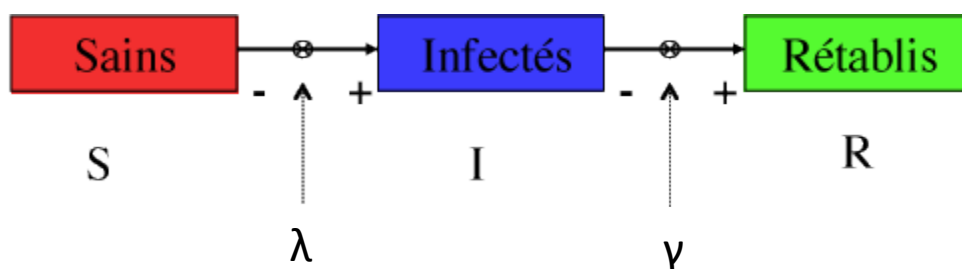


Les modèles en épidémiologie végétale

Les modèles en épidémiologie sont de plusieurs types :

- **Les modèles statistiques** sont basés sur l'existence de relations statistiquement significatives entre une composante du cycle épidémique (durée de latence, durée d'incubation, stade de dissémination, etc..) et une ou plusieurs variables caractérisant l'environnement. Les données peuvent être issues d'expérimentations en conditions contrôlées, au champ ou de données de surveillance. Il peut s'agir de relation linéaire ou non. De telles relations perdent beaucoup de leur signification biologique si elles deviennent trop complexes. Ce type de modèle peut être utilisé pour les avertissements agricoles (par exemple, franchissement d'un seuil de nuisibilité et décision de traitement).
- **Les modèles mécanistes** sont basés sur la connaissance des mécanismes impliqués lors du développement des épidémies. Ils sont transcrits en équations qui ont une signification biologique. Ces approches ont beaucoup été utilisées pour modéliser des dynamiques de maladie temporelle et spatio-temporelle avec les travaux fondateurs de J.E. Van der Planck.
- **Les modèles à compartiments** modélisent la dynamique des états cliniques des individus hôtes en divisant la population hôte en autant de compartiments que d'états cliniques. Le plus souvent, ces compartiments correspondent à la population d'hôtes sains (S), ceux qui sont infectieux (I) et ceux qui ne participent plus à l'épidémie (R pour rétablis ou « removed » individu mort ou éliminé ou durablement immunisé). De nombreuses variantes peuvent être écrites pour rendre le modèle plus réaliste et plus complexe (individus exposés mais pas encore infectieux, individus infectieux mais pas détectés, etc...). Le passage d'un état à un autre est décrit par des fonctions de transfert. Ces modèles peuvent être déterministes ou stochastiques. Dans un cadre déterministe, on utilise des équations différentielles pour décrire le passage d'un compartiment à l'autre par unité de temps.



Le modèle s'écrit :

$$dS/dt = -\lambda S$$

$$dI/dt = \lambda S - \gamma I$$

$$dR/dt = \gamma I$$

avec t , le temps continu et N , le nombre d'individus de la population

Le paramètre clé de ce modèle épidémiologique est la **force d'infection λ** .

Cette dernière rend compte du processus de contamination en exprimant la **probabilité qu'un individu susceptible contracte la maladie**. C'est cette force d'infection qui fait passer les individus du compartiment S au compartiment I. Il existe différentes façons d'écrire cette probabilité. Deux d'entre elles sont la transmission densité dépendante où la force d'infection est proportionnelle au nombre de malades I dans la population hôte :

$$\lambda = \beta I$$

et la transmission fréquence dépendante où la force d'infection est proportionnelle à la proportion de malades dans la population :

$$\lambda = \beta I/N$$

β est appelée taux de contact infectieux. Ce paramètre dépend des propriétés intrinsèques non seulement de la population hôte mais également de la maladie. L'expression communément utilisée de β est

$$\beta = -c \log(1-p)$$

On voit bien l'influence conjointe de la maladie et de la population hôte où c est le taux de contact entre individus (propriété intrinsèque de la population) et p est la probabilité d'infection au cours d'un contact infectieux (propriété intrinsèque de la maladie).

Dans le cadre d'une transmission densité dépendante, la condition pour qu'il y ait une épidémie est:

$$\beta S/\gamma > 1$$

On appelle la quantité $\beta S/\gamma$ le nombre de reproduction que l'on note R. Nous avons donc une épidémie dès que $R > 1$.