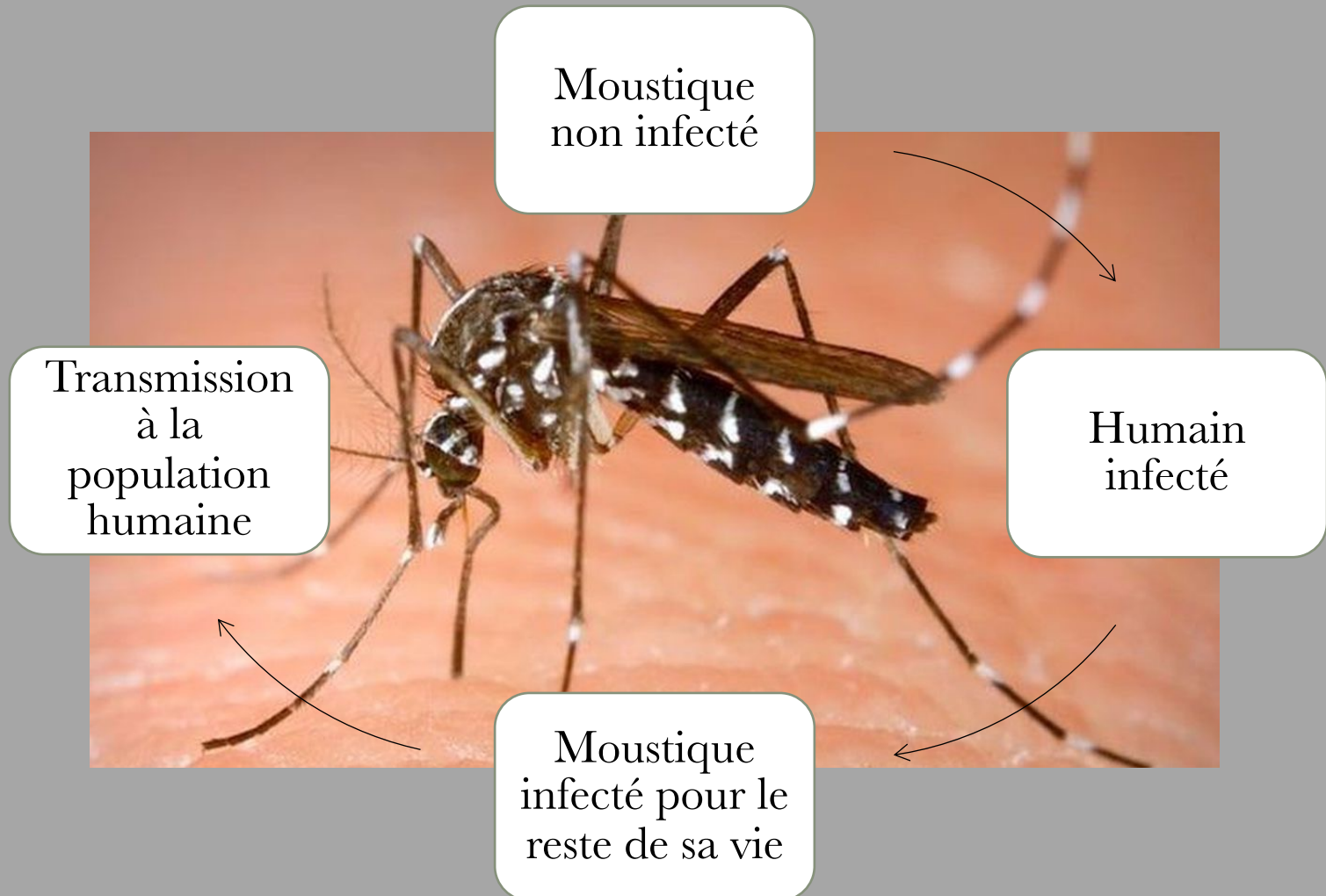




MODÉLISATION DE LA PROPAGATION DE L'ÉPIDÉMIE DE DENGUE EN MARTINIQUE

DORÉ CORALIE (1181)

