Modélisation Mathématique de la propagation du Chikungunya

Dylan Riboulet

Numéro de dossier : 33478

TIPE 2021

Thème: Enjeux sociétaux

I- L'épidémiologie mathématique c'est quoi exactement?

• Epidémiologie: étude de la distribution des maladies chez l'Homme et des facteurs qui les influencent

Consiste à modéliser mathématiquement une épidémie à travers :

- Un paramétrage
- Une mise en équation
- La résolution des équations

Définition

Modélisation mathématique des épidémies consistant à :

 Diviser la population en différentes classes épidémiologiques (Groupes)

Exemple: Susceptibles(S), Infectieux(I)

Décrire les échanges avec les autres groupes

<u>II- Les modèles compartimentaux</u>

Quelques notations pour les deux premiers modèles

- N désigne la population totale à un instant t
- S désigne le nombre de susceptibles à un instant t
- I désigne le nombre d'infectieux à un instant t
- E désigne le nombre d'exposés à un instant t
- R désigne le nombre de personnes guéries et immunisées à un instant t
- β désigne le taux de transmission
- γ désigne le taux de guérison
- μ désigne le taux de mortalité
- α désigne le taux d'incubation
- v désigne le taux de natalité

Le modèle SIR

Présentation et schéma explicatif

Le modèle SIR (pour Susceptible-Infectieux-Retiré) décrit une épidémie dont les guéris sont immunisés à vie (ou au moins pendant la période d'étude).

Il consiste à diviser la population en trois compartiments :

- -Susceptibles
- -Infectieux
- -Retirés

Population totale constante au cours du temps

$$S \xrightarrow{\beta} I \xrightarrow{\gamma} R$$

Système d'équations le décrivant :

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} &= -\beta S(t)I(t) & (1.1) \\ \frac{dI(t)}{dt} &= \beta S(t)I(t) - \gamma I(t) & (1.2) \\ \frac{dR(t)}{dt} &= \gamma I(t) & (1.3) \end{cases}$$

Justification:

- S(t)I(t): Nombre de contacts entre des personnes saines et des personnes infectées par unité de temps
- βS(t)I(t): Nombre de personnes nouvellement infectées par unité de temps
- γI(t): Nombre de personnes nouvellement guéries par unité de temps

Le modèle SEIR

<u>Le modèle SEIR (pour Susceptible-Exposé-Infectieux-Retiré) est similaire au modèle SIR</u>

Hypothèses supplémentaires par rapport au modèle SIR:

- -Population totale varie au cours du temps
- -Prise en compte de la <u>période d'incubation</u> de la maladie, <u>des naissances</u> et <u>des décès</u> de causes non liées à la maladie.

$$\xrightarrow{\nu} S \xrightarrow{\beta} E \xrightarrow{\alpha} I \xrightarrow{\gamma} R \xrightarrow{\mu}$$

$$\downarrow^{\mu} \downarrow^{\mu} \downarrow^{\mu}$$

$$\left\{egin{array}{lll} rac{dS(t)}{dt} &=& -eta S(t)I(t) +
u N(t) - \mu S(t) \ rac{dE(t)}{dt} &=& eta S(t)I(t) - lpha E(t) - \mu E(t) \ rac{dI(t)}{dt} &=& lpha E(t) - \gamma I(t) - \mu I(t) \ rac{dR(t)}{dt} &=& \gamma I(t) - \mu R(t) \end{array}
ight.$$

http://images.math.cnrs.fr/modelisation-d-une-epidemie-partie-2.html

III- Le Chikungunya

- Transmission
- Distribution géographique
- Caractéristique de la maladie: Symptômes, Incubation
- Pas encore de traitement, vaccin
- Guérison

IV- Problématique

Quel modèle permettrait de représenter de manière pertinente les effets de la transmission du Chikungunya sur une population humain/moustique?

<u>Épidémie de 2007 au Kerala en Inde :</u> <u>Groupe de population considéré</u>

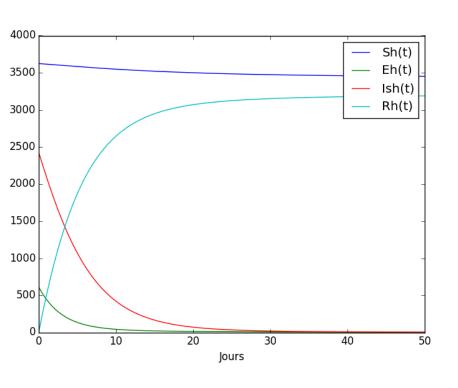
Total de la population humaine au départ : 6657 individus dont

- -3623 susceptibles
- -2423 infectés
- -611 exposés

V- Solutions proposées

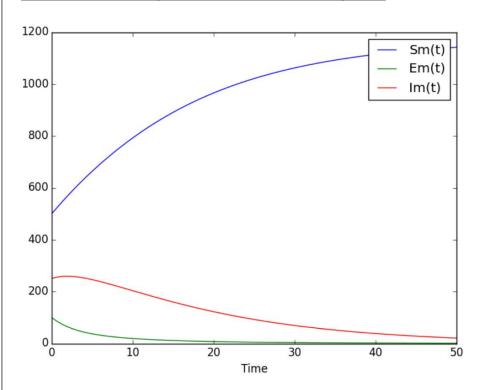
1ère Solution proposée : Courbes obtenues

Modèle SEIR pour les Hommes



- -taux de mortalité: 1/(70*365)
- -taux d'incubation: 1/3
- -taux de transmission: 0.002
- -taux de natalité: 400/(15*365)
- -taux de guérison: 1/4.5

Modèle SEI pour les moustiques



-taux de mortalité: 1/14

-taux d'incubation: 1/3.5

-taux de transmission: 0.17

-taux de natalité: 0.10375

V- Solutions proposées

2^e Solution proposée : Modèle structuré par âge avec symptomatiques et asymptomatiques

