



Lettre n° 26

3 février 2021

## Question sémantique et temps de remplacement par un mutant

Bonjour, ou bonsoir, si vous êtes à l'autre bout du monde.

Dans un courriel récent notre ami FX Martin a appelé **SIR à temps de contagiosité constant (SIR-tcc)** la variante du modèle historique qu'il a proposée afin d'améliorer l'accord avec les données du démarrage de l'épidémie. C'est cette variante que nous utilisons à sa suite depuis la lettre n° 24 du 19 janvier, sous le nom de SIR-déterministe, que nous appellerons dorénavant SIR-tcc. Ce changement de nom nous conduit à revenir, en introduction, sur le caractère plus ou moins déterministe des modèles.

SIR et ses variants à multiples compartiments sont basés sur des processus stochastiques. Dans la première étape de SIR ( $S \rightarrow I$ ) chaque individu sain peut être infecté et donc devenir infectieux au hasard des rencontres avec les personnes infectieuses. Dans la seconde étape de SIR ( $I \rightarrow R$ ) chaque individu infecté a une probabilité donnée, par unité de temps, de sortir de l'état infecté, guérison ou décès selon le taux de létalité de la maladie. Au niveau d'une population le problème est gigantesque, mais il est élégamment résolu par une approche statistique faisant intervenir les fractions  $S, I, R$  = nombre d'individus sains, infectieux, retirés, divisé par la population totale. Ces fractions sont traitées comme des variables continues, gouvernées par un système d'équations différentielles tenant compte des probabilités individuelles. Moralité, le modèle stochastique conduit à un système d'équations déterministes (les physiciens reconnaîtront l'Equation Maître Macroscopique gouvernant l'évolution de systèmes hors équilibre ; merci Kamel !)

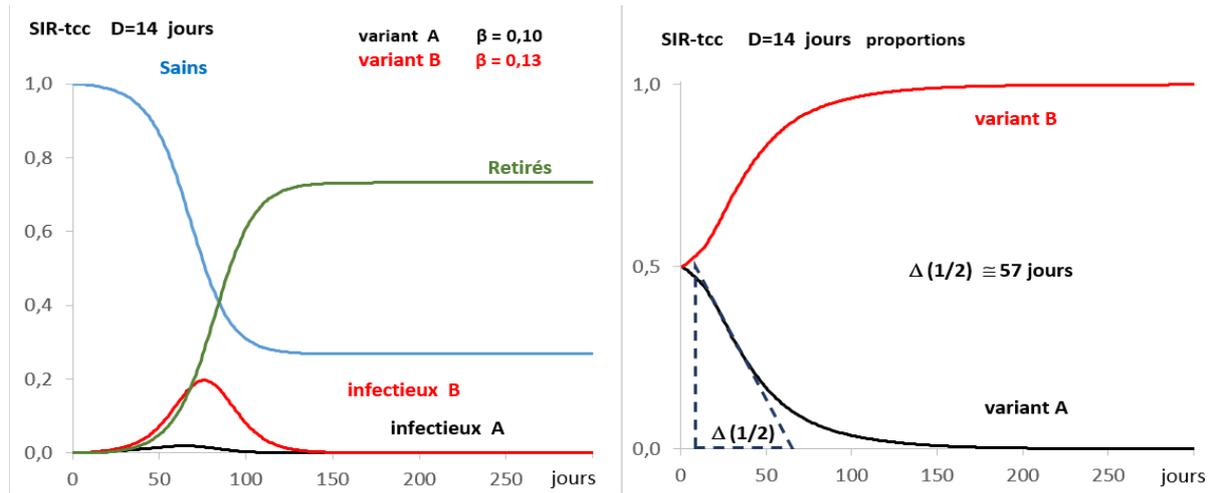
Avec un second processus défini par un temps de contagiosité fixé, la variante SIR-ttc est « plus déterministe » que le modèle historique. Mais celui-ci, en raison de son traitement statistique est déjà unanimement appelé « déterministe » dans toutes les références bibliographiques. La dénomination SIR-ttc permet d'éviter ce dilemme digne de Coluche (« plus blanc que blanc ? »).

Nous nous intéressons maintenant au **mutant découvert au Royaume-Uni**, qui serait 30 % plus contagieux et sensiblement plus agressif que le virus actuel. Il est clair que cette souche plus contagieuse va progressivement remplacer la souche actuelle. La simulation de ce remplacement est l'objet principal de la présente lettre, et la fraction de virus mutant sera un nouvel indicateur pour la suite de notre travail d'analyse.

