ultat principal

ploration numériqu



tapes cruciales pour la preuve de notre résultat princip

Conclusion

Modèles SIS d'épidémies sur les graphons et les réseaux aléatoires justification d'un système dynamique de dimension infinie depuis des représentations individu-centrées

Aurélien Velleret

LAMA, Université Gustave Eiffel

aurelien.velleret@nsup.org

28 Nov. 2022, PEIPS

Modèles individu-centrés sur graphes déterminé

- SIS en temps continu et sur un graphe orienté G (fixé tout au long de l'épidémie)
- Arêtes pondérées : intensité de transmission infectieuse
- Les individus peuvent être soit susceptible *S* soit infectieux *I*.
- *n* individus sont considérés, *n* étant grand.
- Remission à un taux γ_i pour l'individu $i \in \llbracket 1, n \rrbracket$.
- Sous réserve que i soit sensible et j infecté, j infecte i au taux w^G_{i,j}.

Caractérisation des individus

- L'individu $i \in \llbracket 1, n \rrbracket$ est décrit par un certain type $X_i \in \mathcal{X}$.
- Ex : âge, comorbidité, distribution spatiale ou appartenances sociales
- μ comme distribution génératrice des (X_i). (représentation i.i.d. ou simplement limite de distribution empirique)
- Taux de rémission : $\gamma_i = \gamma^{(n)}(X_i)$
- Ces caractéristiques sont également responsables de la structure du graphe et du poids des arêtes.

Grand graphe aléatoire

Comme hypothèse de base, des connexions indépendantes par paires :

- Étant donné X_i et X_j, le poids w^G_{i,j} ne peut valoir que 0 (pas de connexion) ou w⁽ⁿ⁾_i(X_i, X_j).
- Valeur 0 avec probabilité $w_E^{(n)}(X_i, X_j), w_E^{(n)}$ symétrique.
- La présence du lien est non dirigée (d'où la symétrie), mais le poids peut être dirigé (différence de susceptibilité ou d'infectiosité).
- Traits fixes : Niveau de vaccination ou d'immunité non décrit.
- Intensités bornées (pas de "superspreading")

tapes cruciales pour la preuve de notre résultat principa 9-

Description avec noyau d'interaction \boldsymbol{w}

Modèle d'infection au niveau des caractéristiques :

$$\partial_t u(t,x) = (1 - u(t,x)) \int_{\mathcal{X}} \mu(dy) u(t,y) w(x,y) - \gamma(x) u(t,x).$$

- u(t,x) : probabilité pour un individu de type x d'être dans l'état
 I au temps t, (1 u(t,x)) dans l'état S
- µ(dy)u(t, y) : la distribution pondérée des types d'individus infectés.
- formule de connexion entre les modèles : $w \sim n \cdot w_l^{(n)} \cdot w_E^{(n)}$
- *w*⁽ⁿ⁾ constant ⇒ *w* comme graphon, car il encode la structure du graphe.

A partir de quel niveau de sparsité y a-t-il une différence ?

- Pour les interactions par paires, la description du noyau reste valide tant que le niveau d'interaction par lien va à zéro (critère moyenné).
- La LGN n'est pas affectée quand les individus ont degré d'ordre n^α,
 - où $\alpha \in (0,1]$ (sans doute pas le TCL).

recherche postdoctorale en collaboration avec Jean-François Delmas, Viet Chi Tran, Pierre-André Zitt (sur Marne) ainsi que Federica Garin et Paolo Frasca (sur Grenoble)

ultat principal

ploration numériqu

apes cruciales pour la preuve de notre résultat princip

Conclusion

Sommaire

Résultat principal

La dynamique limite sur l'espace des traits Noyau d'interaction général

Exploration numérique

Connexion avec le modèle de métapopulation Situation clairsemée Petites valeurs de α

