

Interactions tiques, mammifères, oiseaux et chevreuils pour la propagation de la maladie de Lyme

Patricia Lamirande

Olivia Tardy, André Fortin

Université Laval, Département de mathématiques et de statistiques

Novembre 2018



Groupe
interdisciplinaire de
recherche en
éléments
finis



- 1 Introduction
- 2 Équations
- 3 Simulations numériques
- 4 Analyse du modèle
- 5 Références

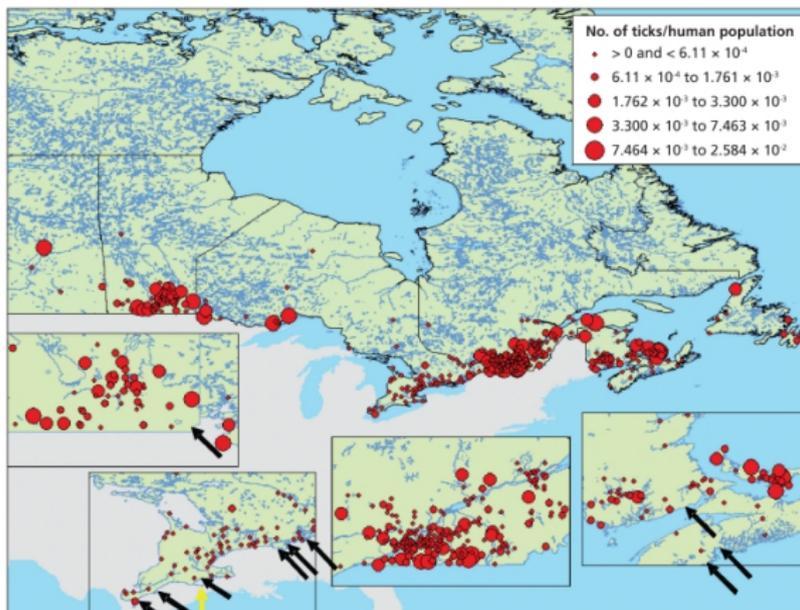
La maladie de Lyme

La maladie de Lyme est causée par la bactérie *Borelia burgdorferi* et est transmise lors de la morsure d'une tique infectée. Elle a été diagnostiquée pour la première fois en 1978 dans la ville *Old Lyme* au Connecticut (Étas-Unis), et sa cause a été découverte en 1982.



La maladie de Lyme au Canada

- Nombre de cas croissant (2009 : 144 cas, 2017 : 2025 cas)
- 88% des cas rapportés sont en ON, QC et NE
- NE est la province avec la plus forte incidence (34.4 cas pour 100 000 habitants)



Contexte du projet de recherche

- L'objectif de l'étude est de modéliser la propagation du pathogène
- sur des paysages hétérogènes en ressources
 - suivant le déplacement des tiques sur de longues distances par les oiseaux

Espèces étudiées

En plus des tiques, le modèle inclut les

- Petits mammifères (infection)
- Oiseaux (infection et dispersion)
- Chevreuils (reproduction)



Variables

S_T = Densité de tiques susceptibles

I_T = Densité de tiques infectées

S_A = Densité de petits mammifères susceptibles

I_A = Densité de petits mammifères infectés

S_D = Densité d'oiseaux susceptibles

I_D = Densité d'oiseaux infectés

N_R = Densité de chevreuils

et

$$N_T = S_T + I_T$$

$$N_A = S_A + I_A$$

$$N_D = S_D + I_D$$

Dynamique d'infection

Un modèle compartimental SI (Susceptible-Infecté) a été utilisé pour les espèces du modèle excluant les chevreuils : ils sont immunisés au pathogène.

