

Modélisation de la Dynamique de Transmission de la Covid-19 en République Démocratique du Congo à l'Aide du Modèle SEI_iRS à Six Classes

MATONDO MANANGA Herman^{1*}, MANGONGO TINDA Yves¹, MABELA MATENDO Rostin¹, BOPILI MBOTIA Richard², EFOTO EALE Louis²

Paper History

Received : January 29, 2021
Revised : September 09, 2021
Accepted : October 19, 2021
Published : November 27, 2021

Keywords

Democratic Republic of Congo, Covid-19, SEI_iRS model, local stability, basic reproduction number, strategy controls

ABSTRACT

Modeling transmission dynamics of Covid-19 in the Democratic Republic of Congo using the six-class SEI_iRS model

The purpose of this paper was to study the transmission dynamics of Covid-19 in Democratic Republic of Congo (DRC) in order to eliminate it. To this end, the SEI_iRS model has been developed and proposed. In this model, the compartment I of SEIRS scheme is divided into two compartments: the compartment of symptomatic individuals and the compartment of asymptomatic individuals. Based on the data reported of DRC through the National Institute of Biomedical Research (INRB) and WHO, we found a basic reproduction number more than unity ($\mathcal{R}_0 > 1$), which ensures the endemicity of Covid-19 in DRC. Sensibility analysis shows that the parameters β (contact rate), ω (recovery rate of asymptomatic individuals), δ (recovery rate of symptomatic individuals) and ϵ (efficacy of treatment rate) influence very significantly the spread of Covid-19 in DRC. Based on these parameters, we proposed some control strategies in order to eliminate Covid-19 in DRC in reasonable time.

¹Département de Mathématiques et Informatique, Faculté des Sciences, Université de Kinshasa, B.P. 190 KIN XI, Kinshasa, République Démocratique du Congo.

²Département de Physique, Faculté de Sciences, Université de Kinshasa, B.P. 190 KIN XI, Kinshasa, République Démocratique du Congo.

*Corresponding author, E-mail: herman.matondo@unikin.ac.cd

INTRODUCTION

Une nouvelle maladie infectieuse très sévère, causée par un agent pathogène de la famille de coronavirus a été identifiée depuis Décembre 2019 dans la Province de Wuhan (Chine) [WHO, 2020]. Depuis lors, la maladie s'est rapidement propagée à travers toute la planète Terre. Baptisée Covid-19 par l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS), l'agent pathogène avait déjà, au 30 octobre 2020, infecté plus de 14,5 millions de personnes à travers le monde et a causé plus de 606 000 décès [WHO, 2020]. Bien qu'au début de la pandémie, l'OMS prédisait pour l'Afrique en général et pour la République Démocratique du Congo en particulier le pire au vu des faiblesses de leurs systèmes sanitaires, cette prédiction n'a pas été observée. En effet, la

République Démocratique du Congo avait jusqu'à la date du 31 octobre 2020 enregistrée, grâce aux stratégies mises en place pour gérer cette pandémie 308 morts, 11373 cas confirmés et 10768 guéris [WHO, 2020 ; MINISTERE DE LA SANTE, RDC, 2020]. L'étude en cours est menée en vue de connaître la dynamique de transmission dans le temps de la covid-19 en vue d'en assurer son contrôle pour son élimination en République Démocratique du Congo (RDC).

En vue de formuler des politiques multisectorielles de gestion de manières efficaces et efficientes de la dynamique de transmission des calamités, les modèles mathématiques ont toujours été un instrument déterminant pour ces études [MACDONALD, 1950 ; MCKENDRICK, 1915 ; KERMACK et al., 1927]. De même, plusieurs auteurs ont mis en place des modèles

mathématiques pour étudier la dynamique de la transmission de la Covid-19, dont SALISU et al. [2020] qui ont étudié la dynamique de la Covid-19 en Afrique du sud en intégrant l'aspect environnemental comme facteur de transmission de la maladie, NDAIROU et al. [2020] qui ont étudié la dynamique de la Covid-19 à Wuhan en Chine avec leur modèle à 8 classes. SERHANI et al. [2020] ont développé un modèle qui intègre des infectés asymptomatiques en interaction avec la population. Très récemment, NDONDO et al. [2021] ont étudié la dynamique de transmission et le contrôle optimal de la Covid-19 avec trois formes des infectieux en République Démocratique du Congo. Par ailleurs, IDRIS et al. [2021] ont proposé un modèle qui intègre la Covid-19 et l'infection VIH en utilisant l'opérateur ABC-fractional.

La présente étude décrit, dans le temps, la dynamique de transmission de la Covid-19 en environnement déterministe au moyen des équations différentielles ordinaires. En effet, le choix du modèle déterministe a été recommandé par FALCONET et al. [2015] pour les échantillons de grande taille. Le modèle mis en place est une extension du modèle classique SEIRS dans lequel le compartiment des infectés/infectieux I a été subdivisé en deux compartiments : le compartiment des infectieux symptomatiques I , et celui des infectieux asymptomatiques A . Ceci se justifie par le fait que, la plupart des infectés de la covid-19 manifestent des symptômes de la maladie même au-delà de sa période latente. En plus, dans ce modèle, il a été supposé que les asymptomatiques ne meurent pas de la Covid-19. Seuls les symptomatiques meurent au taux γ .

MATERIEL ET METHODES

Matériel

Le matériel utilisé : un ordinateur de marque HP dont les caractéristiques sont : processeur AMD A4-5000 APU with RADEON (TM) HD GRAPHICS 1.50 GHZ, MEMOIRE INSTALLEE (RAM) :4,00 Go, TYPE du SYSTEME : SYSTEME D'EXPLOITATION 64 bits, PROCESSEUR x 64 dans lequel les logiciels Spyder 4.1.3., RStudio 3.6.3., SageMath 9.2, et Ms PowerPoint ont été installés.

Formulation du modèle et description des variables

Cette section propose d'abord un modèle à compartiments pour décrire la dynamique de transmission de la covid-19 en République Démocratique du Congo. Ce modèle proposé est une extension du modèle classique SEIRS ayant 6 classes (compartiments). Son compartiment E est éclaté en deux (A : compartiment des asymptomatiques et I : compartiment de symptomatiques). Les autres compartiments sont : S : compartiment des susceptibles, E : compartiment des exposés, R : compartiment des guéris et D : compartiment des décédés dû

à la Covid-19. La Figure 1 est le diagramme de transfert de la population d'un compartiment à un autre.

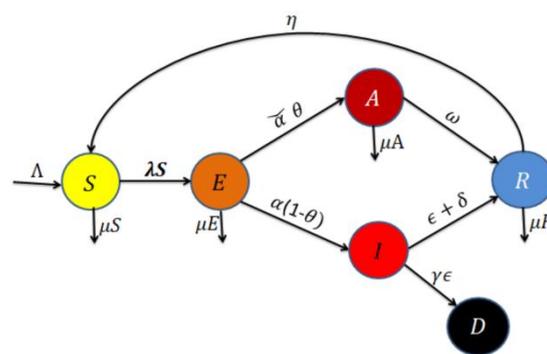


Figure 1 : Le diagramme du modèle proposé

Le peuplement de différents compartiments procède comme suit : dans S , un susceptible devient exposé après un contact adéquat durant une période d'incubation moyenne de 14 jours, soit il manifeste les symptômes, devient symptomatique et entre dans le compartiment I ; soit il ne manifeste pas de symptômes et passe dans la classe des asymptomatiques A . Un infecté de la classe I peut, après un traitement, guérir et passer à la classe de guéris R ; soit, il peut également mourir de la Covid-19 et passe dans la classe D . Enfin, un guéri de la Covid-19 peut de nouveau devenir susceptible avec un taux η . D'où l'hypothèse selon laquelle tous les asymptomatiques ne meurent pas du Covid-19 mais tous guérissent de la maladie après un certain temps.