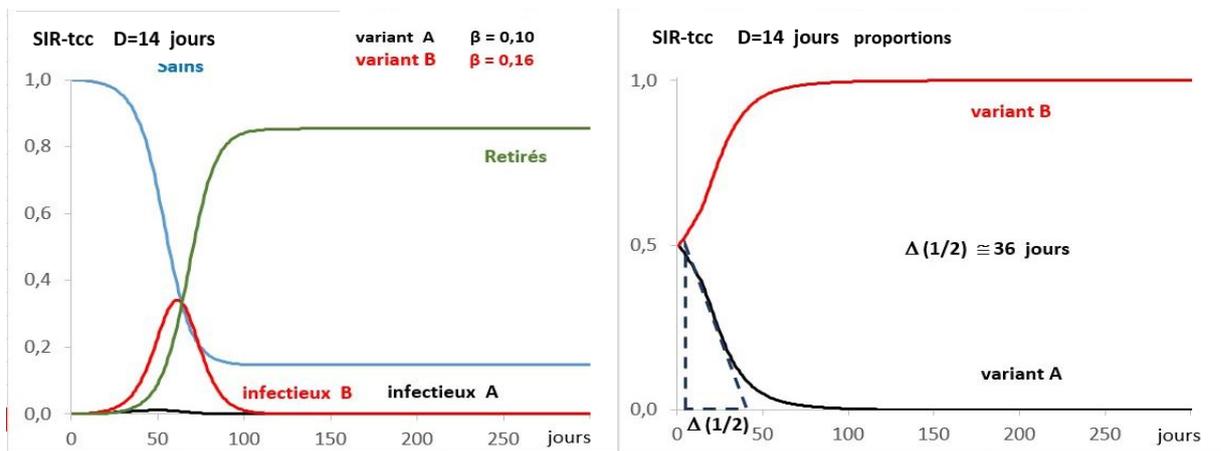
Pour simuler ce remplacement, nous avons simplement dédoublé le compartiment infectieux, avec deux parcours indépendants  $S \rightarrow IA \rightarrow R$  et  $S \rightarrow IB \rightarrow R$ . L'absence d'interactions entre les compartiments IA et IB est justifiée statistiquement par la faible probabilité de trouver simultanément les deux souches dans la même personne. Ce modèle simple implique qu'un individu infecté par un variant ne pourra plus être infecté par l'autre.

On peut anticiper le résultat de la compétition, en identifiant deux avantages en faveur de la souche la plus contagieuse : son démarrage plus rapide, et le taux d'immunité collective,  $IC_{\text{seuil}} = 1 - S_{\text{imax}} = 1 - 1/R_0$  plus élevé ; c'est donc la souche lente qui sera la première freinée par l'approche de l'immunité collective. *On rappelle à cette occasion qu'après le passage au seuil d'immunité collective, la contagion continue sur sa lancée, un certain temps, mais sans atteindre la totalité de la population.*

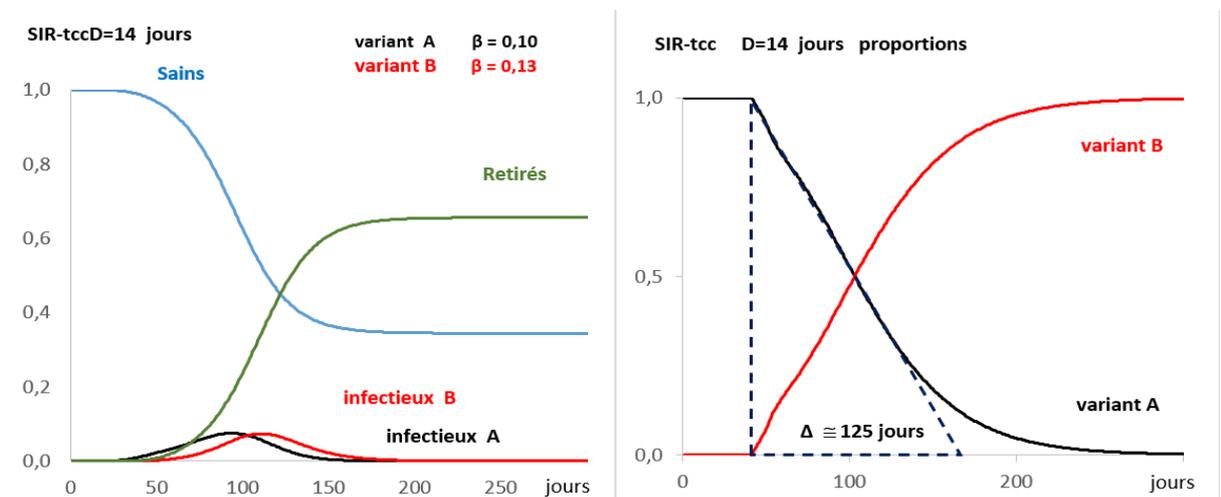
Commençons par la situation classique d'un départ simultané avec la même fraction initiale d'infectés :



