

Deuxième vague de la pandémie de COVID-19 en Europe: un guide temporel

Scientific Reports volume 10, 15514 (2020)

Giacomo Cacciapaglia, Corentin Cot, Francesco Sannino

(traduction post-éditée par N. Bacaër, suggestions d'amélioration : nicolas.bacaer@ird.fr)



Résumé

Une deuxième vague de pandémie constitue une menace imminente pour la société, avec un bilan potentiellement immense en termes de vies humaines et un impact économique dévastateur. Nous employons le groupe de renormalisation épidémique (GRE) des pandémies, ainsi que les données de la première vague pour le COVID-19, pour simuler efficacement la dynamique de la transmission et de la propagation de la maladie dans différents pays européens. Le cadre nous permet de modéliser, non seulement les effets du contrôle aux frontières inter et extra-européennes, mais aussi l'impact de la distanciation sociale pour chaque pays. Nous effectuons des analyses statistiques faisant la moyenne des différents niveaux d'interaction humaine à travers l'Europe et avec le reste du monde. Nos résultats sont soigneusement résumés sous forme d'animation rapportant l'évolution temporelle des première et deuxième vagues de la pandémie européenne de COVID-19. Notre guide temporel de la deuxième vague de pandémie peut être utilisé par les gouvernements, les marchés financiers, les industries et les citoyens individuels, pour planifier, préparer et mettre en œuvre efficacement des mesures locales et mondiales.

Introduction

Une deuxième vague de pandémie constitue une menace imminente pour la société, avec un lourd tribut en vies humaines et un impact économique dévastateur. La dynamique de diffusion de la maladie est traditionnellement modélisée par des techniques de diffusion compartimentale¹ ou complexe^{2,3,4}. Ces modèles fournissent une description assez précise de l'évolution temporelle du nombre d'individus affectés. Cependant, il est difficile de prévoir l'évolution future d'une pandémie⁵ et de rendre compte de sa diffusion dans différentes régions du monde. Nous montrons ici que le cadre du groupe de renormalisation épidémique^{6,7} est une méthode simple et efficace pour fournir des projections solides de l'évolution temporelle d'une pandémie dans les régions. Nous l'appliquons au COVID-19, en l'étalonnant sur les données de la première vague, pour simuler efficacement une deuxième vague en place à travers l'Europe. Nous effectuons des analyses statistiques faisant la moyenne de différents niveaux d'interaction humaine à travers l'Europe et avec le reste du monde, constatant que la deuxième vague se produira entre juillet 2020 et janvier 2021. Nos résultats démontrent que notre méthode peut être utilisée pour décrire la dynamique de la pandémie au-delà de l'exemple européen. Nous prévoyons que nos résultats pourront être fonctionnels pour une compréhension plus quantitative des futures pandémies, qui devraient devenir une menace récurrente pour notre société. Notre guide temporel de la deuxième vague de pandémie peut être utilisé par les gouvernements, les marchés financiers, les industries et les citoyens pour programmer, préparer et mettre en œuvre efficacement des mesures locales et mondiales.

Les pandémies deviennent de plus en plus une menace constante pour l'humanité, le COVID-19^{8,9} étant le dernier exemple. Une deuxième vague est en train de revenir en Europe et devrait faire rage sur tout le continent d'ici l'automne 2020. Dans cette lettre, nous fournissons une analyse statistique de l'évolution temporelle de la deuxième vague de cas infectés, avec un impact pour divers pays européens. Pour modéliser la propagation, nous utilisons le cadre du groupe de renormalisation épidémique (GRE)^{6,7}. Il peut être inclus^{7,10} dans un modèle compartimental dépendant du temps de type SIR¹. L'approche du Groupe de Renormalisation^{11,12} a une longue histoire en physique avec des impacts de la physique des particules à la physique de la matière condensée et au-delà. Son application à la dynamique épidémique est complémentaire à d'autres approches^{2,3,4,13,14,15,16,17,18,19,20}.

L'approche GRE consiste en un ensemble d'équations différentielles de premier ordre aptes à décrire l'évolution temporelle des cas infectés dans une région isolée spécifique. Il a été étendu⁷ pour inclure des interactions entre plusieurs régions du monde, sans avoir besoin de simulations numériques puissantes. Les équations⁷ sont

$$\frac{d\alpha_i}{dt} = \gamma_i \alpha_i \left(1 - \frac{\alpha_i}{a_i}\right) + \sum_{j \neq i} \frac{k_{ij}}{n_{mi}} (e^{\alpha_j - \alpha_i} - 1) \quad (1)$$

où

$$\alpha_i(t) = \ln \mathcal{I}_i(t),$$

et $\mathcal{I}_i(t)$ représente le nombre total de cas infectés par million d'habitants pour la région i et \ln indique son logarithme naturel. Ces équations incarnent, à l'intérieur d'un petit nombre de paramètres, la dynamique de propagation de la pandémie à travers des régions couplées du monde via l'évolution temporelle de α_i , qui ressemble à la dépendance énergétique des couplages apparaissant dans les interactions fondamentales de la physique des particules.

Le premier terme de la partie droite de l'équation (1) caractérise l'évolution épidémique dans une région donnée du monde. Le taux d'infection γ_i , mesuré en semaines inverses, est responsable de la rapidité avec laquelle l'épidémie évolue dans la i -ème région. Outre le caractère virulent intrinsèque de l'épidémie, la taille de γ_i peuvent être contrôlée via des mesures de distanciation sociale, avec une courbe épidémique plus plate associée à des γ_i plus petits. Il est bien entendu ¹ que les courbes de diffusion épidémique conduisent généralement à des plateaux du nombre total de cas infectés à des moments plus ou moins tardifs. Ceci est encodé dans le paramètre a_i , égal au logarithme naturel (\ln) du nombre total de cas infectés (par million) à la fin de la vague épidémique.

Le deuxième terme de la partie droite de l'équation (1), introduit pour la première fois ici ⁷, est un terme source qui prend en compte l'interaction humaine entre différentes régions du monde. Ici, n_{mi} est la population de la région i en millions et k_{ij} représente le nombre de voyageurs réciproques par semaine de la région i à la région j et vice-versa en unités de millions de personnes. Pour un seul pays, à savoir la France, nous illustrons schématiquement les connexions données par les couplages k_{ij} dans la Fig. 1. Nous considérons également une source supplémentaire d'infection modélisée comme une nouvelle région que nous appelons Région X ($i=0$). Nous pouvons interpréter cette région de différentes manières: par exemple, cela peut représenter un afflux d'infections provenant de l'extérieur des régions du monde incluses dans la simulation ou, alternativement, Région X peut représenter l'effet des points chauds locaux d'infections. Bien sûr, cela pourrait aussi être une combinaison des deux effets.

