

Aperçu du modèle compartimental SEIR de la COVID-19

Margaret Harris Brockman : Bienvenue à ce webinaire sur le modèle compartimental SEIR de la COVID-19, qui permet de mieux comprendre l'effet des interventions sur les résultats. Merci d'être des nôtres aujourd'hui. Je m'appelle Margaret Harris Brockman et je travaille au Centre de collaboration nationale des maladies infectieuses, ou CCNMI. Je serai votre animatrice durant l'heure qui suit. Le CCNMI est financé par l'Agence de la santé publique du Canada et a pour but de fournir des connaissances et des données probantes aux personnes qui œuvrent dans le domaine de la planification des services de santé publique et des politiques en matière de santé. Avant de commencer, je tiens à reconnaître que le CCNMI se trouve sur les terres ancestrales des peuples Anishinabe, Cris, Oji-Cris, Dakotas et Dénés, et dans la patrie de la Nation Métis. Nous respectons les traités que nous avons conclus sur ces territoires, nous reconnaissons les torts et les erreurs du passé et nous nous engageons à aller de l'avant en partenariat avec les collectivités autochtones, dans un esprit de réconciliation et de collaboration.

La séance d'aujourd'hui se penche sur le modèle SEIR mis au point par des modélisateurs de l'Agence de la santé publique du Canada, ou ASPC. Le CCNMI et l'ASPC font équipe pour partager des modèles et des renseignements à l'appui avec les utilisateurs partout au pays. Vous pouvez voir toutes les ressources connexes à ccmni.ca et du matériel supplémentaire est en cours d'élaboration. Je vais maintenant présenter le conférencier d'aujourd'hui. Aamir Fazil est chef de la section Intégration du risque, synthèse et connaissance de l'ASPC. Il possède des diplômes en génie de l'Université Drexel et travaille dans le domaine de l'évaluation quantitative des risques microbiens depuis plus de 20 ans, notamment à titre de principal contributeur à plusieurs modèles de simulation d'évaluation des risques microbiens de l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture.

De concert avec d'autres scientifiques de l'Agence, il a contribué à la mise au point du modèle SEIR de la COVID-19. Durant la présentation d'aujourd'hui, M. Fazil expliquera le fonctionnement du modèle et la façon dont vous pouvez l'adapter à vos besoins locaux. Il répondra ensuite à vos questions en direct.

Aamir Fazil :

Bonjour à tous. Je vais vous parler aujourd'hui d'un modèle SEIR que nous avons mis au point à l'ASPC afin de commencer à comprendre la pandémie de COVID. Je vais décrire l'un des modèles élaborés à l'ASPC. Nous avons une série de modèles, qui seront également publiés sur le site du CCNMI au cours des semaines à venir. Ce modèle en particulier est un modèle compartimental très traditionnel. Il a été développé dans Analytica, principalement parce que c'est un outil qui permet d'élaborer des modèles rapidement et de manière relativement graphique du point de vue de la structure. Il a recours à des diagrammes d'inférence pour établir les relations entre les paramètres et permet de faire avancer la construction d'un modèle de manière relativement perspicace, particulièrement lorsqu'on traite avec un auditoire technique et peut-être des experts en la matière qui peuvent participer à des échanges.

Le but principal de ce modèle était de mieux comprendre la situation, d'obtenir des conseils sur les besoins d'amélioration et d'éclairer l'élaboration d'autres modèles. Ce webinaire a donc pour objectif global de simplement vous donner un aperçu. Après cette série de diapositives, je vous présenterai le modèle lui-même dans Analytica. Je vous montrerai comment l'utiliser, où accéder à certains des intrants et extrants et comment comprendre le modèle en soi. Je vous présenterai ensuite certains des résultats et des nuances de leur interprétation afin que vous puissiez mieux comprendre le modèle et peut-être même le modifier et l'appliquer à votre situation s'il y a lieu.

Comme je l'ai mentionné, il s'agit d'un modèle SEIR compartimental et très traditionnel qui sert à étudier les populations susceptibles, exposées, infectieuses et rétablies. C'est ce que vous voyez sur cette diapositive à l'écran, qui montre la population susceptible pouvant être exposée à la population infectieuse. Cette population passe ensuite à la catégorie des personnes exposées, qui deviennent elles-mêmes infectieuses. Une fois infectieuses, elles peuvent être symptomatiques et gravement malades, symptomatiques et légèrement malades ou asymptomatiques. Lorsque nous avons bâti le modèle, les proportions de ces compartiments faisaient l'objet d'un fort degré d'incertitude.

Si vous êtes restés au fait en lisant la documentation, vous savez que, même aujourd'hui, une incertitude demeure quant à la proportion de la population qui est asymptomatique, la proportion qui est légèrement malade, la proportion qui est

gravement malade, les relations entre ces éléments, et les différences démographiques potentielles. Nous avons beaucoup appris, mais nous continuons d'apprendre, et c'est essentiellement en quoi consiste la modélisation de la COVID durant cette épidémie mondiale. Il faut constamment produire de nouvelles connaissances, continuellement peaufiner les modèles et toujours examiner de nouvelles données probantes et les appliquer aux modèles, car il arrive souvent que ce que l'on a construit il y a une semaine soit déjà désuet.

