

Synthèse des caractéristiques des modèles de propagation d'épidémie utilisés dans les (pré)publications signalées à MODCOV19 au 06/12/2020.

Ce document présente de manière volontairement synthétique les types de modèles utilisés, leur structure et leur complexité (mesurée par le nombre de variables et de paramètres) ainsi que la manière dont ces modèles sont calibrés lorsque cet aspect important est décrit dans le travail. Les objectifs principaux de cette synthèse sont :

- De vous aider à naviguer parmi la multitude de travaux en cours, avec leurs similitudes et leurs différences ;
- De vous aider à identifier les sources de données pouvant vous être utiles en regardant où les autres travaux vont les chercher et quels types de données ils utilisent ;
- De motiver et faire émerger des discussions entre les membres de la plateforme MODCOV19 sur des questions et difficultés qui reviennent fréquemment dans ces modèles, telles que l'identification des classes d'individus pertinentes, les paramètres dont on peut trouver des valeurs dans la littérature et les autres, les données nécessaires à la calibration des modèles, l'analyse de sensibilité des modèles développés (pas toujours effectuée malgré son intérêt), ...

L'erreur étant humaine, si vous constatez une erreur dans cette synthèse n'hésitez pas à nous la signaler en écrivant à covid@math.cnrs.fr. En particulier, l'estimation du nombre de paramètres de chaque modèle est parfois approximative, la chasse aux notations étant un art délicat et chronophage. *Depuis septembre 2020, la nature des études nous parvenant ayant évolué, les descriptions données dans cette synthèse évoluent elles aussi et se concentrent sur une description qualitative du type de questions et des modèles abordés.*

Attention:

- Par souci de concision, nous qualifions d'"approximatives" les valeurs numériques des paramètres choisies selon les connaissances du moment ou obtenues par des raisonnements quantitatifs approximatifs (aucune connotation négative).
- L'ordre au sein des catégories est celui de la publication des travaux sur le site de MODCOV19, les travaux du même auteur étant regroupés pour une plus grande lisibilité.

I - Modèles compartimentaux agrégés déterministes

II - Modèles compartimentaux agrégés avec contrôle optimal

III - Modèles compartimentaux agrégés stochastiques

IV - Modèles populationnels incluant des mécanismes au niveau de l'individu

V - Modèles avec structure spatiale

VI - Modèles stochastiques centrés sur les individus

VII - Modèles phénoménologiques statistiques et apprentissage statistique

I - Modèles compartimentaux agrégés déterministes

[Understanding Unreported Cases in the COVID-19 Epidemic Outbreak in Wuhan, China, and the Importance of Major Public Health Interventions - LIU Zhihua, MAGAL Pierre, SEYDI Ousmane, WEBB Glenn](#)

[Predicting the cumulative number of cases for the COVID-19 epidemic in China from early data - LIU Zhihua, MAGAL Pierre, SEYDI Ousmane, WEBB Glenn](#)

[Predicting the number of reported and unreported cases for the COVID-19 epidemics in China, South Korea, Italy, France, Germany and United Kingdom - LIU Zhihua, MAGAL Pierre, WEBB Glenn](#)

[Estimating the last day for COVID-19 outbreak in mainland China - GRIETTE Quentin, LIU Zhihua, MAGAL Pierre](#)

5 compartiments (susceptibles, infectieux asymptomatiques, infectieux symptomatiques rapportés et non-rapportés, retirés de la chaîne de transmission), **8 paramètres et conditions initiales** estimés en ajustant le modèle aux données (chinoises en particulier, **méthode d'estimation par "ajustement exponentiel" non détaillée**) en faisant l'hypothèse que le nombre cumulé de cas infectieux symptomatiques rapportés croît de manière exponentielle au cours du temps et en utilisant des valeurs approximatives pour certains paramètres.

[A model to predict COVID-19 epidemics with applications to South Korea, Italy, and Spain - WEBB Glenn, MAGAL Pierre, LIU Zhihua, SEYDI Ousmane](#)

[A COVID-19 epidemic model with latency period - LIU Zhihua, MAGAL Pierre, SEYDI Ousmane, WEBB Glenn](#)

6 compartiments (susceptibles, asymptomatiques non-infectieux, asymptomatiques infectieux, infectieux symptomatiques rapportés et non-rapportés, retirés de la chaîne de transmission), **10 paramètres et conditions initiales** estimés en ajustant le modèle aux données (**méthode d'estimation non détaillée**).

[Parametric identification and public health measures influence on the COVID-19 epidemic evolution in Brazil - COTTA R.M., NAVEIRA-COTTA C.P., MAGAL P.](#)

5 compartiments (susceptibles, infectieux asymptomatiques, infectieux symptomatiques rapportés et non-rapportés, retirés de la chaîne de transmission), **23 paramètres et conditions initiales, estimés par groupes grâce à une approche de problèmes inverses (cadre bayésien)** en faisant des hypothèses de croissance exponentielle sur le nombre cumulé de cas infectieux symptomatiques et en fixant certains paramètres de manière approximative.

[A new transmission route for the propagation of the SARS-CoV-2 coronavirus - DANCHIN Antoine, TUEN WAI NG Patrick, TURINICI Gabriel](#)

7 compartiments (susceptibles, latents/exposés, infectés pulmonaires, infectés pulmonaires détectés, infection "alternative", retirés de la chaîne de transmission, infections causées par une voie de propagation environnementale - eaux usées, ...), **10 paramètres** dont les valeurs sont **tirées de la littérature** (7 conditions initiales non mentionnées).

[On a quarantine model of coronavirus infection and data analysis - VOLPERT Vitaly, BANERJEE Malay, PETROVSKII Sergei](#)

3 compartiments (susceptibles, infectieux, rétablis), **4 paramètres non estimés**.

[Early estimations of the impact of general lockdown to control the Covid-19 epidemic in France - ANGOT Philippe](#)

11 compartiments (susceptibles, exposés/latents, infectieux asymptomatiques, infectieux symptomatiques, infectieux symptomatiques en quarantaine, infectieux hospitalisés, malades en soins intensifs, décès en hôpital, guéris sortis de l'hôpital, rétablis avec immunité pour quelques mois, susceptibles confinés), **20 paramètres et conditions initiales** dont les valeurs sont tirées de la littérature, fixées de manière approximative ou estimées en ajustant le modèle aux données françaises (**méthode d'estimation non indiquée**).