Quant aux paramètres qui font évoluer la population d'une classe à une autre, il y a :

Le recrutement Λ défini par

$$\Lambda = \mu_n \times N \quad (1)$$

Avec N : population du système défini dans la relation (2) et μ_n : taux de recrutement dans le système. On suppose également qu'il est égal au taux de décès naturel μ .

La population du système est donc donnée par

$$N(t) = S(t) + E(t) + I(t) + A(t) + R(t) + D(t). \quad (2)$$

Les données initiales des variables de la relation (2) ont été collectées en date du 06 juin 2020, dans le site www.stopcoronavirus.cd.

La force de l'infection λ défini par :

$$\lambda = \beta \times \frac{I+A}{N} \quad (3)$$

Le Tableau 1, liste les paramètres du modèle dont les valeurs ont été simulées.

Tableau 1 : Paramètres du modèle et leurs valeurs simulées

Symboles	Descriptions	Valeurs Simulées
Λ	Récrutement	169.96320
α	Taux d'incubation	0.17143
β	Taux de transmission	0.20000
μ	Taux de la mortalité naturelle	0.00990
γ	Taux de décès dû à la Covid-19	0.00028
θ	Proportion des asymptomatiques	0.85000
ϵ	Taux de l'efficacité du traitement	0.270000
ω	Taux de guérison des asymptomatiques	0.09164
η	Taux de retour vers S	0.00100
δ	Taux de guérison	0.10000

Du diagramme de la Figure 1, on déduit le système d'équations différentielles ci-dessous :

$$\begin{cases} \dot{S} = \Lambda + \eta R - \left(\beta \left(\frac{I+A}{N} \right) + \mu \right) S \\ \dot{E} = \beta \left(\frac{I+A}{N} \right) S - (\alpha(1-\theta) + \bar{\alpha}\theta + \mu) E \\ \dot{I} = (1-\theta)\alpha E - (\gamma\epsilon + \delta + \epsilon) I \\ \dot{A} = (\bar{\alpha}\theta) E - (\omega + \mu) A \\ \dot{R} = (\delta + \epsilon) I + \omega A - (\eta + \mu) R \\ \dot{D} = (\gamma\epsilon) I \end{cases} \quad (4)$$

La solution du système (4) est un point X de \mathbb{R}_+^6 défini dans l'espace des solutions Ω ci-dessous défini :

$$\Omega = \{X = (S_t, E_t, I_t, A_t, R_t, D_t) \in \mathbb{R}_+^6 : S_t + E_t + I_t + A_t + R_t + D_t \leq N_t\}, \quad (5)$$

Ce système admet comme conditions initiales, le système (6) suivant :

$$\begin{cases} S(0) = S_0 \geq 0, \\ E(0) = E_0 \geq 0, \\ I(0) = I_0 \geq 0, \\ A(0) = A_0 \geq 0, \\ R(0) = R_0 \geq 0, \\ D(0) = D_0 \geq 0 \end{cases} \quad (6)$$

L'égalité (2) peut s'écrire sous la forme

$$D(t) = N(t) - (S(t) + E(t) + I(t) + A(t) + R(t)). \quad (7)$$

Substituant la relation (7) dans (4), on a après calculs le système (8) qui sera considéré dans la suite des analyses avec les mêmes conditions initiales définies en (6).

$$\begin{cases} \dot{S} = \Lambda + \eta R - \left(\beta \left(\frac{I+A}{N} \right) + \mu \right) S \\ \dot{E} = \beta \left(\frac{I+A}{N} \right) S - (\alpha(1-\theta) + \bar{\alpha}\theta + \mu) E \\ \dot{I} = (1-\theta)\alpha E - (\gamma\epsilon + \delta + \epsilon) I \\ \dot{A} = (\bar{\alpha}\theta) E - (\omega + \mu) A \\ \dot{R} = (\delta + \epsilon) I + \omega A - (\eta + \mu) R \end{cases} \quad (8)$$

Analyse du modèle

Dans cette partie, les points d'équilibre du modèle proposé seront analysés, ensuite le nombre de reproduction de base (\mathcal{R}_0) sera calculé et enfin, la stabilité locale du point d'équilibre sans maladie sera étudiée.

Les points d'équilibre du modèle

Théorème 1 : Point d'Equilibre Sans Maladie (PESM). Le système (8) admet un point d'équilibre appelé « point d'équilibre sans maladie », donné par :

$$X^0 = \left(\frac{\Lambda}{\mu}, 0, 0, 0, 0, 0 \right) \quad (9)$$

Preuve : En l'absence de la Covid-19, les compartiments infectieux : (les exposés, les symptomatiques et les asymptomatiques) sont vides. Ceci revient à dire qu'il n'y aura plus des guéris ni des décédés dus à la Covid-19. On peut donc admettre, en tenant compte des conditions initiales définies en (6), que :

$$E = I = A = R = D = 0 \quad (10)$$

Egalant toutes les équations du système (8) à zéro, on obtient,

$$S = \frac{\Lambda}{\mu}$$

D'où le point d'équilibre

$$X^0 = \left(\frac{\Lambda}{\mu}, 0, 0, 0, 0, 0 \right).$$

Théorème 2 : Point d'Equilibre Coexistant. Durant la propagation de la Covid-19, le système (8) admet un autre point d'équilibre qui coexiste avec le point d'équilibre sans maladie donné par :

$$X^* = (S^*, E^*, I^*, A^*, R^*, D^*), \quad (11)$$

Où les composantes de la solution sont données par les fonctions explicites :

$$\begin{cases} S^* = \frac{\beta(I+A+\mu N)}{AN} \\ E^* = \frac{\beta S(I+A)[\beta S(I+A)+\mu N^2]}{N^2\Lambda(\alpha(1-\theta)+\bar{\alpha}\theta+\mu)} \\ I^* = \frac{\beta S(I+A)[\beta S(I+A)+\mu N^2]\alpha(1-\theta)}{N^2\Lambda(\alpha(1-\theta)+\bar{\alpha}\theta+\mu)(\gamma\epsilon+\delta+\epsilon)} \\ A^* = \frac{\beta S(I+A)[\beta S(I+A)+\mu N^2]\bar{\alpha}\theta}{N^2\Lambda(\alpha(1-\theta)+\bar{\alpha}\theta+\mu)(\mu+\omega)} \\ R^* = \frac{\beta S(I+A)[\beta S(I+A)+\mu N^2][\alpha(1-\theta)(\delta+\epsilon)+\bar{\alpha}\theta\omega]}{N^2\Lambda(\alpha(1-\theta)+\bar{\alpha}\theta+\mu)(\mu+\eta)[(\gamma\epsilon+\delta+\epsilon)+(\mu+\omega)]} \\ D^* = \frac{\beta S(I+A)[\beta S(I+A)+\mu N^2](1-\theta)\alpha(\gamma\epsilon)}{N^2\Lambda(\alpha(1-\theta)+\bar{\alpha}\theta+\mu)(\gamma\epsilon+\delta+\epsilon)} \end{cases} \quad (12)$$

Preuve : Egalant à zéro le système (8) et après plusieurs substitutions, on obtient la solution point d'équilibre coexistant X^* .