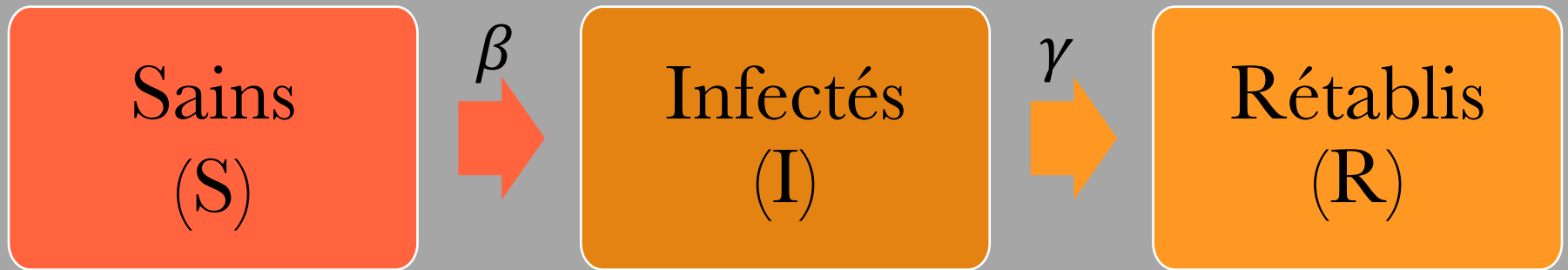
LA DENGUE, UN VIRUS VECTORIEL



LES MODÈLES MATHÉMATIQUES

Modéliser la propagation de l'épidémie par la description de la population

MODÈLE SAINS-INFECTÉS-RÉTABLIS



$$\left\{ \begin{array}{l} S'(t) = -\beta I(t) S(t) \\ I'(t) = \beta I(t) S(t) - \gamma I(t) \\ R'(t) = \gamma I(t) \end{array} \right.$$

MODÈLE EXPONENTIEL DE MALTHUS

Variation d'une population P donnée par l'équation différentielle linéaire d'ordre 1 :

$$P'(t) = (b - d) P(t)$$

$$P(t) = P_0 e^{(b-d)(t-t_0)}$$

b : taux de fertilité

d : taux de mortalité

MODÈLE DE CROISSANCE LOGISTIQUE DE VERHULST

Variation du nombre d'œufs E de moustiques :

$$E'(t) = b A(t) \left(1 - \frac{E(t)}{K_E}\right)$$

- b : taux de fertilité
- K_E : taille critique du milieu
- A : nombre de femelles adultes

