Propagation d'épidémies

La théorie des épidémies fournit de nombreux systèmes d'équations différentielles ou aux dérivées partielles. On a d'autre part une idée intuitive du comportement de cers phénomènes, de la propagation de ces maladies. Y interviennent des phénomènes de contamination, de diffusion... Nous allons ici prendre l'exemple de la diffusion de la rage dans une population de renards, et en présenter quelques modèles assez simples.

Nous verrons le problème sous deux angles différents : d'abord, d'un point de vue global, c'est-à-dire en essayant de modéliser le comportement de l'ensemble d'une population confrontée au problème. Il s'agit de proposer une loi qui régirait la contamination de la population. Suivant la complexité du modèle considéré, on est conduit à l'étude de systèmes différentiels de difficultés diverses. Dans un deuxième temps, nous introduirons une composante spatiale au problème : il s'agira non plus de considérer la population dans son ensemble, mais d'étudier le comportement de l'épidémie en chaque endroit d'un territoire. Pour rester dans un cadre suffisamment simple, on se placera dans un modèle à une seule dimension (une population répartie sur une droite).

1 Étude globale d'une population

1.1 Modèle simple SIR

Dans notre modèle, nous considérons que les individus (les renards) peuvent se trouver dans 3 états différents : il y a des renards sains (S), des renards infectés (I), et des renards morts (R). Pour les plus optimiste, on peut aussi utiliser le modèle qui suit pour étudier une maladie pour laquelle les individus guérissent, et sont alors imunisés : il faut alors les distinguer des individus sains n'ayant jamais contracté la maladie. On peut par exemple supposer qu'il sont immunisés et donc ne peuvent plus être infectés.

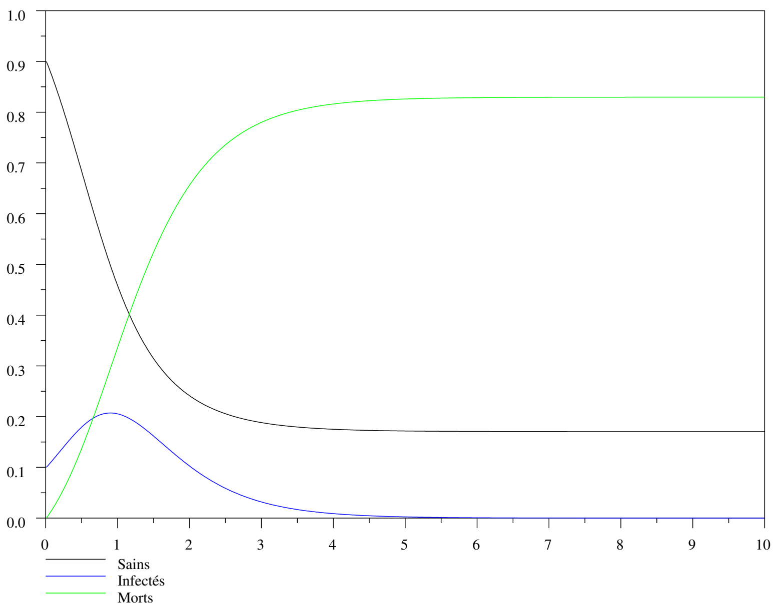
$$\left\{\begin{array}{l} \mathrm{S}' = -r\mathrm{IS} \\ \mathrm{I}' = r\mathrm{IS} - a\mathrm{I} \\ \mathrm{R}' = a\mathrm{I} \end{array}\right.$$

Dans ce modèle, la première équation correspond au phénomène de contamination : lorsque cohabitent des individus sains et des individus infectés, un certain nombre d'individus sains sont infectés. Il est par ailleurs naturel de considérer ce terme comme proportionnel au produit IS, en effet la quantité de microbes dans l'air (donc la probabilité pour un individu sain donné d'être infecté) est proportionnelle à I. Il nous faut ensuite multiplier cette probabilité par le nombre d'individus sains, c'est-à-dire par S.

Pour ce qui est des variations de I, le premier terme correspond aux individus contaminés (qui augmentent I). Le deuxième terme, en $-a$I, correspond aux individus qui meurrent.

