HAL
open science

Un modèle mathématique des débuts de l'épidémie de coronavirus en France

Nicolas Bacaër

▶ **To cite this version:**

Nicolas Bacaër. Un modèle mathématique des débuts de l'épidémie de coronavirus en France. 2020. hal-02509142v3

HAL Id: hal-02509142

https://hal.science/hal-02509142v3

Preprint submitted on 28 Mar 2020 (v3), 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 des débuts de l'épidémie de coronavirus en France

Nicolas Bacaër*

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 T 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 $R(T)$ à cette date par la reproductivité $\mathcal{R}_0$ de l'épidémie. Plus généralement, si les contacts sont divisés au temps T par $q > 1$ de sorte que $\mathcal{R}_0/q < 1$, alors la taille finale de l'épidémie est proche de $R(T)\,\mathcal{R}_0\,(1 - 1/q)/(1 - \mathcal{R}_0/q)$. Avec nos estimations, $\mathcal{R}_0 \simeq 2{,}3$ en France.

Mots-clés : épidémie, modèle mathématique, reproductivité

1 Le modèle

La figure 1[a] montre le nombre cumulé de cas détectés de coronavirus en France entre le 25 février et le 27 mars 2020. Il faut distinguer la date du 15 mars à partir de laquelle des mesures drastiques ont été prises subitement pour arrêter l'épidémie (fermeture des écoles, des restaurants, etc.). Pour ces trois dates, le nombre cumulé de cas est passé de 13 à 5 427 puis à 32 964. La figure 1[b] montre les mêmes données avec en ordonnée des coordonnées logarithmiques, ainsi que des droites de régression linéaire. On observe trois périodes : dans la première, qui va jusqu'au 6 mars, la croissance est rapide mais assez irrégulière ; dans la deuxième, qui va jusqu'au 15 mars, la croissance est un peu moins rapide mais régulière ; dans la troisième, à partir du 16 mars, la croissance est ralentie et régulière. Si l'on ajuste une droite sur les deux premières périodes qui vont du 25 février au 15 mars, on trouve que le nombre de cas croît comme $e^{\lambda t}$ avec un taux de croissance $\lambda \simeq 0,31$ par jour (droite rouge). Le temps de doublement est $\log(2)/\lambda \simeq 2{,}2$ jours. Si en revanche on se limite à la deuxième période, avec des données qui sont particulièrement bien alignées en échelle logarithmique, on obtient $\lambda \simeq 0,225$ par jour et un temps de doublement de 3,1 jours (droite

*Institut de recherche pour le développement, Unité de modélisation mathématique et informatique des systèmes complexes, Les Cordeliers, Paris, France, nicolas.bacaer@ird.fr

bleue). Comme les données du début de l'épidémie sont perturbées par une part importante de nouveaux cas importés, c'est probablement la deuxième estimation qui est plus fiable ; c'est celle que nous utiliserons ci-dessous pour la phase avant intervention. Quant à la troisième période, on trouve un taux de croissance de 0,146 par jour et un temps de doublement de 4,7 jours.

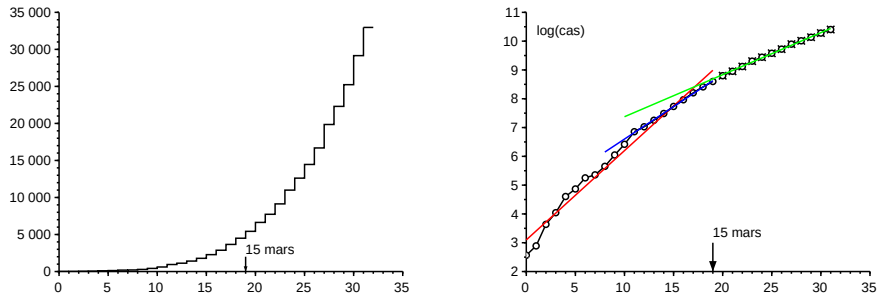

FIGURE 1 – a) Nombre cumulé de cas détectés en France entre le 25 février et le 27 mars 2020, d'après Santé publique France. b) Logarithme népérien du nombre cumulé de cas et droites de régression linéaire.

