

À Mayotte, une approche mathématique de la pandémie

L'île de Mayotte, département le plus jeune de France, doit faire face à l'épidémie du Covid sans compter deux autres épidémies signalées. C'est dans ce contexte d'urgence sanitaire que les mathématiciens du Laboratoire Mathématiques et Applications à Poitiers créent des outils de modélisation pour apporter des solutions non pharmaceutiques efficaces.



Loin des panoramas idylliques, Mayotte est sujette à des problématiques d'accès à l'eau et aux soins.

À Mayotte, un habitant sur deux a moins de 18 ans ! Avec une population estimée à 285 000 habitants au 1er janvier 2020, la part des 60 ans ou plus est de 4% contre 25% en métropole. L'île est caractérisée par de faibles densités de professionnels de santé libéraux installés. Le centre hospitalier de Mamoudzou qui concentre presque toutes les principales activités médicales, est saturé tous les jours. De plus, sur l'île, de nombreuses problématiques locales (accès à l'eau, accès aux services de santé, etc) font obstacle au respect des gestes barrière et des mesures de distanciation rendant la situation sanitaire inquiétante. L'île, déjà confrontée depuis le début de la Covid à deux autres épidémies, la grippe et la dengue, a donc de nombreux défis de surveillance épidémiologique à relever. Pour comprendre les tendances de l'évolution de l'épidémie à Mayotte, les chercheurs ont choisi de travailler à partir de données consolidées sur une période de près de 2 ans entre le 13 mars 2020 et le 13 janvier 2022.

Suite à l'émergence du Covid-19 et à sa propagation hors de Chine, l'Europe et maintenant le monde entier subissent de grandes perturbations liées à l'épidémie. En réponse, plusieurs pays ont mis en œuvre des interventions non pharmaceutiques sans précédent : l'isolement des cas d'individus symptomatiques et de leurs contacts, la sécurité des écoles et des universités, l'interdiction des rassemblements de masse et de certains événements, la distanciation sociale à grande échelle, y compris les verrouillages locaux et nationaux des populations via des déplacements internes et externes, sauf essentiels, interdits.

CONTEXTE ET DESCRIPTION DES DONNÉES

Les enjeux de la modélisation sont déjà présents dans l'histoire occidentale des sciences où l'emploi de modèles mathématiques comme réponse aux problématiques de santé publique y ont été décrits (la grippe, la variole, le paludisme). L'étude de la dynamique épidémique du Covid-19 nécessite de comprendre sa transmission de personne à personne dans le temps, l'âge des infections et bien d'autres facteurs.

"...explorer différents scénarios d'interventions non pharmaceutiques."

La collaboration entre le Centre Universitaire de Formation et de Recherche et l'Agence Régionale de Santé de Mayotte avec le Laboratoire de Mathématiques et Applications (UMR 7348 – CNRS / Université de Poitiers) s'est faite dans la mise en place d'outils d'analyse de données et de modélisation et plus particulièrement sur les données du Covid-19. Une partie des outils de modélisation vise à calibrer et à apporter une compréhension de la dynamique d'évolution de l'épidémie notamment le nombre de reproductions afin d'explorer différents scénarios d'interventions non pharmaceutiques. Mais qu'en est-il réellement de cet outil et comment fonctionne-t-il ? Le nombre de reproduction de base contribue à l'épidémiologie pour l'estimation de ce paramètre sur cet intervalle de temps basé sur les intervalles de transmission observés et les données d'incidence.

COMPRENDRE LE DÉVELOPPEMENT ÉPIDÉMIQUE

Bien analyser les phases d'une épidémie est important pour contrôler sa propagation et un des indicateurs qui témoigne de l'ampleur de l'épidémie est le taux de reproduction. Il est historiquement défini comme le nombre moyen de nouveaux cas d'infection générés par un individu au cours de période d'infectiosité. Il est souvent dit « taux de reproduction de base » et noté R_0 en début d'épidémie, et en absence de mesure sanitaire. Comme on le sait, si ce nombre est inférieur à 1 alors l'épidémie aura tendance à s'éteindre. Il existe plusieurs méthodes pour estimer ce paramètre en début d'épidémie et dans le temps. En analysant les données de Mayotte, il a pu être observé un grand nombre de cas au Nord-Est de la capitale Mamoudzou et au Sud-Est, dans des communes où la densité de population est la plus forte.

Afin de simplifier les formalismes mathématiques, il est raisonnable de supposer que l'intervalle de temps entre l'infection, l'apparition des symptômes et la transmission ultérieure n'affectent pas la période d'incubation de l'infecté. Très souvent, comme le temps de génération ne peut pas être observé directement, il est remplacé par l'intervalle sériel. Il peut être obtenu à partir du décalage temporel entre tous les couples (ou binômes) infectés et infecteurs dans une chaîne de transmission ciblée.

Pour résumer, après une infection, l'apparition des symptômes est fortement observée en moyenne au bout de 3 jours mais peut débuter le premier jour de l'infection (faible probabilité) et au bout de 7-12

jours. L'infectiosité peut commencer 2 à 4 jours avant l'apparition des symptômes (fin de la période d'incubation) et peut s'étendre jusqu'à 7 ou 8 jours après l'apparition des symptômes. Ces estimations sont basées sur des méthodes statistiques. Sur la base de ces méthodes, on obtient aussi l'estimation des densités de l'intervalle sériel et du temps de génération.

L'ÉVOLUTION DU TAUX DE REPRODUCTION

Pour estimer le nombre de reproductions au jour « J », on utilise les données des nombres journaliers de cas observés et du temps de génération. Les mathématiciens calculent alors le nombre de reproductions de base par le ratio de l'incidence du jour, par les incidences des jours précédents pondérés rétrospectivement par leur temps de génération, ce dernier s'expliquant par la contribution relative de chaque jour post-infection au potentiel total de contagiosité sur toute la durée infectieuse.

