



HAL
open science

Un modèle de prédiction de l'épidémie Covid-19 et une stratégie zig-zag pour la contrôler

Tahar Z Boulmezaoud

► **To cite this version:**

Tahar Z Boulmezaoud. Un modèle de prédiction de l'épidémie Covid-19 et une stratégie zig-zag pour la contrôler. 2020. hal-02561051v1

HAL Id: hal-02561051

<https://hal.science/hal-02561051v1>

Preprint submitted on 3 May 2020 (v1), last revised 9 Sep 2020 (v2)

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 de prédiction de l'épidémie Covid-19 et une stratégie zig-zag pour la contrôler

Tahar Z. Boulmezaoud

Laboratoire de Mathématiques de Versailles,
Université de Versailles Saint-Quentin-en-Yvelines - Université Paris-Saclay
45, avenue des Etats-Unis,
78035, Versailles, Cedex, France.
Email: tahar.boulmezaoud@uvsq.fr
Url: <http://boulmezaoud.perso.math.cnrs.fr/>

Résumé. Dans cette étude, on s'intéresse à la dynamique d'une épidémie de type Covid-19 avec un double objectif. Le premier objectif est de proposer un modèle mathématique macroscopique fiable, s'appuyant sur les données réelles et intégrant les différents délais cliniques inhérents à la maladie, tout en restant très peu consommateur de données et de temps de calcul. Il s'agit d'un modèle temporel discret, journalier, à différents délais de retard, et dont les paramètres sont calibrés à partir des principaux indicateurs macroscopiques de l'épidémie. Le modèle se décline en deux versions découplées: une version mortalité-mortalité, utilisable avec les données sur le nombre de décès, et une version infection-infection utilisable quand on dispose d'estimations fiables des taux d'infection de la population. Le modèle permet de décrire de manière réaliste l'évolution des principaux marqueurs de l'épidémie: nombre de décès (ou de décès à l'hôpital), nombre d'hospitalisations et de places occupées en réanimation (ou en soins intensifs) et les nombres d'individus infectés, rétablis ou actifs. De plus, en termes de décès et de places occupées en réanimation, le modèle est peu sensible aux incertitudes actuelles sur l'IFR. Le second objectif est d'étudier plusieurs scénarios originaux pour la suite de l'épidémie du Covid-19, notamment après la période de confinement strict. On propose en conséquence une stratégie cohérente pour maîtriser l'épidémie, et sortir du confinement strict, sans adopter une approche risquée de type immunité grégaire. Cette stratégie, appelée *stratégie zig-zag* est basée sur la classification des mesures appliquées en quatre *voies*, distinguées par un marqueur appelé taux de reproduction journalier. Le modèle et la stratégie en question sont flexibles et s'adaptent facilement à de nouvelles avancées telles que les dépistages massifs ou les sondages sur les infections. Ils peuvent également être employés à différentes échelles géographiques (locales, régionales ou nationales).

Une version anglaise de cette prépublication est également disponible.

Mots clés: Covid-19, Coronavirus Sars-CoV-2, Epidémie, Confinement, Déconfinement, Stratégie Zig-Zag, Modèle épidémiologique.

1. Introduction

La pandémie de Covid-19 à laquelle nous assistons aujourd'hui s'est répandue à une vitesse phénoménale. Partie de Wuhan vers la mi-décembre 2019, elle a atteint la quasi-totalité des pays du monde en l'espace de quatre mois. La vitesse de circulation du virus Sars-CoV-2 et la brièveté du temps de développement de la maladie Covid-19 ne laissent que peu de temps pour réagir. A la mi-avril 2020, l'épidémie a déjà absorbé, voire saturé, les capacités hospitalières de nombreux pays, causant plus de 150000 décès dans le monde et affectant grièvement la santé d'au moins un demi-million de personnes. Le temps d'action du coronavirus Sars-CoV-2 s'avère bien plus court que les différents temps de réaction des institutions humaines, qu'elles soient hospitalières, industrielles, ou scientifiques.

Dès lors, pour comprendre la dynamique d'une épidémie de type Covid-19, il est nécessaire de se placer à l'échelle du temps d'action du virus. Les modèles mathématiques qui visent à prédire cette dynamique doivent tenir compte des différents *délais* de transmission du virus et de l'évolution clinique de la maladie qu'il engendre. Plus précisément, l'intervalle intergénérationnel, le temps d'incubation, la durée de contagiosité, les délais et les durées d'hospitalisation, les délais entre l'infection et le décès sont tous des paramètres importants qu'il faut pouvoir estimer et intégrer dans la modélisation.

Cependant, face à l'urgence, les scientifiques ne peuvent pas s'appuyer que sur des modèles de calcul complexes, dont la mise en oeuvre, la réactivité et les besoins en données nécessitent des semaines de collecte et des coûts de calcul prohibitifs.

Paradoxalement, l'importance des aspects chronologiques dans la compréhension du potentiel épidémique de ce virus pourrait conduire à des modèles mathématiques moins coûteux en temps de calcul et en collecte de données. En effet, les variables d'espace et d'âge ne jouent pas un rôle primordial dans sa propagation : le virus ne se propage pas par une vague qui avance lentement de région en région, mais par la multiplication de clusters et de foyers épidémiques. L'introduction de un ou quelques cas infectés peut suffire pour répandre rapidement l'infection, sans attendre les vagues arrivant de régions voisines. Ainsi, les modèles qui reposent sur des systèmes d'équations aux dérivées partielles où la variable d'espace vit dans un continuum ne sont peut-être pas adéquats dans le cas de cette épidémie. De même, l'âge des individus infectés ne semble pas jouer un rôle de premier plan dans la propagation du virus (du moins selon les connaissances actuelles). Seuls le développement, la gravité et la mortalité de la maladie en dépendent fortement. En résumé, la rapidité de circulation qui fait la force pandémique de ce virus pourrait donner lieu à des modèles mathématiques plus simples, à condition qu'ils prennent en considération les caractéristiques chronologiques du virus.

Par ailleurs, l'une des difficultés rencontrées dans l'étude de cette pandémie provient des données collectées, notamment celles concernant le nombre des individus infectés. De nombreuses personnes contractent le virus sans déclarer de symptômes ou des formes graves de la maladie, tout en devenant contagieuses. De plus, la difficulté d'effectuer des tests virologiques en grand nombre poussent à recentrer la dépistage autour des cas ayant développé de sérieux symptômes. Il est en conséquence peu raisonnable de baser les modèles uniquement sur le nombre de cas détectés ou confirmés. Même la proportionnalité de cet indicateur par rapport au nombre total de cas infectés n'est pas garantie, en raison de l'évolution des capacités à pratiquer ces tests, et de la politique de détection employée. Par contre, on pourrait admettre sans difficulté que les chiffres de mortalité (ou de mortalité à l'hôpital), ou d'admission en service de soins intensifs et/ou de réanimation, voire même d'hospitalisation, sont des marqueurs qui traduisent l'évolution de la pandémie de manière bien plus précise.

Compte tenu de toutes ces observations, on propose ici un modèle d'évolution déterministe *discret* en temps, avec comme pas de temps *le jour*, et reposant essentiellement sur l'évolution du *nombre de décès*. C'est un modèle découplé où la mortalité est prédite à partir des chiffres de mortalité uniquement, et qui permet de simuler l'évolution de divers autres indicateurs comme le nombre de lits occupés en réanimation ou en soins intensifs, le nombre de cas hospitalisés, le nombre de cas infectés ou rétablis, et le nombre de cas actifs. Le fait que ces prédictions s'appuient essentiellement

sur les chiffres de mortalité rend le modèle peu sensible au taux de mortalité par infection (IFR), notamment dans les phases réalistes de l'épidémie. L'IFR servira surtout à déduire les nombres de cas infectés, rétablis ou actifs à partir des chiffres de décès.

Le modèle comporte un certain nombre de paramètres. Il s'agit principalement du *taux de reproduction journalier* (à distinguer du taux de reproduction de base), des coefficients de transmission, et de certains délais en temps. Les coefficients de transmission sont calibrés à partir de données réelles par une méthode inverse (sans recourir à des hypothèses supplémentaires sur le profil de contagiosité). Les délais en temps sont déduits des données cliniques. Quant au *taux de reproduction journalier*, introduit ici, il s'agit d'un marqueur dynamique mesurable à partir des données et permettant d'évaluer l'impact des mesures appliquées. Il jouera un rôle fondamental dans la prédiction de la suite de l'épidémie selon différents scénarios, et dans la conception d'une technique pour la contrôler sans maintenir des mesures drastiques permanentes. Cette technique, appelée stratégie zig-zag, consiste à alterner des périodes de confinement strict et de déconfinement modéré selon des règles précises.

Avant de clore cette introduction, rappelons qu'il existe plusieurs modèles mathématiques déterministes ou stochastiques qui décrivent l'évolution d'une épidémie. Les modèles déterministes reposent souvent sur des systèmes d'équations différentielles ordinaires ou avec retard, ou d'équations aux dérivées partielles intégrant les dimensions d'espace et/ou de l'âge des individus. Quant aux modèles probabilistes, couramment cités actuellement, ils tiennent compte du caractère aléatoire des contacts entre individus ainsi que de plusieurs autres dimensions du problème : âge et sexe, situation géographique, etc. En adoptant une approche globale qui tient compte des diverses dimensions du problème, ces modèles nécessitent des hypothèses et une collecte de données importantes afin de fixer leurs paramètres structurels (lois de probabilité de diverses variables aléatoires, matrices de contact, etc). Cependant, Ils fournissent in fine des informations précieuses sur les caractéristiques de la maladie et de son impact selon les âges des individus, les régions où ils habitent, leurs états de santé, etc.

Dans ce travail, on propose directement un modèle *discret* permettant de suivre l'évolution temporelle de l'épidémie de *jour en jour*, en tenant compte des différents paramètres médicaux la caractérisant : période d'incubation du virus, début et durée de contagiosité, intervalle de temps moyen entre l'apparition des symptômes et l'hospitalisation ou le décès, etc. Le modèle permet de suivre l'impact des mesures de restriction et le comportement de la population. Il permet également de prédire la dynamique à court et long terme de l'épidémie, selon plusieurs scénarios. L'état de l'épidémie en France sera particulièrement examiné.

La suite de ce papier est organisée comme suit :

Dans la partie 2, on présentera le modèle. Pour des raisons de lisibilité, on a reporté sa justification à l'annexe A.

La partie 3 est consacrée au calibrage de ses différents paramètres (délais en temps, coefficients de transmission, etc).

La partie 4 porte sur l'étude du taux de reproduction journalier dans le cas de plusieurs pays.

La partie 5 comporte l'analyse d'une dizaine de scénarios de sortie du confinement, en choisissant l'exemple de la France. Ces scénarios sont tous reproductibles pour d'autres pays ou pour une ré-

gion spécifique. Le scénario de non application de confinement est également étudié.

Dans la partie 6, on expose dans des termes généraux la stratégie zig-zag pour sortir du confinement tout en contrôlant l'épidémie. Cette stratégie est inspirée des résultats de diverses simulations et de l'observation des caractéristiques de l'épidémie.

La partie 7 est dédiée aux conclusions.

Le lecteur non intéressé par les aspects mathématiques du modèle peut se contenter de lire les parties 5, 6, 7 et éventuellement 4.

Soulignons enfin que l'étude mathématique rigoureuse du modèle est reportée à un autre travail. Ici, on met volontairement l'accent sur la modélisation et la prédiction dans le contexte de scénarios réalistes.

2. Le modèle et ses paramètres

Dans des situations épidémiques graves comme c'est le cas avec l'épidémie du Covid-19, beaucoup de pays adoptent une communication journalière des indicateurs d'infection, d'hospitalisation et de mortalité. On choisira donc ici comme *unité de temps* le jour. On se place dans le cadre d'une entité \mathcal{E} ayant une population suffisamment grande. Une telle entité peut être une région donnée, un pays ou un ensemble de pays. Cependant, on peut garder à l'esprit, sans perdre de généralité, que l'entité de référence ici est le pays. On note P la taille initiale de sa population.

Dans ce modèle, on suit l'évolution d'épidémie par jour par jour, à partir d'une certaine date J_0 . Cette date pourrait dépendre du pays choisi pour l'étude.

On notera $(J_n)_{n \geq 1}$ la suite des jours ultérieures à ce jour de départ.

Pour tout entier $n \geq 0$, on note

- S_n le nombre d'individus sains (ou susceptibles d'être infectés) à la fin du n -ème jour,
- I_n le nombre d'individus infectés à l'issue des n premiers jours (rétablis ou non),
- D_n le nombre total de décès dus à l'épidémie et survenus les n premiers jours,
- R_n le nombre d'individus rétablis à l'issue des n premiers jours,
- A_n le nombre d'individus qui ont été admis ou ayant séjourné en réanimation ou en soins intensifs les n premiers jours (en raison de l'épidémie)
- A_n^* le nombre de places occupées en réanimation ou en soins intensifs à la fin du n -ème jour (par des malades touchés par l'épidémie)

Précisons dès à présent que dans tout le modèle le nombre de décès D_n peut être remplacé par le nombre de décès à l'hôpital. Le modèle restera identique (à condition d'ajuster le taux de mortalité, notamment quand l'épidémie est amplifiée). On verra qu'il n'est pas nécessaire de connaître tous ces indicateurs en début d'épidémie. Des données observées au fil de l'eau suffisent pour prédire la suite.

On convient que $S_k = P$, $D_k = A_k = R_k = 0$ pour tout entier $k \leq 0$ (pas de décès, ni d'individus hospitalisées ou rétablis avant le départ de l'épidémie). Ainsi, I_0 représente le nombre d'individus infectés le jour J_0 . On convient que $I_k = 0$ pour $k < 0$. On pose dans la suite

$$i_n = I_n - I_{n-1}, d_n = D_n - D_{n-1}, a_n = A_n - A_{n-1} \text{ pour tout } n. \quad (2.1)$$

En d'autres termes, i_n et d_n représentent respectivement le nombre d'infections et de décès survenus le n -ème jour, tandis que a_n représente le bilan des entrées-sorties en réanimation comptabilisées en fin du n -ème jour. On a les relations évidentes pour tout $n \geq 0$

$$I_n = \sum_{k=0}^n i_k, \quad D_n = \sum_{k=0}^n d_k, \quad A_n = \sum_{k=0}^n a_k. \quad (2.2)$$

Résumons le modèle qu'on propose pour étudier l'évolution de l'épidémie. On reportera sa justification au paragraphe A. Dans la version complète du modèle, la dynamique du nombre de décès est régie par la loi découplée (mortalité-mortalité) :

$$d_n = C_{n-r} \left(1 - \frac{D_{n-1}}{\alpha P}\right) \sum_{k=0}^{\ell-1} \lambda_k d_{n-m-k} \text{ pour } n \geq 0, \quad (2.3)$$

où D_{n-1} se calcule à partir de d_k , $1 \leq k \leq n-1$, par la relation (2.2).

- $\ell \geq 1$ désigne la durée de contagiosité observée (en jours),
- $m \geq 1$ désigne le nombre minimal de jours minimal séparant l'infection de la contagiosité,
- $r \geq 1$ désigne le délai moyen entre l'infection et le décès,
- α est le taux de mortalité par infection (IFR) (à ajuster si D_n désigne la mortalité uniquement à l'hôpital),
- $\lambda_0, \dots, \lambda_{\ell-1}$ sont des coefficients positifs indépendants de n de somme égale à 1.

Qualitativement, les coefficients de transmission $\lambda_0, \dots, \lambda_{\ell-1}$ décrivent la contagiosité d'un individu infecté (durant les $m + \ell$ jours qui suivent son infection). Ils dépendent en partie de l'évolution de sa charge virale. On les estimera à partir des données réelles en utilisant une technique de moindres carrées expliquée dans l'annexe A.

Dans (2.3), pour tout entier $n \geq 1$, C_n désigne un coefficient positif qu'on appellera *taux de reproduction journalier* au jour n . Ce facteur dépend des mesures prises ; il diminue quand des mesures sont appliquées pour freiner l'épidémie, et augmente quand on assouplit ces mesures. On retiendra qu'une *condition suffisante pour garantir un déclin rapide de l'épidémie est de maintenir la constante C_n en dessous de la valeur 1*. On donnera une estimation de ce facteur en l'absence de mesures et dans les périodes de confinement et on comparera son évolution dans différents pays.

