MODÉLISATION ET CONTRÔLE DE LA PROPAGATION D'UNE ÉPIDÉMIE

Modèle de l'anthrax

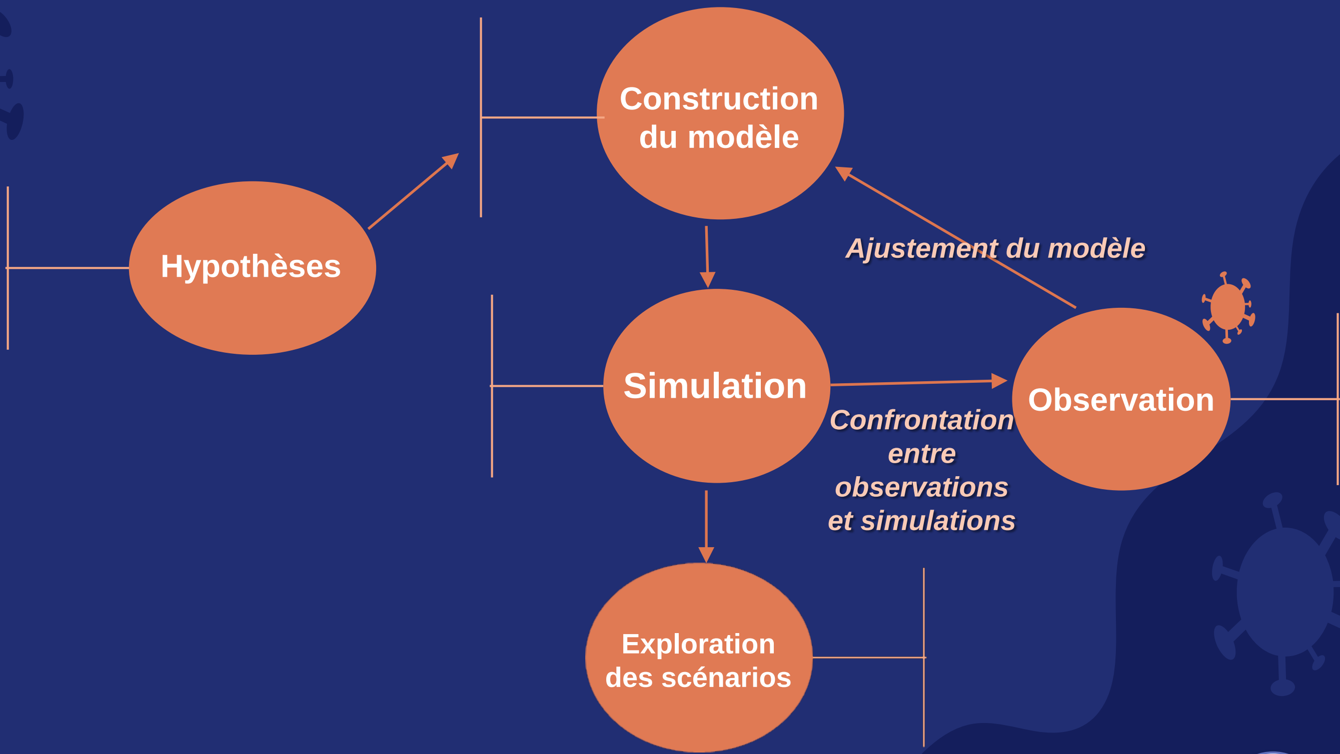
Réalisé par : Aya EL YOUBI

Thème : Santé et prévention

PLAN

I. Les mathématiques et la gestion des épidémies.
II. Modèle SIR.
III. Contrôle pour un modèle SIR amélioré.
IV. Modèle de l'anthrax.

Les mathématiques et la gestion des épidémies


Construction
du modèle
Hypothèses
Ajustement du modèle
Simulation
Observation
Confrontation
entre
observations
et simulations
Exploration
des scénarios
4

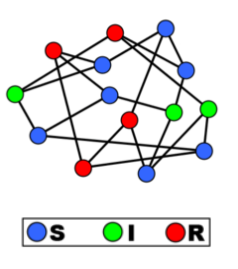
Modèle SIR

$$\begin{cases} \dot{S}(t) = -\beta S(t)I(t) \\ \dot{I}(t) = \beta S(t)I(t) - \gamma I(t) \\ \dot{R}(t) = \gamma I(t) \end{cases}$$

$$\boxed{S} \xrightarrow{\beta \mathrm{SI}} \boxed{I} \xrightarrow{\gamma \mathrm{I}} \boxed{R}$$