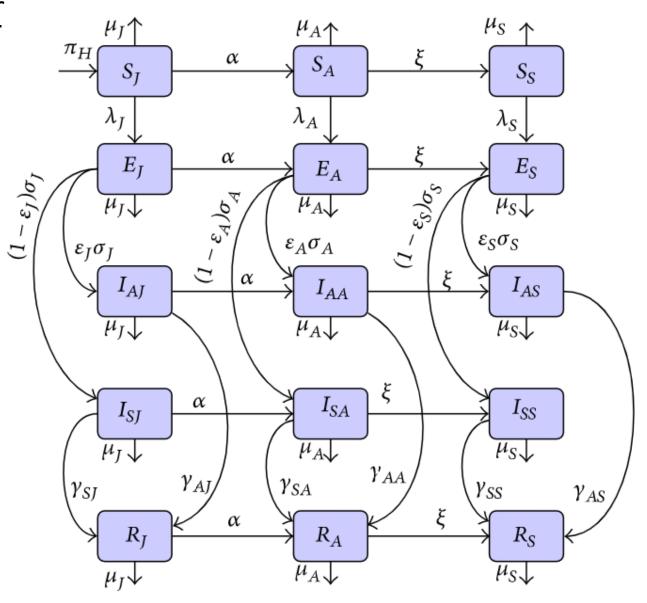
Hypothèses supplémentaires par rapport au modèle SEIR :

- Individus infectés sont symptomatiques ou asymptomatiques
- Population humaine divisée en trois classes d'âges:
- -juvéniles (< 15ans, 31.2% susceptibles et 11% infectés)
- -adultes (15-59 ans, 60,6% susceptibles et 73,4% infectés)
- -seniors (≥ 60 ans, 8,3% susceptibles et 15,6% infectés)

V- Solutions proposées

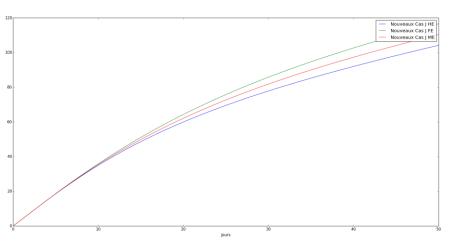
Modèle structuré par âge: un schéma pour mieux

visualiser

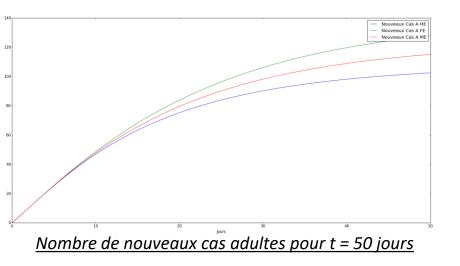


VI- Stratégies de contrôle

Stratégie de réduction des moustiques

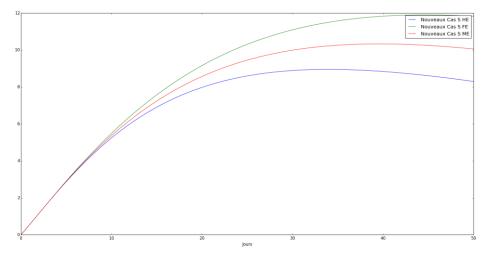


Nombre de nouveaux cas juvéniles pour t = 50 jours



Niveaux d'efficacités:

 faible efficacité	$\pi_M = 500 \times 0.32$	$\mu_M = (1/21)$
 moyenne efficacité	$\pi_M = 500 \times 0.1675$	
 haute efficacité	$\pi_M = 500 \times 0.015$	$\mu_M = (1/7)$

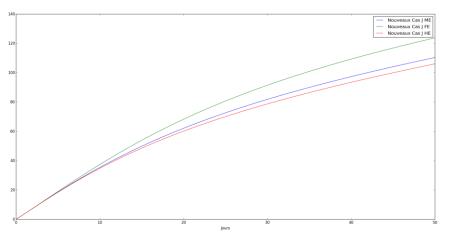


Nombres de nouveaux cas seniors pour t = 50 jours

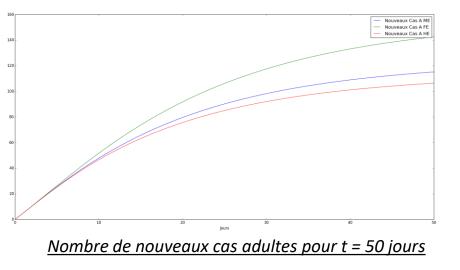
Humains pour t=50j	Faible efficacité	Moyenne efficacité	Haute efficacité
Juvéniles	116.868	110.44	104.341
Adultes	128.077	115.192	102.692
Seniors	11.8352	10.0714	8.30769
Sans structure par âge	289.286	198.214	107.143

VI- Stratégies de contrôle

Stratégie de protection personnelle

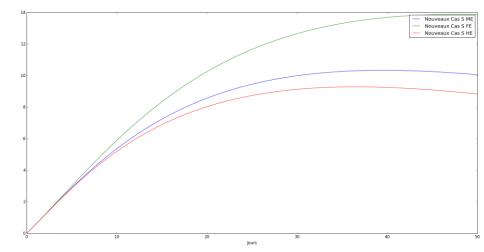


Nombre de nouveaux cas juvéniles pour t = 50 jours



Niveaux d'efficacités :

<u>faible efficacité</u>	$\beta_I = \beta_A = \beta_S = \beta_M = 0.54$
<u>moyenne efficacité</u>	$\beta_J = \beta_A = \beta_S = \beta_M = 0.24$
<u>haute efficacité</u>	$\beta_J = \beta_A = \beta_S = \beta_M = 0.15$



