



COVID-19 : Une épidémie qui suit un modèle de type “ SIR-Gaussien ”

Thierry Bourbié, Max Roche, Christian Chochillon, Corinne Fernandez,
Patrick Lagadec, Patrick Hontebeyrie

► To cite this version:

Thierry Bourbié, Max Roche, Christian Chochillon, Corinne Fernandez, Patrick Lagadec, et al..
COVID-19 : Une épidémie qui suit un modèle de type “ SIR-Gaussien ”. 2020. hal-02569180

HAL Id: hal-02569180

<https://hal.science/hal-02569180>

Preprint submitted on 11 May 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

COVID-19 : Une épidémie qui suit un modèle de type «SIR-Gaussien»

Auteur : Christian Manivel

Contributions : Thierry Bourbié, Max Roche, Christian Chochillon, Corinne Fernandez, Patrick Lagadec,
Patrick Hontebeyrie

Version V1

Ref : CML-SARS-CoV-2-04

Version 1 : Archive ouverte : HAL-Id : Preprint soumis le 11 mai 2020

Résumé

L'observation des données réelles des « décès par 24H à l'hôpital » de l'épidémie de SARS-CoV-2 en France nous a conduit à constater que le confinement a eu un impact sur les décès à compter du 4 avril d'une part, et à faire l'hypothèse que ces données suivaient un schéma de type gaussien d'autre part, tant pour les données dites « pré-confinement » que pour les données influencées par le confinement.

Nous avons validé cette hypothèse par un lissage gaussien sur la période de 45 jours dite de « pré-confinement » du 19 février au 3 avril qui s'est avéré de très grande qualité. Il en a été de même par un lissage également gaussien sur la période de 38 jours du 3 avril au 7 mai. Ce type de lissage s'est avéré également de grande qualité pour l'Espagne et l'Italie.

Nous en avons donc conclu que ce « comportement gaussien » est caractéristique de ce virus SARS-CoV-2.

De cette modélisation pour les décès, nous en avons déduit une modélisation pour les infections (les infections ayant donné lieu à des décès ultérieurs).

Nous avons ensuite déterminé que cette évolution gaussienne des décès pouvait être compatible avec un modèle par compartiments caractéristique, que nous avons appelé modèle SIR-G. Ce modèle SIR-G induit que la contagiosité de cette épidémie a elle-même un comportement caractéristique, dépendant, entre autres, explicitement de manière linéaire décroissante du temps.

Nous avons alors explicité quelle était la chronologie modélisée de l'épidémie.

Nous en avons enfin tiré des pistes d'étude ultérieures sur les évolutions génétiques du virus dans le temps susceptibles de faire décroître corrélativement sa contagiosité, sur la stratégie de compromis entre contagiosité et virulence de ce virus d'autre part, et sur l'intérêt d'une recherche sur les autres virus ayant ce type de contagiosité.

« L'obsession de précision numérique sans attention aucune à la pertinence est le meilleur traceur de l'absence de culture mathématique véritable. » Carl Friedrich Gauss (1777 - 1855)

« A partir des données publiques, tout un chacun peut donc refaire les calculs ...Au lieu de raisonner sur des coefficients abstraits tel le fameux nombre moyen R_0 de contagions par personne, il faudrait pouvoir entrer dans le détail de ces contagions...» Hervé Le Bras, démographe – Le Monde – le 1^{er} mai 2020

COVID-19 : Une épidémie qui suit un modèle du type « SIR-Gaussien »

Christian Manivel

christian.manivel.1972@polytechnique.org

Sommaire

- 1 Les données réelles des décès à l'hôpital sont de type gaussien**
 - 1.1 Données réelles**
 - 1.1.1 Données brutes
 - 1.1.2 Processus de collecte des données
 - 1.1.3 Le confinement impacte les décès à compter du 4 avril
 - 1.2 Les données « pré-confinement » à l'hôpital en France par 24H suivent un modèle gaussien**
 - 1.2.1 Forme générale du modèle
 - 1.2.2 Lissage des données antérieures au 3 avril
 - 1.3 Les données « aval » des décès à l'hôpital en France par 24H suivent également un modèle gaussien**
 - 1.4 Les décès à l'étranger suivent également un modèle gaussien**
 - 1.4.1 Italie
 - 1.4.2 Espagne
 - 1.5 Les décès dus au SARS-CoV-2 suivent donc un modèle caractéristique de ce virus, de type gaussien**
 - 1.6 Les paramètres du modèle pour les décès à l'hôpital en France**
- 2 Les infections (déduites des décès à l'hôpital) suivent donc un modèle gaussien**
- 3 Le modèle gaussien est un modèle par compartiments caractéristique que nous appelons modèle « SIR-G »**
 - 3.1 Rappel sur les modèles par compartiments**
 - 3.2 Le modèle SIR de Kermack et McKendrick**
 - 3.3 Le modèle SIR-G en « évolution libre »**
 - 3.3.1 Compartiments du modèle
 - 3.3.2 Règles
 - 3.3.3 Equations différentielles
 - 3.4 Contagiosité et nombre de reproduction du modèle SIR-G**
- 4 Application du modèle SIR-G à l'épidémie actuelle en France**
 - 4.1 La période de pré-confinement jusqu'au 16 mars**
 - 4.2 La période « aval » à partir du 17 mars**
- 5 Chronologie modélisée de l'épidémie**
- 6 Les effets du confinement sur l'épidémie COVID-19 selon le modèle SIR-G**
- 7 Les pistes d'études ouvertes par ce type de contagiosité**
 - 7.1 La contagiosité décroît « naturellement » en fonction du temps**
 - 7.2 La contagiosité dépend explicitement des taux de décès et de guérison**
 - 7.3 Quels types de virus sont dotés d'une contagiosité de type SIR-G ?**

DOCUMENT PRINCIPAL

1 Les données réelles des décès à l'hôpital sont de type gaussien

1.1 Données réelles

1.1.1 Données brutes

Les données utilisées sont les données « décès à l'hôpital » issues de Santé Publique France.
<https://dashboard.covid19.data.gouv.fr>

Les données décès à l'hôpital ne sont pas la totalité des décès en France dus au virus, il manque les décès en institutions (EPHAD et EMS par exemple) et à domicile. Cependant les décès à l'hôpital représentent une part importante de la totalité des décès et on fera l'hypothèse que cette population est représentative de l'épidémie en cours.

