Modèle spatio-temporel pour la propagation de Xylella fastidiosa à l'échelle supra-régionale

Y. Fernandez, C. Bruchou, O. Martin, S. Soubeyrand

INRA - BIOSP

Paris, 14 Mars 2017

PROBLÉMATIQUE

Création d'un modèle épidémiologique pour prévenir l'expansion de X. fastidiosa en prenant en compte:

- Aspects géographiques ou climatiques
- Possible distribution spatiale et temporelle des vecteurs de la maladie
- Exploration des effets que la commercialisation de plantes peut avoir sur la propagation de la maladie

PROBLÉMATIQUE

Création d'un modèle épidémiologique pour prévenir l'expansion de X. fastidiosa en prenant en compte:

- Aspects géographiques ou climatiques
- Possible distribution spatiale et temporelle des vecteurs de la maladie
- Exploration des effets que la commercialisation de plantes peut avoir sur la propagation de la maladie

Evaluation des stratégies de lutte sur le moyen et ou long terme:

- Création de zones tampon
- Destruction de plantes potentiellement infectées sur certaines zones

Modèle Proposé

Sous-modèle insectes vecteurs

- Période d'activité
- Distribution spatiale
- Diffusion
- Dynamique avec la bactérie X. fastidiosa

Bibliographie étudiée sur le mouvement d'insectes

Bibliographie étudiée sur la maladie de Pierce

Sous-modèle plantes hôtes

- Distribution spatiale
- Transport ou commercialisation
- Dynamique avec la bactérie X. fastidiosa

Cartes d'occupation du territore

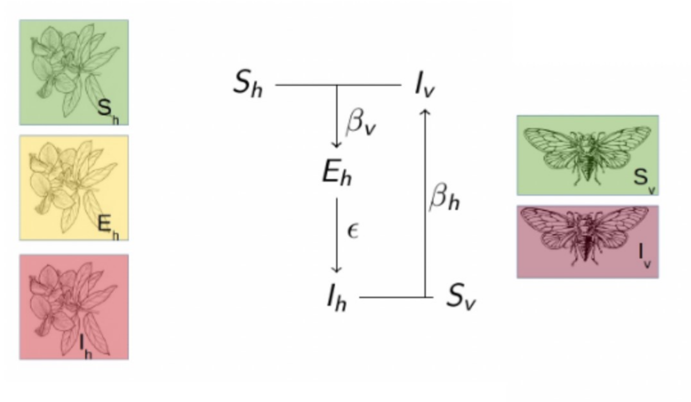
- Zones urbaines et rurales
- Distribution spatiale de cultures à risque

Localisation de foyers d'infection

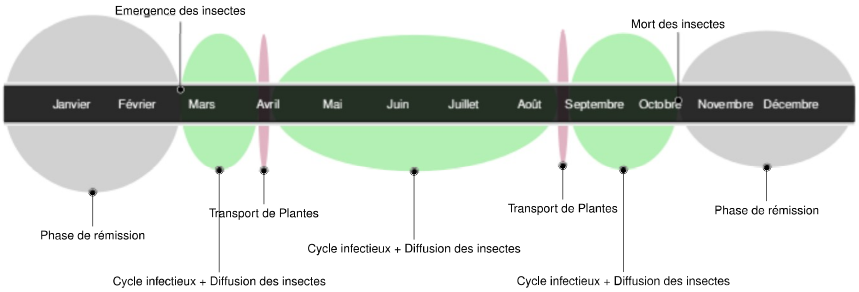
Données économiques sur l'industrie horticole

Bibliographie étudiée sur la maladie de Pierce

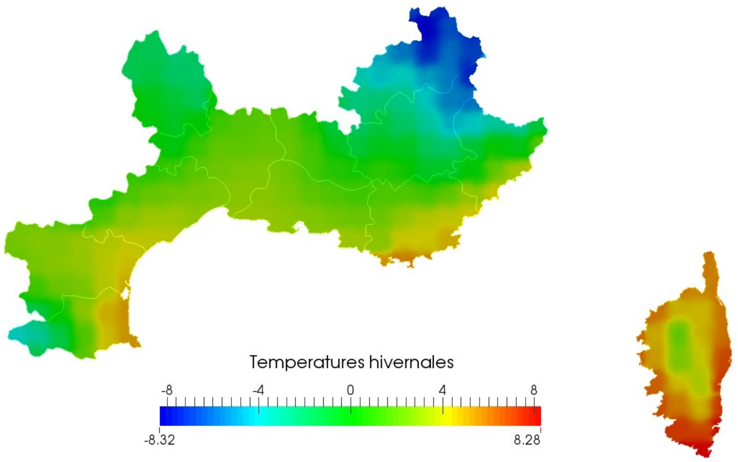
CYCLE INFÉCTIEUX



CYCLE ANNUEL DU MODÈLE



Phase de rémission



Le modèle en équations

$$\frac{\partial S_h}{\partial t} = -\beta_v S_h I_v$$
$$\frac{\partial E_h}{\partial t} = \beta_v S_h I_v - \epsilon_h E_h$$
$$\frac{\partial I_h}{\partial t} = \epsilon_h E_h$$
$$\frac{\partial S_v}{\partial t} = D\nabla^2 S_v - \beta_h S_v I_h$$
$$\frac{\partial I_v}{\partial t} = D\nabla^2 I_v + \beta_h S_v I_h$$

