Modélisation de la **COVID-19**

Instructions d'utilisation de la description du modèle compartimenté SEIR de l'ASPC pour la COVID-19

Le modèle mathématique pour la COVID-19 élaboré par l'Agence de la santé publique du Canada (ASPC) à l'aide du logiciel Analytica, est un modèle SEIR compartimental. <u>Analytica</u>¹ a été choisie pour développer ce modèle particulier en raison de sa capacité à construire rapidement des modèles, de son utilisation des diagrammes d'influence qui offrent un certain degré de clarté et de transparence lors de la visualisation des modèles (ce qui permet de comprendre plus facilement comment les variables s'influencent mutuellement) et de son utilisation de contrôleurs <u>Smart Array</u>. Ainsi, l'utilisateur peut sans peine explorer rapidement différents scénarios simples et mener des analyses paramétriques rapides pour contribuer à l'élaboration de modèles supplémentaires plus complexes.

Voici un guide par étapes qui permet aux utilisateurs d'explorer et d'adapter le modèle de l'ASPC aux nouvelles recherches. Les valeurs et les plages des paramètres du modèle ont été fixées comme l'indique la Figure 1.



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

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.

Comment télécharger et exécuter le modèle

1. Pour visualiser et exécuter ce fichier, vous aurez besoin de la version gratuite d'Analytica.

2. Après avoir téléchargé Analytica, téléchargez le code de modèle du CCNMI.

Le fichier devrait s'ouvrir automatiquement avec Analytica (figure 2). Si des problèmes surviennent, le tutoriel suivant vous explique comment ouvrir des fichiers à l'aide du logiciel : **Pour ouvrir ou quitter un modèle**.

Figure 2 : Tableau de bord du modèle SEIR de l'ASPC après le chargement dans Analytica



Étape 1 : Section d'entrée

- Les paramètres par défaut comportent des valeurs de paramètres d'entrée qui se situent dans des plages raisonnables pour la COVID-19, mais celles-ci peuvent être modifiées pour explorer d'autres options.
- L'option « All » (Tous) peut être sélectionnée pour différents paramètres, ce qui permet de réaliser une analyse paramétrique interactive lors de la visualisation des résultats.
- U'incertitude peut également être explorée dans le modèle en remplaçant les valeurs de paramètres d'estimation ponctuelle par des distributions théoriques. L'utilisation de distributions théoriques peut avoir des effets significatifs sur les besoins en mémoire du modèle et le temps nécessaire pour générer les résultats.

Étape 2 : Section des mesures

- La section des mesures comprend des options pour la distanciation sociale, la recherche améliorée des contacts et l'augmentation des tests.
- Cette section offre une option permettant de sélectionner une valeur prédéfinie ou l'option « All » (Tous).
- Si vous sélectionnez l'option « All », le modèle effectuera une simulation pour chaque combinaison associée à ce paramètre et générera un tableau des résultats permettant de visualiser rapidement les différentes combinaisons dans les résultats.
- Les calculs nécessaires pour présenter toutes les options peuvent être lents. Si votre ordinateur a une mémoire limitée, pensez à limiter le nombre de paramètres soumis à l'analyse. Les combinaisons présentées dans la capture d'écran ci-dessus vous permettront de visualiser diverses combinaisons de mesures et devraient fonctionner sur un ordinateur normal, bien qu'il puisse y avoir un léger délai entre le moment où vous cliquez sur le bouton des résultats et celui où vous pouvez visualiser les résultats.

Étape 3 : Section des résultats

- Dans la section des résultats, il suffit de cliquer sur le bouton « Calc » pour le résultat qui vous intéresse.
- Si l'option « All » ou une plage de valeurs a été sélectionnée pour un paramètre d'entrée, il sera possible de faire défiler les valeurs des paramètres et d'explorer leurs effets sur les résultats.
- Si les graphiques de résultats ne semblent pas différents après avoir apporté des modifications aux paramètres d'entrée, vérifiez l'échelle des axes X et Y, car c'est à cet endroit que les différences sont illustrées.
- Certaines caractéristiques des graphiques peuvent être personnalisées. Vous pouvez sélectionner la variable qui est tracée sur l'axe X, la clé et chaque paramètre dont dépend le résultat.



Section de détails du modèle

Pour voir la logique et les calculs, vous pouvez double-cliquer sur le module « COVID Compartment Model », qui vous montrera le diagramme du modèle (figure 3).

Module showing details of calculations • COVID Compartm 10 4 10 Results 0.9 Daily Incidence (proportion of popula





Si vous double-cliquez sur un paramètre, vous pouvez voir la valeur utilisée, ou les équations qui génèrent des valeurs pour ce paramètre, les descriptions des paramètres, l'identificateur du paramètre et d'autres détails.

Notes additionnelles

1. La valeur « transmissibilité par contact » vous offre trois choix qui se traduisent par des valeurs R_0 de 2,9, 3,2 et 3,5 au début de l'épidémie, avant l'épidémie, en supposant un taux de contact moyen de 10/jour et une période infectieuse moyenne de 10 jours. La valeur R effectif (Reff) changera à mesure que des mesures seront appliquées.

2. La population totale est fixée à 1 000 000, mais elle peut être modifiée à n'importe quelle valeur. Les résultats du modèle sont basés sur cette nouvelle valeur de population du nombre de personnes susceptibles au départ.

3. Vous pouvez également effectuer des simulations de Monte Carlo à partir de paramètres incertains, en combinaison avec une analyse paramétrique.

4. Si vous commencez à rencontrer des problèmes de mémoire (selon l'ordinateur utilisé), réduisez le nombre de paramètres réglés à « All ».

5. Les valeurs au départ (infections initiales et R_0) ont été fixées de manière à se rapprocher des observations faites au début de l'épidémie au Canada.

6. Il convient de noter que le modèle est conçu pour générer des aperçus généraux sur la trajectoire de l'épidémie, et non des prévisions exactes. Les résultats de ce modèle n'ont pas été utilisés de manière isolée comme unique conseil de santé publique, mais sont plutôt comparés et corroborés avec d'autres modèles élaborés au Canada ou ailleurs dans le monde. Par exemple, le modèle inclut les infections graves et légères, alors que les cas signalés dans un certain endroit peuvent combiner les deux (et peuvent-être même combinés avec des cas plus graves).



Cette modélisation mathématique a été effectuée par l'Agence de la santé publique du Canada. Ce document est produit conjointement par l'Agence de la santé publique du Canada et <u>le Centre de collaboration nationale des maladies infectieuses</u>.