Étapes cruciales pour la preuve de notre résultat principal

Couplage et localisation Contrôle des divergences

ltat principal

ploration numérique

apes cruciales pour la preuve de notre résultat princij

Conclusion

Sommaire

Résultat principal

La dynamique limite sur l'espace des traits Noyau d'interaction général

Exploration numérique

Connexion avec le modèle de métapopulation Situation clairsemée Petites valeurs de α

Étapes cruciales pour la preuve de notre résultat principal Couplage et localisation Contrôle des divergences

Convergence de la mesure empirique

Pour chaque individu $i \in \llbracket 1, n \rrbracket$:

- $X_i = X_i^{(n)} \in \mathcal{X}$: type fixe
- $E_t^i = E_t^{i,(n)} \in \{I, S\}$: statut infectieux au temps t.

Mesure empirique d'intérêt :

$$\eta_t^{(n)} := \frac{1}{n} \sum_{i \leq n} \delta_{(X_i, E_t^i)} \in \mathcal{M}_1(\mathcal{X} \times \{I, S\})$$

Limite attendue :

$$\eta_t(dx, de) := \mu(dx) \cdot ((1 - u(t, x)) \cdot \delta_S(de) + u(t, x) \cdot \delta_I(de)).$$

t principal Exp



Conditions d'existence et d'unicité¹

$$\partial_t u(t,x) = (1 - u(t,x)) \int_{\mathcal{X}} \mu(dy) u(t,y) w(x,y) - \gamma(x) u(t,x).$$
(1)

(A1) : Conditions de borne et de régularité

- γ : fonction positive bornée et μ -p.p. continue.
- w : fonction positive bornée ($\mu\otimes\mu$)-p.p. continue.
- η_0 : mesure de probabilité absolument continue par rapport à μ_{\cdot}

^{1.} cf Delmas, J.F., Dronnier, D., Zitt, P.A.; An Infinite-Dimensional SIS Model (2022), avec conditions plus faibles

La condition de régularité sur le noyau est faible

Ces choix pour *w* sont traités :

- Stochastic Block Model : \mathcal{X} fini.
- w Lipschitz par morceaux sur [0, 1] × [0, 1]² (hypothèse classique pour la convergence des graphes).
- w continue sur un sous-ensemble de \mathbb{R}^d .
- Graphes géométriques aléatoires : $w_E^{(n)}(x, y) = 1_{\{|x-y| < r\}}$ pour r > 0, avec $\mathcal{X} = \mathbb{R}^d$.
- w(x, y) = ŵ[d(x, y)],
 où d est la distance sur une variété X et ŵ est continue par morceaux.

^{2.} Keliger, D., Horváth, I., Takács, B.; Local-density dependent Markov processes on graphons with epidemiological applications, SPA, V.148, pp.324-352 (2022)

Un problème un peu plus général

Pour tout f sur $\mathcal{X} \times \{S, I\}$, mesurable bornée et intégrable en x.

$$\langle \eta_t \mid f_t \rangle = \langle \eta_0 \mid f_0 \rangle + \int_0^t \int_{\mathcal{X}} [\eta_r(dx, S) \mathcal{A}^S f_r(x; \eta_r) + \eta_r(dx, I) \mathcal{A}^I f_r(x; \eta_r)] dr,$$
 (2)

où $\eta_0(dx, de)$ est donnée comme condition initiale et :

$$\mathcal{A}^{S}f(x;\eta) := (f(x,I) - f(x,S)) \cdot \int_{\mathcal{X}} \eta(dy,I)w(x,y),$$
$$\mathcal{A}^{I}f(x;\eta) := (f(x,S) - f(x,I)) \cdot \gamma(x).$$



Résultat d'existence et d'unicité

Existence et d'unicité

Sous réserve de (A1), il existe une unique solution η au problème (2) parmi les fonctions mesurables de [0, T] à l'ensemble des mesures positives sur $\mathcal{X} \times \{S, I\}$. Elle prend la forme

$$\eta_t(dx) := \mu(dx) \cdot ((1 - u(t, x)) \cdot \delta_S(de) + u(t, x) \cdot \delta_I(de)),$$

où u est l'unique solution de (1) avec la condition initiale u_0 , la densité de $\eta_0(I, dx)$ par rapport à $\mu(dx)$.