[Accounting for Symptomatic and Asymptomatic in a SEIR-type model of COVID-19 - ARECDE Jayrold P., CAGA-ANAN Randy L., MENTUDA Cheryl Q., MAMMERI Youcef](#)

6 compartiments (susceptibles, exposés, infectieux symptomatiques, sous traitement, infectieux asymptomatiques, retirés de la chaîne de transmission), **13 paramètres et 6 conditions initiales fixés ou estimés par une méthode Approximate Bayesian Computation** à l'aide de données sur les cas confirmés et les décès de plusieurs pays (France, Philippines, Italie, Espagne, Royaume-Uni, Chine et États-Unis) provenant du dashboard de Johns Hopkins University.

[Importance of suppression and mitigation measures in managing COVID-19 outbreaks - HOCHBERG Michael](#)

8 compartiments (susceptibles, exposés, infectieux, retirés de la chaîne de transmission avec symptômes faibles, retirés de la chaîne de transmission avec symptômes sévères en quarantaine à domicile, retirés de la chaîne de transmission avec symptômes sévères hospitalisés, retirés de la chaîne de transmission cas létaux, guéris immunisés), **11 paramètres fixés de manière arbitraire et 8 conditions initiales non mentionnées**.

[An empirical algorithm to forecast the evolution of the number of COVID-19 symptomatic patients after social distancing interventions - ALVAREZ Luis, COLOM Miguel, MOREL Jean-Michel](#)

Pas réellement formulé comme un modèle SIR classique (la comparaison avec un modèle SIR est discutée), un système d'équations intégro-différentielles modélise le nombre d'infectés et le nombre de ces infectés étant détectés en prenant en compte la loi du temps de développement des symptômes (non exponentielle). **6 paramètres et 2 conditions initiales**, pris dans la littérature ou estimés en ajustant le modèle aux données. **La méthode de calibration des paramètres (minimisation d'une erreur quadratique pondérée) et sa sensibilité à la qualité des données sont discutées**.

[Un modèle mathématique des débuts de l'épidémie de coronavirus en France - BACAER Nicolas](#)

4 compartiments (susceptibles, exposés, infectieux, rétablis), **5 paramètres et 4 conditions initiales** fixés de manière approximative.

Population modeling of early COVID-19 epidemic dynamics in French regions and estimation of the lockdown impact on infection rate - *PRAGUE Mélanie, WITTKOP Linda, CLAIRON Quentin, DUTARTRE Dan, THIÉBAULT Rodolphe, HEJBLUM Boris P.*

6 compartiments (susceptibles, exposés, infectieux détectés, infectieux non-détectés, infectieux hospitalisés, retirés de la chaîne de transmission), **14 paramètres et conditions initiales** tirés de la littérature ou **estimés en utilisant l'algorithme de Stochastic Approximation Expectation Maximisation** sur des données françaises régionales (les estimations se font au niveau de chaque région en non la France entière), **par une approche de modèles à effets mixtes**. Le **modèle poissonien d'observation** de certains des compartiments est détaillé, des **intervalles de confiance** pour les trajectoires régionales prédites de l'épidémie sont obtenues par des méthodes de Monte-Carlo.

Heterogeneous social interactions and the COVID-19 lockdown outcome in a multi-group SEIR model - *DOLBEAULT Jean, TURINICI Gabriel*

k+3 compartiments (susceptibles, exposés, infectieux, retirés de la chaîne de transmission), où k est le nombre de sous-populations de susceptibles ayant des taux de contacts/contamination différents (différents degrés d'adhésion aux mesures de distanciation, par exemple), **k+2 paramètres** fixés de manière approximative dans l'exploration numérique.

The SARS-CoV-2 seroprevalence is the key factor for deconfinement in France - *DIMEGLIO Chloé, LOUBES Jean-Michel, DEPORTE Benjamin, DUBOIS Martine, LATOUR Justine, MANSUY Jean-Michel, IZOPET Jacques*

Modèle à temps discret incluant $8N_c+5$ compartiments, où N_c est le nombre de jours pendant lequel un individu est infectieux (pour chacune des 4 classes d'âges, les compartiments sont susceptibles, infectieux non détectés répartis selon qu'ils sont infectieux depuis un nombre de jours allant de 1 à N_c , infectieux détectés répartis selon qu'ils sont infectieux depuis un nombre de jours allant de 1 à N_c , retirés de la chaîne de transmission) et **l'évolution du pourcentage de chaque sous-population d'une classe d'âge donnée testée chaque jour**. **$N_c + 7$ paramètres et $8N_c+5$ conditions initiales**, estimés à partir de données française issues du dashboard de la Johns Hopkins University et des données collectées par le Laboratoire de Virologie de Toulouse (**méthode d'estimation non indiquée**).

Epidemic Models for Personalised COVID-19 Isolation and Exit Policies Using Clinical Risk Predictions - *EVGENIOU Theodoros, FEKOM Mathilde, OVCHINNIKOV Anton, PORCHER Raphaël, POUCHOL Camille, VAYATIS Nicolas*

SEAIR Framework Accounting for a Personalized Risk Prediction Score: Application to the Covid-19 Epidemic - *BOULANT Olivier, FEKOM Mathilde, POUCHOL Camille, EVGENIOU Theodoros, OVCHINNIKOV Anton, PORCHER Raphaël, VAYATIS Nicolas*

22 compartiments (susceptibles, exposés, asymptomatiques, infectieux, retirés de la chaîne de transmission, pour chacune des quatre catégories croisées "effectivement à risque de complication" ou non et "identifiés comme risquant des complications" ou non, plus un compartiment "hospitalisés en soins intensifs" pour les deux catégories "effectivement à risque" et "prévus comme tel" ou non) et **10 compartiments** dans le second article. Ici le niveau de risque individuel (estimé à partir de facteurs comme les comorbidités) plaçant une personne dans la catégorie de risque élevé est évalué par des méthodes d'apprentissage statistique. **17 paramètres et conditions initiales** fixés à une valeur

approximative ou **estimés (avec intervalles de confiance) par une méthode Approximate Bayesian Computation décrite dans l'article**. On cherche la fraction maximale de la population que l'on peut autoriser à être moins soumise aux mesures de distanciation qui permette au nombre de malades nécessitant des soins intensifs, dans le modèle de risque considéré, de ne pas dépasser un certain niveau (2 modèles de risque considérés dans l'article). Une **analyse de sensibilité** de la méthode est effectuée.