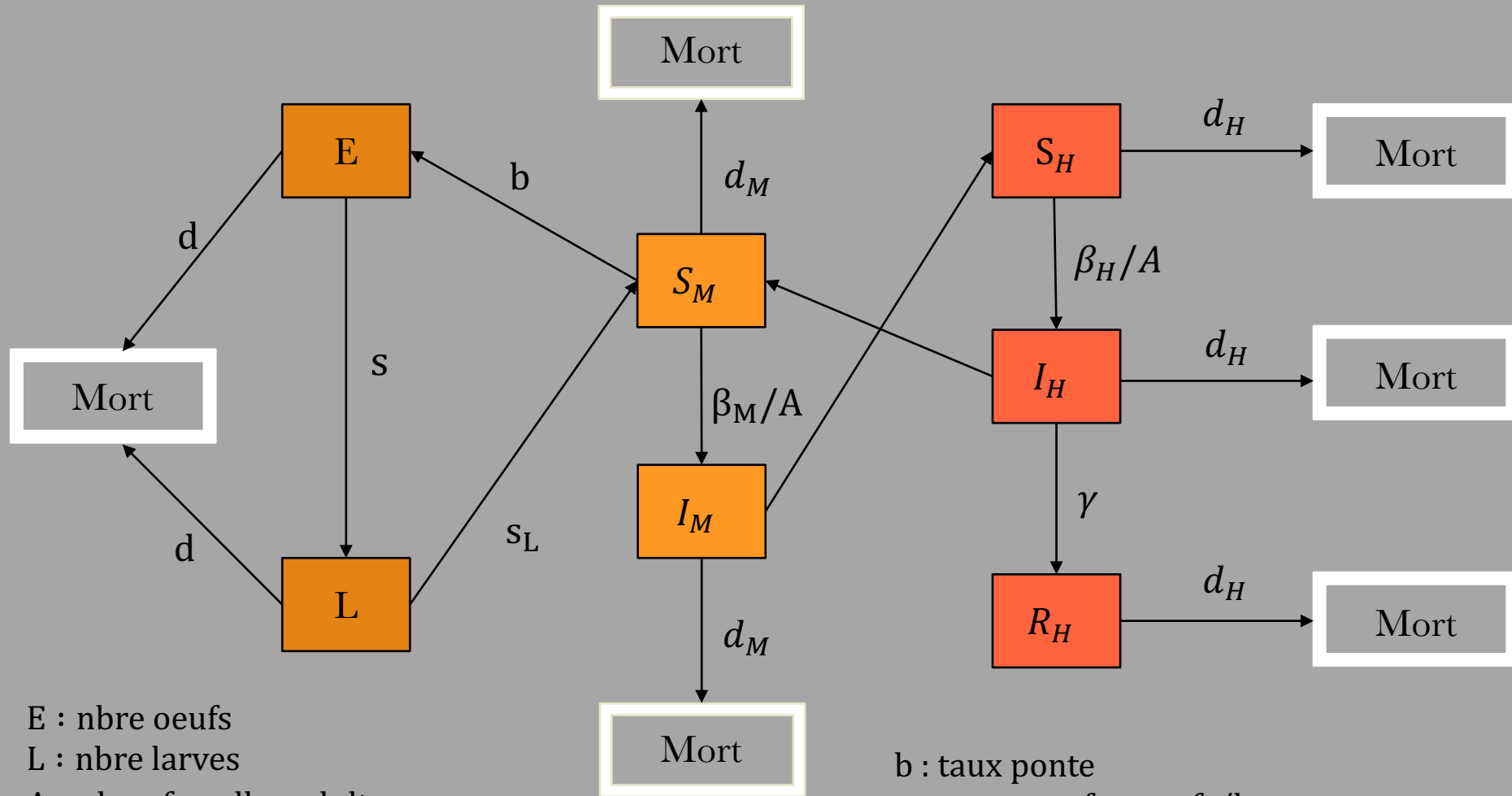


<http://biodiversite.wallonie.be/fr/le-moustique-japonais.includehtml?IDC=6000>



protecthome.fr/larvicide-moustique-tigre-pour-larve-de-moustique.html

Graphe de transmission du virus du chikungunya à la population humaine



E : nbre oeufs

L : nbre larves

A : nbre femelles adultes

S_M : nbre femelles adultes saines

I_M : nbre femelles adultes infectées

S_H : nbre humains sains

I_H : nbre humains infectés

R_H : nbre humains rétablis

b : taux ponte

s : taux transfert oeufs/larves

s_L : taux transfert larves – adultes

d_M : taux mortalité moustiques

d_H : taux mortalité humains

d : taux mortalité oeufs, larves

$$\begin{aligned}
E'(t) &= b A(t) \left(1 - \frac{E(t)}{K_E} \right) - (s + d) E(t) \\
L'(t) &= s E(t) \left(1 - \frac{L(t)}{K_L} \right) - (s_L + d_L) E(t) \\
A'(t) &= s_L L(t) - d_m A(t) \\
S'_M(t) &= s_L L(t) - \left(d_m + \beta_m \frac{I_H(t)}{N_H(t)} \right) S_M(t) \\
I'_M(t) &= \beta_m \frac{I_H(t)}{N_H(t)} S_M(t) - d_m I_M(t) \\
S'_H(t) &= -\beta_H \frac{I_M(t)}{A(t)} S_H(t) + b_H (S_H(t) + I_H(t) + R_H(t)) - d_H S_H(t) \\
I'_H(t) &= \beta_H \frac{I_M(t)}{A(t)} S_H(t) - (\gamma + d_H) I_H(t) \\
R'_H(t) &= \gamma I_H(t) - d_H R_H(t)
\end{aligned}$$