On doit constamment évaluer ses paramètres, ses valeurs, etc. Aucune des valeurs que vous voyez et dont nous pourrions discuter pendant ce webinaire ne doit être considérée comme un fait ou une valeur exacte pour toujours. Les choses changeront. Vous devez examiner soigneusement toutes ces valeurs compte tenu des connaissances au moment où vous allez appliquer le modèle. Nous avons utilisé ce qui était considéré comme les meilleures estimations à un moment donné. Dans Analytica, vous pouvez appliquer des distributions d'incertitudes, ainsi que dans votre modèle. Je ferai une démonstration, ou du moins je vous montrerai où le faire. C'est en grande partie une bonne pratique, car on veut intégrer l'incertitude aux paramètres.

On voit ici dans l'ensemble la structure générale du modèle. Cette diapositive montre ce qu'on voit possiblement lorsqu'on ouvre son modèle dans Analytica. Après cet aperçu, je vais passer à Analytica et vous expliquer une partie du processus de modélisation.

Le modèle est ouvert dans Analytica et c'est généralement ce qu'on voit lorsqu'on lance l'application. Ceci est l'écran de saisie si on veut. Il est divisé en sections qu'il est probablement bon d'expliquer. Il y a la zone de saisie des paramètres, où on saisit les paramètres d'entrée ou ce que l'on sait au sujet de la population ou du pathogène en question.

Il y a des éléments comme le taux de contact, soit la fréquence moyenne de contact entre les gens, la période de latence de l'infection, la période infectieuse du pathogène, la proportion des personnes symptomatiques, la proportion des personnes gravement malades et la période précédant l'hospitalisation. Les cases bleues représentent des interventions brutes ou générales et des interventions non pharmaceutiques. Celles-ci représenteraient les mesures de santé publique pouvant être mises en œuvre et que nous pourrions être intéressés à

examiner pour voir l'incidence de différentes stratégies sur la trajectoire épidémique générale. Il y a aussi la section des résultats où, en cliquant sur l'un de ces boutons, on produit les résultats appropriés, à partir desquels on peut examiner les interventions, les résultats et les courbes générales, et en tirer des informations.

Ensuite, la grande case bleue ici donne accès au modèle lui-même, à sa logique, à la façon dont les équations sont structurées et à la manière dont les paramètres interagissent. Pour vous donner un exemple, je vais ouvrir la structure du modèle. C'est ici qu'on peut voir tous les engrenages si je peux dire, c'est-à-dire le diagramme d'influence, que j'ai mentionné plus tôt. Analytica est construit principalement à l'aide de diagrammes d'influence. Les diagrammes d'inférence ne sont pas un organigramme, contrairement à ce que l'on pourrait penser. Ils représentent la façon dont les paramètres influencent d'autres paramètres. Les flèches ne représentent donc pas nécessairement un flux de personnes ou de choses. Elles indiquent plutôt comment un paramètre en influence un autre.

Dans ce cas particulier, on peut voir que le delta susceptible, un changement dans la population susceptible, est influencé par la transmissibilité avec contact, ou la probabilité d'infection lorsqu'une personne entre en contact avec une personne infectieuse. C'est ainsi qu'on doit lire le diagramme. Une bulle et une flèche dirigée vers une autre bulle indiquent que la première bulle a une influence sur la deuxième. Quand on ouvre l'une des bulles, on voit une description du paramètre en question. Dans ce cas, comme je l'ai dit, le nom de la variable, ou delta, est DE. On voit une description de ce qui se passe, c'est-à-dire le titre. On constate qu'il estime un taux des personnes exposées qui passent à la catégorie des personnes infectieuses. Il vous donne ensuite l'équation de l'influence de ce paramètre.

On peut voir que c'est un sur la période de latence fois l'exposition au paramètre de gravité. Tout cela pour dire qu'Analytica fournit une représentation très graphique du fonctionnement du modèle. On peut visualiser rapidement comment un paramètre en influence un autre. Si on ouvre ce paramètre, on obtient plus de détails sur ce qui se déroule derrière cette valeur. Cela vaut pour tous les éléments du modèle. On peut en effet visualiser chaque paramètre, ses implications, la manière dont il influence d'autres parties du modèle, ainsi que les parties du modèle qui l'influencent. Cela

dit, nous allons consacrer un peu de temps à examiner certains des résultats pour montrer comment les choses peuvent fonctionner. Je n'ai pas mentionné que c'est là que se trouvent les paramètres d'entrée et qu'Analytica vous permet d'utiliser des distributions de valeurs pouvant représenter votre incertitude.

Nous avons utilisé ici un taux de contact de 10. Cela signifie que chaque personne a en moyenne 10 contacts par jour avant la mise en place de toute intervention liée à la distanciation sociale. En théorie, on pourrait appliquer une distribution ici. Donc, par exemple, on pourrait employer une distribution normale, une distribution uniforme ou toute distribution qui, d'après nous, représente l'incertitude. On pourrait saisir une distribution uniforme, disons de cinq à 15 contacts par jour, et si on le faisait, on devrait alors exécuter sur le modèle une simulation de Monte Carlo qui produirait les distributions de valeur. Pour les besoins de cette explication, nous nous en tiendrons à des valeurs fixes, car l'autre avantage d'Analytica est qu'il permet de faire un peu d'analyse paramétrique à la fin. Dans certains cas, il permet aussi de réduire le taux de contact. Si on clique là-dessus, on voit toute une gamme de valeurs.

