



HAL
open science

Un modèle mathématique de l'épidémie de coronavirus en France

Nicolas Bacaër

► **To cite this version:**

Nicolas Bacaër. Un modèle mathématique de l'épidémie de coronavirus en France. 2020. hal-02509142v1

HAL Id: hal-02509142

<https://hal.science/hal-02509142v1>

Preprint submitted on 16 Mar 2020 (v1), last revised 9 Jan 2023 (v8)

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.

Un modèle mathématique de l'épidémie de coronavirus en France

Nicolas Bacaër*

16 mars 2020

Résumé

On ajuste un modèle épidémique de type S-E-I-R aux données épidémiques du nouveau coronavirus en France en 2020. Si les contacts sont réduits à zéro à partir d'une certaine date proche du début de l'épidémie, la taille finale de l'épidémie est proche de celle que l'on obtient en multipliant le nombre cumulé de cas à cette date par la reproductivité \mathcal{R}_0 de l'épidémie. Avec nos estimations, $\mathcal{R}_0 \simeq 2,9$ en France.

1 Les données

La figure 1a montre le nombre cumulé de cas détectés de coronavirus en France entre le 25 février et le 15 mars 2020. Entre ces deux dates, le nombre cumulé est passé de 13 à 5427. On observe une croissance qui a l'air exponentielle.

La figure 1b montre comment une droite de régression s'ajuste en coordonnées logarithmiques. On trouve que la courbe croît comme $e^{\lambda t}$ avec un taux de croissance $\lambda \simeq 0,31$ par jour. Le temps de doublement est $\log(2)/\lambda \simeq 2,2$ jours.

2 Un modèle mathématique

Divisons la population française en quatre compartiments selon un modèle épidémique classique de type S-E-I-R : susceptible d'être infecté (S), infecté mais non infectieux (E , infectieux sans protection (I) et non susceptible de transmettre l'infection (c'est-à-dire infectieux mais confiné ou guéri, R). Notons N la population totale, a le taux de contact effectif, b le taux auquel les personnes infectées deviennent infectieuses et c le taux auquel les personnes infectieuses

*Institut de Recherche pour le Développement, Les Cordeliers, Paris, France, nicolas.bacaer@ird.fr, <http://www.umisco.ird.fr/perso/bacaer/>

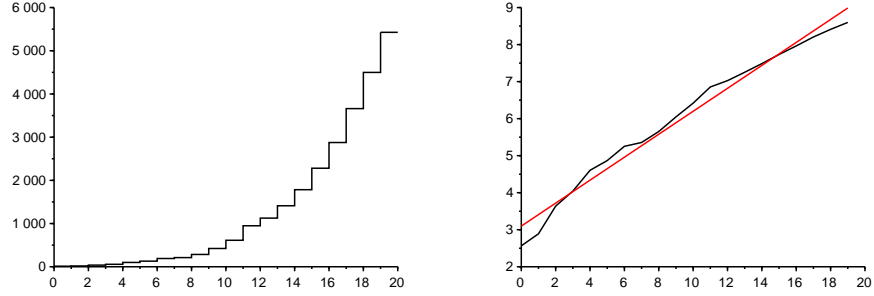


FIGURE 1 – a) Nombre cumulé de cas détectés en France en fonction du nombre de jours écoulés depuis le 25 février 2020. b) Logarithme népérien du nombre cumulé de cas et droite de régression linéaire.

sont isolées :

$$\frac{dS}{dt} = -a S \frac{I}{N} \quad (1)$$

$$\frac{dE}{dt} = a S \frac{I}{N} - b E \quad (2)$$

$$\frac{dI}{dt} = b E - c I \quad (3)$$

$$\frac{dR}{dt} = c I. \quad (4)$$

Pour faire le lien avec les données, on peut penser que $R(t)$ correspond au nombre cumulé de cas connus à l'instant t .