Nombre de reproduction de base

Le nombre de reproduction de base, noté \mathcal{R}_0 est défini comme étant le nombre moyen de cas secondaires engendrés par un infectieux introduit dans une population saine durant sa période infectieuse. Si $\mathcal{R}_0 < 1$, la Covid-19 va s'éteindre dans la population et si $\mathcal{R}_0 > 1$, la Covid-19 restera dans la population et deviendra endémique. Ce nombre de reproduction de base \mathcal{R}_0 calculé, notamment, dans le modèle SEAIR par SAMUEL, et al, [2020] joue un rôle crucial dans la maîtrise et le contrôle d'une épidémie. L'algorithme de la nouvelle génération (Next Generation Matrix) sera utilisé comme expliqué par VAN DEN DRIESSCHE et WATMOUGH, [2002] pour le calculer dans ce cas. Puisque les compartiments contenant des infectés/infectieux sont E, I et A tandis que ceux ne les contenant pas sont S et R, on écrit le système (8) comme suit : $\dot{X} = \mathcal{F} - \mathcal{V}$, où \mathcal{F} est la matrice de production des nouvelles infections et \mathcal{V} la matrice de transition entre les compartiments du système.

Partant du système (8), on a donc :

$$\mathcal{F} = \begin{pmatrix} \beta \frac{I+A}{N} S \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix} \text{ et } \mathcal{V} = \begin{pmatrix} k_1 E \\ k_2 I - (1-\theta)\alpha E \\ k_3 A - \bar{\alpha}\theta E \end{pmatrix} \quad (13)$$

où

$$\begin{cases} k_1 = \alpha(1-\theta) + \bar{\alpha}\theta + \mu \\ k_2 = \epsilon\gamma + \delta + \epsilon \\ k_3 = \mu + \omega \end{cases}$$

Les Jacobiennes de ces deux matrices au point d'équilibre sans maladie donnent respectivement :

$$F = \begin{pmatrix} 0 & \beta \frac{\mu_n}{\mu} & \beta \frac{\mu_n}{\mu} \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} \text{ et } V = \begin{pmatrix} k_1 & 0 & 0 \\ -(1-\theta)\alpha & k_2 & 0 \\ -\bar{\alpha}\theta & 0 & k_3 \end{pmatrix}.$$

Après quelques calculs, la matrice de la prochaine génération FV^{-1} est donnée par :

$$FV^{-1} = \begin{pmatrix} \frac{\beta\mu_n}{\mu k_1} \left(\frac{(1-\theta)\alpha}{k_2} - \frac{\theta\bar{\alpha}}{k_3} \right) & \frac{\beta\mu_n}{\mu k_2} & \frac{\beta\mu_n}{\mu k_3} \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}.$$

Le nombre de reproduction de base \mathcal{R}_0 est donnée par le rayon spectral de la matrice de nouvelle génération $F.V^{-1}$ donné par :

$$\mathcal{R}_0 = \rho(F.V^{-1}) = \frac{\Lambda\beta((\epsilon\gamma+\delta+\epsilon)\theta\delta) - (\mu+\omega)(\theta-1)}{N\mu(\epsilon\gamma+\delta+\epsilon)[(N+\omega)\theta\bar{\alpha} - (\mu+\omega)\theta - \mu - \omega] + \mu^2 + \mu\omega} \quad (14)$$

Utilisant les données du Tableau 1, on trouve que $\mathcal{R}_0 = 2,24$. De même BACAER et al. [2020], OGDEN et al. [2020] ont aussi calculé ce paramètre pour la France et le Canada et ont trouvé respectivement : $\mathcal{R}_0 = 2,33$ et $\mathcal{R}_0 = 1, 17$. Comme $\mathcal{R}_0 > 1$, la Covid-19 continuera à se propager dans la population congolaise.

Stabilité globale du PESM

Théorème 3 : Stabilité Globale. Soit \mathcal{R}_0 défini par la relation (14), le point d'équilibre sans maladie, X^0 est globalement asymptotiquement stable dans Ω si $\mathcal{R}_0 \leq 1$. Si $\mathcal{R}_0 > 1$, X^0 est instable, le système persiste uniformément et il existe au moins un point d'équilibre à l'intérieur de Ω .

Preuve : Pour construire la fonction de Lyapunov, on utilise la méthode matricielle développée par SHUAI et VAN DEN DRIESSCHE [2013]. Pour cette construction, on suppose que $x = (E, I, A)^T$ et $y = (S, R)^T$.

Les calculs de $f(x, y) = (F - V)x - \mathcal{F}(x, y) + \mathcal{V}(x, y)$ donnent :

$$f(x, y) = \beta(I + A) \begin{pmatrix} \frac{\mu_n}{\mu} - \frac{S}{N} \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix}, \quad V^{-1} = \begin{pmatrix} \frac{1}{k_1} & 0 & 0 \\ \frac{(1-\theta)\alpha}{k_1 k_2} & \frac{1}{k_2} & 0 \\ \frac{\theta\bar{\alpha}}{k_1 k_3} & 0 & \frac{1}{k_3} \end{pmatrix}$$

et

$$V^{-1}F = \begin{pmatrix} 0 & \frac{\beta\mu_n}{\mu k_1} & \frac{\beta\mu_n}{\mu k_1} \\ 0 & \frac{(1-\theta)\alpha\beta\mu_n}{\mu k_1 k_2} & \frac{(1-\theta)\alpha\beta\mu_n}{\mu k_1 k_2} \\ 0 & \frac{\beta\mu_n\theta\bar{\alpha}}{\mu k_1 k_3} & \frac{\beta\mu_n\theta\bar{\alpha}}{\mu k_1 k_3} \end{pmatrix}$$

Puisque $S \leq N$, $f(x, y) \geq 0$, on observe aussi que $F \geq 0, V^{-1} \geq 0$ et $f\left(x, \left(\frac{\mu_n}{\mu}, 0\right)\right) = 0$ dans Ω . Comme la matrice $V^{-1}F$ est réductible, on utilise le théorème 2.1 [SHUAI et VAN DEN DRIESSCHE, 2013] pour construire la fonction de Lyapunov du système. En supposant alors que $\omega^T = (v_1, v_2, v_3) \geq 0$ est un vecteur propre à gauche de la matrice $V^{-1}F$ correspondant à la valeur propre \mathcal{R}_0 , l'égalité suivante est vérifiée :

$$(v_1, v_2, v_3)V^{-1}F = \mathcal{R}_0(v_1, v_2, v_3) \tag{15}$$

Après résolution de (15), on trouve :

$$v_1 = 0, v_2 = \frac{(\mathcal{R}_0 - \frac{\beta\theta\mu_n\bar{\alpha}}{k_1k_3\mu})k_1k_2\mu}{(1-\theta)\alpha\beta\mu_n} v_3, v_3 \in \mathbb{R}^+.$$

