



# **COVID-19 : Détermination des paramètres $R^0$ , $\beta$ et $\gamma$ d'un modèle SIR de l'épidémie à partir des décès à l'hôpital en France sur la période du 19 février au 1er juillet 2020**

Christian Manivel

## **► To cite this version:**

Christian Manivel. COVID-19 : Détermination des paramètres  $R^0$ ,  $\beta$  et  $\gamma$  d'un modèle SIR de l'épidémie à partir des décès à l'hôpital en France sur la période du 19 février au 1er juillet 2020. 2020. <hal-02923715>

**HAL Id: hal-02923715**

**<https://hal.science/hal-02923715v1>**

Preprint submitted on 27 Aug 2020

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

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



HAL Authorization

**COVID-19 : Détermination des paramètres  $R^0$ ,  $\beta$  et  $\gamma$  d'un modèle SIR de l'épidémie  
à partir des décès à l'hôpital en France sur la période du 19 février au 1er juillet 2020**

Auteur : Christian Manivel

Version V1

Ref : CML-SARS-CoV-2-05

Version 1 : Archive ouverte : HAL-Id : .....

Preprint soumis le ..... 2020

## Résumé

Nous avons recherché les caractéristiques d'un modèle SIR classique dont la conséquence en termes de décès coïnciderait au mieux avec les décès réels par 24H à l'hôpital publiés par Santé Publique France.

A partir d'un ajustement graphique de très bonne qualité nous avons pu conclure qu'un tel ajustement est possible et que les paramètres d'un tel modèle SIR sont les suivants :

$R^0 = 5.5$

$T_i$  (durée de l'infection) = 20 jours

$\beta$  (coefficient d'infectivité) =  $1.53E-06$

La discussion autour de ce résultat nous a amené à conclure que le modèle était robuste en termes de valeurs de  $R^0$  et  $T_i$ .

Il montre manifestement que cette première vague épidémique touche à sa fin et nous a également permis d'acquérir la conviction que le confinement généralisé a eu peu d'impact sur l'évolution de l'épidémie, que le taux de létalité de l'épidémie était vraisemblablement de l'ordre de 0,1% et que la population susceptible d'être infectée à l'origine était inférieure à 3% de la population en France.

La raison de cette faible susceptibilité reste à déterminer.

Dès lors, la question de l'adéquation des mesures sanitaires prises par rapport à la menace à laquelle nous avons du faire face se pose. Répondre à cette dernière question n'est pas l'objet du présent document.

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

**COVID-19 : Détermination des paramètres  $R^0$ ,  $\beta$  et  $\gamma$  d'un modèle SIR de l'épidémie à partir des décès à l'hôpital sur la période en France du 19 février au 1er juillet 2020**

Christian Manivel

[christian.manivel.1972@polytechnique.org](mailto:christian.manivel.1972@polytechnique.org)

## 1. Les données des décès à l'hôpital

Les données utilisées sont les données « **décès par 24H à l'hôpital** » issues de Santé Publique France. [1]

Les données décès à l'hôpital ne sont pas la totalité des décès en France dus au virus, il manque les décès en institutions (EPHAD et EMS par exemple) et à domicile.

Cependant les décès à l'hôpital représentent une part importante de la totalité des décès et on fera l'hypothèse que cette population est représentative de l'épidémie en cours.

**Dans tout le reste du document quand nous parlerons des décès ce sera toujours de ces décès-là dont nous parlerons.**

Nous avons représenté dans l'illustration 1 ci-dessous les données disponibles pour la période du 19 février 2020 (date du premier décès) au 21 août 2020.

L'observation des données brutes montre un phénomène de saisonnalité hebdomadaire, qui consiste en une sous-collecte des données le week-end, compensée par une sur-déclaration le lundi et parfois le mardi suivants. Ce phénomène n'est pas propre à la France et se retrouve dans la grande majorité des pays (cf. Johns Hopkins University)

Les moyennes mobiles à 7 jours sont donc également représentées pour gommer le phénomène des week-end, mais nous avons travaillé ultérieurement avec les 2 types de données (brutes ou MM7jours)

On peut observer également que depuis le 1er juillet le nombre des décès quotidiens reste très faible et varie peu entre 9 et 13 (en moyenne mobile 7 jours). L'évolution générale de l'épidémie est sans doute remplacée à partir de cette date par une superposition de phénomènes très locaux de faible amplitude.

Nous avons donc par la suite restreint notre étude à la période du 19 février 2020 au 1er juillet 2020.

