



HAL
open science

Modélisation de la propagation du virus de la Covid-19 en France

Melvin Le Galloudec, Cyrille Bertelle, Moulay-Ahmed Aziz-Alaoui

► **To cite this version:**

Melvin Le Galloudec, Cyrille Bertelle, Moulay-Ahmed Aziz-Alaoui. Modélisation de la propagation du virus de la Covid-19 en France. Cahiers de la logistique, 2020, La logistique de crises sanitaires, 1, pp.13-28. hal-03287828

HAL Id: hal-03287828

<https://hal.science/hal-03287828>

Submitted on 15 Jul 2021

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.



Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial - NoDerivatives 4.0
International License



La logistique de crises
sanitaires

**PÔLE INGÉNIEUR
LOGISTIQUE
LE HAVRE NORMANDIE**

**CAHIERS DE LA
LOGISTIQUE**



CAHIERS DE LA LOGISTIQUE

CL2020 – N° 01

LA LOGISTIQUE DE CRISES SANITAIRES

Novembre, 2020
Copyright © 2020, ISEL - SFLog



La présente publication est protégée par le code de la propriété intellectuelle et plus précisément ses articles relatifs au respect du droit d'auteur.

Les auteurs demeurent seuls responsables du contenu de leur œuvre. Ils garantissent disposer des autorisations nécessaires de la part des tierces parties titulaires de droits sur des œuvres partiellement ou globalement reproduites. Les droits moraux et patrimoniaux sur l'œuvre demeurent attachés à leurs auteurs. Afin de faciliter le partage et l'utilisation de leur création, les auteurs autorisent les utilisateurs à :

- Télécharger et imprimer une copie de la présente publication à des fins d'études, de recherche, de diffusion de la culture scientifique et de partage des connaissances ;
- Distribuer gratuitement et sans aucune contrepartie l'URL identifiant la publication.

La présente publication, et l'URL associée ne peuvent en aucun cas être distribuées ou utilisées dans le cadre d'une activité à but lucratif ou à des fins commerciales. Aucune modification du contenu de l'œuvre n'est autorisée.

PREFACE

Nous avons le plaisir d'éditer le premier volume indexé des « Cahiers de la logistique », antérieurement appelé de « Cahiers du campus de la logistique ». Ces publications sont une initiative conjointe de l'Institut Supérieur d'Etudes Logistiques (**ISEL**) et de la Structure Fédérative de recherche en Logistique (**SFLOG**) de l'Université Le Havre Normandie (**ULHN**), avec l'appui du Service Commun la Documentation (**BU-SCD**) d'ULHN. L'objectif majeur est de diffuser des réflexions, des avancés et des innovations autour de la logistique auprès des élèves, des acteurs du milieu socio-économique, des chercheurs et de toute personne intéressée par cette thématique.

Ce premier volume indexé est dédié à la logistique de crise sanitaire. En effet, depuis le début de la crise sanitaire liée à la COVID-19, divers pays ont été confrontés à des problèmes majeurs de logistique, tels que la gestion des stocks de matériel de protection (masques, blouses, lunettes, etc), des tests de dépistages, de la mobilité et de ses effets sur la propagation du virus, entre autres. Très vite, la logistique est apparue aux yeux de tous comme un pilier incontournable de la gestion de cette pandémie. Dans ce contexte, ce volume aborde deux problématiques logistiques liées à la crise de la COVID-19 :

- La première contribution, de M. Dageons et Pr. Santos, porte sur les stratégies de dépistages. L'objectif est d'analyser les impacts d'un dépistage en fonction de la dynamique de l'épidémie et en utilisant des indicateurs tels que le nombre total de patients non-testés, le nombre de jours de rupture, le nombre de patients symptomatiques non-testés et de patients issus de clusters non-testés.
- La deuxième contribution, de M. Le Galloudec, Pr. Bertelle et Pr. Aziz-Alaoui, est dédiée à la modélisation et l'extension d'un modèle épidémiologique, afin de prendre en compte plusieurs aspects importants d'une crise sanitaire, tels que le confinement et la capacité d'accueil dans les hôpitaux. Les auteurs considèrent également la mobilité entre régions ou départements et les impacts sur la propagation de la maladie.

Nous apportons dans ce volume une dimension logistique à la gestion de la crise sanitaire et espérons que ces contributions apporteront leur part de réflexions dans le cadre des crises sanitaires. Nous profitons pour remercier l'appui des services de la bibliothèque de l'ULHN dans le processus de publication et d'indexation des Cahiers de la logistique.

Andréa Cynthia Santos

Professeur des Universités
Directrice déléguée à la recherche
de l'ISEL

Vice-Présidente déléguée en
charge du numérique de l'ULHN

Thierry Derrey

Maître de Conférences
Directeur de l'ISEL

Cyrille Bertelle

Professeur des Universités
Directeur SFLOG

MODÉLISATION DE LA PROPAGATION DU VIRUS DE LA COVID-19 EN FRANCE

Melvin Le Galloudec^{1,2}, Cyrille Bertelle¹, M.A. Aziz-Alaoui²

¹Normandie Univ, UNIHAVRE, LITIS, FR-CNRS-3638, ISCN, Le Havre 76600, France
cyrille.bertelle@univ-lehavre.fr

²Normandie Univ, UNIHAVRE, LMAH, FR-CNRS-3335, ISCN, Le Havre 76600, France
aziz.alaoui@univ-lehavre.fr
mel.legalloudec@hotmail.fr

RESUME

Dans cette étude, un modèle de propagation du virus de la Covid-19 en France est proposé afin de permettre la description de la première vague de l'épidémie du printemps 2020. La modélisation proposée consiste à enrichir le système classique SEIR couramment utilisé en épidémiologie mathématique, en prenant en compte plusieurs des caractéristiques essentielles de la crise sanitaire que sont le confinement, la gestion des hospitalisations, notamment les capacités d'accueil dans les hôpitaux. Enfin nous proposons de déployer le modèle obtenu sur un réseau afin de simuler le processus de propagation à l'échelle des régions ou des départements, conformément aux analyses restituées durant la crise sanitaire. Des résultats numériques sont donnés aux différentes étapes de la construction du modèle. La diffusion de l'épidémie sur réseau est simulée à partir des bases de données publiques et à partir d'hypothèses sur les origines de la pandémie. Elle permet de simuler la situation sanitaire nationale en mai 2020. Cette démarche apporte ainsi aux opérationnels des outils d'aide à la décision en s'appuyant sur leurs propres critères d'analyse.

MOTS CLES : Épidémie, Covid-19, modèle mathématique, systèmes complexes, réseaux complexes

ABSTRACT

In this study, a model of the spreading of the Covid-19 virus in France is proposed in order to describe the first wave of the health crisis, in Spring 2020. The proposed modelling consists in enriching the classical SEIR epidemiological system by taking into account some essential characteristics of the health crises: the lockdown and the hospitalization management, notably the capacity in hospitals. Finally, we propose to develop this epidemiological model on a network in order to simulate the spreading process on the scale of regions or departments, in conformity with the analyses established during the crisis. Numerical results are given at each step of the modelling. The spreading of the epidemic on a network is simulated from public data bases and from hypothesis about the origins of the pandemic. It enables to simulate the national crisis situation on May 2020. In this way, this approach provides decision support tools to operational managers by relying on their own analysis criterion.