On a donc :

$$\omega^T = \left(0, \frac{(\mathcal{R}_0 - \frac{\beta\theta\mu_n\bar{\alpha}}{k_1k_3\mu})k_1k_2\mu}{(1-\theta)\alpha\beta\mu_n} v_3, v_3 \right).$$

D'où, selon le théorème 2.1 [SHUAI et VAN DEN DRIESSCHE, 2013], la fonction L est définie par :

$$\begin{aligned} L &= \omega^T V^{-1} x \\ &= \left(0, \frac{(\mathcal{R}_0 - \frac{\beta\theta\mu_n\bar{\alpha}}{k_1k_3\mu})k_1k_2\mu}{(1-\theta)\alpha\beta\mu_n} v_3, v_3 \right) \begin{pmatrix} \frac{1}{k_1} & 0 & 0 \\ (1-\theta)\alpha & \frac{1}{k_2} & 0 \\ \frac{\theta\bar{\alpha}}{k_1k_3} & 0 & \frac{1}{k_3} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} E \\ I \\ A \end{pmatrix} \\ &= \left[\left(\frac{\mu(\mathcal{R}_0 - \frac{\beta\theta\mu_n\bar{\alpha}}{k_1k_3\mu})}{\beta\mu_n} + \frac{\theta\bar{\alpha}}{k_1k_3} \right) E + \frac{\mu k_1(\mathcal{R}_0 - \frac{\beta\theta\mu_n\bar{\alpha}}{k_1k_3\mu})}{(1-\theta)\alpha\beta\mu_n} I + \frac{1}{k_3} A \right] v_3 > \\ &0, \forall X \neq X^0 \text{ et pour } \mathcal{R}_0 \geq \frac{\beta\theta\mu_n\bar{\alpha}}{k_1k_3\mu}; \end{aligned}$$

L représente la fonction de Lyapunov pour le système (8).

Sa différentiation par rapport au temps t est :

$$\dot{L} = (\mathcal{R}_0 - 1)\omega^T x - \omega^T V^{-1} f(x, y).$$

$$\begin{aligned} \dot{L} &= (\mathcal{R}_0 - 1) \left(\frac{(\mathcal{R}_0 - \frac{\beta\theta\mu_n\bar{\alpha}}{k_1k_3\mu})k_1k_2\mu}{(1-\theta)\alpha\beta\mu_n} I + A \right) v_3 \\ &\quad - \left(\frac{\mu(\mathcal{R}_0 - \frac{\beta\theta\mu_n\bar{\alpha}}{k_1k_3\mu})}{\beta\mu_n} + \frac{\theta\bar{\alpha}}{k_1k_3} \right) \left(\frac{\mu_n}{\mu} - \frac{S}{N} \right) v_3 \end{aligned}$$

Puisque $S \leq N$, si $\mathcal{R}_0 \leq 1$ alors $\dot{L} < 0$. De plus $\dot{L} = 0$ implique que $A = I = 0$ et $S = \frac{\mu_n N}{\mu}$. Donc le plus grand ensemble invariant du modèle quand $\dot{L} = 0$ est le singleton $\left\{ \left(\frac{\mu_n N}{\mu}, 0, 0, 0, 0 \right) \right\}$. Par le principe d'invariance de Lasalle [LASALLE, 1960], le point d'équilibre sans maladie sera globalement asymptotiquement stable à condition que $\mathcal{R}_0 \leq 1$. En outre, si $\mathcal{R}_0 > 1$, alors $\dot{L} > 0$ pour $\frac{\mu_n}{\mu} = \frac{S}{N}$. Donc par la continuité, \dot{L} reste positive dans un certain voisinage de X^0 qui implique que X^0 est instable quand $\mathcal{R}_0 > 1$.

Analyse de sensibilité

Toute maladie évolue dans le temps. Cette évolution est décrite dans sa modélisation mathématique par des variables et des paramètres. Dans cette évolution, il s'avère que certains paramètres influencent plus que d'autres sa propagation. Pour trouver les paramètres qui influencent plus la propagation de la Covid-19, on calcule la quantité (16):

$$\frac{\partial \mathcal{R}_0}{\partial \zeta} * \frac{\zeta}{\mathcal{R}_0} \tag{16}$$

avec ζ un paramètre quelconque de la relation (14).

La dérivation de \mathcal{R}_0 par rapport à chacun de ses paramètres donne :

$$\begin{aligned} \frac{\partial \mathcal{R}_0}{\partial \beta} &= \frac{(\epsilon\gamma + \delta + \epsilon)\theta\delta - \Lambda(\mu + \omega)(1 + \theta)}{N\mu(\epsilon\gamma + \delta + \epsilon)[(N + \omega)\theta\bar{\alpha} - (\mu + \omega)\theta - \mu - \omega]\alpha + \mu^2 + \mu\omega\mu]} \\ \frac{\partial \mathcal{R}_0}{\partial \epsilon} &= \frac{\Lambda\beta\delta(\gamma + 1)\theta}{N\mu(\epsilon\gamma + \delta + \epsilon)[(N + \omega)\theta\bar{\alpha} - (\mu + \omega)\theta - \mu - \omega]\alpha + \mu^2 + \mu\omega\mu]} \\ \frac{\partial \mathcal{R}_0}{\partial \delta} &= \frac{((\gamma\epsilon + \delta + \epsilon)\theta + \delta\theta)\Lambda\beta}{N\mu(\epsilon\gamma + \delta + \epsilon)[(N + \omega)\theta\bar{\alpha} - (\mu + \omega)\theta - \mu - \omega]\alpha + \mu^2 + \mu\omega\mu]} \\ \frac{\partial \mathcal{R}_0}{\partial \omega} &= \frac{((\gamma\epsilon + \delta + \epsilon)\delta\theta - (\mu + \omega)(\theta + 1))(\alpha(\theta - 1) - \theta\bar{\alpha} - \mu)\Lambda\beta}{N\mu(\epsilon\gamma + \delta + \epsilon)[(N + \omega)\theta\bar{\alpha} - (\mu + \omega)\theta - \mu - \omega]\alpha + \mu^2 + \mu\omega\mu]} \end{aligned}$$

Utilisant la formule (16) et les données du Tableau 1, on obtient les indices de sensibilités regroupés dans la Tableau 2 aux cotés des variables et leurs valeurs.

Tableau 2: Indices de sensibilités

Symbole	Valeur du paramètre	Indice de sensibilité
β	0,200	1,000
ω	0,092	-0,506
δ	0,100	0,250
ϵ	0,270	0,237

Du Tableau 2, les paramètres qui influencent plus la propagation de la Covid-19 en République Démocratique du Congo sont : le taux de transmission β , le taux de guérison des asymptomatiques ω et le taux de guérison des symptomatiques δ puisqu'on sait que, plus l'indice de sensibilité est grand en valeur absolue, plus il influence significativement le nombre de reproduction de base.

RESULTATS

Simulation du modèle

Soucieux de voir le comportement du modèle dans le temps et en fonction de ses paramètres, des simulations numériques des tendances de l'évolution de la Covid-19 en République Démocratique du Congo ont été réalisées en fonction du temps. En plus, les profils de \mathcal{R}_0 par rapport à certains paramètres sensibles ont été tracés. Les simulations ont été réalisées grâce aux données de l'Institut National de Recherche Biomédicale (INRB) de Kinshasa collectées en date du 06 juin 2020 dans le site www.stopcoronavirus.cd, et des valeurs simulées consignées dans le Tableau 1.