Susceptibles — **Infectés** — **Rétablis**

Contrôle pour un modèle SIR amélioré



$$(\Delta)\begin{cases}\dot{S}= b-\beta SI-dS- Su1\\ \dot{I}=\beta SI- dI-\alpha I-Iu2\\ \dot{R}= Iu2+Su1 -dR\\ \dot{N}= b - dN -\alpha I\end{cases}$$

u_1: fonction de contrôle par le moyen de la vaccination

u_2: fonction de contrôle par le moyen des traitements médicaux

R(t)=N(t)-S(t)-I(t)

Le système (Δ) présente deux solutions d'équilibre:

Solution d'équilibre avec absence de maladie:

$$\varepsilon_0=\left(\frac{b}{d+u1},0,\frac{b}{d}\right)$$

Solution d'équilibre endémique:

$$\varepsilon_1=(S^*,I^*,N^*)$$

Sachant que:

$$S^* = \frac{u_2 + d + \alpha}{\beta}$$

$$I^* = \frac{b\beta - (u_1 + d)(u_2 + d + \alpha)}{\beta\,(u_2 + d + \alpha)} = (R_0 - 1)\,\frac{(u_1 + d)}{\beta}$$

$$N^* = \frac{b\beta(u_2 + d) + \alpha(d + u_1)(u_2 + d + \alpha)}{d\beta(u_2 + d + \alpha)}$$

$$R_0 = \frac{b\beta}{(d+u_1)(u_2+d+\alpha)}$$

Si R0<1, la maladie s'éteint.

Si R0 > 1, la maladie devient endémique.

On définit le coût comme suit:

$$\mathbb{Z} = min_{\mathbf{u1,u2}}\ I(T) + \frac{1}{2}\int_0^T (C_1\, u_1^2 + C_2 u_2^2)\mathrm{dt}$$

Nous formons l'Hamiltonien comme si dessous:

$$\mathbb{H}=\frac{1}{2}C_1u_1^2+\frac{1}{2}C_2u_2^2+\lambda_1(b-\beta SI-dS-u_1S)+\lambda_2(\beta SI-u_2I-dI-\alpha I)$$

Avec λ_1 et λ_2 les vecteurs adjoints

Appliquons le principe du maximum de Pontryagin au problème épidémiologique:

$$\lambda_1' = -\frac{\partial \mathbb{H}}{\partial S} = \lambda_1(\beta I + d + u_1)\text{-}\lambda_2 \beta I$$

$$\lambda_2' = -\frac{\partial \mathbb{H}}{\partial I} = \lambda_1 \beta S - \lambda_2(\beta S - u_2 - d - \alpha)$$

Les conditions de transversalité donnent:

$$\lambda_1(T) = 0$$
$$\lambda_2(T) = 1$$

L'Hamiltonien est maximisé par rapport à la paire du contrôle optimal.

$$\frac{\partial \mathbb{H}}{\partial u1} = C_1 u_1 - \lambda_1 S = 0$$
$$\frac{\partial \mathbb{H}}{\partial u2} = C_2 u_2 - \lambda_2 I = 0$$

$$\begin{cases} u_1 = \dfrac{\lambda_1 S}{C_1} \\ u_2 = \dfrac{\lambda_2 I}{C_2} \end{cases}$$

avec:

$0 \leq u_1 \leq u_{1max}$

et

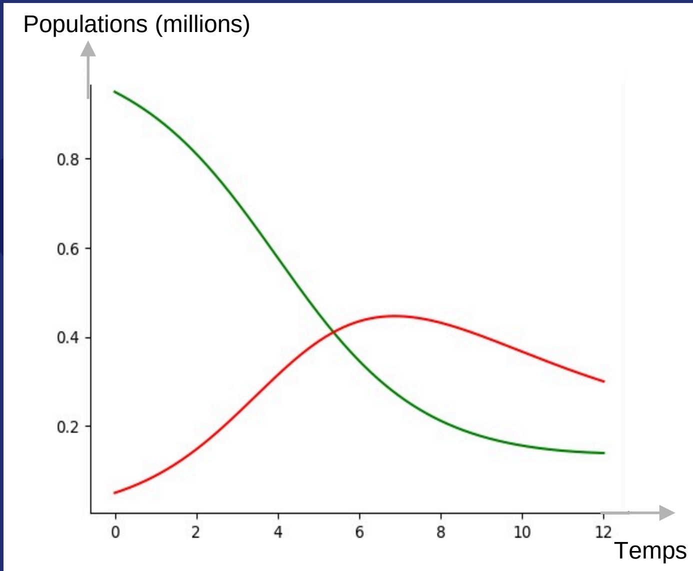
$0 \leq u_2 \leq u_{2max}$

Ainsi, le couple du contrôle optimal est défini comme suit:

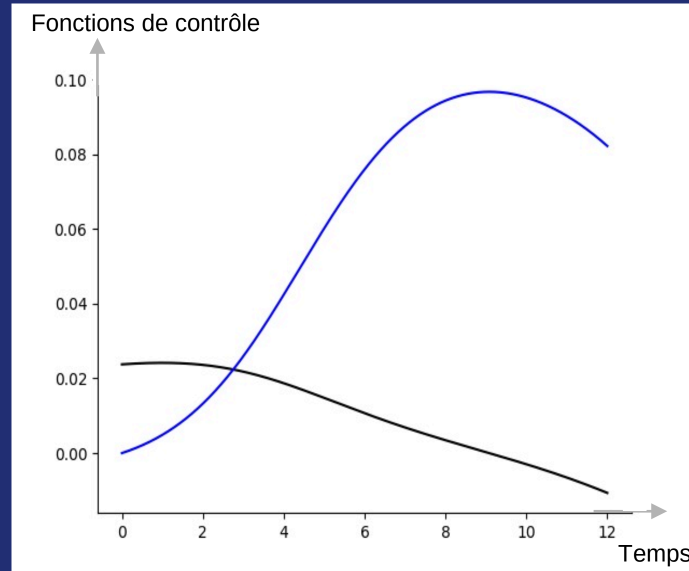
$$u_1^* = min\left(\max\left(0, \frac{\lambda_1 S}{C_1}\right), u_{1max}\right)$$

$$u_2^* = min\left(max\left(0, \frac{\lambda_2 I}{C_2}\right), u_{2max}\right)$$

$$
\begin{cases}
\dot{S} = b - \beta SI - dS - u_1^* S, \\
\dot{I} = \beta SI - u_2^* I - dI - \alpha I, \\
S(0) = S_0,\ I(0) = I_0, \\
\dot{\lambda}_1 = \lambda_1(\beta I + d + u_1^*) - \lambda_2 \beta I, \\
\dot{\lambda}_2 = \lambda_1 \beta S - \lambda_2(\beta S - u_2^* - d - \alpha), \\
\lambda_1(T) = 0, \quad \lambda_2(T) = 1,
\end{cases}
$$



Evolution de S et I en fonction du temps (12 ans).



Evolution de U1 et U2 en fonction du temps (12 ans).

Susceptibles
Infectés
U1
U2

- S(0)= 0,95
- I(0) = 0,05
- P(0)=0,01
- U(0)=0

Modèle de l'anthrax

20

- S_L: Taille de la population du bétail susceptible.
- I_L: Taille de la population du bétail infectée.
- V_L: Taille de la population du bétail vacciné
- P_L: Concentration d'agents pathogènes de l'anthrax dans l'environnement.
- **C:** Taille de la population de carcasses de bétail.

- S_H: Taille de la population humaine
- susceptible
- I_H: Taille de la population humaine infectée
- E_d: Taille de la population humaine suffisamment éduquée pour éviter l'infection.

V_L représente u1

E_d représente u2

$$\frac{dS_L}{dt} = k + (1-q)A + QV_L(t) + \gamma I_L(t) - (\beta_1 P_L(t) + \mu + \rho)S_L(t),$$

$$\frac{dV_L}{dt} = \rho S_L(t) + qA - (Q+\mu)V_L(t),$$

$$\frac{dI_L}{dt} = \beta_1 S_L(t)P_L(t) - (\gamma + \pi + \mu)I_L(t),$$

$$\frac{dC}{dt} = (\pi + \mu)I_L(t) - (\phi_1 + d)C(t),$$

$$\frac{dP_L}{dt} = \alpha C(t) - \phi_2 P_L(t),$$

$$\frac{dS_H}{dt} = a + bI_H(t) - [\beta_2(I_L(t) + C(t) + P_L(t)) + \omega + e_0]S_H(t),$$