KEYWORDS: Epidemic, Covid-19, mathematical model, complex systems, complex networks

Ce travail a été soutenu par l'université Le Havre Normandie, par le LMAH, le LITIS et la fédération FR-CNRS-3335 de mathématiques

1. Introduction

Les épidémies sont, depuis la nuit des temps, une source de terreur et de mort pour les Hommes. Nous savons notamment que des paléopathologistes ont découvert que, pendant la Pré-histoire, diverses tribus ont été éteintes à cause de la propagation d'une variante de la peste. D'autres épidémies et pandémies ont marqué l'histoire, par exemple la peste d'Athènes qui frappa la ville éponyme en l'an 430 av. J-C, emportant des dizaines de milliers de vies athéniennes au beau milieu de la guerre du Péloponnèse. Entre les années 541 et 542, la peste de Justinien naît et, au fil des années, emporte plus de 25 million de vies autour du bassin méditerranéen. Constantinople, capitale d'un empire byzantin au paroxysme de sa gloire, perd environ 40% de sa population. On ne peut guère oublier la fameuse Peste Noire qui ravagea l'Europe entre 1346 et 1353 ; emportant près de 40% de la population européenne, elle aura été source d'une raréfaction de la main d'œuvre européenne, d'une pénurie alimentaire de tout le continent et d'un confinement qui perturba la société de l'époque. L'on peut également citer les cas de la Grande Peste de Londres de 1665, la Grande Peste de Marseille de 1720, la Peste Russe de 1770, l'épidémie de grippe de 1889, ou encore la grippe espagnole de 1918 [1].

Ces exemples ne forment qu'une petite partie de la liste d'épidémies qui ont frappé les Hommes depuis toujours. La pandémie de la Covid-19 fait désormais partie de ces événements marquants. Elle restera certainement inscrite dans l'Histoire de l'Humanité du fait de sa diffusion presque synchronisée à l'échelle mondiale, portée par la modernisation et la facilitation des transports et des échanges internationaux. Ce virus, qui serait né en décembre 2019 à Wuhan, en Chine, s'est propagé à travers le monde essentiellement dès le début de l'année 2020. Il se propage de telle sorte que, en septembre 2020, le million de victimes est atteint, et près de 60 million d'individus ont été déclarés infectés. Le virus impacte également l'économie mondiale. En effet, sa propagation exponentielle pousse les états à confiner leurs populations, ce qui impacte directement les échanges internationaux, le tourisme et l'économie en conséquence.

Néanmoins, au XXI^e siècle, les moyens mis en œuvre afin de lutter contre les épidémies se font plus performants que d'antan. En effet, à l'époque de la Peste Noire, les normes d'hygiène étaient moindres et les moyens dont disposait la médecine étaient moins développés. Les virus et autres maladies se propageaient sans que l'on dispose de moyens de contrôle évolués afin de parvenir à les éliminer rapidement. De nos jours, l'équipement médical dont nous disposons ainsi que les normes d'hygiène suffisamment développés permettront certainement de gagner contre ce virus.

Dans cette étude, il est question de se concentrer sur l'un des moyens dont nous disposons afin de comprendre, expliquer et apporter des éléments de prédiction pouvant aider à ralentir, voire inverser la courbe de croissance de la propagation du virus. En effet, grâce à la modélisation épidémiologique, aux systèmes dynamiques et aux réseaux complexes d'interaction, il est possible, en posant diverses hypothèses correspondant aux moyens mis en place - ou à mettre en place -, d'écrire un système d'équations différentielles dans lequel la solution correspond à l'évolution de différentes catégories de sous-population établies suivant leur état face à la pandémie (Susceptible, Infecté, Rétabli, etc...). **C'est dans cette optique que cette étude est menée, en tenant compte des effets de retard et d'incubation inhérents à cette maladie. Différentes simulations numériques viennent ensuite apporter des éléments d'explication quant à l'évolution de l'épidémie selon les différentes stratégies adoptées.**

La suite de cette étude est organisée de la manière suivante. Dans un premier temps seront

abordés le contexte dans lequel le virus a progressé en France, ainsi que les différentes stratégies mises en place par le gouvernement français afin de contenir la pandémie. Dans un deuxième temps sera présenté le modèle mathématique permettant la simulation de l'évolution des différentes catégories de population. Dans un troisième temps, le modèle est déployé sur un réseau complexe décrivant les modalités de diffusion spatiale de l'épidémie. Des simulations numériques sont ensuite appliquées au cas particulier du réseau des régions françaises. Une comparaison sera alors établie entre les résultats obtenus et les chiffres observés pendant la pandémie. Pour conclure seront présentées les limitations et les perspectives d'évolution de ce travail.

2. Contexte de la propagation de la Covid-19 en France

La Covid-19, *SARS-Cov-2* ou encore *Corona Virus Disease 2019* est une infection transmise par la famille des coronavirus. Certains de ses symptômes sont relativement similaires à ceux d'une grippe (fièvre, fatigue, toux sèche, ...), pouvant rendre confus les diagnostics des médecins lors de l'apparition du virus. D'autres symptômes peuvent cependant apparaître, tels que la perte du goût et de l'odorat, des conjonctivites, ou des difficultés à respirer et des sensations d'oppression au niveau de la poitrine dans les cas les plus graves (OMS, 2020).

Les premiers infectés en France auraient été détectés en janvier 2020. Dès lors, le virus s'est propagé petit à petit à travers le pays. L'un des premiers foyers les plus importants a été identifié dans la région Grand-Est, la Covid-19 a ensuite, et en quelques mois, atteint la France entière avec une diffusion plus ou moins forte dans ses différentes régions. La propagation du virus est telle que la pandémie est déclarée le 11 mars 2020 par l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS). Six jours plus tard, le 17 mars 2020, la France est confinée afin de freiner les risques de transmission. En effet, bien que les cas graves fussent rares, le nombre d'individus placés en réanimation à l'hôpital ne cessait de croître, si bien qu'une saturation apparaissait progressivement dans les hôpitaux. À l'exception des individus dont les emplois représentaient une nécessité majeure pour le pays (grande distribution, production de matières premières, forces de l'ordre, pompiers, personnels de santé, ...), les déplacements des Français étaient restreints aux motifs tels que le ravitaillement, les rendez-vous médicaux, les sorties sportives (limitées à une heure et à un rayon d'un kilomètre autour du domicile), les problèmes de famille impérieux, les convocations judiciaires et les missions d'intérêt général. Ce confinement dura deux mois ; il fut levé le 11 mai 2020 avec l'instauration d'une phase de dé-confinement.

Afin d'étudier la propagation du virus pendant la crise sanitaire, les spécialistes ont analysé les chiffres locaux, région par région. Toutefois, ces analyses se sont avérées complexes par l'intervention de plusieurs éléments contextuels perturbateurs. Tout d'abord, la période d'incubation relativement longue. En effet, pendant cette période, les individus infectés peuvent ne montrer aucun symptôme, tout en étant contagieux. De manière plus générale, le nombre très important d'individus asymptomatiques, c'est-à-dire des individus infectés par le virus mais ne souffrant d'aucun symptôme même une fois la période d'incubation achevée, a engendré non seulement une propagation plus importante comme expliqué précédemment, mais il a également conduit à de très nombreux doutes et incertitudes quant au nombre d'individus infectés, si bien que l'estimation précise de la propagation du virus était très difficile. Les déplacements inter-régionaux ou internationaux des individus ont également grandement facilité la propagation du virus avant qu'ils ne soient progressivement stoppés aux échelles nationales et internationales.