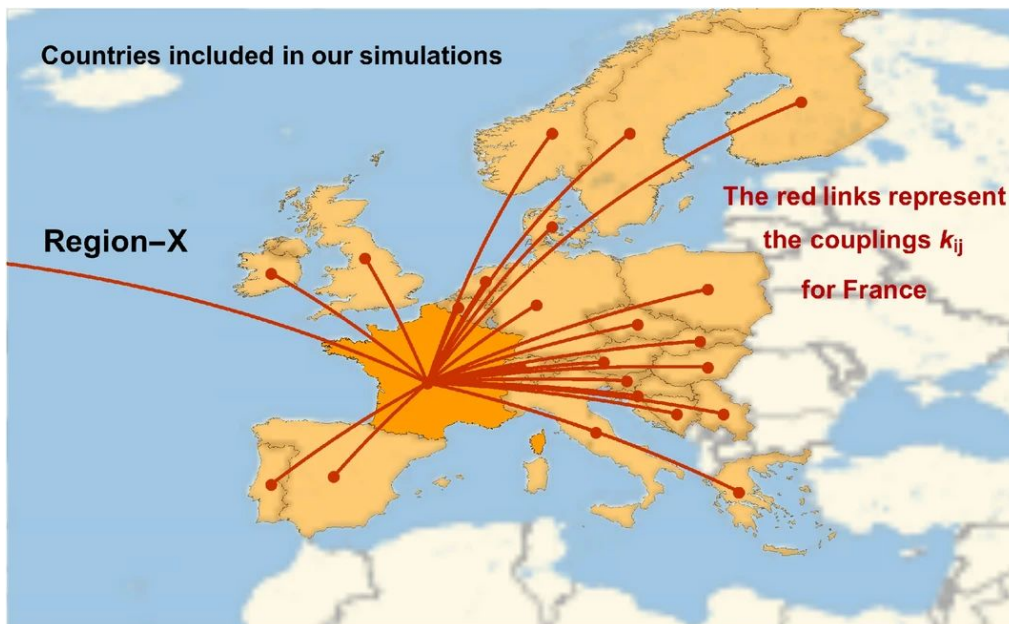


Figure 1. Illustration des connexions $k_{i,j}$ entre la France et les autres pays considérés dans cette étude. Chaque ligne représente l'échange des cas infectés. La ligne pointant à l'extérieur de la carte représente la connexion avec la Région-X, représentant un afflux d'une source extérieure au pool de pays dans la simulation et / ou la présence de points chauds dans le pays concerné. Figure créée avec Wolfram Mathematica.

Pour simuler la diffusion de la seconde vague en Europe, on prend comme référence pour les valeurs des paramètres γ_i et a_i les ajustements de la première vague, qui fournit une référence raisonnable pour des quantités très difficiles à prédire ⁵. Les couplages k_{ij} , sont générés aléatoirement dans la plage $10^{-3} - 10^{-2}$, qui ⁷ donne une synchronisation raisonnable pour la diffusion de pic. Nous considérerons cinq scénarios, qui diffèrent pour les valeurs données aux couplages à la Région X:

- (a) nous utilisons les $k_{0i} = k_{i0}$, dans le périmètre 10^{-2} - 10^{-3} ;
- (b) nous divisons le k_{0i} d'un facteur dix, ce qui implique une réduction de 90% de l'interaction avec la Région X;
- (c) nous divisons le k_{0i} d'un facteur cent, soit une réduction de 99%;
- (d) pour k_{i0} sans restriction, nous permettons au γ_i de varier de 14 % de la valeur d'ajustement de la première vague;
- (e) tous les k_{0i} sont fixés à zéro sauf pour un ensemble de 10 pays, qui montrent déjà des signes d'une deuxième vague à partir du 5 août 2020. Pour ces pays, à savoir la Belgique, la Bosnie, la Croatie, la Tchéquie, la Grèce, les Pays-Bas, la Serbie, Slovaquie, Slovénie et Espagne, le k_{i0} et d'autres paramètres sont réglés afin de s'adapter aux données disponibles de la deuxième vague, comme détaillé dans la section « Méthodes ». Nous considérons ce cas (e) comme le plus réaliste.

Tableau 1. Bloc de gauche: paramètres ajustés à partir de la première vague. Bloc de droite: date du pic médian de la deuxième vague pour les 5 typologies (cas a – e) que nous utilisons dans les simulations, avec un écart type de 1. Pour les cas (a – c), la médiane et l'erreur ne prennent en compte que les 100 simulations, différant par des matrices générées aléatoirement k_{ij} . Pour le cas (d), nous incluons une variation de 15 % dans le γ_i pour tous les pays par rapport au cas (a). Pour le cas (e), nous incluons l'intervalle parcouru en faisant varier le γ_i de 10 % à partir des

valeurs ajustées, où les résultats marqués d'un astérisque correspondent aux pays réglés avec un début de deuxième vague, à partir du 5 août 2020.

