

Postdoctorat

Analyse d'une stratégie distribuée de contrôle robuste de l'épidémie de COVID-19

Laboratoire d'accueil :

Laboratoire d'Automatique et d'Informatique pour les Systèmes (LIAS)

<https://www.lias-lab.fr/>

Mots clés : automatique, optimisation distribuée, contrôle robuste, modèle SIR, COVID-19

Durée : 18 mois

Financement : Le postdoc est financé pour le projet « Analyse d'une stratégie distribuée de contrôle robuste de l'épidémie de COVID-19 » par la Région Nouvelle-Aquitaine

Description du poste : Le sujet s'intitule « Analyse d'une stratégie distribuée de contrôle robuste de l'épidémie de COVID-19 ». La distanciation sociale associée aux autres gestes barrière a prouvé son efficacité pour contenir la propagation d'une maladie contagieuse, à savoir le COVID-19, pour laquelle nous ne disposons pas de protection pharmaceutique ou de vaccin. En France et dans plusieurs pays d'Europe, le confinement total a permis de faire chuter le taux d'infection. Cependant, ces mesures de confinement strictes sont très coûteuses d'un point de vue économique et il sera de plus en plus difficile de les appliquer pour contrer de nouvelles vagues épidémiques.

En attendant la mise au point d'une protection pharmaceutique efficace, il convient de développer des méthodes et des protocoles permettant de faire baisser le taux d'infection tout en préservant l'activité économique et la vie sociale. Dans l'idéal, seules les personnes contagieuses devraient être confinées. La période moyenne d'incubation pour le COVID-19 est de cinq jours mais la personne infectée peut être contagieuse quelques heures avant l'apparition des symptômes. Il y a également les cas asymptomatiques qui ne peuvent être détectés que par tests. Dans ces conditions, peut-on estimer la probabilité d'infection d'une personne et déterminer le meilleur moment pour sa mise en quarantaine tout en limitant le nombre de tests à pratiquer ? Ce projet de recherche propose de fournir un outil d'analyse mathématique des différentes solutions envisagées pour répondre à cette question.

La Corée du Sud a déployé un outil de traçage numérique à partir d'une application sur Smartphone qui a montré son efficacité. En France, le projet de l'INRIA Stop-COVID devrait être déployé en juin. Il consiste à mettre à disposition de chacun une application permettant d'informer les usagers s'ils ont été en contact avec une personne ayant été testée positive au COVID-19, et de leur proposer des conduites à tenir. Néanmoins, un algorithme n'est pas une preuve de l'efficacité d'une méthode de contrôle. Cette dernière doit être validée par une preuve formelle. De plus, l'efficacité de cette approche dépendra fortement du taux d'acceptation des citoyens à utiliser cette application, de la densité de population et des habitudes de déplacement. Il nous paraît intéressant d'avoir un outil d'analyse prenant en compte les paramètres d'utilisation et de comportement en fonction des territoires et des types de population. Cet outil d'analyse permettrait de définir *in fine* la stratégie optimale à

mettre en place connaissant la probabilité d'infection en temps réel de chaque usager en fonction des contacts qu'il a eu dans les jours précédents. Cette stratégie, qui consiste à tester un usager à partir d'une certaine probabilité et proposer ou non sa mise en quarantaine, doit minimiser à la fois le taux de propagation du virus et le nombre de tests effectués. C'est un projet de recherche qui relève de l'automatique, qui est la science de la modélisation, de l'analyse, de l'identification et de la commande des systèmes dynamiques.