Le programme sir (version matlab ou scilab) trace l'évolution des populations S, I et R en fonction du temps. Selon les valeurs des paramètres a et r, les comportements sont complètements différents : si a est trop élevé par exemple, les individus infectés meurrent presque tout de suite et n'ont pas le temps d'en infecter beaucoup d'autres.

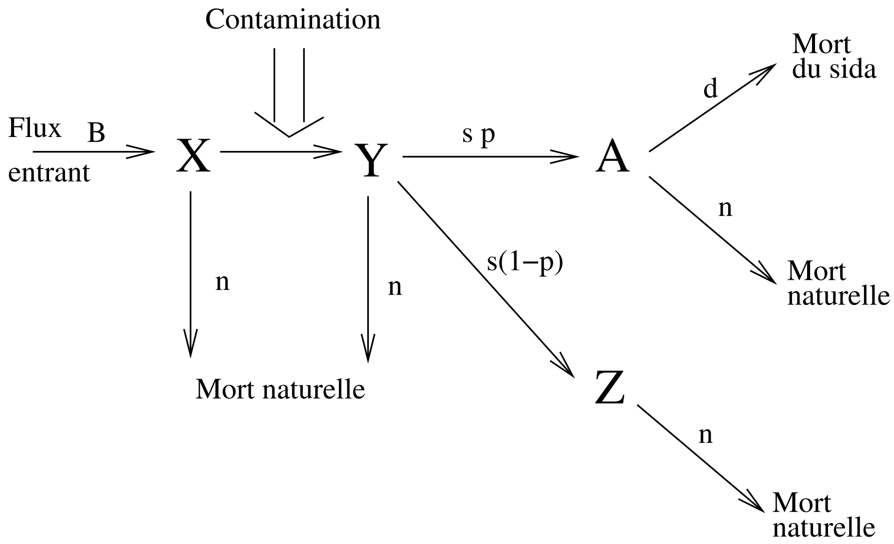
Voici un tracé de l'évolution des populations au cours du temps, effectué avec le programme sir (pour les valeurs $r = 4$ et $a = 2$) :



1.2 D'autres modèles

On peut arriver à de nombreux modèles suivant les hypothèses que l'on fait sur la maladie étudiée. Il sera souvent intéressant de définir plus de catégories de de populations : ainsi, pour des modèles de MST, on différenciera les populations suivant leur sexe, ce qui multiplie le nombre de possibilités par 2. Pour définir le système differentiel, sous-jacent, il est souvent profitable de faire un schéma.

Ainsi, pour étudier une maladie de type sida, on peut par exemple faire un modèle dans lequel on considère quatre groupes de population : les individus sains (X), les individus infectés (Y), les porteurs sains (Z), c'est-à-dire des individus ayant été infectés et désormais immunisés, et enfin les individus malades (A). Dans le schéma suit, les flèches entre les différents états représentent les transitions possibles pour un individu donné, avec les probabilités correspondantes :



En effet, du point de vue de l'étude du sida (et uniquement du sida), un individu donné, quel que soit son état, peut mourir d'autre chose que le sida, c'est ce que l'on range dans "mort naturelle". On considère qu'il y a un taux de mortalité fixe, noté n, ce pour toutes les populations considéréés (sains, infectés, malades ou porteurs sains).

D'autre part, un individu sain (X) peut aussi être contaminé, auquel cas il devient un individu infecté (Y). Un individu infecté peut lui évoluer vers deux stades possibles : malade (A) ou porteur sain (Z). Le nombre s représente la vitesse dévolution de la maladie : plus ce taux est grand, plus les indivudus infectés évoluent vite vers l'un des stades suivants.

Le nombre p, compris entre 0 et 1, représente la probabilité pour que cette évolution se fasse vers l'état de malade. Bien sûr, si p diminue, la quantité de porteurs sains, immunisés contre la maladie, augmente. La maladie est alors moins dangereuse globalement.

Enfin, un malade peut mourir de sa maladie, ce avec un taux de mortalité d considéré comme fixe, alors qu'un porteur sain, immunisé, ne peut plus évoluer du point de vue de cette maladie.

