés a donc vocation à se poursuivre et connaître d'importants développements. Parmi ceux-ci, une réflexion sur l'association avec d'autres bases de données et les verrous que cela pose devra être menée. En effet, ces données de téléphonie ou issues des réseaux sociaux sont sèches, aucune information socio-démographique sur le profil des individus, sur les motifs de déplacements, ou sur les états émotionnels, la culture du risque ou l'acceptation de consignes par exemple ne sont accessibles. Or ces éléments sont tout aussi importants que la mobilité pour évaluer la vulnérabilité des individus, et des populations, à un agent pathogène.

1.6. Bibliographie

- Ajelli, M., Gonçalves, B., Balcan, D., Colizza, V., Hu, H., Ramasco, J.J., Merler, S., Vespignani, A. (2010). Comparing large-scale computational approaches to epidemic modeling: agent-based versus structured metapopulation models. *BMC infectious diseases*, 10 (1), 190.
- Arino, J. (2005). À multi-species epidemic model with spatial dynamics. *Mathematical Medicine and Biology*, 22(2), 129–142.
- Arino, J., van den Driessche, P. (2003). À multi-city epidemic model. *Mathematical Population Studies*, 10(3), 175–193.
- Barbosa, H., Barthelemy, M., Ghoshal, G., James, C.R., Lenormand, M., Louail, T., Menezes, R., Ramasco, J.J., Simini, F., Tomasini, M. (2018). Human mobility: Models and applications. *Physics Reports*, 734, 1–74.
- Baroyan, O.V., Rvachev, L.A. (1967). Deterministic models of epidemics for a territory with a transport network. *Cybernetics*, 3(3), 67–74.
- Blondel, V.D., Decuyper, A., Krings, G. (2015). À survey of results on mobile phone datasets analysis. *EPJ Data Science*, 4(1) [En ligne]. Disponible à l'adresse : <http://www.epjdatascience.com/content/4/1/10>.
- Buckee, C.O., Wesolowski, A., Eagle, N.N., Hansen, E., Snow, R.W. (2013). Mobile phones and malaria: Modeling human and parasite travel. *Travel Medicine and Infectious Disease*, 11(1), 15–22.
- Buckee, C.O., Tatem, A.J., Metcalf, C.J.E. (2017). Seasonal Population Movements and the Surveillance and Control of Infectious Diseases. *Trends in Parasitology*, 33(1), 10–20.
- Calabrese, F., Di Lorenzo, G., Liu, L., Ratti, C. (2011a). Estimating origin-destination flows using mobile phone location data. *IEEE Pervasive Computing*, 10(4), 0036–44.
- Calabrese, F., Smoreda, Z., Blondel, V.D., Ratti, C. (2011b). Interplay between Telecommunications and Face-to-Face Interactions: A Study Using Mobile Phone Data, Scalas, E. (dir.). *PLoS ONE*, 6(7), e20814.
- Cebeillac, A., Rault, Y.-M. (2016). Contribution of geotagged Twitter data in the study of a social group's activity space. The case of the upper middle class in Delhi, India. *Netcom. Réseaux, communication et territoires*, 231–248.
- Cebeillac, A., Huraux, T., Daudé, É. (2017). Where? When? and how often ? What can we learn about daily urban mobilities from Twitter data and google map in Bangkok (Thailand) and what are the perspectives for dengues studies?. *Netcom. Réseaux, communication et territoires*.
- Cebeillac, A., Daudé, É., Vaguet, A. (2018). Spatial discontinuities, health and mobility. *Revue Internationale de Géomatique*, 28(4), 389–407.
- Chang, S., Pierson, E., Koh, P.W., Gerardin, J., Redbird, B., Grusky, D., Leskovec, J. (2021). Mobility network models of COVID-19 explain inequities and inform reopening. *Nature*, 589(7840), 82–87.