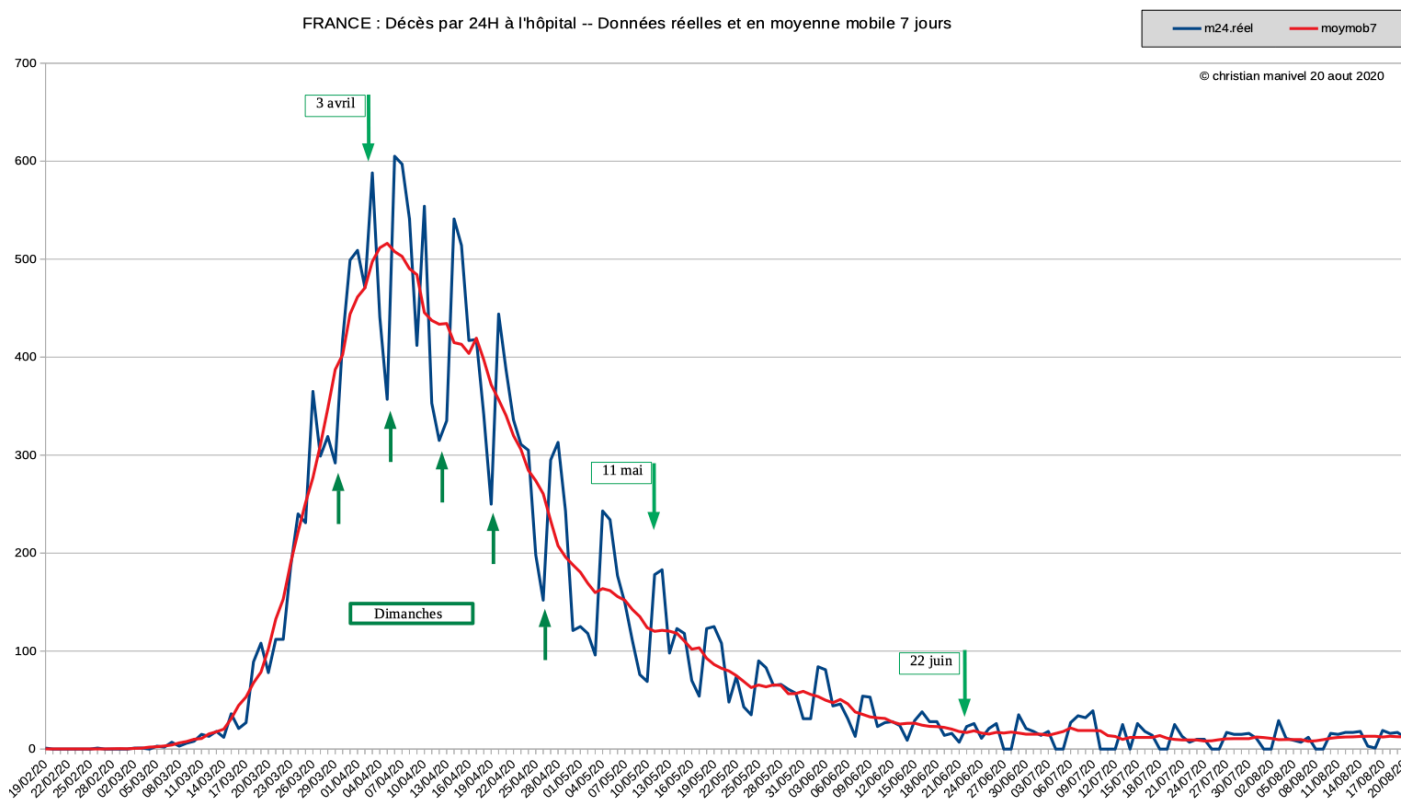


Illustration 1

## 2. Le modèle SIR

Nous avons utilisé les hypothèses classiques du modèle (Kermack & McKendrick [2]) :

- une seule infection peut engendrer un processus autonome de développement de l'infection
- le résultat de la maladie est l'immunité ou le décès
- les contacts suivent la loi d'action de masse (le nombre de contact entre susceptibles et infectés par unité de temps et de surface est proportionnel au produit de leurs densités spatiales respectives)
- tous les individus sont susceptibles de manière indifférenciée (homogénéité)
- la population est fermée (effet démographique négligeable sur la période concernée par l'épidémie)

La forme générale du modèle [3] est alors déterminée par :

$S(t)$  est la densité spatiale de Susceptibles (individus non immunes, susceptibles d'être infectés) dans la population au temps  $t$ .

Le temps qui s'est écoulé depuis le début de l'infection au sein d'un individu est « l'âge » de l'infection et noté  $\tau$

$A(\tau)$  est l'infectivité attendue d'un individu avec une infection d'âge  $\tau$

Les équations qui en résultent sont :

$$\dot{S}(t) = S(t) \int_0^{\infty} A(\tau) S(t - \tau) d\tau$$

et

$-\dot{S}(t) = i(t, 0)$  est l'incidence, i.e. la densité de nouveaux Infectés par unité de temps, évaluée au temps  $t$

L'expression :

$$\Lambda(t) = \int_0^{\infty} A(\tau) i(t, \tau) d\tau \quad \text{est la force de l'infection.}$$

C'est la probabilité par individu et par unité de temps d'être infecté.

Et  $R^0$  le nombre de reproduction de base, associé :

$$R^0 = S^0 \int_0^{\infty} A(\tau) d\tau$$

$S^0$  étant la densité de population au démarrage de l'épidémie, lorsque quiconque est susceptible.

La fonction  $A$  est typiquement nulle pendant la période de latence (individu infecté mais non contagieux), puis s'élève pour atteindre un maximum et décline jusqu'à zéro en fin d'infection.

L'allure de  $A$  n'est bien souvent pas celle d'une exponentielle décroissante et la question pourrait se poser de la forme de l'infectivité du SARS-CoV-2 ...

... cependant une représentation largement utilisée de  $A$  est la suivante :

$A=0$  pendant la période de latence et ensuite,

$$A(\tau) = \beta \exp(-\gamma \tau)$$

Par commodité **cette forme de  $A$  est celle que nous utiliserons dans cette étude.**

Dès lors  $I(t)$ , densité totale des Infectés au temps  $t$ , peut s'écrire :

$$I(t) = \int_{-\infty}^t \exp(-\gamma(t - \tau)) \dot{S}(\tau) d\tau$$

et elle conduit, par différenciation, au système d'EDO (Equations Différentielles Ordinaires) bien connu suivant :

$$\dot{S}(t) = -\beta S(t)I(t) \quad (1)$$

$$\dot{I}(t) = +\beta S(t)I(t) - \gamma I(t) \quad (2)$$

$T_i = 1/\gamma$  est la durée moyenne de l'infection  
 $\beta$  est le coefficient d'infectivité

Ce système d'EDO, noté SIR (Susceptibles-Infectés-Retirés), comporte en fait une 3ème EDO qui est la population R dite « retirée » (immunes ou décédés) qui ne nous sera pas utile ici.

Les conséquences bien connues qui peuvent en être tirées sont les suivantes :

$$R^0 = \beta \cdot T_i \cdot S^0$$

Lorsque  $R^0$  est  $> 1$ , le système converge vers un état d'équilibre stable ( $S^\infty ; 0$ ) et une épidémie a lieu ; lorsque  $R^0$  est  $< 1$  les infections décroissent immédiatement à partir de  $I^0$ ,  $I^0$  valeur à l'origine de I.

$R^0$  est fondamentalement associé au temps  $t=0$ , au démarrage de l'épidémie.

Le nombre  $R(t) = \beta \cdot T_i \cdot S$  est parfois appelé « nombre de remplacement » et sa valeur à l'origine est  $R^0$ .