	First wave parameters		Second wave simulations: peak timing (calendar weeks 2020)				
	α	γ	Case a	Case b	Case c	Case d	Case e
Austria	7.463 ± 0.007	0.99 ± 0.025	30.4 ± 0.4	32.4 ± 0.5	34.7 ± 0.5	30.6 ± 0.9	34.8 + 0.9 – 0.7
Belgium	8.53 ± 0.02	0.55 ± 0.02	34.6 ± 0.7	37.9 ± 0.6	41.4 ± 0.5	34.9 ± 1.4	33.8* + 0.8 – 0.7
Bosnia	7.88 ± 0.024	0.41 ± 0.02	33.9 ± 0.6	37.4 ± 0.5	41.0 ± 0.5	34.0 ± 1.1	33.4* + 0.7 – 0.6
Croatia	6.268 ± 0.007	0.71 ± 0.02	30.9 ± 0.6	33.5 ± 0.7	36.6 ± 0.7	31.1 ± 1.0	27.7* + 0.1 – 0.1
Czechia	9.085 ± 0.014	0.56 ± 0.03	33.5 ± 0.7	36.8 ± 0.6	40.2 ± 0.5	33.7 ± 1.2	32.7* + 0.6 – 0.5
Denmark	7.667 ± 0.008	0.40 ± 0.01	35.6 ± 0.6	39.2 ± 0.5	42.7 ± 0.5	35.8 ± 1.2	39.9 + 1.3 – 1.1
Finland	7.190 ± 0.005	0.385 ± 0.006	35.4 ± 0.6	39.0 ± 0.5	42.5 ± 0.5	35.7 ± 1.2	39.8 + 1.3 – 1.1
France	7.711 ± 0.006	0.58 ± 0.012	36.0 ± 0.6	39.3 ± 0.5	42.6 ± 0.4	36.3 ± 1.4	41.1 + 1.4 – 1.2
Germany	7.679 ± 0.007	0.62 ± 0.02	35.8 ± 0.6	39.0 ± 0.5	42.3 ± 0.5	36.1 ± 1.5	39.9 + 1.4 – 1.1
Greece	5.537 ± 0.009	0.57 ± 0.02	32.5 ± 0.6	35.8 ± 0.5	39.2 ± 0.4	32.7 ± 1.0	31.7* + 0.6 – 0.5
Hungary	6.022 ± 0.009	0.47 ± 0.01	33.9 ± 0.6	37.4 ± 0.5	40.9 ± 0.5	34.2 ± 1.0	38.1 + 1.1 – 0.9
Ireland	8.580 ± 0.008	0.60 ± 0.02	33.1 ± 0.7	36.1 ± 0.7	39.5 ± 0.6	33.4 ± 1.2	36.6 + 1.0 – 0.9
Italy	8.304 ± 0.004	0.429 ± 0.008	39.1 ± 0.6	42.8 ± 0.4	46.1 ± 0.5	39.5 ± 1.7	43.9 + 1.7 – 1.4
Netherlands	7.904 ± 0.005	0.525 ± 0.008	35.2 ± 0.7	38.6 ± 0.6	42.1 ± 0.5	35.5 ± 1.3	34.3* + 0.9 – 0.7
Norway	7.356 ± 0.006	0.58 ± 0.02	32.7 ± 0.6	35.8 ± 0.7	39.3 ± 0.6	32.9 ± 1.0	36.4 + 1.0 – 0.8
Poland	7.13 ± 0.03	0.182 ± 0.007	45.7 ± 0.5	49.3 ± 0.6	52.6 ± 0.6	46.2 ± 1.7	54.6 + 2.7 – 2.2
Portugal	10.323 ± 0.014	0.517 ± 0.022	34.7 ± 0.7	38.1 ± 0.6	41.6 ± 0.5	35.0 ± 1.4	38.7 + 1.2 – 1.0
Serbia	9.323 ± 0.012	0.628 ± 0.017	32.6 ± 0.6	35.6 ± 0.6	38.9 ± 0.5	34.0 ± 1.1	29.2* + 0.3 – 0.3
Slovakia	5.67 ± 0.02	0.59 ± 0.04	31.7 ± 0.7	34.8 ± 0.7	38.2 ± 0.6	31.9 ± 1.0	30.7* + 0.5 – 0.4
Slovenia	7.299 ± 0.007	0.656 ± 0.017	30.7 ± 0.6	33.5 ± 0.7	36.7 ± 0.6	30.9 ± 0.9	29.7* + 0.3 – 0.3
Spain	8.747 ± 0.008	0.46 ± 0.01	38.2 ± 0.7	41.8 ± 0.5	45.2 ± 0.5	38.5 ± 1.8	33.8* + 0.8 – 0.7
Sweden	11.56 ± 0.04	0.162 ± 0.008	47.8 ± 0.5	51.3 ± 0.5	54.6 ± 0.6	48.3 ± 2.2	55.8 + 2.9 – 2.4
Switzerland	8.196 ± 0.003	0.72 ± 0.01	32.4 ± 0.6	35.1 ± 0.7	38.1 ± 0.7	32.6 ± 1.2	35.8 + 1.0 – 0.8
UK	8.353 ± 0.007	0.368 ± 0.007	41.0 ± 0.6	44.6 ± 0.4	48.0 ± 0.5	41.3 ± 1.9	46.2 + 2.0 – 1.6

Dans tous les cas, la simulation commence à la semaine 25, où aucun pays n'est encore dans la deuxième vague. Pour les quatre premiers cas, nous faisons la moyenne sur les 100 matrices simulées k_{ij} pour extraire l'emplacement du pic des cas nouvellement infectés pour la deuxième vague par pays et l'erreur relative. Dans le cas (d), nous incluons également l'erreur provenant de la variation de γ_i . Enfin, pour le cas (e), l'erreur vient d'une variation de 10% pour γ de tous les pays. Les résultats sont résumés dans les cinq dernières colonnes du tableau 1, les erreurs représentant un écart type. La date est donnée en semaines calendaires de 2020.

Résultats

Nous discutons d'abord les résultats des simulations dans le cas (e), qui sont plus réalistes vis-à-vis de la situation actuelle en Europe, à partir de la semaine 32 (soit le 5 août). Comme déjà mentionné, nous avons réglé les paramètres k_{i0} et autres (γ_i et α_i) pour la simulation de la deuxième vague afin de reproduire les données disponibles entre la semaine 25 (le début de la simulation) et la semaine 32. Cela a été fait pour rendre la simulation plus réaliste. À titre d'exemple, dans la figure 2, nous montrons le résultat pour la Croatie par rapport aux points de données réels (à partir de www.worldometer.info). Nous incluons également la première vague de l'ajustement. Pour obtenir ce résultat, nous avons corrigé $k_{i0} = 0, 1$, et pour la deuxième vague, nous avons redimensionné γ et α respectivement de 0,6 et 1,06 pour la Croatie seule. Cela implique que la Croatie a déjà des

points chauds internes (comme indiqué par la grande valeur du couplage k_{i0} avec la Région X) et la deuxième vague montre un taux d'infection plus faible. Pour la Croatie, nous observons également, cependant, que le nombre total de cas infectés pour la deuxième vague est plus élevé que pour la première vague. Il serait intéressant de savoir, à partir des données futures, si cette tendance inquiétante est suivie par d'autres pays européens. La figure montre que le résultat de notre simulation simple peut être ajusté pour reproduire le début de la deuxième vague déjà observée dans certains pays. Nous avons répété le même réglage pour la Belgique, la Bosnie, la Tchéquie, la Grèce, les Pays-Bas, la Serbie, la Slovaquie, la Slovénie et l'Espagne.