Toutes ces hypothèses conduisent à poser des équations du système de la forme :

$$\left\{\begin{array}{l} \mathrm{X}' = \mathrm{B} - n\mathrm{X} - \lambda_c \mathrm{X} \\ \mathrm{Y}' = \lambda_c \mathrm{X} - (n+s)\,\mathrm{Y} \\ \mathrm{A}' = sp\mathrm{Y} - (d+n)\,\mathrm{A} \\ \mathrm{Z}' = s(1-p)\mathrm{Y} - n\mathrm{Z} \end{array}\right.$$

où $\lambda_c = \dfrac{\beta \mathrm{Y}}{\mathrm{X}+\mathrm{Y}+\mathrm{Z}+\mathrm{A}}$. En effet ce coefficient représente un taux de contamination, qu'il est naturel de relier au rapport $\mathrm{Y}/(\mathrm{X}+\mathrm{Y}+\mathrm{Z}+\mathrm{A})$, probabilité lors d'une rencontre pour que la personne rencontrée soit infectée, donc contaminante.

Bien sûr, ce n'est qu'un modèle parmis beaucoup d'autres, et pas nécessairement le plus réaliste... On s'aperçoit toutefois que le système différentiel obtenu devient rapidement assez compliqué dès que l'on fait intervenir plusieures interactions entre groupes de population.

2 Modèles de diffusion

2.1 Équations du système

On s'intéresse ici à la répartition spatiale des populations saines et infectées, au lieu de les considérer uniquement dans leur totalité. On se place dans un modèle où les individus sains ne bougent pas (ils respectent les territoires de leur voisins), en revanche les malades errent au hasard, ayant perdu la notion de territoire.

Si l'on note $\mathrm{S}(t,x)$ (resp. $\mathrm{I}(t,x)$) la densité de renards sains (resp infectés) à l'abscisse x, et à l'instant t, ces quantités vérifient des équations du type :

$$\left\{\begin{array}{l} \dfrac{\partial \mathrm{S}}{\partial t} = -r\mathrm{IS} \\ \dfrac{\partial \mathrm{I}}{\partial t} = r\mathrm{IS} - a\mathrm{I} + \mathrm{D}\Delta \mathrm{I} \end{array}\right.$$

Le troisième terme dans l'expression de la dérivée temporelle de I correspond à la dispersion spatiale des individus malades, celle-ci étant modélisée par un phénomène de diffusion, c'est-à-dire une résultante macroscopique de déplacements "anarchiques", chaotiques des renards infectés (D est une constante). Lorsque l'on traite le problème de manière discrète en espace et en temps, c'est-à-dire que l'on considère qu'il y a un certain nombre d'emplacements régulièrement espacés, ce phénomène est assez naturel : à chaque pas de temps, une proportion donnée de la population des renards malades de chaque lieu passe aux endroits voisins (les deux cases voisinnes).

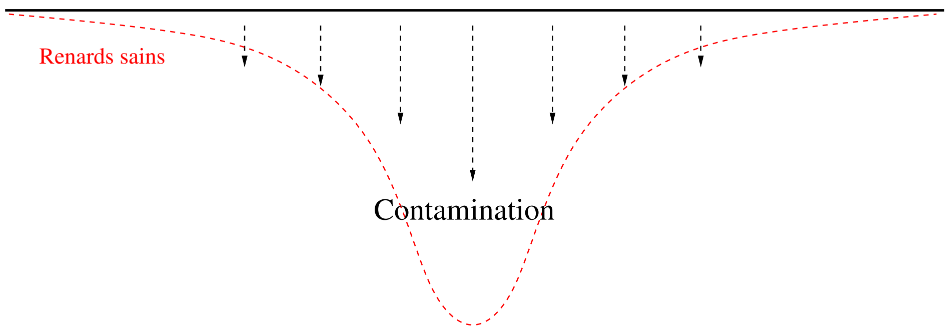
Le terme en laplacien est l'analogue continu de ce phénomène. En dimension 1 comme ici, le laplacien n'est autre que la dérivée seconde par rapport à la variable d'espace x. De toutes façons, les simulations numériques qui suivent sont obtenues en discrétisant le problème.