À partir du 25 février 2020, en France, toute personne infectée ou à risque et connue est automatiquement confinée. Afin de confiner ces individus, il est ainsi indispensable de les

identifier pour les isoler. C'est dans cette optique que des tests de dépistage ont été mis en circulation. Cependant, les cas asymptomatiques compliquent la tâche, la population entière ne pouvant être testée vu le nombre limité de tests disponibles à cette époque.

Le nombre de lits équipés en moyens de réanimation étant limité et la période d'hospitalisation relativement longue ont conduit à des saturations des hôpitaux malgré la déprogrammation de nombreuses opérations relatives à d'autres pathologies. Le confinement avait donc pour fonction essentielle d'empêcher la saturation des hôpitaux et de leurs services de réanimation.

3. Modèle épidémiologique non spatialisé

La littérature sur l'épidémiologie mathématique est très riche. Un des premiers articles de référence est donné dans [7]. Plusieurs travaux ont été publiés sur la pandémie actuelle de la Covid-19, voir par exemple [8, 9, 10] et les références qui y sont citées.

Dans ce travail, nous proposons un modèle épidémiologique enrichi par la prise en compte du confinement et de la limitation due au nombre limité de places dans les hôpitaux, qui sont les éléments essentiels qui ont caractérisé la crise sanitaire. Dans un premier paragraphe, on développe le modèle non spatial. Dans le paragraphe suivant, le modèle est spatialisé en le portant sur un réseau dans lequel les nœuds correspondent à des villes ou des régions, et les couplages correspondent à des déplacements entre ces nœuds.

3.1. Construction du modèle non spatialisé

Tout d'abord, cette modélisation est basée sur les techniques utilisées usuellement en épidémiologie mathématique en séparant les individus en plusieurs compartiments : susceptibles (S, individus sains pouvant être contaminés), exposés (E, stade intermédiaire), infectés (I) et rétablis (R, individus guéris et temporairement immunisés). Ces modèles décrivent l'évolution temporelle des échanges et des interactions entre ces compartiments. Nous proposons de les enrichir afin de prendre en compte le confinement des populations et les capacités d'accueil des malades dans les hôpitaux.

- *Modèle SEIR classique*

On donne ci-dessous le modèle à compartiments classique SEIR :

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = \alpha R - \beta SI \\ \frac{dE}{dt} = \beta SI - \varepsilon E \\ \frac{dI}{dt} = \varepsilon E - \gamma I - \mu I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \alpha R \end{array} \right.$$

Dans ce modèle, la population S représente les individus sains et susceptibles d'être contaminés par contact avec un individu de la population I (population des infectés), cette contamination se faisant à un taux défini par le paramètre β . Les individus contaminés passent d'abord par un état transitoire E (individus exposés) afin de tenir compte de la situation où ils sont

dans une situation d'incubation : ils ne sont pas contagieux. Une proportion ϵ des individus exposés deviennent infectés et sont comptés dans la population I. Une proportion γ des individus infectés guérissent : ils ne font donc plus partie du compartiment I mais sont comptabilisés dans le compartiment R où ils sont temporairement immunisés. Enfin, une proportion α des individus guéris du compartiment R perdent leur immunité et redeviennent susceptibles d'être infectés : ils sont alors comptabilisés dans la population S. Par ailleurs, nous ne prenons pas en compte la mortalité naturelle, mais seulement celle due au virus. Ainsi, une proportion de la population I meurt avec un taux μ .

- **Modèle SEIR avec confinement**

L'instauration d'un confinement vise à réduire les contacts entre les individus sains et les individus infectés. Dans les équations précédentes, le confinement va agir sur le terme de propagation βSI pour freiner la maladie. Ainsi, une proportion c_S de la population S sera confinée, seule la partie non confinée de la population S, notée S^* , intervient dans le terme de propagation : $S^* = (1 - c_S)S$. De même pour la population I, seule la partie non confinée de la population I, notée I^* , intervient dans le terme de propagation : $I^* = (1 - c_I)I$. Le modèle SEIR avec confinement s'écrit alors :

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = \alpha R - \beta S^* I^* \\ \frac{dE}{dt} = \beta S^* I^* - \epsilon E \\ \frac{dI}{dt} = \epsilon E - \gamma I - \mu I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \alpha R \end{array} \right.$$

En conséquence, le nouveau modèle avec confinement s'écrit :

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = \alpha R - \beta(1 - c_S)(1 - c_I)SI \\ \frac{dE}{dt} = \beta(1 - c_S)(1 - c_I)SI - \epsilon E \\ \frac{dI}{dt} = \epsilon E - \gamma I - \mu I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \alpha R \end{array} \right.$$

Par ailleurs, l'ensemble de la population susceptible ne peut être confiné : une partie continue à travailler (forces de l'ordre, pompiers, personnels de santé, ...). De ce fait, c_S est strictement plus petit que 1. Remarquons qu'une application stricte du confinement pour tous les infectés conduirait à $c_I=1$. Dans la situation de la Covid-19, on ne peut détecter tous les infectés, puisqu'une grande proportion est asymptomatique, c_I est ainsi strictement plus petit que 1.

- **Modèle SEIHR : prise en compte du confinement et de l'hospitalisation contrôlée**

Nous enrichissons le modèle en y incorporant le compartiment correspondant à la population d'individus hospitalisés, qui est donc isolée et complètement confinée. Comme nous l'avons expliqué précédemment, le nombre de places dans les hôpitaux est limité, nous conduisant

ainsi à définir un seuil maximal d'hospitalisation, H_{max} et la fonction $f(H, H_{max}) = e^{1 - (\frac{H_{max}}{H_{max} - H})^q}$, où H est le nombre d'hospitalisés au temps t et q un paramètre arbitraire qui caractérise la manière de contrôler l'anticipation de la saturation des hôpitaux. Cette fonction permet d'exprimer le fait que plus le nombre d'hospitalisés est important, moins il y a de places disponibles, faisant diminuer le nombre de nouveaux patients admis.

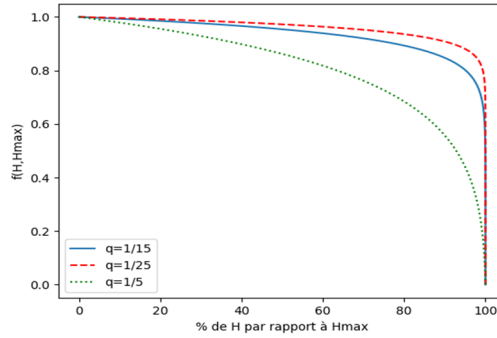


Figure 1 : Représentation des valeurs de la fonction d'hospitalisation $f(H, H_{max})$ en fonction de la proportion d'hospitalisés par rapport au seuil maximal d'hospitalisations possibles H_{max} , ici $H_{max} = 100$. Cette illustration donne la fonction f pour 3 valeurs de q , $q = 1/15$ (courbe bleue continue), $q = 1/25$ (tirets rouges) et $q = 1/5$ (pointillés verts) arbitrairement.