E : nbre oeufs

L : nbre larves

A : nbre femelles adultes

S_M : nbre femelles adultes saines

I_M

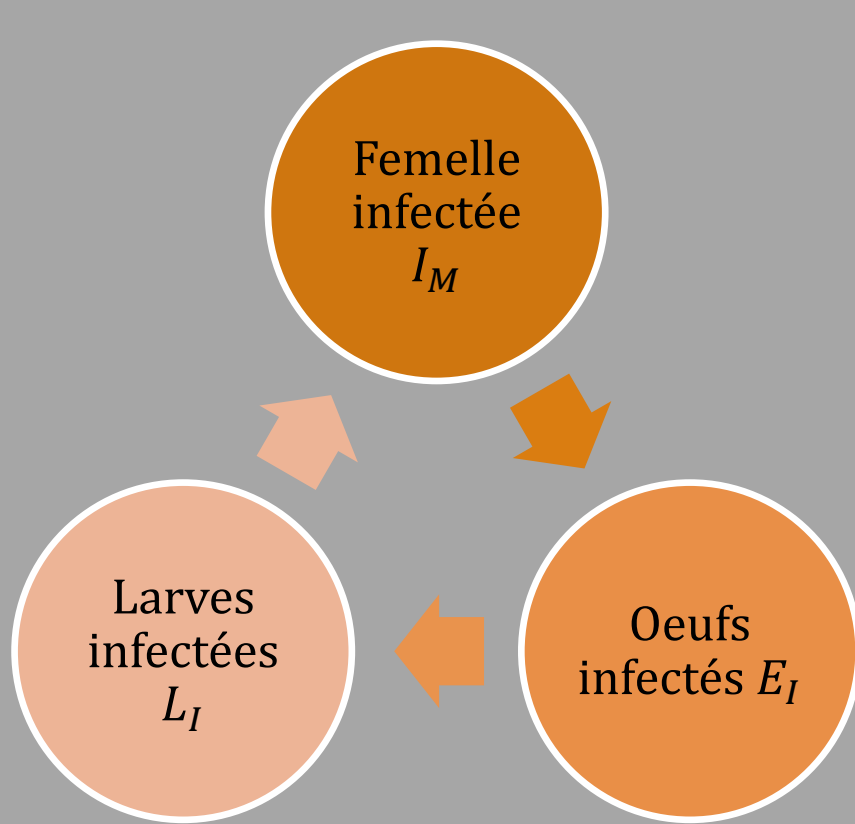
: nbre femelles adultes infectées

S_H : nbre humains sains

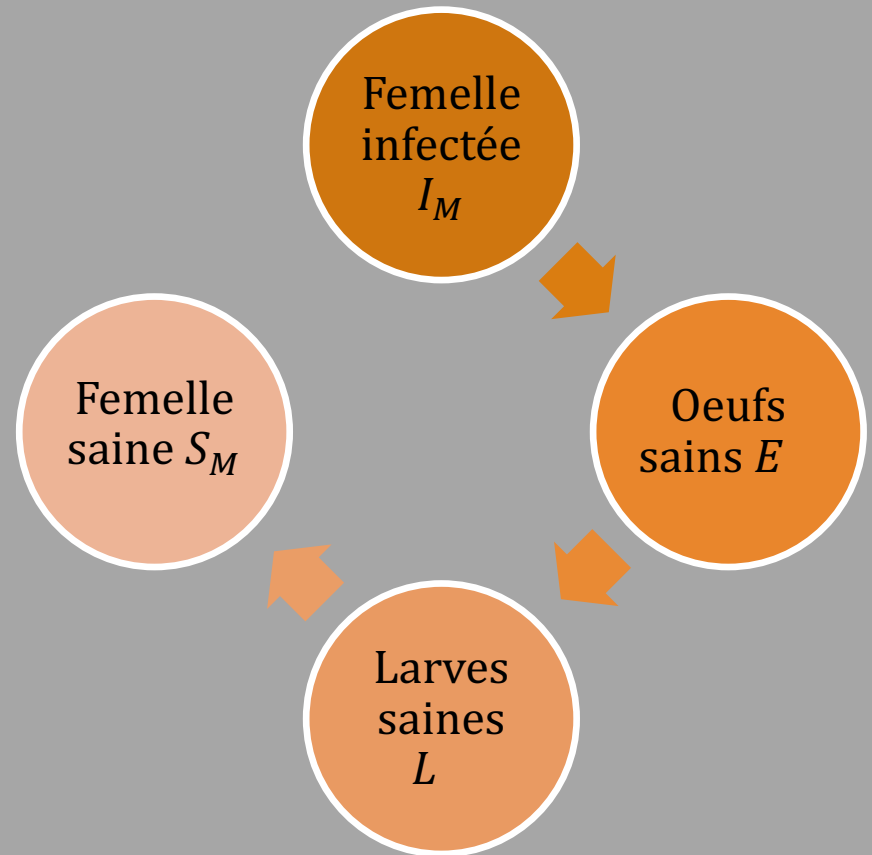
I_H : nbre humains infectés

R_H : nbre humains rétablis