1.1.2 Processus de collecte de données

L'observation de ces données brutes indique que le processus de collecte des données n'est pas stable.

En effet, il y a un déficit de collecte manifeste et chronique tous les samedi et dimanche de chaque semaine, avec un rattrapage le lundi et sans doute le mardi qui suit le week-end.

Un retraitement des données brutes pourrait être envisagé.
Il ne ferait qu'accroître la pertinence de ce qui est décrit ci-après.

Nous avons donc fait le choix de garder les données brutes, incontestables, comme base de notre étude.

1.1.3 Le confinement impacte les décès à partir du 4 avril

Une question immédiate se pose : à partir de quand les effets du confinement se sont-ils fait sentir sur les décès à l'hôpital ?

L'observation des données réelles nous permet d'affirmer sans grand risque que les données journalières des décès (nouveaux décès en 24H) ont cru sans interruption jusqu'au 3 avril puis, en tendance, ont continué à baisser régulièrement.
Ce fait n'est pas imputable au processus de collecte de données.

On peut donc sans risque affirmer que les premiers effets du confinement sur la mortalité ont eu lieu le 4 avril 2020.

Dès lors le confinement ayant eu lieu le 16 mars, et ses premiers effets significatifs sur les infections le 17 mars, on peut en conclure (ce qui est cohérent avec ce que l'on sait à ce jour du processus incubation/infection/décès) que le **décalage dans le temps entre infections et les décès corrélatifs est de 19 jours**.

Ainsi, on peut en conclure que les données réelles de décès à l'hôpital jusqu'au 3 avril sont des données qui ne sont pas influencées par le confinement.
Nous les appellerons données « **pré-confinement** ».

A contrario les données réelles de décès à l'hôpital à partir du 3 avril sont des données qui sont influencées par le confinement. Nous les appellerons données « **aval** ».
NB : si au lieu des données brutes nous avons utilisé les données retraitées des effets de la

collecte des week-end, cela n'aurait rien changé à cette date du 3 avril.

Les données réelles des décès par 24H à l'hôpital, données « pré-confinement » et données « aval » à jour au 9 mai 2020 sont les suivantes : (Figure 1)

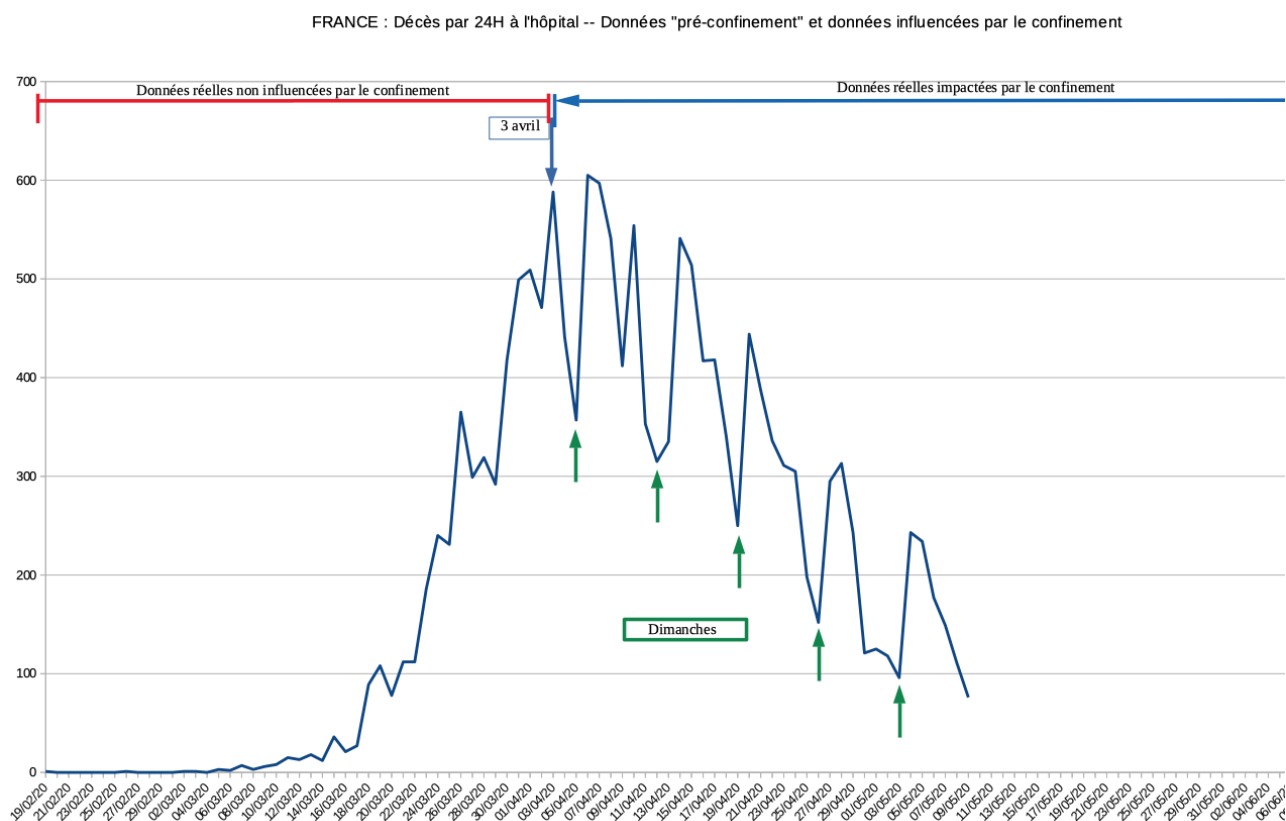


Figure 1

1.2 Les données « pré-confinement » des décès par 24H à l'hôpital en France suivent un modèle gaussien

1.2.1 La forme générale du modèle

L'observation des données réelles des décès par 24H jusqu'au 3 avril nous a conduit à faire l'hypothèse que l'évolution des « décès par 24H à l'hôpital » est de type gaussien.