Sur cette figure, on observe que plus le nombre d'hospitalisés augmente, plus la fonction d'hospitalisation décroît. Ainsi, plus le nombre de places disponibles dans les hôpitaux se fait rare, plus le nombre de nouveaux patients admis à l'hôpital baisse. Par exemple, pour une proportion d'environ 99% de places occupées dans les hôpitaux, les nouvelles admissions sont proches de 0. Ces nouvelles hypothèses conduisent donc au modèle suivant :

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = \alpha R - \beta(1 - c_s)(1 - c_i)SI \\ \frac{dE}{dt} = \beta(1 - c_s)(1 - c_i)SI - \varepsilon E \\ \frac{dI}{dt} = \varepsilon E - \gamma_I I - \lambda f(H, H_{max})I - \mu_I I \\ \frac{dH}{dt} = \lambda f(H, H_{max})I - \gamma_H H - \mu_H H \\ \frac{dR}{dt} = \gamma_I I + \gamma_H H - \alpha R \end{array} \right.$$

où :

- γ_I et γ_H correspondent respectivement au taux de guérison des individus infectés et des individus hospitalisés ;
- μ_I et μ_H correspondent respectivement au taux de mortalité des individus infectés et des individus hospitalisés ;
- λ correspond au taux d'individus nécessitant une hospitalisation.

3.2. Résultats numériques

Dans ce paragraphe, des simulations numériques sont effectuées à partir du dernier modèle proposé, intégrant le confinement et l'hospitalisation contrôlée en fixant les valeurs des paramètres de la manière suivante :

- Le paramètre de contagion $\beta = 0,65$;
- Les paramètres de confinement $c_S = 0,4$ (susceptibles) et $c_I = 0,5$ (infectés) ;
- Le taux de fin d'immunité $\alpha = 0$, on considère donc que les individus rétablis ne peuvent plus être infectés ;
- Le taux de passage à l'état infecté $\varepsilon = 0,7$;
- Le taux de guérison des infectés $\gamma_I = 0,2$;
- Le taux de mortalité des infectés $\mu_I = 0,00001$;
- Le coefficient d'hospitalisation $\lambda = 0,015$;
- Le seuil d'hospitalisation $H_{\max} = 0,006$ et $q = 1/5$;
- Le taux de guérison des hospitalisés $\gamma_H = 0,001$;
- Le taux de mortalité des hospitalisés $\mu_H = 0,033$ ($\mu_I \ll \mu_H$, on considère naturellement que les cas les plus graves sont dans la catégorie des hospitalisés).

Dans la suite, nous allons regarder l'impact de plusieurs paramètres importants du modèle.

a- Impact du paramètre de contagion

Nous étudions dans ce paragraphe l'impact du paramètre de contagion sur la dynamique de l'épidémie.

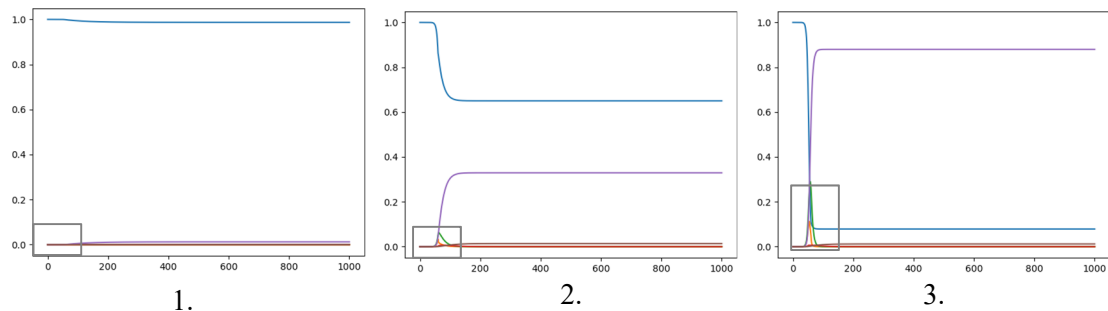


Figure 2 : Courbes représentant l'évolution des différents compartiments dans le temps dans le cas où $\beta = 0,5$ (sous-figure 1.), $\beta = 0,65$ (sous-figure 2.) et $\beta = 0,8$ (sous-figure 3.). Les courbes bleues représentent les susceptibles, les violettes les rétablis, les vertes les infectés, les marron les décédés, les orange les exposés, les rouges les hospitalisés. Les petits rectangles seront élargis dans la figure suivante.

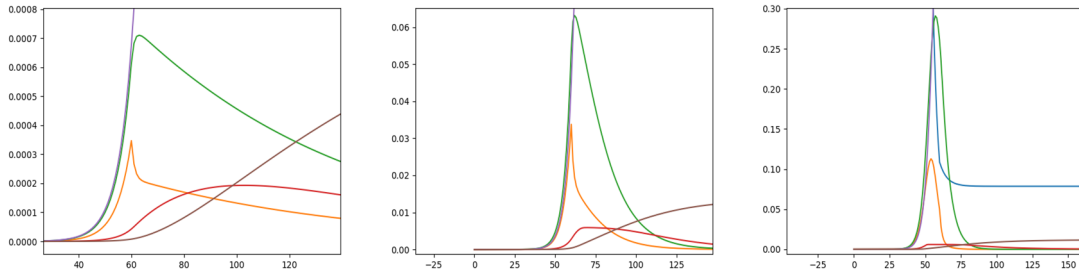


Figure 3 : Élargissement des courbes précédentes.

Les figures 2 et 3 illustrent le fonctionnement du paramètre de contagion β . En augmentant ce dernier, le nombre d'individus infectés augmente (la courbe verte de la dernière sous-figure de la figure 2 présente un pic plus élevé et un nombre bien plus faible d'individus susceptibles). Dans le cas où ce coefficient diminue, les effets contraires sont observés (voir la première sous-figure des figures 2 et 3).

b- Impact des paramètres de confinement

Nous étudions dans ce paragraphe l'impact des paramètres de confinement c_S et c_I sur la dynamique de l'épidémie.

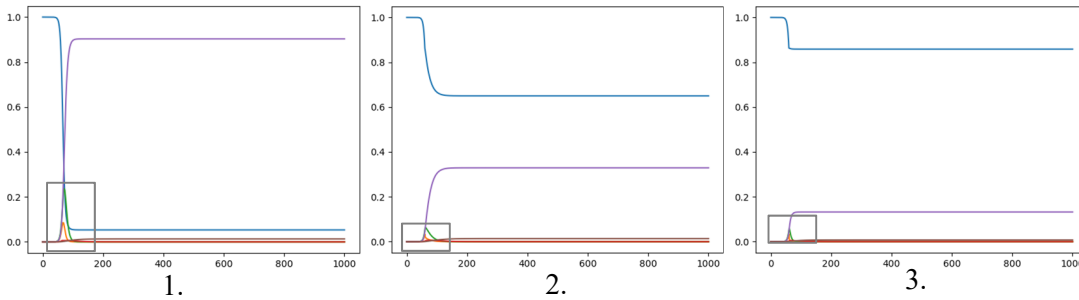


Figure 4 : Courbes représentant l'évolution temporelle des différents compartiments, dans le cas où $c_S = 0$ et $c_I = 0$ (sous-figure 1), $c_S = 0,4$ et $c_I = 0,6$ (sous-figure 2), $c_S = 0,8$ et $c_I = 0,9$ (sous-figure 3). Les courbes bleues représentent les susceptibles, les violettes les rétablis, les vertes les infectés, les marron les décédés, les orange les exposés, les rouges les hospitalisés. Les petits rectangles seront élargis dans la figure suivante.