LA DENGUE ET LE CHIKUNGUNYA

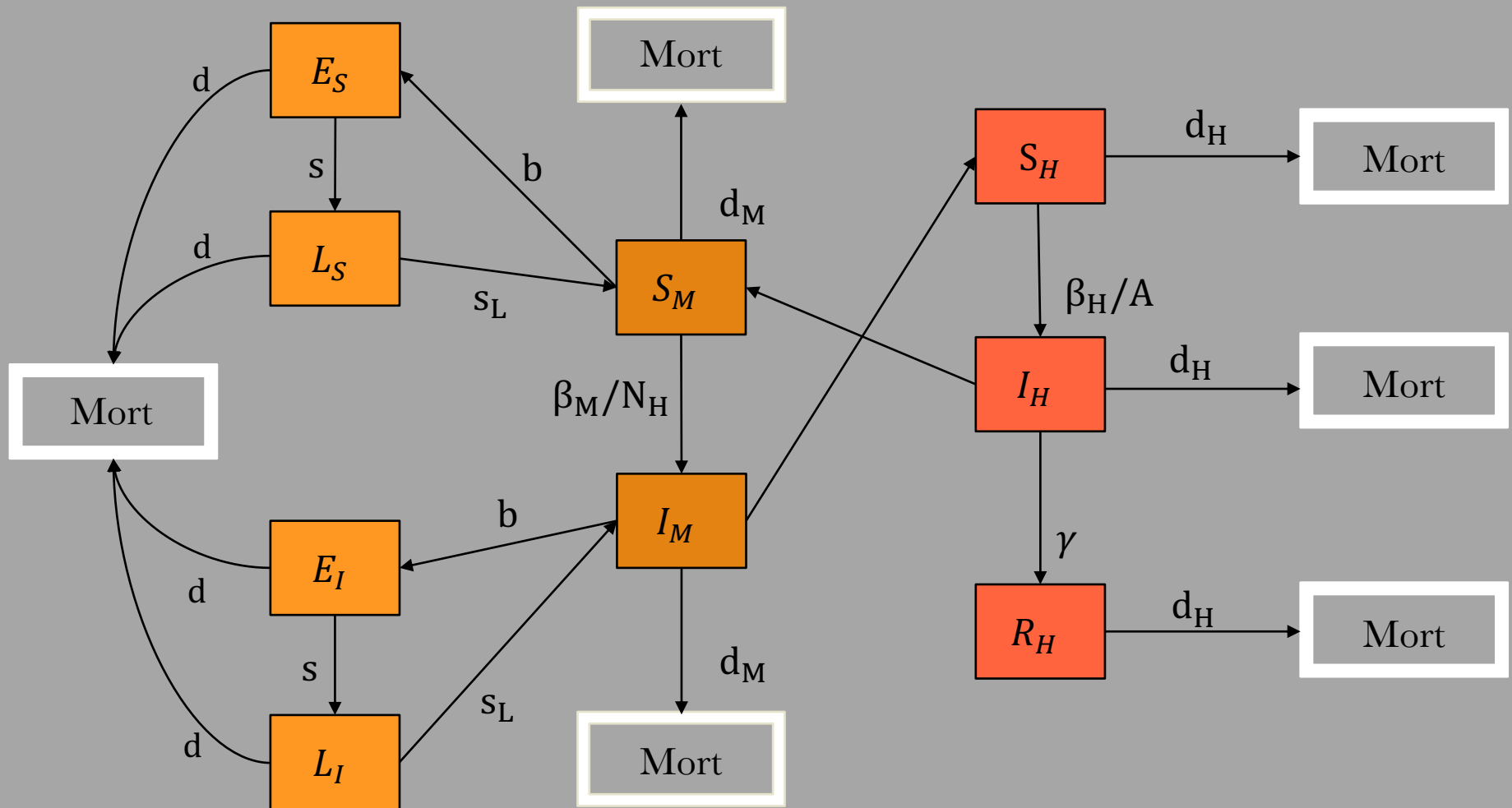


Cas de la dengue



Cas du chikungunya

Graphe de transmission du virus de la dengue à la population humaine



E_S : nbre oeufs sains
 E_I : nbre oeufs infectés
 L_S : nbre larves saines
 L_I : nbre larves infectées