Rappel : noyau d'interaction sur graphe échantillonné

Règle (G1) pour $(\eta_t^{(n)})_{t\geq 0}$ avec $(\gamma^{(n)}, w_E^{(n)}, w_I^{(n)})$:

- Rémission de i à taux $\gamma^{(n)}(X_i)$
- Pour les infections, soit aucune connexion, soit une transmission de j à i à taux w⁽ⁿ⁾_l(X_i, X_j).

• Aucune connexion avec probabilité $w_E^{(n)}(X_i, X_j)$, étant donné les (X_i) .

Règle (G0) avec $(\gamma^{(n)}, w^{(n)})$ est le cas de champ moyen, i.e. règle (G1) avec $(\gamma^{(n)}, 1, w^{(n)})$.

Hypothèse de base pour le résultat principal

(A2) : Convergence des paramètres

- $n \cdot w_I^{(n)} \cdot w_E^{(n)}$ converge vers w en norme uniforme.
- $A_1^{(n)}(w_l^{(n)})$ converge vers 0, où :

$$\begin{aligned} \mathcal{A}_{1}^{(n)}(w_{l}^{(n)}) &= \int_{\mathcal{X}} \mu^{(n)}(dx) \int_{\mathcal{X}} \mu^{(n)}(dy) \ w_{l}^{(n)}(x,y) \\ &:= (1/n^{2}) \sum_{\{i,j \leq n\}} w_{l}^{(n)}(X_{i},X_{j}). \end{aligned}$$

 + propriétés classiques de borne et de convergence (en norme uniforme)

ultat principal

ploration numériqu



apes cruciales pour la preuve de notre résultat princip

Conclusion

Résultat principal

Résultat principal de convergence

On suppose (A1) (pour γ , w et $\eta_0^{(n)}$) et de (A2) (pour ($\gamma^{(n)}, w_E^{(n)}, w_I^{(n)}$)). Alors, ($\eta^{(n)}$)_n selon le règle (G1) converge vers la solution η au problème (2) dans l'espace de Skorokhod $\mathcal{D}([0, T], \mathcal{M}_+(\mathcal{X} \times \{S, I\}))$.



Hypothèse centrale du résultat principal

$$(1/n^2)\sum_{\{i,j\leq n\}} w_l^{(n)}(X_i,X_j) \to 0$$

 \Rightarrow la moyenne la plus naturelle à exploiter.

Exemple typique qui est couvert, avec le coefficient de densité $\alpha \in (0,1]$:

$$w_l^{(n)}(x,y) = \frac{w_l(x,y)}{n^{\alpha}}; \quad w_E^{(n)}(x,y) = \frac{w_E(x,y)}{n^{1-\alpha}},$$

où $w = w_I \cdot w_E$. Noter le degré moyen : $d(x) \approx n \cdot \int_{\mathcal{X}} w_E^{(n)}(x, y) \mu(dy) = O(n^{\alpha})$

sultat principal

ploration numériqu

apes cruciales pour la preuve de notre résultat princip

Conclusion

Sommaire

Résultat principal

La dynamique limite sur l'espace des traits Noyau d'interaction général

Exploration numérique

Connexion avec le modèle de métapopulation Situation clairsemée Petites valeurs de α

Étapes cruciales pour la preuve de notre résultat principal Couplage et localisation Contrôle des divergences



Résultat princip

xploration numériqu

apes cruciales pour la preuve de notre résultat princip

Conclusion

Contexte

- Tant que α > 1/2, approximation champ moyen toujours pertinente?
- On anticipe un autre comportement des fluctuations pour $\alpha \in (0, 1/2)$ (calculs sur le TCL).
- Des disparités par rapport à la limite sont-elles observées lorsque w_l⁽ⁿ⁾ reste d'ordre 1 ?