Pour analyser *a priori* l'efficacité d'une stratégie, c'est-à-dire sans données issues d'une campagne d'exploitation, il faut disposer d'un modèle le plus précis possible de l'évolution de l'épidémie dans la population. Il y a eu beaucoup de travaux pour modéliser et prédire l'évolution de l'épidémie de *COVID-19* en fonction de la distanciation sociale mise en œuvre. On peut distinguer les modèles centralisés des modèles distribués. Les modèles centralisés cherchent à représenter l'évolution de l'épidémie dans des groupes de population, *i.e.* à l'échelle d'un pays. Les modèles distribués sont basés sur le formalisme des systèmes multi-agents et reproduisent la propagation du virus entre les agents, un agent étant un individu ou un sous-groupe d'individus. Qu'ils soient centralisés ou distribués, la plupart de ces modèles sont basés sur le modèle SIR (Susceptible-Infected-Removed). Un individu ou un groupe d'individus peut être susceptible d'être sain (S), infecté (I) ou guéri (R) [2]. Le modèle SIR est mal adapté pour modéliser la progression d'une épidémie avec une période d'incubation longue, qui présente un nombre important de cas asymptomatiques et pour laquelle la létalité est forte. Le modèle SIDARTHE (Susceptible, Infected (asymptomatic, undetected), Diagnosed (asymptomatic, detected), Ailing (symptomatic, undetected), Recognized (symptomatic, detected), Threatened (symptomatic with life-threatening symptoms, detected), Healed (immune after prior infection, detected or undetected), Extinct (dead, detected)), qui est une complexification du modèle SIR, est plus à même de modéliser la diffusion d'un virus tel que le *COVID-19* dans une population. L'évolution temporelle de chaque catégorie (S, I, D, A, R, T, H, E) est décrite par une équation différentielle ordinaire. C'est un modèle complexe possédant un certain nombre de paramètres dont la précision de l'estimation va dépendre de la disponibilité et de la fiabilité des données. Une des difficultés du suivi de l'épidémie et de la prédiction de son évolution est l'accessibilité et la qualité des données recueillies sur le terrain. Plus un modèle est complexe, c'est-à-dire plus le nombre de ses paramètres est grand, plus le nombre de données fiables nécessaires pour identifier les paramètres doit être important. La conséquence est que l'erreur de modélisation, c'est-à-dire l'écart entre le modèle mathématique et la réalité qu'il est censé représenter, n'est jamais nulle. C'est pourtant à partir des prévisions basées sur ces modèles que les décisions de confinement d'un pourcentage non négligeable de l'humanité ont été prises.

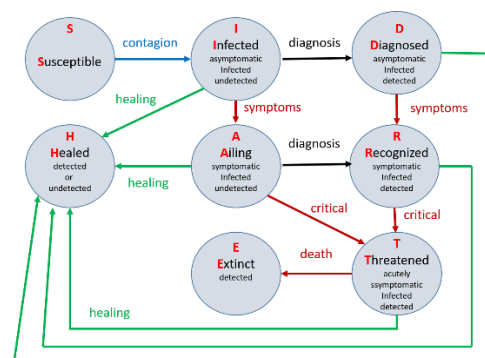


Fig. 1 - Modèle SIDARTHE

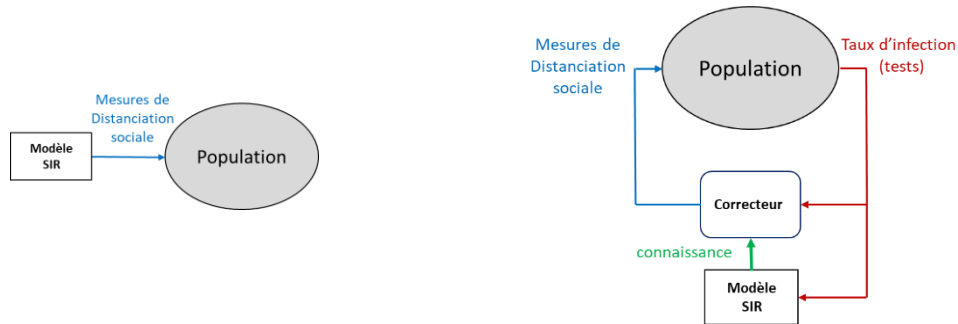
En absence de vaccin et/ou de traitements thérapeutiques efficaces, la variable de contrôle qui influence le taux de propagation reste la distanciation sociale. La stratégie de confinement adoptée par la plupart des pays Européens est un exemple type de contrôle en boucle ouverte (fig. 2a). Une prévision du taux de propagation du virus est calculée à partir de simulations d'un modèle de type SIR et pour différents scénarios de distanciation sociale. C'est une approche qui s'applique à l'échelle d'une population. La décision de confinement/déconfinement est binaire et centralisée. Les deux défauts majeurs de cette stratégie sont :

- le confinement ne peut être décidé qu'une fois l'épidémie constatée. Du fait de la période d'incubation, il y a un retard incompressible entre la décision de confinement et la propagation du virus,
- c'est une mesure d'urgence pour ralentir la progression du virus. Elle est économiquement désastreuse. Il est difficilement envisageable qu'un pays puisse alterner des périodes de confinement/déconfinement sur le long terme.