$S^0$  et  $I^0$  étant les conditions initiales à  $t=0$  et  $I_x$  la valeur maximale de I,  
une équation intégrale du système est :

$$I + S - \gamma/\beta \ln(S) = Cte = I^0 + S^0 - \gamma/\beta \ln(S^0)$$

$$I_x = I^0 + S^0 - S^0/R^0(1+\ln(R^0))$$

à proximité de l'origine,  $I(t)$  est équivalent à :  $I^0 \exp[(R^0-1)t/T_i]$

Notre modèle est déterminé par les EDO (1) et (2), les paramètres  $\beta$  et  $T_i$  et les conditions initiales  $S^0$  et  $I^0$ .

### 3. Taux de létalité

Fondamental pour effectuer le lien entre infections et décès, nous avons pris par hypothèse un taux de létalité constant égal à 0,546%.

En effet nous avons pour ce faire utilisé l'étude de l'Institut Pasteur [4] qui résulte de l'analyse des données du Diamond Princess. Le taux mis en évidence dans cette étude est de 0,53%, mais en recalculant les éléments, nous avons abouti à un taux très légèrement différent de 0,546%.

### 4. Méthode d'ajustement du modèle SIR aux décès à l'hôpital

Un ajustement graphique a été utilisé pour faire coïncider la courbe des décès issus du modèle SIR et la courbe des décès en moyenne mobile 7 jours.

Ce choix s'est avéré suffisamment précis pour pouvoir ajuster « manuellement » les paramètres du modèle, compte tenu de la durée importante, du 19 février au 1er juillet 2020 de la période d'étude d'une part et de la sensibilité des paramètres d'autre part.

Des calculs de type RMS pourraient être effectués pour apprécier la précision de cet ajustement modèle réel, mais ils ne sont guère nécessaires comme le montrent les résultats graphiques ci-après.

Le temps  $t=0$  a été pris comme origine à la date du 19 février.

Le paramètre  $I^0$ , valeur des infections à  $t=0$  a permis d'ajuster principalement la date du pic des décès entre modèle et réel.

Le paramètre  $D_x$ , pic des décès du modèle a permis d'ajuster en final le nombre des décès cumulés au 1er juillet entre modèle et réel.

Le nombre de reproduction de base  $R^0$  conjointement avec la durée d'infection au sein d'un individu  $T_i$  ont permis d'ajuster l'allure des 2 pentes ascendantes et descendantes des courbes des décès entre modèle et réel. C'est bien évidemment l'ajustement le plus important pour faire coïncider avec la meilleure adéquation possible les 2 courbes modèle et réel.

Les autres paramètres,  $S^\circ$ ,  $\beta$  et  $\gamma$  se calculent aisément par les formules déjà établies précédemment :

$$Dx = \text{Alfa} \cdot Ix$$

$$S^\circ = (Ix - I^\circ) / (1 - (1 + \ln(R^\circ) / R^\circ))$$

$$\beta = R^\circ / (Ti \cdot S^\circ)$$

$$\gamma = 1 / Ti$$

Les calculs et représentations graphiques ont été effectués à partir du logiciel SageMath [5] (logiciel open source très complet avec bibliothèques Python).

Le script du programme de calcul est fourni en **Annexe 1**

## 5. Résultats de l'ajustement des décès entre modèle et réel

Les illustrations 2 et 3 ci-dessous montrent l'adéquation modèle - réel respectivement en moyenne mobile 7 jours d'une part et en données brutes d'autre part.

Ils montrent visuellement la qualité de l'adéquation sur cette longue période.

Les paramètres principaux du modèle ajusté sont les suivants, pour une hypothèse du taux de létalité de  $\text{Alfa} = 0,546\%$ :

$$R^\circ = 5.5$$

$$Ti = 20 \text{ et donc } \gamma = 0.05$$

$$\beta = 1.53 \text{ E-}06$$

Les autres paramètres étant :