Proposons un modèle mathématique pour cette épidémie. Divisons la population française en quatre compartiments selon le modèle classique S-E-I-R (voir par exemple [3, p. 61]) : susceptible d'être infecté (S), infecté mais non infectieux (E), infectieux sans protection (I) et retiré de la chaîne de transmission (R). Ce dernier compartiment regroupe à la fois ceux qui sont infectieux mais confinés, les guéris et les décédés. On peut évidemment raffiner à l'infini ce modèle pour le rendre plus réaliste mais on a essayé ici de limiter au maximum le nombre de paramètres inconnus ; on a aussi pour but d'obtenir un résultat plus d'ordre théorique que pratique.

Notons N la population totale (supposée grande), a le taux de contact effectif, b le taux auquel les personnes infectées deviennent infectieuses et c le taux auquel les personnes infectieuses sont isolées :

$$\frac{dS}{dt} = -a\,S\,\frac{I}{N} \tag{1}$$

$$\frac{dE}{dt} = a\,S\,\frac{I}{N} - b\,E \tag{2}$$

$$\frac{dI}{dt} = b\,E - c\,I \tag{3}$$

$$\frac{dR}{dt} = c\,I, \tag{4}$$

avec $N = S(t) + E(t) + I(t) + R(t)$. Pour faire le lien avec les données de la figure 1, on peut penser que $R(t)$ correspond au nombre cumulé de cas connus à l'instant t.

Au début de l'épidémie, le nombre de cas reste très petit par rapport à la population totale de sorte que $S(t) \simeq N$, ce qui conduit à la linéarisation

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

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

$$\begin{pmatrix} -b & a \\ b & -c \end{pmatrix}. \tag{5}$$

Le polynôme caractéristique est

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

Donc

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

La durée moyenne dans le compartiment E, qui vaut $1/b$ et que l'on assimile en première approximation à la période d'incubation, serait de l'ordre de 4 jours [4]. Prenons par conséquent $b = 0{,}25$ par jour. La durée moyenne dans le compartiment I avant isolement, qui vaut $1/c$, est plus difficile à estimer car elle dépend non seulement des caractéristiques biologiques du virus mais aussi de la promptitude avec laquelle les cas sont isolés, ce qui varie d'un pays à l'autre. Supposons qu'elle soit de l'ordre de 1 jour puisque l'épidémie en France a lieu alors que les habitants sont déjà bien au courant de l'existence de la pandémie ; les malades ne tardent pas à être isolés. Ainsi $c = 1$ par jour. On déduit de la formule (7) que

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

ce qui permettrait de calculer numériquement le taux de contact effectif a à partir du taux de croissance observé λ.

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 et appelée par lui « reproductivité » [6, p. 102], 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

$$\mathcal{R}_0 = \frac{a}{c} = \left(1 + \frac{\lambda}{b}\right)\left(1 + \frac{\lambda}{c}\right) \simeq 2{,}33$$

si l'on utilise la valeur numérique $\lambda \simeq 0{,}225$ par jour 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 approchée [1].

Revenons au modèle S-E-I-R (1)-(4). Rappelons comment déterminer la taille finale de l'épidémie en l'absence complète d'intervention ; c'est une adaptation facile et d'ailleurs bien connue de la méthode utilisée pour le modèle S-I-R (voir par exemple [5, p. 76]). L'équation (1) montre que

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

Donc en intégrant de $t = 0$ à $t = +\infty$,

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

où $S(\infty)$ désigne la limite quand $t \to +\infty$ de la fonction $S(t)$ qui est décroissante et positive. Au début de l'épidémie, personne n'est encore dans le compartiment R, donc $R(0) = 0$. L'équation (4) montre que

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

Par ailleurs, on a à tout instant $S(t) + E(t) + I(t) + R(t) = N$. Quand $t \to +\infty$, 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 sont passées dans le compartiment R :

$$S(\infty) + R(\infty) = N. \tag{11}$$

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 implicite pour la taille finale de l'épidémie peut s'écrire comme

$$1 - \frac{R(\infty)}{N} \simeq \exp\left(-\mathcal{R}_0\, \frac{R(\infty)}{N}\right), \tag{12}$$

qui se trouve avoir la même forme que pour le modèle S-I-R [5]. Avec $\mathcal{R}_0 \simeq 2{,}33$, on trouve numériquement $R(\infty)/N \simeq 87\%$.

