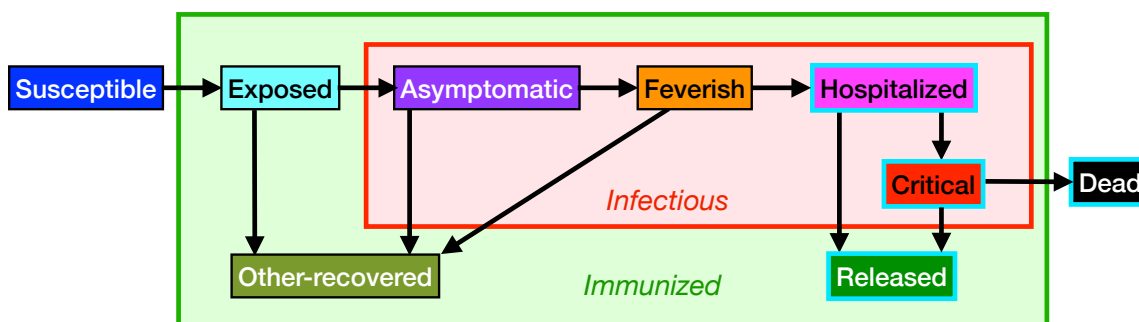


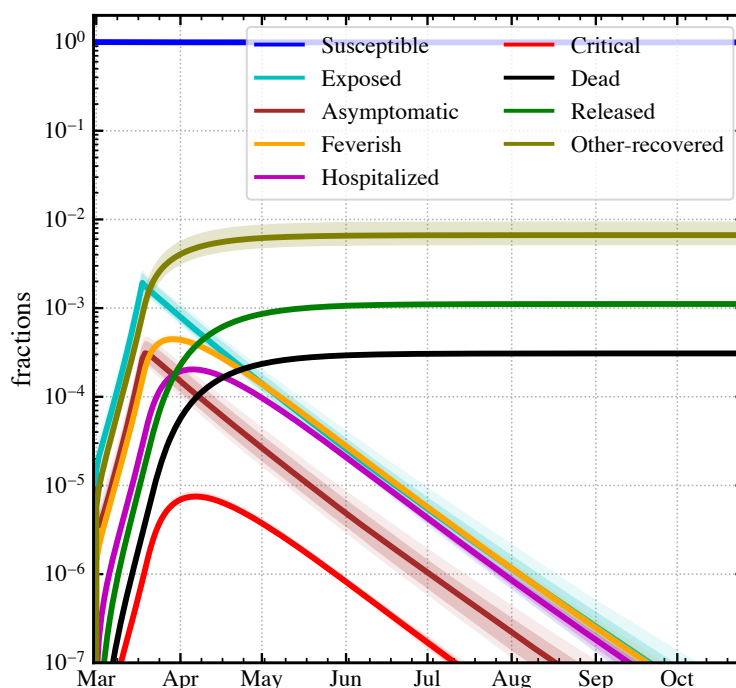
## Une nouvelle analyse régionale du COVID-19 en France

La pandémie du COVID-19 incite beaucoup de Français à contribuer d'une façon ou d'une autre. Ainsi, Gary Mamon, de l'Institut d'Astrophysique de Paris - Sorbonne Université, vient de soumettre une étude novatrice sur l'évolution de la pandémie en France. Il a étendu les modèles épidémiologiques classiques, pour qu'ils tiennent compte des données des hôpitaux (arrivées en hospitalisation classique, arrivées en réanimation, départs et décès). Dans son modèle le plus élaboré, SEAFHCDRO, il divise la population en 9 catégories : les Susceptibles qui n'ont jamais été contaminés, les Exposés qui ont été infectés mais ne sont pas contagieux, les Asymptomatiques qui sont contagieux mais bien portants, les Fiévreux qui ont une forte fièvre, les Hospitalisés qui sont en hospitalisation classique, les Critiques qui sont en réanimation, les Rémissions qui ont quitté les hôpitaux (et sont considérés comme immunisés), les Décédés, ainsi que les Guéris qui sont immunisés sans être passés par les hôpitaux. Son modèle est novateur car il considère que l'état d'un sujet peut aussi bien s'améliorer que s'aggraver (voir la **Figure 1**).



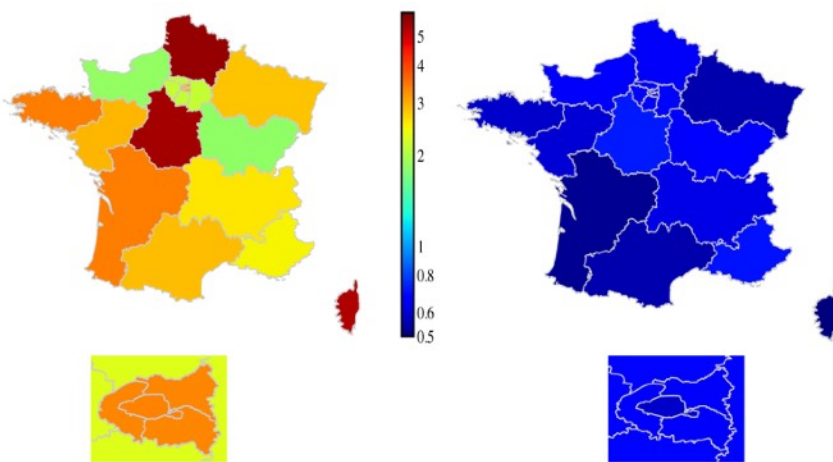
**Figure 1.** Illustration du modèle SEAFHCDRO avec ses branchements (flèches) entre catégories.