$$I^\circ = 28$$

$$S^\circ = 180\ 130$$

### Décès par 24h

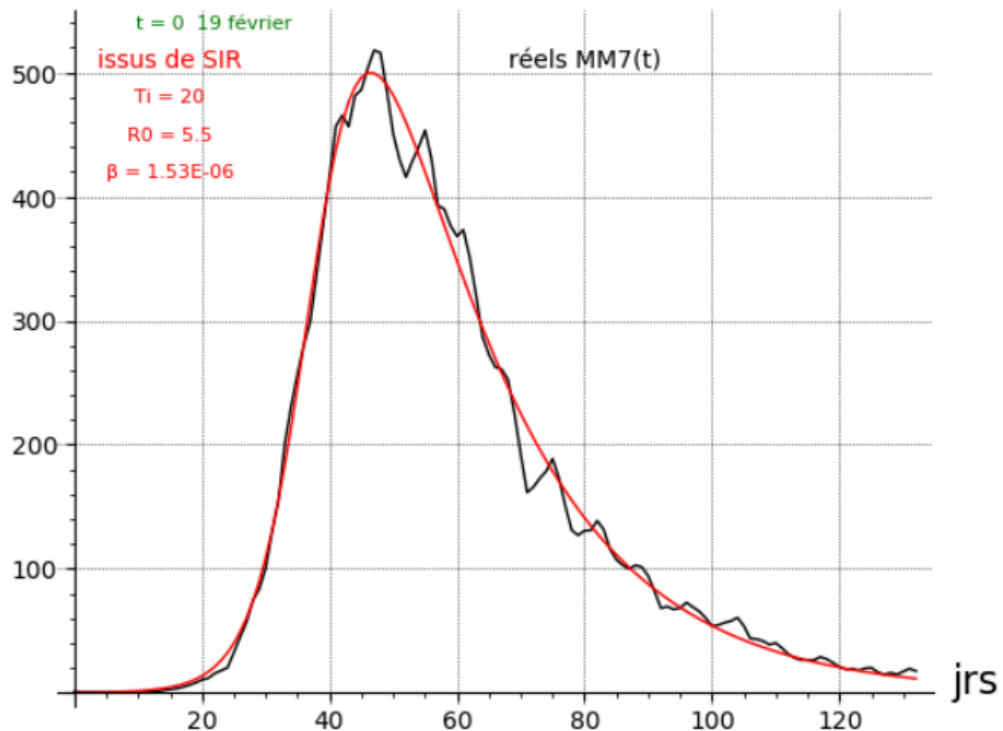


Illustration 2

## Décès par 24h

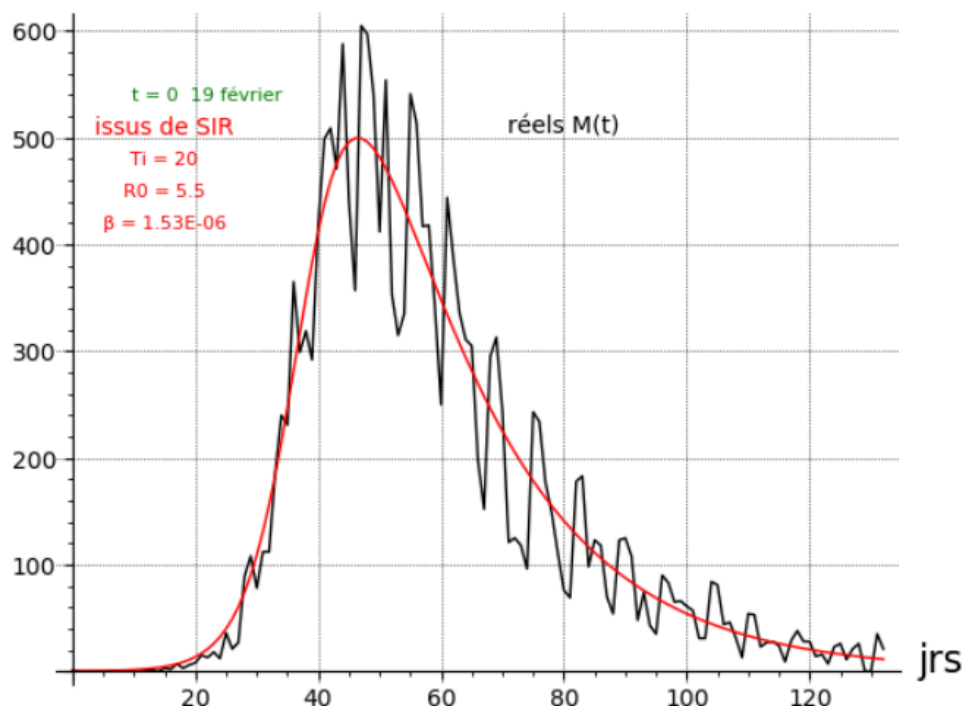


Illustration 3

### 6. Vraisemblance et analyse des résultats

Les valeurs de  $R^0$  et de  $T_i$  ainsi obtenues sont tout à fait cohérentes avec nombre de publications qui ont été faites.

La valeur de  $\beta$  est cohérente avec ce qui a été déterminé et utilisé pour d'autres virus (HIV, IAV, ...) dont les valeurs se situent suivant les publications entre  $1.0E-05$  et  $1.0E-07$ .

La valeur de la « condition initiale »  $I^0 = 28$  au 19 février est tout aussi cohérente, signifiant que la valeur dite de début d'épidémie, à savoir  $I^0 = 1$  a eu lieu un certain temps avant le 19 février.

Nous nous sommes livrés à une variation du modèle en prenant  $I^0 = 1$  ; le décalage qui en résulte entre les 2 occurrences du modèle ( $I^0=1$  et  $I^0=28$ ) est alors de 16 jours, conduisant à une date pour  $I^0=1$  au 3 février.

Pour mémoire, l'Institut Pasteur dans son étude déjà citée [4] semblait la situer au 1er février.

Ceci signifie par conséquent que le décalage entre le moment où un individu est infecté (pour les individus infectés dont la population a donné lieu à des décès à l'hôpital) et le moment où il décède est en moyenne de 16 jours.

Concernant le dernier paramètre  $S^0$  il importe de garder à l'esprit un élément clé :

le modèle correspond aux seules données des décès à l'hôpital et ne tient pas compte des décès en EPHAD et EMS (de l'ordre de 10 000) et des décès « à domicile » (2 000 dans une étude récente). Pour autant les décès à l'hôpital sont très majoritaires (de l'ordre de 20 000), ces chiffres étant ceux à fin août.

La valeur de la « condition initiale »  $S^0 = 180\,130$  de ce modèle doit sûrement être amplifiée dans un rapport de l'ordre de 1,5 à 2 fois si l'on tient compte du point évoqué ci-dessus si on veut le rapprocher de la réalité concernant l'ensemble (ou une grande partie) de la population française.

Ceci conduit alors à un chiffre corrigé entre 270 000 et 360 000.



Considérant que à cette date du 1er juillet (avec ce  $R^0=5.5$ ), la quasi-totalité de la population des susceptibles du modèle a été infectée ( $S$  est proche de 0), nous pouvons considérer que  $S^0$  peut se comparer au nombre de cas total recensé.

Les chiffres publiés au 16 aout 2020 [1] qui recensent un nombre de cas total depuis le début de l'ordre de 235 000 diagnostiqués et/ou testés positifs ne semblent pas incohérents avec une valeur de  $S^0$  dans la fourchette précitée.

Pour autant un tel chiffre pose questions :

**a) pourquoi la population initiale des susceptibles semble aussi faible ?**

**b) pourquoi le nombre de cas total recensé depuis le début de l'épidémie semble aussi faible ?**

Ces questions font l'objet de la discussion ci-après.

## 7. Discussion

### Objections concernant $R^0$

La première objection pourrait être que le modèle ainsi ajusté ne donne pas une bonne estimation de  $R^0$ .

Nous avons donc déterminé une occurrence de ce modèle en prenant  $R^0 = 3.0$  (valeur souvent citée dans des publications françaises).

L'illustration 4 ci-dessous donne le résultat ajusté au mieux pour  $R^0 = 3.0$

Pour ajuster au mieux la courbe ainsi produite, il a fallu retenir une valeur pour  $T_i$  différente de 20, pour qu'au moins en partie ascendante la courbe modèle et la courbe réel coïncident au mieux.

Le  $T_i$  adapté est alors de 9.

