

Agence de la santé publique du Canada

COVID-19

Description du modèle SEIR

La modélisation mathématique des maladies infectieuses sert principalement à étudier la propagation et la durée d'une épidémie pour comprendre l'ampleur du défi posé par la maladie et les effets potentiels des interventions. La modélisation permet aux décideurs en matière de santé publique de travailler avec des partenaires provinciaux, territoriaux et internationaux et de fonder leurs réponses aux épidémies sur les plus récentes évaluations scientifiques et situationnelles. La modélisation permet de prévoir la propagation future de la maladie au Canada et fournit une estimation du nombre possible de cas, d'hospitalisations et de décès qui pourraient survenir.

L'un des modèles élaborés par l'Agence de la santé publique du Canada (ASPC) pour la transmission du coronavirus du syndrome respiratoire aigu sévère 2 (SARS-CoV-2), l'agent de la maladie à coronavirus 2019 (COVID-19), est un modèle

Dans un modèle susceptible-exposé-infectieux-retiré (modèle SEIR) :

Les personnes susceptibles (S) n'ont jamais été infectées par l'agent pathogène et peuvent donc être infectées.

Les personnes exposées (E) ont été infectées par un agent pathogène, mais elles ne sont pas encore infectieuses, en raison de la période de latence de la maladie.

Les personnes infectieuses (I) sont infectées et sont capables de transmettre l'agent pathogène à d'autres.

Les personnes retirées (R) ne sont plus capables de transmettre la maladie. Ce groupe comprend les personnes rétablies et les décès.