La forme générale d'un modèle gaussien en fonction du temps est classiquement :

$$m(t) = a \cdot \exp(bt(2r - t))$$

$m(t)$ représentant les décès par 24H à l'hôpital

a , b , r étant des paramètres, la courbe atteignant son maximum pour $t = r$.

1.2.2 Lissage des données « pré-confinement » antérieures au 3 avril 2020

L'hypothèse d'un comportement gaussien des données réelles jusqu'au 3 avril a donc été testée par un lissage de ces données « pré-confinement ».

La seule contrainte imposée était que cette courbe respecte les données réelles du 3 avril, à savoir un nombre de décès par 24H déclaré à cette date de 588.

Ce lissage est effectué sur une période significative (45 jours), à savoir sur la période du 19 février (premier décès) et le 3 avril.

L'écart quadratique total entre le modèle gaussien et le réel des données des décès par 24H sur la période est de 180, ce qui signifie que l'adéquation entre le modèle gaussien et le réel des données des décès par 24H avant le 3 avril est obtenue avec une précision de **96,5 %**.

L'adéquation entre le modèle gaussien et le réel des données des décès cumulés est obtenue avec une précision de **99,2 %**.

Compte tenu de ces écarts très faibles entre modèle et réel, nous pouvons en conclure avec une quasi-certitude que les données des décès par 24H à l'hôpital en France jusqu'au 3 avril (« données pré-confinement ») sont bien de type gaussien.

1.3 Les données « aval » des décès à l'hôpital en France suivent aussi un modèle gaussien

1.3.1 La forme générale du modèle

Les paramètres b et r du modèle « aval » ne sont, bien évidemment, pas les mêmes que ceux du modèle gaussien « pré-confinement », mais le type de modèle est gaussien dans les deux situations.

1.3.2 Lissage des données « aval » postérieures au 3 avril 2020

L'hypothèse d'un comportement gaussien des données des décès à l'hôpital par 24H à partir du 3 avril, a été également testée par un lissage de ces données « aval ».

La seule contrainte imposée était que cette courbe respecte les données réelles du 3 avril, à savoir

un nombre de décès par 24H déclaré à cette date de 588.

Ce lissage est effectué sur une période significative (38 jours), à savoir sur la période du 3 avril jusqu'au 7 mai.

L'écart quadratique total entre le modèle gaussien et le réel des données « aval » des décès par 24H sur la période est de 496, ce qui signifie que l'adéquation entre le modèle gaussien et le réel des données des décès par 24H à partir du 3 avril est obtenue avec une précision de **95,7 %**.

L'adéquation entre le modèle gaussien et le réel des données des décès cumulés à partir du 3 avril est obtenue avec une précision de **99,4 %**.

Compte tenu de ces écarts très faibles entre modèle et réel, nous pouvons en conclure avec une quasi-certitude que les données de mortalité par 24H à l'hôpital en France après le 3 avril, c'est à dire les données influencées par le confinement sont bien également de type gaussien.

Ci-après (Figure 2) la visualisation du lissage sur les données des décès par 24H à l'hôpital antérieures au 3 avril (« données pré-confinement ») et sur les données postérieures au 3 avril (« aval »).