Nombre de nouveaux cas seniors pour t = 50 jours

Humains pour t=50j	Faible efficacité	Moyenne efficacité	Haute efficacité
Juvéniles	123.654	110.44	106.154
Adultes	142.418	115.192	106.374
Seniors	13.8846	10.0714	8.84615
Sans structure d'âge	337,019	198.214	113.462

VI- Stratégies de contrôle

Comparaison des résultats

Groupe d'âge humains pour t=50j	Stratégie de réduction des moustiques	Stratégie de protection personnelle
Juvéniles	104.341	106.154
Adultes	102.692	106.374
Seniors	8.30769	8.84615
Sans structure par âge	107.143	113.462

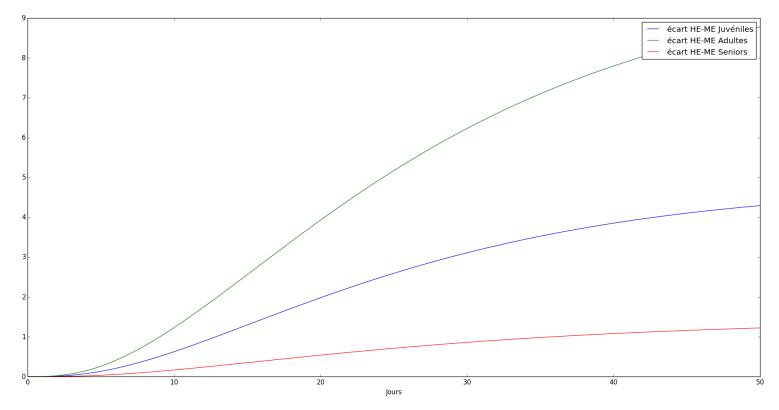
Comparaison du nombre de nouveaux cas pour les niveaux de haute efficacité des deux stratégies de contrôle

VII- Conclusion

- Modélisation a permis de voir quels paramètres étaient dominants
- -Réduction accumulation d'eau, insecticides (diminue taux de natalité et mortalité)
- -Vêtements couvrant la peau, zone à l'abri, moustiquaire (diminue taux de transmission)
- <u>Modèle structuré par âge avec symptomatiques et asymptomatiques :</u> beaucoup de paramètres, plus difficile à obtenir
- Modèle SEIR, sans structure par âge
- ne permet pas de montrer la répartition par âge pour:
- -stratégie de contrôle efficace basée sur l'âge
- -contrôle global unique sur ensemble population.
- Autre approche possible:

système d'EDP qui varie en fonction du temps et de l'âge des individus

Impact du taux de transmission sur les juvéniles, adultes et seniors



Baisse en pourcentage du nombre de nouveaux cas entre les niveaux de hautes efficacité et de moyenne efficacité des juvéniles, adultes et seniors pour t = 50 jours

Système d'équations du modèle avec structure par âge

$$\begin{split} \frac{dS_J}{dt} &= \pi_J - \frac{\beta_J b_M S_J I_M}{N_H} - \alpha S_J - \mu_J S_J, \\ \frac{dE_J}{dt} &= \frac{\beta_J b_M S_J I_M}{N_H} - \alpha E_J - (\sigma_J + \mu_J) E_J, \\ \frac{dI_{AJ}}{dt} &= \varepsilon_J \sigma_J E_J - \alpha I_{AJ} - (\gamma_{AJ} + \mu_J) I_{AJ}, \\ \frac{dI_{SJ}}{dt} &= (1 - \varepsilon_J) \sigma_J E_J - \alpha I_{SJ} - (\gamma_{SJ} + \mu_J) I_{SJ}, \\ \frac{dR_J}{dt} &= \gamma_{AJ} I_{AJ} + \gamma_{SJ} I_{SJ} - \alpha R_J - \mu_J R_J, \\ \frac{dS_A}{dt} &= \alpha S_J - \frac{\beta_A b_M S_A I_M}{N_H} - \xi S_A - \mu_A S_A, \\ \frac{dE_A}{dt} &= \alpha E_J + \frac{\beta_A b_M S_A I_M}{N_H} - \xi E_A - (\sigma_A + \mu_A) E_A, \\ \frac{dI_{AA}}{dt} &= \alpha I_{AJ} + \varepsilon_A \sigma_A E_A - \xi I_{AA} - (\gamma_{AA} + \mu_A) I_{AA}, \\ \frac{dI_{SA}}{dt} &= \alpha I_{SJ} + (1 - \varepsilon_A) \sigma_A E_A - \xi I_{SA} - (\gamma_{SA} + \mu_A) I_{SA}, \\ \frac{dR_A}{dt} &= \alpha R_J + \gamma_{AA} I_{AA} + \gamma_{SA} I_{SA} - \xi R_A - \mu_A R_A, \end{split}$$

$$\begin{split} \frac{dS_S}{dt} &= \xi S_A - \frac{\beta_S b_M S_S I_M}{N_H} - \mu_S S_S, \\ \frac{dE_S}{dt} &= \xi E_A + \frac{\beta_S b_M S_S I_M}{N_H} - (\sigma_S + \mu_S) E_S, \\ \frac{dI_{AS}}{dt} &= \xi I_{AA} + \varepsilon_S \sigma_S E_S - (\gamma_{AS} + \mu_S) I_{AS}, \\ \frac{dI_{SS}}{dt} &= \xi I_{SA} + (1 - \varepsilon_S) \sigma_S E_S - (\gamma_{SS} + \mu_S) I_{SS}, \\ \frac{dR_S}{dt} &= \xi R_A + \gamma_{AS} I_{AS} + \gamma_{SS} I_{SS} - \mu_S R_S, \\ \frac{dS_M}{dt} &= \pi_M \\ &- \beta_M b_M \left[\frac{I_{AJ} + I_{SJ} + I_{AA} + I_{SA} + I_{AS} + I_{SS}}{N_H} \right] S_M \\ &- \mu_M S_M, \\ \frac{dE_M}{dt} &= \beta_M b_M \left[\frac{I_{AJ} + I_{SJ} + I_{AA} + I_{SA} + I_{AS} + I_{SS}}{N_H} \right] S_M \\ &- (\sigma_M + \mu_M) E_M, \\ \frac{dI_M}{dt} &= \sigma_M E_M - \mu_M I_M. \end{split}$$