Les taux d'infection sont :

$$\lambda_T = \alpha_{TA}\beta_{A \rightarrow T} \left(\frac{I_A}{N_A + N_D + N_R} \right) + \alpha_{TD}\beta_{D \rightarrow T} \left(\frac{I_D}{N_A + N_D + N_R} \right)$$

$$\lambda_A = \alpha_{TA}\beta_{T \rightarrow A} \left(\frac{I_T}{N_A + N_D + N_R} \right)$$

$$\lambda_D = \alpha_{TD}\beta_{T \rightarrow D} \left(\frac{I_T}{N_A + N_D + N_R} \right)$$

Taux d'infection : constantes

α_{TA} ou α_{TD} : taux auquel les tiques juvéniles se nourrissent avec succès sur les petits mammifères / oiseaux

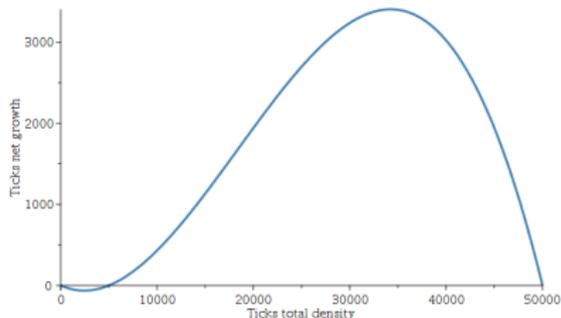
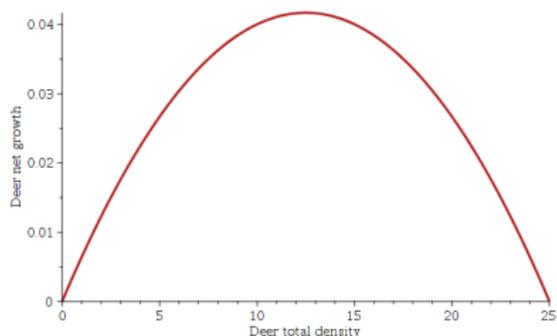
$\beta_{A \rightarrow T}$ ou $\beta_{D \rightarrow T}$: probabilité qu'un petit mammifère / oiseau infecté transmette *Borrelia* à une tique juvénile susceptible

$\beta_{T \rightarrow D}$ ou $\beta_{T \rightarrow A}$: probabilité qu'une tique juvénile infectée transmette *Borrelia* à un petit mammifère / oiseau susceptible

Taux de croissance des populations

Le modèle logistique a été appliqué pour la croissance des petits mammifères, des oiseaux et des chevreuils.

Pour les tiques, on a ajouté un effet Allee fort pour mieux refléter la réalité.



Modèle de croissance logistique

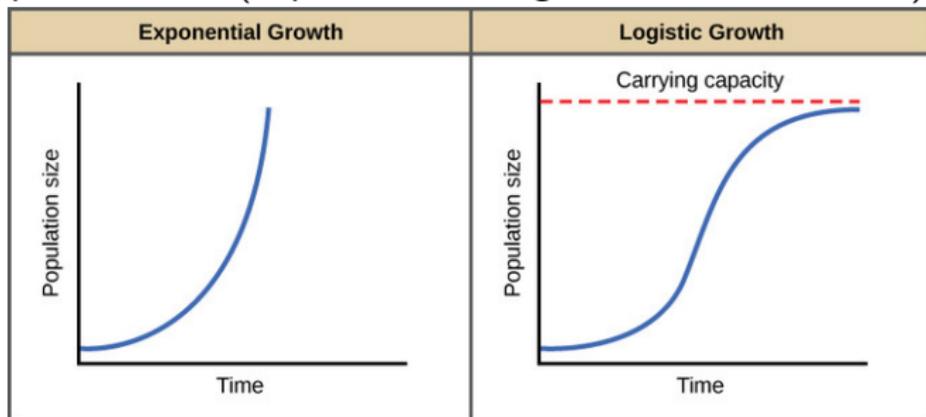
Taux d'accroissement diminue proportionnellement à leur densité, jusqu'à l'atteinte de la capacité limite.

