

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

Martin LEHOUX

Paul CACHEUX

9 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.

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

- Homogénéité : les individus de chaque catégorie se mélangent parfaitement dans le milieu.

| Paramètre | Description                              | Valeur |
|-----------|--|--------|
| nat       | Natural population balance rate          | 1%     |
| ill       | Ill population balance rate              | ...    |
| v         | Vaccination rate among healthy people    | 90%    |
| $\alpha$  | Contamination rate                       | ...    |
| n         | Natality rate                            | 1.5%   |
| $\gamma$  | Recovery rate among ill people           | ...    |
| $\beta$   | Unimmunity rate among healed people      | ...    |
| $\theta$  | Pure delay for incubation of the disease | ...    |

TABLE 1 – Paramètres du modèle

| Variable       | Description                               |
|----------------|---|
| $h_k$          | Healthy people                            |
| $s_k$          | Sick people                               |
| $c_k$          | Cured people                              |
| $i_{\theta,k}$ | People with $\theta$ time step incubation |
| ...            | ...                                       |
| $i_{1,k}$      | People with 1 time step incubation        |

TABLE 2 – Vecteur d'état

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

$$X_k = \begin{pmatrix} c_k \\ s_k \\ h_k \\ i_{\theta,k} \\ \dots \\ \dots \\ \dots \\ i_{1,k} \end{pmatrix}$$

$$A = \begin{pmatrix} 1 + nat - \beta & \gamma & v & 0 & & & & & \\ 0 & 1 + ill - \gamma & 0 & 1 & & & & & \\ \beta & 0 & 1 + nat - \alpha - v & 0 & & & & & \\ & & 0 & 1 + nat & & & & & \\ & & & 0 & 1 + nat & & & & \\ & & & & 0 & 1 + nat & & & \\ & & & & & 0 & 1 + nat & & \\ & & \alpha & & & & 0 & 1 + nat & \\ & & & & & & & 0 & \end{pmatrix}$$

Alors l'équation aux différences du système se réécrit de manière matricielle :

$$X_{k+1} = AX_k$$

Le problème de non-linéarité se trouve au niveau du coefficient  $\alpha$ , qui dépend en réalité du nombre total de personnes infectées ou sous incubation.

## 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.

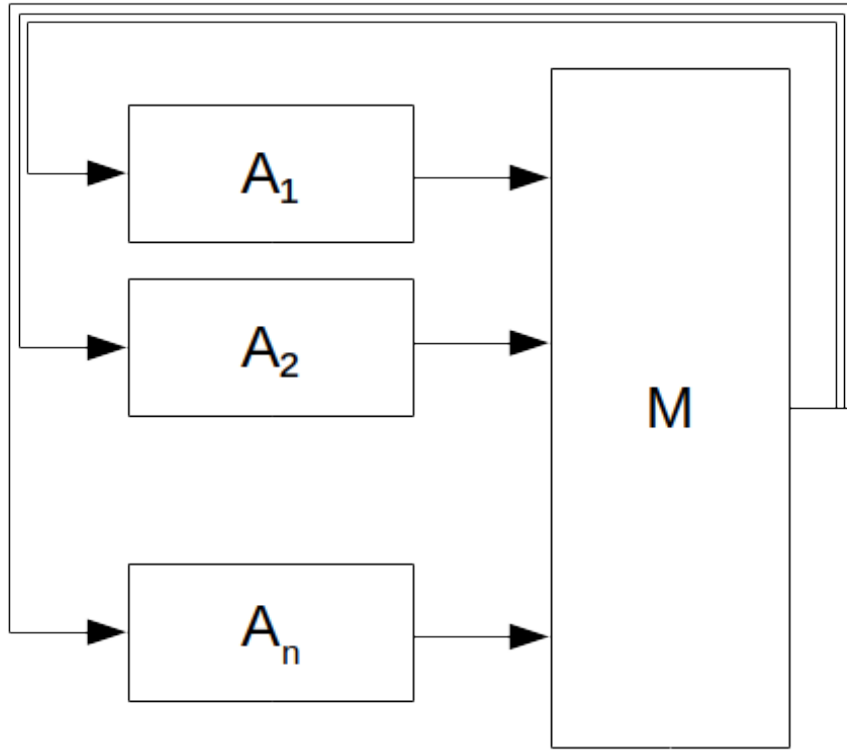


FIGURE 1 – Modélisation par schéma bloc de l'évolution globale

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.