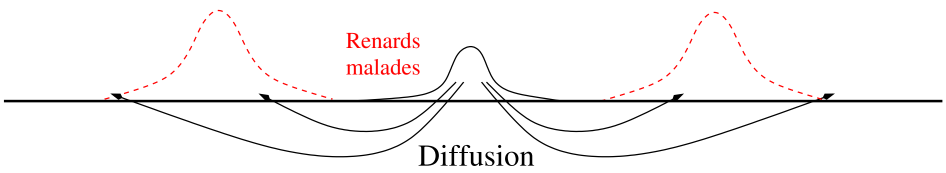
2.2 Propagation d'onde

Pour l´étude, on se place en dimension 1, c'est-à-dire que l'on considère que les renards se déplacent sur un segment de droite.

Si l'on introduit une petite quantité de renards infectés à un endroit, ces individus infectés vont, de par leur comportement anarchique, diffuser. C'est-à-dire qu'une partie d'entre eux va se déplacer vers d'autres zones, respectivement à gauche et à droite de l'endroit où ils ont été introduits. Là, ils contaminerons la population saine, augmentant d'autant leur nombre. Tout ceci va créer deux vagues d'épidémie : l'une vers la gauche et l'autre vers la droite.

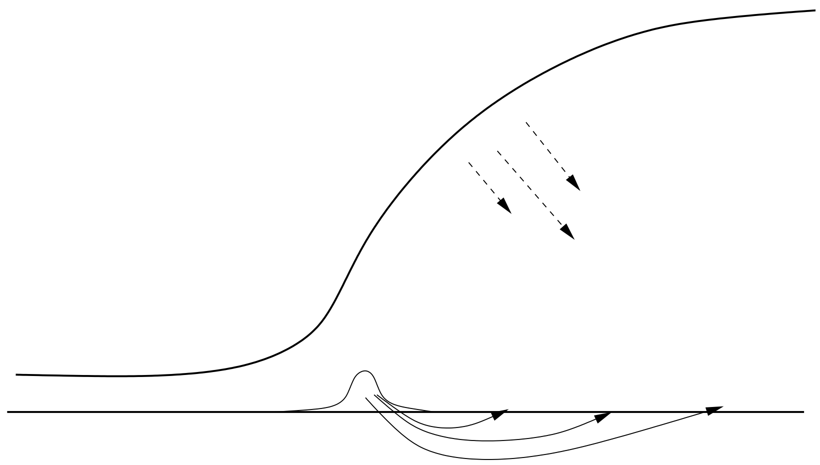
Enfin, certain individus infectés meurrent, c'est pourquoi parallèlement à la création de populations infectées des deux côtés de l'endroit où la maladie été introduite, la bosse initiale disparaît peu à peu.





Ensuite, ces deux vagues se propagent tout naturellement : de proche en proche, certains individus infectés vont aller vers la zone saine et y contaminer d'autres individus. Tout ceci va faire augmenter assez fortement la quantité d'individus infectés à proximité immédiate de la zone infectée, diminuant par là même la quantité d'individus sains, d'où un déplacement global de la polulation infectée.

(de l'autre côté, il y a aussi diffusion d'individus infectés, mais comme il y a beaucoup moins d'individus sains, la contamination qui en résulte est négligeable : ces individus meurrent peu à peu, c'est tout.)