Système d'équations du modèle sans structure par âge

$$\begin{split} \frac{dS_H}{dt} &= \pi_H - \frac{\beta_H b_M I_M}{N_H} S_H - \alpha S_H - \mu_H S_H, \\ \frac{dE_H}{dt} &= \frac{\beta_H b_M I_M}{N_H} S_H - \alpha E_H - \left(\sigma_H + \mu_H\right) E_H, \\ \frac{dI_{AH}}{dt} &= \varepsilon_H \sigma_H E_H - \alpha I_{AH} - \left(\gamma_{AH} + \mu_H\right) I_{AH}, \\ \frac{dI_{SH}}{dt} &= \left(1 - \varepsilon_H\right) \sigma_H E_H - \alpha I_{SH} - \left(\gamma_{SH} + \mu_H\right) I_{SH}, \\ \frac{dR_H}{dt} &= \gamma_{AH} I_{AH} + \gamma_{SH} I_{SH} - \alpha R_H - \mu_H R_H, \\ \frac{dS_M}{dt} &= \pi_M - \beta_M b_M \left[\frac{I_{AH} + I_{SH}}{N_H}\right] S_M - \mu_M S_M, \\ \frac{dE_M}{dt} &= \beta_M b_M \left[\frac{I_{AH} + I_{SH}}{N_H}\right] S_M - \left(\sigma_M + \mu_M\right) E_M, \\ \frac{dI_M}{dt} &= \sigma_M E_M - \mu_M I_M, \end{split}$$

<u></u>	
<u>Variable</u>	<u>Description</u>
S_J, S_A, S_S	Population d'humains juvéniles, adultes et seniors susceptibles
E_J, E_A, E_S	Population d'humains juvéniles, adultes et seniors exposés
I_{AJ} , I_{SJ}	Population d'humains juvéniles asymptomatiques et symptomatiques
I_{AA}, I_{SA}	Population d'humains adultes asymptomatiques et symptomatiques
I_{AS}, I_{SS}	Population d'humains seniors asymptomatiques et symptomatiques
R_I, R_A, R_S	Population d'humains juvéniles, adultes et seniors récupérés
S_M	Population de moustiques sensibles
E_M	Population de moustiques exposés
I_M	Population de moustiques infectieux
π_I	Taux de natalité des jeunes humains
π_M	Taux de natalité des moustiques
α, ξ	Taux de maturation juvénile et adulte
$\beta_J, \beta_A, \beta_S$	Taux de transmission par contact pour les juvéniles, adultes et seniors susceptibles
eta_M	Taux de transmission par contact pour les moustiques susceptibles
$b_{\!M}$	Taux de piqûre des moustiques
μ_J, μ_A, μ_S	Taux de mortalité naturelle des humains juvéniles, adultes et seniors
μ_M	Taux de mortalité naturelle des moustiques
$\varepsilon_{J}, \varepsilon_{A}, \varepsilon_{S}$	Fraction d'humains exposés devenant asymptomatiques et symptomatiques
$\sigma_J, \sigma_A, \sigma_S$	Taux de progression des humains juvéniles, adultes et seniors exposés

γ_{AJ} ,	γ_{SJ}
γ_{AA}	γ_{SA}
γ_{AS} ,	γ_{SS}
σ_{M}	

Taux de guérison des humains juvéniles asymptomatiques et symptomatiques Taux de guérison des humains adultes asymptomatiques et symptomatiques Taux de guérison des personnes âgées asymptomatiques et symptomatiques Taux de progression des moustiques exposés

• Conditions initiales utilisées dans le modèle structuré par âge

$$S_{J}(0) = 1130$$
 $E_{J}(0) = 123$ $I_{AJ}(0) = 84$ $I_{SJ}(0) = 211$ $R_{J}(0) = 0$
 $S_{A}(0) = 2196$ $E_{A}(0) = 264$ $I_{AA}(0) = 351$ $I_{SA}(0) = 1404$ $R_{A}(0) = 0$
 $S_{S}(0) = 300$ $E_{S}(0) = 224$ $I_{AS}(0) = 75$ $I_{SS}(0) = 298$ $R_{S}(0) = 0$
 $S_{M}(0) = 500$ $E_{M}(0) = 100$ $I_{M}(0) = 250$.

• Conditions initiales utilisées dans le modèle sans structure par âge

$$S_H(0) = 3623$$
 $E_H(0) = 611$ $I_{AH}(0) = 510$ $I_{SH}(0) = 1913$ $R_H(0) = 0$ $S_M(0) = 500$ $E_M(0) = 100$ $I_M(0) = 250$.

Valeurs des paramètres des modèles avec et sans structure par âge

π_{J}	400/(15*365)	$\varepsilon_{J}, \varepsilon_{A}, \varepsilon_{S}, \varepsilon_{H}$	0.155
α	1/(16*365)	σ_A, σ_H	1/(2*3)
		σ_J, σ_S	1/3
ξ	1/(50*365)	γ_{AJ},γ_{SJ}	1/(1.5*4.5)
$\beta_J, \beta_A, \beta_S, \beta_H$	0.24	γ_{AA} , γ_{SA}	1/(4.5)
$b_{\!M}$	0.25	γ_{AS} , γ_{SS}	1/(2.5*4.5)
		γ_{AH} , γ_{SH}	1/(4.5)
μ_J	1/(3*365)	π_M	500*0.1675
μ_A	1/(40*365)	eta_M	0.24
$\mu_{ m S}$	1/(70*365)	σ_{M}	1/3.5
,,,		μ_M	1/14
μ_H	1/(70*365)		