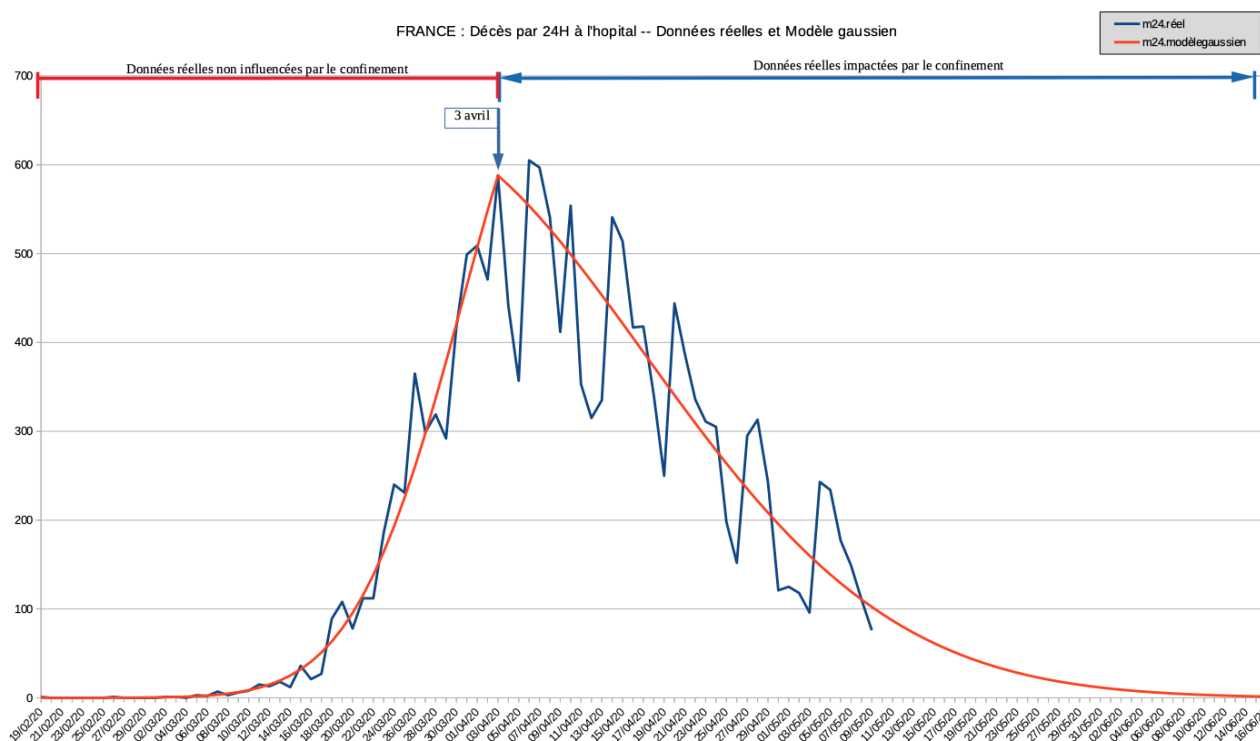


Figure 2

1.4 Les données des décès à l'étranger suivent également un modèle gaussien

Nous avons effectué le même type d'étude sur les données des décès par 24H, données « pré-confinement » et données « aval » pour l'Espagne, pour l'Italie et pour la Belgique qui ont confirmé l'excellente adéquation entre un modèle gaussien et les données réelles des décès par 24H pour ces pays.

1.4.1 Italie

A l'examen des données réelles on peut affirmer que les premiers effets du confinement sur les décès ont eu lieu le 21 mars 2020.

L'adéquation entre le modèle gaussien et le réel des données des décès « pré-confinement » par 24H est obtenue avec une précision de **94,5 %**. (sur une période de 27 jours)

L'adéquation entre le modèle gaussien et le réel des données « aval » des décès par 24H est obtenue avec une précision de **97,8 %**. (sur une période de 49 jours)

En annexe la visualisation du lissage sur les données des décès par 24H à jour au 9 mai (Figure A1)

1.4.2 Espagne

A l'examen des données réelles on peut affirmer que les premiers effets du confinement sur les décès ont eu lieu le 25 mars 2020.

L'adéquation entre le modèle gaussien et le réel des données des décès « pré-confinement » par 24H est obtenue avec une précision de **93,4 %**. (sur une période de 23 jours)

L'adéquation entre le modèle gaussien et le réel des données « aval » des décès par 24H est obtenue avec une précision de **97,1 %**. (sur une période de 45 jours)

En annexe la visualisation du lissage sur les données des décès par 24H à jour au 9 mai (Figure A2)

1.5 Les décès dus au SARS-CoV-2 suivent donc un modèle caractéristique de ce virus, de type gaussien

La modélisation effectuée sur les données « pré-confinement » des décès à l'hôpital en France est en très forte adéquation (96 % +) avec les données réelles, sur une période très significative de 45 jours

La modélisation effectuée sur les données « aval » des décès à l'hôpital en France (données influencées par le confinement) est en très forte adéquation (96 % +) avec les données réelles sur une période très significative de 38 jours.

La modélisation effectuée sur les données « pré-confinement » et « aval » des décès à l'étranger est en très forte adéquation (97 % +) avec les données réelles sur des périodes significatives (40 jours +).

On peut donc considérer que l'adéquation entre un modèle de type gaussien et les données réelles des décès par 24H est excellente sur des périodes longues (40 jours +) que ce soit sur des données non influencées par le confinement que sur des données influencées par le confinement et que ce soit en France ou à l'étranger.

Nous concluons donc que cette forte adéquation de l'épidémie de COVID-19 avec un modèle de type gaussien est **une caractéristique du virus SARS-CoV-2**.

1.6 Les paramètres du modèle pour les décès à l'hôpital en France

Le modèle est, comme nous l'avons vu ci-avant constitué de 2 parties, un modèle « pré-confinement » jusqu'au 3 avril et un modèle « aval » à partir du 3 avril.

Pour mémoire, le modèle a la forme suivante :

$$m(t) = a \cdot \exp(bt(2r - t))$$

où $m(t)$ représente le nombre de décès par 24H au jour t .

Avec origine le 3 avril 2020 ($t = 0$)

et, $a = 588$

Les paramètres du modèle « pré-confinement » obtenus suite au lissage sont :
 $r = 7$; $b = 0,004638$

Les paramètres du modèle « aval » obtenus suite au lissage sont :
 $r = -10$; $b = 0,00086735$

2 Les infections (déduites des décès à l'hôpital) suivent donc un modèle gaussien

En effet, le nombre de nouveaux cas infectés par 24H a pour conséquence, après un délai en moyenne constant, un nombre de décès proportionnel selon un rapport constant appelé taux de mortalité.

Nous avons retenu un **décalage moyen entre infection et décès de 19 jours**, correspondant au décalage entre la date de confinement et à la date à laquelle le confinement a produit ses effets sur les décès (cf paragraphe 1.1.3)

Ce décalage dans le temps est en accord avec la période d'observation pour les infections utilisée par l'Institut Pasteur dans sa simulation pré-confinement et publiée dans l'étude HAL Id : 02548181.

En effet, ils utilisent comme période de simulation pré-confinement, une période de 45 jours du 1^{er} février au 17 mars pour les infections ce qui correspond exactement à la période de « pré-confinement » pour les décès que nous avons utilisé pour le modèle, à savoir du 19 février au 16 mars avec un décalage entre infections et décès de 19 jours.

Le taux de mortalité utilisé est de 0,53 %.

Nous avons pris, par hypothèse, le taux de mortalité calculé dans l'étude publiée par l'Institut Pasteur HAL Id : 02548181 qui résulte de leur analyse des données du Diamond Princess.

Ce taux (réputé constant), appliqué au nombre de nouvelles infections par 24H permet d'obtenir le nombre de décès par 24H avec un décalage dans le temps correspondant au décalage entre infections et décès associés.

