

Vérification de propriétés dynamiques pour un modèle hybride de contrôle d'une épidémie

Encadrants : Morgan Magnin, Benoît Delahaye, Guillaume Cantin – `prenom.nom@ls2n.fr`
Équipes MEFORBIO & VELO – Laboratoire des Sciences du Numérique de Nantes, UMR 6004

Contexte

Dans un contexte international marqué par l'augmentation constante d'événements épidémiques majeurs, la recherche scientifique est fortement sollicitée, afin d'apporter aux acteurs institutionnels une aide à la décision, dans l'urgence et l'incertitude [Mor20]. Anticiper et contrôler la propagation de ces épidémies émergentes sont alors deux enjeux cruciaux, qui concernent de nombreuses communautés scientifiques.

La modélisation de la dynamique de propagation de ces événements a récemment fait l'objet de très nombreuses avancées. Pour étudier l'effet des comportements humains et des décisions des acteurs institutionnels sur la dynamique biologique, on sait notamment construire des modèles hybrides, en couplant les outils de modélisation discrète probabiliste tels que les chaînes de Markov, issus de l'informatique, avec les outils de modélisation continue déterministe tels que les équations différentielles, issus des mathématiques [CSB22]. Or, des méthodes de vérification des propriétés des chaînes de Markov sont bien connues [BK08], ainsi que des méthodes d'analyse de la dynamique des équations différentielles [Per13]. Mais la vérification des propriétés de ces modèles hybrides obtenus par couplage des deux formalismes est un domaine peu exploré, qui représente aujourd'hui un axe de recherche essentiel, avec des applications également prometteuses dans d'autres domaines des sciences du vivant (étude des propriétés dynamiques de systèmes biologiques [SFM22]).

Objectifs du stage

L'objectif principal de ce stage consiste à étudier les propriétés d'un modèle de dynamique épidémiologique, déterminé par un processus de décision markovien. Ce modèle hybride est obtenu par couplage d'un processus continu déterministe avec un processus discret probabiliste, et doit reproduire la juxtaposition d'une dynamique virale continue avec une dynamique humaine de prise de décisions. En plus des propriétés usuelles telles que l'adéquation du modèle aux données d'observation, l'accessibilité et l'invariance des équilibres du modèle, on s'intéressera particulièrement aux propriétés dynamiques telles que la stabilité et la périodicité des trajectoires. Les méthodes de vérification utilisées seront de nature numérique et reposeront sur un traitement statistique d'un ensemble de traces du modèle produites par simulation numérique [DLS13]. Suivant l'avancée du travail, des méthodes de vérification symboliques associées à une procédure algorithmique pourront également être étudiées.

- Ce stage sera mené dans le contexte du projet de recherche CoSysM3, mené par Cristiana J. Silva (Université de Lisbonne, Portugal), financé pour une durée de 4 ans par la Fondation Portugaise pour la Science, qui porte sur le contrôle des épidémies. Ce projet permettra notamment un accès à des données de santé.
- Une poursuite en thèse pourra être envisagée, selon la qualité des résultats obtenus et sous réserve d'obtention d'un financement.

Profil de la candidate ou du candidat

Pour réaliser ce travail de recherche, la candidate ou le candidat devra disposer de solides compétences en informatique, aussi bien théorique (méthodes formelles de vérification de modèles), que computationnelle (simulation numérique, calcul intensif). La candidate ou le candidat devra également montrer des qualités rédactionnelles et une aptitude pour le travail en équipe. Une expérience sur l'étude de modèles en épidémiologie sera fortement appréciée.

Références

- [BK08] Christel Baier and Joost-Pieter Katoen. *Principles of model checking*. MIT press, 2008.
- [CSB22] Guillaume Cantin, Cristiana J Silva, and Arnaud Banos. Mathematical analysis of a hybrid model : Impacts of individual behaviors on the spreading of an epidemic. *Networks & Heterogeneous Media*, 2022.
- [DLS13] Benoît Delahaye, Axel Legay, and Sean Sedwards. A simple and efficient statistical model checking algorithm to evaluate markov decision processes. 2013.
- [Mor20] Serge Morand. Emerging diseases, livestock expansion and biodiversity loss are positively related at global scale. *Biological Conservation*, 248 :108707, 2020.
- [Per13] Lawrence Perko. *Differential equations and dynamical systems*, volume 7. Springer Science & Business Media, 2013.
- [SFM22] Honglu Sun, Maxime Folschette, and Morgan Magnin. Limit cycle analysis of a class of hybrid gene regulatory networks. In *Computational Methods in Systems Biology : 20th International Conference, CMSB 2022, Bucharest, Romania, September 14–16, 2022, Proceedings*, pages 217–236. Springer, 2022.