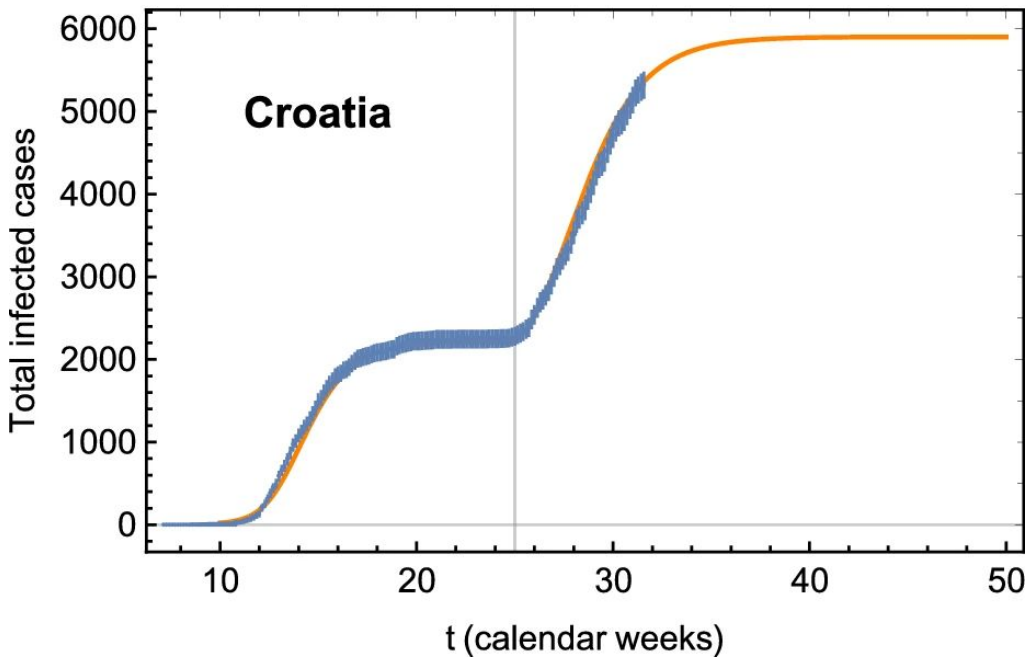


Figure 2. Nombre croate de cas infectés totaux (mis à jour au 5 août) par rapport à la courbe théorique (ligne orange) utilisée pour calibrer la simulation de cas (e). Le nombre de cas se réfère à la population totale de la Croatie. La ligne verticale montre où commence la simulation de la deuxième vague.

À titre d'exemple de nos pronostics pour les pays restants, nous montrons sur la figure 3 la dynamique épidémique de la première et de la deuxième vague pour trois représentants: l'Italie, la France et le Royaume-Uni. Le panneau supérieur montre le nombre de cas infectés non normalisés par million. Le panneau central montre le nombre de nouveaux cas d'infection alors que le panneau inférieur affiche une estimation du taux de reproduction efficace R . Le nombre de cas guéris $R(t)$ est calculé en résolvant l'équation suivante, inspirée du modèle SIR ⁷:

$$\frac{dR}{dt} = \epsilon \left(e^{\alpha(t)} - R(t) \right), \quad (2)$$

où nous fixons le taux de guérison $\epsilon = 0,1$ dans les solutions numériques. Le taux de reproduction effectif R est estimé en calculant le quotient des nouveaux cas infectés sur les nouvelles guérisons au sein de la population sensible, à partir du modèle théorique. La population sensible est ici définie comme le nombre total de personnes infectées tardivement pour les première et deuxième vagues indépendamment. Un résultat plus précis pourrait être obtenu en utilisant une approche GRE généralisée ¹⁰, au détriment de l'introduction de plus de paramètres. Les graphiques sont obtenus en utilisant les simulations du cas (e). Notez que nous avons utilisé les mêmes γ et a issus de l'ajustement à la première vague, avec l'erreur principale sur la courbe dérivant de l'autorisation d'une variation de 10% des taux d'infection γ . On peut également modifier les valeurs de a , ce qui ne modifiera pas le tableau temporel général et la tendance de la deuxième vague de pandémie.

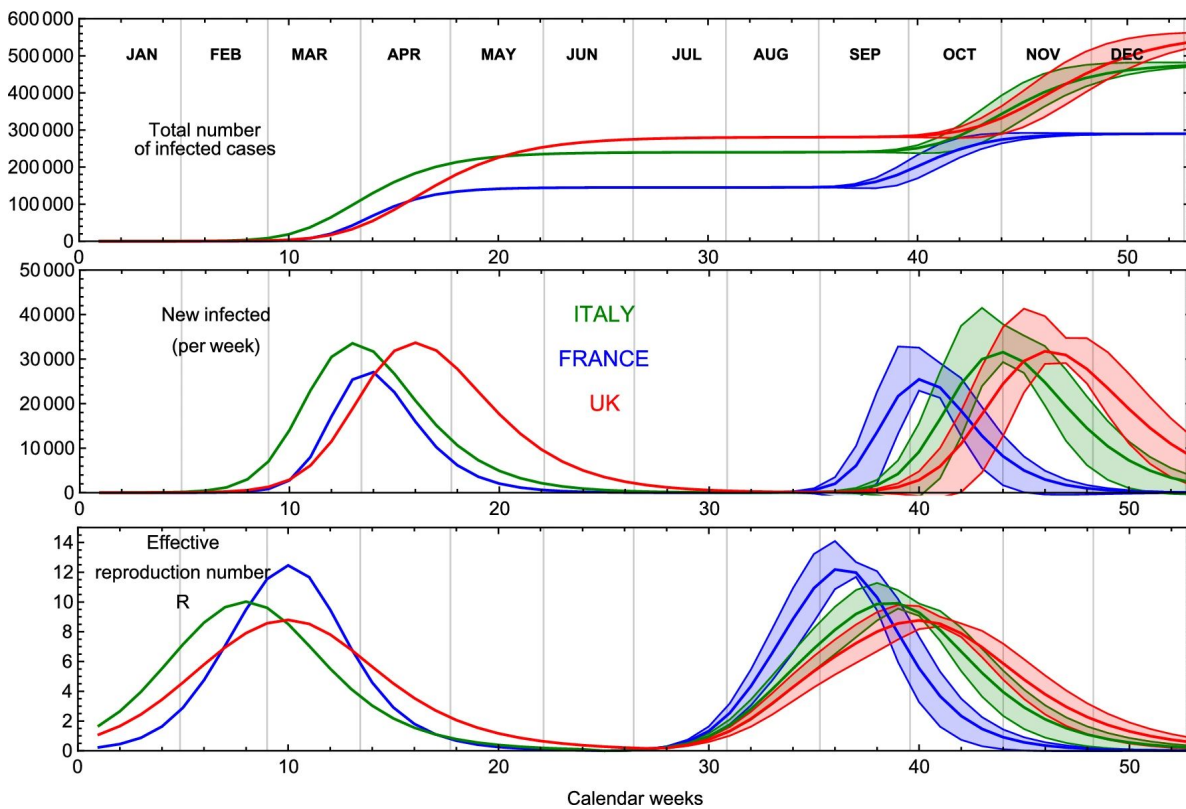


Figure 3. Résultat du cas (e) pour la France, l'Italie et le Royaume-Uni. Nous montrons l'évolution temporelle du nombre total de cas infectés dans le panneau supérieur, les nouveaux infectés dans le panneau central et le taux de reproduction effectif dérivé R dans le panneau inférieur. Le nombre de cas se réfère à la population totale des pays. Les bandes sont générées en faisant varier les taux d'infection γ_i de 10 %.