On peut alors obtenir « en sens inverse » un modèle pour les nouvelles infections par 24H à partir des données des décès par 24H :

- par décalage inverse de 19 jours et,
- par augmentation dans un rapport de $1 / 0,53 \%$.

Ces infections ainsi obtenues sont en quelque sorte les infections par 24H qui ont été suivies ultérieurement par un décès à l'hôpital. Elles ne sont pas la totalité des infections réelles, mais en représentent une part significative. En particulier, il peut y avoir eu des infections antérieures à la date du 1^{er} février, qui n'ont pas été suivies de décès ultérieur à l'hôpital.

Compte tenu de l'importance de cette sous-population des individus infectés, représentative de l'épidémie, on adoptera pour les infections en général un type de modèle gaussien déduit de celui des décès.

3 Le modèle gaussien est un modèle par compartiments caractéristique que nous appelons modèle « SIR-G »

3.1 Rappel sur les modèles par compartiment

L'épidémiologie actuelle s'appuie pour une très grande part sur des modèles dynamiques à compartiments, depuis les travaux de Ross en 1911 (paludisme) puis de Kermack et McKendrick en 1927.

Le principe consiste à modéliser le comportement d'un pathogène (virus... etc.) au sein d'une population en définissant au sein d'une population des sous-populations (compartiments). La modélisation consiste à définir les flux de transfert de population entre ces compartiments et les règles correspondant à ces flux.

Les modèles dynamiques par compartiments ont donné lieu à des approches de plus en plus sophistiquées (multiplicité des compartiments, matrices de contact, ...etc.) mais ont pour la plupart gardé, dans cette sophistication, les principes de base du modèle SIR de Kermack et McKendrick.

3.2 Rappel sur le modèle de Kermack et McKendrick

Ce modèle utilise 3 compartiments :

S : Individus susceptibles = individus non-infectés pouvant être contaminés

I : Individus infectés, qui sont contaminants

R : Individus « retirés » à savoir guéris et non contaminants ou bien décédés

Les flux entre ces compartiments sont définis selon le schéma suivant :



La contamination des susceptibles se fait avec un taux β proportionnellement à la probabilité de contact entre susceptibles et infectés, réputée proportionnelle à $S \cdot I$.

β est le paramètre de transmission de l'infection

Le « retirement » (guérison non contaminante ou décès) se fait avec un taux γ proportionnellement à I .

γ est le taux de retirement (guérison + décès)

Le modèle peut s'écrire ainsi :

$$\frac{\partial S}{\partial t} = -\beta SI \quad (1)$$

$$\frac{\partial I}{\partial t} = \beta SI - \gamma I \quad (2)$$

$$\frac{\partial R}{\partial t} = \gamma I \quad (3)$$

$$N = S + I + D + R$$

avec N la population totale réputée constante (pas d'effet démographique), c'est à dire pas de flux de naissances ni de décès hors épidémie.

Les stratégies de lutte contre les épidémies consistent à modifier les comportements de contact pour atténuer la transmission du virus (diminution de βSI) et/ou, via le système de santé, à

augmenter les taux de guérison (augmentation de γ).

Les hypothèses sous-jacentes sont les suivantes :

Hors intervention particulière de lutte contre l'épidémie, **les paramètres β et γ sont des constantes.**

Même dans les modèles de complexité supérieure (multiplicité des compartiments : tranches d'âge, sexe, géographies, ...) cette hypothèse demeure utilisée pour les flux entre compartiments.

Cette hypothèse est très importante, comme nous le verrons par la suite car, selon notre modèle, **le paramètre β pour cette épidémie-ci, n'est pas un constante.**

3.3 Le modèle « SIR-G » en évolution libre

Nous appellerons modèle « SIR-G » un modèle à compartiments pour lequel les décès par 24H résultant de l'épidémie est de type gaussien.

Nous appellerons « en évolution libre » une épidémie (ou un modèle) pour laquelle aucune mesure n'est prise pour influencer la politique de contacts entre individus (pas de mesures barrière, pas de confinement ...)

Dès lors, il s'agit donc pour nous de déterminer les caractéristiques d'un tel modèle.

3.3.1 Compartiments du modèle SIR-G

Nous gardons le principe d'un modèle simple type SIR-Gauss

S : Individus susceptibles = individus non-infectés pouvant être contaminés

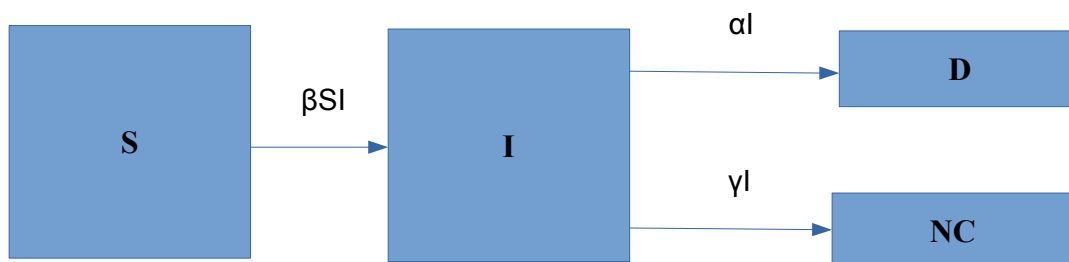
I : Individus infectés, qui sont contaminants

R : Individus retirés, déclinés en 2 sous-compartiments :

D : Individus décédés suite à l'infection

NC : Individus guéris et non-contaminants

Les flux entre ces compartiments sont définis selon le schéma suivant :



3.3.2 Règles

Les infections ont lieu par contact entre individus sains et infectés.

On suppose que la population est répartie de manière homogène et que la transmission se fait selon une loi d'action de masse.

S désigne la densité d'hôtes sains (i.e. non infectés)

I désigne la densité d'hôtes infectés

β est le paramètre de transmission, à savoir le taux de transmission de la maladie à chaque contact ou encore taux de contact infectieux.
Son unité est Tx / individu / unité de temps.
Il est réputé quelconque.

