

Modéliser la transmission de pathologies entre l'animal et l'être humain

[Jakob Zinsstag] Pour toute maladie, l'interaction d'hôtes sensibles, infectieux et immunitaires détermine la façon avec laquelle une maladie infectieuse s'établit, se propage ou disparaît. Cela inclut la transmission de maladies entre l'animal et l'homme. À l'aide de ces données, on crée des approches One Health dynamiques pour résoudre les problèmes.

La transmission de nombreuses maladies infectieuses peut être divisée en plusieurs compartiments : le nombre d'individus susceptibles S , d'individus infectieux I et d'individus rétablis ou immunitaires R . C'est de là que vient le terme „modèle SIR“. Initialement, de tels modèles ont été développés en 1760 par Daniel Bernoulli à Bâle, puis plus tard par Kendall et McCormick en 1925. Pour le moment, nous développons juste les principes de base d'un tel modèle de transmission pour présenter notre simulation de la transmission de maladies infectieuses entre l'animal et l'homme.

Les flèches pointées vers un compartiment indiquent l'augmentation d'une quantité et les flèches pointées en direction opposée une baisse chez les individus. On applique ici une approche déterministe. Le compartiment des individus susceptibles S augmente par le taux de naissance μ . On considère que les descendants du compartiment infecté ou rétabli sont susceptibles, en supposant qu'il n'y ait pas de transmission maternelle.

Les flèches μ pointées en direction opposée du compartiment représentent le taux de mortalité. Il est considéré identique dans tous les compartiments car on présume qu'il n'y a pas de décès dus à la maladie. Pour plus de simplicité, on présume que la taille de la population est constante, ce qui signifie que le taux de naissance est égal au taux de mortalité. Les individus susceptibles sont infectés par un taux de contact β . β est le produit de la probabilité transmission-contact. Il est proportionnel à la taille de la population susceptible S et la population infectieuse I . La taille du taux de contact dépend des caractéristiques biologiques, comme le mode de transmission, la reproduction et la composition de l'agent. La population infectieuse I augmente par le produit βIS . Les animaux infectieux

se rétablissent par le taux delta, qui est l'inverse de la durée de la maladie. En outre, on présume que la durée de maladie est courte par rapport à la durée de vie de l'hôte et que les individus rétablis ont une immunité permanente à l'infection.

Maintenant, on ajoute la population humaine ci-dessous de la même manière. Typiquement, les humains sont infectés par contact avec les animaux. Par exemple, pour la rage par les morsures de chiens ou pour la brucellose par contact direct avec les moutons. On calcule maintenant les humains infectés, I_H , par α multiplié par I_A multiplié par S_H . C'est l'interface animal-humain dynamique qui nous permet de quantifier le potentiel zoonotique d'une zoonose donnée.

Pour calculer ce processus, on peut formuler chaque compartiment avec une équation différentielle, comme celle-ci. Mais c'est une étape beaucoup plus complexe. Il est important de comprendre que l'on traite de dynamique non linéaire. Ici, on peut calculer la transmission entre les animaux seuls et de l'animal à l'homme. Cela montre que si l'on vaccine un certain nombre d'animaux, on peut interrompre la transmission à l'homme.

En divisant la constante de transmission bêta des animaux et la constante de transmission alpha de l'animal à l'homme, on peut estimer le potentiel zoonotique d'une maladie donnée. Par exemple, pour la „*Brucella melitensis*“, un contact infectieux sur 15 avec les animaux cause une infection humaine. Pour la „*Brucella abortus*“, seulement un contact sur 150 avec un animal infectieux cause une infection humaine. Pour la rage canine, le taux est de un sur 400, et pour la tuberculose bovine, cela descend à moins de un sur 1 000. Avec de tels modèles, on peut donc estimer le potentiel zoonotique comparatif dans un contexte donné.

Ces équations n'ont pas de solutions analytiques, mais les paramètres peuvent être estimés par approximation itérative. On voit ici un exemple simple de l'introduction d'un hôte infectieux dans une population d'hôtes susceptibles. Après une période de pointe épidémique initiale, la transmission atteint un état de stabilité endémique. On présume qu'il n'y a pas de mortalité supplémentaire chez les malades, une contagiosité relativement courte et une immunité à vie. De nombreuses maladies zoonotiques sont dans un état de transmission stable endémique si elles ne sont pas contrôlées. Cela signifie qu'il n'y a pas de vague épidémique mais

une transmission continue.

On peut le voir dans l'exemple suivant. Chaque semaine, on a enregistré les chiens enrégés à N'Djamena, la capitale du Tchad, sur une durée de six ans. Les pointes rouges à gauche représentent les chiens enrégés, et à droite, les humains exposés. Les lignes bleues représentent la meilleure adéquation déterministe.