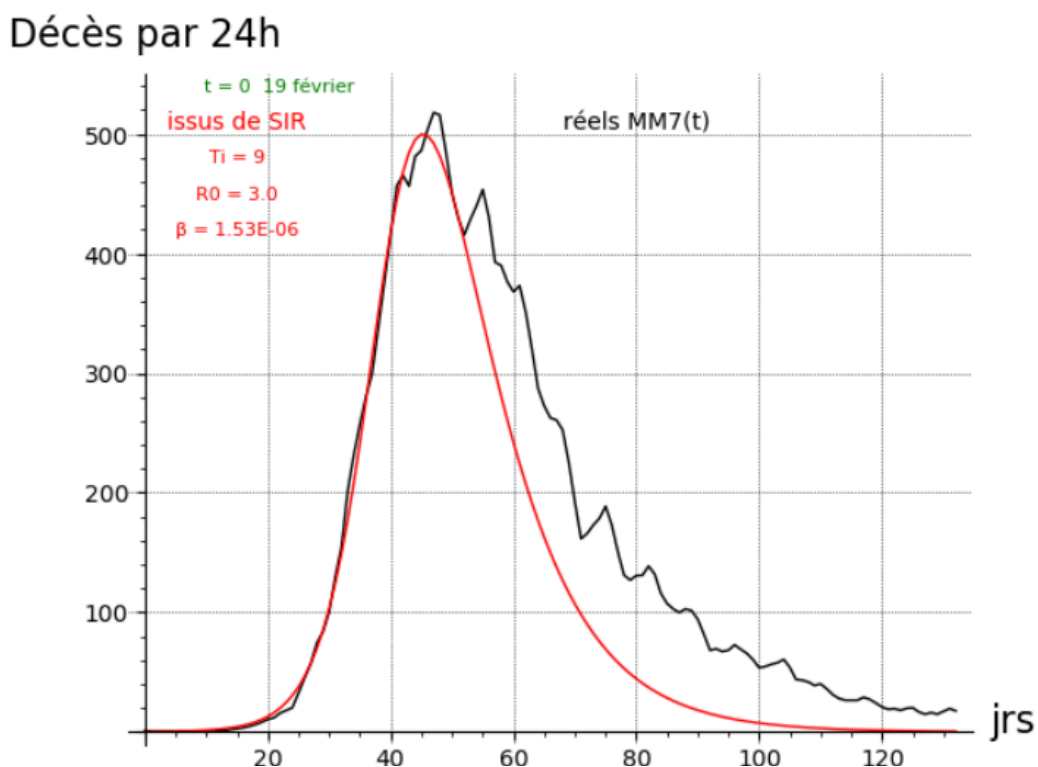


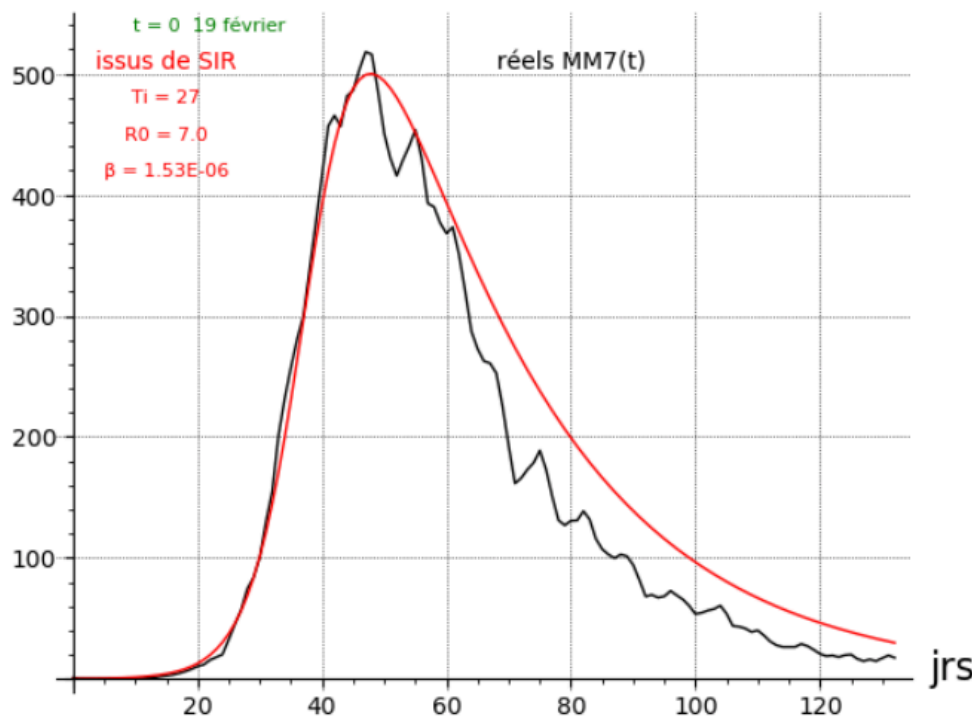
Illustration 4

On es alors confronté à une incohérence concernant la valeur de  $T_i$  qui est bien trop faible par rapport à ce qui a été constaté et publié pour le SARS-CoV-2. (fourchette de vraisemblance entre 14 et 28). De plus le cumul des décès modèle au 1er juillet est alors très loin des 19 364 réels, il s'élève à : 14 079.

Nous avons également déterminé une autre occurrence du modèle ajusté au mieux pour un  $R^0 = 7.0$

L'illustration 5 ci-dessous donne le résultat ajusté au mieux pour  $R^0 = 7.0$

## Décès par 24h



**Illustration 5**

Comme indiqué précédemment il a fallu retenir alors un  $T_i$  différent :  $T_i = 27$

Là aussi la vraisemblance de  $T_i$  est sujette à caution (fourchette haute) et le cumul des décès modèle au 1er juillet est alors bien supérieur aux 19 364 réels, il s'élève à : 22489.

Enfin comme on peut le constater sur les graphiques, les valeurs de  $S^0$  et  $I^0$  sont restées inchangées sans déformation significative du pic des décès.

Les valeurs de  $R^0$  et de  $T_i$  retenues sont donc robustes et cette objection ne résout en rien les questions a) et b) ci-dessus.

### Objections concernant Alfa

Une autre piste de réflexion est bien évidemment le taux de létalité qui serait trop faible.

Nous avons donc utilisé cette fois une valeur Alfa = 0.1%

L'illustration 6 représente cette nouvelle occurrence du modèle.