Code Python

4

8

9

10

13 14

15

16 17

18

19 20

21

22

23

2425

26

27

```
import scipy.integrate as integr
import matplotlib.pyplot as plt
import numpy as np
##RESOLUTION DU SDNL POUR MODÈLE AVEC STRUCTURE PAR AGE
def
F(Y,T,piJ,piM,alpha,ksi,betaJ,betaA,betaS,betaM,bM,nuJ,nuA,nuS,nuM,epsilonJ,epsilonA,epsilon
S, sigmaJ, sigmaA, sigmaS, gammaAJ, gammaSJ, gammaAA, gammaSA, gammaAS, gammaSS) :
    Si, Ei, Iai, Isi, Ri, Sa, Ea, Iaa, Isa, Ra, Ss, Es, Ias, Iss, Rs, Sm, Em, Im = Y
    Nh= Sj + Ej + Iaj + Isj + Rj + Sa + Ea + Iaa + Isa + Ra + Ss + Es + Ias + Iss + Rs
    dSi dt= piJ - (betaJ*bM*Im*Si)/(Nh) -alpha*Si - nuJ*Si
    dEi dt = (betaJ*bM*Si*Im)/(Nh) - alpha*Ei - (sigmaJ + nuJ)*Ei
    dIaj dt = epsilonJ*sigmaJ*Ej - alpha*Iaj - (gammaAJ + nuJ)*Iaj
    dIsj dt= (1-epsilonJ)*sigmaJ*Ej - alpha*Isj - (gammaSJ+nuJ)*Isj
    dRj dt= gammaAJ*Iaj + gammaSJ*Isj - alpha*Rj - nuJ*Rj
    dSa dt= alpha*Si - (betaA*bM*Sa*Im)/(Nh) - ksi*Sa - nuA*Sa
    dEa dt= alpha*Ej + (betaA*bM*Sa*Im)/(Nh) - ksi*Ea - (sigmaA + nuA)*Ea
    dIaa dt= alpha*Iaj + epsilonA*sigmaA*Ea - ksi*Iaa - (gammaAA+ nuA)*Iaa
    dIsa dt = alpha*Isj + (1-epsilonA)*sigmaA*Ea - ksi*Isa - (gammaSA + nuA)*Isa
    dRa dt = alpha*Ri + gammaAA*Iaa + gammaSA*Isa - ksi*Ra - nuA*Ra
    dSs dt = ksi*Sa - (betaS*bM*Ss*Im)/(Nh)-nuS*Ss
    dEs dt = ksi*Ea + (betaS*bM*Ss*Im)/(Nh) - (sigmaS+nuS)*Es
    dIas dt = ksi*Iaa + epsilonS*sigmaS*Es - (gammaAS+nuS)*Ias
    dIss dt = ksi*Isa + (1- epsilonS)*sigmaS*Es - (gammaSS + nuS)*Iss
    dRs dt= ksi*Ra + gammaAS*Ias + gammaSS*Iss - nuS*Rs
    dSm dt= piM - (betaM*bM*(Iaj+Isj+Iaa+Isa+Ias+Iss)*Sm)/(Nh) - nuM*Sm
    dEm dt= (betaM*bM*(Iaj+Isj+Iaa+Isa+Ias+Iss)*Sm)/(Nh) - (sigmaM + nuM)*Em
    dIm dt = sigmaM*Em - nuM*Im
```

Annexe 5 Code Python

```
return([dSj dt,dEj dt,dIaj dt,dIsj dt,dRj dt,dSa dt,dEa dt,dIaa dt,dIsa dt,dRa dt,dSs dt
29
    ,dEs dt,dIas dt,dIss dt,dRs dt,dSm dt,dEm dt,dIm dt])
30
31
32
    piJ=400/(15*365) #taux de natalité juvéniles
    alpha=1/(16*365) #taux de maturation des juvéniles
33
    ksi=1/(50*365) #taux de maturation des adultes
34
35
    betaJ=0.24 #taux transmission juvéniles
36
    betaA=0.24 #taux transmission adultes
    betaS=0.24 #taux transmission seniors
37
38
    bM=0.25 #taux de piqures des moustiques
    nuJ=1/(3*365) #taux de mortalité juvéniles
39
    nuA=1/(40*365) #taux de mortalité adultes
40
41
    nuS= 1/(70*365) #taux de mortalité seniors
    epsilonJ=0.155 #fraction juvéniles exposé devenant asymptomatique
42
    epsilonA=0.155 #fraction adultes exposé devenant asymptomatique
43
    epsilonS=0.155 #fraction seniors exposé devenant asymptomatique
44
    sigmaJ=1/(2*3) #taux progression juvéniles exposés
45
46
    sigmaS=1/(2*3) #taux progression seniors exposés
    sigmaA=1/3 #taux progression adultes exposés
47
    gammaAJ=1/(1.5*4.5) #taux guérison juvéniles asymptomatiques
48
49
    gammaSJ=1/(1.5*4.5) #taux guérison juvéniles symptomatiques
50
    gammaAA=1/(4.5) #taux guérison adultes asymptomatiques
51
    gammaSA=1/(4.5) #taux guérison adultes symptomatiques
52
    gammaAS=1/(2.5*4.5) #taux guérison seniors asymptomatiques
    gammaSS=1/(2.5*4.5) #taux quérison seniors symptomatiques
53
    piM=500*0.1675 #nombre de naissance moustiques par jour
54
    betaM=0.24 #taux transmission moustiques
55
56
    sigmaM=1/3.5 #taux progression moustiques exposés
    nuM=1/14 #taux mortalité moustiques
57
```