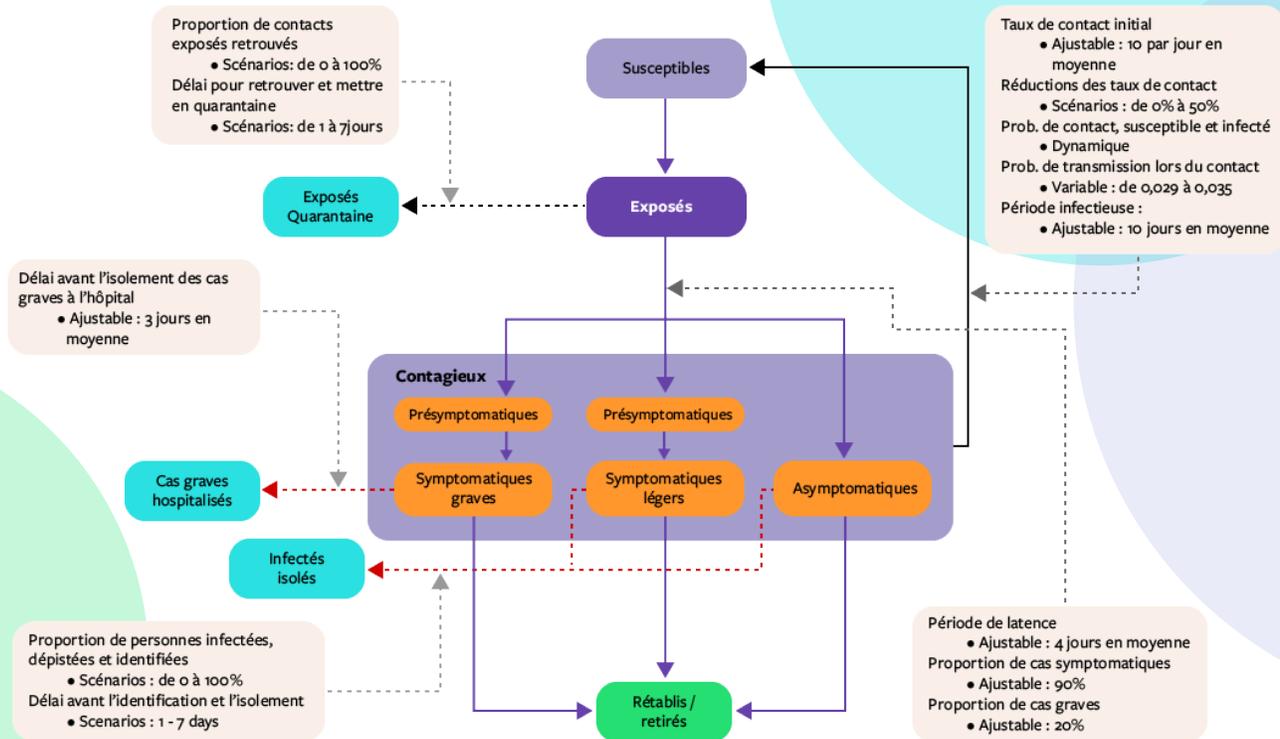


compartiment développé à l'aide du logiciel Analytica¹. Il s'agit d'un modèle dynamique de type SEIR (susceptible, exposé, infecté et retiré) qui utilise des équations différentielles pour estimer l'évolution des populations dans les différents compartiments. Ces compartiments sont reliés entre eux et les personnes peuvent passer d'un compartiment à l'autre, dans un ordre précis qui suit le processus infectieux naturel. Le modèle utilise les connaissances obtenues à partir d'études menées dans le monde entier sur la biologie de la transmission du virus à l'origine de la COVID-19 pour produire une représentation mathématique de la manière dont la COVID-19 peut se propager dans la population canadienne selon différents scénarios.

La logique, les hypothèses et la structure du modèle sont résumées et illustrées dans la figure 1. Comme ce virus est un virus auquel l'homme n'a jamais été exposé auparavant, l'hypothèse de base est que toute la population se trouve au départ dans le compartiment susceptible. Dans les conditions initiales, des personnes infectieuses sont introduites dans la population, ce qui « amorce » l'épidémie. Les taux de contact entre les personnes, combinés au nombre d'individus infectieux et susceptibles dans la population, sont utilisés pour calculer la probabilité

1. © 2019 par Lumina, Inc. et ses concédants de licence. Tous droits réservés. « LuminaDecision Systems », « Analytica » et « Intelligent Arrays » sont des marques commerciales ou des marques déposées de Lumina Decision Systems, Inc. aux États-Unis et/ou dans d'autres pays.

Figure 1 : Aperçu du modèle SEIR de l'ASPC tel qu'il est décrit dans Analytica



qu'une personne susceptible et une personne infectieuse entrent en contact dans un laps de temps limité. Cette probabilité est ensuite Commented [PT1]: Ne pas traduire combinée à la probabilité que le contact ait été infecté, pour estimer la vitesse à laquelle les personnes susceptibles se déplacent dans le compartiment exposé.

Par la suite, la progression des personnes dans le modèle, du compartiment exposé aux stades infectieux grave, infectieux léger ou infectieux asymptomatique, est dictée à la fois par la période de latence et par la proportion de cas estimés asymptomatiques, graves ou légers. Les estimations sont tirées d'études menées dans différents pays déjà touchés par l'épidémie. La période infectieuse dicte alors la vitesse à laquelle la population infectieuse progresse vers le compartiment rétabli/retiré. À ce stade, une des hypothèses clés est que la population reste immunisée contre toute nouvelle infection pendant la durée de la période modélisée.

Parmi les facteurs clés qui modifient le taux de transmission et les résultats finaux prévus par le modèle, mentionnons les suivants :

- Les effets des mesures de distanciation physique ont un impact sur les taux de contact.
- Les personnes exposées sont mises en quarantaine grâce à après la recherche des contacts.
- Les personnes présentant des symptômes infectieux graves sont hospitalisées et, de ce fait, sont isolées et ne propagent plus l'infection dans la communauté.
- Les personnes légèrement symptomatiques et asymptomatiques sont isolées à la suite de l'augmentation des tests plus poussés dans la communauté.

Le modèle utilise les meilleures estimations pour certains paramètres, qui peuvent être remplacés par des distributions théoriques (plage) afin de refléter l'incertitude. En outre, le modèle permet naturellement de faire une analyse paramétrique lorsqu'une gamme de valeurs de paramètres est utilisée avant de visualiser les résultats.