## Décès par 24h

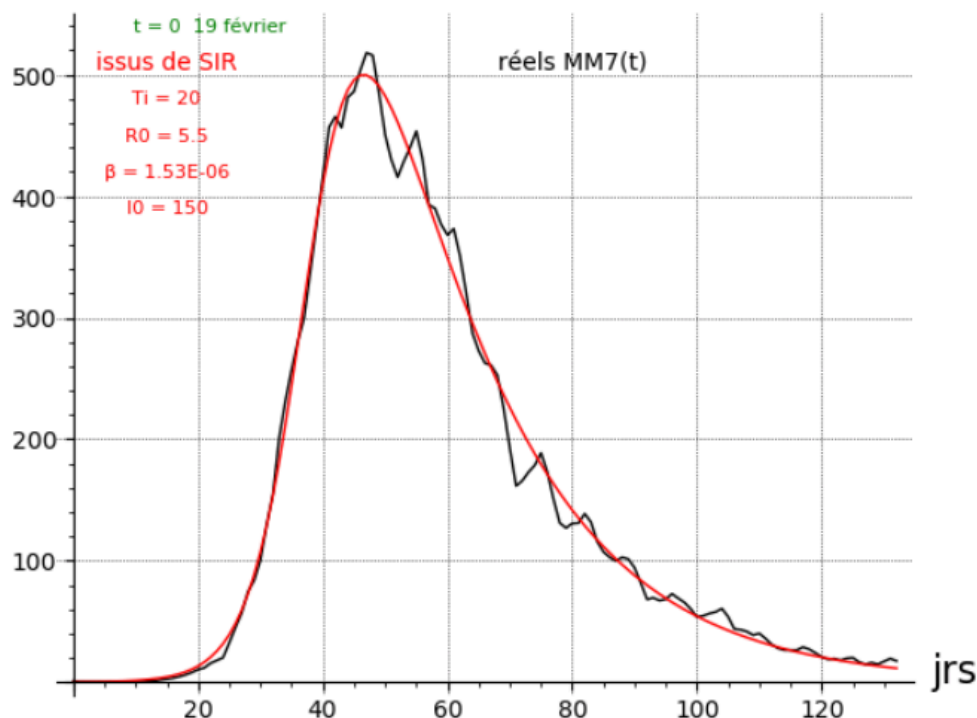


Illustration 6

Pour ajuster au mieux le modèle, il nous faut retenir un  $I^0$  beaucoup plus important :  $I^0 = 150$ .

Les valeurs de  $R^0$ ,  $\beta$ ,  $T_i$  étant inchangées.

La qualité de l'adéquation modèle et réel est toujours très bonne et le cumul des décès modèle au 1er juillet est de 19 363 (pour un réel à 19 364)

La valeur de  $S^0$  est par contre multipliée par 5,46 et s'élève à 983 510 soit une fourchette réelle (cf correction précédente de 1,5 à 2 fois) entre 1,5 millions et 2 millions.

Malgré tout, ces chiffres demeurent faibles par rapport à la population française et ne font dans ce cas que renforcer la question b) du paragraphe 6 concernant le chiffre réel inférieur à 300 000 cas diagnostiqués/testés positifs à fin aout.. Pourquoi ?

Peut-être devrions nous considérer un instant les chiffres publiés au 16 aout 2020 [1] concernant les tests positifs recensés à cette date depuis le début de l'épidémie : 5 millions de tests et 75 000 tests positifs (taux moyen positif de 1,5%)

Transposés à l'ensemble de la population (prise par hypothèse à 65 millions) le nombre de tests positifs s'élèverait à 975 000 auquel il conviendrait de rajouter les 175 00 cas environ diagnostiqués mais non comptabilisés dans ces tests positifs soit un total de cas de 1 150 000.

De tels chiffres semblent effectivement cohérents avec un taux de létalité de l'ordre de 0,1%.

Mais la question demeure : pourquoi seulement (?) entre 2% et 3% de la population seraient susceptibles ?

### Objections concernant les effets du confinement généralisé

A l'observation du modèle, il n'apparaît aucunement de phénomène facilement identifiable qui traduirait un effet de « rupture » lié au confinement généralisé décidé le 16 mars 2020 dont l'impact sur les décès aurait dû se manifester en toute logique tout début avril.

Si, toutefois, on recherche une occurrence de modèle où apparaîtrait un point de « rupture » effet de cette mesure, il faut alors considérer un double modèle SIR, l'un avant impact du confinement, l'autre postérieur. Dès lors, la décision de confinement ayant été prise le 16 mars (et ses premiers effets impactants à compter du 17 mars) et le décalage entre infection et décès pour la population étudiée étant de 16 jours (cf Par. 6), alors on doit réputer sans impact pour les décès la période allant du 19 février au 3 avril ( $t = 44$  pour notre modèle).

Faisons l'hypothèse que le pic des décès aurait dû être le double du pic réel, à savoir  $D_x = 1\,000$ .

Nous recherchons une occurrence du modèle pour cette période sans impact.

Dans ce cas, nous considérons que  $T_i$  est une caractéristique du virus et  $T_i = 20$ .

Nous ajustons donc les paramètres  $R^0$  et  $I^0$  pour ajuster au mieux modèle et réel.

Le résultat le moins mauvais que nous puissions trouver est le suivant :