Contexte des simulations présentées

Au plus simple, \mathcal{X} est un singloton, donc $\dot{u}_t = w u_t (1 - u_t) - \gamma u_t$. Sauf indication contraire :

- *n* = *n*₀ = 2000 : Combien d'individus?
- *U* = 1 : Proportion initialement infectés ?
- $\gamma = 0.7$: Taux de rémission ?
- w = 3 : le taux de croissance lorsque l'épidémie est rare vaut $w \gamma = 2.3$
- $w_l^{(n_0)} = 1.2$ $(w_l^{(n)} = (n/n_0)^{-\alpha} w_l)$
- donc $w_E = w/w_I = 2.5$ $(w_E^{(n)} = n^{\alpha-1}n_0^{-\alpha}w_E)$
- $\alpha = 0$: graphe vraiment clairsemé $\Rightarrow w_E$ est le degré moyen, d'ordre 1

Couplage pour valider le temps de mélange

Dans le couplage suivant entre différentes conditions initiales U = 1 vs U = 0.05, les mêmes processus ponctuels codent les événements d'infection et de rémission :



Exploration numérique

Variation du coefficient de sparsité

Plus w_l est grand, plus l'écart sous la limite est important :



Convergence en grande population?

Cette déviation disparaît avec la progression de la taille de population, même pour des niveaux intermédiaires de sparsité :



here $\alpha = 0.3$, i.e. $w_l^{(n)} = 1.2(n/n_0)^{-0.3}$.

Résultat principa

Exploration numérique

tapes cruciales pour la preuve de notre résultat principa o Conclusion

Fluctuations temporelles



Décroissance de l'écart-type temporel lorsque n devient grand, la prédiction d'une décroissance à un taux de $1/\sqrt{n}$ est confirmée même dans la situation clairsemée.

Convergence vers la limite en grande population

Les moyennes sur l'intervalle de temps [20, 80] sont considérées pour vérifier la convergence :



Taux auquel la moyenne temporelle converge vers la prédiction, à mesure que n devient grand.

Écart par rapport à la limite en grande taille de population

À $w_I^{(n)}$ constant, cet écart ne disparaît pas avec des effectifs de population élevés :



Écart par rapport à la limite en grande taille de population

Cet effet ne s'explique pas simplement par l'appartenance à la composante géante :



Cas intermédiaire $w_E \approx 2.5$ (ni trop proche de 1 ni très grand)

ultat principal

cploration numérique

apes cruciales pour la preuve de notre résultat princip

Conclusion

Convergence

Même avec $\alpha = 0, 1$, la convergence est notable lorsque n tend vers l'infini :



Déviation par rapport au comportement central limite classique en $1/\sqrt{n}$. En $n^{-\alpha}$? bon candidat, qui correspond aux bornes établies

Résultat principal

xploration numériqu

tapes cruciales pour la preuve de notre résultat principa o Conclusion

Même pour lpha > 0.5



Une pente de -0.5 est cependant l'attente pour des tailles de population suffisamment grandes (TCL).

ultat principal

ploration numériqu

apes cruciales pour la preuve de notre résultat princip

Conclusion

Sommaire

Résultat principal

La dynamique limite sur l'espace des traits Noyau d'interaction général

Exploration numérique

Connexion avec le modèle de métapopulation Situation clairsemée Petites valeurs de α

Étapes cruciales pour la preuve de notre résultat principal Couplage et localisation Contrôle des divergences

sultat principal

xploration numérique



Conclusion

Objectif de couplage

Procédure de couplage

Sous les mêmes hypothèses que pour notre résultat principal, il existe un couplage avec la relation suivante entre le processus $(\eta^{(n)})_n$ selon la règle (G1) avec $(\gamma^{(n)}, w_E^{(n)}, w_I^{(n)})$ et un processus $(\tilde{\eta}^{(n)})_n$ selon la règle (G0) avec $(\gamma^{(n)}, n \cdot w_E^{(n)} \cdot w_I^{(n)})$, (de même condition initiale $(\eta_0^{(n)})_n$):