Pour étudier la dépendance de la date des pics sur k_{ij} , γ_i et a_i , nous pouvons utiliser les résultats des cas (a – c) du tableau 1, comme le montre la figure 4. Ici, nous montrons la date moyenne du pic en semaines calendaires par rapport à γ pour tous les pays de cette étude. En comparant les résultats de chaque ensemble de simulations, nous découvrons une corrélation claire entre le moment du pic et le taux d'infection γ_i de chaque pays. Plus le taux d'infection est élevé, plus le pic est atteint tôt, comme prévu⁶. De plus, en comparant les résultats pour les trois cas, nous montrons que la réduction du couplage avec la Région X retarde systématiquement les pics, conformément aux résultats précédents⁷. Quantitativement, une réduction d'un facteur dix dans le couplage à la Région-X retarde les pics d'environ trois semaines. Nous rappelons que, suite aux interprétations possibles de la Région-X, une réduction des couplages à cette région peut être vue comme l'effet des interdictions de voyager et / ou d'un meilleur contrôle des points chauds locaux. Dans l'ensemble, le moment du pic va de fin juillet 2020 au début 2021. Nous n'avons trouvé aucune corrélation entre le moment du pic et la valeur de a_i dans les pays que nous avons étudiés. Nous remarquons également que le moment du pic de la deuxième vague pour les pays sans signes précoces d'une deuxième vague dans le cas (e), indiqué par des valeurs non étoilées dans le tableau 1, est proche du résultat trouvé pour le cas (c). Cela peut s'expliquer par les valeurs du k_{ij} que nous utilisons dans le cas de la simulation (e), qui sont proches du k_{i0} utilisé dans le cas (c). Les pays présentant des signes précoces d'une deuxième vague agissent comme une «Région-X» efficace pour les autres.

Les résultats des trois premières simulations montrent une erreur assez faible dans la prédiction de la date du pic en raison de l'incertitude sur notre connaissance des couplages k_{ij} . Nous rappelons que nous faisons varier les couplages dans un facteur de 10. Cependant, la position du pic dépend aussi de manière cruciale de la valeur des taux d'infection γ_i ⁶. Dans cette étude, nous utilisons comme repère les valeurs obtenues en ajustant la première vague. Cependant, ces valeurs peuvent dépendre de manière cruciale des mesures de distanciation sociale imposées dans chaque pays, si bien que des variations importantes sont attendues. Par exemple, il a été montré dans le cadre GRE que la réduction de la mobilité individuelle peut conduire à une diminution de γ de 20% ou plus²¹. Pour des analyses analogues au sein de modèles compartimentaux, voir^{22, 23}. Pour étudier la robustesse de nos résultats face à un changement de γ , nous avons effectué la simulation dans le cas (d), où les k_{ij} sont comme pour le cas (a) alors que nous permettons à γ_i de varier autour de la valeur de la première vague de 15%, suivant une distribution normale. Les résultats sont indiqués dans l'avant-dernière colonne du tableau 1 : alors que les valeurs centrales concordent avec le cas (a), comme prévu, l'erreur est considérablement augmentée. Ce résultat prouve que c'est la valeur de γ qui peut principalement influencer la position du deuxième pic de vague, soulignant ainsi l'importance de mesures de distanciation sociale en temps opportun. Pour la simulation réaliste du cas (e), nous incluons une variation de γ_i de 10%, ce qui donne les intervalles indiqués dans la dernière colonne du tableau 1. Cela peut être considéré comme notre pronostic pour la deuxième vague en Europe. Il doit être clair que les valeurs choisies pour a et γ pour la simulation peuvent et seront différentes des valeurs de la première vague que nous avons utilisées. Néanmoins, nous nous attendons à ce que la dynamique soit toujours bien représentée par le cadre et que ces valeurs donnent une indication raisonnable pour la deuxième vague de pandémie européenne.

Discussion et simulation vidéo

Nous avons utilisé l'approche du groupe de renormalisation épidémique pour simuler la dynamique de la transmission et de la propagation de la maladie dans différents pays européens pour la deuxième vague COVID-19. Depuis qu'il a été démontré ¹⁰ que le cadre peut être inclus dans d'autres modèles compartimentaux, nos résultats sont suffisamment généraux. L'approche permet de modéliser les effets des contrôles aux frontières inter et extra-européennes tout en prenant en compte l'impact de la distanciation sociale pour chaque pays. Pour réduire le nombre d'inconnues dans la simulation, nous avons utilisé les informations de la première vague. Ces informations sont encodées dans le taux d'infection et le logarithme du nombre total de cas infectés par pays. Aller au-delà de cette hypothèse est simple dans notre approche, mais un tel réglage des paramètres n'est pas le but de ce travail. Néanmoins, nous avons permis des variations de la valeur centrale de γ jusqu'à 15% pour estimer l'impact sur la deuxième vague de pandémie et montrer que la tendance générale reste inchangée. Nous avons ensuite effectué des analyses statistiques faisant la moyenne à différents niveaux d'interactions à travers l'Europe et avec le reste du monde. Le rôle du reste du monde et éventuellement des points chauds locaux a été attribué à une région X, qui agit comme une source d'infection couplée à tous ou seulement quelques pays européens. En calibrant sur la situation européenne actuelle qui montre les premiers signes de la deuxième vague, nous avons fourni un guide temporel de la deuxième vague de pandémie. Nos résultats peuvent être utilisés par les gouvernements, les marchés financiers et le monde de l'industrie pour mettre en œuvre des mesures locales et mondiales.

Les principaux résultats montrent que la position temporelle du deuxième pic de vague, une fois amorcée, est plutôt solide et se produira entre juillet 2020 et janvier 2021. A titre d'exemple, nous montrons sur la figure 5 notre pronostic pour les pays nordiques, Danemark, Finlande, La Norvège et la Suède. Le calendrier précis pour chaque pays peut être contrôlé par des mesures de déplacement et de distanciation sociale. La sensibilité du pronostic pour le deuxième pic par rapport à la valeur des taux d'infection donne une indication claire que les mesures de distanciation sociale et un comportement individuel responsable peuvent avoir un effet important si elles sont mises en œuvre tôt. Les prédictions données par notre modèle peuvent donc être facilement mises à jour pour tenir compte de la situation actuelle dans chaque pays.