Les approches de contrôle en boucle fermée sont basées sur une mesure continue de la propagation du virus dans la population (fig. 2b). Plusieurs contrôles en boucle fermée ont été proposés dans la littérature pour le *COVID-19* avec une stratégie centralisée. Cette dernière ne permet pas de répondre aux deux défauts cités précédemment [1,3,5,6].

L'approche distribuée consiste à modéliser la population comme des individus (agents) pouvant avoir des comportements différents (dynamiques hétérogènes) et se côtoyant dans un voisinage. Deux agents sont voisins s'ils se trouvent dans une proximité géographique telle qu'ils peuvent potentiellement s'infecter mutuellement. Un agent ne peut communiquer qu'avec ses voisins. Historiquement, l'approche multi-agents a été utilisée pour décomposer un système complexe en sous-systèmes plus simples, les agents, qui ne communiquent qu'entre voisins: c'est l'approche distribuée, qui est par nature évolutive. L'ajout ou le retrait d'agents ne modifient pas les commandes appliquées aux agents. La théorie des graphes joue un grand rôle dans l'analyse des systèmes multi-agents (SMA). En particulier les propriétés de convergence et la rapidité de diffusion de l'information dans le SMA sont directement liées aux propriétés du graphe décrivant les liens entre les agents. La dynamique d'un agent représente la vitesse de propagation du virus dans son voisinage et contient également un modèle de proximité entre agents, qui peut être différent suivant les agents. Le graphe décrivant les liens entre les agents est à topologie variable. Chaque agent est représenté par un modèle de type SIS (Susceptible-Infected-Susceptible). A chaque instant, un agent est susceptible d'être contaminé (S) ou est déjà infecté (I). Un agent S peut être contaminé par ses voisins avec une certaine probabilité. Un agent I peut être guéri et devenir immunisé au virus avec une autre probabilité. C'est un modèle plus simple que le modèle *SIDARTHE* puisqu'une partie des informations n'est pas disponible. Cependant, le fait d'être en boucle fermée permet de gommer pour une large mesure les erreurs de modélisation, apportant ainsi une

certaine robustesse à cette approche. La structure du graphe, qui modélise la connectivité entre les agents et qui varie dans le temps, détermine la vitesse de diffusion du virus dans le réseau. Le contrôle porte sur le modèle de proximité, c'est-à-dire sur la distance entre agent. Chaque agent va décider, suivant son état, de l'action à entreprendre, c'est-à-dire de la distanciation sociale qu'il va s'appliquer. L'état d'un agent évolue en fonction de l'état de ses voisins, qui peuvent être I ou S [7,8,9,10].



a) *Stratégie en boucle ouverte*

b) *Stratégie en boucle fermée*

Fig. 2 – boucle ouverte versus boucle fermée

Les avantages d'une stratégie distribuée par rapport à une stratégie centralisée sont :

- il n'y a pas de décision de confinement partiel ou total de la population ; chaque individu décide de son propre confinement,
- la décision de distanciation sociale est prise très rapidement,
- les mesures de distanciation sociale s'adaptent naturellement aux différentes situations locales (densité de population, habitudes sociales, type de déplacements, ...)
- une certaine robustesse vis-à-vis des erreurs de modélisation et des erreurs de mesures (problème de fiabilité des données).

La contre-partie d'une stratégie distribuée en boucle fermée est qu'elle nécessite le déploiement d'une application mobile qui utilise le traçage numérique indiquant à un agent s'il a été en contact avec un ou des agents infectés (fig. 3). Il y a à travers le monde beaucoup d'applications mobiles qui sont en cours de test avec des degrés de confidentialité des données très hétérogènes. En France, l'INRIA coordonne le projet Stop-COVID avec une prévision de déploiement en juin.