Annexe 5 Code Python

```
#CONDITION INITIALES HOMMES à t=0
59
60
    Sj0=1130 #susceptibles juvéniles
    Sa0=2196 #susceptibles adultes
61
    Ss0=300 #susceptibles seniors
62
    Ej0=123 #exposés juvéniles
63
64
    Ea0=264 #exposés adultes
65
    Es0=224 #exposés seniors
66
    Isj0=211 #infecté symptomatiques juvéniles
67
    Iaj0=84 #infectés asymptomatique juvéniles
    Iaa0=351 #infectés asymptomatique adultes
68
69
    Isa0=1404 #infectés symptomatiques adultes
    Ias0=75 #infecté asymptomatique seniors
70
71
    Iss0=298 #infecté symptomatiques seniors
72
    Rj0=0 #rétablis juvéniles
73
    Ra0=0 #rétablis adultes
74
    Rs0=0 #rétablis seniors
75
76
    #CONDITIONS INITIALES MOUSTIQUES à t=0
77
    Sm0=500 #susceptibles
78
    Em0=100 #exposé
    Im0=250 #infectés
79
80
81
    #étude sur 50 jours avec dt=0,001
82
    T = np.arange(0,50,0.001)
    #résolution du modèle
83
84
    X = integr.odeint(F,
    [Sj0,Ej0,Iaj0,Isj0,Rj0,Sa0,Ea0,Iaa0,Isa0,Ra0,Ss0,Es0,Ias0,Iss0,Rs0,Sm0,Em0,Im0],T,args=(piJ,
    piM, alpha, ksi, betaJ, betaA, betaS, betaM, bM, nuJ, nuA, nuS, nuM, epsilonJ, epsilonA, epsilonS, sigmaJ, s
    igmaA, sigmaS, gammaAJ, gammaSJ, gammaAA, gammaSA, gammaAS, gammaSS))
```

```
#résolution avec la stratégie de réduction du nombre de moustiques: faible efficacité
87
88
     muM = 1/21
     piM=500*0.32
89
90
     XLOW = integr.odeint(F,
     [Sj0,Ej0,Iaj0,Isj0,Rj0,Sa0,Ea0,Iaa0,Isa0,Ra0,Ss0,Es0,Ias0,Iss0,Rs0,Sm0,Em0,Im0], T, args=(piJ,
     piM, alpha, ksi, betaJ, betaA, betaS, betaM, bM, nuJ, nuA, nuS, nuM, epsilonJ, epsilonA, epsilonS, sigmaJ, s
     igmaA, sigmaS, gammaAJ, gammaSJ, gammaAA, gammaSA, gammaAS, gammaSS))
91
92
     #résolution avec la stratégie de réduction du nombre de moustiques: haute efficacité
93
     muM=1/7
94
     piM=500*0.015
95
     XHigh = integr.odeint(F,
     [Sj0, Ej0, Iaj0, Isj0, Rj0, Sa0, Ea0, Iaa0, Isa0, Ra0, Ss0, Es0, Ias0, Iss0, Rs0, Sm0, Em0, Im0], T, args=(piJ,
     piM, alpha, ksi, betaJ, betaA, betaS, betaM, bM, nuJ, nuA, nuS, nuM, epsilonJ, epsilonA, epsilonS, sigmaJ, s
     igmaA, sigmaS, gammaAJ, gammaSJ, gammaAA, gammaSA, gammaAS, gammaSS))
96
     #résolution avec la stratégie de protection personnelle: faible efficacité
97
98
     piM=500*0.1675
     muM=1/14
99
100
     betaH=0.54
101
     betaM=0.54
102
     YLow = integr.odeint(F,
     [Sj0,Ej0,Iaj0,Isj0,Rj0,Sa0,Ea0,Iaa0,Isa0,Ra0,Ss0,Es0,Ias0,Iss0,Rs0,Sm0,Em0,Im0],T,args=(piJ,
     piM, alpha, ksi, betaJ, betaA, betaS, betaM, bM, nuJ, nuA, nuS, nuM, epsilonJ, epsilonA, epsilonS, sigmaJ, s
     igmaA, sigmaS, gammaAJ, gammaSJ, gammaAA, gammaSA, gammaAS, gammaSS))
103
104
105
     #résolution avec la stratégie de protection personnelle: haute efficacité
106
     betaH=0.15
107
     betaM=0.15
108
     YHigh = integr.odeint(F,
```

```
[Si0, Ei0, Iai0, Isi0, Ri0, Sa0, Ea0, Iaa0, Isa0, Ra0, Ss0, Es0, Ias0, Iss0, Rs0, Sm0, Em0, Im0], T, args=(piJ,
     piM, alpha, ksi, betaJ, betaA, betaS, betaM, bM, nuJ, nuA, nuS, nuM, epsilonJ, epsilonA, epsilonS, sigmaJ, s
      igmaA, sigmaS, gammaAJ, gammaSJ, gammaAA, gammaSA, gammaAS, gammaSS))
109
     #TRACÉS COURBES HOMMES
110
     plt.plot(T,X[:,0],label="Sj(t)")
111
112
     plt.plot(T,X[:,1],label="Ej(t)")
     plt.plot(T,X[:,2],label="Iaj(t)")
113
114
     plt.plot(T,X[:,3],label="Isj(t)")
     plt.plot(T,X[:,4],label="Rj(t)")
115
116
     plt.plot(T,X[:,5],label="Sa(t)")
     plt.plot(T,X[:,6],label="Ea(t)")
117
118
     plt.plot(T,X[:,7],label="Iaa(t)")
     plt.plot(T,X[:,8],label="Isa(t)")
119
120
     plt.plot(T,X[:,9],label="Ra(t)")
     plt.plot(T,X[:,10],label="Ss(t)")
121
122
     plt.plot(T,X[:,11],label="Es(t)")
123
     plt.plot(T, X[:, 12], label="Ias(t)")
     plt.plot(T,X[:,13],label="Iss(t)")
124
     plt.plot(T,X[:,14],label="Rs(t)")
125
126
     plt.plot(T, [X[k,0]+X[k,1]+X[k,2]+X[k,3]+X[k,4]+X[k,5]+X[k,6]+X[k,7]+X[k,8]+X[k,9]+X[k,10]
     +X[k,11]+X[k,12]+X[k,13]+X[k,14] for k in range(len(X[:,0]))], label="Nh(t)")
127
     #TRACÉS COURBES MOUSTIQUES
128
129
     plt.plot(T,X[:,15],label="Sm(t)")
     plt.plot(T,X[:,16],label="Em(t)")
130
131
     plt.plot(T,X[:,17],label="Im(t)")
     plt.plot(T, [X[k, 15] + X[k, 16] + X[k, 17]  for k in range(len(X[:,15]))], label="Nm(t)")
132
```

```
134
     #TRACÉS COURBES CONTROLE
     plt.plot(T,-XHigh[:,0]+Sj0,label="Nouveaux Cas J HE")
135
136
     plt.plot(T,-XLOW[:,0]+Sj0,label="Nouveaux Cas J FE")
     plt.plot(T,-X[:,0]+Sj0,label="Nouveaux Cas J ME")
137
138
     plt.plot(T,-YLow[:,0]+Sj0,label="Nouveaux Cas J FE")
     plt.plot(T,-YHigh[:,0]+ Si0,label="Nouveaux Cas J HE")
139
140
     plt.grid
141
142
     plt.legend()
143
     plt.xlabel('Jours')
144
     plt.show()
145
     ##RESOLUTION DU SDNL POUR MODÈLE SANS STRUCTURE PAR AGE
146
     def F(Y,T,piH,piM,alpha,betaH,bM,betaM,muM,muH,epsilonH,sigmaM,sigmaH,gammaAH,gammaSH) :
147
148
         Sh, Eh, Iah, Ish, Rh, Sm, Em, Im = Y
         Nh = Sh + Eh + Iah + Ish + Rh
149
150
         dSh dt= piH - (betaH*bM*Im*Sh)/(Nh) -alpha*Sh - muH*Sh
151
152
         dEh dt = (betaH*bM*Im*Sh)/(Nh) - alpha*Eh - (sigmaH + muH)*Eh
         dIah dt = epsilonH*sigmaH*Eh - alpha*Iah - (gammaAH + muH)*Iah
153
154
         dIsh dt = (1-epsilonH)*sigmaH*Eh - alpha*Ish - (gammaSH + muH)*Ish
155
         dRh dt = gammaAH*Iah + gammaSH*Ish - alpha*Rh - muH*Rh
156
         dSm dt = piM - (betaM*bM*(Iah+Ish)*Sm)/(Nh) - muM*Sm
         dEm dt = (betaM*bM*(Iah+Ish)*Sm)/(Nh) - (sigmaM + muM)*Em
157
158
         dIm dt = sigmaM*Em - muM*Im
159
160
         return([dSh dt,dEh dt,dIah dt,dIsh dt,dRh dt,dSm dt,dEm dt,dIm dt])
161
162
     #CONDITION INITIALES HOMMES à t=0
163
     Sh0=3623 #susceptibles
164
     Eh0=611 #exposé
```

```
165
     Iah0=510 #infecté asymptomatique
     Ish0=1913 #infecté symptomatique
166
167
     Rh0=0 #rétablis
168
169
     #CONDITIONS INITIALES MOUSTIOUES à t=0
170
     Sm0=500 #susceptibles
171
     Em0=100 #exposés
172
     Im0=250 #infectés
173
174
     piH=400/(15*365) #nombre de naissance humains par jour
175
     piM=500*0.1675 #nombre de naissance moustiques par jour
176
     alpha=1/(16*365) #taux de maturation
     betaH=0.24 #taux transmission hommes
177
     betaM=0.24 #taux transmission moustiques
178
179
     bM=0.25 #taux pigures moustiques
180
     muM=1/(14) #taux mortalité moustiques
181
     muH=1/(70*365) #taux mortalité hommes
     epsilonH=0.155 #fraction humain exposé devenant asymptomatique
182
183
     sigmaM=1/(3.5) #taux progression moustiques exposés
184
     sigmaH=1/(3) #taux progression humains exposés
185
     gammaAH=1/(4.5) #taux guérison humains asymptomatiques
186
     gammaSH=1/(4.5) #taux quérison humains symptomatiques
187
188
189
     #étude sur 50 jours avec dt=0,001
190
     T = np.arange(0,50,0.001)
     #resolution du modèle
191
192
     X = integr.odeint(F,
     [Sh0, Eh0, Iah0, Ish0, Rh0, Sm0, Em0, Im0], T, args=(piH, piM, alpha, betaH, betaM, bM, muM, muH, epsilonH, si
     gmaM, sigmaH, gammaAH, gammaSH))
```

```
#résolution avec la stratégie de réduction du nombre de moustiques: faible efficacité
194
195
     muM = 1/21
     piM=500*0.32
196
197
     XLOW = integr.odeint(F,
     [Sh0, Eh0, Iah0, Ish0, Rh0, Sm0, Em0, Im0], T, args=(piH, piM, alpha, betaH, betaM, bM, muM, muH, epsilonH, si
     gmaM, sigmaH, gammaAH, gammaSH))
198
     #résolution avec la stratégie de réduction du nombre de moustigues: haute efficacité
199
200
     muM=1/7
201
     piM=500*0.015
     XHigh = integr.odeint(F,
202
     [Sh0,Eh0,Iah0,Ish0,Rh0,Sm0,Em0,Im0],T,args=(piH,piM,alpha,betaH,betaM,bM,muM,muH,epsilonH,si
     gmaM, sigmaH, gammaAH, gammaSH))
203
     #résolution avec la stratégie de protection personnelle: faible efficacité
204
205
     piM=500*0.1675
206
     muM=1/14
     betaH=0.54
207
208
     betaM=0.54
     YLow = integr.odeint(F,
209
210
     [Sh0, Eh0, Iah0, Ish0, Rh0, Sm0, Em0, Im0], T, args=(piH, piM, alpha, betaH, betaM, bM, muM, muH, epsilonH, si
     gmaM, sigmaH, gammaAH, gammaSH))
211
212
     #résolution avec la stratégie de protection personnelle: haute efficacité
213
     piM=500*0.1675
214
     muM=1/14
215
     betaH=0.15
216
     betaM=0.15
     YHigh = integr.odeint(F,
217
     [Sh0, Eh0, Iah0, Ish0, Rh0, Sm0, Em0, Im0], T, args=(piH, piM, alpha, betaH, betaM, bM, muM, muH, epsilonH, si
```

```
#TRACES DES COURBES HOMMES
220
221
     plt.plot(T,X[:,0],label="Sh(t)")
222
     plt.plot(T,X[:,1],label="Eh(t)")
223
     plt.plot(T,X[:,2],label="Iah(t)")
224
     plt.plot(T,X[:,3],label="Ish(t)")
     plt.plot(T,X[:,4],label="Rh(t)")
225
226
227
228
     #TRACÉS DES COURBES MOUSTIQUES
229
     plt.plot(T,X[:,5],label="Sm(t)")
230
     plt.plot(T,X[:,6],label="Em(t)")
     plt.plot(T,X[:,7],label="Im(t)")
231
232
     plt.plot(T, [X[k,0]+X[k,1]+X[k,2]+X[k,3]+X[k,4] for k in range(len(X[:,0]))], label="Nh(t)")
233
     plt.plot(T,[X[k,5]+X[k,6]+X[k,7] for k in range(len(X[:,5]))],label="Nm(t)")
234
235
     #TRACÉS COURBES CONTROLE
236
     plt.plot(T,-XHigh[:,0]+Sh0,label="Nouveaux cas H HE")
237
     plt.plot(T,-XLOW[:,0]+Sh0,label="Nouveaux cas H FE")
     plt.plot(T,-X[:,0]+Sh0,label="Nouveaux cas H ME")
238
239
     plt.plot(T,-YLow[:,0]+Sh0,label="Nouveaux Cas H FE")
     plt.plot(T,-YHigh[:,0]+Sh0,label="Nouveaux Cas H HE")
240
241
     plt.legend()
242
     plt.xlabel('Jours')
243
     plt.show()
244
245
246
     ##RESOLUTION DU SDNL POUR MODÈLE SEIR
     beta = 0.02 #taux de transmission
247
248
     qamma = 1/(4.5) #taux de quérison
     alpha = 1/(3) #taux d'incubation
249
250
     nu = 1/(70*365) #taux de mortalité
```

