

Rapport Modélisation en Epidémiologie

Kevyn Raynal

Clément Violet

Semestre 9 — Master MODE

Objectif du modèle

L'objectif de ce modèle est d'observer la dynamique de la transmission de la dengue par le moustique *Aedes albopictus*. Cette maladie infectieuse menace chaque année près de 40% de la population mondiale et infecte chaque année entre 50 et 100 millions de personnes selon l'OMS. L'originalité de ce modèle est qu'il ne s'intéresse pas à la principale espèce de moustique vecteur de la dengue qui est *Aedes aegypti*. Si les auteurs préfèrent s'intéresser à *Aedes albopictus*, c'est parce que cette espèce a été la cause de plusieurs épidémies de dengue, cette espèce est plus difficile à contrôler, elle a un taux de morsure supérieur et est plus compétitive qu'*A. aegypti*.

Les auteurs ont créé un premier modèle en couplant un modèle classique SEIR pour modéliser la dynamique de l'infection chez l'Homme avec un modèle SEI pour modéliser la dynamique de la maladie chez le vecteur.

Le modèle de dynamique chez l'Homme est le suivant :

$$\frac{dH_s}{dt} = \lambda H_t - H_s \left(\frac{cV_i}{H_t} + \mu_h \right) \quad (1)$$

$$\frac{dH_e}{dt} = H_s \frac{cV_i}{H_t} - H_e (\tau_{exh} + \mu_h) \quad (2)$$

$$\frac{dH_i}{dt} = H_e \tau_{exh} - H_i (\tau_{ih} + \alpha + \mu_h) \quad (3)$$

$$\frac{dH_r}{dt} = H_i (\tau_{ih}) - \mu_h H_r \quad (4)$$

Avec les équations 1, 2, 3, 4 faisant référence respectivement au nombre de personnes sensibles, exposées, infectées, immunisées. Le modèle de dynamique épidémiologique pour le moustique est celui-ci :

$$\frac{dV_s}{dt} = \mu_a V_t - V_s \left(\frac{cH_i}{H_t} + m u_a \right) \quad (5)$$

$$\frac{dV_e}{dt} = V_s \frac{cH_i}{H_t} - V_e (\tau_{ex\nu} + \mu_a) \quad (6)$$

$$\frac{dV_i}{dt} = V_e \tau_{ex\nu} - \mu_a V_i \quad (7)$$

Les équations 5, 6, 7 font quant à elle références respectivement aux moustiques sensibles, exposés et infectés.

Les paramètres de ce modèle sont présentés dans le tableau 1 adapté de Erickson et al. (2010).

Tab. 1 : Paramètres utilisés pour construire le modèle 1.

Nom de la variable	Variable	Valeur
Taux de croissance de la population humaine	λ	$5,8 \times 10^{-5}$
Taux de mortalité humaine	μ_h	1/28000 jours
Pourcentage journalier de vecteur nécessitant un second repas	s_f	0.03
Probabilité de mordre un humain	b_h	0,3
Probabilité de transmettre la dengue	t_p	0,4
Probabilité de contact	c	$b_h \times t_p$
Inverse du temps d'exposition de l'hôte	τ_{exh}	1/10 jours
Taux de mortalité des hôtes de la dengue	α	0,003
Inverse du temps d'infection de l'hôte	τ_{ih}	1/4 jours
Oeufs par ponte	e_p	30
Inverse du temps de développement des oeufs	τ_e	0,361
Taux de mortalité des oeufs	μ_e	0,05
Terme de capacité de charge	K	10^{-3}
Inverse du temps de développement des larves	τ_l	0,134
Taux de mortalité des larves	μ_l	0.025
Inverse du temps de développement des nymphes	τ_p	0,342
Taux de mortalité des nymphes	μ_p	0,0025
Inverse du temps de développement des adultes immatures	τ_i	1
Inverse du temps de développement des adultes immatures	τ_i	1
Taux de mortalité des adultes	μ_a	0,0501
Inverse du temps d'exposition du vecteur	$\tau_{ex\nu}$	1/9 jours
Temps de nourrissage ou de gestation	τ_g	0.401
Inverse du temps de reproduction	τ_r	1

Ce premier modèle relativement simple a été ensuite largement modifié par les auteurs. Ces derniers ont créé un second modèle en divisant le cycle de vie du moustique *A. aegypti* en six stades de vie distincts :

1. Oeufs;
2. Larves;
3. Nymphes;

4. Adultes immatures ;
5. Adultes en gestation ;
6. Adultes capable de se reproduire.

Seul les deux derniers stades de ce cycle de vie peuvent donner lieu à l'infection d'un être humain sensible. En effet, les femelles ayant atteint ces stades de vies doivent consommer du sang pour pouvoir assurer la survie de leurs oeufs. Ce second modèle a été évalué par les auteurs à une température constante de 25°C.

Dans un troisième temps, les auteurs de cet article ont modifié ce troisième modèle pour forcer certaines variables contrôlant le modèle 2. Les variables influencées par la température sont :

- Le temps de développement des oeufs ;
- Le temps de développement des larves ;
- Le temps de gestation des oeufs ;
- Le taux de mortalité des adultes.

Pour réaliser ces trois modèles, auteurs de cet articles se basent sur quatre hypothèses :

- La population à une exposition homogène aux moustiques ;
- Il n'y a pas de migration humaine ;
- Il n'y a pas de migration de vecteur ;
- Il existe qu'un seul serotype de la dengue.