Différentes tendances de la covid-19 en fonction du temps (jours) parmi des individus dans chaque classe en R.D.Congo

La Figure 2 montre l'évolution de la Covid-19 en fonction du temps (jours) parmi des individus dans chaque classe à partir du

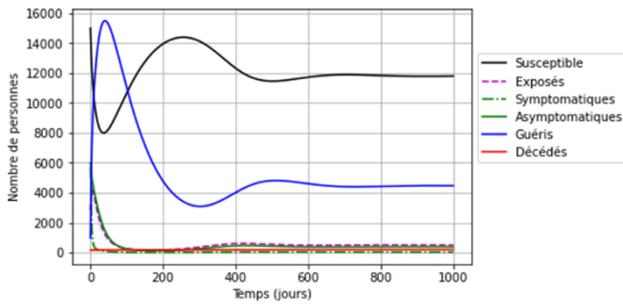


Figure 2 : Evolution de la pandémie Covid-19 en fonction du temps (jours)

six Juin 2020, instant initial pour les simulations.

Profil de \mathcal{R}_0

Utilisant les données du Tableau 1, $\mathcal{R}_0 = 2,24$. De même, ce paramètre a été calculé pour la France [BACAER et al., 2020] et le Canada [OGDEN et al., 2020]. Les auteurs ont trouvé pour la France $\mathcal{R}_0 = 2,33$ respectivement pour le Canada et $\mathcal{R}_0 = 1,17$. Puisque $\mathcal{R}_0 > 1$, la Covid-19 continuera à se propager dans la population congolaise comme dans les deux pays cités ci-dessus.

Deux plots (Figures 3 et 4) montrent l'évolution de \mathcal{R}_0 . Le profil sur la Figure 3 est l'évolution de ce paramètre en fonction du taux d'infection tandis que celui sur la Figure 4 est l'évolution du même paramètre en fonction de l'efficacité du traitement.

Quelques scenarios de contrôle

Les Figures 5 à 12 incluses représentent les différents scénarios réalisés pour le contrôle efficace de la Covid-19 en République Démocratique du Congo. Pour ces différents scénarios, les paramètres suivants seront utilisés: $\Lambda, \beta, \omega, \epsilon, \delta$

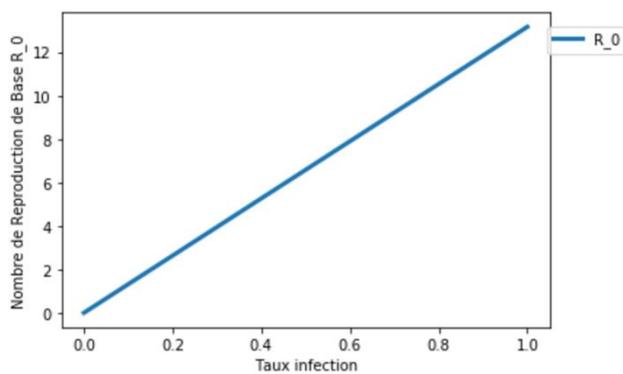


Figure 3 : Profil de \mathcal{R}_0 en fonction du taux d'infection.

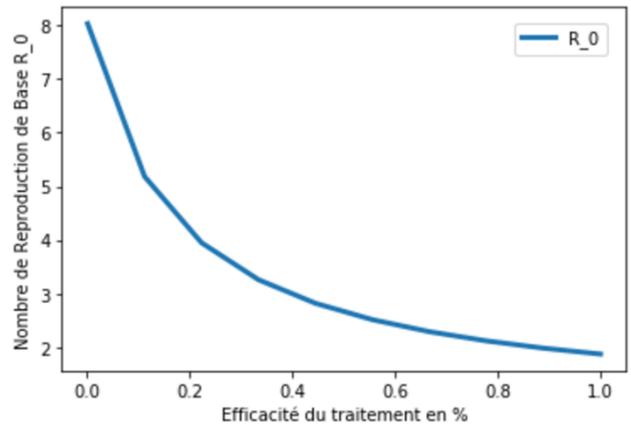


Figure 4 : Profil de \mathcal{R}_0 en fonction de l'efficacité du traitement.

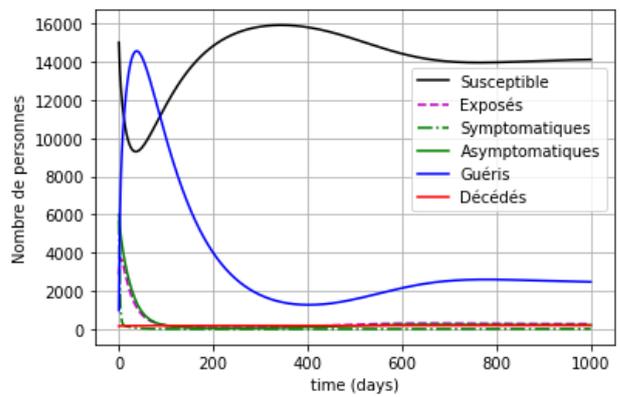


Figure 5a : Courbes des scénarios réalisés pour le contrôle efficace de la Covid-19 en République Démocratique du Congo avec comme valeurs des paramètres : $\Lambda = 30, \beta = 0,05$ et $\epsilon = 0,90$

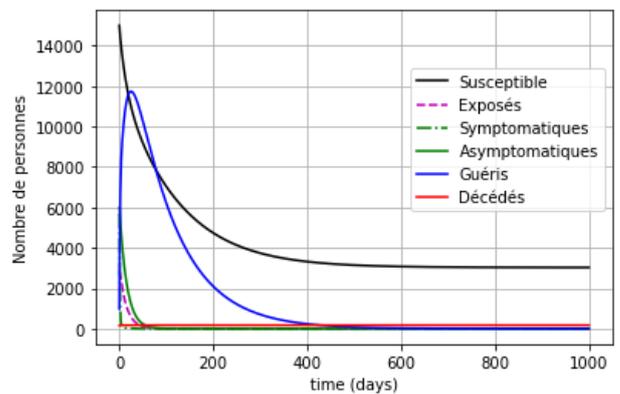


Figure 5b : Courbes des scénarios réalisés pour le contrôle efficace de la Covid-19 en République Démocratique du Congo avec comme valeurs des paramètres : $\Lambda = 30, \beta = 0,05, \epsilon = 0,90, \omega = 2, \delta = 0,1$

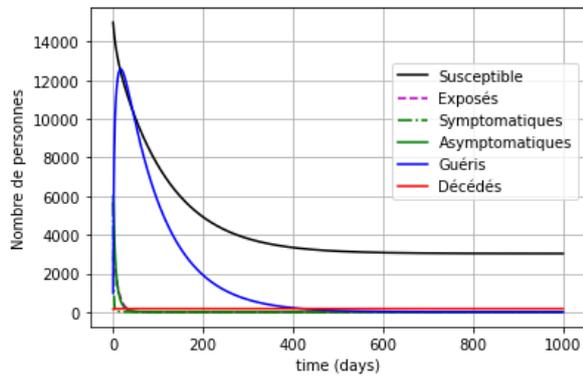


Figure 5c : Courbes des scénarios réalisés pour le contrôle efficace de la Covid-19 en République Démocratique du Congo avec comme valeurs des paramètres : $\Lambda = 30, \beta = 0,05, \epsilon = 0,90, \omega = 0,2, \delta = 0,1$

La Figure 6 présente l'évolution des exposés en fonction de la période incubatrice.