$$\mathbb{E}\left(\sup_{\{t \leq T\}} \left\| \eta_t^{(n)} - \widetilde{\eta}_t^{(n)} \right\|_{TV} \right) \leq C A_1^{(n)}(w_l^{(n)})$$

ultat principal

<ploration numérique

tapes cruciales pour la preuve de notre résultat principa

Conclusion

Techniques de couplage

- Choix des arêtes du graphe : i ~ j si V_(i,j) ≤ w⁽ⁿ⁾_E(X_i, X_j). (V_(i,j))_{1≤i<j≤n} i.i.d. uniformes ⇒ selon (G1)
- Dynamique de $\widetilde{\eta}^{(n)}$: structure de graphe oubliée puis rééchantillonnée

(après chaque événement d'infection)

 Couplage avec tirages ajustés par indépendance entre les arêtes : première occasion où l'arête (i, j) est sollicitée



Approche de localisation

Grâce à ce couplage, seuls deux mécanismes par lesquels de nouveaux sites peuvent différer entre $\eta^{(n)}$ et $\widetilde{\eta}^{(n)}$.

- 1. Deuxième sélection de l'arête (i, j) par $Q_I^{(n)}$ \Rightarrow contrainte sur le graphe $\min(V_{(i,j)}, v) \leq w_E^{(n)}(X_i, X_j)$ aussi requis
- 2. Propagation des différences : individu source *j* dont l'état est distinct

Approche de localisation

Nous allons localiser ces perturbations via le processus $(\xi_{\tau}^{(n)})$ défini comme suit, à valeurs mesure sur $\llbracket 1, n \rrbracket$ et croissant en temps.

$$\begin{split} \xi_t^{(n)}(dm) &= \iint^{(t)} \delta_i(dm) \cdot \mathbb{1}_{\left\{\xi_{s-}^{(n)}(\{i\})=0\right\}} \cdot \left[\left(\mathbb{1}_{\{N_{s-}(i,j)\geq 1\}} \cdot \mathbb{1}_{\left\{V_{(i,j)} \wedge v \leq w_E^{(n)}(X_i,X_j)\right\}} \right) \\ & \quad \lor \left(\mathbb{1}_{\left\{\xi_{s-}^{(n)}(\{j\})=1\right\}} \cdot \mathbb{1}_{\left\{v \leq w_E^{(n)}(X_i,X_j)\right\}} \right) \right] d\widehat{Q}_I^{(n)}. \end{split}$$

Propriétés cruciales de $\xi_{t}^{(n)}$

 $\xi_t^{(n)}$ vaut 1 sur son support $\Xi_t^{(n)} := Supp(\xi_t^{(n)}).$ Pour tout t > 0, pour tout $i \notin \Xi_t^{(n)}$, $E_t^i = \widetilde{E}_t^i$.

sultat principal

<ploration numérique



Conclusion

Contrôle des divergences

Contrôle des divergences

Sous les hypothèses de notre résultat principal,

$$\mathbb{E}(|\Xi_T^{(n)}|/n) = O(r^2 T^2 e^{rT} A_1^{(n)}(w_I^{(n)})).$$

Chaque augmentation de $|\Xi_T^{(n)}|$ est décomposée en

- la création d'une nouvelle racine
- ou propagation d'incertitude

$$\xi_{t}^{(n)}(dm) = \iint^{(t)} \delta_{i}(dm) \cdot \mathbb{1}_{\left\{\xi_{s-}^{(n)}(\{i\})=0\right\}} \cdot \left[\left(\mathbb{1}_{\left\{N_{s-}(i,j)\geq 1\right\}} \cdot \mathbb{1}_{\left\{V_{(i,j)}\wedge v \leq w_{E}^{(n)}(X_{i},X_{j})\right\}}\right) \\ \vee \left(\mathbb{1}_{\left\{\xi_{s-}^{(n)}(\{j\})=1\right\}} \cdot \mathbb{1}_{\left\{v \leq w_{E}^{(n)}(X_{i},X_{j})\right\}}\right) \right] d\widehat{Q}_{I}^{(n)}.$$