On peut observer que le paramètre C_n intervient dans le modèle (2.3) avec un retard de r jours. Ce retard est justifié par le délai qui sépare l'application de mesures et leur impact sur le nombre de décès.

On remarque par ailleurs que le modèle (2.3) est un modèle convolutif non linéaire. C'est ce modèle qu'on adoptera dans la suite et qu'on complètera avec des identités permettant de calculer les autres indicateurs. Toutefois, il peut être linéarisé si on se place dans les premières phases de l'épidémie, quand le nombre des infections reste petit devant la taille de population. On obtient dans ce cas le modèle convolutif linéaire

$$d_n \approx C_{n-r} \sum_{k=0}^{\ell-1} \lambda_k d_{n-m-k} \text{ pour } n \geq 0. \quad (2.4)$$

Cette dernière relation ne fait pas intervenir le taux de mortalité α . Autrement dit, pour prédire l'évolution de la mortalité dans les premières phases de l'épidémie seul un calibrage des coefficients de transmission $\lambda_0, \dots, \lambda_k$ et une estimation des taux de reproduction journaliers C_n sont nécessaires. En outre, ce modèle linéarisé ne requiert pas la connaissance du nombre initial de d'infections ou de décès. Après calibrage des coefficients, la prédiction de la mortalité au jour n peut être effectuée à partir des données réelles de mortalité sur les $(m + \ell)$ jours qui le précèdent.

On indique maintenant comment on calcule les nombres d'individus infectés et le nombre de places occupées en réanimation ou en soins intensifs. Ces deux quantités sont reliés à D_n par les relations respectives

$$D_n = \alpha I_{n-r} \text{ pour tout } n \geq 0, \quad (2.5)$$

$$A_n^* = \gamma(D_{n+r-t} - D_{n+r-(t+p)}) \text{ pour tout } n \geq 0, \quad (2.6)$$

où t est le délai moyen entre l'infection et l'admission en réanimation et p la durée moyenne passée en réanimation. Ici $\gamma = \frac{\beta}{\alpha}$ où β est le taux d'admission en réanimation par infection. Le coefficient γ est facile à mesurer car il relie deux quantités qui sont suivies avec attention en général (nombre de décès et le nombre de lits occupés en réanimation). La relation (2.6) est en conséquence vérifiable. De plus, elle s'étend facilement au nombre de lits occupés à l'hôpital, en remplaçant t par le délai entre infection et hospitalisation, p par la durée d'hospitalisation et en remplaçant γ par un coefficient correspondant.

On fera ici le choix d'étudier l'évolution de A_n^* plutôt que celle de A_n (bien que cette dernière soit facile à déduire). En effet, A_n^* est un marqueur important en pratique car *il indique l'occupation des services de réanimation et de soins intensifs* (services spécialisés ayant un nombre de places particulièrement limité).

Les relations (2.5) et (2.6) peuvent être utilisées dans (2.4) pour déduire des modèles d'évolution analogues pour chacune des quantités I_n et A_n . En particulier, on obtient le modèle infection-infection suivant

$$i_n = C_n \left(1 - \frac{I_{n-1}}{P}\right) \sum_{k=0}^{\ell-1} \lambda_k i_{n-m-k}. \quad (2.7)$$

Cette identité a deux avantages remarquables. D'une part, elle ne fait pas intervenir le taux de mortalité. D'autre part, elle porte uniquement sur la proportion des individus infectés dans la population. En effet, en introduisant le *taux d'infection journalier de la population*

$$i_n^* = \frac{i_n}{P},$$

l'identité (2.7) devient

$$i_n^* = C_n \left(1 - \sum_{k=0}^{n-1} i_k^*\right) \sum_{k=0}^{\ell-1} \lambda_k i_{n-m-k}^*. \quad (2.8)$$

Ce modèle *infection-infection* est de plus indépendant de la taille globale de la population étudiée. Il est utilisable quand on dispose de quelques sondages successifs mesurant le taux d'infection. On reviendra sur ce point là au paragraphe 6.

Il reste enfin l'estimation du nombre des individus rétablis. On le calcule par la relation

$$R_n = (1 - \alpha)I_{n-s} = \left(\frac{1}{\alpha} - 1\right)D_{n+r-s}, \quad (2.9)$$

où s désigne le temps de guérison moyen après infection. Le nombre d'individus sains (ou susceptibles d'être infectés) peut être déduit facilement en utilisant la relation

$$P = S_n + I_n - D_n. \quad (2.10)$$

Les relations (2.3), (2.5), (2.6) et (2.9) suffisent pour décrire l'évolution des quantités D_n , A_n^* , I_n et R_n , à condition de les compléter avec des données initiales I_0, \dots, I_{m-1} (ce qui est équivalent à la donnée de D_r, \dots, D_{r+m-1}). Cependant, au regard de la formule (2.4) il n'est pas nécessaire de remonter jusqu'aux conditions initiales du départ de l'épidémie, qui sont en général peu connues. On peut utiliser les chiffres de mortalité dans les premières phases de l'épidémie sur un intervalle de temps de longueur $m + \ell$ jours. Cela procure une robustesse du modèle par rapport aux conditions de départ de l'épidémie.

Remarque 1. *La formule (2.6) peut être utilisée pour prédire la mortalité de quelques jours (8 jours en France par exemple) à partir du nombre d'individus comptés en réanimation. Il suffit de la ré-écrire sous la forme*

$$D_{n+r-t} = \frac{1}{\gamma} A_n^* + D_{n+r-(t+p)} \text{ pour tout } n \geq 0, \quad (2.11)$$

Remarque 2. *Le modèle ci-dessus peut-être complété en tenant compte d'évolution de la taille de population globale. Cela revient à considérer la taille de population comme une suite $(P_n)_{n \geq 0}$ régie par une équation de la forme*

$$P_{n+1} = (1 + \tau)P_n - d_n, \quad (2.12)$$

où $\tau = \tau^+ - \tau^-$ désigne la différence entre le taux de fertilité journalier τ^+ et le taux de mortalité toutes causes hors épidémie τ^- . Dans ce cas, la taille de la population saine peut être calculée par une formule de récurrence du type

$$S_{n+1} = (1 - \tau^-)S_n + \tau^+ P_n - i_{n-1}. \quad (2.13)$$

Dès lors, on peut réajuster le modèle (2.3). Cela fera l'objet d'un travail ultérieur.

3. Calibration des paramètres du modèle

Le modèle exposé dans la section précédente repose essentiellement sur deux familles de paramètres qu'on va fixer par calibration à partir des données : les délais (ou temps de retard) cliniques inhérents à la maladie et les coefficients de transmission normalisés $\lambda_0, \dots, \lambda_{\ell-1}$. Il y a également le coefficient γ reliant le nombre des individus présents en réanimation à la mortalité, ainsi que le taux de mortalité (ou de mortalité à l'hôpital) par infection α (on verra que son impact est limité sur les chiffres de mortalité et de réanimation prédis par ce modèle et qu'il servira surtout à estimer le nombre des individus infectés). On va calibrer ces paramètres (à l'exception de α) en utilisant d'une part, les données cliniques disponibles dans la littérature, et d'autre part les données de mortalité publiées quotidiennement. Le but est de rendre le modèle le plus près que possible de la réalité et

de pouvoir faire des prédictions pour les semaines et les mois à venir. Notons que le taux de reproduction journalier C_n est un paramètre dynamique particulièrement important et qui sera au coeur de discussions spécifiques par la suite.

Détermination des délais (ou temps de retards) cliniques

Des études récentes situent le début des symptômes du Covid-19 entre le 2ème et le 14ème jour, avec une médiane autour de 5 jours (voir [10], [12], [23], [14]). Cependant, on sait aujourd'hui que les sujets infectés peuvent être contagieux dans la phase préasymptomatique jusqu'à deux jours après l'infection (voir [22]) ou au moment de l'apparition des symptômes (voir [11]). Ce constat est conforté par les estimations de l'intervalle sériel moyen (intervalle de temps séparant l'apparition des symptômes chez un individu déjà infecté et chez un individu qu'il a infecté par la suite). Dans [5], il est estimé à 4 jours. Il est estimé à 5.1 jours dans [23]. Il s'agit là de deux parmi les causes principales d'une circulation rapide du virus Sars-CoV-2. On fixera donc la valeur m à 2 (rappelons m n'est pas la délai moyen de début de contagiosité ni la durée d'incubation. Il s'agit d'un délai minimal à partir duquel l'individu infecté devient contagieux).

Par ailleurs, une charge virale peut subsister dans le nasopharynx sur une période allant jusqu'au 17ème jour (très exceptionnellement jusqu'au 21ème jour), après apparition de la maladie (voir [11], [24]), suggérant une période de contagiosité pouvant aller jusqu'à 17 jours. On choisit $\ell = 17$. Le délai qui sépare l'apparition des symptômes de l'admission à l'hôpital se situe généralement de 3 à 9 jours (voir [12], [23]). Selon [24], l'arrivée dans les unités de soins intensifs ou de réanimation intervient en moyenne dans les 12 jours suivant l'apparition des symptômes. Il est estimé à 14.5 jours dans [14]. En tenant compte à nouveau de la période d'incubation, on choisit $t = 17$.

Selon [12] et [14], les décès surviennent en moyenne dans un délai de 17 à 24 jours après l'apparition des symptômes. Ce délai moyen est de 18.5 jours dans [24]. Compte tenu de la durée moyenne de la période d'incubation, on choisira $r = 25$ (délai moyen entre le moment de l'infection et le décès). Le délai moyen de guérison est estimé à 22 jours : $s = 22$. Enfin, la durée moyenne de séjour en réanimation ou en soins intensifs en France sera choisie égale à 17 jours (voir [17]) : $p = 17$.

Coefficients de transmission du modèle

Afin de compléter ce jeu de paramètres, il reste à fixer les coefficients de transmission $\lambda_0, \dots, \lambda_{\ell-1}$. On a choisi de les fixer par une technique de moindres carrées en utilisant les données de mortalité ou de mortalité à l'hôpital sur une certaine fenêtre de temps. Notons que la fenêtre de temps en question est choisie selon le pays en répondant à deux critères. Le premier critère est que les chiffres de mortalité soient assez significatifs (c'est-à-dire pas au tout début de l'épidémie où les chiffres de décès sont encore peu représentatifs). Le second critère est que les mesures appliquées pour endiguer l'épidémie soient peu variables durant une partie de fenêtre. Par souci d'allègement, l'explication mathématique de cette technique de moindres carrées est reportée à l'annexe A.

On a estimé ces $\lambda_0, \dots, \lambda_{\ell-1}$ pour plusieurs pays où l'épidémie a suffisamment, voire fortement, avancé. Pour chaque pays, on a choisi une période de calibrage répondant aux deux critères ci-dessus. Les coefficients obtenus et les périodes de calibrage sont détaillés dans le tableau 3 (en annexe). Le fait que ces coefficients soient proches d'un pays l'autre conforte l'idée qu'ils soient une caractéristique de l'épidémie. De plus, on retrouve des valeurs analogues de ces coefficients pour le monde entier. On observe néanmoins dans le cas de la Corée du sud, les coefficients sont significativement différents. On en conclut que la politique de dépistage et de tracing massifs prati-

quée par ce pays a eu un impact direct sur la répartition de ces coefficients de transmission durant la période de contagiosité.

Le taux de mortalité par infection (IFR)

La difficulté de trouver des estimations fiables du taux de mortalité par infection (IFR) est un fait surprenant concernant cette épidémie. Dans l'urgence de la crise, les tests de détection du virus sont souvent restreints aux individus présentant de sérieux symptômes, ce qui constitue un échantillon non aléatoire de la population. Pourtant, une campagne de tests basée sur le même principe que les sondages pourrait conduire à estimer ce taux après un certain délai d'attente (ainsi que le pourcentage des individus infectés à un instant donné).

Aujourd'hui, les premières estimations disponibles en littérature reposent souvent sur les données en Chine [19] ou pour les passagers du navire de Croisière Diamond Princess ([16]). Dans ce dernier article, il est estimé à 1.2% pour les passagers de Diamond Princess et à 0.6% pour la Chine (avant la modification récente des chiffres de mortalité à Wuhan). Dans le cas de la France, on retrouve une estimation analogue dans [17]. Néanmoins, ces estimations ne sont pas les seules, et il n'est pas exclu que ce taux s'avère plus élevé ([4], [21], [15]).

Rappelons que dans le cadre du modèle mortalité-mortalité employé ici les estimations concernant le nombre de décès et le nombre de places occupées en réanimation restent peu sensibles au choix de ce taux, sauf si l'épidémie prend de l'ampleur.

Dans la suite, afin de pouvoir faire des prévisions sur le nombre d'individus infectés, le nombre de rétablis et le nombre de cas actifs, on fera des simulations en s'appuyant sur le nombre de *décès à l'hôpital* et pour deux valeurs : $\alpha = 0.6\%$ et pour $\alpha = 1.2\%$. Ce taux α est donc plus petit que l'IFR, qui est le taux de mortalité par infection (à l'hôpital ou non), mais il est du même ordre de général.

Le coefficient de proportionalité γ

Ce coefficient relie par le biais de l'identité (2.6) deux indicateurs importants : le nombre de décès et le nombre de places occupées en réanimation (ou en soins intensifs). Etant donné qu'on dispose de chiffres fiables pour ces indicateurs (si on se restreint aux décès à l'hôpital), on aimerait vérifier dans un premier temps la validé de la relation de proportionnalité (2.6) qui n'a pas été déduite à partir des observations. On choisit pour cela les données de mortalité à l'hôpital et le nombre d'individus en réanimation et en soins intensifs en France. Ces deux chiffres sont communiqués quotidiennement par Santé Publique France et cela depuis le 17 mars 2020. Dans la figure 1 on visualise le rapport

$$\gamma_n = \frac{A_n^*}{D_{n+r-t} - D_{n+r-(t+p)}}$$

du 31 mars au 23 avril 2020, à partir des données de mortalité due au Covid-19 en France. On a adopté ici les valeurs de r et de p choisis en début de cette section ($r = 25$, $p = 17$). On peut observer que ce rapport est presque constant, confirmant l'hypothèse du modèle qui a conduit à cette identité. On choisira dans la suite la valeur $\gamma = 0.94$

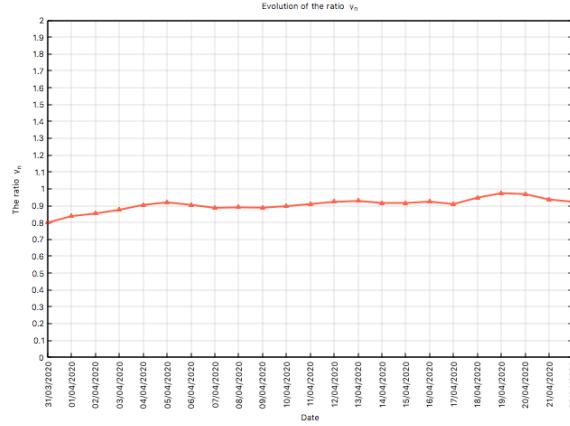


FIGURE 1: Le quotient γ_n calculé du 31 mars au 24 avril 2020. On peut observer que ce quotient est presque constant, confirmant la proportionnalité supposée des deux quantités.

4. Evolution du taux de reproduction journalier

Le taux de reproduction journalier C_n joue un rôle central dans ce modèle (C_n jouera le rôle d'un taux de reproduction de base dynamique). En maintenant C_n en dessous de 1, l'épidémie décroît jusqu'à son extinction. La preuve rigoureuse d'un théorème de seuil pour ce modèle, non réellement difficile, sera faite dans un prochain travail (on se contentera ici d'une preuve numérique). Comme pour le taux de reproduction de base, la formule (A.6) indique que ce nombre C_n est directement lié au nombre moyen de contacts d'un individu infecté le jour n , à la moyenne des probabilités de transmission et à la durée de contagiosité. Son estimation à partir des données de l'épidémie permet de quantifier l'efficacité des mesures prises et de prédire des scénarios réalistes.