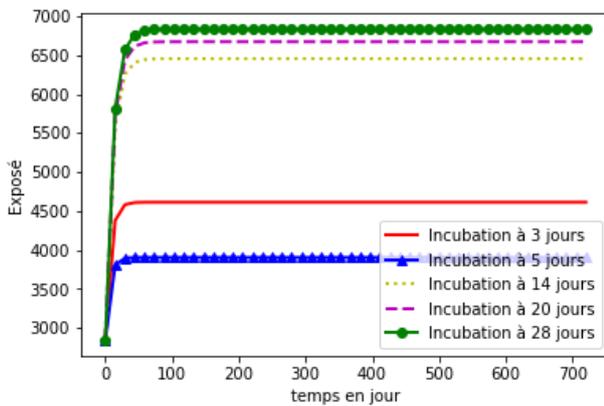


Figure 6 : Evolution du nombre d'exposés en fonction du temps (période d'incubation)

La Figure 7 décrit l'évolution des exposés en fonction du taux de transmission.

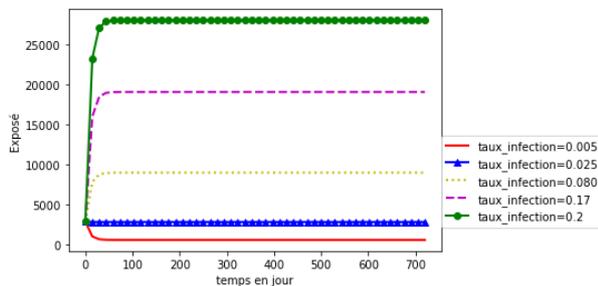


Figure 7 : Evolution du nombre d'exposés en fonction du taux d'infection

La Figure 8 décrit l'évolution du nombre des infectés en fonction du temps d'incubation.

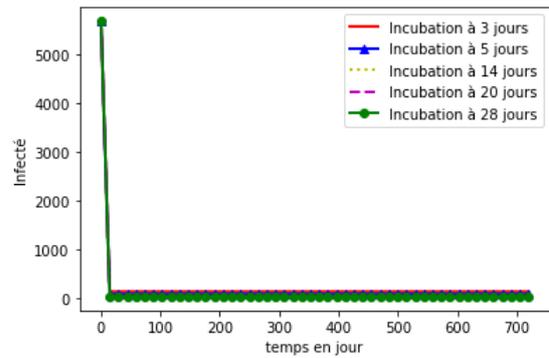


Figure 8 : Evolution du nombre des infectés en fonction de la période d'incubation

La Figure 9 montre l'évolution du nombre des infectés en fonction l'efficacité du traitement.

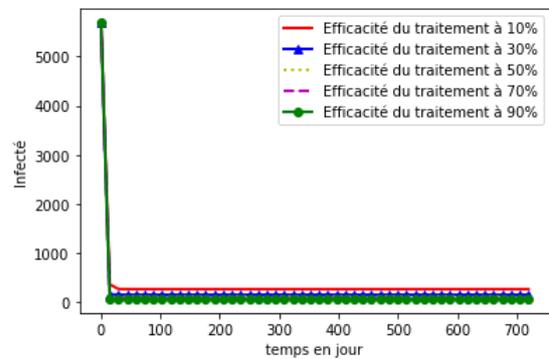


Figure 9 : Evolution du nombre d'infectés en fonction de l'efficacité du traitement

La Figure 10 présente l'évolution du nombre d'asymptomatiques en fonction de la période de latence.

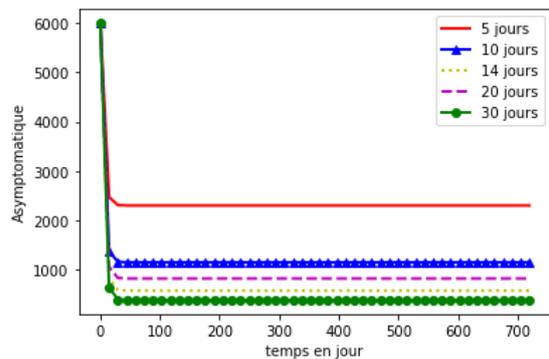


Figure 10 : Evolution du nombre d'asymptomatiques en fonction du temps de latence

La Figure 11 montre l'évolution du nombre des guéris en fonction de l'efficacité du traitement.

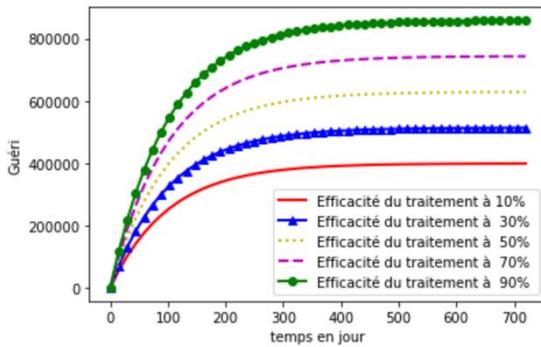


Figure 11: Evolution du nombre de guéris en fonction de l'efficacité du traitement

La Figure 12 montre l'évolution des décès en fonction de l'efficacité du traitement dans le temps.

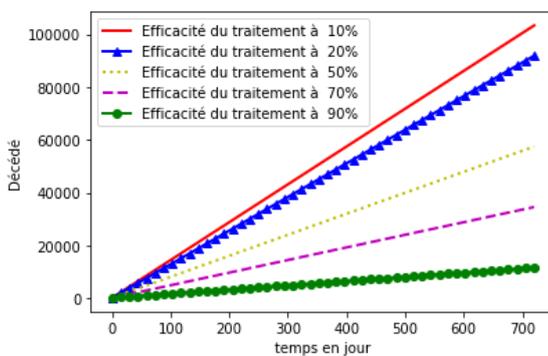


Figure 12: Evolution du nombre de décès en fonction de l'efficacité du traitement

DISCUSSION ET CONCLUSION

Discussion

Des simulations réalisées pour tester le comportement du modèle dans le temps et en fonction de ses paramètres, on peut tirer les informations ci-après :

Les courbes d'évolution de la Covid-19 en fonction du temps (jours) sont sur la Figure 2. Les courbes des classes des susceptibles et des guéris varient en sens inverses modulant les courbes d'évolution des autres classes. Ces courbes d'évolution de notre modèle sont en accord avec celles de plusieurs auteurs [TAHAR, 2020 ; KOCHANZYK et al., 2020, FATIMA, 2016].

Le nombre de reproduction \mathcal{R}_0 est le nombre moyen de cas secondaires d'infectés provoqués par une seule personne infectée au cours de sa période contagieuse [VAN DEN DRIESSCHE et WATMOUGH, 2002]. C'est donc la transmissibilité ou la capacité de transmission d'un virus lors d'une épidémie. C'est un indicateur destiné à quantifier la contagion. En effet, on montre que si $\mathcal{R}_0 > 1$, l'épidémie se développe et si $\mathcal{R}_0 < 1$, l'épidémie régresse. Cet indicateur est donc essentiel pour mettre en place au bon moment les mesures pour stopper l'épidémie.