$$S_h(\mathbf{x}, 0) = S_{h0}(\mathbf{x})$$
$$E_h(\mathbf{x}, 0) = I_h(\mathbf{x}, 0) = \begin{cases} f(\mathbf{x}) & \text{if } \mathbf{x} \in \text{Corse}, \\ 0 & \text{if } \mathbf{x} \notin \text{Corse}. \end{cases}$$
$$S_v(\mathbf{x}, 0) = S_{v0}(\mathbf{x})$$
$$I_v(\mathbf{x}, 0) = 0$$
$$\frac{\partial S_v}{\partial n} = \frac{\partial I_v}{\partial n} = 0, \text{ sur } \Gamma$$

dans Ω, Ω = Languedoc-Roussillon $\cup$PACA $\cup$ Corse

S_h, densité de plantes hôtes susceptibles

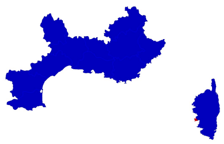
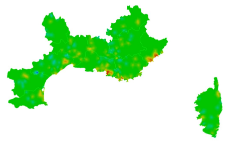
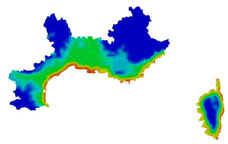
E_h, densité de plantes hôtes exposées

I_h, densité de plantes hôtes infectées

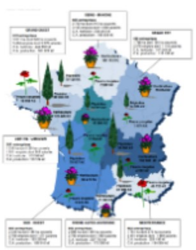
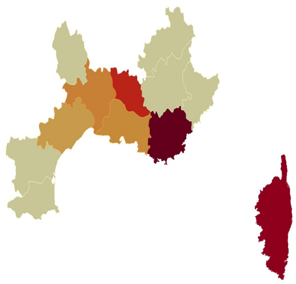
S_v, densité d'insectes vecteurs susceptibles

I_v, densité d'insectes vecteurs infectés

Conditions Initiales

Plantes Infectées et Exposées	Plantes Susceptibles	Insectes susceptibles
		

Transport de plantes

Données FranceAgriMer	Fonction constante par département	Modélisation du transport
		• Données économiques sur l'industrie horticole • Données sur la destination des ventes des pépiniéristes Comment prendre en compte ces données? • Noyau de dispersion

Noyau de dispersion et sa paramétrisation

Noyau exponentiel

$$g(r) = \frac{1}{2\pi a^2} exp\left(-\frac{r}{a}\right)$$

Utilisation des données *FranceAgriMer* pour sa paramétrisation

$$\int_0^{2\pi}\int_0^{10} \frac{1}{2\pi a_1^2} exp\left(-\frac{r}{a_1}\right) dA + \int_0^{2\pi}\int_{10}^{200} \frac{1}{2\pi a_2^2} exp\left(-\frac{r}{a_2}\right) dA + \int_0^{2\pi}\int_{200}^{+\infty} \frac{1}{2\pi a_3^2} exp\left(-\frac{r}{a_3}\right) dA = 1$$

Pour un point i donné du domaine d'étude, la quantité de plantes susceptibles transportées d'un point j du domaine vers ce point i:

$$S_h^{ji,transport} = \frac{1}{2\pi a_{ji}^2} exp\left(-\frac{r_{ji}}{a_{ji}}\right) S_h^j Ventes_{dep.j}$$

$$S_h^{i,transport} = \sum_{j=1}^{\infty} \frac{1}{2\pi a_{ji}^2} exp\left(-\frac{r_{ji}}{a_{ji}}\right) S_h^j Ventes_{dep.j}$$

Résolution numérique

On considère les phénomènes d'infection et de diffusion séparément. En utilisant la méthode d'*Operator Splitting*, on réécrit les équations du modèle:

$$\frac{\partial u}{\partial t} = T_R + T_D$$
$$u = \{S_h, E_h, I_h, S_v, I_v\}$$

On considère un pas de temps t^n en deux sous-étapes:

- Sous-étape de réaction (infection):

$$\frac{du^*}{dt} = T_R(u^*) \qquad \text{sur } (t^n, t^{n+1}) \text{ avec } u^*(t^n) = u^n$$
$$u^* = \{S_h, E_h, I_h, S_v^*, I_v^*\} \tag{1}$$