Pour les périodes de temps déjà passées, ce paramètre peut être estimé par la formule (2.3) avec un retard de r jours

$$C_{n-r} = \frac{d_n}{\left(1 - \frac{D_{n-1}}{\alpha P}\right) \sum_{k=0}^{\ell-1} \lambda_k d_{n-m-k}} \quad (4.1)$$

Le retard r traduit le fait que tout changement des mesures appliquées (ou des comportements de la population) au jour n n'aura un impact sur les nombre de décès qu'à partir du jour $n+r$. Ce retard dans l'estimation de ce taux peut être surmonté si on dispose de données précises sur le taux d'infections au sein de la population (qu'elles soient symptomatiques ou non). On peut en effet utiliser la formule *sans retard*

$$C_n = \frac{i_n^*}{\left(1 - \sum_{k=0}^{n-1} i_k^*\right) \sum_{k=0}^{\ell-1} \lambda_k i_k^*}. \quad (4.2)$$

On reviendra sur l'utilité de cette seconde formule et ses avantages à l'occasion de la discussion sur l'emploi de tests de détection (section 6). Au stade actuel, on utilise la formule avec retard (4.1) pour estimer C_n dans le passé.

On a reproduit l'évolution de C_n pour plusieurs pays et pour le monde entier. Dans le cas de la France, de l'Italie et de l'Espagne, C_n est visualisé dans la figure 2 jusqu'à la date du 5 avril 2020

(les sources de données sont indiquées en fin de l'article). Pour *mesurer* l'évolution de C_n au delà de cette date du 5 avril 2020, il faudrait des données de mortalités allant au delà du 30 avril 2020, c'est-à-dire après la date de finition de la présente étude.

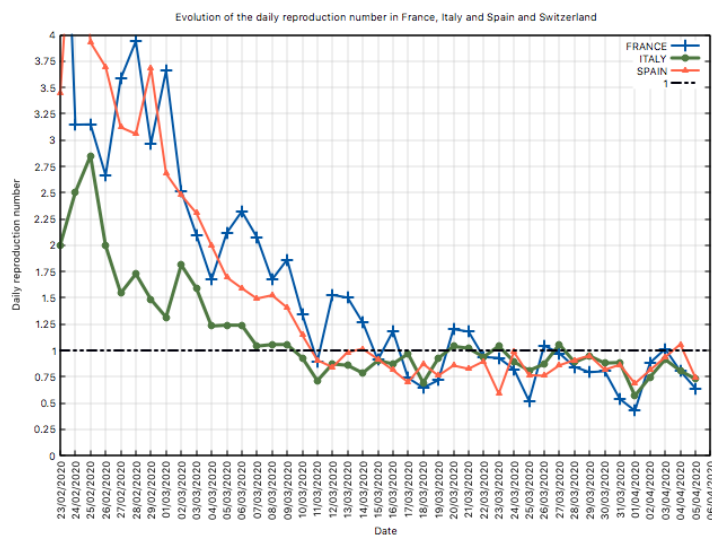


FIGURE 2: Evolution du taux de reproduction journalier pour , la France et l'Italie pour la période allant du 23 février au 05 avril 2020 durant la pandémie du Coronavirus Sars-Cov 2. Ce taux est calculé à partir des données de mortalité.

En examinant de plus près les valeurs obtenues C_n pour la période de confinement en France, en Espagne ou en Italie, on constate qu'il est en général compris entre une valeur minimale $C_- \approx 0.6$ et la valeur 1. La moyenne pour la période de confinement du 17 mars au 5 avril 2020 est de 0.83 pour la France et l'Espagne et de 0.88 pour l'Italie. Il n'est pas exclu que ces moyennes baissent légèrement si le confinement strict dure plus longtemps, notamment parce que les individus en contact restent les mêmes.

On reconnaît sur la courbe les différentes dates d'entrée en confinement strict pour les trois pays.

On a calculé l'évolution de C_n pour quelques autres pays à partir des données publiques de mortalité (les sources de données sont indiquées en fin de l'article). Dans la figure 3 l'évolution de ce taux de reproduction journalier est illustré dans le cas de la Belgique, l'Allemagne et la Corée du Sud. Dans la figure 4, ce taux est évalué pour les Etats-Unis et le Royaume uni. On constate clairement l'efficacité des mesures appliquées par la Corée du sud, puisque le taux de reproduction journalier s'avère, en moyenne, le plus bas de tous les pays illustrés ici.

Une première remarque s'impose à ce stade : **les mesures drastiques de type confinement strict conduisent à des C_n à peine en dessous de la valeur de seuil 1**. On peut en effet observer qu'en dehors d'un régime de restrictions drastiques, les valeurs C_n sont nettement plus grandes que 1, même dans les périodes à mesures assez fortes. Cette remarque laisse présager une difficulté à contrôler l'épidémie à long terme sans application de mesures drastiques. Ainsi, selon ces estima-

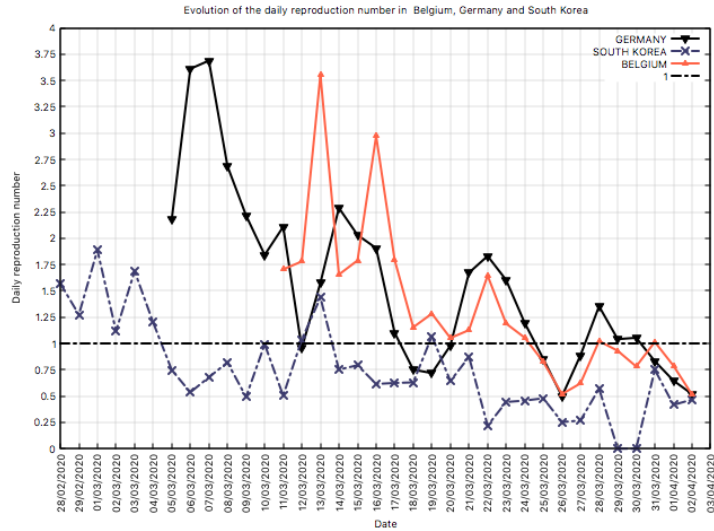


FIGURE 3: Evolution du taux de reproduction journalier pour la Belgique, l'Allemagne et la Corée du Sud de la période allant du 28 février au 5 avril 2020 (pandémie du Covid-19).

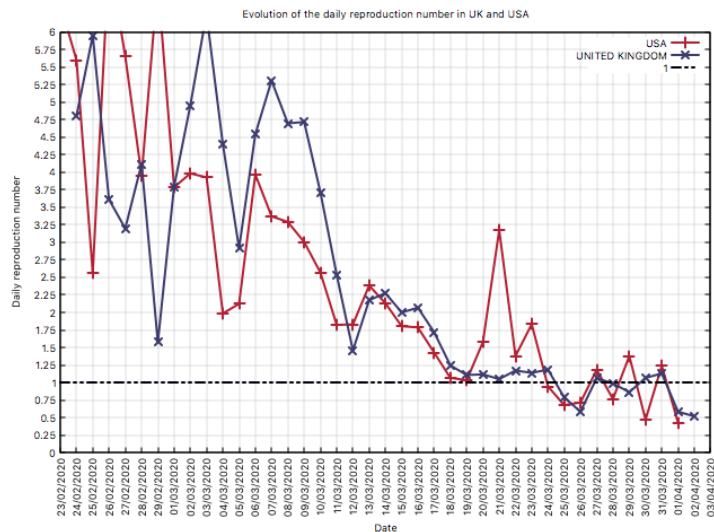


FIGURE 4: Evolution du taux de reproduction journalier pour la période allant de fin février à début avril 2020 pour les Etats-unis et le Royaume uni (pandémie du Covid-19).

tions un déconfinement même modéré ne peut, en pratique, que faire basculer la valeur de C_n au dessus de 1. Dans le cas du Covid-19, on est face à un dilemme : maintenir un confinement strict avec de nombreux dégâts socio-économiques et systémiques ou procéder à un déconfinement non totalement maîtrisé risquant un rebond de l'épidémie.

5. Scénarios d'évolution de la pandémie

On est maintenant en mesure d'utiliser le modèle calibré pour étudier différents scénarios concernant l'avenir de l'épidémie. Bien que le modèle est indépendant du choix du pays, on se focalisera sur la situation française comme exemple d'étude. Les résultats obtenus dans d'autres pays conduisent en général à des résultats et des conclusions analogues, et peuvent être reproduits aisément.

L'étude de ces scénarios servira pour la conception d'une stratégie de sortie du confinement.

On étudie ici **onze** scénarios, numérotés de 0 à 10. Pour tous ces scénarios, on se focalisera sur l'évolution en temps de cinq marqueurs : **le nombre de décès à l'hôpital, le nombre de places occupées en réanimation** (ou en soins intensifs), **le nombre de cas actifs, le nombre de cas rétablis et le nombre d'individus infectés**. Rappelons à nouveau que les estimations des deux premiers marqueurs fournies par ce modèle ne dépendent pas beaucoup du taux de létalité, sauf quand l'épidémie prend une grande ampleur ¹

Le scénario 0 porte sur l'évolution de l'épidémie dans le cas où un confinement strict n'avait pas été imposé et qu'on ait laissé courir l'épidémie tout en appliquant de mesures fortes mais moins drastiques qu'un confinement. Ce scénario nous donnera une idée assez précise de la gravité de cette crise et de ce qui a été évité.

Le scénario 1 est un scénario de poursuite du confinement strict, nettement au delà du 11 mai 2020.

Les scénarios 2 et 3 décrivent un déconfinement *modéré* installé du jour au lendemain au 12 mai 2020, ou atteint de manière progressive (sur un mois environ).

Les scénarios 4 et 5 portent sur un basculement vers une situation d'alternance confinement-déconfinement, avec des périodes à durées égales.

Les scénarios 6, 7, 8, 9 et 10 portent sur une alternance confinement-déconfinement basée sur un **calendrier organisé** (par exemple, confinement certains jours de la semaine mais pas tous).

5.1. Scénario 0 : évolution de l'épidémie sans confinement

Avant d'imposer un confinement à la population, presque tous les pays ont essayé de bloquer l'introduction du virus sur le territoire, sans véritable succès. Ils ont tenté ensuite de freiner la circulation de virus. Si on observe à nouveau les courbes d'évolution du taux de reproduction journalier, on constate que les mesures appliquées la période pré-confinement ont contribué à baisser sérieusement ce taux, mais rarement en dessous de 1. En France, dans la dizaine de jours qui a précédé l'entrée en confinement strict, C_n avait une moyenne de 1.4. C'est bien plus bas que les valeurs constatées avant cette période, mais ce taux reste suffisamment loin de la valeur seuil 1.

1. Ce fait peut paraître surprenant mais l'explication est simple. Rappelons que dans le modèle (2.3), le nombre de décès est calculé à partir des décès déjà constatées, après calibrage des paramètres. Le passage par le nombre d'individus infectés n'est nécessaire (d'autant plus que le nombre d'infectés est en général imprécis voire inconnu). En revanche, l'estimation du nombre de de cas infectés nécessitera de fixer un taux de mortalité par infection.

Dans ce scénario 0 on souhaite mesurer l'impact du confinement, en imaginant qu'il n'avait pas été imposé, mais en gardant des mesures assez fortes. *Il ne s'agit donc nullement du scénario où rien n'est fait* (qui sera nettement plus catastrophique) mais du scénario où les mesures appliquées **sont moyennes**. On imposera ici une valeur à C_n égale à 1.3, et cela à partir du 17 mars 2020, tout en conservant les données réelles avant cette date. Notons qu'en France, en Italie et en Espagne, et dans bien d'autres pays, cette valeur de 1.3 est bien en dessous de la moyenne mesurée la semaine précédent le confinement (voir figure 2).

Dans le tableau 1, on indique quelques chiffres issus des simulations dans le cadre de ce scénario. L'évolution des cinq marqueurs choisis pour ces simulations fait l'objet des figures 5 et 6.

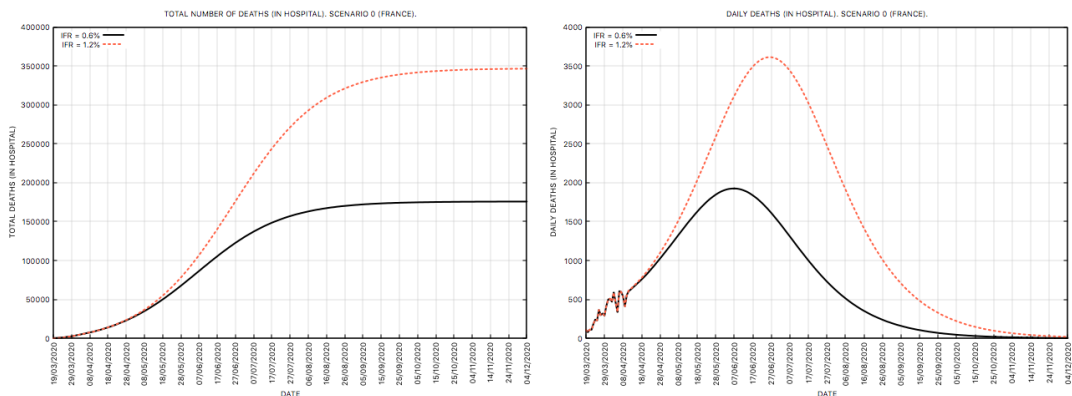


FIGURE 5: Scénario 0 en France. A gauche: évolution du nombre total (cumulé) de décès à l'hôpital. A droite: nombre de décès par jour à l'hôpital. Les valeurs jusqu'au 17 mars 2020 sont réelles (données publiques).

Les résultats confirment que le confinement a permis d'éviter une situation sanitaire nettement plus grave que celle qui est vécue actuellement. En effet, dans les conditions de mesures assez fortes de ce scénario, et avec un taux de mortalité $\alpha = 0.6\%$, 100.000 décès seraient survenus en France à la mi juin, et presque 170.000 fin août. Les besoins de places de réanimation et de soins intensifs auraient dépassé les 10.000 places (par jour) le 14 avril 2020, et les 28000 places fin mai 2020. L'épidémie aurait continué à prendre de l'ampleur jusqu'à atteindre un pic la dernière semaine de mai 2020. Le 31 août 2020, le nombre d'individus infectés atteindra, selon ce scénario, un peu plus de 29 millions, soit 43.2% de la population française.

Une conclusion importante qui s'impose à ce stade ne consiste pas seulement à confirmer l'efficacité du confinement strict, mais de constater **le coronavirus Sars-Cov 2 laisse une marge de manoeuvre extrêmement étroite pour contrôler sa circulation** (rappelons en effet que ce scénario 0 est celui de la poursuite depuis le 17 mars de mesures fortes mais pas drastiques comme l'est le confinement). Ce constat se renforcera à l'occasion de l'analyse de scénarios comportant des mesures encore plus fortes.

Il est néanmoins utile d'indiquer que selon ce modèle, le confinement a évité à la France environ 1233 décès à l'hôpital au 15 avril 2020, et environ 7496 décès à l'hôpital au 27 avril 2020 (soit 12

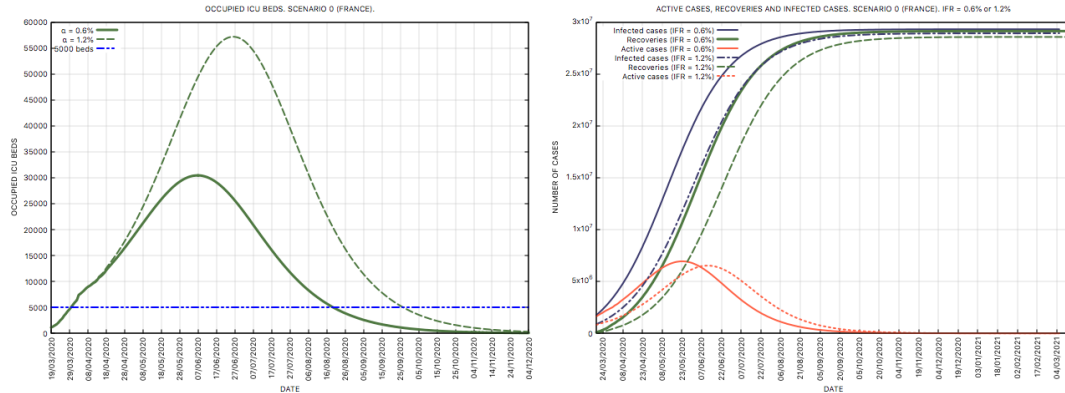


FIGURE 6: Scénario 0 en France. A gauche: évolution du nombre de lits occupés en réanimation ou en soins intensifs (estimation par le modèle). A droite: évolution du nombre de cas actifs, du nombre d'individus infectés et d'individus rétablis jusqu'à début décembre 2020 (estimation par le modèle). On observe que le pic de l'épidémie se produit début ou fin juin 2020, selon la valeur de l'IFR. Les valeurs jusqu'au 17 mars 2020 sont réelles (données publiques).

jours plus tard). On verra par la suite (scénario 1) que cette réduction de nombre de décès par le confinement avoisinera les 21720 cas le 11 mai, et environ 80928 cas le 15 juin 2020. Il a également évité un débordement du système hospitalier qui se serait produit dès la mi-avril (voir tableau 1 et figure 6).