Les Figures 3 et 4 montrent l'évolution de \mathcal{R}_0 en fonction du taux d'infection et de l'efficacité du traitement. Le profil sur la Figure 3 montre que l'évolution de ce paramètre en fonction du taux d'infection est linéaire tandis que celui sur la Figure 4 a l'allure d'une exponentielle décroissante avec un coefficient d'amortissement faible. Par conséquent, à cette date, la pandémie était en train de se développer.

Pour identifier au bon moment les mesures pour stopper l'épidémie, les mettre en place et évaluer à posteriori l'efficacité des différentes mesures ainsi arrêtées par les autorités sanitaires, on recourt à des simulations qui sont un outil puissant. Par conséquent, les modèles mathématiques fournissent des renseignements utiles pour la prise de décisions visant à contrôler la maladie dans un espace donné en tenant compte des réalités locales [KIVUMBI 2020 ; SOFONEA. et al., 2020, MATHIEU et al., 2020].

Les Figures 5 à 12 incluses sont les courbes de différents scénarios réalisés pour le contrôle efficace de la Covid-19 en République Démocratique du Congo. Pour ces différents scénarios, les paramètres suivants ont été utilisés : $\Lambda, \beta, \omega, \epsilon, \delta$.

Considérant les classes des susceptibles et des susceptibles infectés guéris (Figures (5a, 5b, 5c)), on voit que le maximum des susceptibles infectés guérissent après quelques jours et le reste après 400 jours pour les valeurs choisies des paramètres : recrutement, taux de transmission et taux de l'efficacité du traitement. Les autres classes sont vidées après quelques jours.

La Figure 6 montre que l'évolution des exposés en fonction de la période incubatrice croît exponentiellement quelques jours pour atteindre ensuite des plateaux. Les plateaux correspondant à 14, 20 et 28 jours sont rapprochés par rapport à ceux de 5 et 3 jours. Elles montrent que plus le temps (jours) jusqu'à l'apparition des symptômes est long, plus le nombre des exposés augmente. Donc, le nombre des exposés augmente avec la période d'incubation car les personnes qui contaminent le plus sont celles dont le temps d'incubation est supérieur à 14 jours, la moyenne de la période d'incubation.

La Figure 7 décrit l'évolution des exposés en fonction du taux de transmission. Elle montre que le nombre des exposés augmente si ce taux de transmission est élevé.

La Figure 8 décrit l'évolution du nombre des infectés en fonction du temps d'incubation. Elle montre que plus ce temps est long, moins est le nombre des infectés. Ceci s'explique par le fait que pendant la colonisation des hôtes par les virus, les symptômes ne sont pas encore perceptibles et les personnes infectées ne ressentent que des symptômes bénins qui ne les poussent pas encore à faire un dépistage.

La Figure 9 montre l'évolution du nombre des infectés en fonction de l'efficacité du traitement. Elle renseigne que le

nombre des infectés diminue avec l'augmentation de l'efficacité du traitement. Ceci explique le nombre élevé des guéris constaté en appliquant le schéma clinique mis en place par le gouvernement dans la lutte contre cette pandémie.

La Figure 10 présente l'évolution du nombre d'asymptomatiques en fonction de la période de latence. Elle montre que plus la période de latence est longue, moins est le nombre d'asymptomatiques. Cela s'explique par le fait que la période de latence est inversement proportionnelle au nombre d'infectés dans le temps d'une part et d'autre part puisque nous avons supposé que les asymptomatiques ne meurent pas de la Covid-19 mais guérissent toujours.

La Figure 11 montre l'évolution du nombre des guéris en fonction de l'efficacité du traitement. Ce nombre augmente avec l'efficacité du traitement.

La Figure 12 montre l'évolution des décès en fonction de l'efficacité du traitement dans le temps. Cette évolution du nombre des décès dans le temps est inversement proportionnelle à l'efficacité du traitement car un traitement efficace est synonyme de moins de décès.

Dans la démarche visant à limiter la propagation de la pandémie, les simulations sont un outil puissant pour estimer a priori et évaluer à posteriori l'efficacité des différentes mesures arrêtées par les autorités sanitaires. OGDEN et al. [2020] rapportent que le contrôle de cette pandémie de la Covid-19 a été réalisé à Singapour, en Chine et en Corée du Sud avec un nombre de reproduction de base, $\mathcal{R}_0 < 1$ grâce à l'application d'un niveau rapide et intense des effets des interventions non pharmaceutiques dans la transmission de la Covid-19 dans la population. Par conséquent, les modèles mathématiques fournissent des renseignements utiles tels que le nombre de reproduction de base \mathcal{R}_0 , l'efficacité de la stratégie nationale de contrôle et autres pour la prise de décisions visant à contrôler la maladie dans un espace donné en tenant compte des réalités locales [KIVUMBI 2020 ; SOFONEA. et al., 2020, MATHIEU M. G., et al, 2020].

CONCLUSION

La dynamique de transmission de la Covid-19 a été décrite par le modèle SEIIRS à 6 compartiments (classes). Pour la lisibilité de son évolution temporelle, des simulations numériques ont été réalisées en utilisant des données du Ministère de la Santé recueillies dans le site www.stopcoronavirus.cd. Ce même modèle mis au point admet entre autres comme paramètre caractéristique, le nombre de reproduction de base noté \mathcal{R}_0 , le quantificateur de la contagion. Pour cela, il a été démontré que si $\mathcal{R}_0 \leq 1$, la Covid-19 sera éliminée de la population après un certain temps. Contrairement, si $\mathcal{R}_0 > 1$, la Covid-19 se propagera dans la population et deviendra endémique. Et ces

faits ont été confirmés par les simulations de la présente étude. En outre, la sensibilité du modèle a été étudiée, et cette analyse a révélé que les paramètres β , ω , δ et ϵ influencent beaucoup le modèle. Pour réduire le temps jusqu'à l'élimination de la Covid-19 en République Démocratique du Congo, des politiques multisectorielles basées sur les paramètres sensibles ont été proposées. De même les différents profils de \mathcal{R}_0 ont été réalisés en fonction de ces paramètres sensibles. La modélisation des autres variantes de la Covid-19 s'avère indispensable pour combattre cette maladie.

RESUME

La présente étude décrit, dans le temps, la dynamique de transmission de la covid-19 en vue d'en assurer le contrôle pour son élimination en République Démocratique du Congo (RDC). A cette fin, le modèle SEIIRS à six classes : les susceptibles, les symptomatiques, les asymptomatiques, les infectés, les guéris et les décédés a été mis au point. Avec les données de l'INRB (Institut National de Recherche Biomédicale), de l'OMS et certaines supposées, le nombre de reproduction de base noté \mathcal{R}_0 , $\mathcal{R}_0 > 1$ a été calculé. Le nombre de reproduction de base calculé étant supérieur à 1, cela rassure l'existence d'un point coexistant de la Covid-19 en République Démocratique du Congo. Ceci a conduit à faire quelques scénarios pour réduire le temps jusqu'à son élimination. L'analyse de sensibilité du modèle montre que les paramètres (β : taux de transmission, ω : taux de guérison des asymptomatiques, δ : taux de guérison des symptomatiques et ϵ : taux de l'efficacité du traitement) retenus ont une influence prépondérante sur la dynamique de la Covid-19 en République Démocratique du Congo. Se basant sur leurs valeurs et avec l'appui des profils du nombre de reproduction de base, quelques politiques multisectorielles ont été dégagées. Le modèle ainsi mis en place est un instrument à la portée des décideurs pour d'éventuelles décisions sur le contrôle de la Covid-19 en République Démocratique du Congo.