$R^0 = 4.65$  et  $I^0 = 70$

Le graphique correspondant sur la période est fourni en illustration 7

### Décès par 24h

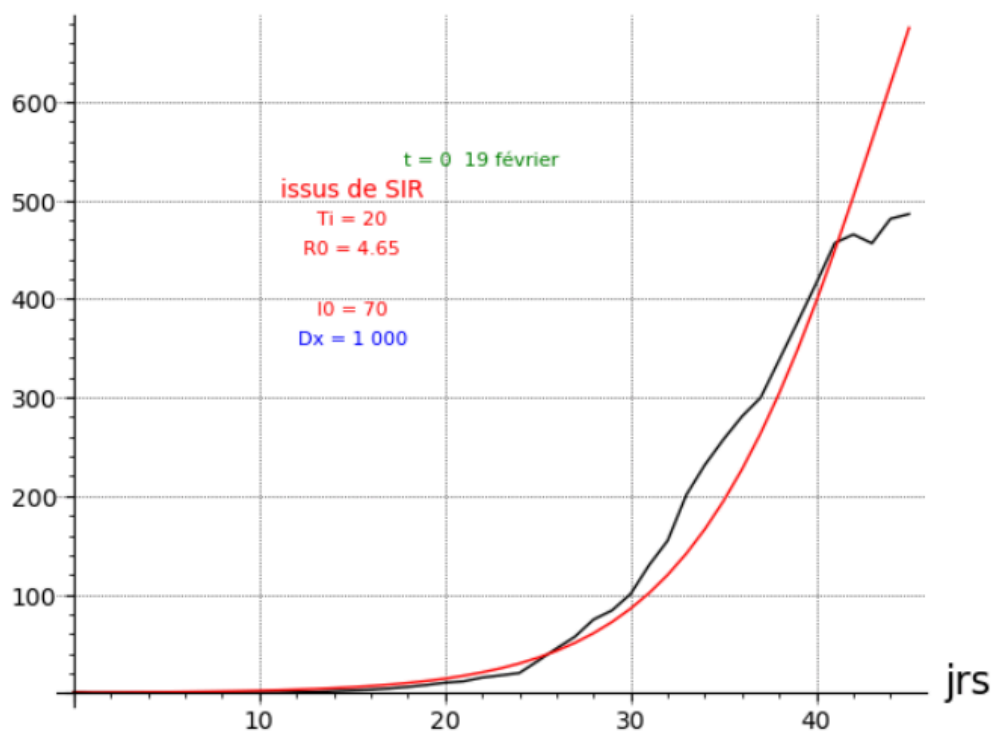
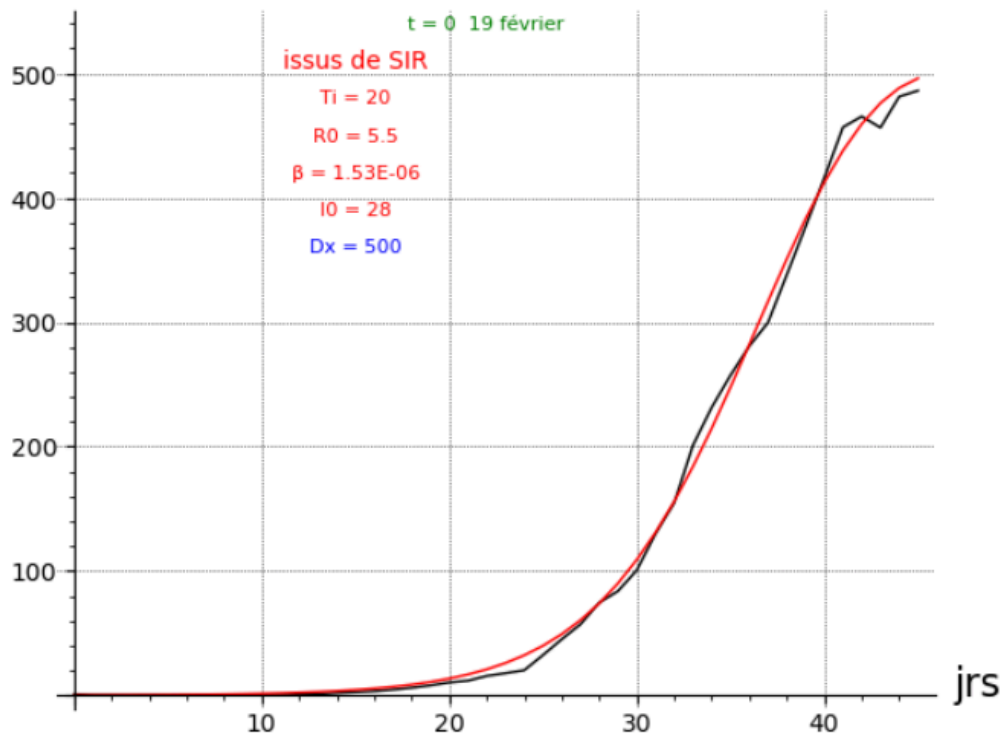


Illustration 7

Le graphique du modèle ajusté (avec  $Dx = 500$ ) pour la même période est fourni dans l'illustration 8.

## Décès par 24h



**Illustration 8**

Quand bien même nous restreindrions la période sans impact de 3 jours (en considérant qu'il y a eu une prise en compte anticipée par la population des mesures annoncées), il n'en demeure pas moins, à l'évidence, que la qualité obtenue de l'ajustement sur la même période est fortement dégradée si l'on s'écarte significativement du modèle initial ( $Dx = 500$ )

Il paraît donc peu vraisemblable que le confinement généralisé ait eu un impact très significatif sur l'évolution de l'épidémie.

Quelques hypothèses :

- ou bien les mesures barrières ont été « intégrées » par les citoyens dès début février, façonnant ainsi l'évolution de l'épidémie, ceci est vraiment peu vraisemblable
- ou bien le confinement généralisé a été décidé trop près du pic des infections (correspondant au pic des décès du 5 avril) et donc n'a pas eu d'effet visible, l'évolution de l'épidémie suivant son cours conformément à un modèle classique.

## 8. Conclusion

Outre la remarque sur le confinement ci-dessus, nous sommes convaincus que le modèle SIR ajusté présenté ci-avant est bien robuste.

Il nous amène à conclure très vraisemblablement que le taux de létalité de cette épidémie est particulièrement faible, plutôt de l'ordre de 0,1% que ce qui a été publié jusqu'à lors.

Il nous amène également à conclure que la population des susceptibles en France est très inférieure à 5% de la population, sauf à dire que le taux de létalité est encore plus faible que 0,1% et dans ce dernier cas le nombre de cas diagnostiqués/testés positifs serait très faible par rapport à ces chiffres de manière inexpliquée.

Dans tous les cas, et c'est une chance, cette épidémie présente des caractéristiques de très faible létalité dans une population dont la très grande majorité de la population n'est pas susceptible d'être infectée.

Ce constat pose la question de l'adéquation des mesures sanitaires prises par rapport à la menace à laquelle nous avons du faire face. Répondre à cette question n'est pas l'objet du présent document.

## Bibliographie / Références

[1] <https://dashboard.covid19.data.gouv.fr/vue-d-ensemble?location=FRA>

[2] KERMACK, W. O. and A. G. MCKENDRICK (1927), Contributions to the mathematical theory of epidemics, part I. Proceedings of the Royal Society A 115, 700-721, Reprinted: Bulletin of Mathematical Biology (1991), 53, 33-55.