- Commenges, H. (2013). L'invention de la mobilité quotidienne. Aspects performatifs des instruments de la socio-économie des transports. Thèse de doctorat, Université Paris-Diderot-Paris VII, Paris [En ligne]. Disponible à l'adresse : <https://tel.archives-ouvertes.fr/tel-00923682/>.
- Cummings, D.A.T., Irizarry, R.A., Huang, N.E., Endy, T.P., Nisalak, A., Ungchusak, K., Burke, D.S. (2004). Travelling waves in the occurrence of dengue haemorrhagic fever in Thailand. *Nature*, 427(6972), 344–347. doi : 10.1038/nature02225.
- Daudé, É. (2004). Apports de la simulation multi-agents à l'étude des processus de diffusion. *Cybergeo : European Journal of Geography* [En ligne]. Disponible à l'adresse : <https://doi.org/10.4000/cybergeo.3835>.
- Daudé É., Éliot, E. (2005). Exploration de l'effet des types de mobilités sur la diffusion des épidémies. *Actes du colloque ThéoQuant*.
- Daudé, É., Vaguet, A., Paul, R. (2015). La dengue, maladie complexe. *Natures Sciences Sociétés*, 23(4), 331–342.
- Derouich, M., Twizell, E.H., Boutayeb, A. (2003). À model of dengue fever. *BioMedical Engineering* [En ligne]. Disponible à l'adresse : <http://dspace.brunel.ac.uk/handle/2438/1692>.
- Eliot, E., Daudé, E., Bonnet, E. (2012). Interpréter les épidémies du passé : l'exemple de l'épidémie du choléra-morbus en Normandie en 1832. *Geoconfluences* [En ligne]. Disponible à l'adresse : <https://halshs.archives-ouvertes.fr/halshs-01082682>.
- zu Erbach-Schoenberg, E., Alegana, V.A., Sorichetta, A., Linard, C., Lourenço, C., Ruktanonchai, N.W., Graupe, B., Bird, T.J., Pezzulo, C., Wesolowski, A., Tatem, A.J. (2016). Dynamic denominators : the impact of seasonally varying population numbers on disease incidence estimates. *Population Health Metrics*, 14 (1) [En ligne]. Disponible à l'adresse : <http://pophealthmetrics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12963-016-0106-0>.
- Eubank, S., Guclu, H., Anil Kumar, V.S., Marathe, M.V., Srinivasan, A., Toroczkai, Z., Wang, N. (2004). Modelling disease outbreaks in realistic urban social networks. *Nature*, 429(6988), 180–184.
- Frias-Martinez, E., Williamson, G., Frias-Martinez, V. (2011). An agent-based model of epidemic spread using human mobility and social network information. Dans *Privacy, Security, Risk and Trust (PASSAT) and 2011 IEEE Third International Conference on Social Computing (SocialCom)*, 57–64 [En ligne]. Disponible à l'adresse : <http://ieeexplore.ieee.org/abstract/document/6113095/>.
- Galeazzi, A., Cinelli, M., Bonaccorsi, G., Pierri, F., Schmidt, A.L., Scala, A., Pammolli, F., Quattrocioni, W. (2021). Human mobility in response to COVID-19 in France, Italy and UK. Rapport, *Nature Scientific Report*, 202113141. doi : 10.1038/s41598-021-92399-2.
- González, M.C., Hidalgo, C.A., Barabási, A.-L. (2008). Understanding individual human mobility patterns. *Nature*, 453(7196), 779–782.