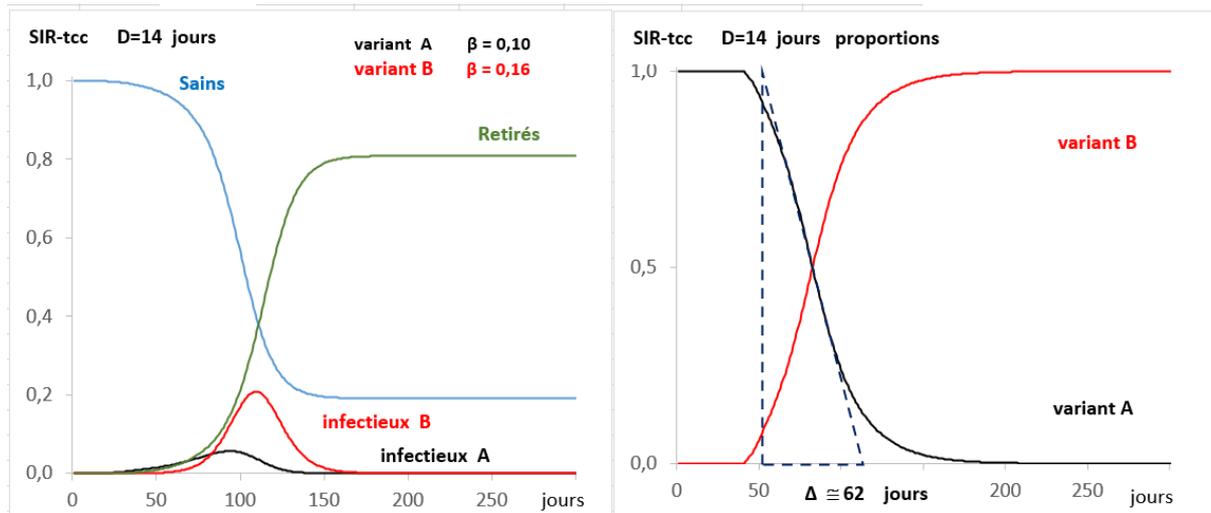
La quantité  $\Delta(1/2)$  peut être considérée comme le « temps de vie » du variant A confronté au variant B. Par curiosité, nous avons repris cette simulation avec un autre mutant de contagiosité accrue :



Le temps de vie est réduit, presque en proportion des taux d'augmentation du taux de contamination (+30% et +60%) par rapport à ceux du variant A. Nous passons maintenant au cas d'un virus déjà établi, qui sera remplacé par un nouveau venu plus contagieux, introduit plus tardivement (6 semaines par exemple).



On voit que le temps de remplacement  $\Delta$  est le double du temps  $\Delta(1/2)$  trouvé précédemment. Ce rapport  $\approx 2$  est confirmé dans le cas du second mutant plus contagieux.



Nous déduisons de ces résultats que la dynamique de remplacement d'un virus par un autre ne semble pas dépendre sensiblement de la situation initiale. Cela nous donne l'espoir de pouvoir confronter les futures données expérimentales de temps de vie et de contagiosité, et de déterminer approximativement depuis quelle date un nouveau mutant est significativement présent sur le territoire national.

La proportion en France du variant « anglais » atteindrait actuellement (fin janvier) environ 10%. Il serait donc (significativement) présent depuis environ 3 semaines. Le remplacement quasi-complet prendrait encore typiquement 3 à 4 mois (si rien ne change d'ici là).

Portez-vous bien, faites-vous vacciner dès que possible et restez vigilants.

François VARRET, Physicien Professeur Emérite à l'Université de Versailles Saint-Quentin

Mathilde VARRET, Chargée de Recherche INSERM (Génétique, Biologie) Hôpital Bichat.

*Nous remercions Messieurs F.X. Martin, K. Boukheddaden et H. Lorain pour leurs encouragements constants et leurs judicieux commentaires.*



*Ci-contre, suggestion de renforcement de notre protection sanitaire par un adhésif que pouvez aussi bien mettre horizontalement pour réduire la buée sur les lunettes.*

*L'adhésion du ruban sur le tissu est très sensible à l'humidité produite par la respiration ; la tenue est améliorée si on protège ce tissu au niveau du nez, du côté intérieur, par de l'adhésif imperméable.*

