

# Analyse exploratoire d'un graphe : le cas de la contamination par le VIH à Cuba

**Fabrice ROSSI**, Télécom ParisTech

**Stéphan CLÉMENÇON**, Télécom ParisTech

**Hector DE ARAZOZA**, Universidad de la Habana

**Viet-Chi TRAN**, Université Lille 1

Les techniques de suivi de contact [3] produisent une description graphique du déroulement d'une épidémie en recensant les personnes contaminées et les contacts susceptibles d'avoir transmis la maladie étudiée. La plupart des réseaux d'infection obtenus sont cependant de taille relativement limitée ou constitués de composantes connexes de petites tailles [6]. De ce fait, la plupart des analyses cherchant à relier les caractéristiques de l'épidémie à celles du graphe de contact (ou d'infection) s'appuient des modèles de graphes aléatoires [4]. Les résultats obtenus sont valides sous certaines hypothèses (très) simplificatrices (comme l'absence de cycles) et pour la limite des grands graphes.

Nous étudions dans cette communication un réseau d'infection dont la taille est unique puisqu'il regroupe dans une même composante connexe environ 2400 patients séropositifs sur un total de 5400 patients recensés à Cuba entre 1986 et 2004 [1]. Une analyse macroscopique du réseau d'infection conduit à des résultats assez différents de ceux obtenus antérieurement. En appliquant les résultats asymptotiques de [4] on montre notamment que l'épidémie reste cantonnée à une partie négligeable d'un ensemble de personnes si la probabilité de transmission du virus est inférieure à un seuil épidémique. Au contraire, les mesures rapportées dans [5] conduisent à une contamination massive dès que la probabilité de transmission est strictement positive. En utilisant des techniques récentes d'exploration visuelle de graphes [2], nous analysons plus finement le réseau et montrons en particulier qu'il est structuré selon deux sous-épidémies avec des différences significatives en terme de comportement sexuel qui peuvent conduire naturellement à des politiques de prévention différenciées.

## Références

- [1] DE ARAZOZA, H., JOANES, J., LOUNES, R., LEGEAI, C., CLÉMENÇON, S., PEREZ, J., AUVERT, B., *The HIV/AIDS epidemic in Cuba: description and tentative explanation of its low prevalence*, BMC Disease, 2007.
- [2] CLÉMENÇON, S., DE ARAZOZA, H., ROSSI, F., TRAN, V.C., *Hierarchical clustering for graph visualization*, Proceedings of XVIIIth European Symposium on Artificial Neural Networks (ESANN 2011). Bruges, Belgique (April 2011).
- [3] KEELING, M.J., EAMES, K.T., *Networks and epidemic models*, Journal of The Royal Society Interface 2(4), 295–307, 2005.
- [4] NEWMAN, M.E.J., *The structure and function of complex networks*, SIAM Review 45, 167–256, 2003.
- [5] LILJEROS, F., EDLING, C.R., NUNES AMARAL, L.A., *Sexual networks: implications for the transmission of sexually transmitted infections*, Microbes and Infection 5(2), 189 – 196, 2003.
- [6] WYLIE, J.L., JOLLY, A., *Patterns of chlamydia and gonorrhoea infection in sexual networks in manitoba, canada*, Sexually Transmitted Diseases 28(1), 14–24, January 2001.

**Fabrice ROSSI**, Département InfRes, Télécom ParisTech, 46 rue Barrault, 75013 Paris

Fabrice.Rossi@telecom-paristech.fr

**Stéphan CLÉMENÇON**, Département TSI, Télécom ParisTech, 46 rue Barrault, 75013 Paris

stephan.clemencon@telecom-paristech.fr

**Hector DE ARAZOZA**, Facultad de Matemática y Computación, Universidad de la Habana, La Habana, Cuba

aragoza@matcom.uh.cu

**Viet-Chi TRAN**, Laboratoire Paul Painlevé UMR CNRS No. 8524, Université Lille 1, 59 655 Villeneuve d'Ascq Cedex, France

chi.tran@math.univ-lille1.fr