- Gould, P. (1993). *The Slow Plague: A Geography of the AIDS Pandemic*. Blackwell Publishers, Hoboken.
- Hägerstrand, T. (1970). What about people in regional science?. *Papers of Regional Science Association*, 24, 7–21.
- Hawelka, B., Sitko, I., Beinat, E., Sobolevsky, S., Kazakopoulos, P., Carlo, R. (2014). Geo-located Twitter as the proxy for global mobility patterns. *Cartography and Geographic Information Science*.
- Jurdak, R., Zhao, K., Liu, J., AbouJaoude, M., Cameron, M., Newth, D. (2015). Understanding human mobility from Twitter. *PLoS one*, 10(7), e0131469.
- Kermack, W.O., McKendrick, A.G. (1927). A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics. *Proceedings of the Royal Society A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences*, 115(772), 700–721.
- Langlois, P., Daudé, É. (2007). Concepts et modélisations de la diffusion géographique. *Cybergeo*, 364, 23 [En ligne]. Disponible à l'adresse : <http://193.55.107.45/articles/364res.htm>.
- Lenormand, M., Picornell, M., Cant-Ros, O.G., Tugores, A., Louail, T., Herranz, R., Barthelemy, M., Frias-Martinez, E., Ramasco, J.J. (2014). Cross-Checking Different Sources of Mobility Information. *PLoS ONE*, 9(8), e105184.
- Lourenço, J., Recker, M. (2014). The 2012 Madeira Dengue Outbreak : Epidemiological Determinants and Future Epidemic Potential. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 8(8), e3083.
- Luo, F., Cao, G., Mulligan, K., Li, X. (2016). Explore spatiotemporal and demographic characteristics of human mobility via Twitter: A case study of Chicago. *Applied Geography*, 70, 11–25.
- Massaro, E., Kondor, D., Ratti, C. (2019). Assessing the interplay between human mobility and mosquito borne diseases in urban environments. *Scientific Reports*, 9(1) [En ligne]. Disponible à l'adresse : <http://www.nature.com/articles/s41598-019-53127-z>.
- Misslin, R., Daudé, É. (2017). An environmental suitability index based on the ecological constraints of *Aedes aegypti*, vector of dengue and Zika virus. *RIG, International review of Geomatics*, 27(4), 481–501. doi : 10.3166/rig.2017.00044.
- de Montjoye, Y.-A., Hidalgo, C.A., Verleysen, M., Blondel, V.D. (2013). Unique in the Crowd: The privacy bounds of human mobility. *Scientific Reports*, 3 [En ligne]. Disponible à l'adresse : <http://www.nature.com/articles/srep01376>.
- Morin, E., Lemoigne, J.-L. (1999). *L'intelligence de la complexité*. L'Harmattan, Paris.
- Mossong, J., Hens, N., Jit, M. et al. (2008). Social Contacts and Mixing Patterns Relevant to the Spread of Infectious Diseases. *PLoS Medicine*, 5(3), e74.

- Ordóñez-Gonzalez, J.G., Mercado-Hernandez, R., Flores-Suarez, A.E., Fernández-Salas, I. (2001). The Use of Sticky Ovitrap to Estimate Dispersal of *Aedes Aegypti* in Northeastern Mexico. *Journal of the American Mosquito Control Association*, 17(2), 93–97 [En ligne]. Disponible à l'adresse : <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/11480827>.
- Pastor-Satorras, R., Castellano, C., Van Mieghem, P., Vespignani, A. (2015). Epidemic processes in complex networks. *Reviews of Modern Physics*, 87(3), 925–979.
- Perchoux, C., Chaix, B., Cummins, S., Kestens, Y. (2013). Conceptualization and measurement of environmental exposure in epidemiology: Accounting for activity space related to daily mobility. *Health & Place*, 21, 86–93.
- Picheral, H. (1983). Complexes et systèmes pathogènes : approche géographique. De l'épidémiologie à la géographie humaine. *Travaux et documents de géographie tropicale*, 5–22.
- Ripley, K. (1977). Modelling Spatial Patterns. *Journal of the Royal Statistical Society*, 39(2), 172–212.
- Ross, R. (1911a). Some quantitative studies in epidemiology. *Nature*, 87, 466–467.
- Ross, R. (1911b). *The Prevention of Malaria*. John Murray, Londres.
- Salje, H., Lessler, J., Endy, T.P. et al. (2012). Revealing the microscale spatial signature of dengue transmission and immunity in an urban population. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 109(24), 9535–9538.
- Salje, H., Lessler, J., Maljkovic Berry, I. et al. (2017). Dengue diversity across spatial and temporal scales: Local structure and the effect of host population size. *Science*, 355(6331), 1302–1306.
- Sanders, L. (2006). Les modèles agents en géographie urbaine. Dans *Modélisation et simulation multi-agents ; applications pour les Sciences de l'Homme et de la Société*. Hermes-Lavoisier, Paris, 151–168.
- Sattenspiel, L., Dietz, K. (1995). A structured epidemic model incorporating geographic mobility among regions. *Mathematical biosciences*, 128 (1/2), 71–91.
- Schaerström, A. (1996). Pathogenic paths?. Thèse de doctorat, Lund.
- Shepherd, H.E.R., Atherden, F.S., Chan, H.M.T., Loveridge, A., Tatem, A.J. (2021). Domestic and international mobility trends in the United Kingdom during the COVID-19 pandemic : an analysis of facebook data. *Int. J. Health Geogr.*, 20, 46 [En ligne]. Disponible à l'adresse : <https://doi.org/10.1186/s12942-021-00299-5>.
- Shen, L., Stopher, P.R. (2014). Review of GPS Travel Survey and GPS Data-Processing Methods. *Transport Reviews*, 34(3), 316–334.
- Simini, F., González, M.C., Maritan, A., Barabási, A.-L. (2012). A universal model for mobility and migration patterns. *Nature*, 484(7392), 96–100.
- Snow, J. (1855). *On the mode of communication of cholera*. II. John Churchill, Londres [En ligne]. Disponible à l'adresse : <http://www.ph.ucla.edu/epi/snow/snowbook.html>.