ultat principal

xploration numérique

Conclusion

Contrôle du nombre de racines

Définition technique de l'ensemble $\mathcal{R}_T^{(n)}$ des racines, impliquant $N_T^{(n)}(i,j) \ge 2..$

$$N_t^{(n)}(i',j') := \iint^{(t)} \left(\mathbb{1}_{\{i=i',j=j'\}} \mathbb{1}_{\left\{ u \le w_l^{(n)}(X_i,X_j) \right\}} + \mathbb{1}_{\{i=j',j=i'\}} \mathbb{1}_{\left\{ u \le w_l^{(n)}(X_j,X_i) \right\}} \right) dQ_l.$$

Borne sur le nombre moyen de racines

Sous les hypothèses de notre résultat principal :

$$\mathbb{E}\left[\mathsf{Card}(\mathcal{R}_T^{(n)})\right] \leq 4n \, r \, T^2 A_1^{(n)}(w_l^{(n)}).$$

ltat principal

ploration numériqu

apes cruciales pour la preuve de notre résultat princip

Conclusion

Sommaire

Résultat principal

La dynamique limite sur l'espace des traits Noyau d'interaction général

Exploration numérique

Connexion avec le modèle de métapopulation Situation clairsemée Petites valeurs de α

Étapes cruciales pour la preuve de notre résultat principal

Couplage et localisation Contrôle des divergences



Résultat principa

ploration numériqu

apes cruciales pour la preuve de notre résultat princip

Conclusion

Perspectives

- Une structure de graphe plus élaborée?
- Théorème central limite fonctionnel
- Investigation de l'hétérogénéité dans la situation sparse
- Des histoire d'infection plus générales

Resultat princip

xploration numeriqu



tapes cruciales pour la preuve de notre résultat princip

Conclusion



Je vous remercie de votre attention !





References 1/2

- Keliger, D., Horváth, I., Takács, B.; Local-density dependent Markov processes on graphons with epidemiological applications, Stoch Proc. Appl., V.148, pp.324-352 (2022)
- Billiard, S., Leman, H., Rey, T., Tran, V.C.; Continuous limits of large plant-pollinator random networks and some applications; MathematicS In Action, special issue Mathématiques et Biologie.
 V. Bansaye, E. Kuhn and Ph. Moireau eds.
- Delmas, J.F., Dronnier, D., Zitt, P.A.; An Infinite-Dimensional SIS Model, J. Diff. Eq., V.313, pp.1-53 (2022)

References 2/2

- Britton, T., Pardoux, E.; Stochastic epidemic models with inference, Lectures notes in Mathematics 2555, Springer (2019)
- Bollobas, B., Janson, S., Riordan, O.; The phase transition in inhomogeneous random graphs; Random Structures & Algorithms, V.31, N.1, pp.3–122 (2007)
- Decreusefond, L., Dhersin, J-S., Moyal, P., Tran, V.C.; Large graph limit for an SIR process in random network with heterogeneous connectivity; Ann. Appl. Probab., V.22, N.2, pp. 541 - 575 (2012)
- Junyu Cao and Mariana Olvera-Cravioto; Connectivity of a general class of inhomogeneous random digraphs. Random Structures & Algorithms, V.56, pp.722–774 (2020)



Sommaire

Appendix Diversity in the infection duration



Typical infection duration

- The average infection duration for a given individual is obtained by considering the proportion of observations, over the time interval [20, 80], where the individual is notified as infected.
- I validated that the time grid evolves in a regular way (it is given by a sampling of a sequence with very many exponential inter-times).
- The average over the individuals should compare to the proportion of infected individuals (provided it is in equilibrium between each time step).

Distribution of infection duration



For these simulations, a clear difference is visible between the empirical mean and the expected one depending on the equilibrium value of the graphon SIS.

The effect of belonging to the giant component is already taken into account in the histogram.

Distribution of infection duration, depends on the (small) degrees

This infection duration strongy depends on the degree, although this information is not complete.

