

## **Modélisation conjointe des différentes voies de transmission spatio-temporelle des maladies infectieuses chez les animaux d'élevages**

**Mots-clés :** biomathématiques, épidémiologie, modélisation, EDP/EDO/EDS.

**Encadrement :** Simon Labarthe, Béatrice Laroche, Elisabeta Vergu (INRA, UR1404 MaIAGE)

### **Contexte scientifique**

La propagation et la persistance de maladies infectieuses dans les élevages ont un impact négatif sur la santé et le bien-être des animaux. Cela constitue également une problématique économique et de santé publique dans le cas de maladies transmissibles à l'homme. La modélisation mathématique permet de créer des outils de prédiction et de contrôle de ces épidémies, enjeux importants pour la définition de politiques publiques ou mesures locales encadrant les élevages. Ce stage s'inscrit dans le cadre du projet ANR Cadence, dont l'objectif est de développer de tels outils.

Différentes voies de propagation de maladies infectieuses d'un élevage à l'autre co-existent. Tout d'abord, les pathogènes peuvent être transportés entre fermes par des phénomènes naturels tels que le vent, ou la transmission par contact de petits animaux. Ensuite, les échanges commerciaux entre exploitations agricoles sont un facteur important de transmission : un animal infecté peut être vendu et introduit dans un élevage sain. Enfin, les épidémies peuvent se propager de proche en proche entre animaux d'élevages différents se côtoyant au pâturage.

### **Objectifs**

L'objectif principal de ce projet de stage consiste à formaliser et implémenter ces différentes voies de transmission pour un modèle épidémiologique de type SI (susceptible / infectieux) puis SIR (susceptible / infectieux / recovered), à l'échelle d'une métapopulation.

Un modèle continu d'EDP décrivant ces différents chemins de transmission sera tout d'abord formalisé. Des hypothèses simplificatrices permettent de transformer ce modèle continu en EDOs couplées définies sur un réseau dynamique, ou sur un réseau dynamique couplé à un réseau statique, ou sur des réseaux emboîtés.

Il s'agira de formaliser de manière rigoureuse ces différentes hypothèses, d'implémenter les modèles simplifiés correspondants, et de définir de manière numérique et/ou théorique des indicateurs d'invasions (de type  $R_0$ ).

Si le temps le permet, l'étudiant pourra implémenter et étudier le modèle continu initial.

### **Profil recherché**

Master 2 en mathématiques appliquées. Les candidatures de Master 1 qui correspondent aux compétences recherchées seront également examinées.

Compétences : EDP, systèmes dynamiques, programmation (C, Python), épidémiologie, appétence pour la modélisation appliquée à la biologie, programmation, maîtrise de l'anglais scientifique (lecture d'articles).

Envoyer CV (inclure la liste des cours suivis en M1/M2 et notes disponibles) à [simon.labarthe@inra.fr](mailto:simon.labarthe@inra.fr), [beatrice.laroche@inra.fr](mailto:beatrice.laroche@inra.fr), [elisabeta.vergu@inra.fr](mailto:elisabeta.vergu@inra.fr)

### **Déroulement du stage**

Le stage se déroulera dans l'unité MaIAGE (Mathématiques et Informatique Appliquées du Génome à l'Environnement) du centre INRA de Jouy-en-Josas (78) selon des modalités à définir en début de stage; durée prévue de 4 à 6 mois. Début possible en début d'année 2019. Gratification : 550€/mois environ (taux légal).