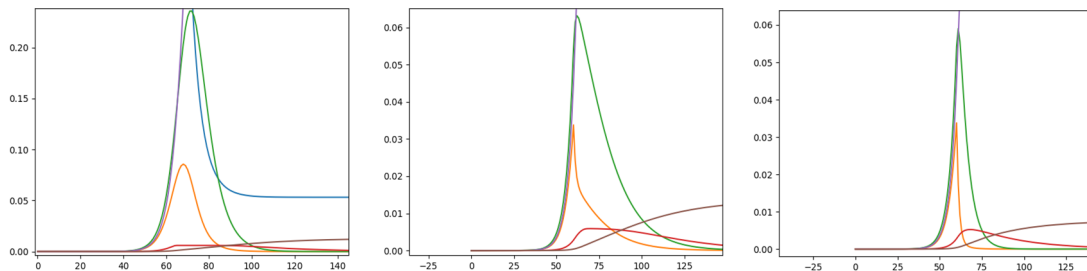


Figure 5 : Élargissement des courbes précédentes.

Les figures 4 et 5 illustrent le fait que diminuer les paramètres de confinement c_S et c_I fait naturellement diminuer le nombre de contaminations (la courbe bleue des susceptibles est d'amplitude plus élevée dans la sous-figure 1). Les augmenter produit l'effet inverse (dans la sous-figure 3, environ 85% de la population initiale n'a pas été frappée par le virus, contre 5% dans la sous-figure 1 et 65% dans la sous-figure 2). Contrairement au cas du modèle sans confinement, dans lequel la force d'infection change avec le paramètre de contagion β , pour le modèle avec confinement, sans modifier β on peut contrôler la propagation de l'épidémie grâce aux paramètres de confinement c_S et c_I . Modifier ces derniers impacte cette propagation (voir figure 4).

c- Impact du taux d'hospitalisation : λ

Dans ce paragraphe, nous étudions l'impact du paramètre d'hospitalisation sur la dynamique de l'épidémie.

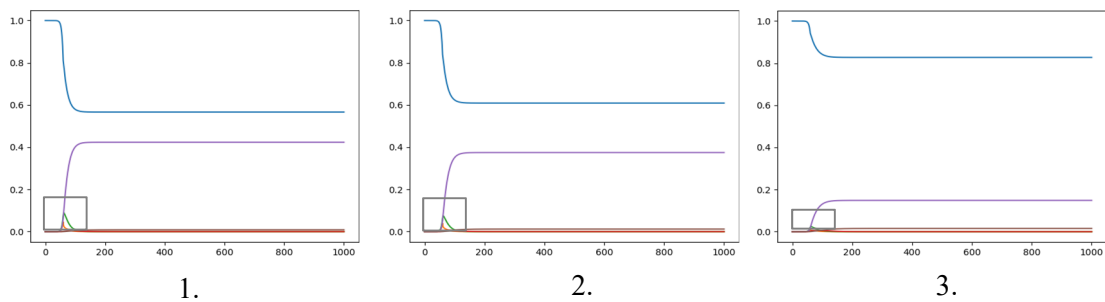


Figure 6 : Courbes représentant l'évolution temporelle des différents compartiments dans le cas où $\lambda = 0,005$ (sous-figure 1), $\lambda = 0,01$ (sous-figure 2) et $\lambda = 0,04$ (sous-figure 3). Les courbes bleues représentent les susceptibles, les violettes les rétablis, les vertes les infectés, les marron les décédés, les orange les exposés, les rouges les hospitalisés.

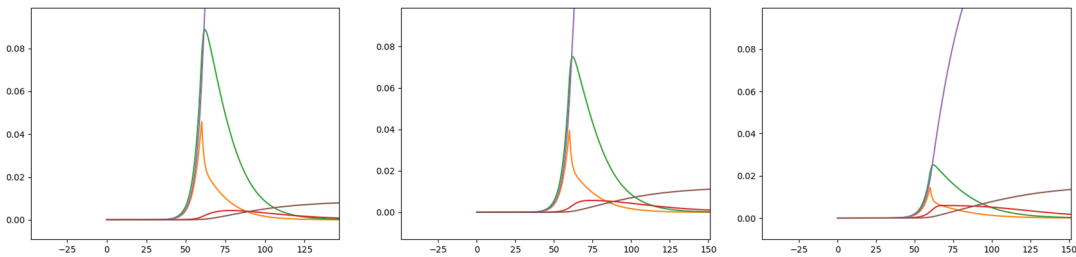


Figure 7 : Élargissement des courbes précédentes.

Les figures 6 et 7 illustrent le fait qu'augmenter le paramètre d'hospitalisation entraîne une baisse de la contagion (la courbe bleue des susceptibles est plus élevée dans la sous-figure 3 de la figure 6).

4. Modèle spatialisé dans un réseau

Le modèle précédent permet de décrire une propagation d'une épidémie sans prendre en compte les effets de la mobilité des individus. Assez rapidement, certaines données de la crise de

la Covid-19 en France ont été récoltées région par région. La question soulevée au moment du dé-confinement était de comprendre comment la mobilité entre les régions allait impacter la dynamique de l'épidémie. Une manière de modéliser cette problématique, en cohérence avec les données récoltées par région, consiste à déployer le modèle local précédent (donné pour un seul nœud) sur un réseau où chaque nœud correspond à une région du pays, les arêtes modélisant la mobilité entre ces régions. Ainsi, la modélisation de la propagation du virus sur le territoire français conduit à un système de 18 sous-systèmes, autant que de régions, c'est-à-dire à 18x5 équations différentielles couplées. De manière générale, lorsque l'on souhaite modéliser la propagation du virus dans un réseau de N nœuds, il faut déployer un système de N sous-systèmes différentiels ($N \times 5$ équations différentielles).

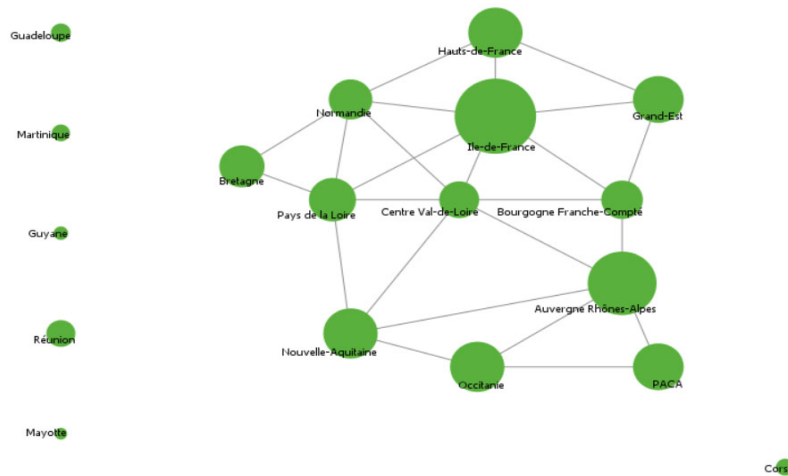


Figure 8 : Représentation du réseau des 18 régions françaises, graphe pour lequel les nœuds désignent les régions et les arêtes les liens entre ces régions.

Une arête sur le réseau traduit un flux possible d'individus entre 2 nœuds du réseau et correspond à un terme de couplage dans les deux systèmes d'équations décrivant l'épidémie sur chacun des 2 nœuds.