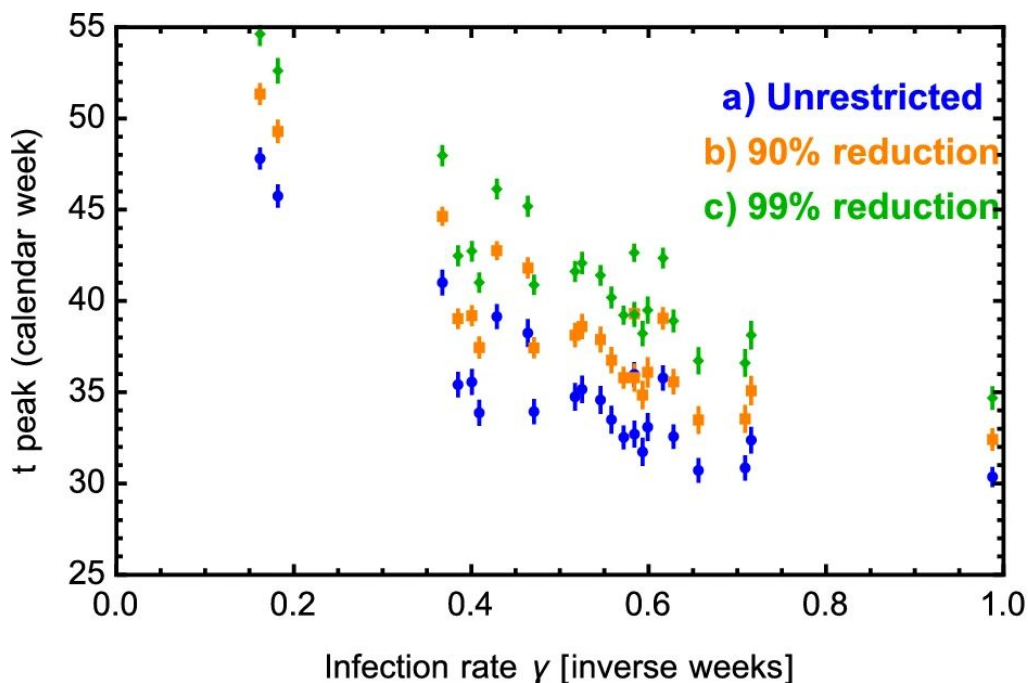


Figure 4. Date du pic, en semaines civiles, par rapport au taux d'infection γ pour les cas (a – c). Ces résultats sont obtenus en faisant la moyenne du résultat de 100 simulations, tandis que les barres d'erreur indiquent un écart type.

Dans le matériel ajouté, nous incluons également deux animations représentant l'évolution temporelle de la première et de la deuxième vague de la pandémie européenne COVID-19 résultant de nos simulations, extraites respectivement du cas (a) et du cas (e), réglées pour donner le plus des résultats réalistes et prenant en compte les premiers signes d'une deuxième vague dans certains pays, à partir du 5 août 2020. La simplicité de l'approche GRE est telle que les simulations ne prennent que quelques secondes sur un ordinateur portable personnel moyen, offrant ainsi un outil pratique et précis pour la compréhension d'une deuxième (et troisième vague, etc.) de pandémie. Le guide temporel que nous fournissons est un outil utile pour les gouvernements, les marchés financiers, les industries et les citoyens individuels pour se préparer à l'avance et éventuellement contrer la menace de vagues pandémiques récurrentes.

Note ajoutée

Au moment de la publication, de nombreux pays que nous avons examinés dans cette étude sont entrés dans une deuxième vague d'infections au COVID-19. En comparant les données actuelles à notre cas de simulation (e), nous avons constaté que la deuxième vague avait démarré environ 4 semaines plus tôt, compatible avec le cas (a), pour les pays qui n'avaient pas de signe de deuxième vague au 5 Août. Le cas (a) correspond aux valeurs des couplages k_{ij} un ordre de grandeur plus grand que ceux utilisés dans le cas (e). On peut voir à partir du tableau 1 que la synchronisation des pics attendue dans le cas (a) reproduit mieux les données observées. Pour mieux apprécier ce fait, sur la figure 6, nous montrons les données épidémiologiques de six pays, ajournées au 30 août, par rapport à la simulation.

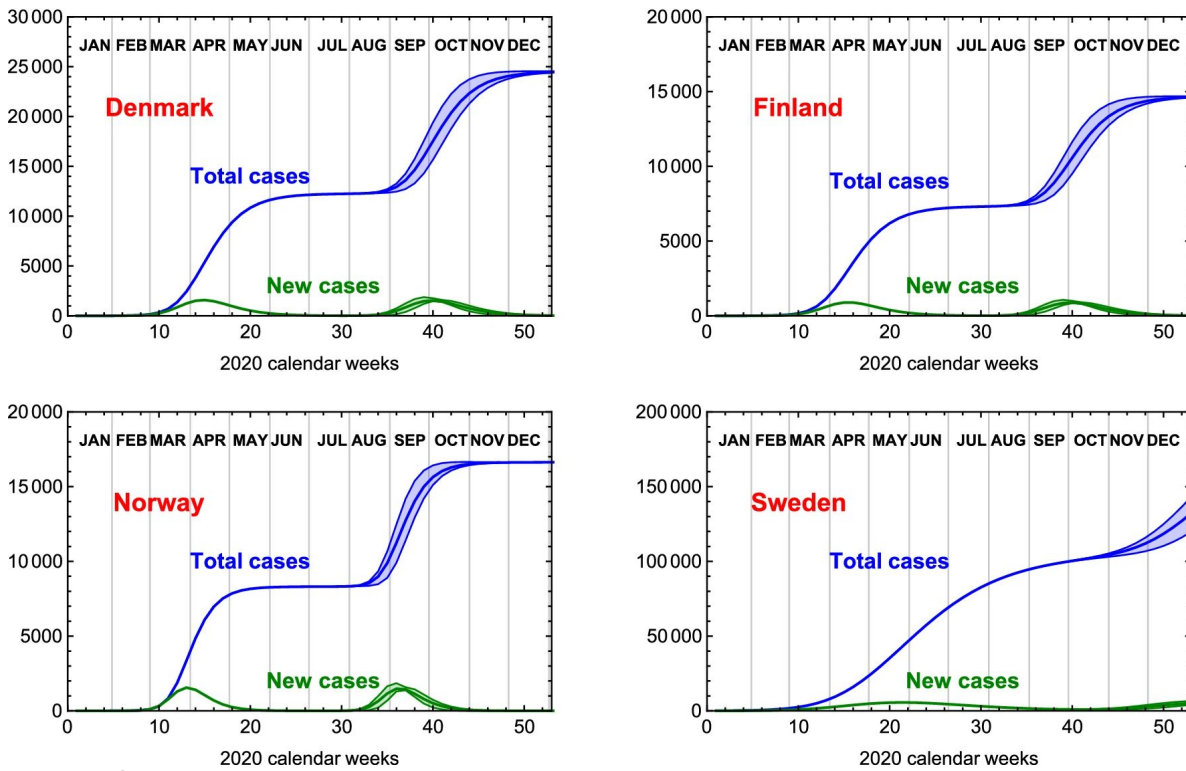


Figure 5. Évolution temporelle du nombre total de cas infectés et nouveaux (non normalisés par million) pour les pays d'Europe nordique, à partir du cas de simulation (e), qui commence à la semaine 25. Les bandes sont générées en faisant varier les taux d'infection γ_i de 10 %.