[Fit of French COVID-19 hospital data with different evolutionary models: regional measures of R0 before and during lockdown - MAMON Gary](#)

7 à 9 compartiments par région géographique (1 à 15 régions suivant les analyses) dans les différentes variantes du modèle (susceptibles, exposés, infectieux non-hospitalisés/asymptomatiques, fiévreux, infectieux hospitalisés non critiques, hospitalisés en soins intensifs, décédés, rétablis, rémissions sans hospitalisation), **jusqu'à 54 paramètres libres et 7 à 9 conditions initiales par région** considérée estimés à partir de données d'hospitalisation de Santé publique France **par une méthode de maximum de vraisemblance décrite dans l'article**. L'exploration numérique est faite en considérant la France entière ou 15 régions séparées partageant certains paramètres.

[Monitoring and predicting SARS-CoV-2 epidemic in France after deconfinement using a multiscale age-dependent rate model - REINGRUBER Jürgen, PAPALE Andrea, HOLCMAN David](#)

Modèle à temps discret avec 5 groupes d'âges, 9 compartiments (susceptibles, asymptotiques, symptomatiques non hospitalisés, hospitalisés avec symptômes modérés, hospitalisés avec symptômes sévères, hospitalisés en besoin de soins intensifs, hospitalisés en soins intensifs, hospitalisés sortis des soins intensifs, rétablis) **dans 5 régions françaises**. Au total **$10+35N^2$ compartiments par région considérée**, où N est le nombre de jours pendant lequel un individu reste infecté (borne supérieure pour cette quantité non indiquée). A chacun de ces compartiments sont associés une probabilité de décéder, une probabilité de se rétablir et des probabilités de transition vers d'autres compartiments qui peuvent dépendre du temps. Le **nombre de paramètres est donc a minima quadratique en le nombre de compartiments** (et certains peuvent évoluer au cours du temps). Paramètres et conditions initiales calibrés en ajustant le modèle aux données hospitalières régionales françaises (**méthode de calibration non indiquée** - probablement par calibration qualitative), code disponible sur demande aux auteurs.

[ICU Bed Availability Monitoring and analysis in the Grand Est region of France during the COVID-19 epidemic - ICUBAM Consortium](#)

Modèle à temps discret avec **7 compartiments** (susceptibles, exposés, infectieux, soins intensifs phase 1, soins intensifs phase 2, sortis de l'hôpital, retirés de la chaîne de transmission), **7 paramètres**. La calibration du modèle (paramètres et conditions initiales) se fait **sur critère de vraisemblance et des régions de crédibilité (approche bayésienne) sont établies suivant une méthode décrite dans l'article**. Les différents départements français sont traités indépendamment. Plusieurs **méthodes statistiques pour la prédiction du nombre de lits bientôt libres** dans les unités de soins intensifs d'un hôpital donné sont aussi comparées (modèles linéaires, forêts aléatoires, moyenne sur les 20 derniers jours et entrée du jour précédent). Codes et dashboard en accès libre.

[Using Early Data to Estimate the Actual Infection Fatality Ratio from COVID-19 in France - ROQUES Lionel, KLEIN Etienne K, PAPAÏX Julien, SAR Antoine, SOUBEYRAND Samuel](#)

[Effect of a one-month lockdown on the epidemic dynamics of COVID-19 in France - ROQUES Lionel, KLEIN Etienne K, PAPAÏX Julien, SAR Antoine, SOUBEYRAND Samuel](#)

4 compartiments (susceptibles, infectieux, rétablis, décédés), **3 paramètres**, pour certains fixés de manière approximative, **et un paramètre fonctionnel** (évolution temporelle du taux de passage d'infectieux à décédés). Un **modèle d'observation binomial** est développé basé sur le nombre de personnes susceptibles et infectées testées chaque jour, **ajoutant 2 paramètres**. Estimation des paramètres d'intérêt par une **méthode de vraisemblance décrite dans l'article** basée sur des données du dashboard de la Johns Hopkins University et des données d'Ehpad d'une région française. **Une analyse de sensibilité est effectuée. Codes disponibles.**

[Epidemiological monitoring and control perspectives: application of a parsimonious modelling framework to the COVID-19 dynamics in France - SOFONEA Mircea T., REYNÉ Bastien, ELIE Bapstise, DJIDJOU-DEMASSE Ramsès, SELINGER Christian, MICHALAKIS Yannis, ALIZON Samuel](#)

Modèle à temps discret, **7 compartiments par classe d'âge considérée** (susceptibles, infectieux avec symptômes légers, infectieux sur le point de développer des symptômes sévères, hospitalisés en soins intensifs qui finiront par guérir avec grande probabilité, hospitalisés en soins intensifs qui finiront par décéder, décédés, rétablis. **Au moins $4a+2h+r+u$ paramètres et a paramètres fonctionnels** décrivant l'évolution du taux de contacts efficace d'une classe d'âge, où a est le nombre de classes d'âges considérées et h (*resp.*, r , u) est le nombre maximal de jours passés dans le compartiment "infectieux sur le point de développer des symptômes sévères" (*resp.*, dans le compartiment "hospitalisés en soins intensifs qui finiront par guérir avec grande probabilité", "hospitalisés en soins intensifs qui finiront par décéder"). **Calibration grâce à des données françaises de Santé publique France, l'INSEE, mais aussi des données d'autres pays** lorsque les données françaises n'étaient pas disponibles (**méthode de calibration, intervalles de confiance et sources de données décrites dans le texte**).

[A brief theory of epidemic kinetics - LOUCHET François](#)

3 compartiments (susceptibles, infectieux, retirés de la chaîne d'infection) et **5 paramètres non estimés**.