5.2. Scénario 1 : poursuite du confinement strict

Ici on aimerait étudier ici les conséquences de l'éventualité (aujourd'hui écartée) d'une prolongation du confinement strict en France bien au delà de cette date du 11 mai, avec les mêmes mesures. Pour ce faire, on maintient une valeur de C_n constante valant 0.83 (qui est, on le rappelle, près de la valeur moyenne constatée en France, en Espagne et en Italie, durant le confinement).

On a effectué des simulations avec deux valeurs de α : $\alpha = 0,6\%$ et $\alpha = 1.2\%$. On constate que les prévisions du nombre de décès à l'hôpital et de places occupées en réanimation sont proches pour les deux valeurs, en conformité avec les observations faites précédemment (si l'épidémie ne prend pas une ampleur significative en nombre d'infectés, l'IFR a peu de d'influence sur les prévisions par ce modèle des chiffres de mortalité et de places en réanimation).

Dans le tableau 2, on a indiqué quelques chiffres prédits par le modèle. Les figures 7 à 8 résument l'évolution de différents indicateurs quand un confinement strict est maintenu.

En comparaison avec le scénario 0, avec $\alpha = 0.6\%$, on observe qu'au 11 mai 2020, le modèle prévoit que le confinement évitera à la France environ 21720 décès. Le nombre de décès par jour sera d'environ 165 (contre 175 le 17 mars 2020). Près de 2700 places en réanimation ou en soins intensifs resteront occupées, soit près de la moitié des capacités hospitalières en France (contre 699 le 17 mars 2020). Cependant, il ne faut pas conclure que le confinement n'a fait que reporter une situation de deux mois. Il faut en effet tenir compte des délais entre infection et admission en réani-

		15/4/2020	11/5/2020	15/6/2020	31/7/2020	31/8/2020
$\alpha = 0.6\%$ (IFR)	Cumul décès à l'hôpital	11829	39119	101717	159663	171190
	Décès à l'hôpital/jour	689	1423	1868	636	195
	ICU	10986	22694.	29563	10287	3181
	Infectés	6282628 (9.36%)	13775511 (20.54%)	23476048 (35.00%)	28315221 (42.22%)	29031306 (43.28%)
	Rétablis	2324174	7218145	17764407	26746052	28450238
	Cas actifs	3946624	6518245	5609923	1409505	409877
$\alpha = 1.2\%$ (IFR)	Cumul décès à l'hôpital	11876	41637	133337	280397	325436
	Décès à l'hôpital/jour	702	1663	3432	2249	846
	ICU	11233	26737	54390	35984	13703
	Infectés	3331208 (4.96%)	8394252 (12.51%)	18468035 (27.53%)	26656200 (39.74%)	28244898 (42.74%)
	Rétablis	1163428	3863872	11839933	23613638	26988761
	Cas actifs	2155903	4488741	6494764	2762164	930701

TABLE 1: Scenario 0 (évolution de l'épidémie en France sans confinement du 17 mars 2020). Indicateurs principaux à la date de sortie de confinement (11/5/2020), le 15 juin, le 31 juillet et le 31 août 2020.

mation ou décès.

En revanche, le modèle prévoit un nombre de cas actifs au 11/5/2020 égal à 386335 cas. Pour retrouver un nombre de cas actifs équivalent, le modèle indique qu'il faut remonter au 03 mars 2020, soit 14 jours avant le confinement (voir figure 8). Au 17/3/2020 (début de confinement strict), le nombre de cas actifs est estimé à 1.415.775 cas. **En termes de nombre de cas actifs, le 11 mai 2020, date prévue de la fin du confinement strict, la situation sera analogue à celle du 3 mars 2020** (en presque deux mois, le confinement strict a fait reculer le nombre de cas actifs de deux semaines).

Si le confinement strict est prolongé au delà du 11 mai, la simulation prévoit que le nombre de décès par jour et de places occupées en réanimation baisseront significativement avant la fin du mois de juin (voir Tableau 2). En fin du mois de juillet, le nombre total de décès à l'hôpital sera d'environ 22240 si $\alpha = 0.6\%$ et d'environ 23025 si $\alpha = 1.2\%$. Il n'augmentera que très lentement par la suite.

5.3. Scénarios 2 et 3 : déconfinement modéré direct ou progressif

L'estimation du taux de reproduction journalier, discutée en section 4, a révélé qu'un déconfinement progressif conduisant vers un C_n inférieur à 1 sera difficile à réaliser, sauf si de nouvelles mesures drastiques viennent remplacer le confinement strict (comme par exemple un grand nombre de tests et un traçage précis, ou une adhésion très importante de la population aux mesures de dis-

		11/5/2020	15/6/2020	31/7/2020	31/8/2020
$\alpha = 0.6\%$	Total décès à l'hôpital	17399	20791	22009	22224
	Décès à l'hôpital par jour	165	53	12	5
	ICU	2668	851	184	66
	Infectés	3362987 (5.01%)	3611423 (5.38%)	3699615 (5.51%)	3715156 (5.53%)
	Rétablis	2959254	3468723	3651360	3683642
	Cas actifs	386335	121910	26247	9290
$\alpha = 1.2\%$	Total décès à l'hôpital	17463	21184	22713	23027
	Décès à l'hôpital par jour	172	62	16	7
	ICU	2783	998	255	102
	Infectés	1706272 (2.54%)	1854882 (2.76%)	1915530 (2.85%)	1927987 (2.87%)
	Rétablis	1477887	1758469	1873640	1897345
	Cas actifs	210924	75230	19178	7615

TABLE 2: Scénario 1 (poursuite du confinement en France après le 11 mai 2020). Indicateurs principaux à la date de sortie de confinement (11/5/2020), le 15 juin, le 31 juillet et le 31 août 2020.

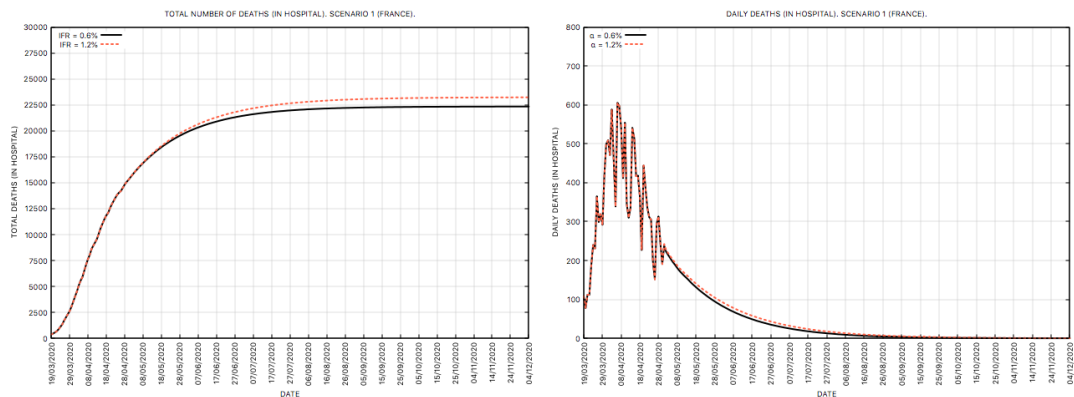


FIGURE 7: Scénario 1 en France. A gauche: évolution du nombre total (cumulé) de décès à l'hôpital. A droite: nombre de décès par jour à l'hôpital. Les valeurs jusqu'au 30 avril 2020 sont réelles (données publiques).

tanciation sociale, de port de masques, etc). Dans tous les cas, la conception et l'application de nouvelles mesures pourraient nécessiter un délai incompressible durant lequel l'épidémie repartira à nouveau. Si in fine un déconfinement modéré maintenant C_n en dessous de 1 est imposé, l'épidémie retombe dans un comportement analogue à celui du scénario 1.

Dans les scénarios 2 et 3, on s'intéresse à une levée du confinement strict de deux manières. La première manière (scénario 2) consiste à passer directement à un régime de déconfinement, en levant le confinement strict *du jour au lendemain*, mais en imposant un **déconfinement modéré**, c'est-à-dire

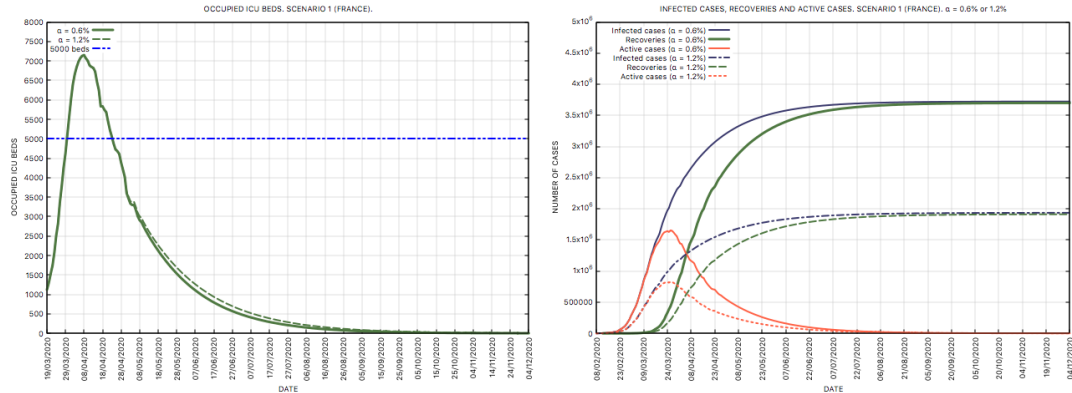


FIGURE 8: Scénario 1 en France. A gauche: évolution du nombre de lits occupés en réanimation ou en soins intensifs (estimation par le modèle). A droite: évolution du nombre de cas actifs, du nombre d'individus infectés et de personnes rétablis jusqu'au 04 décembre 2020 (estimations par le modèle). Les valeurs jusqu'au 30 avril 2020 sont réelles (données publiques).

accompagné de mesures fortes pour bloquer la circulation du virus. La deuxième manière consistera à parvenir à ce même régime déconfiné de façon *progressive*, c'est-à-dire après une phase de transition d'un mois (s'étalant du 12 mai au 15 juin 2020). On imposera un taux de reproduction journalier supérieur mais proche de 1. Dans les résultats illustrés ici, on a choisi $C_n = 1.2$ (à partir du 12 mai dans le scénario 2, et atteint le 15 juin dans le scénario 3). Ce taux n'est pas très loin de celui obtenu par le confinement. Il est en particulier nettement inférieur au taux moyen constaté la semaine précédent le confinement (qui était d'environ 1.40, alors que des mesures pour freiner la circulation du virus étaient déjà en application). En d'autres termes, ces deux scénarios 2 et 3 sont presque minimalistes (c'est-à-dire, sans exagération des conséquences d'un déconfinement). Dans les deux scénarios on impose $C_n = C_{\text{conf}} = 0.83$ entre le 1 et le 11 mai 2020. Les données avant le 1 mai sont réelles.

On impose pour ces tests un taux de mortalité α de 0.6% ($\alpha = 0.006$). Qualitativement, les résultats obtenus resteront les mêmes si on change de ce taux.

Les résultats des simulations sont décrits dans les figures comparatives 9 et 10. On observe que dans les deux cas l'épidémie s'amplifie à nouveau et reprend sa croissance, avec un décalage d'un mois et demi entre les deux scénarios. Dans les deux scénarios, le pic de l'épidémie sera dans la période mi-octobre 2020-fin novembre 2020, c'est-à-dire à l'automne prochain.

De plus, selon le modèle, le nombre de places nécessaires en réanimation dépassera les 5000 vers fin-août 2020 pour le scénario 2, et vers mi-octobre pour le scénario 3. Au 31 août 2020, le taux d'infection de la population française sera d'environ 12.15% pour le scénario 2, et de 8.67% pour le scénario 3. Ces deux taux atteindront 27.35% et 25.22% au 1 mars 2021. Dans les deux scénarios, le nombre total de décès dépasse 95,000 en fin février 2021.

En conclusion, un scénario de déconfinement modéré, qu'il soit soudain ou progressif, ne pourra être efficace à moyen ou long termes même avec des mesures fortes (c'est-à-dire légèrement moins

strictes que celles d'un confinement). Un tel déconfinement ne fera que repousser le pic de l'épidémie au dernier trimestre de l'année.

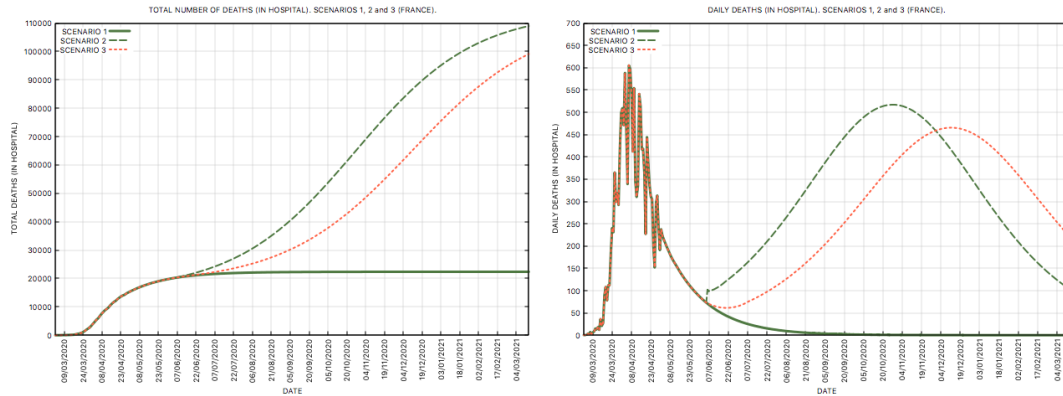


FIGURE 9: Scénarios 2 et 3 de déconfinement (France). A gauche: évolution du nombre total (cumulé) de décès à l'hôpital. A droite: évolution du nombre de décès à l'hôpital par jour (droite). Le scénario 1 de maintien de confinement est indiqué pour comparaison. Toutes les valeurs jusqu'au 30 avril 2020 sont réelles (données publiques).

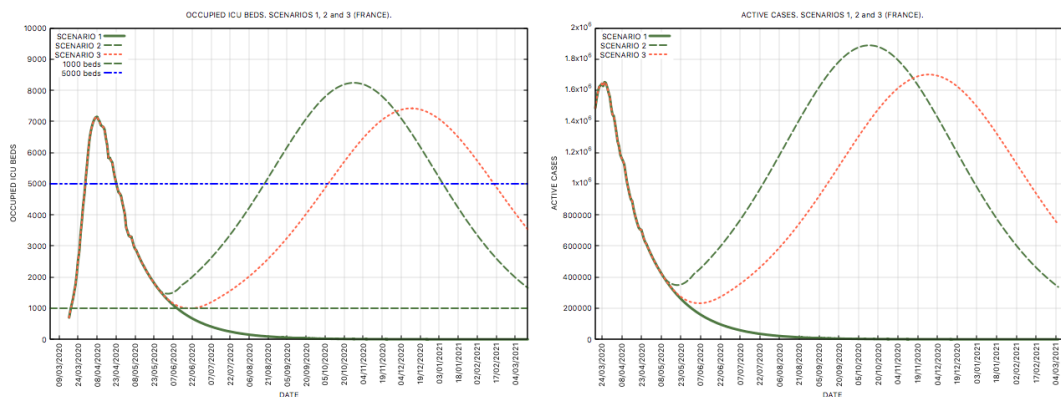


FIGURE 10: Scénarios 2 et 3 de déconfinement (France). A gauche: évolution du nombre de lits occupés en réanimation ou en soins intensifs (estimation par le modèle). A droite: évolution du nombre de cas actifs jusqu'au 04 mars 2021 (estimations par le modèle). Le scénario 1 de maintien de confinement est indiqué pour comparaison. Toutes les valeurs jusqu'au 30 avril 2020 sont réelles (données publiques).