Méthodes

Pour simuler la seconde vague européenne, nous utilisons comme paramètres d'entrée les valeurs de γ_i et a_i issus de la première vague. Prédire ces paramètres pour la deuxième vague est difficile, comme le montre, par exemple, un modèle SEIR stochastique où se trouvent de très grandes fluctuations⁵. C'est l'une des raisons pour lesquelles nous choisissons pour nos simulations les paramètres issus de la première vague. De plus, ce choix a l'avantage de nous doter de valeurs de référence raisonnables. Ces paramètres dépendent des mesures de distanciation sociale adoptées par chaque pays lors de la première vague. La méthodologie de l'ajustement pour γ_i et a_i est décrit dans^{6,7}. Les valeurs sont indiquées dans les trois premières colonnes du tableau 1 à un niveau de confiance de 90%. Pour les simulations, nous avons utilisé les valeurs centrales. Les pays sélectionnés pour cette étude, comme énumérés dans le tableau 1, sont ceux dont les données correspondent bien à la première vague et ont une population supérieure à 3 millions pour améliorer les statistiques. Certains pays inclus dans l'étude, à savoir la Belgique, la Bosnie, la Croatie, la Tchéquie, la Grèce, les Pays-Bas, la Serbie, la Slovaquie, la Slovénie et l'Espagne, montrent déjà des signes d'une deuxième vague commençant entre la semaine 25 et la semaine 32 (le 5 août). Pour ces pays, nous limitons les données de l'ajustement à la première vague. Pour la même raison, nous avons commencé la simulation à la semaine 25.

Nous passons maintenant à l'interaction entre les différents pays européens encodée dans la matrice k_{ij} . Nous générons les entrées de la matrice aléatoirement avec chaque valeur de l'intervalle 10^{-3} - 10^{-2} et une probabilité uniforme. Cela se traduit par une fourchette de 1 000 à 10 000 voyageurs par semaine à travers les pays. Dans nos travaux antérieurs⁷, il a été démontré que cet intervalle pouvait tenir compte du retard du pic entre les pays. Comme mentionné précédemment, nous considérons également la source supplémentaire d'infection Région-X ($i = 0$) avec un nombre fixe de cas infectés. Cette région se couple aux différents pays européens avec des $k_{0i} = k_{i0}$ dans la même gamme que ci-dessus. À la région X, nous pouvons attribuer différentes interprétations. Ce pourrait être une source extra-européenne (disons le reste du monde) qui se couple encore à certains ou à tous les pays européens que nous considérons. Une autre interprétation est que le couplage k_{0i} à la Région-X représente une source interne d'infection à l'intérieur de la i -ème région. Pour fournir une valeur raisonnable pour la source initiale, nous avons considéré le nombre actuel de personnes infectées totales (5,2 millions) normalisé à la population mondiale en millions.

Plus précisément, pour les cas de simulation (a – c), nous générons aléatoirement 100 copies de la matrice k_{ij} à utiliser pour répéter la simulation. La date initiale des simulations de la deuxième vague est la semaine calendaire 25, où nous définissons les valeurs initiales pour $\alpha_i = 0$ (tandis que $\alpha_0 = \text{constante}$). Les 100 simulations sont répétées, avec le même ensemble de matrices k_{ij} pour les quatre premiers cas décrits dans le texte principal.

Pour le cas (d), nous incluons en outre une variation des valeurs de γ_i pour les pays européens. Pour ce faire, nous générons aléatoirement 100 ensembles de facteurs d'échelle ϵ_i , un par pays. Les valeurs de ϵ_i sont générées aléatoirement suivant une distribution normale avec moyenne 1 et écart type $\sigma = 0,15$. Cela permet une incertitude de 15 % sur la valeur de γ pour la deuxième vague de chaque pays.

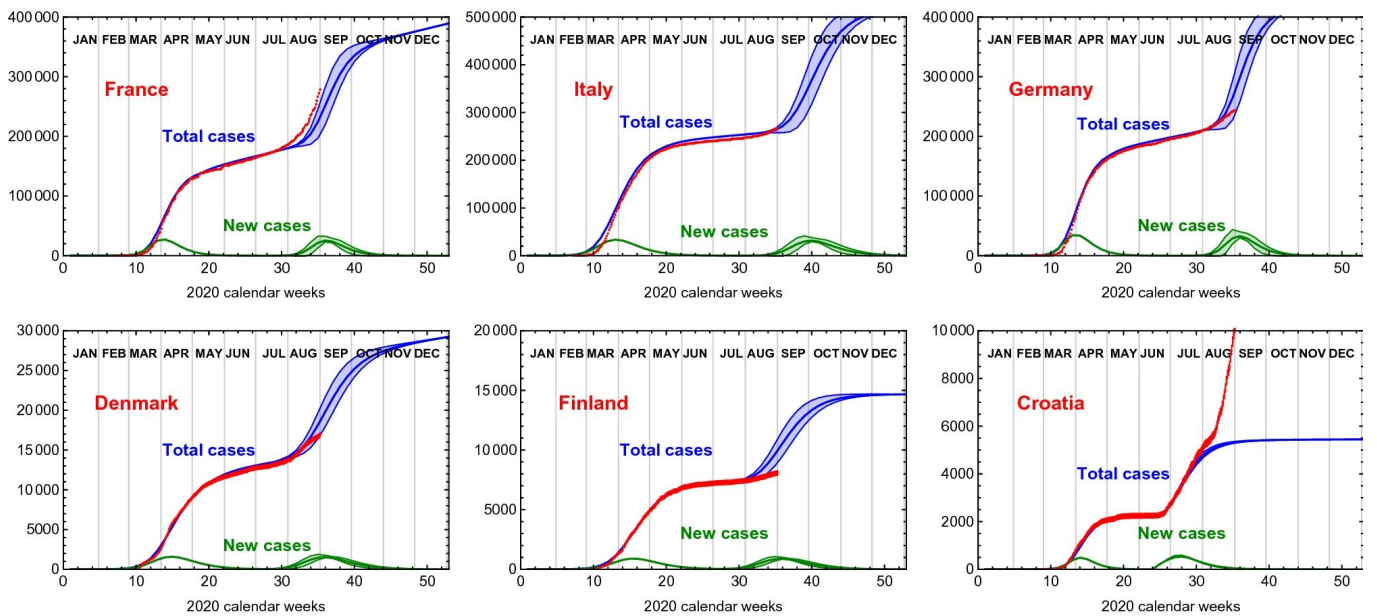


Figure 6. Données épidémiologiques (rouge), ajournées au 30 août, pour six pays de l'échantillon par rapport à une simulation mise à jour. Pour tous les pays, à l'exception de la Croatie, la deuxième vague de la simulation du cas (e) est anticipée de 4 semaines, donc en accord avec les résultats du cas (a). Pour faire correspondre la phase de croissance lente entre les deux vagues, nous avons ajouté un terme à croissance linéaire, conformément à ce que nous avons fait pour l'étalonnage des simulations du cas (e). Les bandes sont générées en faisant varier les taux d'infection γ_i de 10 %.