1. De manière plus technique (voir par exemple [7]), on aurait pu remarquer que $\mathcal{R}_0$ était aussi le rayon spectral de la matrice

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

2 Deuxième phase avec intervention drastique

Imaginons qu'à une certaine date T, des mesures drastiques soient prises de sorte que le nouveau taux de contact effectif soit réduit à 0 alors qu'il y a $R(T)$ cas cumulés. Par exemple, il y avait en France 5 427 cas cumulés au 15 mars, date à laquelle sont entrées en vigueur les mesures concernant les écoles et les lieux publics. Peut-on alors prévoir quelle aurait été sous ces hypothèses la nouvelle taille finale de l'épidémie ?

Vers la fin de la phase exponentielle où $t \leq T$ 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 $t < T$ lorsque t n'est pas trop proche de 0, on a

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

Mais $I(T) \simeq v\, e^{\lambda T}$, donc

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

Les contacts étant supposés réduits à zéro, on a pour $t > T$

$$\frac{dS}{dt} = 0, \quad \frac{dE}{dt} = -b\, E, \quad \frac{dI}{dt} = b\, E - c\, I, \quad \frac{dR}{dt} = c\, I. \tag{13}$$

Sans avoir à résoudre ce système, il est clair que la taille finale de l'épidémie sera $R(\infty) = R(T) + E(T) + I(T)$, puisqu'il y a $E(T) + I(T)$ individus infectés qui ne sont pas encore dans le compartiment R au temps T. Ainsi

$$R(\infty) \simeq R(T)\left(1 + \frac{\lambda^2}{bc} + \frac{\lambda}{b} + \frac{\lambda}{c}\right) = R(T)\left(1 + \frac{\lambda}{b}\right)\left(1 + \frac{\lambda}{c}\right) = \mathcal{R}_0\, R(T)\,.$$

Ainsi, si les contacts sont réduits à zéro à partir d'une certaine date proche du début de l'épidémie (assez proche pour que l'approximation linéaire soit encore valable mais pas trop proche pour que le système linéarisé ait eu le temps de converger vers le vecteur propre associé à la première valeur propre), alors 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. Un résultat semblable s'obtient de la même manière pour un modèle S-I-R. En annexe, on remarque cependant que ce n'est plus $\mathcal{R}_0$ qui détermine le rapport $R(\infty)/R(T)$ dans les modèles avec une période infectieuse qui n'est pas distribuée exponentiellement, mais une expression plus compliquée.

Notons au passage l'analogie avec le concept de « potentiel d'accroissement » des populations en démographie [8, p. 176]. C'est le rapport entre la population finale stationnaire et la population à un certain instant si la fertilité est divisée subitement à cet instant par la reproductivité $\mathcal{R}_0$, de sorte que la population se retrouve avec un taux asymptotique de croissance nul. Comme dans notre calcul, c'est en supposant que la population à cet instant est « stable » au sens de Lotka (c'est-à-dire donnée par le premier vecteur propre) que Keyfitz a obtenu une formule relativement simple pour le potentiel d'accroissement, formule qui fait aussi intervenir $\mathcal{R}_0$ quoique de manière plus compliquée que pour notre modèle S-E-I-R [8, p. 179].

Notons aussi que l'estimation de $R(T) + E(T) + I(T)$ à partir de la donnée $R(T)$ seule est analogue au problème qui s'était posé aux débuts de l'épidémie de VIH pour estimer le nombre de personnes séropositives à partir du nombre de cas déclarés de SIDA.

Revenons à notre modèle. Avec $R(T) = 5\,427$ et $\mathcal{R}_0 \simeq 2{,}33$, cela donne $R(\infty) \simeq 12\,600$. Soulignons encore une fois l'incertitude autour des paramètres b et c, qui se retrouve dans la valeur de $R(\infty)$.