Modèle classique (Verhulst, 1838) :

$$N'(t) = r \left(1 - \frac{N}{K} \right) N$$

r : Taux intrinsèque d'accroissement naturel maximal

K : Capacité limite (capacité de charge de l'environnement)



Modèle logistique dans système SI

Dans notre modèle, on s'intéresse aux variations de densité des susceptibles et des infectés, avec l'hypothèse que tous les individus naissent susceptibles. À partir du modèle de base, on déduit

$$S'(t) = aN - (d + b_1 N)S$$

$$I'(t) = -(d + b_1 N)I$$

a : Taux de naissances

d : Taux de mortalité naturelle

b_1 : Taux de mortalité due à la compétition

Modèle logistique dans système SI

Par leur définition, on a

$$r = a - d$$

$$K = \frac{a - d}{b_1}$$

Ainsi, on pose $b_1 = \frac{r}{K}$ et les équations décrivant l'accroissement des susceptibles et des infectés deviennent

$$S'(t) = aN - \left(d + \frac{r}{K}N\right)S$$

$$I'(t) = -\left(d + \frac{r}{K}N\right)I$$

Effet Allee

- Issu des travaux de W. C. Allee (1930)
- Décrit l'effet positif de la coopération entre les individus d'une population
- Permet de modéliser la difficulté à se reproduire ou à survivre lorsque la densité est faible

Un effet Allee fort est ajouté à l'accroissement des tiques.



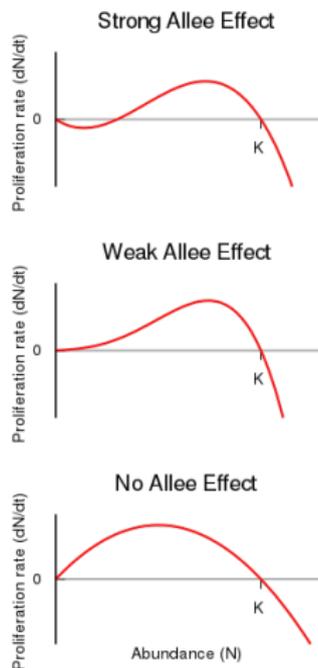
Modèle de croissance avec un effet Allee fort

Proposé par Lewis et Kareiva
(1993) :

$$\frac{\partial N_T}{\partial t} = \hat{a} N_T (K_T - N_T) (N_T - K_-)$$

K_- : seuil de l'effet Allee,
densité en-dessous de laquelle
l'accroissement est négatif

\hat{a} : constante de normalisation



Modèle SI avec effet Allee

Suivant la méthode proposée par Hilker *et al.* (2007) :

$$\begin{aligned} \frac{\partial S_T}{\partial t} &= \hat{a} \left(-N_T^2 + (K_T + K_- + \hat{e}) N_T + \hat{c} \right) N_T \\ &\quad - \hat{a} (\hat{e} N_T + K_T K_- + \hat{c}) S_T \\ \frac{\partial I_T}{\partial t} &= -\hat{a} (\hat{e} N_T + K_T K_- + \hat{c}) I_T \end{aligned}$$

où \hat{a} , \hat{e} et \hat{c} sont déterminés expérimentalement en comparant les taux de mortalité du modèle logistique et du modèle avec effet Allee pour les tiques.

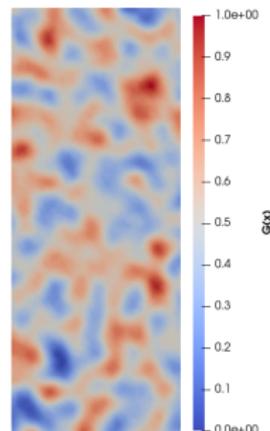
Paysage virtuel

On considère
un paysage hétérogène en ressources :

- Rouge : abondance de ressources
- Bleu : pauvreté de ressources

de dimension 20 km x 50 km.

On définit $G(\mathbf{x})$ comme
la proportion de ressources disponibles
en \mathbf{x} (sa valeur varie entre 0 et 1).

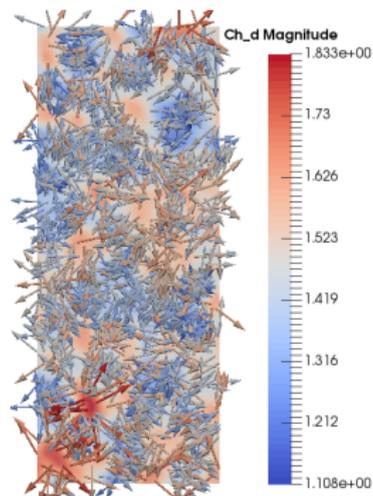


Coefficients de diffusion et de convection

Tel que proposé par Moorcroft *et al.*, les coefficients de diffusion (mouvement aléatoire) et d'advection (mouvement dirigé) sont

$$D_D = e^{-\alpha_G G(\mathbf{x})} \eta_D$$

$$\vec{C}_D = e^{-\alpha_G G(\mathbf{x})} \left(\frac{\nabla G(\mathbf{x})}{\|\nabla G(\mathbf{x})\|} \right) \xi_D$$