Au début de l'épidémie, $S(t) \simeq N$, donc

$$\frac{dE}{dt} \simeq a I - b E, \quad \frac{dI}{dt} \simeq b E - c I.$$

L'épidémie tend donc à croître exponentiellement comme $e^{\lambda t}$, où λ est la plus grande valeur propre de la matrice

$$\begin{pmatrix} -b & a \\ b & -c \end{pmatrix}. \quad (5)$$

Le polynôme caractéristique est

$$\lambda^2 + (b+c)\lambda + b(c-a) = 0. \quad (6)$$

Donc

$$\lambda = \frac{-(b+c) + \sqrt{(b+c)^2 - 4b(c-a)}}{2} = \frac{-(b+c) + \sqrt{(b-c)^2 + 4ab}}{2}. \quad (7)$$

La durée moyenne dans le compartiment E , qui vaut $1/b$ et que l'on assimile à la période d'incubation, serait de l'ordre de 4 jours [1]. Donc $b \simeq 0,25$ par jour. Imaginons que la durée moyenne dans le compartiment I avant isolement, qui vaut $1/c$, soit de l'ordre de 1 jour. Alors $c \simeq 1$ par jour. On déduit de la formule (7) que

$$a = \frac{(2\lambda + b + c)^2 - (b - c)^2}{4b} = (\lambda + c) \left(1 + \frac{\lambda}{b}\right). \quad (8)$$

ce qui permettrait de calculer numériquement a .

Imaginons que des mesures de santé publique puissent diviser le taux de contact effectif par un nombre k qui soit supérieur à 1. Combien doit valoir au minimum k pour arrêter l'épidémie? Cette valeur de k , traditionnellement notée \mathcal{R}_0 à la suite de Lotka, s'obtient simplement en remarquant que lorsque a est remplacé par $a' = a/\mathcal{R}_0$, le nouveau taux de croissance de l'épidémie λ' doit être nul, ce qui d'après l'équation (6) conduit à $c - a/\mathcal{R}_0 = 0$ et à

$$\mathcal{R}_0 = \frac{a}{c} = \left(1 + \frac{\lambda}{b}\right) \left(1 + \frac{\lambda}{c}\right) \simeq 2,93$$

si l'on utilise la valeur numérique de λ suggérée par la courbe épidémique de la figure 1. Vues les incertitudes sur les paramètres b et c , ceci ne peut être qu'une valeur approchée¹.

Revenons au modèle S-E-I-R (1)-(4). Déterminons ce que sera la taille finale de l'épidémie en l'absence complète d'intervention. L'équation (1) montre que

$$\frac{d}{dt} \log S = -\frac{a}{N} I(t),$$

donc en intégrant de $t = 0$ à $t = +\infty$:

$$\log S(\infty) - \log S(0) = -\frac{a}{N} \int_0^{\infty} I(t) dt. \quad (9)$$

Au début de l'épidémie, personne n'est dans le compartiment R , donc $R(0) = 0$. L'équation (4) montre que

$$R(\infty) = c \int_0^{\infty} I(t) dt, \quad (10)$$

où $R(\infty)$ désigne la limite quand $t \rightarrow +\infty$ de la fonction $R(t)$, qui est croissante et majorée par N . Par ailleurs, on a à tout instant $S(t) + E(t) + I(t) + R(t) = N$. Quand $t \rightarrow +\infty$, l'épidémie finit par s'arrêter de sorte que $E(t)$ et $I(t)$ tendent vers 0. À la limite, il ne reste donc que les personnes qui ont échappé à l'épidémie et celles qui ont été infectées mais qui ont guéri :

$$S(\infty) + R(\infty) = N. \quad (11)$$

1. De manière plus savante, on aurait pu remarquer que \mathcal{R}_0 était aussi le rayon spectral de la matrice

$$\begin{pmatrix} 0 & a \\ 0 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} b & 0 \\ -b & c \end{pmatrix}^{-1}.$$

En combinant (9), (10) et (11), on voit que

$$N - R(\infty) = S(0) \exp\left(-\frac{a}{c} \frac{R(\infty)}{N}\right).$$

Au début de l'épidémie, il n'y a que quelques personnes infectées dans la population, donc $S(0) \simeq N$. L'équation peut s'écrire comme

$$1 - \frac{R(\infty)}{N} \simeq \exp\left(-\mathcal{R}_0 \frac{R(\infty)}{N}\right).$$

On trouve numériquement $R(\infty)/N \simeq 94\%$.