La figure 2^a illustre ce modèle à deux phases. On a pris $N = 65 \times 10^6$ (la population totale de la France), $S(0) = N - 1$, $E(0) = 1$, $I(0) = 0$ et $R(0) = 0$. Le paramètre a est donné par la formule (8) avec $\lambda = 0{,}225$ par jour, comme dans la figure 1. On a pris $T = 40{,}1$ jours de sorte que $R(T) \simeq 5\,415$ soit proche de la donnée $5\,427$ du 15 mars. En poursuivant la simulation un peu plus longtemps que dans la figure, on trouve bien numériquement que $R(\infty)/R(T) \simeq 2{,}33 \simeq \mathcal{R}_0$.

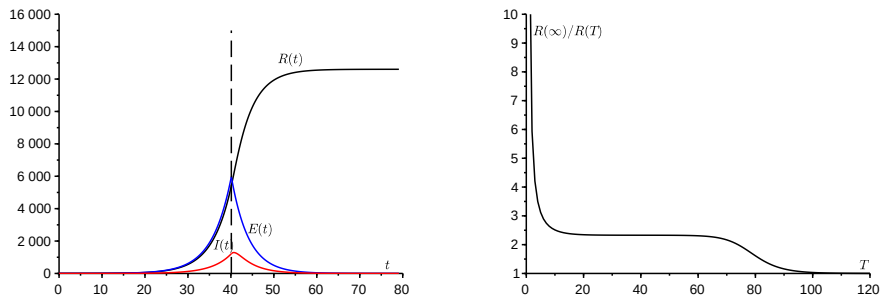

FIGURE 2 – Figure 2. a) Exemple de simulation du modèle à deux phases. b) Le rapport $R(\infty)/R(T)$ en fonction de T.

La figure 2^b montre comment le rapport $R(\infty)/R(T)$ varie en fonction de l'instant T où le taux de contact est réduit à zéro. On observe effectivement un plateau où ce rapport est proche de $\mathcal{R}_0$. Quand $T \to 0$, on a $R(T) \to 0$ et $R(\infty) \to E(0) + I(0) = 1$, donc le rapport $R(\infty)/R(T)$ tend vers l'infini. Le rapport se rapproche de $\mathcal{R}_0$ lorsque T est de l'ordre de l'inverse de la différence entre les deux valeurs propres de la matrice (5). Quand au contraire $T \to \infty$, alors l'intervention intervient trop tard ; l'épidémie est déjà passée et $R(\infty)/R(T) \to 1$.

On s'attend à ce que la largeur du plateau où $R(\infty)/R(T)$ est proche de $\mathcal{R}_0$ croisse comme une constante multipliée par $\log(N)$ lorsque $N \to +\infty$, puisque tel est par exemple le comportement du temps jusqu'au pic épidémique dans un modèle S-I-R à coefficients constants [2].

Si l'on veut savoir quand aura lieu le pic d'arrivée de nouveaux cas, ce qui peut avoir son importance pour les problèmes de congestion dans les hôpitaux, il faut résoudre le système (13). On trouve $E(t) = E(T)\, e^{-b(t-T)}$ et

$$I(t) = I(T)e^{-c(t-T)} + bE(T)\,\frac{e^{-b(t-T)} - e^{-c(t-T)}}{c-b}\ .$$

Avec les valeurs numériques de la figure 2^a, on a $E(T) \simeq 5\,970$, $I(T) \simeq 1\,218$ et la dérivée de $I(t)$ s'annule déjà 0,6 jours après que le taux de contact a été ramené à 0. Pour un taux de contact non nul, le délai serait évidemment plus long.

3 Généralisation

Dans la réalité, le taux de contact effectif n'est sûrement pas tout à fait nul pour $t > T$. La valeur obtenue pour $R(\infty)$ peut néanmoins être considérée comme une borne inférieure de la valeur réelle puisqu'il est certain que la taille finale de l'épidémie sera supérieure avec des contacts non nuls qu'avec des contacts nuls pour $t > T$. Rappelons cependant à ce sujet que les modèles épidémiques de type S-I-R ou S-E-I-R avec un taux de contact variable ne sont pas « monotones », dans le sens qu'une réduction du taux de contact peut parfois conduire à une taille finale de l'épidémie plus grande [1].