- Sous-étape de diffusion des insectes:

$$\frac{\partial u^{**}}{\partial t} = T_D(u^{**}) \qquad \text{sur } (t^n, t^{n+1}) \text{ avec } u^{**}(t^n) = u^*(t^{n+1})$$
$$u^{**} = \{S_v, I_v\}$$

$$u(t^{n+1}) = \{S_h, E_h, I_h, u^{**}(t_n + 1)\} \tag{2}$$

Termes de réaction

Pour un temps t^n donné et un nœud du maillage donné:

$$N_{plantes} = S_h + E_h + I_h$$

$$N_{insectes} = S_v + I_v$$

On peut réécrire la partie réaction du modèle comme un système d'EDO:

$$\frac{dS_h}{dt} = -\beta_v S_h (N_{insectes} - S_v)$$

$$\frac{dI_h}{dt} = \epsilon (N_{plantes} - S_h - I_h)$$

$$\frac{dS_v}{dt} = -\beta_h S_v I_h$$

Termes de réaction. Schéma implicite

Système d'équations non linéaires:

$$\frac{S_h^{n+1} - S_h^n}{\Delta t} = -\beta_v S_h^{n+1}(N_{insectes} - S_v^{*,n+1})$$

$$\frac{I_h^{n+1} - I_h^n}{\Delta t} = \epsilon(N_{plantes} - S_h^{n+1} - I_h^{n+1})$$

$$\frac{S_v^{*,n+1} - S_v^n}{\Delta t} = -\beta_h S_v^{*,n+1} I_h^{n+1}$$

Résolution par une méthode itérative : Méthode de Newton, par exemple

Termes de diffusion. Solution par la méthode des éléments finis

$$\frac{u^{**} - u^*}{\Delta t} - D\nabla^2 u^{**} = 0 \qquad \text{sur } \Omega$$
$$\frac{\partial u^{**}}{\partial n} = 0 \qquad \text{sur } \Gamma$$

Par la méthode des éléments finis, en multipliant par la fonction test v:

$$\int_\Omega u^{**} v - \Delta t \nabla^2 u^{**} v = \int_\Omega u^* v$$

Par la divergence:

$$\int_\Omega u^{**} v - \Delta t \nabla u^{**} \nabla v - \int_\Omega \Delta t \frac{\partial u^{**}}{\partial n} v = \int_\Omega u^* v$$

Comme $\frac{\partial u^{**}}{\partial n} = 0$:

$$\int_\Omega u^{**} v - \Delta t \nabla u^{**} \nabla v - \int_\Omega u^* v = 0$$

DONNÉES DISPONIBLES

Environs 6000 points d'observations :

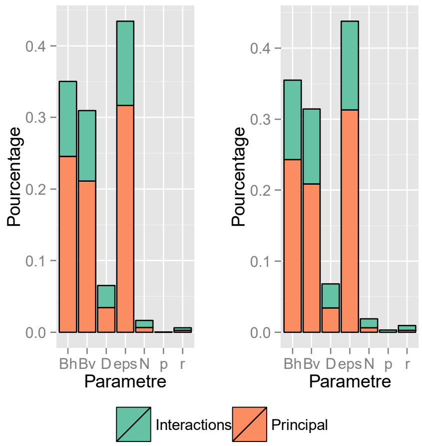
Localisation des résultats positifs et négatifs

Analyse de Sensibilité

Quels sont les paramètres du modèle qui influencent le plus ses sorties (en termes de proportion de plantes infectées)?

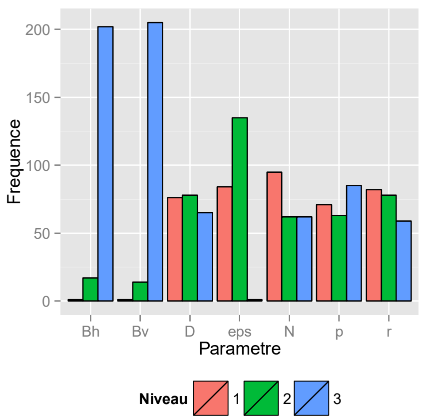
- Analyse de sensibilité des 7 paramètres choisis: $\beta_v, \beta_h, \epsilon, D, r, N, p$
- Calcul des indices de sensibilités sur une analyse de variance
- Les paramètres sont ramenés à des facteurs de 3 niveaux
- Nombre de simulations : $7^3 * 10 = 21870$
- Temps de simulation $\sim$ 9 heures (sur cluster)

RÉSULTATS



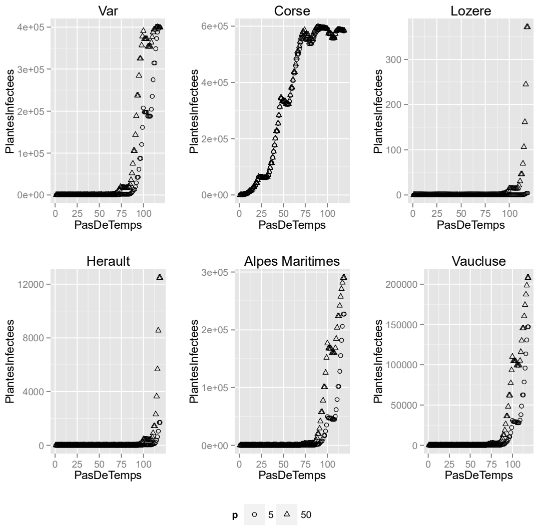
A gauche, 2 niveaux d'interactions, $R^2 = 75\%$. A droite, 4 niveaux d'interactions, $R^2 = 75.9\%$

Résultats



Meilleures vraisemblances par niveau pour chaque paramètre

PERSPECTIVES



Evolution des plantes infectées sur cinq ans