[Estimating the state of the Covid-19 epidemic in France using a non-Markov model - FORIEN Raphaël, PANG Guodong, PARDOUX Etienne](#)

4 compartiments (susceptibles, exposés, infectieux et retirés de la chaîne d'infection), **4 conditions initiales**, **5 paramètres à valeurs mesures et 5 paramètres numériques**. Des cas particuliers (paramétriques) de distributions des temps de latence et d'infectiosité sont considérés, le modèle étant ensuite **calibré à partir de données de Santé publique France via des algorithmes MCMC** non décrits dans l'article.

[An Infinite-Dimensional SIS Model - DELMAS Jean François, DRONNIER Dylan, ZITT Pierre-André](#)

2 compartiments dans une population structurée répartie sur un espace général X . La probabilité d'être infecté au temps t lorsqu'on est de type x est régie par une **équation intégro-différentielle**

dépendant d'un noyau de contamination $K(x,dy)$ et d'une fonction g décrivant le taux de rétablissement des individus de type x . L'étude étant théorique, il n'y a pas d'estimation de paramètres.

[Clustering, diffusion and evolution of COVID19 infections during lock-down - BOS Wouter, BERTOGLIO Jean-Pierre, GOSTIAUX Louis](#)

4 compartiments (susceptibles isolés, susceptibles en contact avec les infectieux, infectieux et retirés de la chaîne de transmission), **4 conditions initiales et 4 paramètres fixés** de manière approximative ou calibrés à partir de données diffusées par la Johns Hopkins University (méthode de calibration non détaillée, **probablement par calibration qualitative**).

[Understanding and monitoring the evolution of the Covid-19 epidemic from medical emergency calls: the example of the Paris area - GAUBERT Stéphane, AKIAN Marianne, ALLAMIGEON Xavier, BOYET Marin, COLIN Baptiste, GROHENS Théotime, MASSOULIE Laurent, PARSONS David P., ADNET Frédéric, CHANZY Érick, GOIX Laurent, LAPOSTOLLE Frédéric, LECARPENTIER Éric, LEROY Christophe, LOEB Thomas, MARX Jean-Sébastien, TELION Caroline, TRELUYER Laurent, CARLI Pierre](#)

[Emergency calls are early indicators of ICU bed requirement during the COVID-19 epidemic - COVID-19 APHP-Universities-INRIA-INSERM Group](#)

Suivi et analyse de **3 classes d'appels au SAMU** (ayant déclenché l'envoi d'une ambulance avec équipement mobile de soins intensifs, ayant déclenché l'envoi d'une ambulance non-soins intensifs et n'ayant pas déclenché l'envoi d'une ambulance) et détection de vitesses d'augmentation critiques des statistiques correspondantes comme signal potentiel d'alerte. **Modèle mathématique à base d'équations aux dérivées partielles de type Kermack-McKendrick** suivant le **statut des individus** (susceptibles, exposés, infectés, retirés de la chaîne de transmission) et **l'âge de l'infection** pour les individus exposés et infectés, permettant d'inclure des délais entre contaminations et symptômes/appels aux urgences. Illustration de la méthode grâce à des **données SAMU** correspondant à l'hiver et au printemps 2020.

II - Modèles compartimentaux agrégés avec contrôle optimal

[Optimal COVID-19 epidemic control until vaccine deployment - DJIDJOU-DEMASSE Ramses, MICHALAKIS Yannis, CHOISY Marc, SOFONEA Mircea T., ALIZON Samuel](#)

10 compartiments (susceptibles, latents avec infection modérée, latents avec infection sévère, asymptomatiques avec infection modérée, asymptomatiques avec infection sévère, symptomatiques avec infection modérée, symptomatiques avec infection sévère, rétablis d'une infection modérée, rétablis d'une infection sévère, décédés), **19 paramètres et conditions initiales** fixés suivant la littérature ou de manière approximative. Un contrôle dynamique de l'intensité des efforts de réduction des contaminations est introduit dans le taux de contamination du modèle compartimental et une fonction objectif dépendant du nombre cumulé de décès décrit le coût de chaque trajectoire possible du contrôle. Une stratégie de contrôle minimisant ce coût est obtenue et discutée de manière qualitative sur des exemples numériques.

Age-structured non-pharmaceutical interventions for optimal control of COVID-19 epidemic – RICHARD Quentin, ALIZON Samuel, CHOISY Marc, SOFONEA Mircea T., DJIDJOU-DEMASSE Ramsès

6 compartiments (susceptibles, infectieux avec symptômes légers, modérés ou sévères, rétablis et décédés), ces compartiments étant eux-mêmes décomposés suivant l'âge des individus qui les composent (variable continue prenant ses valeurs dans un intervalle fixé). Les 3 compartiments « infectieux » sont encore subdivisés en fonction de l'âge de l'infection (variable continue à valeurs dans R_+). **5 paramètres numériques et 10 paramètres fonctionnels dépendant du temps, de l'âge et/ou de l'âge de l'infection**, fixés de manière approximative. Le contrôle s'effectue sur l'intensité de la réduction des contacts pour chaque âge et la fonction objectif inclut le coût sanitaire mesuré par le nombre cumulé de décès et le coût de mise en place de la stratégie de réduction des contacts.

COVID-19 pandemic control: balancing detection policy and lockdown intervention under ICU sustainability – CHARPENTIER Arthur, ELIE Romuald, LAURIERE Mathieu, TRAN Viet Chi

8 compartiments (susceptibles, infectieux non détectés, infectieux détectés, rétablis non détectés, rétablis détectés, hospitalisés, malades en soins intensifs, décédés), **11 paramètres et 8 conditions initiales** dont la valeur est tirée de la littérature ou **estimés à partir de données (détaillé dans l'article)**. Les variables de contrôle sont le coefficient de réduction du taux de contamination (reflétant l'adhésion aux mesures de distanciation, par exemple) et le taux de détection des individus infectés (transition de non-détectés à détectés, par des tests). La fonction objectif, à minimiser, inclut le coût sanitaire mesuré par le nombre cumulé de décès, le coût économique et social impliqué par la réduction des contacts sociaux, le coût de détection des individus malades et immunisés. L'optimisation s'effectue sous la contrainte additionnelle que le nombre de malades en soins intensifs ne doit pas dépasser un niveau fixé (capacité hospitalière maximale). **Une analyse de sensibilité de la méthode est effectuée.**

Optimal immunity control by social distancing for the SIR epidemic model - BLIMAN Pierre-Alexandre, DUPREZ Michel, PRIVAT Yannick, VAUCHELET Nicolas

3 compartiments (susceptibles, infectieux et retirés de la chaîne de transmission), **2 paramètres, 3 conditions initiales et 3 contrôles** mesurant respectivement la réduction du taux d'infection dû à la distanciation sociale, la capacité à retirer des individus de la classe des susceptibles (notamment par la vaccination) et la capacité à retirer des individus de la classe des infectieux (notamment par une quarantaine). L'analyse se concentre sur la distanciation sociale. La fonction objectif, à minimiser, est la quantité totale d'individus infectés au cours de l'épidémie. Des exemples sont explorés numériquement en fixant les paramètres de manière approximative.