Considérons maintenant le cas où le taux de contact n'est pas réduit à 0 mais simplement divisé par un nombre $q > 1$ de sorte que $\mathcal{R}_0/q < 1$, alors que $\mathcal{R}_0 > 1$. La réduction à 0 correspond au cas limite où q tend vers l'infini. Dans ce cas, on a pour $t > T$,

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{a}{q}\,S\,\frac{I}{N}, \quad \frac{dE}{dt} = \frac{a}{q}\,S\,\frac{I}{N} - b\,E, \quad \frac{dI}{dt} = b\,E - c\,I, \quad \frac{dR}{dt} = c\,I.$$

Par le même raisonnement que dans la section 1, on a pour $t > T$

$$\frac{1}{S}\frac{dS}{dt} = -\frac{a}{q\,c\,N}\frac{dR}{dt}.$$

En intégrant entre $t = T$ et $t = +\infty$, on en déduit que

$$\log\frac{S(\infty)}{S(T)} = -\frac{\mathcal{R}_0}{q\,N}(R(\infty) - R(T)).$$

Supposons comme dans la section 2 que le temps T ne soit ni trop petit ni trop grand, c'est-à-dire dans le plateau de la figure 2^b. On a alors $E(T) + I(T) + R(T) \simeq \mathcal{R}_0\,R(T)$. Comme $S(\infty) = N - R(\infty)$ et

$$S(T) = N - E(T) - I(T) - R(T) \simeq N - \mathcal{R}_0 R(T),$$

on a

$$N - R(\infty) \simeq [N - \mathcal{R}_0\, R(T)]\, \exp\left(-\frac{\mathcal{R}_0}{q\,N}(R(\infty) - R(T))\right).$$

Comme $R(T)/N$ est supposé petit, on a $\exp(\frac{\mathcal{R}_0 R(T)}{q\,N}) \simeq 1 + \frac{\mathcal{R}_0 R(T)}{q\,N}$ et

$$1 - \frac{R(\infty)}{N} \simeq \left[1 - \frac{\mathcal{R}_0\, R(T)}{N} + \frac{\mathcal{R}_0 R(T)}{q\,N}\right] \exp\left(-\frac{\mathcal{R}_0}{q}\frac{R(\infty)}{N}\right).$$

Or $\mathcal{R}_0/q < 1$ par hypothèse. Donc la solution $R(\infty)/N$ de cette équation sera petite devant 1, d'après l'argument graphique classique [5]. En utilisant que $\exp(-\frac{\mathcal{R}_0}{q}\frac{R(\infty)}{N}) \simeq 1 - \frac{\mathcal{R}_0}{q}\frac{R(\infty)}{N}$, on obtient finalement

$$R(\infty) \simeq R(T)\,\mathcal{R}_0\,\frac{1 - 1/q}{1 - \mathcal{R}_0/q}. \tag{14}$$

Lorsque $q \to +\infty$, on retrouve bien que $R(\infty) \simeq R(T)\,\mathcal{R}_0$. On remarque aussi que $(1 - 1/q)/(1 - \mathcal{R}_0/q) > 1$, comme il se doit.

La figure 3 compare, pour T fixé comme dans la figure 2[a] et pour différentes valeurs du paramètre q, la taille finale de l'épidémie en échelle logarithmique $\log(R(\infty)/N)$ obtenue par simulation numérique avec la formule (14) pour $q > \mathcal{R}_0$ et avec la solution strictement positive de l'équation

$$1 - \frac{R(\infty)}{N} \simeq \exp\left(-\frac{\mathcal{R}_0}{q}\,\frac{R(\infty)}{N}\right) \tag{15}$$

pour $q < \mathcal{R}_0$. En effet, dans ce dernier cas, il y a une épidémie majeure et il suffit d'adapter l'équation (12), qui est plus ou moins indépendante de la fraction initiale infectée $1 - S(T)/N \simeq \mathcal{R}_0\, R(T)/N$ pourvu que celle-ci soit petite, ce que nous avons supposé. On voit que les deux approximations cessent d'être valable au voisinage de $q = \mathcal{R}_0$.

On notera que la taille finale de l'épidémie varie de plusieurs ordres de grandeurs lorsque q est proche de $\mathcal{R}_0$. Comme il est très difficile de quantifier q, la prédiction de la taille finale de l'épidémie est également difficile dans cette zone. Il n'y a que si q est nettement supérieur à $\mathcal{R}_0$ que la prévision avec la formule (14) devient moins sensible à la valeur de q.