Pour illustrer le principe du couplage des nœuds d'un réseau, on donnera l'exemple d'un réseau de 2 nœuds dans un modèle SIR classique (voir paragraphe 3) :

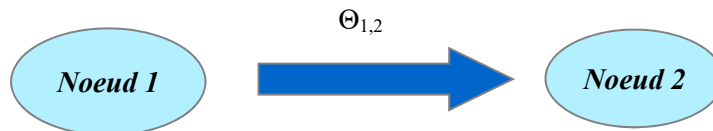


Figure 9 : Illustration d'un couplage entre deux nœuds. La flèche correspond à un flux de population. Le coefficient $\Theta_{1,2}$ représente la proportion d'individus se déplaçant du nœud 1 vers le nœud 2.

Dans l'illustration précédente, on considère que le virus circule dans chacun des nœuds (i.e. dans chaque région). Afin de se concentrer sur l'explication du couplage et pour l'exemple, un modèle SIR sera utilisé dans chaque nœud. On considère qu'une proportion $\Theta_{1,2}$ de la population du nœud 1 se déplace vers le nœud 2. On suppose aussi qu'un temps τ est nécessaire

afin d'effectuer le trajet. On obtient alors le modèle suivant :

$$\begin{cases} \frac{dS_1(t)}{dt} = \alpha R_1(t) - \beta S_1(t)I(t) - \theta_{1,2}S_1(t) \\ \frac{dI_1(t)}{dt} = \beta S_1(t)I_1(t) - \gamma I_1(t) - \mu I_1(t) - \theta_{1,2}I_1(t) \\ \frac{dR_1}{dt} = \gamma I_1(t) - \alpha R_1(t) - \theta_{1,2}R_1(t) \end{cases}$$

$$\begin{cases} \frac{dS_2}{dt} = \alpha R_2(t) - \beta S_2(t)I_2(t) + \theta_{1,2}S_1(t-\tau) \\ \frac{dI_2}{dt} = \beta S_2(t)I_2(t) - \gamma I_2(t) + \mu I_2(t) + \theta_{1,2}I_1(t-\tau) \\ \frac{dR_2}{dt} = \gamma I_2(t) - \alpha R_2(t) + \theta_{1,2}R_1(t-\tau) \end{cases}$$

Sur un réseau à N nœuds, on procédera de même en introduisant un terme de couplage entre 2 nœuds dès qu'une arête est présente sur le réseau. Une arête non orientée entre un nœud i et un nœud j (comme sur le réseau des régions françaises de la figure 8) correspond à deux flux allant de i vers j et de j vers i .

Enfin, on introduit un temps de déplacement des individus. Cela signifie que les individus quittant un nœud n n'atteindront leur destination qu'après un certain laps de temps correspondant au temps de déplacement. Il s'agit ainsi d'introduire ce retard dans le système ; le système d'EDO (équations différentielles ordinaires) devient alors un système d'EDR (équations différentielles à retard).

On obtient ainsi un système constitué de N sous-systèmes d'équations différentielles à retard couplées. On donne ci-dessous une écriture simplifiée de ce modèle :

$$\begin{cases} \frac{dS_i(t)}{dt} = \alpha_i R_i(t) - \beta_i(1 - c_{S,i})(1 - c_{I,i})S_i(t)I_i(t) + \sum_{j=1}^N \delta_{i,j}(-\theta_{i,j}(1 - c_{S,i})S_i(t) + \theta_{j,i}(1 - c_{S,j})S_j(t-\tau)) \\ \frac{dE_i(t)}{dt} = \beta_i(1 - c_{S,i})(1 - c_{I,i})S_i(t)I_i(t) - \epsilon_i E_i(t) + \sum_{j=1}^N \delta_{i,j}(-\theta_{i,j}(1 - c_{S,i})E_i(t) + \theta_{j,i}(1 - c_{S,j})E_j(t-\tau)) \\ \frac{dI_i(t)}{dt} = \epsilon_i E_i(t) - \gamma_{I,i}I_i(t) - \lambda_i f(H_i(t), H_{max})I_i(t) - \mu_{I,i}I_i(t) + \sum_{j=1}^N \delta_{i,j}(-\theta_{i,j}(1 - c_{I,i})I_i(t) + \theta_{j,i}(1 - c_{I,j})I_j(t-\tau)) \\ \frac{dH_i}{dt} = \lambda_i f(H_i(t), H_{max})I_i(t) - \gamma_{H,i}H_i(t) - \mu_{H,i}H_i(t) \\ \frac{dR_i(t)}{dt} = \gamma_{I,i}I_i(t) + \gamma_{H,i}H_i(t) - \alpha_i R_i(t) + \sum_{j=1}^N \delta_{i,j}(-\theta_{i,j}(1 - c_{S,i})R_i(t) + \theta_{j,i}(1 - c_{S,j})R_j(t-\tau)) \end{cases}$$

où :

- $i = 1, \dots, N$;
- S_i , E_i , I_i , H_i et R_i représentent respectivement les taux d'individus susceptibles, exposés, infectés, hospitalisés et rétablis dans le nœud i ;
- α_i représente le taux de fin d'immunité dans le nœud i ;
- β_i représente le taux de transmission du virus dans le nœud i ;
- $c_{S,i}$ et $c_{I,i}$ représentent respectivement le taux de confinement des individus susceptibles et le taux de confinement des individus infectés dans le nœud i ;
- ϵ_i correspond au taux d'exposition dans le nœud i ;
- $\gamma_{I,i}$ et $\gamma_{H,i}$ correspondent respectivement au taux de guérison des individus infectés et au taux de guérison des individus hospitalisés dans le nœud i ;

- $\mu_{I,i}$ et $\mu_{H,i}$ correspondent respectivement au taux de mortalité des individus infectés et au taux de mortalité des individus hospitalisés dans le nœud i ;
- λ_i correspond au taux d'hospitalisation dans le nœud i ;
- $f(H_i, H_{max})$ correspond à la fonction d'hospitalisation dans le nœud i . Ici,

$$f(H_i, H_{max}) = e^{1 - \left(\frac{H_{max}}{H_{max} - H_i}\right)^{\frac{1}{5}}}$$
- $\delta_{i,j} = 1$ si les nœuds i et j sont connectés, 0 sinon ;
- $\theta_{i,j}$ correspond au taux de déplacement de la population du nœud i vers le nœud j ;
- τ correspond au temps de déplacement (on suppose ici que le temps de déplacement est invariant pour tout couple de nœuds i et j) ;
- N correspond au nombre total de nœuds dans le réseau.

5. Simulations numériques : applications au réseau des régions françaises

Le modèle de propagation du virus de la Covid-19 présenté ci-dessous est appliqué au réseau des régions de France. Les nœuds représentent donc les régions, et on décide de relier deux nœuds si les deux régions associées sont voisines (elles doivent avoir une frontière en commun). Afin de valider notre modèle, il est nécessaire de comparer les résultats numériques qu'il exhibe aux données factuelles sur l'épidémie connues auparavant. Une situation particulière sera analysée. Il s'agit de celle qui précède le dé-confinement et qui correspond à la période de confinement (mars – mai 2020).