Annexe 5 Code Python

```
251
    \square mu = 400/(15*365) #taux de natalité
252
    dt = 0.001 \#pas de temps
253
    N t = int(50/dt)
254
     t = np.arange(0,50,dt) #np.arange(a,b,dt)
255
    #CONDITIONS INITIALES à t=0
256
257
     S = zeros(N t)
258
    E = zeros(N t)
259
    I = zeros(N t)
260
    R = zeros(N t)
261
    N = S + E + I + R
262
    S[0] = 0.53 \#=3623/6657
263
     E[0] = 0.09 \#=611/6657
264
     I[0] = 0.38 \#=510+1923/6657
265
     R[0] = 0
266
267
     for n in range(N t-1):
268
         S[n+1] = S[n] - dt*beta*S[n]*I[n] + dt*mu*N[n] - dt*nu*S[n]
         E[n+1] = E[n] + dt*beta*S[n]*I[n] - dt*alpha*E[n] - dt*nu*E[n]
269
270
         I[n+1] = I[n] + dt*alpha*E[n] - dt*gamma*I[n] - dt*nu*I[n]
271
         R[n+1] = R[n] + dt*qamma*I[n] - dt*nu*R[n]
272
273
274
     fig = plt.figure()
275
     l1, l2, l3, l4 = plt.plot(t, S, t, E, t, I, t, R)
276
     fig.legend((l1, l2, l3,l4), ('S','E', 'I', 'R'))
277
     plt.xlabel('jours')
278
     plt.show()
```