4 Tentative d'estimation de q

Revenons à la figure 1. Essayons d'estimer q en ajustant une simulation du modèle aux données postérieures au 15 mars. Pour cela, on part de la donnée $R(T) = 5\,427$. Comme les données des 8 jours qui précèdent sont particulièrement bien alignées, on démarre la simulation de notre modèle avec $R(T - \tau) = e^{-\lambda\tau} R(T)$ où $\lambda = 0{,}225$ par jour et $\tau = 8$ jours, et avec les estimations correspondantes $I(T - \tau) \simeq \frac{\lambda}{c}\, R(T - \tau)$, $E(T - \tau) \simeq (\frac{\lambda^2}{bc} + \frac{\lambda}{b}) R(T - \tau)$ et $S(T - \tau) = N - E(T - \tau) - I(T - \tau) - R(T - \tau)$. Pour $t > T$, le taux

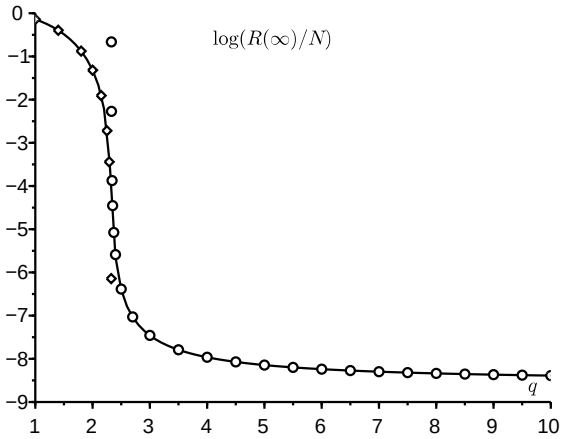

FIGURE 3 – $\log(R(\infty)/N)$ en fonction de q (ligne continue), comparé avec la formule (14) (petits ronds) valable pour $q > \mathcal{R}_0$ et avec la solution de l'équation (15) (petits losanges) valable pour $q < \mathcal{R}_0$.

de contact effectif est a/q et on essaie d'ajuster $R(t)$ aux données jusqu'au 27 mars. Le meilleur ajustement se trouve entre $q = 1{,}5$ et $q = 2$, aux alentours de $q = 1{,}7$. Comme cette valeur est inférieure à $\mathcal{R}_0$, il semblerait que les mesures de confinement soient encore insuffisantes.

En conclusion, on a exploré un scénario à deux phases où le taux de contact est réduit à partir d'un certaine date. On a trouvé une formule approchée simple pour la taille finale de l'épidémie en fonction du nombre de cas détectés au moment de la réduction. Il reste néanmoins à énoncer et à démontrer plus rigoureusement ce résultat, probablement en le faisant apparaître comme un résultat asymptotique lorsque $N \to +\infty$. Quant à la question pratique à la date du 27 mars, le modèle est peut-être un peu trop simpliste pour en tirer des conclusions. En particulier, on s'attend à ce qu'une distribution non exponentielle des temps passés dans les différents compartiments influence l'estimation du paramètre q.

Remerciements.

On remercie Hisashi Inaba, Ali Moussaoui et Frédéric Hamelin pour leurs commentaires sur le manuscrit.

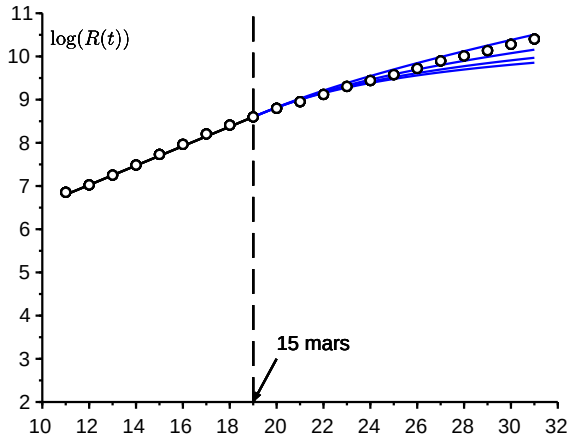

FIGURE 4 – Logarithme népérien du nombre de cas entre le 7 et le 27 mars (petits ronds) et $\log(R(t))$ en fonction du temps t dans 4 simulations avec de haut en bas $q \in \{1{,}5;\ 2;\ 2{,}5;\ 3\}$.