5.4. Scénarios de déconfinement périodique

On étudie maintenant des scénarios originaux consistant à alterner deux phases : une phase 1 de mesures drastiques de type confinement strict et une phase 2 un peu moins drastique, avec des mesures moyennes de type *déconfinement modéré*. On supposera que les deux phases ont la

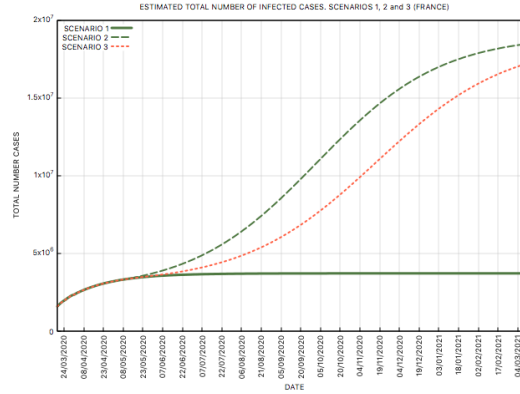


FIGURE 11: Scénarios 2 et 3 de déconfinement (France). Nombre total d’individus infectés jusqu’à début mars 2021.

même durée de temps $T/2$ (on reviendra sur les alternances à durées inégales dans les scénarios qui suivent). On impose un taux de reproduction journalier $C_n = C_{\text{conf}}$ dans la phase de type confinement strict avec $C_{\text{conf}} = 0.83$. Dans la phase de type déconfinement modéré, on imposera une valeur C_{deconf} avec $C_{\text{deconf}} = 1.15$ (scénario 4) ou $C_{\text{deconf}} = 1.35$ (scénario 5). Qualitativement une valeur de C_{deconf} proche de 1 signifie que le déconfinement pratiqué en phase 2 est accompagné de mesures fortes pour freiner la circulation du virus. On adopte une périodicité de $T = 2$ jours (c’est-à-dire confinement un jour sur deux). Notons que la périodicité T de cette alternance n’a pas beaucoup d’influence sur les résultats obtenus (on obtient pratiquement les mêmes résultats avec le confinement une semaine sur deux). On a choisi de faire des simulations avec un taux de mortalité $\alpha = 0.6\%$. Les simulations avec d’autres valeurs de α donnent des résultats qualitativement analogues, mais avec des chiffres qui peuvent différer.

On s’intéresse surtout à l’influence du taux de reproduction journalier pratiqué la demi-période de déconfinement. On le note C_{deconf} .

Dans les figures 12 et 13, on a visualisé l’évolution des principaux indicateurs de l’évolution de l’épidémie avec une périodicité d’un jour. La courbe des cas actifs 13 montre que le scénario 4 conduit également à l’extinction de l’épidémie, un peu plus lentement que le confinement strict. Le nombre cumulé de décès à l’hôpital atteindra environ 25074 le 31 août, et 27900 début mars 2021 (contre 24600 avec la poursuite du confinement). A cette dernière date, le pourcentage de la population ayant été infectée sera de 6.96%. Il ne s’agit donc pas d’un scénario d’immunité grégaire.

Quant au scénario 5, l’épidémie est freinée sans être stabilisée. L’épidémie remonte lentement et redescend, sur plusieurs mois. Le nombre de décès à l’hôpital oscillera entre 70 et 160 pendant jusqu’en février 2021. De même, entre 1500 et 2300 places de soins intensifs resteront occupées durant jusqu’en février 2021. A long terme, le nombre cumulé de décès à l’hôpital atteindra environ fin 29800 août et poursuit sa montée jusqu’à 50200 en début mars 2021. A cette dernière date, 12.92% de la population française aura été infectée. Ce scénario n’est pas celui d’une immunité grégaire.

Naturellement, si on choisit une valeur de C_{deconf} plus grande que celle adoptée dans ce scénario 5

(où $C_{\text{deconf}} = 1.35$), l'épidémie prendra encore plus d'ampleur. Sans surprise, **une alternance de type confinement strict - déconfinement total est à exclure.**

On conjecture pour l'instant que la condition d'extinction de l'épidémie dans ce scénario s'écrit

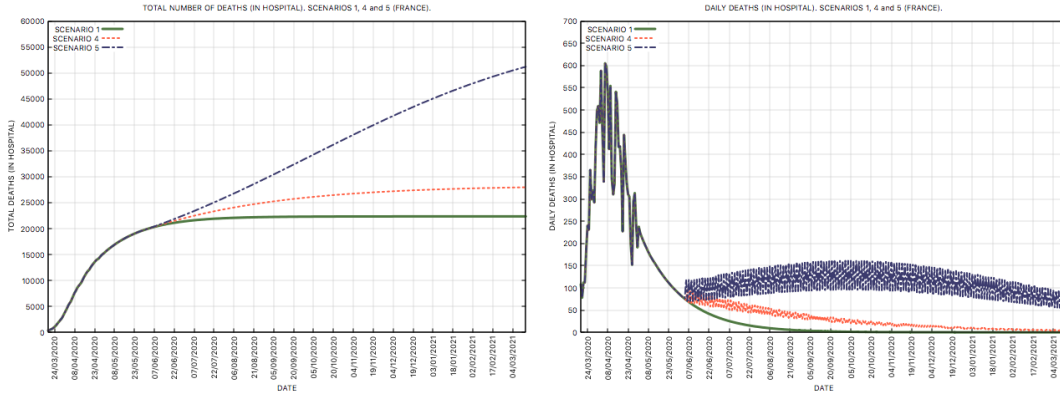


FIGURE 12: Scénarios 4 et 5 de déconfinement périodique (France). A gauche : évolution du nombre total (cumulé) de décès à l'hôpital. A droite: nombre de décès à l'hôpital par jour. Le scénario 1 de maintien de confinement est indiqué pour comparaison. Toutes les valeurs jusqu'au 30 avril 2020 sont réelles (données publiques).

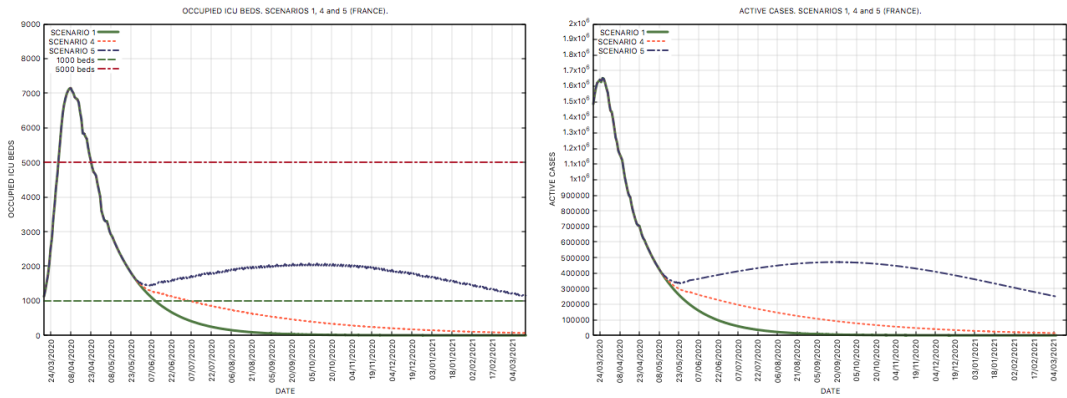


FIGURE 13: Scénarios 4 et 5 de déconfinement périodique (France). A gauche : évolution du nombre de lits occupés en réanimation ou en soins intensifs (estimation par le modèle). A droite: évolution du nombre de cas actifs jusqu'au 04 mars 2021 (estimations par le modèle). Le scénario 1 de maintien de confinement est indiqué pour comparaison. Toutes les valeurs jusqu'au 30 avril 2020 sont réelles (données publiques).

$$C_{\text{moy}} < 1, \quad (5.1)$$

où C_{moy} est un taux journalier moyen calculé en fonction de C_{conf} et C_{deconf} . La recherche de l'expression exacte de ce taux est une question mathématique que nous n'abordons pas dans ce travail. Cependant, on peut faire l'approximation que ce taux C_{moy} est proche de la moyenne arithmétique

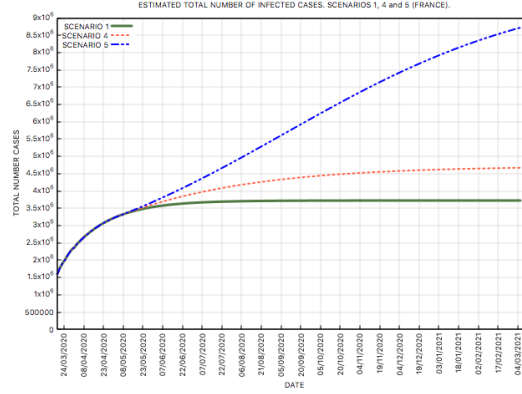


FIGURE 14: Scénarios 4 et 5 de déconfinement périodique (France). Nombre total d’individus infectés jusqu’à début mars 2021.

de C_{conf} et C_{deconf} (les durées des deux phases étant égales). Il en résulte le critère *approximatif* suivant pour qu’un scénario de type périodique stabilise ou atténue l’épidémie sans l’amplifier :

$$\frac{C_{\text{conf}} + C_{\text{deconf}}}{2} \leq 1,$$

ou encore

$$C_{\text{deconf}} \leq 2 - C_{\text{conf}}. \quad (5.2)$$

On a vu au paragraphe 4 que dans de plusieurs pays (dont la France) le confinement conduit à des valeurs de C_n au dessus de 0.80 en moyenne. Si on utilise cette valeur comme référence on en déduit la contrainte suivante sur C_{deconf} :

$$C_{\text{deconf}} \leq C_+ \approx 1.2 \quad (5.3)$$

On retiendra ici ce critère approximatif, bien qu’il ne soit pas exact. Il définit en quelque sorte le niveau de déconfinement périodique compatible avec une maîtrise ou une extinction de l’épidémie. On reviendra sur ce point lors de la stratégie dite zig-zag.

5.5. Scénarios à calendrier organisé

Dans cette dernière série de simulations, on imagine des scénarios de contrôle de l’épidémie basés sur un calendrier précis, avec confinement strict certains jours de la semaine, de *déconfinement modéré* les jours restants. On dira qu’il s’agit d’un scénario d’un **déconfinement hebdomadaire organisé**. On peut également adopter un programme de **déconfinement mensuel organisé**, en choisissant certains jours du mois pour le confinement strict.

Plus généralement, on peut imaginer un tel scénario par l’organisation d’une durée D ($D = 7$ quand il s’agit d’un scénario hebdomadaire), qu’on répétera ensuite à l’identique.

Soit k , $0 \leq k \leq D$, le nombre de jours de déconfinement sur cette durée. Les $D - k$ jours restants sont des jours de confinement. L’une des questions qui se pose naturellement est combien de jours par semaine au maximum peut-on déconfiner de manière modérée sans que l’épidémie ne reprenne ?

Pour les simulations, on choisit $D = 7$ (semaine). Les jours de confinement, on impose un taux de reproduction journalier $C_n = C_{\text{conf}} = 0.83$ (valeur moyenne constatée lors du confinement). Les jours de déconfinement on impose un taux $C_{\text{deconf}} = 1.35 > 1$. On maintient dans ces simulations la même valeur de $\alpha = 0.6\%$ (des simulations effectuées avec d'autres valeurs donnent des résultats qualitativement analogues). Les scénarios étudiés correspondent à $k = 5$ jours de déconfinement par semaine et $D - k = 2$ jours de confinement (scénario 6), $k = 4$ (scénario 7), $k = 3$ (scénario 8), $k = 2$ (scénario 9) et $k = 1$ (scénario 10).

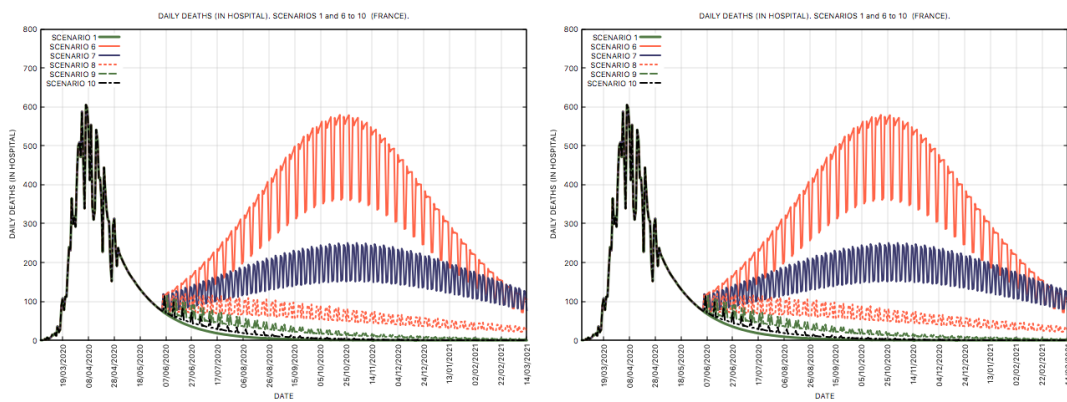


FIGURE 15: Scénarios 6 à 10 de déconfinement par semaine organisé (France) (France). A gauche : évolution du nombre total (cumulé) de décès à l'hôpital. A droite: nombre de décès à l'hôpital par jour. Le scénario 1 de maintien de confinement est indiqué pour comparaison. Toutes les valeurs jusqu'au 30 avril 2020 sont réelles (données publiques).

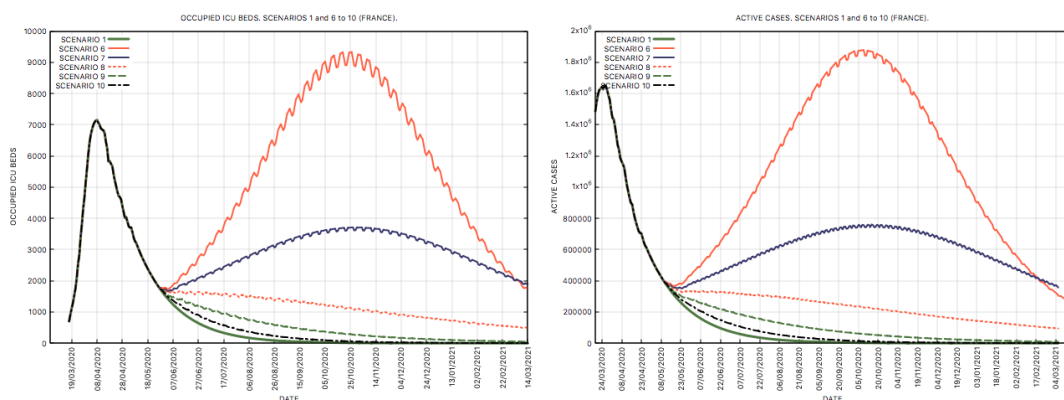


FIGURE 16: Scénarios 6 à 10 de déconfinement par semaine organisé (France). A gauche : évolution du nombre de lits occupés en réanimation ou en soins intensifs (estimation par le modèle). A droite: évolution du nombre de cas actifs jusqu'au 04 mars 2021 (estimations par le modèle). Le scénario 1 de maintien de confinement est indiqué pour comparaison. Toutes les valeurs jusqu'au 30 avril 2020 sont réelles (données publiques).