$$E'_S(t) = b S_M(t) \left(1 - \frac{E_S(t)}{K_E} \right) - (s + d) E_S(t)$$

$$E'_I(t) = b I_M(t) \left(1 - \frac{E_I(t)}{K_E} \right) - (s + d) E_I(t)$$

$$L'_S(t) = s E_S(t) \left(1 - \frac{L_S(t)}{K_L} \right) - (s_L + d_L) E_S(t)$$

$$L'_I(t) = s E_I(t) \left(1 - \frac{L_I(t)}{K_L} \right) - (s_L + d_L) E_I(t)$$

$$S'_M(t) = s_L L(t) - \left(d_m + \beta_m \frac{I_H(t)}{N_H(t)} \right) S_M(t)$$

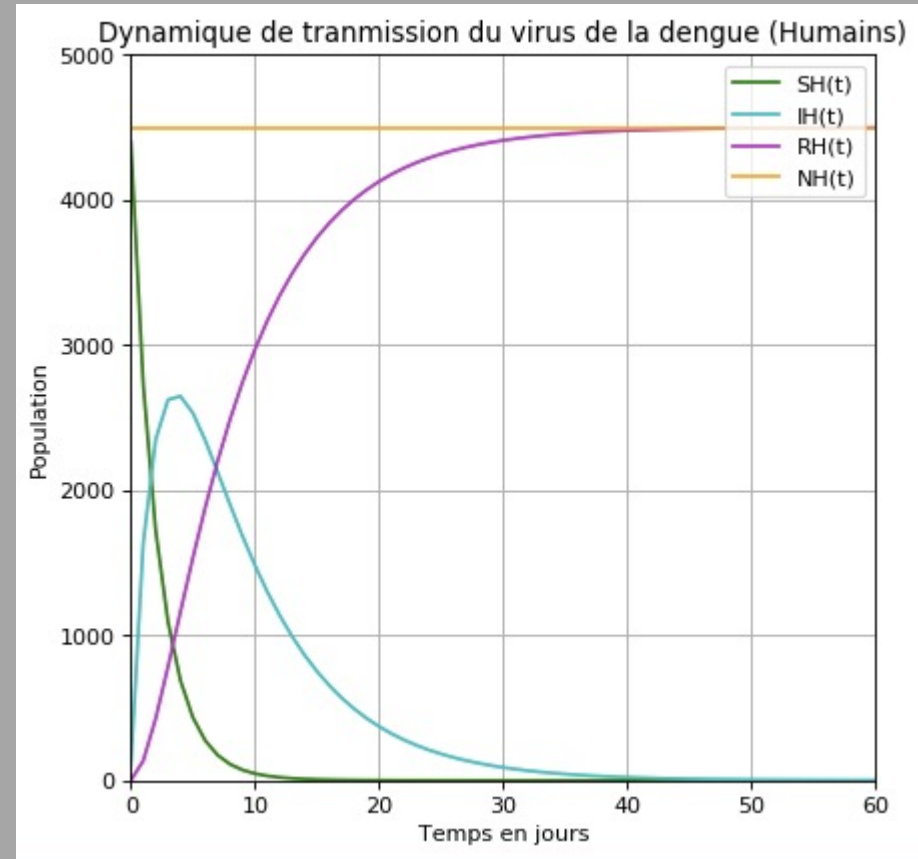
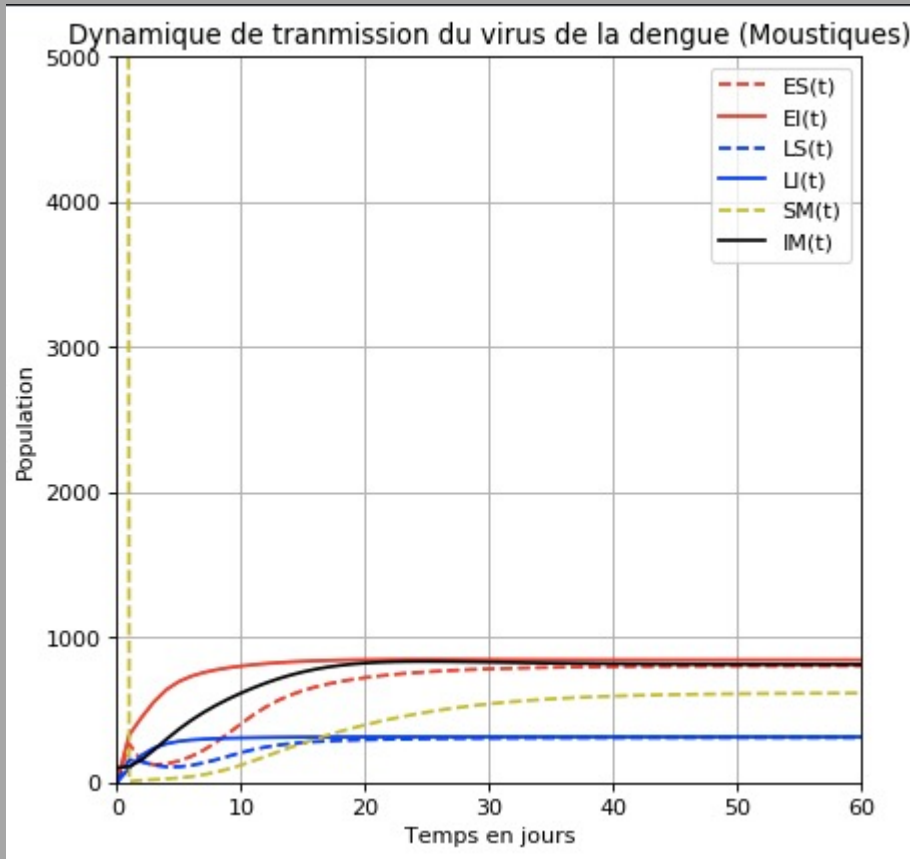
$$I'_M(t) = \beta_m \frac{I_H(t)}{N_H(t)} S_M(t) - d_m I_M(t) + \mathbf{s_L L_I(t)}$$