Incentives, lock-down, and testing: from Thucydides's analysis to the Covid-19 pandemic - HUBERT Emma, MASTROLIA Thibaut, POSSAMAI Dylan, WARIN Xavier

Modèle SIS ou SIR stochastique (2 ou 3 compartiments, susceptibles, infectieux et retirés de la chaîne de transmission). **Le contrôle se fait sur l'intensité des contacts au cours du temps**, $(B(t), t \geq 0)$. La fonction objectif dépend de **deux politiques gouvernementales** (chacune encodée par une fonction du temps) : le niveau des amendes pour violation des mesures de distanciation sociale et l'intensité de l'effort de test. Cette **fonction objectif** encode (i) le coût pour la population lié au mal-être dû au manque d'interactions sociales, (ii) le coût financier pour la population dû aux amendes générées par la trajectoire de l'intensité des contacts et (iii) le niveau d'incertitude sur l'incidence de

la maladie dû à une intensité plus ou moins élevée de l'effort de tests. A politiques gouvernementales fixées, on cherche à trouver la trajectoire d'intensité des contacts B qui optimise le bien-être sanitaire, social et financier de la population. Des exemples sont explorés numériquement.

[Disease-dependent interaction policies to support health and economic outcomes during the COVID-19 epidemic - LI Guanlin, SHIVAM Shashwat, HOCHBERG Michael, WARDI Yorai, WEITZ Joshua](#)

Modèle compartimental agrégé déterministe à 5 compartiments (susceptibles, exposés, infectieux, rétablis, décédés) avec des **taux de contacts dépendant du statut des individus considérés**. Le contrôle s'effectue sur ces taux de contacts, qui peuvent évoluer au cours du temps. La fonction objectif prend en compte **un coût sanitaire et un coût socio-économique** ; on cherche la trajectoire de taux de contacts par type d'individus qui optimise cette fonction objectif. Une stratégie alternative de feed-back par les tests (au lieu de chercher à optimiser précisément la fonction objectif) est explorée.

III - Modèles compartimentaux agrégés stochastiques

[Modelling the second wave of COVID-19 infections in France and Italy via a Stochastic SEIR model - FARANDA Davide, ALBERTI Tommaso](#)

Modèle à temps discret à 4 compartiments (susceptibles, exposés, infectieux, retirés de la chaîne de transmission). **4 valeurs initiales et 6 paramètres** décrivant les taux de transition d'une classe à l'autre comme des variables aléatoires gaussiennes de moyenne et variance fixées, rééchantillonnées à chaque pas de temps. Les **paramètres sont fixés de manière approximative** et les **données utilisées sont discutées** dans l'article.

IV - Modèles populationnels incluant des mécanismes au niveau de l'individu

[Contact rate epidemic control of COVID-19: an equilibrium view - ÉLIE Romuald, HUBERT Emma, TURINICI Gabriel](#)

Modèle SIR à **3 compartiments** à l'échelle macroscopique, **couplé à un problème de contrôle individuel** (basé sur une fonction de coût dépendant de la trajectoire du nombre d'infectés jusqu'au temps considéré) intégré dans le modèle macroscopique via la dépendance du taux de contamination en la valeur instantanée de la stratégie de contacts/distanciation adoptée par un individu typique. L'équilibre de Nash (B^*, S^*, I^*, R^*) de ce problème multi-échelles donne une trajectoire optimale au sens où la trajectoire B^* de stratégie de contacts individuelle optimise les coûts individuels dans une épidémie de trajectoire (S^*, I^*, R^*) , tandis que si tous les individus de la population suivent la stratégie B^* , alors la dynamique de l'épidémie est donnée par (S^*, I^*, R^*) . **Exploration numérique dépendant de 8 paramètres** et conditions initiales, fixés de manière approximative mais **analyse de sensibilité à ces paramètres effectuée**.

[Immuno-epidemiological model of two-stage epidemic growth - BANERJEE Malay, TOKAREV Alexey et VOLPERT Vitaly](#)

Modèle SIR à **3 compartiments** à l'échelle macroscopique, **couplé avec un modèle de réponse immunitaire individuelle à deux variables** (charge virale et réponse immunitaire dont l'évolution est décrite par un système de deux équations différentielles). Dans le modèle macroscopique, la

dynamique d'infection change (s'accélère) à partir du moment où le nombre d'infectés dépasse un seuil induisant une charge virale totale critique impliquant que même les individus dont le système immunitaire est plus fort sont touchés par l'infection. **Exploration numérique dépendant de 6 paramètres** fixés de manière approximative.

V - Modèles avec structure spatiale

[Propagation of epidemics along lines with fast diffusion - BERESTYCKI Henri, ROQUEJOFFRE Jean-Michel, ROSSI Luca](#)

Modèle SIR à **4 compartiments** (susceptibles, infectés, rétablis et voyageurs le long d'une route rapide) et diffusion spatiale (modélisée par un opérateur laplacien), **4 paramètres et 3 conditions initiales** (densité initiale des S homogène en espace et densités initiales des I et T à support compact). Pas d'application numérique et donc pas d'estimation de paramètres.