$$\frac{dE_d}{dt} = \omega S_H(t) - e_0 E_d(t),$$

$$\frac{dI_H}{dt} = \beta_2(I_L(t) + C(t) + P_L(t))S_H(t) - (b + e_0)I_H(t)$$

$\psi_1 = k + (1\text{-}q)A$

$\psi_2 = \mu + \rho$

$\psi_3 = \gamma + \pi + \mu$

$\psi_4 = \phi_1 + d$

$\psi_5 = Q + \mu$

$\psi_6 = \omega + e_0$

$\psi_7 = \pi + \mu$

$\Gamma_1 = b + e_0$

$\delta = \beta_2(I_L + C + P_L)$

Le modèle présente deux points d'équilibre

Equilibre où la maladie s'éteint

$$\mathcal{E}_0=\left(\frac{\psi_1}{\psi_2}+\frac{Q(\rho\psi_1+qA\psi_2)}{\psi_2(\psi_2\psi_5-\rho Q)},\frac{\rho\psi_1+qA\psi_2}{\psi_2(\psi_2\psi_5-\rho Q)},0,0,0,\frac{a}{\psi_6},\frac{\omega a}{\psi_6},0\right)$$

$$\mathcal{E}^*=(S_L^*,V_L^*,I_L^*,C^*,P_L^*,S_H^*,E_d^*,S_H^*)$$

Equilibre endémique

Avec:

$$S_{\mathrm{L}}^{*} = \frac{S_{\mathrm{L}0}}{\mathcal{R}_0},$$

$$V_{\mathrm{L}}^{*} = \frac{1}{\psi_5}\left(\frac{\rho S_{\mathrm{L}0}}{\mathcal{R}_0} + qA\right),$$

$$I_{\mathrm{L}}^{*} = \frac{\mu\left(Q+\psi_2\right)S_{\mathrm{L}0}}{\psi_5^2\psi_7}\left(1-\frac{1}{\mathcal{R}_0}\right),$$

$$C^{*} = \frac{\mu\left(Q+\psi_2\right)S_{\mathrm{L}0}}{\psi_4\psi_5^2}\left(1-\frac{1}{\mathcal{R}_0}\right),$$

$$P_{L}^{*} = \frac{\alpha\mu\left(Q+\psi_2\right)S_{\mathrm{L}0}}{\phi_2\psi_4\psi_5^2}\left(1-\frac{1}{\mathcal{R}_0}\right)$$

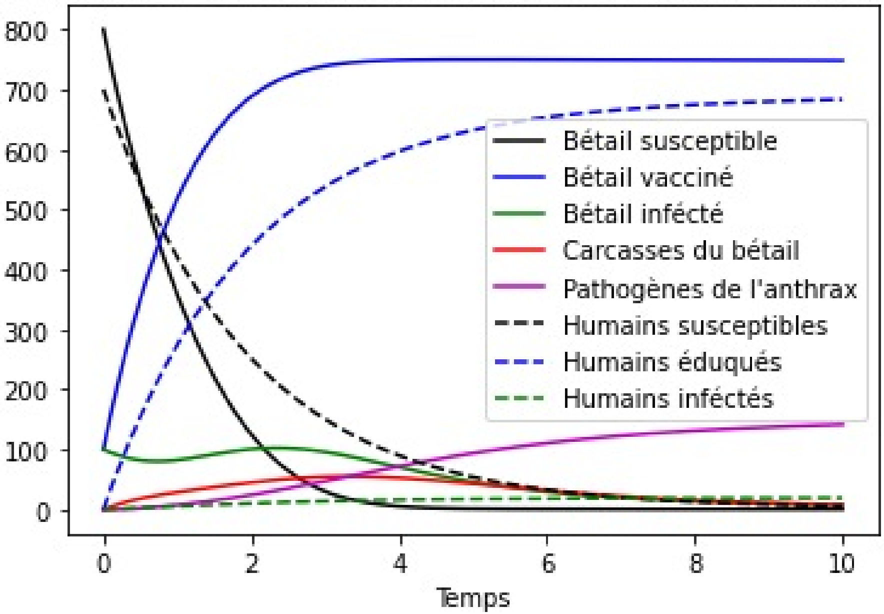
$$S_{\mathrm{H}}^{*} = \frac{a\Gamma_1}{\Gamma_1\psi_6 + e_0\beta_2\left(I_{\mathrm{L}}^{*} + C^{*} + P_{\mathrm{L}}^{*}\right)},$$