Quasiment toutes les études précédentes ont modélisé le pays en une seule zone. Mais la France n'a pas subi la pandémie du COVID-19 de manière homogène : certaines régions comme le Grand Est puis l'Île de France ont été plus touchées que les régions de l'Ouest. En revanche, les temps caractéristiques pour passer d'une catégorie à une autre, ainsi que les fractions des personnes d'une catégorie qui guérissent devraient être uniformes à travers le pays pour des populations supposées génétiquement homogènes. Cela a demandé des ressources informatiques considérables, mais lui a permis en retour de prédire avec précision l'évolution des premières phases (Asymptomatique et Fiévreux), comme illustré sur la **Figure 2**. Les données de cette figure lui ont aussi permis d'estimer la fraction de personnes contagieuses : moins de 1% sur la France (3% sur Paris), ce qui est faible et indique le risque d'une seconde vague de la pandémie en France. D'autre part, il trouve que la fraction de personnes contagieuses qui finissent par décéder est entre 3% et 5%.



**Figure 2.** Évolution en 2020 des 9 catégories dans le modèle SEAFHCDRO, en supposant que le confinement du 17 mars se prolonge indéfiniment. Chaque région de France a une valeur de R<sub>0</sub> avant cette date et une autre après. Les parties pâles des courbes indiquent l'intervalle de 90% de confiance.

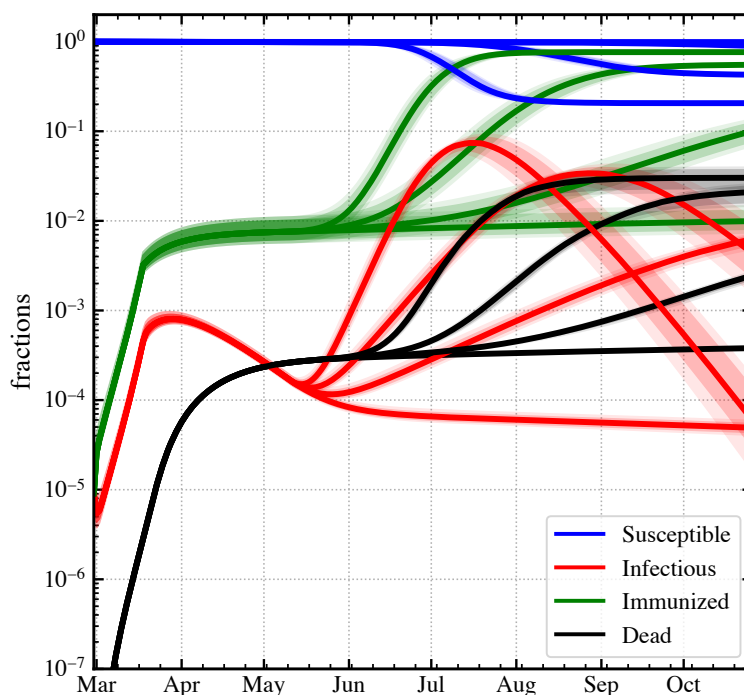
L'auteur de l'étude a produit des cartes du facteur  $R_0$  (**Figure 3**) indiquant que les régions Hauts-de-France et Centre-Val de Loire avaient les facteurs  $R_0$  les plus élevés avant le confinement, alors que la population du Grand Est, atteinte par le COVID-19 dès le mois de février, a su appliquer les gestes barrières physique bien avant le début du confinement. Durant le confinement, la carte de France est beaucoup plus uniforme et indique une valeur moyenne de  $R_0 = 0,65$  comparée à 3,4 avant le confinement (avec des faibles incertitudes statistiques). Cette chute d'un facteur 5 atteste de l'utilité du confinement. Sans confinement et sans autre distanciation physique, la France aurait connu plus de 2 millions de morts selon le modèle SEAFHCDRO appliqué aux 15 régions.



**Figure 3.** Facteurs  $R_0$  avant (*gauche*) et durant (*droite*) le confinement.

Gary Mamon a pu aussi faire des prédictions sur l'évolution de la pandémie à partir de la levée partielle du confinement du 11 mai, pour quatre valeurs possibles de  $R_0$  (**Figure 4**). Pour  $R_0$  égal à 1,2, le nombre de morts est multiplié par 3 d'ici le 20 septembre, mais ce triplement de morts apparaît dès le 20 juillet pour  $R_0 = 1,5$  et dès le 24 juin pour  $R_0$  aussi grand que 2. Le gouvernement devra donc surveiller de près les données hospitalières pour contenir cette seconde vague.

**Référence :** Gary A. Mamon (Institut d'astrophysique de Paris, Sorbonne Université), Fit of the French COVID-19 hospital data with different evolutionary models: regional measures of  $R_0$  before and during lockdown, [arXiv.org/abs/2005.06552](https://arxiv.org/abs/2005.06552)



**Figure 4.** Quatre scénarios d'évolution après le début du déconfinement (le 11 mai 2020) dans le modèle SEAFHCDRO, pour  $R_0 = 1, 1,2, 1,5,$  et 2 (de bas en haut en juillet). Les courbes représentent les catégories Susceptibles (*bleu*) et Décédés (*noir*), ainsi que les super-catégories Contagieuses (Asymptomatiques, Fiévreuses, Hospitalisées et Critiques, *rouge*) et Immunisées (toutes les catégories hormis les Susceptibles et Décédés, *vert*). La seconde vague apparaît clairement pour  $R_0$  au moins égal à 1,2.