[3] HEESTERBEEK, J.A.P and DIETZ, K (1996) The concept of  $R^0$  in epidemic theory, Statistica Neerlandica (1996) Vol. 50, nr. 1, pp. 89-110

[4] Henrik Salje, Cécile Tran Kiem, Noémie Lefrancq, Noémie Courtejoie, Paolo Bosetti, et al.. Estimating the burden of SARS-CoV-2 in France. 2020. HAL id : pasteur-02548181

[5] Logiciel SageMath : <https://sagecell.sagemath.org>

## Annexe 1 : Script commenté du programme de calcul - (Logiciel SageMath)

```
## MM7(t) vs. M(t) issu de SIR
# Illustrations 6.1 et 6.2 au 1er juillet (133)
# Ti=20 ; I0=28 ; R0=5.5 ; Dx=500 ;
#####
#####
# Etendue de l'étude
#####
# t = 0 le 19 février 2020
# t = 0 origine des temps
# t = 133 le 1er juillet 2020
# t = 133 fin de la période étudiée
#####
# M(t) Réel
# M(t) représente les décès par 24H à l'hôpital
#####
# Décès réels par 24H
#-----
M
[1,0,0,0,0,0,1,0,0,0,0,1,1,0,3,2,7,3,6,8,15,13,18,12,36,21,27,89,108,78,112,112,186,240,231,365,299,319,2
92,418,499,509,471,588,441,357,605,597,541,412,554,353,315,335,541,514,417,418,341,250,444,387,336,3
11,305,198,152,295,313,243,121,125,118,96,243,234,177,149,111,76,69,178,183,98,123,118,70,54,123,125,
108,48,74,43,35,90,83,65,66,61,57,31,31,84,81,44,46,31,13,54,53,23,27,28,24,9,29,38,28,28,14,16,7,23,26,1
1,21,26,0,0,35,21,18,14,18,0,0,27,34,32,39,0,0,0,25,0]
#-----
# Echelle de temps
#-----
Etendue = 133
t = srange(0, Etendue, 1)
#-----
#Décès moyenne mobile 7 jours
#-----
MM = M
MM[0]=MM[0]
MM[1] = 1/3*(MM[0]+MM[1]+MM[2])
MM[2] = 1/5*(MM[0]+MM[1]+MM[2]+MM[3]+MM[4])
for k in srange(3,133):
    MM[k] = 1/7*(MM[k-3]+MM[k-2]+MM[k-1]+MM[k]+MM[k+1]+MM[k+2]+MM[k+3])
#-----
# Représentation graphique
#-----
p = line(zip(t, MM), color='black')
#p = line(zip(t, M), color='black')
#-----
# Pic des décès
#-----
#Au temps t=46 , le 5 avril 2020 le pic des décès réels en MM7 est égal à 516
#-----
# Décès cumulés fin de période
#-----
#Au temps t=133 les décès cumulés réels à l'hôpital s'élèvent à 19364
#####
# Taux de Létalité Alfa
#####
Alfa = 0.00546
#####
```

```

# M(t) issu de SIR ;
#####
import scipy; from scipy import integrate
#-----
# Paramètres
#-----
# t = 0 origine des temps
# I0 = Nombre d'infections à t=0 i.e. le 19 février
# A cette date I0 <> 1 car un décalage existe entre la première infection ayant entraîné un décès et le décès
correspond
# I0 est ajusté pour faire coïncider sur l'échelle des temps le pic issu du modèle avec la date réelle à t=46
I0 = 28
# Dx = Pic des décès issus du modèle SIR
# Dx est ajusté en final pour faire coïncider le nombre des décès cumulés au 1er juillet issus du modèle et
réels
Dx=500
# Ix = Pic des infections du modèle SIR
# Ce pic se déduit du pic des décès Dx
Ix=Dx/Alfa
# R0 est le nombre de reproduction basique
# Une fourchette des valeurs de R0 se situe entre 3.0 et 11.0
# R0 est ajusté en même temps que Ti pour faire coïncider les pentes ascendantes et descendantes de la
courbe des décès issus du modèle et réels
R0 = 5.5
# S0 = Nombre d'individu S susceptibles à l'origine
# S0 se calcule à partir de Ix, R0 et I0
#  $I_x = I_0 + S_0 * (1 - (1 + \ln(R_0)) * 1/R_0)$ 
S0 = (Ix-I0)/(1 - (1 + ln(R0))*1/R0)
# Ti = Durée moyenne de l'infection au sein d'un individu
# Ti inclut la période de latence
# Choix de Ti conforme à diverses publications ; une fourchette se situe entre 14 et 32
Ti = 20
# Gamma = taux de retirement(immunité/décès)
# Gamma se calcule à partir de Ti
Gamma = 1/Ti
# Beta = infectivité du virus
# Beta se calcule à partir de R0, Gamma et S0
Beta = R0*Gamma/S0
#-----
# EDO
#-----
def dX_dt(X, t=0):
    return [- Beta*X[0]*X[1], Beta*X[0]*X[1] - Gamma*X[1]]
#-----
# Conditions initiales
#-----
X0 = [S0, I0]
#-----
# Resolution EDO
#-----
X = integrate.odeint(dX_dt,X0, t)
#-----
# Représentation graphique
#-----
saines, infectées = X.T
p += line(zip(t, Alfa*infectées), color='red')
#p += line(zip(t, saines), color='green')

```



```

#-----
# Habillage
#-----
p += text("t = 0 19 février",(22,540), fontsize=8, color='green')
p += text("issus de SIR",(15,510), fontsize=10, color='red')
p += text("Ti = 20",(15,480), fontsize=8, color='red')
p += text("R0 = 5.5",(15,450), fontsize=8, color='red')
p += text("β = 1.53E-06",(15,420), fontsize=8, color='red')
p += text("I0 = 28",(15,390), fontsize=8, color='red')
p += text("réels MM7(t)",(80,510), fontsize=10, color='black')
#-----
# Fin graphique
#-----
p.axes_labels(["jrs", "Décès par 24h"]);
p.show(gridlines=True)
#-----
# Cumul des décès
#-----
mort = Alfa*infectées
sum(mort[0:133])

```