L'évolution des différents indicateurs est illustrée dans les figures 15, 16 et 17. On peut observer

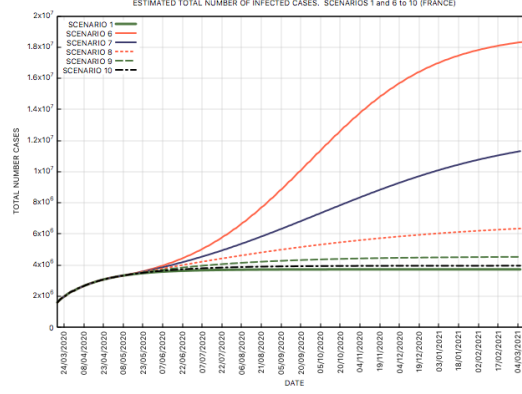


FIGURE 17: Scénarios 6 à 10 de déconfinement par semaine organisé (France). Nombre total d'individus infectés jusqu'à début mars 2021.

que pour 1, 2 ou 3 jours de déconfinement par semaine (scénarios 8, 9 et 10 respectivement), l'épidémie continue de s'éteindre à divers vitesses. Par contre, quand on déconfiner 4 jours ou plus par semaine, l'épidémie repart en hausse à nouveau avec un pic atteint en fin octobre 2020. Au 5 mars 2021, avec 5 jours de déconfinement, le modèle prévoit qu'au moins 27.3% de la population française sera infectée, contre 16.75% pour 4 jours, 9.43% pour 3 jours, 6.74% pour 2 jours et 5.90% pour un jour de déconfinement. Il ne s'agit pas donc de scénarios d'immunité grégaire.

Au regard de ces simulations, il reste à déterminer combien de jours de confinement dans la semaine sont nécessaires pour contrôler l'épidémie (on souhaite définir une règle simple). Bien évidemment, ce nombre dépend de la qualité du déconfinement, c'est-à-dire en fonction du niveau de mesures appliquées durant les jours de déconfinement. Comme dans la section précédente, on conjecture que cela se ramène à une condition de la forme (5.1) avec C_{moy} un taux journalier moyen s'exprimant en fonction de C_{conf} et C_{deconf} . Ici on fera l'approximation qu'il est la moyenne arithmétique de C_{conf} et C_{deconf} pondérée par le nombre de jours dans chaque régime. Une condition approchée s'écrit dès lors

$$\frac{(D - k)C_{conf} + kC_{deconf}}{D} \leq 1$$

soit,

$$0 \leq k \leq D \frac{1 - C_{conf}}{C_{deconf} - C_{conf}}. \quad (5.4)$$

Afin de pouvoir déconfiner au moins un jour par semaine, il est nécessaire que

$$D \frac{1 - C_{conf}}{C_{deconf} - C_{conf}} \geq 1.$$

ce qui signifie que

$$C_{deconf} \leq C_{\star} \text{ où } C_{\star} = D - (D - 1)C_{conf}. \quad (5.5)$$

Dans le cas d'un déconfinement hebdomadaire programmé et en choisissant $C_{deconf} = 0.83$, la contrainte (5.4) s'écrit :

$$k \leq \frac{1.19}{C_{deconf} - 0.83}, \quad (5.6)$$

où C_{deconf} indique le niveau des mesures appliquées durant le déconfinement. Dans ce cas $C_* = 7 - 6C_{\text{conf}} \approx 2.02$. On note que cette limite est indépendante du taux de mortalité par infection.

Ainsi, en conclusion, un déconfinement hebdomadaire organisé permet de stabiliser l'épidémie sous deux conditions

- (i) un niveau de déconfinement ne dépassant pas la barre C_* (that is, $C_{\text{deconf}} \leq C_*$),
- (ii) un nombre de jour de déconfinement par semaine vérifiant la contrainte (5.6).

A titre d'exemple, si on souhaite un niveau déconfinement comparable à celui de la semaine qui a précédé la décision de confinement en France, la contrainte (5.6) donne $k \leq 2.09$, où on a utilisé la valeur $C_{\text{deconf}} = 1.40$ (moyenne observée avant la semaine précédent le confinement en France. Voir paragraphe 4). Autrement dit, *un déconfinement de 3 jours ou plus par semaine avec des mesures comparables à celles qui étaient appliquées la semaine précédent le confinement en France ne garantit pas une extinction ou une stabilisation de l'épidémie.*

6. Une stratégie zig-zag pour contrôler l'épidémie

6.1. Schémas et principes de la stratégie

On propose ici une stratégie **zig-zag** (ou de **switching**) pour sortir du confinement, tout en **stabilisant ou en atténuant progressivement l'épidémie** (en l'absence d'une solution médicamenteuse). Pour expliquer cette stratégie, on a besoin de classer le régime des mesures appliquées à la population ou adoptées par elle même en quatre **voies**² définies de la manière suivante et représentées dans la figure 18 ci-dessous. Ajoutons que cette classification et la stratégie qui en résulte ne sont nullement une vue de l'esprit. Elles émanent directement de l'étude détaillée dans les parties 4 et 5 (voir, par exemple, la figure 19 où on a reproduit le taux de reproduction journalier pour la France, l'Espagne et l'Italie, superposé avec les limites des quatre voies).

- La première voie est la **voie drastique**. Il s'agit de la situation qui résulte d'un régime de mesures **drastiques** (au moins équivalentes au confinement strict), voire même maximales. Mathématiquement, cela se traduit par un taux de reproduction journalier C_n compris entre 0 et 1. En pratique, les mesures de confinement strict en France, en Italie et en Espagne indiquent que ce taux est en général compris entre $C_- = 0.6$ et 1 avec une moyenne d'environ 0.83. Il s'agit donc d'une voie **étroite**.
- La seconde voie est la **voie semi-drastrique**. Elle se caractérise par un **léger** assouplissement des mesures drastiques ou par un ensemble de mesures fortes mais sans atteindre en bilan celles d'un régime drastique. Mathématiquement, on la caractérise ici par un taux de reproduction journalier compris entre 1 et la valeur $C_+ \approx 1.2$. Il s'agit également d'une voie très étroite. On verra que cette voie jouera un rôle important dans la stratégie de déconfinement qu'on propose.
- La troisième voie est la **voie intermédiaire** (ou **de prudence**). Elle se caractérise par une situation durant laquelle la population est alertée de la présence du virus et adopte des mesures de prudence et des comportements qui restent objectivement *insuffisants* pour limiter sa circulation. A ce stade, les mesures appliquées par les autorités visent à freiner l'épidémie, sans être nécessairement contraignantes (écoles, établissement publics et transports en

2. Cette terminologie nous a paru adéquate car elle permet d'expliquer cette stratégie en utilisant l'analogie avec une autoroute à quatre voies

communs encore ouverts, restaurants, cafés, etc). Mathématiquement, on la caractérise par un taux journalier de reproduction compris entre C_+ et $C_* \approx 2$.

- La quatrième voie est la **voie relachée** (ou **d'insouciance**). Elle se caractérise par l'absence totale ou presque de mesures appliquées à la population. C'est celle qui résulte d'un mode de vie ordinaire, sans restrictions particulières ni de mesures appliquées, soit parce que le virus n'est pas présent au sein de la population, soit parce qu'il est encore au stade d'introduction et que la population est insouciante. Mathématiquement, cette voie se caractérise par un taux de reproduction journalier supérieur à $C_* \approx 2$.

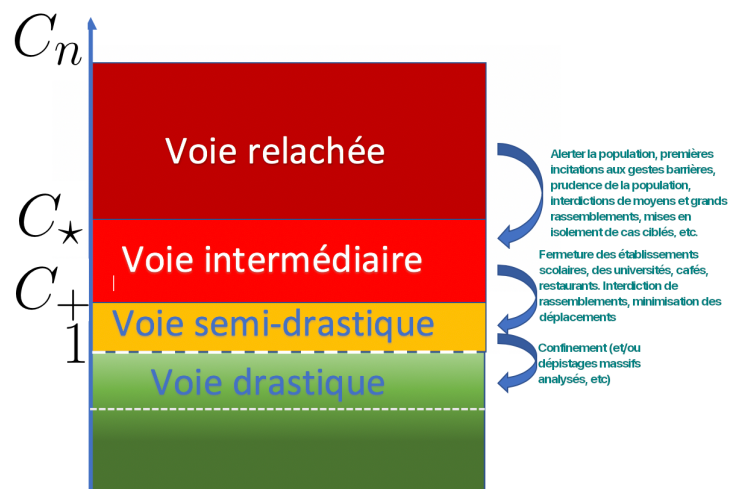


FIGURE 18: Schéma simplifié en quatre voies indiquant les niveaux de mesures appliquées pour freiner la circulation du virus et endiguer l'épidémie.

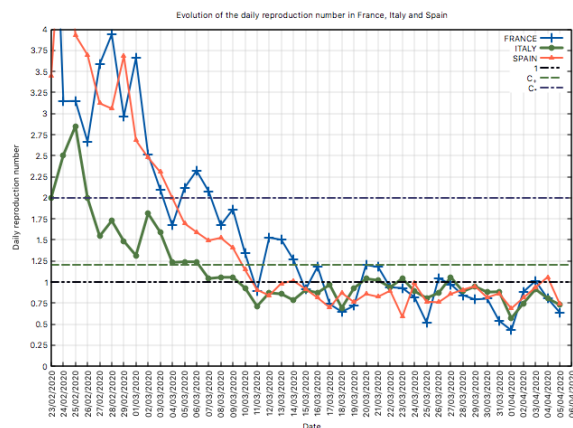


FIGURE 19: Superposition des limites des quatre voies avec l'évolution du taux de reproduction journalier pour l'Espagne, la France et l'Italie pour la période allant du 23 février au 02 avril 2020 durant la pandémie du Coronavirus Sars-Cov 2.

Notons que

- Le basculement d'une voie à une autre se fait par l'ajout ou l'assouplissement de mesures appliquées pour limiter la transmission du virus. Au regard des données, on conjecture ici que ces mesures sont de l'ordre de celles indiquées sur le schéma 18,
- seule la **voie drastique** conduit à une extinction de l'épidémie. Les trois autres voies sont favorables à sa propagation, mais à des vitesses différentes. Ainsi, toute stratégie de déconfinement excluant la voie drastique conduit à court ou moyen terme à un rebond de l'épidémie,
- la **voie relâchée** est une voie à exclure dans toute stratégie de déconfinement (en l'absence de solutions médicamenteuses). En effet, c'est une voie sans mesures qui est très favorable à la contagion, et ne doit être empruntée en présence du virus (même pour un jour par semaine).

Ces observations expliquent le dilemme auquel font face presque tous les pays du monde en présence de ce virus : en l'absence de solutions médicamenteuses, il faut emprunter la voie étroite et très coûteuse des mesures drastiques.

En l'état actuel, le délai raisonnable pour quantifier l'impact de toute mesure est d'environ 25 jours à 1 mois. Ce délai provient des caractéristiques médicales du Covid-19 : temps d'incubation, délais moyens avant hospitalisation ou décès, durées de séjours à l'hôpital. C'est également un délai qui permet mesurer rétroactivement le taux de reproduction journalier et de déterminer quelle voie a été empruntée. Cependant, une pratique de dépistage massif peut permettre de raccourcir considérablement ce délai et parvenir vers une conduite des mesures appliquées en temps réel. On reviendra sur ce point ultérieurement.

A la lumière de l'analyse de différents scénarios de sortie de crise étudiés en section 5, on propose une ici une stratégie zig-zag graduelle pour sortir du confinement tout en contrôlant l'épidémie. Cette stratégie repose sur un **déconfinement à semaine organisée** ajustable avec le temps et comportant au moins deux phases (pour rappel, le déconfinement à semaine organisée consiste à imposer le confinement strict certains jours de la semaine, et un déconfinement modéré les autres jours).

- La première phase consiste en un **déconfinement à semaine organisée** avec **au maximum 2 jours** de déconfinement par semaine. Le déconfinement pratiqué ces deux jours doit être accompagné de mesures fortes limitant la circulation du virus (et dont on mesurera l'effet à l'étape suivante). Si on reprend la classification ci-dessous, cela revient à changer de voie deux jours par semaine, comme on l'a illustré en schéma 20 et revenir sur la voie drastique les autres jours (ce qui justifie l'appellation de stratégie en zig-zag). Un tel déconfinement peut tolérer l'utilisation d'une partie de la voie intermédiaire quand le nombre de jours de déconfinement est bas (moins que 3 jours). Cette voie devient interdite quand ce nombre de jours est supérieur à 3.
- Le passage d'une phase à la suivante se fait après mesure de l'impact du déconfinement *en estimant le taux de reproduction journalier* à partir des principaux indicateurs par la formule (4.2), ou éventuellement par la formule (4.1). On en déduit C_{deconf} durant les jours de déconfinement. On décide ensuite du nombre de jours de déconfinement dans la phase suivante en respectant la règle simplifiée (voir paragraphe 5) :

$$\text{Nombre de jours de déconfinement par semaine} \leq \frac{1.19}{C_{\text{deconf}} - 0,83}.$$

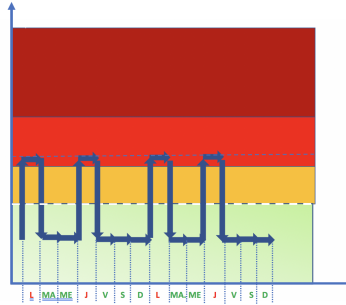


FIGURE 20: Schéma simplifié d'une stratégie zig-zag par déconfinement à semaine organisée. Ici on a choisi lundi et jeudi comme jours de déconfinement. Les autres jours de la semaine sont des jours de confinement. Schématiquement, le déconfinement revient à un changement de voie, pouvant aller jusqu'à la voie intermédiaire (car on déconfinement uniquement deux jours par semaine). La voie relâchée est exclue (ou interdite). Si le nombre de jour de déconfinement augmente, la voie intermédiaire peut devenir exclue également.

Le nombre de jours de déconfinement peut augmenter, rester le même, ou diminuer. Il diminue si on constate que le déconfinement n'a pas été du niveau requis.

Cette stratégie reste modulable. On peut par exemple adopter un déconfinement à mois programmé, avec exactement les mêmes phases, mais en remplaçant la règle ci-dessus par la règle (5.4) avec $D = 30$.

De même, si C_{deconf} est en dessous de 1.2, on peut également adopter un **déconfinement périodique** : on alterne des périodes de confinement et de déconfinement à durées égales (voir schéma 21). Ce type de déconfinement a été étudié dans le paragraphe 5. Il est illustré dans le schéma de la figure 21.

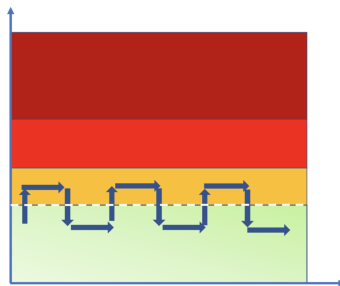


FIGURE 21: Schéma simplifié d'une stratégie zig-zag par déconfinement périodique. Les mesures de confinement et les mesures de déconfinement s'alternent sur des périodes égales. Schématiquement, le déconfinement revient à un changement de voie. La voie intermédiaire et la voie relâchée sont prohibées dans cette stratégie.

Le déconfinement périodique n'utilise que deux voies : la voie drastique et la voie semi-draastique. Il présente l'avantage de pouvoir choisir librement la durée de la période, car elle n'influe pas beaucoup sur les résultats obtenus. On peut ainsi opter pour un jour confiné sur deux, ou une semaine confinée sur deux, etc. Qualitativement, un déconfinement périodique est équivalent

à un déconfinement à semaine programmée avec 3 jours et demi (= 1/2 semaine) de confinement par semaine. On ne peut donc garantir son succès comme première phase de déconfinement. Il n'est pas non plus destiné à être définitif (le but étant de déconfiner totalement). C'est donc une solution qui peut être adoptée dans les *étapes intermédiaires* de la stratégie zig-zag ci-dessus.

Soulignons que cette stratégie zig-zag ne conduit pas vers une immunité de groupe (à l'horizon, le taux d'infection ne dépasse pas 10%). Elle peut être utilisée à une échelle locale, régionale ou nationale (avec des éventuelles variations d'une région à une autre).