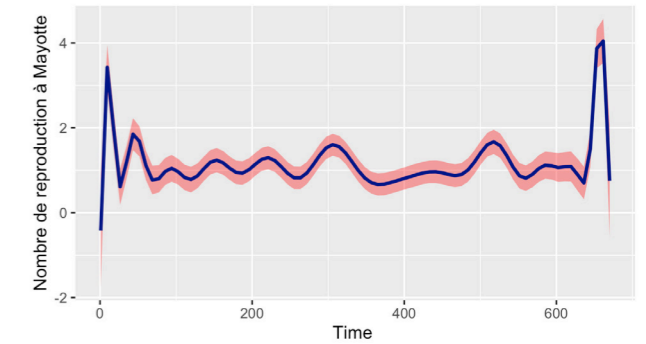
Notons $\Gamma(t)$ le nombre de nouveaux cas à l'instant t et g le temps de génération. Soit T un temps d'horizon fini.

$$R_0(t) = \frac{\Gamma(t)}{\sum_{0 \leq \tau \leq T} g(\tau) \Gamma(t - \tau)}$$

Cette formulation mathématique basée sur une approche dite non paramétrique permet de mettre en place une procédure algorithmique.

Il faut noter une autre lecture remarquable sur le taux de reproduction permettant d'estimer la cinétique de l'épidémie sous certaines hypothèses. En effet, sous une durée de contagiosité constante, on exprime le taux de reproduction de base en fonction du temps de doublement des cas sous la forme $(R-1)T = D \ln(2)$.

Au début de l'épidémie à Mayotte, le taux de reproduction était compris entre 3 et 4 montrant que l'épidémie s'installait et qu'un individu infecté pouvait contaminer entre 3 et 4 personnes. Les mesures de confinement en France et appliquées aussi à Mayotte à partir du 17 mars ont permis de faire baisser cet indicateur en dessous de 1, un mois plus tard à la mi-avril 2020 montrant le recul temporaire de l'épidémie durant cette période. Une autre augmentation des cas s'est fait ressentir à la sortie du confinement en mai 2020, ce qui a amené les autorités et l'ARS de Mayotte à sonner l'alerte et à mettre en place d'autres mesures d'intervention non pharmaceutiques comme l'instauration des couvre-feux, le port du masque obligatoire dans les espaces publics. Le taux de reproduction permettait ainsi d'analyser la situation épidémique locale mais pas uniquement. En effet, les valeurs du taux de reproduction ne doivent pas être interprétées de façon isolée mais analysées en parallèle avec les autres indicateurs épidémiologiques important notamment les tensions en hospitalisation et en réanimation. Comme on peut le voir,



Évolution du nombre de reproduction à Mayotte

un pic élevé du taux de reproduction est observé en fin d'année 2021 et début d'année 2022, ce qui a justifié les décisions des autorités locales d'instaurer un couvre-feu pendant les week-end de 20h à 5h le lendemain matin. Les commerces ont été soumis à des mesures de restrictions de jauges à 50% de l'effectif théorique et le respect des quatre mètres carrés de distanciation : la vague Omicron secouait ainsi Mayotte en ce début d'année.

Sur la base de ces estimations du taux de reproduction, les chercheurs peuvent mettre en place des modèles mathématiques pour explorer davantage des évolutions prédictives de la courbe épidémique en fonction des scénarios d'interventions (non) pharmaceutiques. La mise en place de tels modèles (déterministes ou stochastiques) et l'estimation des paramètres dans ces modèles sont étudiées aujourd'hui dans le cadre d'une collaboration avec le Laboratoire de Mathématiques et Applications au travers des actions de recherche impliquant des stages et d'éventuelles thèses à l'avenir. À l'avenir, cette collaboration permettra de mettre en place des modèles mathématiques adaptées théoriques et pratiques importants pour la surveillance épidémiologique et l'évaluation de scénarios. Les périodes de vague épidémiques à Mayotte n'étant pas les mêmes avec la France métropolitaine, toutes ces actions de recherche concernant la mise en place d'indicateurs et de modèles de surveillance épidémiologiques prennent tout leur sens.

Les décès observés à Mayotte ne sont pas comparables aux autres départements de métropole. La jeunesse de la population mahoraise l'a-t-elle épargnée des scénarios catastrophiques craints au début de l'épidémie ? Les mutations du virus sont-elles moins létales à Mayotte ? Ces deux questions laissent à penser que le défi de la modélisation est encore à venir en termes de réponse ou de solution à la crise Covid.

Solym MANOU-ABI < CUFR de Mayotte, IMAG, LMA
solym.manou-abi@univ-mayotte.fr

Yousri SLAOUI < LMA
yousri.slaoui@univ-poitiers.fr

Julien BALICCHI < ARS de Mayotte
julien.balicchi@ars.sante.fr

<http://rech-math.sp2mi.univ-poitiers.fr/>

QUELQUES DÉFINITIONS DE BASE SUR LE PROCESSUS DE TRANSMISSION

Considérons un infectant i et un infecté j .

L'intervalle de temps de génération $G(i,j)$ est l'intervalle de temps entre l'infection de i et l'infection de j .

L'intervalle sériel $S(i,j)$ est l'intervalle de temps entre l'apparition des symptômes de l'infecteur i et apparition des symptômes chez l'infecté j .

La période d'incubation $E(i,j)$ de l'infecté j est le temps passé entre le moment où l'infecté j est infecté par son infecteur et le moment où il pourrait voir ses symptômes.

Le profil d'infectiosité $P(i,j)$ est l'intervalle de temps depuis l'apparition des symptômes de i à l'infection de j .