Annexe

Considérons un modèle S-I-R avec une période infectieuse qui n'est pas nécessairement distribuée exponentiellement. Soit $I(t,x)$ la densité de personnes infectées depuis x unités de temps au temps t. Soit $a(x)$ le taux de contact effectif et $b(x)$ le taux auquel les personnes infectées cessent de transmettre l'infection. On a au début de l'épidémie

$$\begin{aligned} I(t,0) &\simeq \int_0^\infty a(x)\, I(t,x)\, dx \\ \frac{\partial I}{\partial t} + \frac{\partial I}{\partial x} &= -b(x)\, I(t,x) \\ \frac{dR}{dt} &= \int_0^\infty b(x)\, I(t,x)\, dx \end{aligned}$$

On en déduit, comme dans la théorie des populations stables de Lotka [6] que

$$I(t,x) \simeq k\, e^{\lambda t}\, e^{-\lambda x - \int_0^x b(y)\, dy}$$

où k est une constante et le taux de croissance λ est l'unique solution de l'équation

$$1 = \int_0^\infty a(x) e^{-\lambda x - \int_0^x b(y)\, dy}\, dx.$$

Si l'on pose $I(t) = \int_0^\infty I(t,x)\,dx$, le problème est d'estimer $I(T) + R(T)$ à partir de $R(T)$. Or

$$\lambda R(T) \simeq \frac{dR}{dt}(T) = \int_0^\infty b(x)\, I(T,x)\,dx \simeq \int_0^\infty b(x)\, k\, e^{\lambda T}\; e^{-\lambda x - \int_0^x b(y)\,dy}\,dx.$$

On en déduit que

$$k \simeq \frac{\lambda R(T) e^{-\lambda T}}{\int_0^\infty b(x)\, e^{-\lambda x - \int_0^x b(y)\,dy}\,dx}.$$

Finalement,

$$\frac{I(T) + R(T)}{R(T)} \simeq \frac{\lambda \int_0^\infty e^{-\lambda x - \int_0^x b(y)\,dy}}{\int_0^\infty b(x)\, e^{-\lambda x - \int_0^x b(y)\,dy}} + 1.$$

On voit que le membre de droite n'a pas de raison particulière de coïncider avec $\mathcal{R}_0 = \int_0^\infty a(x)\, e^{-\int_0^x b(y)\,dy}\,dx$. Dans le cas spécial où les taux sont constants, avec $a(x) \equiv a$ et $b(x) \equiv b$, on a cependant $\lambda = a - b$ et donc $(I(T) + R(T))/R(T) \simeq \frac{\lambda}{b} + 1 = \frac{a}{b} = \mathcal{R}_0$.

Références

[1] Bacaër N., Gomes M.G.M. (2009), « Sur la taille finale des épidémies avec saisonnalité », *Bulletin of Mathematical Biology*, vol. 71, p. 1954-1966. `https://hal.archives-ouvertes.fr/hal-01299608`

[2] Bacaër N. (2020), « Sur le pic épidémique dans un modèle S-I-R », `https://hal.archives-ouvertes.fr/hal-02518993`

[3] Corlosquet-Habart M., Janssen J., Manca R. (2012), *Modélisation stochastique du risque de pandémie : stratégies de couverture et d'assurance*, Cachan, Lavoisier.

[4] Guan W.J., Ni Z.Y., Hu Y., et coll. (2020), « Clinical characteristics of 2019 novel coronavirus infection in China », *New England Journal of Medicine*, doi : 10.1056/NEJMoa2002032

[5] A. Hillion (1986), *Les Théories mathématiques des populations*, Paris, Presses Universitaires de France.

[6] Lotka A.J. (1939), *Théorie analytique des associations biologiques, 2e partie*, Paris, Hermann.

[7] Nkague Nkamba L. (2012), « Robustesse des seuils en épidémiologie et stabilité asymptotique d'un modèle à infectivité et susceptibilité différentielle », Thèse, Université de Lorraine et Université Gaston Berger.

[8] Pressat R. (1995), *Éléments de démographie mathématique*, Paris, AIDELF.