6.2. Utilité de la généralisation des tests de dépistages

L'une des plus grandes difficultés rencontrées dans la lutte contre la pandémie du Coronavirus Sars-Cov 2 est l'estimation du nombre de cas infectés. En effet, une grande majorité de ces cas développe une forme asymptomatique ou comportant des symptômes peu décelables ou peu sévères, ne nécessitant aucune hospitalisation. Aujourd'hui, la possibilité de faire des tests de dépistage massifs devient possible dans beaucoup de pays. En général, ces tests visent à détecter le virus (tests virologiques) ou à détecter la présence d'anticorps (tests sérologiques). De nombreuses questions concernant l'utilisation de ces tests sont posées : respect des données personnelles (en cas de traçage pour limiter les contacts), respect de l'égalité entre individus (si on autorise seulement les personnes immunisées à aller travailler en établissant un passeport dit immunologique), durée de l'immunité, etc. De plus, la fiabilité et la précision de ces tests est elle même sujet à de sérieuses controverses.

Dans le cadre du modèle proposé ici et de la stratégie zig-zag ces tests pourraient avoir un impact déterminant sur la manière de gérer la pandémie, tout en surmontant plusieurs de ces questions. En effet, l'ajustement de la stratégie zig-zag à l'issue de chacune des phases ci-dessus repose sur l'estimation du taux de reproduction journalier, qu'on considère ici comme le thermomètre quotidien de la situation générale. Or la mesure de ce taux doit reposer sur des mesures statistiquement fiables. L'utilisation des chiffres de mortalité implique un délai de 25 jours entre le début d'application des mesures et le moment d'apparition de leurs effets sur les décès. On pourrait raccourcir légèrement ce délai en utilisant les chiffres de réanimation ou d'hospitalisation selon le même modèle.

Cependant, des tests de dépistage effectués quotidiennement sur un échantillon assez représentatif à la manière des **sondages** permet de déduire le pourcentage d'individus infectés dans la population. Dans ce cas, il devient possible de basculer à une formule de calcul du taux de reproduction journalier basée sur le taux d'infection de la population, et non sur les nombre de décès. Rappelons que d'après (4.2), cette formule s'écrit

$$C_n = \frac{i_n^*}{(1 - \sum_{k=0}^{n-1} i_k^*) \sum_{k=0}^{\ell-1} \lambda_k i_k^*}.$$

Contrairement à (4.1), cette formule ne comporte pas le temps de retard r .

Une telle avancée apporterait une dernière touche à la stratégie pour en faire un moyen de décision en temps réel. En mesurant quotidiennement le taux de reproduction journalier, on détermine exactement sur quelle **voie** on se trouve, et donc on peut ajuster *la conduite de l'épidémie* par la suite, sans attendre les chiffres d'hospitalisation ou de décès.

7. Conclusions

Le modèle déterministe introduit dans cette étude permet de prédire la dynamique d'une épidémie de type Covid-19 et de son impact sur les décès et sur l'occupation des services de soins intensifs et de réanimation. En s'appuyant fortement sur les données publiques quotidiennes, le modèle révèle plusieurs caractéristiques de l'épidémie et inspire un plan pour l'endiguer ou la stabiliser sans recourir à une immunité grégaire ou à un confinement strict à long terme.

Dans le cas de la France, ce modèle révèle qu'à la sortie du confinement strict, prévue le 11 mai 2020, la situation sera comparable en nombre de cas actifs à celle du 3 mars 2020, mais avec environ 2700 lits occupés en réanimation (ou en soins intensifs). Le nombre de décès à l'hôpital devrait être de l'ordre de 165 par jour, avec un total cumulé de l'ordre de 17400 décès. A cette date, le confinement strict aura évité à la France environ 21720 décès. La poursuite du confinement strict conduit à une baisse significative du nombre de décès et du nombre de lits occupés en réanimation avant fin juin. A la sortie de l'été, si le confinement strict est maintenu, le nombre de décès à l'hôpital sera compris entre 22240 et 23025 (selon la valeur de l'IFR). L'étude a également révélé que si des mesures moyennes avaient été appliquées à la place du confinement strict (après le 17 mars 2020), le nombre de lits nécessaires en réanimation aurait été d'environ 30000 début juin. A la mi-juin, le nombre de décès à l'hôpital avoisinera dans ce cas le chiffre de 100000.

De plus, on a démontré qu'un déconfinement même *modéré* mais non drastique, qu'il soit progressif ou soudain, risque de faire repartir l'épidémie rapidement avec une saturation des services de soins intensifs à l'automne et un pic de l'épidémie l'hiver prochain. Un tel déconfinement ne conduira pas vers une immunité de groupe car le taux d'infection dans la population française ne dépassera pas 25% d'ici début mars 2021.

On a également démontré par le biais de ce modèle que **des scénarios alternant confinement strict et déconfinement modéré peuvent permettre de maîtriser l'épidémie, sans recourir à une immunité de groupe**. Le scénario à la semaine organisée avec certains jours de confinement strict et d'autres jours à déconfinement modéré permet de contrôler ou endiguer l'épidémie à long terme. De même, une alternance de confinement strict-déconfinement par périodes de temps égales permet de maîtriser l'épidémie, pourvu que le déconfinement soit avec des mesures fortes. Dans ce dernier scénario, le choix de durée de la période d'alternance reste libre et n'influe pas sur ce constat. Ajoutons que dans les deux scénarios, le nombre d'individus infectés reste loin de celui d'une immunité par groupe et ne dépasse pas 10% de la population.

Un autre élément important qui résulte de cette étude et que les mesures drastiques (de type confinement strict ou qui sont équivalentes) sont **à peine suffisantes** pour contrôler l'épidémie. La marge de manoeuvre pour alléger ces mesures drastiques tout en contrôlant l'épidémie paraît donc **très mince**.

En d'autres termes, toute stratégie de sortie de confinement doit comporter non seulement des mesures fortes mais également **une dose calculée de mesures drastiques** (ici, on appelle mesures drastiques un ensemble de mesures dont l'efficacité quand elles sont appliquées est égale ou supé-

rieure à celle d'un confinement strict).

Enfin, le modèle et les simulations effectuées ont permis de classer les régimes de mesures appliquées en quatre voies dont une, la première, est nécessaire dans toute stratégie de déconfinement (la voie drastique). La quatrième voie est, a contrario, à exclure dans toute approche non médicamenteuse pour contrôler de l'épidémie. Ces voies sont schématisées dans la figure 18.

Il résulte de tous ces éléments **une stratégie zig-zag** graduelle pouvant permettre de contrôler l'épidémie par déconfinement, sans dépasser à long terme 10% d'infection dans la population (selon le modèle). Cette stratégie consiste en une alternance de jours de confinement et de jours de déconfinement selon un calendrier précis calculé à l'avance et pouvant être réajusté dynamiquement. Cette alternance peut-être organisée par semaine, par mois ou par tout autre période. Dans son stade intermédiaire, elle peut être périodique, avec un jour sur deux de confinement, ou une semaine sur deux, etc.

Schématiquement, cette stratégie consiste à zigzaguer entre les différentes voies citées précédemment (voir schémas 20 et 21). Elle peut être appliquée aux échelles locales, régionales, ou nationales, sans être invasive (car elle ne nécessite pas l'utilisation de données personnelles).

Soulignons enfin que des sondages réguliers pour mesurer **le taux d'infection de la population** (et non toute la population) pourrait renforcer considérablement cette stratégie en lui donnant une flexibilité en temps réel.

A. Annexes

A.1. Justification formelle du modèle

L'objet de cette annexe est d'exposer les idées principales ayant conduit au modèle ci-dessus. On peut partir de deux observations très simples. La première est qu'au moment d'une crise du type Covid 19, la plupart des données épidémiologiques sont communiquées de jour en jour. La seconde observation est qu'en général une attention particulière est portée au chiffre de mortalité causée par l'épidémie. C'est un marqueur universel dans tous les pays du monde, souvent mesuré avec précision (contrairement au nombre d'individus infectés qui est plus difficile à quantifier). Il est donc naturel d'envisager un modèle *discret* avec comme unité de temps le jour, et qui tient compte de l'évolution de la mortalité (et non seulement du nombre d'individus infectés).

On utilisera des notations introduites dans la section 2.

Supposons qu'un individu infecté devient contagieux m jours après avoir été infecté et qu'il le restera durant ℓ jours successifs. Ainsi, un individu infecté le jour J_k devient contagieux à partir du jour J_{k+m} et le restera, au maximum, jusqu'au jour $J_{k+m+\ell-1}$. Il cessera d'être contagieux à partir du jour $J_{k+m+\ell}$. Si maintenant on considère que cet individu infecté est en contact avec N individus sains (ou susceptibles) durant ces ℓ jours de contagiosité, on peut supposer qu'il infectera $p_0 N$ individus le premier jour, $p_1 N$ le second jusqu'à $p_{\ell-1} N$ le dernier jour, où $p_0, \dots, p_{\ell-1}$ sont des probabilités de transmission de la maladie. En l'absence de mesures d'isolement, ces paramètres p_i dépendent de l'évolution de sa charge virale durant la période de contagiosité; ils ne sont pas nécessairement égaux. Nous n'allons pas fixer ces coefficients à l'avance. On préfère les estimer à

partir de données publiques réelles. Notons néanmoins qu'ils peuvent être sujets à des contraintes supplémentaires. On reviendra sur le profil des paramètres à l'occasion de leur calcul, au paragraphe A.

Notons θ_{n-1} la proportion d'individus sains (non infectés) à la fin du $(n-1)$ -ème jour :

$$\theta_{n-1} = \frac{S_{n-1}}{P - D_{n-1}}, \quad (\text{A.1})$$

où $P - D_{n-1}$ est la taille de la population après le $(n-1)$ -ème jour. En utilisant la relation

$$S_{n-1} + (I_{n-1} - D_{n-1}) = P,$$

on peut écrire

$$\theta_{n-1} = \frac{P + D_{n-1} - I_{n-1}}{P - D_{n-1}} \approx \frac{P - I_{n-1}}{P}. \quad (\text{A.2})$$

Notons maintenant χ le nombre moyen d'individus (sains ou non) avec lesquels un individu infecté a un contact contagieux durant les ℓ jours successifs de sa période de contagiosité. Si on se place à un jour J_n , $n \geq 1$, de cette période, seule la partie $\theta_n \chi$ est saine, et peut donc être infectée par cet individu.

On va maintenant comptabiliser le nombre i_n des individus infectés le jour n . Ce jour là, les individus contagieux sont ceux qui sont infectés les jours k où k vérifie

$$k + m \leq n < k + m + \ell,$$

c'est-à-dire $n - (m + \ell) < k \leq n - m$. On peut donc écrire

$$i_n = \sum_{k=n+1-(\ell+m)}^{n-m} p_{n-m-k} \theta_{n-1} \chi_n i_k,$$

où χ_n est le nombre moyen de personnes rencontrées par un individu infecté le n -ème jour. On peut écrire

$$i_n = \chi_n \frac{P - I_{n-1}}{P} \sum_{k=n+1-(\ell+m)}^{n-m} p_{n-m-k} i_k \text{ pour } n \geq m,$$

ou encore

$$i_n = \chi_n \frac{P - I_{n-1}}{P} \cdot \sum_{k=0}^{\ell-1} p_k i_{n-m-k} \text{ pour } n \geq m. \quad (\text{A.3})$$

Posons

$$\bar{p} = \frac{1}{\ell} \sum_{k=0}^{\ell-1} p_k, \lambda_k = \frac{p_k}{\sum_{k=0}^{\ell-1} p_k} \text{ pour } 0 \leq k \leq \ell - 1. \quad (\text{A.4})$$

Ainsi,

$$\sum_{k=0}^{n-1} \lambda_k = 1. \quad (\text{A.5})$$

On appellera *taux de reproduction journalier* au n -ème jour le paramètre

$$C_n = \chi_n \left(\sum_{k=0}^{\ell-1} p_k \right) = \chi_n \ell \bar{p}. \quad (\text{A.6})$$

Ce paramètre C_n est proportionnel au nombre moyen d'individus ayant eu un contact contagieux avec un individu infecté le n -ème jour, à la longueur de la période de contagiosité et à la probabilité moyenne de transmission (on retrouve là une loi analogue à celle qui régit le taux de reproduction de base R_0). Ce coefficient C_n est un marqueur des mesures prises vis-à-vis de l'épidémie et du comportement de la population vis-à-vis de sa propagation.

Si on revient maintenant sur le modèle d'évolution de la taille de la population infectée i_n on peut réécrire l'équation (A.3) sous la forme :

$$i_n = C_n \left(1 - \frac{I_{n-1}}{P}\right) \sum_{k=0}^{\ell-1} \lambda_k i_{n-m-k} \text{ pour } n \geq m + r, \quad (\text{A.7})$$

Afin de compléter le modèle, on regarde maintenant l'évolution du nombre de décès. Il s'agit d'un indicateur particulièrement important pour diverses raisons (il est par exemple l'objet d'une comptabilité précise. C'est aussi un chiffre très suivi par la population car il symbolise de manière directe les dégâts définitifs causés par l'épidémie).

Ici, nous supposons que ce chiffre répond à une hypothèse fondamentale pour la suite : le nombre de décès causés par l'épidémie avant le n -ème jour est (uniformément) proportionnel au nombre des individus infectés avant le $(n-r)$ -ème jour, où r est la durée de vie moyenne d'un individu décédé entre le moment de son infection et son décès. Cette hypothèse sera considérée vraie indépendamment de la manière dont ce chiffre des décès est établi. D'un point de vue mathématique, elle signifie qu'il existe un facteur réel $\alpha > 0$ tel que

$$D_n = \alpha I_{n-r} \text{ pour tout } n \geq 0, \quad (\text{A.8})$$

ou, de manière équivalente,

$$i_n = \alpha^{-1} d_{n+r}, \quad \forall n \geq 0. \quad (\text{A.9})$$

En combinant avec la relation (A.10) on obtient le modèle suivant :

$$d_n = C_{n-r} \left(1 - \frac{D_{n-1}}{\alpha P}\right) \sum_{k=0}^{\ell-1} \lambda_k d_{n-m-k} \text{ pour } n \geq m + r. \quad (\text{A.10})$$

Ce modèle vise à décrire l'évolution de la mortalité due à la propagation d'une épidémie de type Covid-19, à condition de disposer des coefficients $\lambda_0, \dots, \lambda_k$. Dans la relation (A.4), on voit que ces coefficients sont reliés aux paramètres (ou probabilités) de contagiosité p_0, \dots, p_k qu'on pourrait supposer dépendre essentiellement de l'évolution de la charge virale de l'individu durant sa période de contagiosité. On ne dispose pas a priori d'une mesure de ces données. Néanmoins, on choisit ici de ne faire aucune hypothèse pour leur imposer des valeurs, mais d'utiliser une méthode inverse de type moindre carrées pour les calibrer à partir des données réelles de mortalité. L'objectif est bien évidemment de rendre ce modèle le plus près que possible de la réalité.

Lorsque la taille de la population est grande, on peut considérer que dans les premières phases de l'épidémie, le nombre d'individus infectés reste petit par rapport à cette taille et on peut écrire

$$I_n \ll P,$$

ou, de manière équivalente

$$D_n \ll \alpha P.$$

On peut ainsi approcher en début d'épidémie le modèle ci-dessus par le modèle *linéaire* simplifié

$$\begin{cases} d_n \approx C_{n-r} \sum_{k=0}^{\ell-1} \lambda_k d_{n-m-k} \text{ pour } n \geq m+r, \\ d_n = 0 \text{ pour } n < r. \end{cases} \quad (\text{A.11})$$

Ce modèle linéaire peut être utilisé dans les premières phases de l'épidémie (quand le nombre des individus infectés restent encore petit devant la taille de la population).