Mots clés

République Démocratique du Congo, Covid-19, Modèle SEIIRS à six classes, Stabilité locale, Nombre de reproduction de base, Stratégies de Contrôle.

REFERENCES

- BACAER N. [2020]. Un modèle mathématique des débuts de l'épidémie de coronavirus en France. *Math. Model. Nat. Phenom.* 15, 29. <https://doi.org/10.1051/mmnp/2020015>
- FALCONET H., JEGO A., WEBER A., CALVEZ V. [2015]. Modéliser la propagation d'une épidémie. www.math.ens.fr (consulté le 23.09.2021)
- FATIMA ZOHRA YOUNSI [2016]. Mise en place d'un Système d'Information Décisionnel pour le Suivi et la Prévention des Epidémies ; Thèse de doctorat, Université Lumière Lyon 2, Université d'Oran 1, 148p, theses.univ-lyon2.fr, younsi_fz_these_udl.

- IDRIS AHMED, EMILE F., DOUNGMO G., ABDULLAHI Y., POOM K., PARIN C., KAMSING N. [2021]. An epidemic prediction from analysis of a combined HIV-COVID-19 co-infection model via ABC-fractional operator, *Alexandria Engineering Journal*, 60,3, 2979-2995, <https://doi.org/10.1016/j.aej.2021.01.041>
- KERMACK W., MCKENDRICK A. [1927]. A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Philos Trans R Soc Lond, A* 115, 13–23.
- KIVUMBI B. [2020]. Sous les feux de la rampe, le modèle mathématique Ougandais mesurant le taux de transmission de Covid-19. *Les académies des sciences en période de pandémie ; NASAC e-bulletin* (7) 4.
- KOCHANCZYK M., GRABOWSKI F., LIPNIACKI T. [2020]. Dynamics of covid-19 pandemic at constant and time-dependent contact rates. *Mathematical Modelling of Natural Phenomena*. 15, 28, <https://doi.org/10.1051/mmnp/2020011>.
- LASALLE J.P. [1960]. The extend of asymptomatic stability. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 46, 3, 363–365.
- MACDONALD W. [1950]. The analysis of malaria parasite rates in infants. *Trop Dis Bull*, 47: 915–938.
- MATHIEU G.M., BUCKERIDGE D., SCHMIDT A., GODIN A., XIA Y., DOUWES-SCHULTZ D., RUSSELL A., LAVIGNE M., SHEN Y., VERMA A., BRISSON M., GINGRAS G., CATY BLANCHETTE C., DROLET M. [2020]. Suivi de l'épidémie de COVID-19 et projections des besoins hospitaliers au Québec, Rapport des travaux réalisés par l'INESSS, avec la collaboration d'une équipe constituée de scientifiques de l'INESSS et de l'INSPQ, 21p, <https://www.inspq.qc.ca/covid-19/donnees/projections/hospitalisation> 19
- MCKENDRICK A.G. [1915]. The epidemiological significance of repeated infections and relapses. *Indian J Med Res*, 3, 266–267.
- MINISTERE DE LA SANTE PUBLIQUE [2020]. République Démocratique du Congo. www.stopcoronavirus.cd consulté (10/10/2020).
- NDAIROU F., IVAN A., NIETO J.J., DELFIM F.M., TORRES. [2020]. Mathematical modeling of covid-19 transmission dynamics with a case study of wuhan. *Chaos, Solitons and Fractals*, 135, 109846, <https://doi.org/10.1016/j.chaos.2020.109846>.
- NDONDO A.M., KASERKA S.K., BISUTA S.F., KYAMAKYA K., DOUNGMO E.F.G., NGOIE R-B.M. [2021]. Analysis, modeling and optimal control of COVID-19 outbreak with three forms of infection in Democratic Republic of the Congo. *Results in Physics*, 24, <https://doi.org/10.1016/j.rimp.2021.104096>.
- OGDEN N.H., FAZIL A., ARINO J., BERTHIAUME P., FISMAN D.N., GREER A.L., LUDWIG A., NG V, TUI TE AR, TURGEON P, WADDELL LA, WU J. [2020]. Scénarios de modélisation de l'épidémie de COVID-19 au Canada. *Relevé des maladies transmissibles au Canada*; 46, 6, 225–31. <https://doi.org/10.14745/ccdr>.
- SALISU M.G., LUBUMA J.M., TSANOU B. [2020]. Modeling the transmission dynamics of the covid-19 pandemic in South Africa. *Mathematical Biosciences*, 328,1-14.
- SAMUEL ALIZON, REYNE B., SELINGER C. [2020]. Modélisation de l'épidémie de COVID-19 : modèle SEAIR. [Rapport de recherche] 3, Centre national de la recherche scientifique (CNRS); Institut de Recherche pour le Développement (IRD); Université de Montpellier. 2020. fihal-02882687f (consulté le 03 Juillet 2021)
- SERHANI M., LABBARDI H. [2020]. Mathematical modeling of covid-19 spreading with asymptomatic infected and interacting peoples. *Journal of Applied Mathematics and Computing*, DOI: 10.1007/s12190-020-01421-9.
- SHUAI Z., Van den DRIESSCHE P. [2013]. Global stability of infectious disease models using Lyapunov functions. *SIAM Journal on Applied Mathematics*, 73, 4, 1513–1532.
- SOFONEA M.T., REYNÉ B., ELIE B., DJIDJOU-DEMASSE R, SELINGER C., ALIZON S., BÉNÉTEAU T., CHOISY M., DANESH G., RAMSÈS, MICHALAKIS Y., RICHARD Q., MIRCEA T. [2020]. Epidemiological monitoring and control perspectives: application of a parsimonious modelling framework to the COVID-19 dynamics in France. doi: <https://doi.org/10.1101/2020.05.22.20110593> (consulté le 06 Janvier 2021)
- TAHAR Z. BOULMEZAOU [2020]. Un modèle de prédiction d'une épidémie de type Covid-19 et une stratégie zigzag pour la contrôler, Laboratoire de Mathématiques de Versailles, Université de Versailles, 42p, Url: <http://boulmezaoud.perso.math.cnrs.fr/> (consulté le 23.09.2021)
- VAN DEN DRIESSCHE P., WATMOUGH J. [2002]. Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission. *Mathematical Biosciences*, 180: 29–48, 2002.
- WORLD HEALTH ORGANISATION [2020]. Country & Technical Guidance - Coronavirus disease (COVID-19)
- WORLD HEALTH ORGANISATION [2020]. Situation report-166, [www.who.int/docs/default-source/coronavirus/situation-reports/20200704-covid-19-sitrep-166](http://www.who.int/docs/default-source/coronavirus/situation-reports/20200704-covid-19-sitrep-166-covid-19.pdf).
- WORLD HEALTH ORGANISATION [2020]. World Health Statistics 2020. WHO Coronavirus Disease (COVID-19) Dashboard, Data last updated: 2021/2/9, 5:10pm CET, <https://covid19.who.int/>



CC BY-SA

This work is in open access,

licensed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License. The images or other third party material in this article are included in the article's Creative Commons license, unless indicated otherwise in the credit line; if the material is not included under the Creative Commons license, users will need to obtain permission from the license holder to reproduce the material. To view a copy of this license, visit <http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>