- Song, C., Koren, T., Wang, P., Barabási, A.-L. (2010a). Modelling the scaling properties of human mobility. *Nature Physics*, 6(10), 818–823.
- Song, C., Qu, Z., Blumm, N., Barabasi, A.-L. (2010b). Limits of Predictability in Human Mobility. *Science*, 327(5968), 1018–1021.
- Sorre, M. (1933). Complexes pathogènes et géographie médicale. *Annales de Géographie*, 42(235), 1–18.
- Stoddard, S.T., Morrison, A.C., Vazquez-Prokopec, G.M., Paz Soldan, V., Kochel, T.J., Kitron, U., Elder, J.P., Scott, T.W. (2009). The Role of Human Movement in the Transmission of Vector-Borne Pathogens. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 3(7), e481.
- Stoddard, S.T., Forshey, B.M., Morrison, A.C. *et al.* (2013). House-to-house human movement drives dengue virus transmission. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 110(3), 994–999.
- Tatem, A.J., Rogers, D.J., Hay, S.I. (2006). Global Transport Networks and Infectious Disease Spread. Dans *Advances in Parasitology*. Elsevier, Paris, 293–343 [En ligne]. Disponible à l'adresse : <http://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0065308X0562009X>.
- Tizzoni, M., Bajardi, P., Decuyper, A., Kon Kam King, G., Schneider, C.M., Blondel, V., Smoreda, Z., González, M.C., Colizza, V. (2014). On the Use of Human Mobility Proxies for Modeling Epidemics. *PLoS Computational Biology*, 10(7), e1003716.
- Treuil, J.-P., Drogoul, A., Zucker, J.-D. (2008). *Modélisation et simulation à base d'agents : exemples commentés, outils informatiques et questions théoriques*. Dunod, Paris.
- Vallée, J. (2017). Challenges in targeting areas for public action. Target areas at the right place and at the right time. *Journal of Epidemiology and Community Health*, 71(10), 945–946.
- Vazquez-Prokopec, G.M., Kitron, U., Montgomery, B., Horne, P., Ritchie, S.A. (2010). Quantifying the Spatial Dimension of Dengue Virus Epidemic Spread within a Tropical Urban Environment. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 4(12), e920.
- Waite, H. (1910). Mosquitoes and Malaria. A Study of the Relation between the Number of Mosquitoes in a Locality and the Malaria Rate. *Biometrika*, 7(4), 421–436.
- Wesolowski, A., Eagle, N., Tatem, A.J., Smith, D.L., Noor, A.M., Snow, R.W., Buckee, C.O. (2012). Quantifying the Impact of Human Mobility on Malaria. *Science*, 338, 267–270.
- Wesolowski, A., Buckee, C.O., Bengtsson, L., Wetter, E., Lu, X., Tatem, A.J. (2014). Commentary: Containing the Ebola Outbreak – the Potential and Challenge of Mobile Network Data. *PLOS Currents Outbreaks*.

Wesolowski, A., Qureshi, T., Boni, M.F., Sundsøy, P.R., Johansson, M.A., Rasheed, S.B., Engø-Monsen, K., Buckee, C.O. (2015). Impact of human mobility on the emergence of dengue epidemics in Pakistan. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 112(38), 11887–11892.