L'hypothèse la plus contraignante pour le modèle est la dernière. Il existe en réalité plusieurs sérotypes pour ce virus. Hors, si une personne a déjà été infectée par le passé elle devrait se trouver dans le compartiment immunisés et non pas susceptible. De plus, une personne déjà infectée par un serotype peut être infectée par un autre serotype. Si cette hypothèse était relaxée, elle compliquerait grandement les équations concernant les compartiments susceptibles et immunisés.

Reproductibilité de l'article

Pour ce projet, nous avons essayé de reproduire les principaux résultats de cet article à savoir les principaux graphiques de ce modèle. Le premier modèle a été relativement simple à coder en R, puisque le nombre d'équation est relativement restreint.

C'est en essayant de coder par nous-même ce modèle que nous avons rencontré les points négatifs de cet article : la reproductibilité. Bien que les équations soient relativement simple dans le premier modèle, il existe déjà des erreurs de mise en page concernant les équations. Ces erreurs ont été facilement contourné grâce aux autres modèles de l'article qui ne sont qu'une extension du premier. Néanmoins, corriger ces premières erreurs n'a pas été suffisant pour faire fonctionner ce premier modèle : il y avait d'autres erreurs plus incidiées.

Le tableau décrivant les valeurs des différents paramètres contient lui aussi des erreurs de mise en page. Le premier modèle ne contenait qu'une seule erreur dans les paramètres, mais la trouver

nous a pris plusieurs heures. La correction quant à elle était simple à mettre en place. Finalement, nous avons réussi à recréer les résultats pour ce premier modèle.

Ajouter figure du modèle

Pour les modèles 2 nous n'avons pas réussi à reproduire les résultats des auteurs, car nous avons décelés dans les équations pas moins de X fautes. Nous avons essayer de les corriger au mieux, mais nos résultats ne convergent pas vers ceux trouver par les auteurs. Ajouter figure de ce qu'on trouve et devrait trouver.

Il est possible que nos corrections soient également érronées, ou bien alors qu'il y ait d'autres erreurs dans les paramètres du modèles. Certains paramètres sont des fonctions dépendants de la température, or l'article ne contient pas ces fonctions mathématiques. L'article contient uniquement leurs images pour une température de 25°C. Nous supposons qu'il y a également des erreurs de typographie pour les images de ces fonctions. Pour les paramètres consernés, nous avons essayé de nombreuses autres valeurs, mais aucune ne convenait. Les auteurs indique seulement que nous pouvont trouver ces equations dans le mémoire de master de l'auteur principal. Cependant, aucune version de ce mémoire n'est disponible en ligne.

Pour le dernier modèle, même s'il nous avait été possible de faire fonctionner le deuxième modèle, nous n'aurrions pas pu le reproduire. En effet, les auteurs de cet article expliquent avoir fait varier la température grâce à la températures de l'air moyenne de la ville de Lubbock au Texas. Bien que ces données soient disponible sur internet, le fait de ne pas avoir accès aux fonctions mathématiques dont les images servent de paramètres aux modèles 2 et 3 nous empêche de les reproduire.

Modélisation complémentaire

Pellentesque ac porta purus. Phasellus et pellentesque lacus, pulvinar vulputate dui. Pellentesque posuere pellentesque nisi vel ultricies. Vivamus at neque convallis, dignissim magna eget, aliquet ante. Maecenas venenatis, diam in maximus varius, felis ligula faucibus tellus, at tincidunt ligula ex eu mi. Nunc volutpat leo a nunc laoreet commodo. In hac habitasse platea dictumst. Aenean pellentesque arcu ut lacus pulvinar semper. Etiam convallis, magna maximus congue gravida, urna leo porttitor felis, ut luctus turpis lacus in enim. Vestibulum volutpat nulla libero, id cursus lacus faucibus sed. Quisque finibus metus quis lorem iaculis, a scelerisque diam tincidunt. Nulla placerat blandit quam, eu posuere augue. Cras sem ligula, sodales non sem at, interdum pretium quam. Cras eget justo blandit, lobortis diam sit amet, eleifend lorem.

Interprétations

Pellentesque bibendum libero metus, sed laoreet nisl ornare eget. Interdum et malesuada fames ac ante ipsum primis in faucibus. Morbi varius mauris eu ipsum pellentesque accumsan a vitae turpis. Sed laoreet finibus purus, venenatis facilisis mi. Curabitur molestie dui nibh, non condimentum metus efficitur nec. Fusce nisl eros, bibendum et fermentum vel, commodo eu est. Sed tristique eleifend felis, sed porttitor tellus luctus non. Mauris eros metus, rhoncus viverra imperdiet eget, tempor in odio. Aliquam dapibus pharetra tortor sit amet fermentum.

Synthèse

Proin eleifend eros eget ante porta, at hendrerit urna pharetra. Duis a lacus condimentum, dignissim lacus et, tincidunt enim. Quisque ac efficitur velit. Sed semper ligula id lacus venenatis hendrerit. Phasellus a nisl id sapien porttitor cursus sed sit amet orci. Praesent blandit feugiat neque ac feugiat. Quisque dictum enim sed velit sodales pellentesque. In sapien ligula, bibendum ac purus vitae, luctus venenatis nisl. Nulla nec posuere velit. Suspendisse ex ex, laoreet ac ante eu, scelerisque tincidunt ipsum. Pellentesque hendrerit vestibulum mollis. Aliquam et neque hendrerit risus sagittis placerat.

Bibliographie

Erickson et al. (2010). A dengue model with a dynamic aedes albopictus vector population. *Ecological Modelling*. Elsevier BV ; 221 :2899–908.