Les individus infectés guérissent à un taux γ .
 γ est le taux de guérison.
Son unité est Tx / unité de temps.
Il est réputé constant.

Les individus infectés meurent du fait de l'infection à un taux α
 α est le taux de mortalité due à l'infection.
Son unité est Tx / unité de temps.
Il est réputé constant.

3.3.3 Equations différentielles

Formulé mathématiquement, ceci donne le système suivant, décrivant l'évolution au cours du temps des densités d'individus sains et infectés:

$$\partial S / \partial t = -\beta SI \quad (1)$$

$$\partial I / \partial t = \beta SI - \alpha I - \gamma I \quad (2)$$

$$\partial D / \partial t = \alpha I \quad (3)$$

$$\partial NC / \partial t = \gamma I \quad (4)$$

La population totale est réputée constante (pas d'évolution démographique)

Il convient d'y adjoindre le modèle gaussien suivi par les décès par unité de temps (par 24H) et donc des infections (par 24H) (cf paragraphe 3.2) sous la forme suivante :

$$I(t) = \exp(t(2T_m - t) / 2T_s^2)$$

L'origine des temps est la date de premier cas d'infection du modèle.

Donc à $t = 0$ nous avons $I(0) = I_0 = 1$

Le maximum de l'infection est obtenu pour $t = T_m$ et vaut $I_m = \exp(T_m^2 / 2T_s^2)$

Le retour au niveau de 1 cas infecté a lieu pour $t = 2T_m$

et par suite

$$\partial I / \partial t = I (T_m - t) / T_s^2 \quad (6)$$

Le paramètre T_s est homogène à un temps.

Les points d'inflexion de la courbe $I(t)$ se trouvent respectivement de part et d'autre du sommet à $T_1 = T_m - T_s$ et $T_2 = T_m + T_s$

3.4 Contagiosité et nombre de reproduction du modèle SIR-G

Utilisant (2) et (6) il en résulte :

$$\beta S = \alpha + \gamma + (T_m - t) / T_s^2$$

La durée de l'infection T_i d'un individu est $1 / (\alpha + \gamma)$

Ce paramètre dépend uniquement de la maladie et est donc une caractéristique du virus.

Nous obtenons donc

$$\beta S = 1 / T_i + (T_m - t) / T_s^2$$

On appelle habituellement nombre de reproduction, le rapport $\beta S / (\alpha + \gamma)$, parfois plus facile à appréhender.

Le nombre de reproduction devient alors :

$$R = 1 + T_i(T_m - t) / T_s^2$$

Et la **valeur initiale** de ce nombre de reproduction (**correspondant à $t = 0$**), notée R_0 , et appelé nombre de reproduction de base, est alors :

$$R_0 = 1 + T_i T_m / T_s^2$$

Nous appellerons « **fin théorique de reproduction** » le moment qui correspond à $\beta = 0$.

Il a lieu à : $t = T_r = T_m + T_s^2 / T_i$

ATTENTION : T_r n'est pas la fin de vie du virus chez les individus infectés à cette date

On trouve par suite :

$$R_1 = R(T_m - T_s) = 1 + T_i / T_s$$

$$R_m = R(T_m) = 1$$

$$R_2 = R(T_m + T_s) = 1 - T_i / T_s$$

$$R_r = R(T_r) = 0$$

4 Application du modèle SIR-G à l'épidémie actuelle en France

4.1 La période de pré-confinement jusqu'au 16 mars

Les données que nous avons obtenues lors de l'élaboration de notre modèle par confrontation aux données réelles pré-confinement en France sont les suivantes :

- $T_i = 1 / (\alpha + \gamma) = 19$
- origine des temps du modèle ($I_0 = 1$) est prise le 1^{er} février
- $T_m = 51$ ($I = I_m$)
- $I_m = 139\,252$ et donc,
- $T_s = 10,48$

Rappel important : ces données (et en particulier la valeur de I_m) correspondent aux infections déduites des décès à l'hôpital par 24H, i.e. en quelque sorte les infections par 24H qui ont été suivies ultérieurement par un décès à l'hôpital. En particulier, il peut y avoir eu des infections antérieures à la date du 1^{er} février, qui n'ont pas été suivies de décès ultérieur à l'hôpital.

Une chronologie des événements clés de l'épidémie est alors :

1 ^{er} février : origine des temps => $t = 0$ => $I_0 = 1$	$R_0 = 9,88$
8 mars : première inflexion de la courbe des infections par 24H => $t = 36$	$R_1 = 2,81$
16 mars : déclaration de début du confinement => $t = 44$	$R_c = 2,21$

4.2 La période « aval » à partir du 17 mars

Rappel : On appelle données « aval » les données qui auront été influencées par le confinement.

4.2.1 Changement de notation pour le modèle « aval »

Les équations sont toujours de la même forme :

$$\beta S = 1 / T_i + (\theta_m - t) / \theta_s^2$$

La durée de l'infection T_i d'un individu est inchangée et toujours égale à $1 / (\alpha + \gamma)$ car c'est une caractéristique du virus.

Le nombre de reproduction devient alors :

$$R = 1 + T_i(\theta_m - t) / \theta_s^2$$

Nous appellerons « **fin théorique de reproduction** » le moment qui correspond à $\beta = 0$.