[Mathematical models of confinement and deconfinement - KICHENASSAMY, Satyanad](#)

3 compartiments par région considérée (susceptibles, infectés, retirés de la chaîne de transmission), avec une contamination entre régions non-linéaire pondérée par des facteurs de "connectivité" dépendant chacun de 3 paramètres locaux pouvant évoluer au cours du temps. **Nombre de paramètres quadratique en le nombre de régions**. Un deuxième modèle fait état de **7 compartiments par région** (susceptibles confinés ou non, infectieux confinés ou non, infectieux en quarantaine, rétablis confinés ou non). Tous les paramètres et conditions initiales sont fixés de manière approximative dans les exemples numériques.

[Reproduction matrix for an epidemic and lockdowns in a city - ACUÑA Vicente, CORTÉS María Paz, HART Andrew, MARTÍNEZ Servet, MAUREIRA Juan Carlos](#)

Modèle à temps discret avec m districts/arrondissements. m variables décrivant le nombre d'infectés dans chaque district et m^2 paramètres $R(i,j)$ décrivant les nombres moyens d'individus du district j ayant été contaminés par un individu infectieux du district i au cours d'une unité de temps. Le vecteur du nombre d'infectés dans chaque district à l'instant $t+1$ est donné par le vecteur au temps t multiplié par la matrice R (point de vue analogue à l'analyse des processus de branchement). Les données de contacts étant indisponibles, un **modèle par agents** est créé puis ses caractéristiques/paramètres sont choisis pour que le résultat corresponde aux données d'incidence des districts de Santiago au Chili (**méthode de calibration non décrite**). La matrice R est ensuite estimée en simulant l'évolution de l'épidémie pour ces caractéristiques, dans un grand nombre de fois (les conditions initiales ne jouent pas de rôle dans l'analyse et les simulations).

[A reaction-diffusion system to better comprehend the unlockdown: Application of SEIR-type model with diffusion to the spatial spread of COVID-19 in France - MAMMERI Youcef](#)

Modèle basé sur un **système d'équations aux dérivées partielles avec diffusion (laplacien) en espace. 6 compartiments** (susceptibles, exposés, infectés asymptomatiques, infectés symptomatiques, infectés symptomatiques sous traitement, retirés de la chaîne de transmission), **13 paramètres et 6 conditions initiales** fixés de manière approximative ou estimés grâce à une méthode

d'**Approximate Bayesian Computation** combinée avec une méthode de type quasi-Newton à partir de données de Santé publique France, du Géoportail et de l'INSEE.

[Multipatch epidemic models with general infectious periods - PANG Guodong, PARDOUX Étienne](#)

Modèle stochastique centré sur les individus avec une population de taille fixée N distribuée en L **patches**. **3 compartiments par patch** (susceptibles, infectés et retirés de la chaîne de transmission). Les individus peuvent migrer d'un patch à un autre. Les nouvelles infections se produisent suivant des processus ponctuels de Poisson d'infection locale, la durée d'infectiosité des individus suit une distribution générale. **$L + 2L(L-1)$ paramètres numériques et deux paramètres à valeurs mesures**. Pas d'application numérique et donc pas d'estimation de paramètres.

[Predicted effects of summer holidays and seasonality on the SARS-Cov-2 epidemic in France - DUCHEMIN Louis, PARIS Mathilde, BOUSSAU Bastien](#)

Modèle compartimental agrégé déterministe avec 4 compartiments (susceptibles, exposés, infectieux et retirés de la chaîne de transmission) **par région**. Si M est le nombre de régions, **$4M$ valeurs initiales simulées grâce au modèle bayésien** d'un sous-ensemble des auteurs. Le modèle n'est pas décrit entièrement (donc le **nombre de paramètres n'est pas connu**) mais il incorpore un **effet de la saisonnalité** en considérant un facteur de transmissibilité périodique en temps (dépendant de 3 paramètres). Les **paramètres sont indiqués comme étant fixés de manière approximative**. L'approche est validée en la comparant avec les résultats du modèle bayésien des mêmes auteurs sur la période mars-mai 2020 (qui montre que ce modèle a plutôt un intérêt qualitatif que quantitatif). **Le code est disponible**.

[Second wave COVID-19 pandemics in Europe: A Temporal Playbook - CACCIAPAGLIA Giacomo, COT Corentin, SANNINO Francesco](#)

Modèle compartimental agrégé à 2 compartiments (susceptibles et infectieux) par région considérée. **$3M + M(M-1)/2$ paramètres** (où M est le nombre de régions), fixés dans des travaux précédents ou simulés suivant une distribution arbitraire, et M valeurs initiales. L'approche est validée en utilisant des **données issues de Worldometers (comparaison qualitative)**.

[Modelling COVID-19 contagion: risk assessment and targeted mitigation policies - CONT Rama, KOTLICKI Artur, XU Renyuan](#)

Modèle compartimental agrégé stochastique comprenant **K régions spatiales, 4 classes d'âges et 6 types d'individus** (susceptibles, exposés, infectieux, asymptomatiques, rétablis et décédés). L'intensité des contacts infectieux entre individus de différentes régions et classes d'âges est rendue respectivement par une matrice de contacts (une par région) et une matrice de mobilité inter-régionale. Les contacts sont différenciés en fonction de leur contexte (famille, travail, école et autres). **Le modèle déterministe analogue est également considéré. Calibration effectuée sur des données anglaises**, certains paramètres sont tirés de la littérature, méthode détaillée dans l'article.

[Transport effect of COVID-19 pandemic in France - GUANA Lina, PRIEUR Christophe, ZHANGA Liguo, PRIEUR Clémentine, GEORGES Didier, BELLEMAIN Pascal](#)

Modèle compartimental agrégé déterministe avec 8 compartiments (susceptibles, infectieux non détectés, infectieux détectés, hospitalisés, hospitalisés en soins intensifs, décédés, rétablis détectés et rétablis non détectés), N_a **groupes d'âges et N régions**. L'intensité des contacts infectieux entre différents groupes d'âges et régions est rendue par une matrice de contact et une matrice de mobilité (**estimée à partir de données de l'INSEE**). Calibration sur des données françaises par une **méthode de moindres carrés pondérés décrite dans l'article**. Une **analyse de sensibilité du modèle régional** est effectuée. Un modèle basé sur un système d'équations intégro-différentielles est introduit en complément.