Équations

$$\frac{\partial S_T}{\partial t} = \hat{a} \left(-N_T^2 + (K_T + K_- + \hat{e}) N_T + \hat{c} \right) N_T$$

$$- \hat{a} (\hat{e} N_T + K_T K_- + \hat{c}) S_T - \lambda_T S_T + \nabla \cdot (D_D \nabla S_T) - \nabla \cdot (\vec{C}_D S_T)$$

$$\frac{\partial I_T}{\partial t} = -\hat{a} (\hat{e} N_T + K_T K_- + \hat{c}) I_T + \lambda_T S_T + \nabla \cdot (D_D \nabla I_T) - \nabla \cdot (\vec{C}_D I_T)$$

$$\frac{\partial S_A}{\partial t} = a_A N_A - \left(d_A + \frac{r_A}{K_A} N_A \right) S_A - \lambda_A S_A$$

$$\frac{\partial I_A}{\partial t} = - \left(d_A + \frac{r_A}{K_A} N_A \right) I_A + \lambda_A S_A$$

Équations (suite)

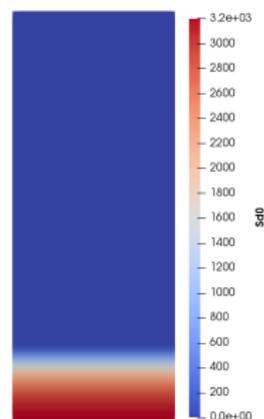
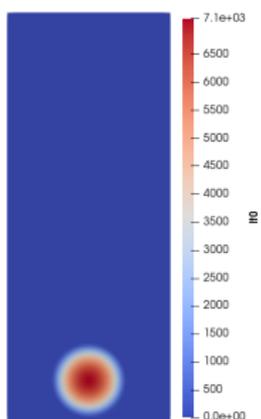
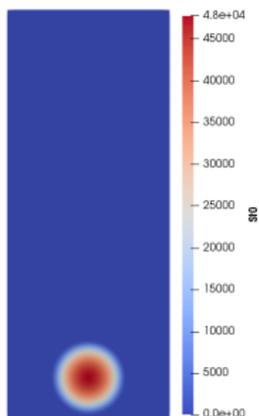
$$\frac{\partial S_D}{\partial t} = a_D N_D - \left(d_D + \frac{r_D}{K_D} N_D \right) S_D - \lambda_D S_D + \nabla \cdot (D_D \nabla S_D) - \nabla \cdot (\vec{C}_D S_D)$$

$$\frac{\partial I_D}{\partial t} = - \left(d_D + \frac{r_D}{K_D} N_D \right) I_D + \lambda_D S_D + \nabla \cdot (D_D \nabla I_D) - \nabla \cdot (\vec{C}_D I_D)$$