Il a lieu à : $t = \theta_r = \theta_m + \theta_s^2 / T_i$

ATTENTION : θ_r n'est pas la fin de vie du virus chez les individus infectés à cette date

On trouve par suite :

$$R_1 = R(\theta_m - \theta_s) = 1 + T_i / \theta_s$$

$$R_m = R(\theta_m) = 1$$

$$R_2 = R(\theta_m + \theta_s) = 1 - T_i / \theta_s$$

$$R_r = R(\theta_r) = 0$$

4.2.2 Les données « aval »

Les données que nous avons obtenues lors de l'élaboration de notre modèle par confrontation aux données réelles influencées par le confinement en France sont les suivantes :

- $T_i = 1 / (\alpha + \gamma) = 19$
- nouvelle origine des temps modèle ($I_0 = 1$) est prise le 7 novembre 2019
- $\theta_m = 119$ ($I = I_m$)
- $I_m = 120\,996$ et donc,
- $\theta_s = 24,6$

Rappel important : ces données (et en particulier la valeur de I_m) correspondent aux infections déduites des décès à l'hôpital par 24H, i.e. en quelque sorte les infections par 24H qui ont été suivies ultérieurement par un décès à l'hôpital. En particulier, il peut y avoir eu des infections antérieures à la date du 1^{er} février, qui n'ont pas été suivies de décès ultérieur à l'hôpital.

Une chronologie des événements clés de l'épidémie est alors :

17 mars : début réel du confinement => t = 131	$R_c = 0,62$
26 mars : deuxième inflexion de la courbe des infections par 24H => t = 144	$R_2 = 0,22$
6 avril : « fin théorique de reproduction » => t = 151	$R_r = 0$

On voit nettement apparaître la « cassure » de la croissance de l'épidémie dans le modèle grâce aux mesures de confinement :

16 mars	$R_c = 2,21$
17 mars	$R_c = 0,62$

5 Chronologie modélisée de l'épidémie

Pour mémoire :

Les données utilisées pour cette modélisation sont les données publiques de décès à l'hôpital. Ce ne sont pas la totalité des décès dus à cette épidémie, mais ils représentent largement plus de 50 % des décès totaux. On peut donc le considérer comme une sous-population très importante et représentative.

La modélisation effectuée sur les décès à l'hôpital « pré-confinement » est en adéquation avec les données réelles, sur une période de 45 jours :

- par 24H à 96,5 %
- et cumulée à 99,2 %.

La modélisation effectuée sur les décès à l'hôpital influencés par le confinement est en adéquation avec les données réelles sur une période de 38 jours :

- par 24H à 95,7 %
- et cumulée à 99,4 %.

On peut donc considérer que l'adéquation modèle – réel a été vérifiée sur des périodes d'observation suffisamment importantes et que cette adéquation est excellente.

Rappel : Les données sur les infections sont déduites des décès à l'hôpital par 24H, i.e., en quelque sorte, les infections par 24H qui ont été suivies ultérieurement par un décès à l'hôpital. En particulier, il peut y avoir eu des infections réelles antérieures à la date du 1^{er} février, qui n'ont pas été suivies de décès ultérieur à l'hôpital.

Récapitulatif

1 ^{er} février : origine des temps du modèle => $I_0 = 1$	$R_0 = 9,88$
8 mars : première inflexion de la courbe des infections par 24H	$R_1 = 2,81$
16 mars : déclaration de début du confinement	$R_c = 2,21$
17 mars : début réel du confinement	$R_c = 0,62$
26 mars : deuxième inflexion de la courbe des infections par 24H	$R_2 = 0,22$
6 avril : « fin théorique de reproduction »	$R_r = 0$
11 mai : Date du dé-confinement partiel	
1 ^{er} juin : Retour au niveau de 10 pour les décès par 24H à l'hôpital	
17 juin : Retour au niveau de 1 pour les décès à l'hôpital par 24H	

Remarque :

La modélisation effectuée ne préjuge pas que de nouveaux foyers puissent se déclarer ultérieurement, si les conditions nécessaires étaient réunies, à savoir :

- une charge virale importante présente
- dans un lieu relativement fermé
- avec une densité de population non-immunisée forte
- avec des contacts permanents entre individus
- sur une durée suffisamment importante

A titre d'illustration, un séminaire de 2 000 personnes dans un palais des congrès avec de nombreux échanges pendant 8H en présence de patients très infectés ... ou bien un « pub crawl » (en UK par exemple) consistant pendant 4 ou 5 heures à faire une tournée d'une dizaine de pubs bondés en rencontrant quelques patients très infectés ...

Si un nouveau foyer se déclarait, pour un virus de ce type, le modèle ci-dessus permettrait d'en apprécier la durée et l'intensité, pour prendre des mesures proportionnées.

6 Les effets du confinement sur l'épidémie COVID-19 selon notre modèle

Cette analyse fait l'objet d'une étude séparée.

7 Les pistes d'études ouvertes par ce type de contagiosité

Les pistes d'étude ci-dessous s'entendent pour l'épidémie en évolution libre, en dehors de toute mesure de lutte visant à atténuer ses effets.

7.1 La contagiosité décroît naturellement en fonction du temps

Il s'agit de comprendre la signification de la dépendance linéaire de la contagiosité par rapport au temps.

On peut ainsi considérer qu'au fur et à mesure des contaminations successives et du processus de réplication du virus, la contagiosité diminue.

Il pourrait s'agir de mutations génétiques successives qui modifient systématiquement une partie de son ARN responsable de sa contagiosité ?

Cette hypothèse mérite une étude spécifique que nous souhaitons approfondir.

7.2 La contagiosité dépend explicitement des taux de décès et de guérison

La notion concernée est sans doute la « stratégie » du virus de recherche de compromis entre guérison/décès et transmission.

Cette hypothèse mérite une étude spécifique que nous souhaitons approfondir.

7.3 Quels types de virus sont dotés d'une contagiosité de type SIR-G ?

Un examen documentaire des différents pathogènes susceptibles d'avoir ce type de comportement est en cours.

Ce document est ainsi clos, les pistes explorées du paragraphe 6 donneront lieu à des documents séparés.

Merci pour votre lecture.