Il reste à estimer le nombre d'individus rétablis. On notera s la durée moyenne de guérison à compter du jour de l'infection (on verra que pour le Covid 19, il est estimé à 22 jours). Ainsi le nombre d'individus guéris après le n -ème jour est

$$R_n = I_{n-s} - D_{n-s+r} = \left(\frac{1}{\alpha} - 1\right) D_{n+r-s}.$$

On s'intéresse maintenant au nombre d'individus en réanimation. Le nombre d'individus admis le n -ème jour est $a_n = A_n - A_{n-1}$. Si on considère qu'en moyenne un individu ayant développé une forme grave du Covid-19 séjourne p jours en réanimation, on peut déduire qu'à l'issue n -ème jour, le nombre d'individus en réanimation a varié de $a_n - a_{n-p}$. Ainsi, en fin du n -ème jour le nombre d'individus présents en réanimation est

$$A_n^* = A_{n-1}^* + (a_n - a_{n-p}).$$

D'où

$$A_n^* = \sum_{k=0}^n (a_n - a_{n-p}) = A_n - A_{n-p}.$$

On suppose maintenant que le nombre d'individus admis en réanimation ou en soins intensifs dans les n premiers jours est proportionnel au nombre des infections qui se sont produites jusqu'au jour J_{n-t} , où t est le délai moyen séparant une infection d'une admission en réanimation. Ainsi

$$A_n = \beta I_{n-t} = \frac{\beta}{\alpha} D_{n+r-t},$$

où β est le facteur de proportionalité. D'où

$$A_n^* = \frac{\beta}{\alpha} (D_{n+r-t} - D_{n+r-(t+p)}).$$

A.2. Identification des coefficients de transmission par une méthode de moindres carrées

On explique ici la technique de moindres carrées utilisée pour identifier les coefficients de transmission $(\lambda_0, \dots, \lambda_{\ell-1})$.

Supposons donc qu'on dispose des chiffres de mortalité dans une fenêtre de temps de $K + (\ell + m) + 1$ jours $\{J_{L+2-(\ell+m)}, \dots, J_{L+K}\}$, où $K \geq 1$ est fixé (on peut également se restreindre à la mortalité à l'hôpital). En pratique, cette fenêtre est choisie de sorte que les chiffres de mortalité soient significatifs, c'est-à-dire pas dans les jours où l'épidémie commence à faire les premières victimes. Par ailleurs, on supposera que sur la sous fenêtre de temps $\{J_{L+1}, \dots, J_{L+K}\}$ les mesures appliquées pour endiguer l'épidémie ont peu varié, c'est-à-dire que le taux de reproduction journalier reste essentiellement constant sur cette petite période égal à une valeur C inconnue. Dans le tableau 3

ci-dessous en Annexe, on a indiqué la période choisie selon le pays.

Les coefficients $\lambda_0, \dots, \lambda_{\ell-1}$ sont estimés de sorte que les mesures $(d_j^*)_{L+1 \leq j \leq L+K}$ soient le plus près que possible des celles prédites par le modèle à par des données $(d_j^*)_{L+2-(\ell+m) \leq j \leq L+K-m}$.

Plus précisément, on cherchera $C, \lambda_0, \dots, \lambda_{\ell-1}$ sous la forme $C = \bar{\mu}$ et $(\lambda_0, \dots, \lambda_{\ell-1}) = (\frac{\mu_0}{\bar{\mu}}, \frac{\mu_2}{\bar{\mu}}, \dots, \frac{\mu_{\ell-1}}{\bar{\mu}})$ avec $\bar{\mu} = \frac{1}{\ell} \sum_{k=0}^{\ell-1} \mu_k$ et $\mu_0, \dots, \mu_{\ell-1}$ solutions du problème de minimisation de moindre carrées sous contraintes

$$\min_{\mu_0, \dots, \mu_{\ell-1}} \sum_{n=L+1}^{L+K} (d_n^* - \sum_{k=0}^{\ell-1} \mu_k d_{n-m-k}^*)^2, \quad \mu_0 \geq 0, \dots, \mu_{\ell-1} \geq 0, \quad (\text{A.12})$$

Ce problème peut s'écrire sous la forme

$$\min_U \frac{1}{2} U^t A^t A U - A^T B^T U, \quad \text{sous la containte } U \geq 0, \quad (\text{A.13})$$

où $U = (\mu_0, \dots, \mu_{\ell-1})^T$ regroupe les coefficients à identifier, $A \in \mathbb{R}^{K \times \ell}$ est la matrice rectangulaire dont les coefficients sont

$$(A)_{i,j} = d_{L+1+i-m-j}^* \text{ pour } 1 \leq i \leq K, 1 \leq j \leq \ell.$$

et $B = (d_{L+1}^*, \dots, d_{L+K}^*)^T$. Il s'agit là d'un problème de programmation quadratique de matrice $A^t A$, qui est semi-définie positive, mais pas définie positive en général. On le remplacera par le problème légèrement perturbé

$$\min_{U \in \mathbb{R}^\ell} \frac{1}{2} U^t Q_\varepsilon U - A^T B^T U, \quad \text{sous la containte } U \geq 0, \quad (\text{A.14})$$

où

$$Q_\varepsilon = A^t A + \varepsilon I_\ell, \quad (\text{A.15})$$

avec $\varepsilon > 0$ est un paramètre réel suffisamment petit et I_ℓ la matrice identité de taille $\ell \times \ell$ (on choisira $\varepsilon = 0.001$ en pratique). La matrice Q_ε est clairement définie positive et le problème (A.14) admet une unique solution $U^\varepsilon = (\mu_0^\varepsilon, \dots, \mu_{\ell-1}^\varepsilon)$.

On peut éventuellement ajouter d'autres contraintes à ce problème de programmation quadratiques, notamment si on veut tenir compte de l'évolution de la contagiosité d'un individu infecté. En effet, la contagiosité dépend en général de l'évolution de la charge virale sur la période de transmission. Par exemple, elle croît jusqu'à une valeur maximum avant de décroître ensuite jusqu'à la fin de la période de contagiosité. On choisit traduire cela par une contrainte du type convexité :

$$\mu_i \geq \frac{\mu_{i-1} + \mu_{i+1}}{2}, \quad \text{pour } 1 \leq i \leq \ell - 2,$$

ou encore

$$\mu_{i-1} - 2\mu_i + \mu_{i+1} \leq 0, \quad \text{pour } 1 \leq i \leq \ell - 2. \quad (\text{A.16})$$

De plus, afin d'éviter des profils à coefficients croissants, on peut par exemple indiquer que l'individu est, en moyenne, plus contagieux sur l'intégralité de la période que sur sa fin. Ce qui se traduit par

$$\mu_{\ell-1} \leq \frac{1}{\ell} \sum_{k=0}^{\ell-1} \mu_k = \frac{1}{\ell}. \quad (\text{A.17})$$

	FR	IT	ESP	USA	UK	GER	KOR	BEL	WORLD
Période de Calibrage	23/3/2020 - 2/4/2020	27/3/2020 - 6/4/2020	18/3/2020 - 28/3/2020	17/3/2020 - 27/3/2020	23/3/2020 - 2/4/2020	8/4/2020 - 17/4/2020	19/3/2020 - 29/3/2020	22/3/2020 - 31/3/2020	31/3/2020 - 9/4/2020
λ_1	0.1176	0.1176	0.1176	0.1176	0	0.1176	0	0.1176	0.1176
λ_2	0.1103	0.1103	0.1103	0.1103	0.0617	0.1103	0.0173	0.1103	0.1103
λ_3	0.1029	0.1029	0.1029	0.1029	0.1233	0.1029	0.0346	0.1029	0.1029
λ_4	0.0956	0.0956	0.0956	0.0956	0.1147	0.0956	0.0518	0.0956	0.0956
λ_5	0.0882	0.0882	0.0882	0.0882	0.106	0.0882	0.0691	0.0882	0.0882
λ_6	0.0809	0.0809	0.0809	0.0809	0.0973	0.0809	0.0864	0.0809	0.0809
λ_7	0.0735	0.0735	0.0735	0.0735	0.0887	0.0735	0.1037	0.0735	0.0735
λ_8	0.0662	0.0662	0.0662	0.0662	0.08	0.0662	0.1104	0.0662	0.0662
λ_9	0.0588	0.0588	0.0588	0.0588	0.0714	0.0588	0.1171	0.0588	0.0588
λ_{10}	0.0515	0.0515	0.0515	0.0515	0.0627	0.0515	0.1024	0.0515	0.0515
λ_{11}	0.0441	0.0441	0.0441	0.0441	0.054	0.0441	0.0878	0.0441	0.0441
λ_{12}	0.0368	0.0368	0.0368	0.0368	0.0454	0.0368	0.0732	0.0368	0.0368
λ_{13}	0.0294	0.0294	0.0294	0.0294	0.0367	0.0294	0.0585	0.0294	0.0294
λ_{14}	0.0221	0.0221	0.0221	0.0221	0.0281	0.0221	0.0439	0.0221	0.0221
λ_{15}	0.0147	0.0147	0.0147	0.0147	0.0194	0.0147	0.0293	0.0147	0.0147
λ_{16}	0.0074	0.0074	0.0074	0.0074	0.0107	0.0074	0.0146	0.0074	0.0074
λ_{17}	0	0	0	0	0	0	0	0	0

TABLE 3: Coefficients de transmission en fonction du pays (FR : France, IT : Italie, ESP : Espagne, USA : Etats-Unis, UK : Royaume uni, GER : Allemagne, KOR : Corée du sud, BEL : Belgique, WR : Monde.

On a utilisé un logiciel standard pour résoudre ce problème d'optimisation. Etant donné que le nombre d'inconnu est très peu élevé en pratique ($\ell = 17$), le coût du calcul est négligeable.

Les valeurs obtenues pour certains pays sont résumés dans le tableau 3.

A.3. Annexe : coefficients de transmission coronavirus Sars-2019 par pays (calibrés)

Références

1. G.O. AGABA, Y.N. KYRYCHKO AND K.B. BLYUSS, *Time-delayed SIS epidemic model with population awareness*, Ecological Complexity 31 (2017) 50–56.
2. H. ARDUIN, *Modélisation mathématique des interactions entre pathogènes chez l'hôte humain*, thèse de doctorat, Université Paris-Saclay (2018).
3. G. CHOWELL, R. DHILLON, D. SRIKRISHNA, *Getting to zero quickly in the 2019-nCov epidemic with 245 vaccines or rapid testing*, preprint, medRxiv, (20).
4. G. DE NATALE ET AL., *The Covid-19 Infection in Italy : A Statistical Study of an Abnormally Severe Disease*, Preprint.org.
5. Z. DU ET AL., *Risk for Transportation of 2019 Novel Coronavirus Disease from Wuhan to Other Cities in China*, Emerging Infectious Diseases, Volume 26, Number 5 (20).
6. J. JOHNDROW, K. LUM, M. GARGIULO, AND P. BALL, *Estimating the number of SARS-CoV-2 infections and the impact of social distancing in the United States*, [Arxiv](#).
7. N. FERGUSON ET AL., *Strategies for Containing an Emerging Influenza Pandemic in Southeast Asia*, Nature, v. 437 n. 7056, p. 209-214 (2005).
8. N. FERGUSON ET AL. , *Impact of non-pharmaceutical interventions (NPIs) to reduce COVID19 mortality and healthcare demand*, report, Imperial College COVID-19 Response Team (20).
9. W. JUST, J. SALDAÑA AND Y. XIN, *Oscillations in epidemic models with spread of awareness*, J. Math. Biol 76 :1027–1057 (2018).
10. S. A. LAUER ET AL., *The Incubation Period of Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) From Publicly Reported Confirmed Cases : Estimation and Application*, Annals of Internal Medicine 10 March (20).
11. F.-X. LESCURE ET AL., *Clinical and virological data of the first cases of COVID-19 in Europe : a case series*, The lancet, March 27 (20).
12. N. LINTON ET AL., *Incubation Period and Other Epidemiological Characteristics of 2019 Novel Coronavirus Infections with Right Truncation : A Statistical Analysis of Publicly Available Case Data*, J. Clin. Med. 20, 9(2), 538 ; (20).
13. N. M. LINTON, T. KOBAYASHI, Y. YANG ET AL., *Epidemiological characteristics of novel coronavirus infection : A statistical analysis of publicly available case data.*, medRxiv [Internet] (20).
14. Q. LI, X. GUAN, P. WU ET AL. , *Early Transmission Dynamics in Wuhan, China, of Novel Coronavirus–Infected Pneumonia*, The New England Journal of Medicine (20).
15. G. RINALDI, M. PARADISI, *An empirical estimate of the infection fatality rate of COVID-19 from the first Italian outbreak*, medRxiv preprint.
16. T. W. RUSSELL ET AL., *Estimating the infection and case fatality ratio for coronavirus disease (COVID-19) using age-adjusted data from the outbreak on the Diamond Princess cruise ship*, medRxiv preprint, Février 2020.
17. H. SALJE, C. TRAN KIEM, N. LEFRANCQ, N. COURTEJOIE, P. BOSETTI, ET AL., *Estimating the burden of SARS-CoV-2 in France*, [preprint](#), HAL, (2020).
18. X. TANG ET AL., *On the origin and continuing evolution of SARS-CoV-2*, National Science Review, 20.
19. R. VERITY, *Estimates of the severity of coronavirus disease 2019 : a model-based analysis*, The Lancet (open access) (20).
20. L. WILLEM, F. VERELST, J. BILCKE, N. HENS AND P. BEUTELS *Lessons from a decade of individual-based models for infectious disease transmission : a systematic review (2006-2015)*, Infectious Diseases, 17(1) :612. (2017).
21. J. T. WU, K. LEUNG, ET AL. *Estimating clinical severity of covid-19 from the transmission dynamics in Wuhan, China*, Nature medicine, pages 1–5 (2020).

22. S. ZHAO, D. GAO, Z. ZHUANG, M. CHONG ET AL., *Estimating the serial interval of the novel coronavirus disease (COVID-19) : A statistical analysis using the public data in Hong Kong from January 16 to February 15, 20*, preprint, MedRxiv (20).
23. J. ZHANG ET AL., *Evolving epidemiology and transmission dynamics of coronavirus disease 2019 outside Hubei province, China : a descriptive and modelling study*, MedRxiv (20).
24. F. ZHOU ET AL., *Clinical course and risk factors for mortality of adult inpatients with COVID-19 in Wuhan, China : a retrospective cohort study*, The Lancet, Vol 395, March 28 (20).
25. L. ZOU, F. RUAN ET AL., *SARS-CoV-2 Viral Load in Upper Respiratory Specimens of Infected Patients*, The New England Journal of Medicine , 382;12 (20).

Sources de données publiques :

- **Allemagne** : Robert Koch Institut. SARS-CoV-2 in Germany
https://www.rki.de/EN/Home/homepage_node.html
- **Corée du sud** : Coronavirus information, South Korea
<http://ncov.mohw.go.kr/en/>
- **Espagne** : Rteve. Coronavirus España :
<https://www.rtve.es/noticias/20200415/curva-contagios-muertes-coronavirus-espana-dia-dia/2010514.shtml>
- **France** : Santé Publique France Géodes : geodes.santepubliquefrance.fr
Covid-19 en France : <https://dashboard.covid19.data.gouv.fr/>
- **Italie** : Ministero della Salute : <http://www.salute.gov.it>.
- **Monde** : COVID-19 Dashboard by the Center for Systems Science and Engineering (CSSE) at Johns Hopkins University (JHU)
- **Royaume uni** : Coronavirus (COVID-19) cases in the UK : <https://coronavirus.data.gov.uk/>
- **Suède** : Emergency Information from swedish authorities <https://www.krisinformation.se/>
Et <https://covid19.healthdata.org/sweden>.
- **Suisse** : Office fédéral de la santé publique OFSP : <https://www.bag.admin.ch/bag/fr/home.html>
- **USA** : Johns Hopkins Coronavirus Resource Center : <https://coronavirus.jhu.edu/map.html>
CDC : <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/cases-updates/cases-in-us.html>

Auteur:

Tahar Z. Boulmezaoud

Laboratoire de Mathématiques de Versailles,
Université de Versailles Saint-Quentin-en-Yvelines - Université Paris-Saclay
45, avenue des Etats-Unis,
78035, Versailles, Cedex, France.
Email: tahar.boulmezaoud@uvsq.fr
Url: <http://boulmezaoud.perso.math.cnrs.fr/> , .