[A parsimonious model for spatial transmission and heterogeneity in the COVID-19 propagation - ROQUES Lionel, BONNEFON Olivier, BAUDROT Virgile, SOUBEYRAND Samuel, BERESTYCKI Henri](#)

Plusieurs modèles sont comparés : (1) un modèle compartimental agrégé à l'échelle de la France (individus de types susceptibles, infectieux, rétablis et décédés) Tous les paramètres sont choisis de manière approximative ; (2) un modèle SIRD indépendant pour chaque département (mêmes taux de contacts/transmission au sein de tous les départements, mais pas de transmission d'un département à l'autre) ; (3) un modèle SIRD par département, avec des taux de transmission au sein d'un département variable spatialement mais pas de transmission entre départements ; (4) un modèle SIRD par département, mêmes paramètres de transmission partout mais transmission possible entre départements. Un **modèle d'observation poissonien** est introduit, la calibration de chaque modèle se fait **par maximum de vraisemblance et des critères classiques de sélection de modèles sont introduits** pour comparer les 4 modèles. Les **données utilisées sont issues de Santé publique France**.

VI - Modèles stochastiques centrés sur les individus

[A mathematical assessment of the efficiency of quarantining and contact tracing in curbing the COVID-19 epidemic - LAMBERT, Amaury](#)

Processus de branchement multitype où les individus infectieux peuvent être symptomatiques ou asymptomatiques, utilisant ou non une application téléphonique de traçage de contacts. **15 paramètres** fixés de manière approximative dans les exemples numériques, par construction les conditions initiales ne jouent pas de rôle dans le résultat (tendance surcritique ou sous-critique du développement de l'épidémie).

[Stochasticité et épidémie de COVID-19 - Rapport du groupe de modélisation de l'équipe ETE](#)

Modèle stochastique pour la phase initiale de la vague épidémique, afin d'en estimer la date de début. Les individus infectieux génèrent un nombre de nouveaux infectés par jour qui suit une loi binômiale négative avec **2 paramètres fixés de manière approximative**, la **durée de leur infectiosité suivant une distribution fixée estimée à partir de données asiatiques**.

[Functional Limit Theorems for Non-Markovian Epidemic Model - PANG Guodong, PARDOUX Étienne](#)

Etude générale de **modèles non-markoviens centrés sur les individus** (de type SIS, SIR, SIRS et SEIR), dans lesquels les nouvelles infections se produisent suivant un processus de Poisson inhomogène en temps et les périodes infectieuses et de latence ont une distribution générale. **1 paramètre numérique, 1 ou 2 paramètres à valeurs mesures**. Pas d'application numérique, donc pas d'estimation de paramètres.

Epidemic models with varying infectiosity - *FORIEN Raphaël, PANG Guodong, PARDOUX Etienne*

4 compartiments (susceptibles, exposés, infectieux et retirés de la chaîne de transmission). **4 conditions initiales, un paramètre prenant la forme d'une loi sur l'espace des fonctions du temps** (permettant d'échantillonner pour chaque individu la courbe décrivant son taux d'infectiosité au cours du temps), **4 paramètres à valeurs mesures**. Pas d'application numérique, donc pas d'estimation de paramètres.

Winter is coming: Pathogen emergence in seasonal environments - *CARMONA Philippe, GANDON Sylvain*

Processus de branchement en environnement changeant (périodiquement) pour calculer la probabilité d'émergence d'une épidémie en fonction du moment auquel apparaissent les premières infections. **2 paramètres fonctionnels (dépendant du temps)** pour les taux de transmission et de rétablissement. **Un contrôle sur le taux de transmission, dépendant de 3 paramètres**, est introduit avec comme objectif de minimiser la probabilité d'émergence lorsque la première infection se produit à un moment choisi uniformément au hasard dans l'année. L'analyse étant qualitative, il n'y a pas d'estimation de paramètres.

From individual-based epidemic models to McKendrick-von Foerster PDEs: A guide to modeling and inferring COVID-19 dynamics - *FOUTEL-RODIER Félix, BLANQUART François, COURAU Philibert, CZUPPON Peter, DUCHAMPS Jean-Jil, GAMBLIN Jasmine, KERDONCUFF Elise, KULATHINAL Rob, REGNIER Léo, VUDUC Laura, LAMBERT Amaury, SCHERTZER Emmanuel*

Famille de modèles individus centrés aléatoires et non-markoviens (**processus de Crump-Mode-Jagers**) prenant en compte différents types d'individus (susceptibles, rétablis et décédés dans tous les cas, divers autres types pne **limite en grande population est obtenue sous la forme de la solution d'une équation aux dérivées partielles**).

Probabilistic and mean-field model of COVID-19 epidemics with user mobility and contact tracing - *AKIAN Marianne (INRIA), GANASSALI Luca (INRIA), GAUBERT Stéphane (INRIA), MASSOULIE, Laurent*

Premier modèle de type compartimental agrégé déterministe, dans lequel les individus peuvent être de **8 statuts** (susceptibles, expeuvent être ajoutés en fonction de la complexité souhaitée) et leur âge depuis infection. Chaque individu infecté passe d'un état à un autre **suivant des lois générales**, indépendamment des autres, et peut également générer de nouvelles infections qui suivent une chaîne d'états de même loi. **Uosés, prodromiques, infectieux asymptomatiques, infectieux symptomatiques de types 1 ou 2, hospitalisés, retirés de la chaîne de transmission**, chaque catégorie étant sous-divisée en les individus dans l'état X depuis d jours (pour $d \geq 0$). Un **deuxième modèle stochastique de type processus de branchement multitype** (mêmes 7 types - hors susceptibles - qu'auparavant) est ensuite étudié. **Une extension du modèle stochastique incorporant un traçage des contacts et l'isolation de cas contacts est considérée**, puis différentes méthodes d'inférence de paramètres sont discutées et appliquées avec des **données d'hospitalisation du SurSaUD** (Surveillance Sanitaire des Urgences et des Décès). Un dernier modèle intégrant des **variations temporelles dans la mobilité géographique des individus**, reflétées dans la variation temporelle des taux de contacts, est également abordé.