Pour la simulation réaliste, le cas (e), notre stratégie est un peu différente. Nous fixons $k_{ij} = 0,5 \times 10^{-3}$ pour les couplages intra pays européens. De plus, $k_{i0} = k_{0i} = 0$ sauf pour les 10 pays qui affichent déjà un deuxième départ de vague. Pour ces pays on trouve les valeurs de k_{i0} et on redimensionne les paramètres γ et a pour ajuster les données ajournées au 5 août 2020. Un exemple de l'ajustement est montré dans la Fig. 2 pour la Croatie. De nombreux pays, après avoir atteint le pic de la première vague, présentent une période avec une croissance linéaire des cas infectés. Pour mieux adapter les données de la deuxième vague, nous avons inclus une telle période, en ajoutant le terme suivant à la solution au moment où la première vague atteint le plateau:

$$\delta \mathcal{I}(t > t_{pl}) = \theta_i(t - t_{pl}). \quad (3)$$

Les valeurs du k_{i0} , γ , a et les paramètres de la croissance linéaire pour les 10 pays de cette étude sont les suivants:

	Belgium	Bosnia	Croatia	Czechia	Greece	Netherland	Serbia	Slovakia	Slovenia	Spain
k_{i0}	0.01	0.12	0.3	0.1	0.01	0.01	0.5	0.02	0.035	0.3
γ_i scaling	1	0.7	0.6	0.6	1	1	0.7	0.8	0.6	0.85
a_i scaling	1	1.3	1.06	1.06	1	1	1.05	1	0.95	1
θ_i	60	0	0	40	7	35	35	1	1	30
t_{pl}	20	-	-	20	20	20	20	20	20	20

Des graphiques comparant notre courbe théorique aux données sont fournis dans le matériel supplémentaire .

Disponibilité des données

Pour les simulations, nous avons utilisé un code écrit pour Wolfram Mathematica. Les données des simulations et un code Mathematica pour leur analyse peuvent être mis à disposition sur demande. Les données sur les cas infectés par COVID-19 en Europe sont extraites du référentiel worldometer.info.

Références

1. Kermack, W. O., McKendrick, A. & Walker, G. T. A contribution to the mathematical theory of epidemics. Proc. R. Soc. A 115, 700–721. <https://doi.org/10.1098/rspa.1927.0118> (1927).
2. Perc, M. et al. Statistical physics of human cooperation. Phys. Rep. 687, 1–51. <https://doi.org/10.1016/j.physrep.2017.05.004> (2017).

3. Wang, Z., Andrews, M. A., Wu, Z.-X., Wang, L. & Bauch, C. T. Coupled disease-behavior dynamics on complex networks: A review. *Phys. Life Rev.* 15, 1–29. <https://doi.org/10.1016/j.plrev.2015.07.006> (2015).
4. Wang, Z. et al. Statistical physics of vaccination. *Phys. Rep.* 664, 1–113. <https://doi.org/10.1016/j.physrep.2016.10.006> (2016).
5. Faranda, D. & Alberti, T. Modelling the second wave of COVID-19 infections in France and Italy via a stochastic SEIR model (2020). [arXiv:2006.05081](https://arxiv.org/abs/2006.05081).
6. Della Morte, M., Orlando, D. & Sannino, F. Renormalization group approach to pandemics: The COVID-19 case. *Front. Phys.* 8, 144. <https://doi.org/10.3389/fphy.2020.00144> (2020).
7. Cacciapaglia, G. & Sannino, F. Interplay of social distancing and border restrictions for pandemics (COVID-19) via the epidemic renormalisation group framework (2020). [arXiv:2005.04956](https://arxiv.org/abs/2005.04956).
8. Hâncean, M.-G., Perc, M. & Juergen, L. Early spread of COVID-19 in Romania: Imported cases from Italy and human-to-human transmission networks. *R. Soc. Open sci.* 7, 200780. <https://doi.org/10.1098/rsos.200780> (2020).
9. Perc, M., Gorišek Miksić, N., Slavinec, M. & Stožer, A. Forecasting COVID-19. *Front. Phys.* 8, 127. <https://doi.org/10.3389/fphy.2020.00127> (2020).
10. Morte, M. D. & Sannino, F. Renormalisation group approach to pandemics as a time-dependent SIR model (2020). [arXiv:2007.11296](https://arxiv.org/abs/2007.11296).
11. Wilson, K. G. Renormalization group and critical phenomena. 1. Renormalization group and the Kadanoff scaling picture. *Phys. Rev. B* 4, 3174–3183. <https://doi.org/10.1103/PhysRevB.4.3174> (1971).
12. Wilson, K. G. Renormalization group and critical phenomena. 2. Phase space cell analysis of critical behavior. *Phys. Rev. B* 4, 3184–3205. <https://doi.org/10.1103/PhysRevB.4.3184> (1971).
13. Li, L. et al. Analysis of transmission dynamics for Zika virus on networks. *Appl. Math. Comput.* 347, 566–577. <https://doi.org/10.1098/rspa.1927.01180> (2019).
14. Zhan, X.-X. et al. Coupling dynamics of epidemic spreading and information diffusion on complex networks. *Appl. Math. Comput.* 332, 437–448. <https://doi.org/10.1098/rspa.1927.01181> (2018).
15. Danby, J. M. A. Computing applications to differential equations modelling in the physical and social sciences (Reston Publishing Company, Reston, 1985).
16. Brauer, F. Early estimates of epidemic final sizes. *J. Biol. Dyn.* 13, 23–30. <https://doi.org/10.1080/17513758.2018.1469792> (2019).
17. Miller, J. C. A note on the derivation of epidemic final sizes. *Bull. Math. Biol.* 74, 2125–2141. <https://doi.org/10.1098/rspa.1927.01183> (2012).
18. Murray, J. D. *Mathematical biology. Interdisciplinary applied mathematics 3rd edn.* (Springer, New York, 2002).
19. Fishman, D., Khoo, E. & Tuite, A. Early epidemic dynamics of the West African Ebola outbreak: Estimates derived with a simple two-parameter model. *PLOS Curr. Outbreaks*. <https://doi.org/10.1371/currents.outbreaks.89c0d3783f36958d96ebbae97348d571> (2014).
20. Pell, B., Kuang, Y., Viboud, C. & Chowell, G. Using phenomenological models for forecasting the 2015 Ebola challenge. *Epidemics* 22, 62–70. <https://doi.org/10.1016/j.epidem.2016.11.002> (2018) (The RAPIDD Ebola Forecasting Challenge).
21. Cacciapaglia, G., Cot, C. & Sannino, F. Mining Google and Apple mobility data: Twenty-one shades of European social distancing measures for COVID-19 (2020). [arXiv:2008.02117](https://arxiv.org/abs/2008.02117).
22. Lai, S. et al. Effect of non-pharmaceutical interventions for containing the COVID-19 outbreak in China. *Nature*. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2405-7> (2020).
23. Flaxman, S. et al. Estimating the effects of non-pharmaceutical interventions on COVID-19 in Europe. *Nature*. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2293-x> (2020).