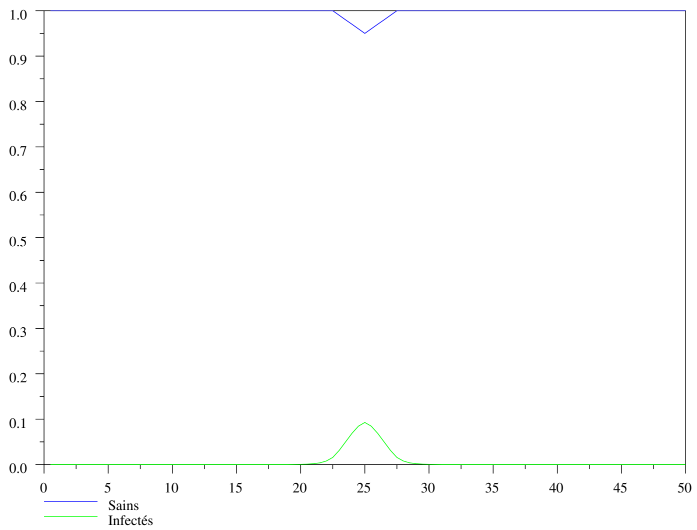


2.3 Des simulations numériques

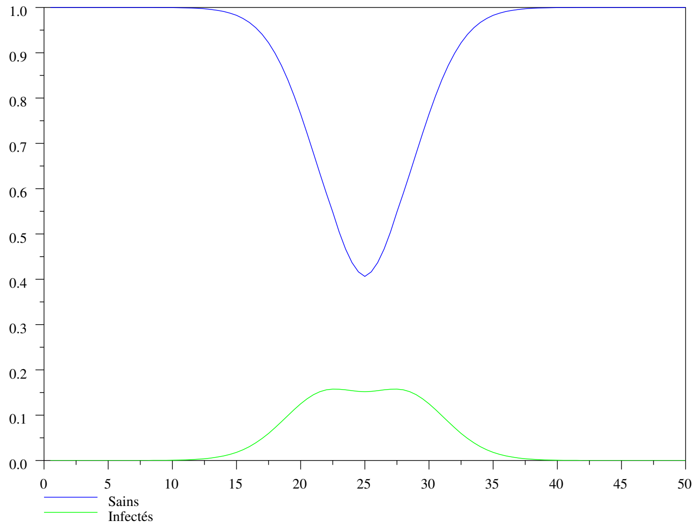
Supposons qu'au départ, on est en présence d'une zone saine (S = 1), dans laquelle on introduit à un endroit une faible quantité de renards contaminés (I > 0 sur une zone géographique réduite, I = 0 ailleurs).

On observe dans la simulation qui suit que la courbe de la population infectée (courbe verte) "glisse" peu à peu vers les zones où il y a beaucoup d'individus sains (zones où la courbe bleue, représentant la densité d'individus sains, est élevée), selon le mode décrit précédemment.

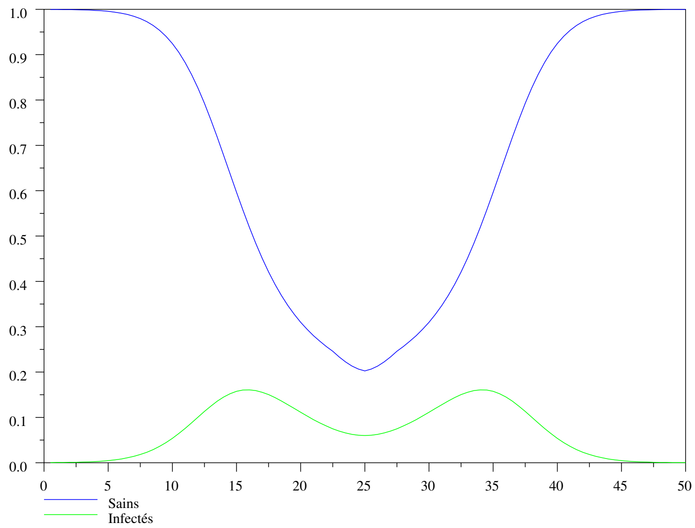
- Au départ, la population saine n'est contaminée qu'à l'endroit précis où a été introduit l'échantillon de renards malades :



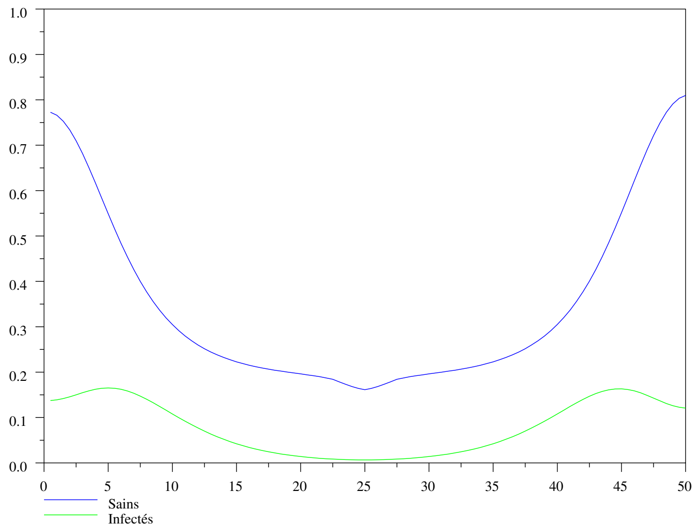
- La contamination s'est amplifiée, et l'on voit apparaître deux départs de front : la population infectée a commencé à diffuser. Quant à la population malade au centre, elle commence à décroître : il n'y a pas assez d'individus à contaminer pour compenser la mortalité.