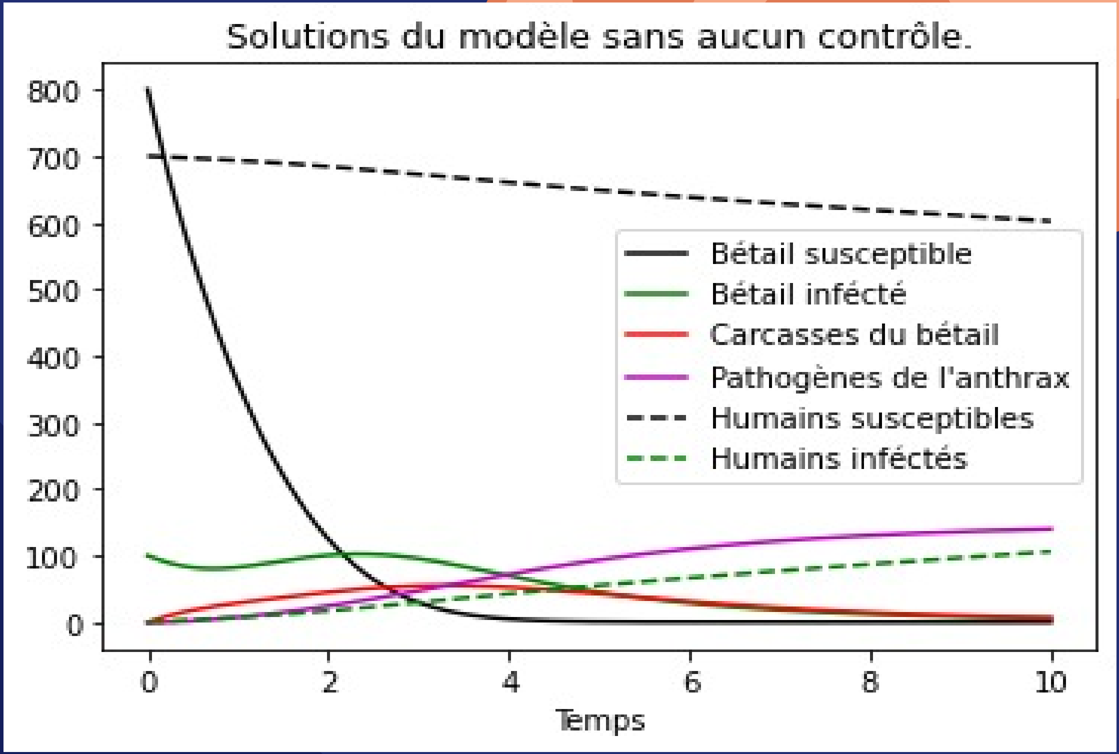
$$E_{\mathrm{d}}^{*} = \frac{\omega}{e_0}S_{\mathrm{H}}^{*},$$

$$I_{\mathrm{H}}^{*} = \frac{\beta_2\left(I_{\mathrm{L}}^{*} + C^{*} + P_{\mathrm{L}}^{*}\right)S_{\mathrm{H}}^{*}}{\Gamma_1},$$

$$I_{\mathrm{L}}^{*} + C^{*} + P_{\mathrm{L}}^{*} = \frac{\mu\left(Q+\psi_2\right)S_{\mathrm{L}0}}{\psi_5^2\phi_2\psi_4\psi_7}\left(\phi_2\psi_4 + \left(\alpha+\phi_2\right)\psi_7\right)\left(1-\frac{1}{\mathcal{R}_0}\right),$$

Solutions du modèle lorsque la vaccination et l'education sont implémentés.




Solutions du modèle sans aucun contrôle.
800
700
600
500
400
300
200
100
0
0
2
4
6
8
10
Temps
Bétail susceptible
Bétail inféсté
Carcasses du bétail
Pathogènes de l'anthrax
Humains susceptibles
Humains inféctés

Annexe:

Paramètres du modèle d'anthrax :

Paramètre	Description	Valeur
β_1	Taux d'infection	0.02
K	Taux d'afflux d'animaux	0.99
γ	Le taux de guérison des animaux infectés	0.0025
μ	Taux de mortalité naturelle	0.0001
π	Taux de mortalité induit par l'anthrax	0.5
$\emptyset_1$	Le taux de désinfection des carcasses infectées	0.6
$\emptyset_2$	Le taux de désinfection des agents pathogènes dans l'environnement	0.5
d	Taux de décomposition des carcasses infectieuses	0.8
α	Le taux d'excrétion d'agents pathogènes dans le sol	0.48