3 Deuxième phase avec intervention drastique

Imaginons qu'à une certaine date τ , des mesures drastiques soient prises de sorte que le nouveau taux de contact effectif soit réduit à 0 alors qu'il y a $R(\tau)$ cas cumulés. Par exemple, il y avait 5427 cas cumulés au 15 mars, date à laquelle sont entrées en vigueur les mesures concernant les écoles et les lieux publics [2]. Peut-on alors prévoir quelle sera la nouvelle taille finale de l'épidémie ?

Pendant la phase exponentielle où $t \leq \tau$ et où le nombre total de cas représente encore une part infime de la population totale, on a

$$E(t) \simeq u e^{\lambda t}, \quad I(t) \simeq v e^{\lambda t}, \quad R(t) \simeq w e^{\lambda t},$$

où (u, v) est un vecteur propre associé à la plus grande valeur propre λ de la matrice (5). Ainsi, $-b u + a v = \lambda u$. Avec l'équation (8), on trouve que

$$u = \frac{a v}{\lambda + b} = \frac{\lambda + c}{b} v.$$

Comme $dR/dt \simeq \lambda R$ pour $t < \tau$, on a

$$I(\tau) = \frac{1}{c} \frac{dR}{dt}(\tau) \simeq \frac{\lambda}{c} R(\tau).$$

Mais $I(\tau) = v e^{\lambda \tau}$, donc

$$E(\tau) \simeq u e^{\lambda \tau} = \frac{\lambda + c}{b} v e^{\lambda \tau} = \frac{\lambda + c}{b} I(\tau) = \left(\frac{\lambda^2}{bc} + \frac{\lambda}{b}\right) R(\tau).$$

Les contacts étant réduits à zéro, on a pour $t > \tau$

$$\frac{dS}{dt} = 0 \tag{12}$$

$$\frac{dE}{dt} = -b E \tag{13}$$

$$\frac{dI}{dt} = b E - c I \tag{14}$$

$$\frac{dR}{dt} = c I. \tag{15}$$

Sans avoir à résoudre ce système, il est clair que la taille finale de l'épidémie sera

$$R(\infty) = R(\tau) + E(\tau) + I(\tau) \simeq R(\tau) \left(1 + \frac{\lambda}{b}\right) \left(1 + \frac{\lambda}{c}\right) = \mathcal{R}_0 R(\tau).$$

Ainsi, si les contacts sont réduits à zéro à partir d'une certaine date proche du début de l'épidémie, la taille finale de l'épidémie est proche de celle que l'on obtient en multipliant le nombre cumulés de cas à cette date par la reproductivité \mathcal{R}_0 de l'épidémie. Un analogue de ceci est d'ailleurs bien connu en démographie, où les naissances remplacent les infections.

On trouve numériquement $R(\infty) \simeq 15\,925$. Soulignons encore une fois l'incertitude autour des paramètres b et c , qui se retrouve dans la valeur de $R(\infty)$.

En réalité, le taux de contact effectif ne sera pas tout à fait nul pour $t > \tau$. La valeur obtenue pour $R(\infty)$ peut néanmoins être considérée comme une borne inférieure probable de la valeur réelle.

Si l'on veut savoir quand aura lieu le pic d'arrivée de nouveaux cas, il faut résoudre le système (12)-(15). On trouve que $E(t) = E(\tau) e^{-b(t-\tau)}$ et que

$$\begin{aligned} I(t) &= I(\tau) e^{-c(t-\tau)} + b \int_{\tau}^t e^{-c(t-s)} E(s) ds \\ &= I(\tau) e^{-c(t-\tau)} + b E(\tau) \frac{e^{-b(t-\tau)} - e^{-c(t-\tau)}}{c-b}. \end{aligned}$$

Avec nos valeurs numériques, on a $E(\tau) \simeq 8816$, $I(\tau) \simeq 1682$ et la dérivée de $I(t)$ s'annule 0,7 jours après que le taux de contact a été ramené à 0. Pour un taux de contact non nul, le délai serait plus long.

Références

- [1] Guan W.J. et coll. (2020) Clinical characteristics of 2019 novel coronavirus infection in China. *New England Journal of Medicine*, doi : 10.1056/NEJMoa2002032
- [2] Hecketsweiler C., Pietralunga C. (2020) Coronavirus : les simulations alarmantes des épidémiologistes pour la France. *Le Monde*, publié en ligne le 15/03/2020.