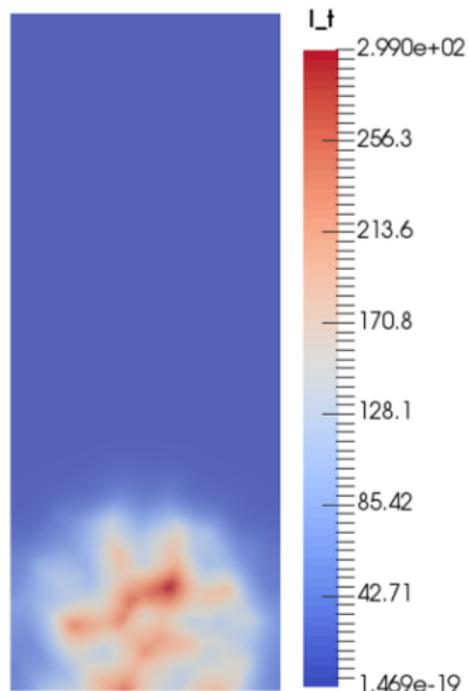
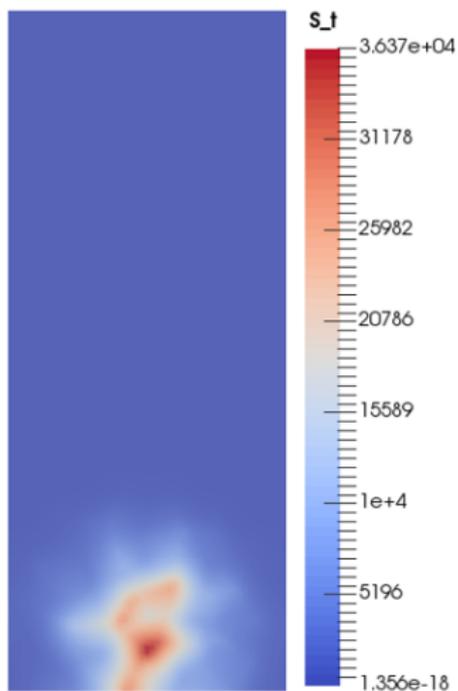
$$\frac{\partial N_R}{\partial t} = r_R \left(1 - \frac{N_R}{K_R} \right) N_R$$

Conditions initiales

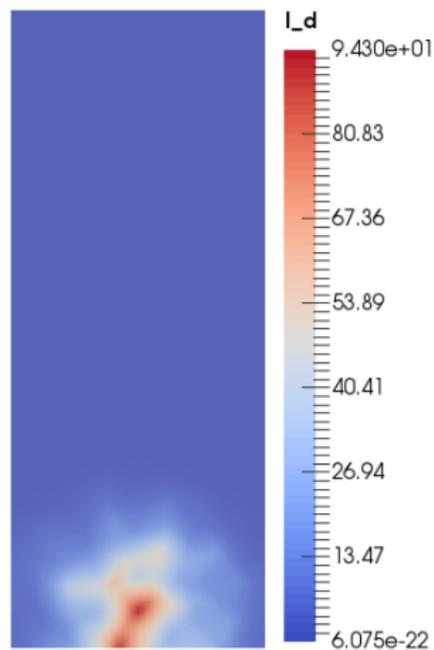
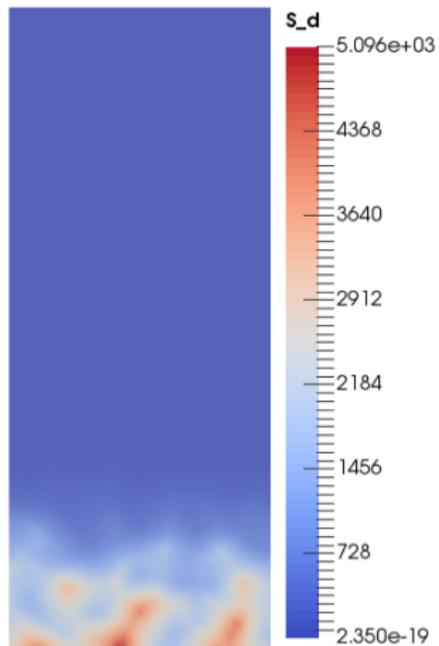
- Petits mammifères et chevreuils distribués uniformément aux densités K_A et K_R
- Oiseaux répartis dans le bas du domaine, à densité K_D
- Tiques réparties dans une région circulaire au bas du paysage, à densité $1.1K_T$
- 13% des tiques sont infectées, tous les autres individus sont susceptibles



Simulation (tiques)



Simulation (oiseaux)



Définition du R_0

Le taux de reproduction de base R_0 est, dans un système simple, le nombre moyen d'individus à qui un individu infecté transmettra la maladie. Ce paramètre a une grande importance dans l'analyse d'un modèle épidémiologique :

- Si $R_0 < 1$, un individu infecté infectera moins d'un individu en moyenne (ce qui mène à la disparition de la maladie).
- Si $R_0 > 1$, un individu infecté infectera plus d'un individu en moyenne (ce qui mène à une épidémie).

