

L'épidémie de chikungunya : modélisation et stabilité

D. Moulay¹, M. Cadivel², & M.A. Aziz-Alaoui³

Laboratoire de Mathématiques Appliquées du Havre (LMAH), Université du Havre, 25 rue Philippe Lebon,
BP540, 76058 Le Havre
djamila.moulay@univ-lehavre.fr

Le virus *chikungunya* est un arbovirus (de l'anglais : **arthropode borne virus**), du même type que la Dengue, isolé pour la première fois en 1953 et transmis par un vecteur, le moustique *Aedes Albopictus*. Ce virus entraîne des pathologies lourdes pour les personnes contaminées. La Réunion a connu en 2005 une épidémie de chikungunya. Après un premier pic en mai 2005 (400 contaminations par semaine), l'épidémie a été ralentie par l'arrivée de l'hiver austral. En effet les températures plus basses et une hygrométrie plus faible, durant cette période, ont fortement limité la croissance de l'*Aedes Albopictus*. Mais ceci n'a pas été suffisant pour stopper l'épidémie dont le pic le plus important a eu lieu en février 2006, avec plus de 40000 cas par semaine. Bien qu'il soit très difficile de prévoir un tel phénomène, une étude à partir d'un modèle simple peut nous permettre de mieux appréhender les facteurs clés de la propagation de l'épidémie. Dans ce but, et afin d'évaluer, de prévenir et de contrôler le risque sanitaire dus aux moustiques, des modèles mathématiques sont proposés et étudiés. Le premier modèle que nous proposons, basé sur le cycle de vie du moustique, permet de décrire la dynamique de population de celui-ci. Le second, utilisant les modèles de type SI et SIR, est proposé afin de décrire la transmission du virus entre la population moustique et la population humaine. L'étude théorique de ces modèles permet de déterminer des facteurs essentiels de la prolifération du vecteur. Nous présentons ainsi l'analyse des solutions d'équilibre et étudions leur stabilité locale ou globale, un premier pas vers une étude plus détaillée de la dynamique non linéaire de ces modèles.

Références

1. L. ESTEVA ET C. VARGAS, Analysis of a Dengue disease transmission model, *Mathematical Biosciences*, **150**, 131-151 (1998).
2. M.Y. LI ET J.S. MULDOWNY, Global Stability for the SEIR Model in Epidemiology, *Mathematical Biosciences*, **125**, 1225-1234 (1995).
3. J.S. MULDOWNY, Compound matrix and ordinary differential equations, *Rocky Mountain J. Math.*, **20**, 857-872 (1990).
4. J.D. MURAY, *Mathematical Biology*, Springer, Paris (1993).