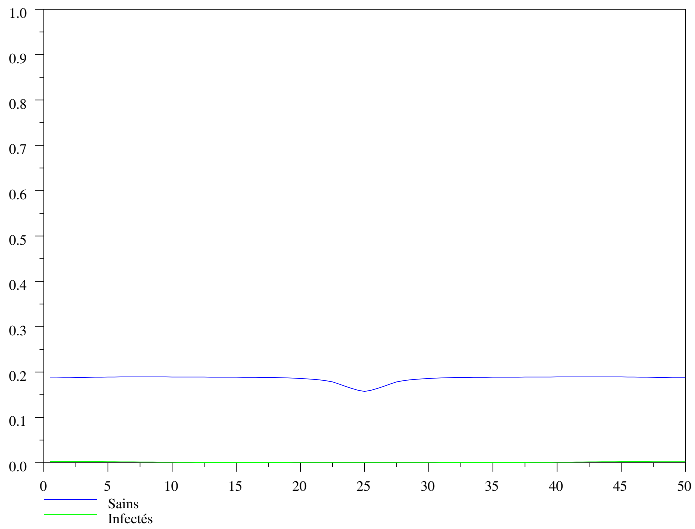
- Ce phénomène continue : au centre, l'épidémie est quasiment terminée. Les deux fronts se déplacent peu à peu vers les zones encore non infectées, où la population saine est encore importante.



- Même chose. Il n'y a presque plus de malades au centre.



- Les deux fronts sont passés. La population restante, saine, est presque la même partout, sauf à l'endroit où l'épidémie a commencée.



Tout cette évolution illustre assez bien la notion d'onde progressive, dont nous allons parler maintenant.

2.4 Ondes progressives

On vient de voir que des phénomènes d'ondes apparaissent dans ces simulations. A tel point qu'à la fin du phénomène, à part à l'endroit précis où l'on avait introduit une population infectée, la population restante est presque uniforme. C'est à peu de choses près comme si en chaque endroit s'était produit exactement le même phénomène, commençant plus ou moins tôt en fonction de la distance à la zone perturbée.

Enfin, les deux fronts d'onde semblent se propager linéairement par rapport au temps. D'où l'idée de rechercher des solutions du système différentiel sous la forme d'"ondes progressives", c'est-à-dire deux fonctions $\mathrm{S}(z)$ et $\mathrm{I}(z)$, où z est une nouvelle variable définie par $z = x - ct$, c étant une vitesse à déterminer.

Qualitativement, ceci revient à se placer dans un repère mobile, qui avance avec le front d'onde (à la vitesse c). Pour qu'une solution de cette forme corresponde à ce que l'on observe, on demandera en plus qu'elle vérifie des conditions aux limites du type :

$$\begin{cases} \mathrm{S}(+\infty) = 1 & \text{(avant le passage du front d'épidémie)} \\ \mathrm{I}(-\infty) = \mathrm{I}(+\infty) = 0 & \text{(avant et après le front)} \\ \mathrm{S}'(-\infty) = 0 & \text{(la population est stable après l'épidémie)} \end{cases}$$

Si l'on recherche une solution sous forme d'onde progressive, on s'aperçoit que celle-ci doit être solution d'un système différentiel ordinaire :

$$\begin{cases} -c\mathrm{S}' = -r\mathrm{IS} \\ -c\mathrm{I}' = r\mathrm{IS} - a\mathrm{I} + \mathrm{DI}'' \end{cases}$$

Là encore, on peut chercher à calculer des solutions approchées sous forme d'ondes progressives, et les vitesses de propagation correspondantes.

Le programme rage4 (version matlab ou scilab) trace le graphique de la solution, recentrée à chaque pas de calcul à partir du moment où elle tends vers une onde progressive. On s'aperçoit que le tracé se stabilise assez rapidement.

2.5 Des modèles plus évolués

On peut bien sûr définir nombre de modèles pour essayer de correspondre au plus près à la réalité. Parmis les améliorations possibles du modèle précédent, l'une des plus naturelles est de rajouter un terme dit logistique : la population à tendance à croître naturellement, dans la limite des capacités nouricières du milieu. On rajoute typiquement un terme de croissance en $\mathrm{BS}(1-\mathrm{S}/\mathrm{S}_0)$, c'est-à-dire que la population à tendance à croître tant qu'elle est en dessous du seuil S_0.