$$S'_H(t) = -\beta_H \frac{I_M(t)}{A(t)} S_H(t) + b_H (S_H(t) + I_H(t) + R_H(t)) - d_H S_H(t)$$

$$I'_H(t) = \beta_H \frac{I_M(t)}{A(t)} S_H(t) - (\gamma + d_H) I_H(t)$$

$$R'_H(t) = \gamma I_H(t) - d_H R_H(t)$$

RÉSOLUTION NUMÉRIQUE



LE MODÈLE DES GRAPHES

Modéliser la dynamique de transmission du virus par le déplacement des vecteurs

ALGORITHME DE PRIM

Algorithm 1 Recherche de l'arbre couvrant minimal

Require: $G = (U, E), s_0$

$F = \{\}$

$W = \{s\}$

while $W \neq F$ **do**

Choisir l'arête $\{x, y\} \in E$ de poids minimum telle que $x \in W$ et $y \notin W$

$W \leftarrow W \cup \{y\}$

$F \leftarrow F \cup \{x, y\}$

end while

return F

ALGORITHME DE DIJKSTRA

Algorithm 2 Déterminer le plus court chemin d'un graphe connexe pondéré

Require: $G = (U, E), X, s_0$

for $x \in S$ **do**

$\delta_s(x) \leftarrow \infty$

$\delta_s(s) \leftarrow 0$

$X \leftarrow S$

$E \leftarrow \emptyset$

end for

while $X \neq \emptyset$ **do**

 Sélectionner dans la liste X le sommet x avec $\delta_s(x)$ *minimum*

 Retirer le sommet x de la liste X

 Ajouter le sommet x à la liste E

for $y \in V^+(x) \cap X$ **do**

if $\delta_s(y) > \delta_s(x) + l(x, y)$ **then**

$\delta_s(y) \leftarrow \delta_s(x) + l(x, y)$

$p(y) \leftarrow x$

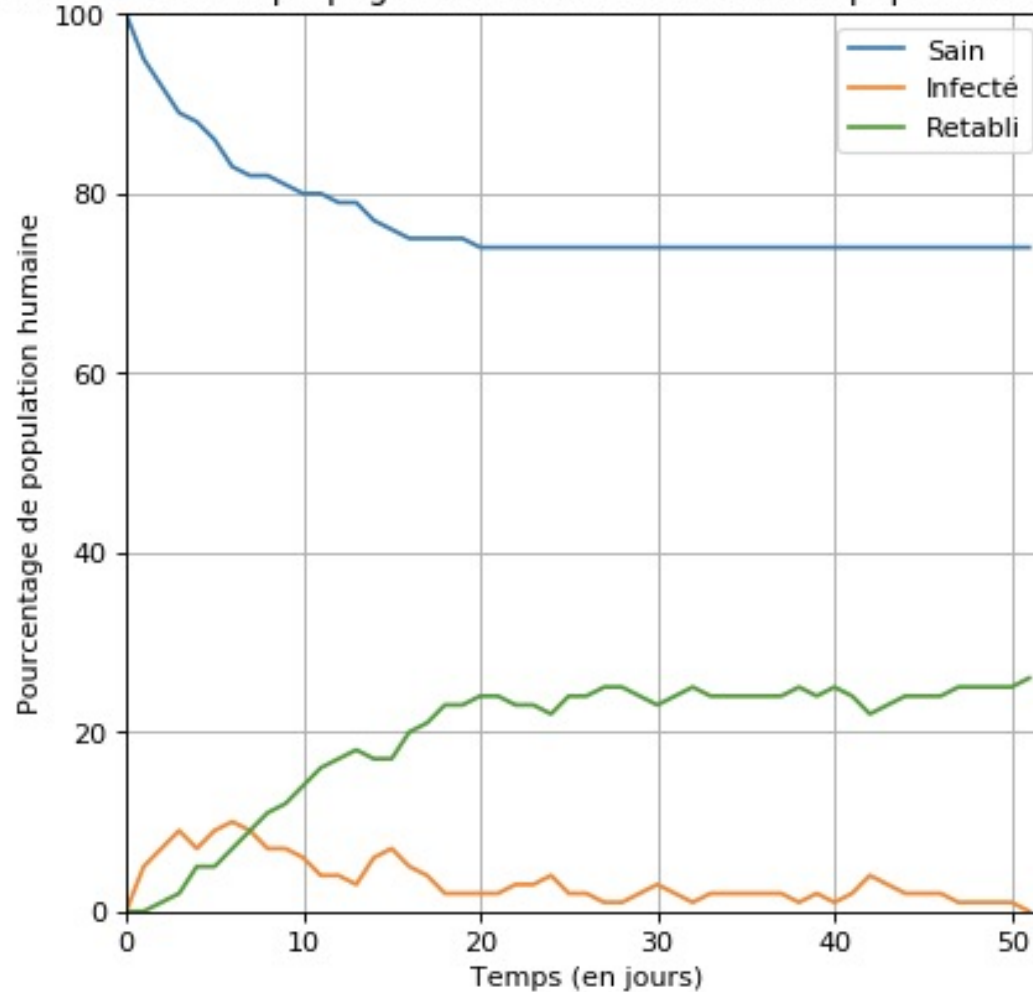
end for

end while

RÉSULTAT DE SIMULATION

La simulation s'est arrêtée au bout de 51 jours.

Simulation de la propagation du virus au sein de la population humaine



CONCLUSION

L'ÉPIDÉMIE DE DENGUE EN MARTINIQUE



32 790 cas

depuis le début de l'épidémie

Source : Santé publique France - Janvier 2021

<https://viaatv.tv/dengue-lepidemie-ne-progresse-plus/>