Toutefois, afin d'être réaliste, il est essentiel de fixer les différents paramètres du modèle en s'inspirant des vraies données factuelles. On sait d'ores et déjà que $N = 18$; la France est composée de 18 régions distinctes. On associe à chaque région un numéro que l'on donne ci-dessous :

1 : Hauts-de-France	2 : Normandie
3 : Ile-de-France	4 : Grand-Est
5 : Bretagne	6 : Pays de la Loire
7 : Centre-Val de Loire	8 : Bourgogne-Franche-Comté
9 : Nouvelle-Aquitaine	10 : Occitanie
11 : Auvergne-Rhône-Alpes	12 : Provence-Alpes-Côte d'Azur
13 : Corse	14 : Guadeloupe
15 : Martinique	16 : Guyane
17 : Réunion	18 : Mayotte

Ainsi, on fixe un temps t_0 à partir duquel le confinement est mis en place, puis on donne les différentes valeurs de paramètres utilisées pour les simulations numériques :

- Les paramètres de contagion $\beta = 0,7$ dans tous les nœuds ;
- Les paramètres de confinement $c_s = 0,4$ et $c_l = 0,5$ dans tous les nœuds ;
- Le taux de fin d'immunité $\alpha = 0$;
- Le taux de passage à l'état infecté $\varepsilon = 0,7$;
- Le taux de guérison des infectés $\gamma_I = 0,2$;
- Le taux de mortalité des infectés $\mu_I = 0,00005$;
- Le coefficient d'hospitalisation $\lambda = 0,005$;

- Le seuil d'hospitalisation maximal $H_{\max} = 0,033$;
- Le taux de guérison des hospitalisés $\gamma_H = 0,001$;
- Le taux de mortalité des hospitalisés $\mu_H = 0,033$;
- Le déplacement des individus est donné par $\theta_{ij} = 0,01$ pour tous les nœuds i et j .

Enfin, afin de lancer une simulation, il est nécessaire de préciser les conditions initiales, c'est-à-dire la valeur des variables S_i , E_i , I_i , H_i et R_i au temps $t=0$. On suppose alors qu'on exécute le programme partant d'un seul individu infecté (patient zéro) se trouvant dans la région Grand-Est (région 4). Ainsi, la condition initiale est :

$$\begin{cases} S_i(t=0) = 1 ; E_i(t=0) = I_i(t=0) = H_i(t=0) = R_i(t=0) = 0 \forall i \neq 4 \\ S_4(t=0) = 0,999 ; I_4(t=0) = 0,001 ; E_4(t=0) = H_4(t=0) = R_4(t=0) = 0 \end{cases}$$

Les résultats numériques suivants sont alors obtenus :

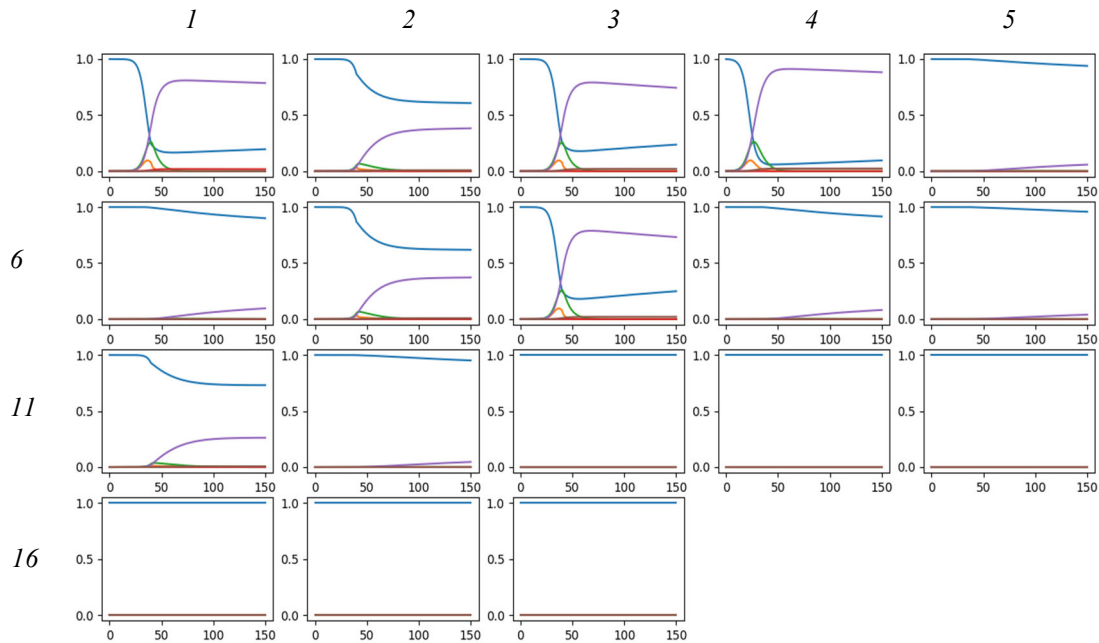


Figure 10 : figures représentant l'évolution temporelle des différentes populations d'individus selon leurs régions. Chacune est numérotée selon leurs régions, de 1 à 18. Les courbes bleues représentent les individus susceptibles ; les courbes violettes les individus rétablis ; les courbes vertes les individus infectés ; les courbes marron les individus décédés, les courbes rouges les individus exposés. Dans ces simulations, il est supposé que les déplacements s'effectuent de proche en proche entre les régions (sans saut aérien par exemple). Les régions contiguës à la région Grand-Est dans laquelle l'épidémie est supposée avoir démarré, semblent, ici, plus contaminées que les autres.

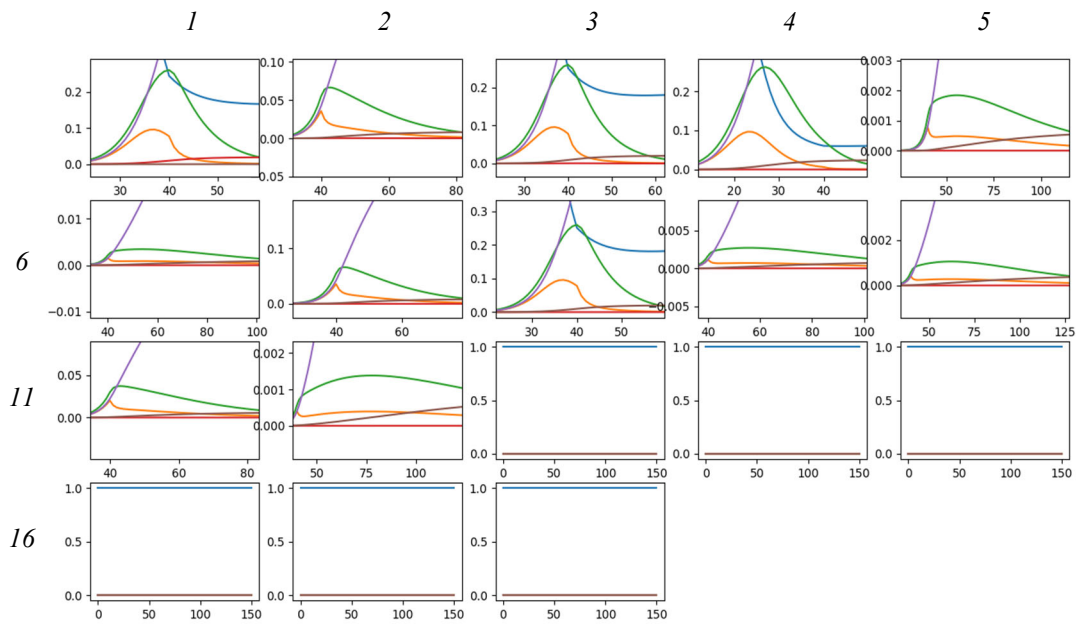


Figure 11 : Agrandissements au voisinage de 0 des courbes précédentes.