Calcul du R_0

Suivant la méthode de matrices de prochaines générations, développée par Diekmann *et al.*, on définit la matrice de prochaine génération

$$K = TM^{-1}$$

où T est la matrice des taux de transmission et M la matrice diagonale des taux de mortalité naturelle per capita. R_0 est défini comme la valeur propre dominante de la matrice K .

On se place dans le contexte d'une population stable avec des individus tous susceptibles (on considère ainsi les états d'équilibre où les densités S_H sont égales aux densités totales N_H). On considère seulement les espèces concernées par l'infection (on exclut les chevreuils).

Calcul du R0 (suite)

$$M = \begin{bmatrix} \hat{a}(\hat{e}N_T + K_T K_- + \hat{c}) & 0 & 0 \\ 0 & d_A + \frac{r_A}{K_A} N_A & 0 \\ 0 & 0 & d_D + \frac{r_D}{K_D} N_D \end{bmatrix}$$

$$T = \begin{bmatrix} 0 & \alpha_{TA}\beta_{A \rightarrow T} \left(\frac{N_T}{N_A + N_D + N_R} \right) & \alpha_{TD}\beta_{D \rightarrow T} \left(\frac{N_T}{N_A + N_D + N_R} \right) \\ \alpha_{TA}\beta_{T \rightarrow A} \left(\frac{N_A}{N_A + N_D + N_R} \right) & 0 & 0 \\ \alpha_{TD}\beta_{T \rightarrow D} \left(\frac{N_D}{N_A + N_D + N_R} \right) & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

Et ainsi

$$K = \begin{bmatrix} 0 & \frac{\alpha_{TA}\beta_{A \rightarrow T} N_T}{\left(d_A + \frac{r_A}{K_A} N_A \right) (N_A + N_D + N_R)} & \frac{\alpha_{TD}\beta_{D \rightarrow T} N_T}{\left(d_D + \frac{r_D}{K_D} N_D \right) (N_A + N_D + N_R)} \\ \frac{\alpha_{TA}\beta_{T \rightarrow A} N_A}{\hat{a}(\hat{e}N_T + K_T K_- + \hat{c})(N_A + N_D + N_R)} & 0 & 0 \\ \frac{\alpha_{TD}\beta_{T \rightarrow D} N_D}{\hat{a}(\hat{e}N_T + K_T K_- + \hat{c})(N_A + N_D + N_R)} & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

Valeur du R_0

Explicitement, on peut faire l'interprétation que chaque $ij^{\text{ème}}$ élément de la matrice K est le nombre attendu d'infections chez les individus de type i causé par un individu de type j .

$$R_0^2 = \frac{\alpha_{TA}^2 \beta_{T \rightarrow A} \beta_{A \rightarrow T} N_A N_T}{\hat{a} (\hat{e} N_T + K_T K_- + \hat{c}) \left(d_A + \frac{r_A}{K_A} N_A \right) (N_A + N_D + N_R)^2} + \frac{\alpha_{TD}^2 \beta_{T \rightarrow D} \beta_{D \rightarrow T} N_D N_T}{\hat{a} (\hat{e} N_T + K_T K_- + \hat{c}) \left(d_D + \frac{r_D}{K_D} N_D \right) (N_A + N_D + N_R)^2}$$

En évaluant l'expression avec les valeurs des paramètres biologiques, et en considérant l'état d'équilibre où les populations totales atteignent leur capacité limite environnementale, on obtient un $R_0 = 3,038$.

Références

- Tardy, Olivia, Patricia Lamirande, André Fortin, Catherine Bouchard, Erin Rees, Nick H. Ogden, Patrick A. Leighton (unpublished), *Linking space-use patterns of host species and range expansion dynamics of tick-borne pathogens using mechanistic movement models.*
- Courchamp, Frank and al. (2008), *Allee effects in ecology and conservation.*
- Lewis, Mark A. and Peter Kareiva (1993), *Allee dynamics and the spread of invading organisms.*
- Hilker, Frank and al. (2007), *A diffusive SI model with Allee effect and application to FIV.*
- Moorcroft, P.R. and al. (2006), *Mechanistic home range models capture spatial patterns and dynamics of coyote territories in Yellowstone.*
- Gouvernement du Canada (2018), *Surveillance of Lyme disease.*