

Comportement asymptotique en temps grand des solutions d'un modèle en épidémiologie

Ulrich RAZAFISON, Université de Franche-Comté

Antoine PERASSO, Université de Franche-Comté

On s'intéresse à un modèle d'épidémiologie de type SI décrivant la propagation d'une infection à issue fatale au sein d'une population. On suppose que cette infection croît de manière exponentielle. Le modèle s'écrit alors :

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = \gamma - (\mu_0 + \alpha)S(t) - \beta S(t)\mathcal{T}(I)(t), & t \geq 0, \\ \frac{\partial I(t, i)}{\partial t} + \frac{\partial(\nu i I(t, i))}{\partial i} = -\mu(i)I(t, i) + \Phi(i)\beta S(t)\mathcal{T}(I)(t), & t \geq 0, i \in (i^-, +\infty) \subset \mathbb{R}^+, \\ \nu i^- I(t, i^-) = \alpha S(t), & t \geq 0. \end{cases} \quad (1)$$

Dans ce problème, les inconnues S et I représentent respectivement les classes d'individus sains et d'individus infectés. La population d'infectés est structurée en charge d'infection i . Le modèle intègre deux types de contamination.

- ▷ Un premier par une source externe de contamination décrit par la condition de bord. Une proportion α de la population saine devient infectieuse avec une charge minimale d'infection i^- .
- ▷ Un deuxième par contagion avec une intensité donnée par $\beta\mathcal{T}(I)$ où $\beta > 0$ est le taux de contagion et $\mathcal{T}(I)(t) = \int_{i^-}^{+\infty} I(t, i)di$ est le nombre total d'individus d'infectés au temps t . La contamination se fait ici avec une probabilité $\Phi(i)$ d'avoir la charge d'infection i lors de la transmission de la maladie.

Les résultats d'existence et d'unicité de solutions à l'aide de la théorie des semi-groupes ont été établis dans [1].

Nous présenterons certains résultats sur le comportement asymptotique en temps grand des solutions obtenus dans [2]. En particulier, lorsqu'il n'y a pas de contamination externe ($\alpha = 0$), nous montrons l'existence d'un seuil appelé \mathcal{R}_0 représentant le nombre d'infections secondaires produit par un individu infecté moyen dans une population uniquement composé de sains. Nous démontrons que l'état d'équilibre sans maladie est localement asymptotiquement stable lorsque $\mathcal{R}_0 < 1$ et que l'état d'équilibre endémique est localement asymptotiquement stable lorsque $\mathcal{R}_0 > 1$. Nous avons montré l'existence de deux nombres \mathcal{R}_- et \mathcal{R}_+ reliés à \mathcal{R}_0 par l'encadrement $\mathcal{R}_- \leq \mathcal{R}_0 \leq \mathcal{R}_+$, assurant l'extinction de la maladie lorsque $\mathcal{R}_+ < 1$ et le déclenchement d'une épidémie avec persistance uniforme de la maladie en temps lorsque $\mathcal{R}_- > 1$.

Nous présenterons des simulations numériques illustrant ces résultats lorsque le modèle est appliqué à une maladie à prions. La méthode numérique repose sur un schéma aux volumes finis upwind, implicite en temps pour l'équation de transport.

Références

- [1] A. PERASSO, U. RAZAFISON, *Infection load structured SI model with exponential velocity and external source of contamination*, Proceedings of the World Congress on Engineering, **Vol. I**, 263–267, 2013.
- [2] A. PERASSO, U. RAZAFISON, *Asymptotic behavior and numerical simulations for an infection load-structured epidemiological model; application to the transmission of prion pathologies*, Preprint, hal-00907819, 2013.

Ulrich RAZAFISON, UMR 6623, Laboratoire de Mathématiques de Besançon, Université de Franche-Comté, 16 route de Gray, 25030 Besançon

`ulrich.razafison@univ-fcomte.fr`

Antoine PERASSO, UMR 6249, Chrono-Environnement, Université de Franche-Comté, 16 route de Gray, 25030 Besançon Cedex

`antoine.perasso@univ-fcomte.fr`