ANNEXES

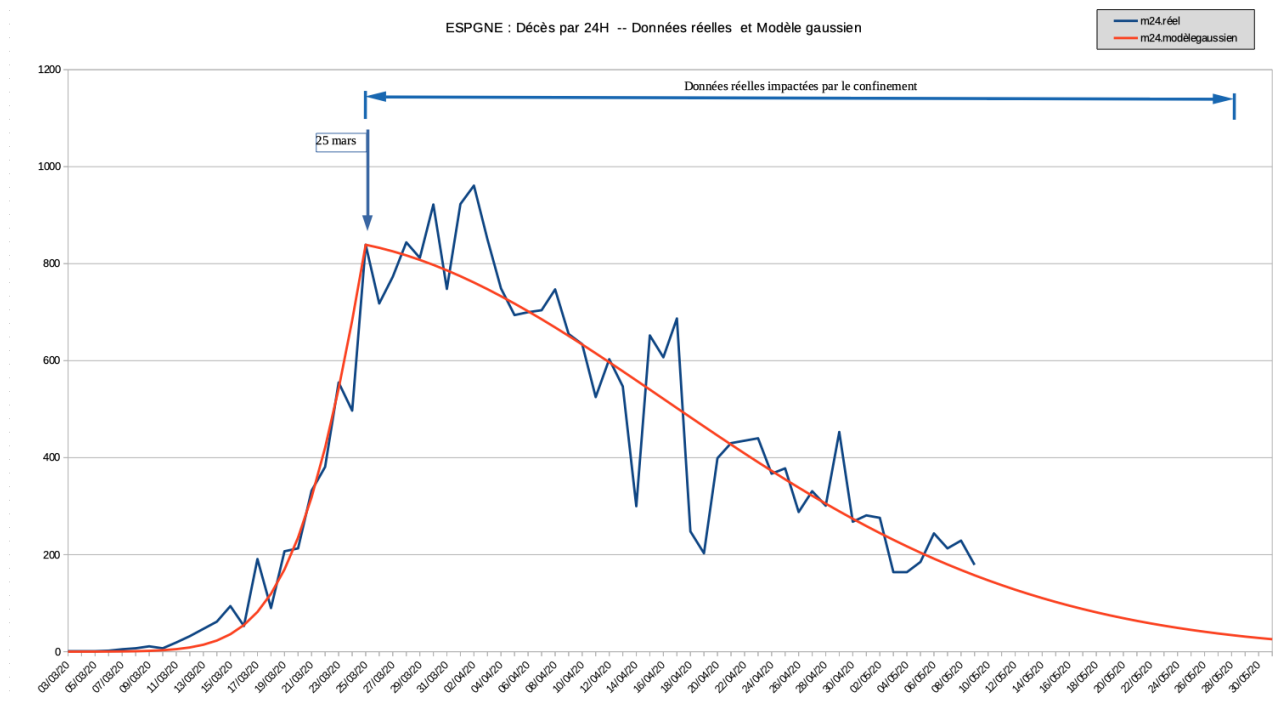


Figure A1

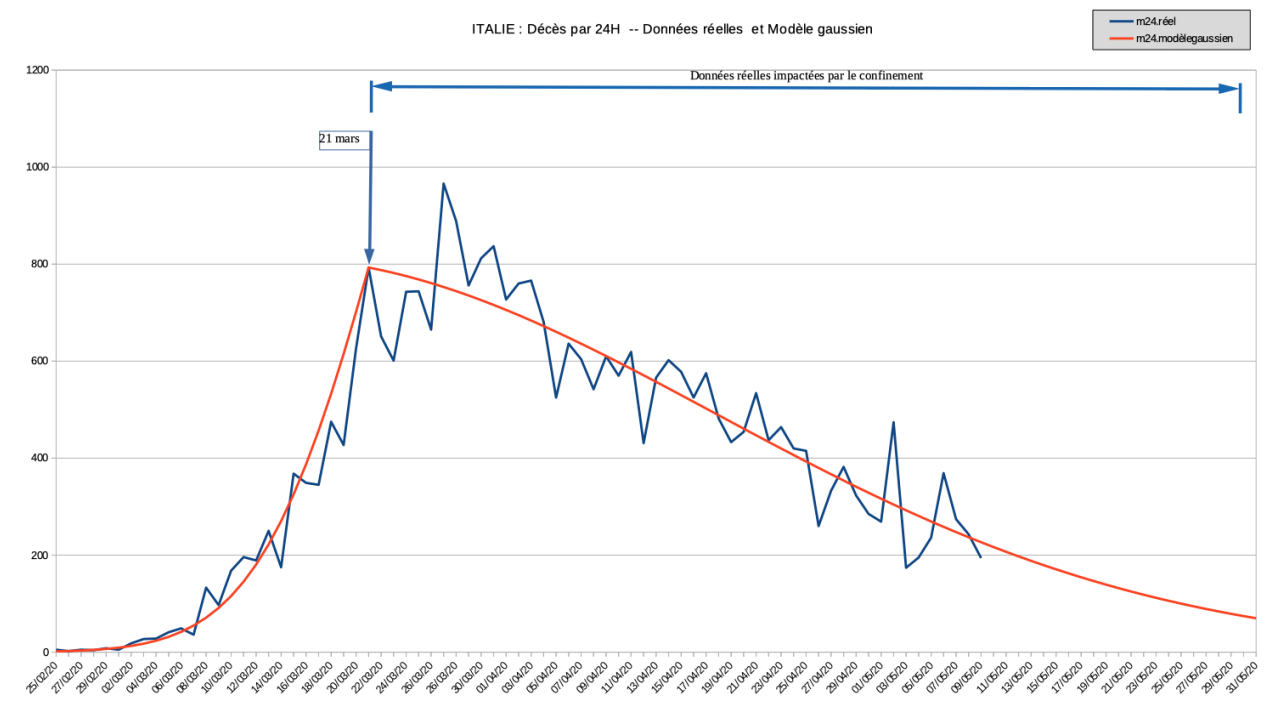


Figure A2