On remarque que les résultats précédents sont exagérés par rapport à la propagation réelle du virus. Toutefois, il est possible d'identifier les régions en zone rouge présentées en mai 2020 en préparation à la levée du confinement. Il est aussi possible d'obtenir la distribution des départements en zones vertes et rouges. En effet, en attribuant des couleurs en fonction de la propagation du virus, on obtient l'équivalent de la carte présentée le 7 mai 2020 :

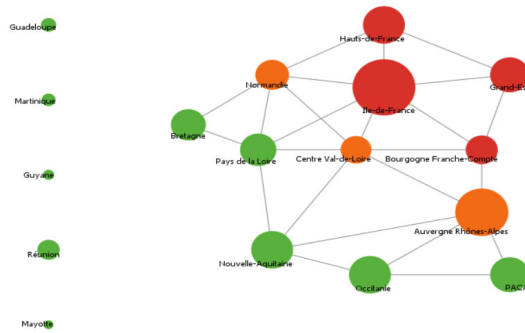


Figure 12 : Carte des régions de France classées en zones rouges, orange ou vertes d'après les résultats numériques obtenus précédemment. Carte obtenue grâce au logiciel Netlogo.

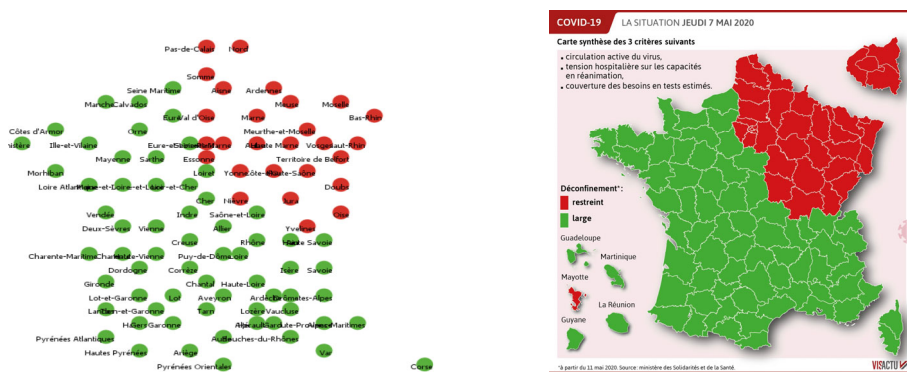


Figure 13 : Carte obtenue sous Netlogo après simulation numérique du modèle (à gauche) et carte officielle du 7 mai 2020 (à droite) des régions de France classées en zones rouges ou vertes selon le taux d'infection, la correspondance est claire.

On remarque donc que nos résultats numériques coïncident fortement avec la carte officielle des données factuelles juste avant le dé-confinement.

6. Conclusion et perspectives

Dans cette étude, nous avons présenté une extension des modèles mathématiques classiques en épidémiologie pour intégrer le confinement et la limitation d'accueil dans les hôpitaux. En déployant ces modèles locaux sur des réseaux, il est possible de les spatialiser en représentant les mobilités entre les nœuds de ces réseaux. Nous avons ainsi produit des simulations numériques qui permettent de retrouver la situation de propagation du virus de la Covid-19 à l'échelle des régions françaises telle que décrite en mai 2020.

Ces modèles permettraient aussi de simuler l'impact de l'introduction d'un vaccin conférant une période d'immunité paramétrable aux bénéficiaires, en adaptant le paramètre α . Grâce à la prise en compte de la diffusion spatiale dans le modèle, on pourrait suggérer des stratégies de vaccination et de confinement partiel ciblées et d'en mesurer leur efficacité. Nous avançons actuellement sur des extensions du modèle dans cet objectif.

7. Références bibliographiques

Historique des épidémies : <https://wukali.fr/2020/04/30/epidemies-et-pandemies-de-la-prehistoire-jusquau-covid-19/5805/>, consulté en novembre 2020.

OMS, <https://www.who.int/fr/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019>, consulté en novembre 2020.

Xinchu F. U., Small M. , Chen G. Propagation Dynamics on Complex Network, Wiley, 2014.

Draief M.; Massouli L. Epidemics and rumours in complex networks, Cambridge University Press, 2009.

Juliette Rouchier J., Barbet V. La Diffusion de la Covid-19. Que peuvent les modèles ? Editions matériologiques, 2020.

Le Galloudec M. Impact de structures de réseaux complexes sur des modèles en épidémiologie, Université Le Havre Normandie, 2020.

Kermack, W.O., McKendrick, A. G. A contribution to the mathematical theory of epidemics. Proc. R. Soc. Lond. Ser. A Contain. Pap. Math. Phys. Character, 115, 700–72, 1927.

Ambrosio B., Aziz-Alaoui M. On a coupled time-dependent SIR models fitting with New York and New-Jersey states COVID-19 data, in Biology, Vol. 9(6), 135, 2020.

Baud, D., Qi, X., Nielsen-Saines, K., Musso, D., Pomar, L., Favre, G. Real estimates of mortality following COVID-19 infection. Lancet Infect. Dis., 2020.

Roques, L., Klein, E.K., Papaïx, J., Sar, A., Soubeyrand, S. Using Early Data to Estimate the Actual Infection Fatality Ratio from COVID-19 in France. *Biology*, 9, 97, 2020.

Biographie des auteurs



Melvin Le Galloudec a récemment obtenu son diplôme de Master Mathématiques et Applications, option Modélisation et Analyse des Systèmes Complexes (MASC) à Le Havre Normandie. Cette contribution est inspirée de son travail de mémoire portant sur l'impact de structures de réseaux complexes sur des modèles en épidémiologie, dans lequel ce modèle de propagation du virus de la Covid-19 a été étudié.



Cyrille Bertelle est professeur des universités en Informatique à l'université Le Havre Normandie depuis 2005. Il a cofondé avec M.A. Aziz-Alaoui l'institut des systèmes complexes en Normandie. Il est co-coordonateur de l'UniTwin Unesco Complex Systems Digital Campus. Il dirige actuellement la structure fédérative de recherche en Logistique, SFLog et préside le GIS "Institut pour une logistique intelligente en Vallée de Seine". Ses activités de recherche portent sur la modélisation et la simulation des systèmes et réseaux complexes appliqués aux systèmes territoriaux et logistiques afin de produire des outils d'analyse et de reconstruction numérique de la complexité des territoires pour l'ingénierie de l'intelligence territoriale. Il est auteur de plus de 45 publications en revues scientifiques internationales et plus de 100 communications en conférences internationales. Il est coordinateur de 3 livres chez Springer Verlag. Il a été invité comme keynote speaker dans une dizaine de conférences internationales (Paris, Portugal, China, Roumanie, Jordan, Algérie, Tunisie, Corée, Espagne, UK). Il a dirigé 18 thèses de doctorat.



M.A. Aziz-Alaoui est professeur à l'Université de Le Havre Normandie, directeur du laboratoire de mathématiques appliquées du Havre (LMAH FR-CNRS-3335), et de l'équipe systèmes dynamiques et bio-mathématiques. Il est co-fondateur et co-responsable de l'Institut des systèmes complexes de Normandie. Son domaine d'expertise est la théorie des systèmes dynamiques, la théorie du chaos et celle des bifurcations, via l'analyse asymptotique d'équations différentielles ordinaires ou à dérivées partielles, et leur couplage sur des réseaux d'interaction complexes. Avec des applications aux sciences de la vie (neurosciences, écosystèmes, épidémiologie).