Annexe 5 Code Python

```
##RESOLUTION DU SDNL POUR MODELE SEI MOUSTIQUES
280
     beta = 0.17
281
282
     qamma = 0
     alpha = 1/(3.5)
283
     nu = 1/(14)
284
285
     mu = 0.10375
     dt = 0.001
286
     N t = int(50/dt)
287
     t = np.arange(0,50,dt) #np.arange(a,b,dt)
288
289
     #CONDITIONS INITIALES
290
     S = zeros(N t)
291
292
     E = zeros(N t)
     I = zeros(N t)
293
     R = zeros(N t)
294
     N = S + E + I + R
295
     S[0] = 10/17 \#=250/850
296
     E[0] = 2/17 \#=100/850
297
     I[0] = 5/17 \#=500/850
298
299
     R[0] = 0
300
     for n in range(N t-1):
301
         S[n+1] = S[n] - dt*beta*S[n]*I[n] + dt*mu*N[n] - dt*nu*S[n]
302
303
         E[n+1] = E[n] + dt*beta*S[n]*I[n] - dt*alpha*E[n] - dt*nu*E[n]
         I[n+1] = I[n] + dt*alpha*E[n] - dt*gamma*I[n] - dt*nu*I[n]
304
         R[n+1] = R[n] + dt*qamma*I[n] - dt*nu*R[n]
305
306
307
     fig = plt.figure()
308
     l1, l2, l3, l4 = plt.plot(t, S, t, E, t, I, t, R)
309
     fig.legend((l1, l2, l3,l4), ('S', 'E', 'I', 'R'))
310
     plt.xlabel('jours')
311
312
     plt.show()
```