

Rapport sur la dynamique de l'évolution des populations, appliquée à l'épidémiologie

Martin LEHOUX

Paul CACHEUX

23 mai 2018

1 Modèle mathématique de la dynamique d'un réservoir

On s'intéresse à l'évolution d'une population sans échanges avec l'extérieur. Cette population est composée de catégories, que nous expliciterons dans la suite. On peut représenter les échanges entre différentes catégories dans cette population, par un graphe stochastique, dont les différents coefficients peuvent dépendre des catégories elles mêmes. On tombe ici sur une première problématique : notre système n'est alors pas linéaire, et on ne peut le représenter par une chaîne de Markov. Deux options se présentent alors à nous :

- Pour Matlab, il est nécessaire de linéariser le système autour d'un point d'équilibre afin d'effectuer des analyses de stabilité.
- Pour Python, on peut tout simplement recalculer la matrice de transition à chaque pas de calcul.

1.1 Hypothèses

Pour notre premier modèle, nous avons besoin des hypothèses suivantes :

- Homogénéité : les individus de chaque catégorie se mélangent parfaitement dans le milieu.
- Distribution des âges : les individus ne sont pas différents selon leur âge.
- Mis à part l'incubation, tous les phénomènes suivent des lois géométriques.
- Les enfants des malades et des immunisés sont sains.

1.2 Détermination des paramètres

Pour être le plus précis possible, le modèle a besoin de nombreux paramètres.

Paramètre	Description	Value	Normalized value (per day)
$birth$	Birth rate	1.85% per year	5.0×10^{-5}
$death_{nat}$	Natural death rate	0.78% per year	2.1×10^{-5}
γ	Infection duration	24 days	24
$death_{ill}$	Disease death rate	3%	1.3×10^{-3}
R	Recovery rate	97%	0.97
θ	Incubation duration	12 days	12
p	Transmission risk	60%	
β	Effective contact rate		
$vaccin_{duration}$	Efficiency duration of vaccin	10 years	3650
$loss$	Loss of immunity		2.7×10^{-4}

TABLE 1 – Paramètres du modèle et valeurs moyennes, exemple de la smallpox

Voici comment sont déterminés les paramètres ($||x||$ correspond à la valeur normalisée du paramètre x) :

— $birth$, $death_{nat}$ sont déterminés à partir de leur valeur annuelle :

$$||x|| = (1 + x)^{\frac{1}{365}} - 1$$

— $death_{ill}$ est calculé à partir de la durée d'infection ainsi que du taux de mortalité de la maladie :

$$||death_{ill}|| = 1 - (1 - death_{ill})^{\frac{1}{\gamma}}$$

— R est calculé à partir de la durée d'infection :

$$R = 1 - \frac{1}{ill}$$

— $loss$ est calculé à partir de la durée d'efficacité du vaccin :

$$loss = \frac{1}{vaccin_{duration}}$$

Variable	Description
r_k	Removed (immune) population
i_k	Infected population
s_k	Susceptible population
$w_{\theta,k}$	People with θ time step incubation
\dots	\dots
$w_{1,k}$	People with 1 time step incubation

TABLE 2 – Vecteur d'état

1.3 Modèle d'évolution

Si on note le vecteur d'état X_k et la matrice de transition A , avec

$$X_k = \begin{pmatrix} r_k \\ i_k \\ s_k \\ w_{\theta,k} \\ \dots \\ \dots \\ \dots \\ w_{1,k} \end{pmatrix}$$

2 Modèle mathématique d'interaction entre plusieurs populations

Après avoir étudié le fonctionnement d'un réservoir en tant que système fermé, on peut s'intéresser à l'interaction entre plusieurs réservoirs. Pour ne pas perdre les résultats de l'étude précédente, on peut scinder le nouveau fonctionnement à l'aide d'un schéma-bloc.

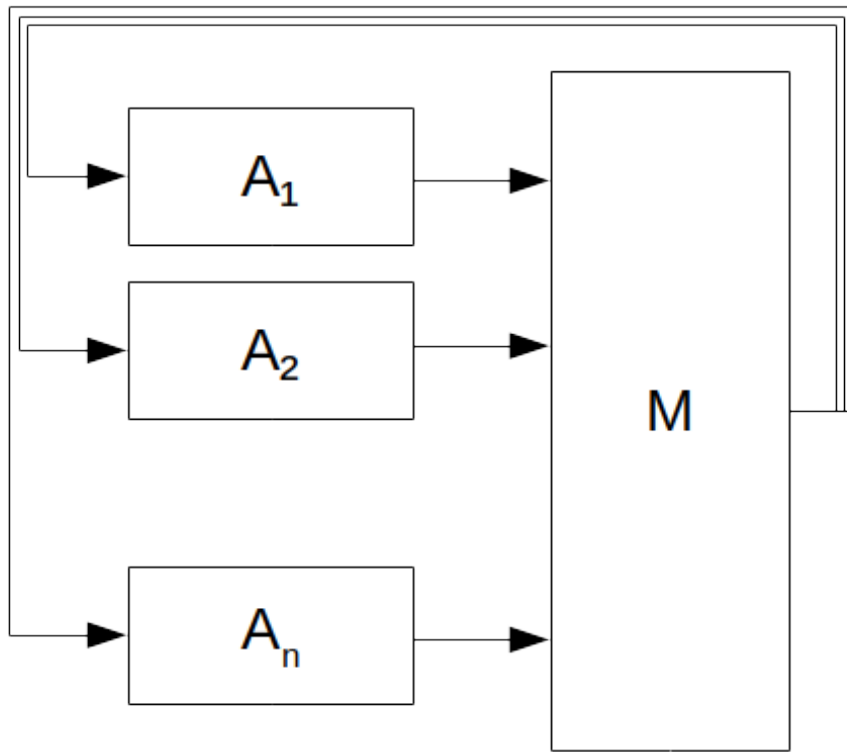


FIGURE 1 – Modélisation par schéma bloc de l'évolution globale

Les blocs A_i , i de 1 à n , sont les blocs correspondant aux évolutions internes dans un milieu. L'étude de ces blocs a fait l'objet de la première partie de cet article. Il faut noter que chaque bloc traite plusieurs entrées et sorties, correspondant aux différentes populations existantes dans le milieu.

Le bloc M modélise dans le cas présent les échanges entre les différents milieux. Il est donc appliqué à chaque pas après les évolutions internes.