Nous proposons au cours de ce postdoc de mesurer l'efficacité d'une stratégie de type Stop-COVID à l'échelle de la France. Les attendus de cette étude sont :

- de déterminer à partir de quel taux d'utilisation de l'application cette dernière permet d'avoir un taux d'infection inférieur à 1,
- de déterminer le niveau optimal de risque à partir duquel un agent doit se faire tester et qui garantit un nombre de tests minimum tout en assurant une efficacité optimale,
- de déterminer l'incertitude maximale (cas positif non détecté) admissible



Fig. 3- Application de traçage numérique

La réponse à ces questions permettra de définir la stratégie optimale permettant de maintenir un taux d'infection inférieur à 1 tout en minimisant les tests au niveau de la population. Il s'agit d'un problème d'analyse de stabilité d'un système dynamique distribué couplé à un problème d'optimisation distribuée qui relève de l'automatique. L'optimisation distribuée utilisant le formalisme des systèmes multi-agents est une contribution relativement récente à la théorie de l'optimisation et de l'automatique [11]. Cette branche de l'optimisation et de l'automatique est actuellement en plein développement, stimulée par des nouvelles applications liées aux réseaux, telle que la propagation d'un virus dans un réseau [8,9,10].

Bibliographie:

1. Elisa Franco, A feedback SIR (fSIR) model highlights advantages and limitations of infection-based social distancing, *arXiv:2004.13216v2 [q-bio.PE]*, 2020
2. Giulia Giordano, Franco Blanchini, Raffaele Bruno, Patrizio Colaneri, Alessandro Di Filippo, Angela Di Matteo and Marta Colaneri, Modelling the COVID-19 epidemic and implementation of population-wide interventions in Italy, *Nature medicine*, 26:855–860, 2020
3. Johannes Kohler, Lukas Schwenkel, Anne Koch, Julian Berberich, Patricia Pauli, Frank Allgower, Robust and optimal predictive control of the COVID-19 Outbreak, <https://arxiv.org/abs/2005.03580v1>, 2020
4. Adam J Kucharski, Timothy W Russell, Charlie Diamond, Yang Liu, John Edmunds, Sebastian Funk, Rosalind M Eggo, Early dynamics of transmission and control of COVID-19: a mathematical modelling study, *The Lancet Infectious Diseases*, <https://doi.org/10.1016/S1473-3099>, 20(5):553-558, 2020
5. Joel Hellewell, Sam Abbott, Amy Gimma, Nikos I Bosse, Christopher I Jarvis, Timothy W Russell, James D Munday, Adam J Kucharski, W John Edmunds, Feasibility of controlling COVID-19 outbreaks by isolation of cases and contacts, *The Lancet Glob Health*, [https://doi.org/10.1016/S2214-109X\(20\)](https://doi.org/10.1016/S2214-109X(20)), 8(4):e488-e496, 2020
6. Anass Bouchnita and Aissam Jebrane, A hybrid multi-scale model of COVID-19 transmission dynamics to assess the potential of non-pharmaceutical interventions, *Chaos, Solitons & Fractals*, 138(109941), 2020
7. Ramirez Llanos Eduardo Jose, Distributed Resource Allocation and Optimization Algorithms Applied to Virus Spread Minimization, *PhD UC San Diego*, 2017
8. Philip E. Paré, Carolyn L. Beck and Angelia Nedic, Stability Analysis and Control of Virus Spread over Time-Varying Networks, *IEEE 54th Annual Conference on Decision and Control (CDC)*, Osaka, Japan, 2015
9. Philip E. Paré, Carolyn L. Beck and Angelia Nedic, Epidemic Processes over Time-Varying Networks, *arXiv:1609.05128v1 [math.OC]*, 2016
10. Philip E. Paré, Ji Liu, Carolyn L. Beck, Barrett E. Kirwan, and Tamer Başar, Analysis, Estimation, and Validation of Discrete-Time Epidemic Processes, *IEEE Transactions on Control Systems Technology*, 28(1):79-93, 2020
11. Angelia Nedic and Asuman Ozdaglar. Distributed subgradient methods for multi-agent optimization, *IEEE Transactions on Automatic Control*, 54(1):48-61, 2009

Contacts :

Patrick Coirault, professeur à l'Université de Poitiers en automatique

patrick.coirault@univ-poitiers.fr ,

Emmanuel Moulay, chargé de recherche CNRS à l'Université de Poitiers

emmanuel.moulay@univ-poitiers.fr