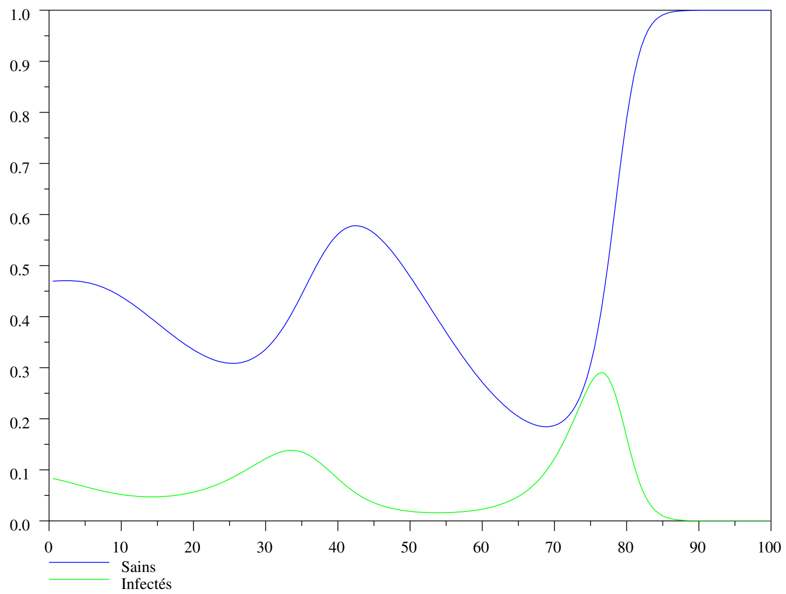
A un instant donné, lorsque la population est en dessous de son seuil S_0, cette croissance est proportionnelle à la population : le coefficient de proportionnalité n'est autre que le taux de natalité (ou plus exactement le taux de natalité moins le taux de mortalité "naturelle", c'est-à-dire pour d'autres raisons que la rage). L'hypothèse faite ici est que ce taux est de la forme $\mathrm{B}(1 - \mathrm{S}/\mathrm{S}_0)$: il y a une régulation naturelle de la population, dont le taux de natalité baisse (ou le taux de mortalité augmente, faute de nourriture, de place...) lorsque la population totale se rapproche du seuil S_0, quantité maximale pouvant vivre dans les conditions du milieu.

(B est une constante qui dépend de l'espèce, c'est elle qui régule la vitesse des variations logistiques. Elle peut dépendre de nombreux facteurs, dont la vitesse de reprodu

Avec un tel terme logistique, le système d'équations devient :

$$\begin{cases} \dfrac{\partial S}{\partial t} = -rIS + BS\left(1 - \dfrac{S}{S_0}\right) \\ \dfrac{\partial I}{\partial t} = rIS - aI + D\Delta I \end{cases}$$

Problème : le nombre de renard augmente à nouveau après le passage de l'épidémie, ce qui donne lieu à des épidémies "secondaires" (des ondes de plus faibles amplitudes). En effet, dès que la population a réaugmenté, elle peut être infectée à nouveau s'il reste quelques individus contaminant. Et l'ampleur de la "réplique" dépend surtout du niveau auquel est revenu la population. L'onde progressive, dans ce modèle, a un allure du type :



Graphique réalisé avec le programme rage5 (version matlab ou scilab), qui est presque le même que rage4, au terme logistique près.

N.B. Ce modèle est assez réaliste : on a pu en observer de nombreuses manifestation. La plus célèbre est l'épisode de la peste noire au 14ème siècle : l'épidémie commence à Gêne en décembre 1347, et se propage dans toute l'europe à une vitesse assez régulière, de l'ordre de 300 à 600 kilomètres par an, tuant au passage un bon tiers de la population. Cette vague fut suivie de nombreuses répliques de moindre ampleur, espacées de quelques années. La première se déclarait en Allemagne en 1356...

Références

[1] J.D Murray, *Mathematical biology*, Springer, 1993. Pout une étude assez complète de tous ces modèles.