[Analysis of mitigation of Covid-19 outbreaks in workplaces and schools by hybrid telecommuting - MAURAS Simon, COHEN-ADDAD Vincent, DUBOC Guillaume, DUPRE LA TOUR Max, FRASCA Paolo, MATHIEU Claire, OPATOWSKI Lulla, VIENNOT Laurent.](#)

Etude par simulation de la propagation de la Covid-19 sur **3 graphes de contact empiriques** (une école primaire, un lycée et un lieu de travail, **issus du projet SocioPatterns**). **Modèle stochastique de propagation incluant 5 classes d'individus** (susceptibles, exposés, infectieux symptomatiques, infectieux asymptomatiques, rétablis). **Evaluation de l'impact de stratégies de réorganisation** du graphe par comparaison des probabilités d'outbreak, du délai moyen avant outbreak, ou de la taille moyenne de l'outbreak.

[A stochastic epidemiological model to estimate the size of an outbreak at the first case identification - CZUPPON Peter, BLANQUART François, DEBARRE Florence](#)

Processus de branchement généralisé dans lequel les individus peuvent être de **5 types** (susceptibles, infectieux, non-infectieux, hospitalisés et retirés de la chaîne de transmission). Le nombre de cas secondaires causés par une infection suit une loi binomiale négative. Une **approximation en temps relativement long de la croissance de la population** (cumulée ou actuelle) infectieuse est obtenue et sert de base à l'établissement de **lois approchées pour le premier temps d'hospitalisation d'un individu infecté, le nombre d'infectés dans la population à ce temps (i.e., la taille du cluster) et le nombre d'infectés qui pourraient être détectés par un test RT-PCR** si toute la population était testée à ce moment-là. Exploration numérique basée sur des valeurs des paramètres tirées de la littérature.

VII - Modèles phénoménologiques statistiques et apprentissage statistique

[On the uncertainty of real-time predictions of epidemic growths: a COVID-19 case study for China and Italy - TOMASO Alberti, FARANDA Davide](#)

[Asymptomatic estimates of SARS-CoV-2 infection counts and their sensitivity to stochastic perturbation - FARANDA Davide, PÉREZ CASTILLO Isaac, HULME Oliver, JEZEQUEL Aglaé, LAMB Jeroen, SATO Yuruzu, THOMPSON Erica](#)

Dans le premier article, des données issues du dashboard de la Johns Hopkins University et de la Italian Protezione Civile sont utilisées pour l'ajustement de **fonctions sigmoïdes (logistique, Gompertz, ...)** à **3 paramètres notamment grâce à des solvers de type Nonlinear Least-Squares (algorithme Levenberg-Marquardt et méthodes "Bisquare Weight" de minimisation de sommes pondérées de carrés - effectués sous MATLAB)**. L'objectif de l'article est d'effectuer une **étude de sensibilité des prédictions** que l'on peut obtenir par ces méthodes. La même étude est effectuée pour les modèles compartimentaux agrégés (SEIR) déterministes et stochastiques, dans le deuxième article.

[Identifying the role of socio-demographic and health indicators in the spread and impact severity of covid-19 - ALFONSO NAYA Victor, LANDES François](#)

Apprentissage statistique pour la prédiction à court terme de l'évolution de l'épidémie à partir de séries temporelles. **Codes et données disponibles.**

[The current COVID-19 wave will likely be mitigated in the second-line European countries - SOUBEYRAND S., RIBAUD M., BAUDROT V., ALLARD D., POMMERET D. et ROQUES L.](#)

Modèle probabiliste de l'évolution temporelle du nombre cumulé de décès. Les incréments sont modélisés par un **mélange de lois négatives binomiales**, conditionnellement à certaines variables de prédiction (dépendant des trajectoires des décès dans d'autres pays dans laquelle l'épidémie est en avance de phase). **3n paramètres, où n est le nombre de pays** en avance du point de vue épidémique, estimés grâce à une **méthode de vraisemblance pénalisée** sur des données de mortalité issues du dashboard de la Johns Hopkins University. **La performance des prévisions est évaluée.**

[Spatial and temporal regularization to estimate COVID-19 Reproduction Number \$R\(t\)\$: Promoting piecewise smoothness via convex optimization - ABRY Patrice, PUSTELNIK Nelly, ROUX Stéphane, JENSEN Pablo, FLANDRIN Patrick, GRIBONVAL Rémi, LUCAS Charles-Gérard, GUICHARD Eric, BORGNAT Pierre, GARNIER Nicolas, AUDIT Benjamin.](#)

Modèle semi-paramétrique basé sur des séries temporelles pour estimer le nombre de reproduction efficace $R(t)$. Chaque nombre journalier de nouvelles infections, $z(t)$, est modélisé par une variable de Poisson dont le paramètre dépend de la valeur actuelle du nombre de reproduction efficace et de la trajectoire avant t de la série z pondérée par la distribution de l'intervalle sériel (cette dernière étant fixée de manière approximative). L'évolution du nombre de reproduction est estimée indépendamment pour plusieurs pays, et conjointement pour les départements français, grâce à **une modification de la méthode de maximisation de la vraisemblance, formulée en termes d'un problème d'optimisation convexe dont le terme de pénalité contraint à une certaine régularité temporelle et spatiale des $R(t)$ locaux**. Les différentes sources de données utilisées sont discutées.

[Bayesian investigation of SARS-CoV-2-related mortality in France - DUCHEMIN Louis, VEBER Philippe, BOUSSAU Bastien](#)

Modèle bayésien basé sur des séries temporelles, où pour chaque région considérée **le nombre de décès journalier est supposé suivre une loi binômiale négative dépendant d'un paramètre et de la série temporelle des nouvelles infections**. Celles-ci (qui conduiront éventuellement à l'un des décès t unités de temps plus tard avec une probabilité dépendant de t et de la région considérée) sont modélisées par un **processus de renouvellement qui dépend de la loi du temps séparant infection et capacité à infecter et d'un nombre de reproduction dépendant du temps et de la région considérés**. Différents scénarios sont explorés: avec confinement (dépendant de $1+M$ paramètres, où M est le nombre de régions), avec confinement et week-ends (dépendant de $2+M$ paramètres), avec confinement et élections municipales (dépendant de $2+M$ paramètres) et avec confinement et deux types de régions ayant des nombres de reproduction de paramètres différents (dépendant de $3+M$ paramètres). Les données de mortalité utilisées proviennent d'Open-Covid et de Santé publique France, le **code est disponible**.