Paramètre	Description	Valeur
A	Taux d'afflux de bétail	0.75
q	Fraction du bétail vacciné	0.7
Q	Taux de perte d'immunité	0.002
a	Taux de recrutement des humains	0.92
e_0	Taux de mortalité naturelle chez l'homme	0.0001
β_2	Taux d'infection des humains sensibles	0.0001
b	Le taux de guérison des humains infectés	0.04
ω	Rate at which humans acquire knowledge to avoid infection	0.5
ρ	Taux de vaccination des susceptibles	0.75

Code python pour la méthode SIR améliorée

```
import numpy as np
import scipy.integrate as spi
import matplotlib.pyplot as pl
# Paramètres du modèle
b=0.03
beta = 0.75
d =0.02
alpha=0.1
C1=4
C2=1
def deriv(SIPU, t):
Y=np.zeros((4))
V = SIPU
Y[0] = b - beta * V[0] * V[1] - d * V[0] -( V[2] * V[0] * V[0] ) / C1
Y[1] = beta * V[0] * V[1] - d * V[1] - alpha * V[1] -( V[3] * V[1] * V[1] ) / C2
Y[2] = V[2] * ( beta * V[1] + d + ( V[2] * V[0]) / C1 ) - beta * V[3] * V[1]
Y[3] = beta * V[2] * V[0] - V[3] * ( beta * V[0] - ( V[3] * V[1] ) / C2 - d - alpha )
return Y # For odeint
# Au temps t0, on a les conditions initiales suivantes (S0, I0, Lambda1(0), Lambda2(0))
V0 = 0.95, 0.05,0.1,0.0
# Evolution sur 12 ans
t = np.linspace(0,12,3600*24)
# Resolution des équations differentielles
sol = spi.odeint(deriv, V0, t)
#Ploting
pl.plot(t,sol[:,0], '-g', label='Susceptibles')
pl.plot(t,sol[:,1], '-r', label='Infectés')
pl.show()
pl.plot(t,(sol[:,2]*sol[:,0])/C1, '-k', label='u1')
pl.plot(t,(sol[:,3]*sol[:,1])/C2, '-b', label='u2')
pl.show()
```

Code python pour le modèle de l'anthrax

```
import numpy as np
import scipy.integrate as spi
import matplotlib.pyplot as pl
k=0.99
q=0.7
Q=0.002
gamma=0
mu=0.0001
xi=0.75
pi=0.5
psi1=0
psi2=0
A=0.75
a=0.92
b=0
d=0.8
e0=0.0001
omega=0.5
alpha=0.45
beta1=0.02
beta2=0.0001
S0=800
V0=100
I0=100
C0=0
P0=0
X0=700
E0=0
Z0=0
```

```
input=(S0,V0,I0,C0,P0,X0,E0,Z0)
def diff_equ(SVICPXEZ,t):
    Y=np.zeros((8))
    M=SVICPXEZ
    Y[0]=k+(1-q)*A+Q*M[1]+gamma*M[2]-(beta1*M[4]+mu+xi)*M[0]
    Y[1]=xi*M[0]+q*A-(Q+mu)*M[1]
    Y[2]=beta1*M[0]*M[4]-(gamma+pi+mu)*M[2]
    Y[3]=(pi+mu)*M[2]-(psi1+d)*M[3]
    Y[4]=alpha*M[3]-psi2*M[4]
    Y[5]=a+b*M[7]-(beta2*(M[2]+M[3]+M[4])+omega+e0)*M[5]
    Y[6]=omega*M[5]-e0*M[6]
    Y[7]=beta2*(M[2]+M[3]+M[4])*M[5]-(b+e0)*M[7]
    return Y
t=np.linspace(0,10,3600*24)
sol=spi.odeint(diff_equ,input,t)
pl.plot(t,sol[:,0],'-k',label='Bétail susceptible')
pl.plot(t,sol[:,1],'-b',label='Bétail vacciné')
pl.plot(t,sol[:,2],'-g',label='Bétail inféсté')
pl.plot(t,sol[:,3],'-r',label='Carcasses du bétail')
pl.plot(t,sol[:,4],'-m',label="Pathogènes de l'anthrax")
pl.plot(t,sol[:,5],'k--',label='Humains susceptibles')
pl.plot(t,sol[:,6],'b--',label='Humains éduqués')
pl.plot(t,sol[:,7],'g--',label='Humains inféctés')
pl.legend(loc=0)
pl.title("Solutions du modèle lorsque la vaccination et l'education sont implémentés.")
pl.xlabel('Temps')
pl.show()
```