D'une certaine façon, lorsqu'on sélectionne tout, on dit au modèle qu'on veut tester chaque combinaison de taux de contact et produire un résultat que l'utilisateur mettra à l'essai. Par exemple, quelles sont les implications si le taux de contact est de 20 % de moins par rapport à 40 %, etc.? On a accès à tous ces scénarios lorsqu'on visualise les résultats. D'une certaine manière, on saisit une combinaison d'incertitude et d'un peu d'analyse de scénarios. Nous allons regarder certains des résultats pour nous pencher un peu là-dessus. Le premier pourrait être par exemple les incidents quotidiens.

Si on clique ici, on voit une courbe épidémique très traditionnelle que la plupart d'entre vous connaissent probablement assez bien. Elle montre les incidents quotidiens des cas au fil du temps avec un certain nombre d'entrées ou une certaine combinaison de paramètres d'entrée. Nous avons présumé qu'il y avait une réduction de 20 % dans le taux de contact et comme je viens de le mentionner, on peut également examiner une autre réduction. Dans le cas qui nous occupe, si nous inscrivons zéro ici, nous voyons les incidents si les contacts étaient maintenus à leur taux standard. Zéro. On peut voir les résultats pour une réduction de 10 %, 20 %

ou 30 %. Ceux-ci indiquent les effets du changement du taux de contact dans la collectivité et les répercussions sur les incidents quotidiens de maladie.

Ce qui est peut-être plus intéressant ou plus facile à comprendre, c'est de tracer le tout dans une seule courbe. Nous avons la courbe d'origine des incidents et des implications du changement du taux de contact. Ceci nous permet de jeter un coup d'œil aux effets de la réduction du taux de contact sur la courbe de l'ensemble des incidents. On peut voir ici clairement une réduction du pic et un étalement. On réduit le nombre de cas le plus élevé ou le nombre d'incidents le plus élevé qui pourrait se produire en une journée en les étalant sur une plus longue période.

On peut visualiser d'autres éléments que la réduction du taux de contact. Par exemple, quelles seraient les implications du changement de la durée d'obtention du résultat d'un test? Quel serait l'effet sur la courbe des incidents? Donc, si je change le tracé ici, vous pouvez voir que je l'ai remplacé par la durée d'obtention du résultat d'un test. Vous pensez peut-être que cela n'a eu aucun effet. C'est parce que la proportion des cas détectés est actuellement établie à zéro. Changeons-la à 10 % ou 20 % pour voir les effets. Le modèle indique les répercussions sur la courbe épidémique si on détectait 20 % des cas et qu'on était en mesure d'obtenir les résultats des tests en une journée, deux jours, trois jours, quatre jours, etc.

L'interprétation va de soi : on est en mesure d'identifier les personnes infectées et de les isoler rapidement. Elles ne sont plus capables de propager l'infection au sein de la communauté en général et on commence donc à aplanir la courbe. Tout cela présume qu'on a détecté 20 % des cas sans procéder à une recherche des contacts. Chaque courbe indique la durée d'obtention des résultats des tests. C'est ce qui se produirait sans recherche des contacts. Si on met en œuvre cette recherche, il y a des effets supplémentaires. Par exemple, à mesure que l'on ajoute de plus en plus de recherche des contacts, le processus s'améliore. C'est un modèle de premier tri relativement simple.

Il y aura également une relation entre la capacité d'effectuer une recherche des contacts et la capacité de tester. Ce que le modèle n'indique pas, ou du moins ce modèle en particulier, c'est la relation entre ces deux éléments. Ils sont traités indépendamment et c'est l'utilisateur qui doit s'assurer d'entrer une valeur logique. Cela dit, rien dans le modèle ne

prescrit qu'on ne puisse pas choisir 100 % pour la recherche des contacts et 0 % pour les tests. Cela toutefois ne serait absolument pas logique. Je pourrais essentiellement entrer « zéro proportion des cas détectés » et établir la durée de la recherche des contacts. La durée d'obtention des résultats des tests est ici de sept, et l'effet de la recherche des contacts est que 10 % de la proportion des cas détectés est de zéro.

Ce paramètre indique qu'on ne détecte aucun cas. Les tests sont donc pratiquement inutiles. L'efficacité de la recherche des contacts est de 10 %. Passons à 20 % pour que les éléments soient plus marqués. La recherche des contacts est à 20 % et la durée de cette recherche sont représentée par ces courbes. Logiquement, si on ne détecte aucun cas, il est très peu probable, sinon pratiquement impossible que 30 % de la population fassent l'objet de recherche de contacts. Le modèle n'est pas conçu pour établir un lien entre les tests d'un certain pourcentage afin d'identifier efficacement une autre proportion par la recherche des contacts. C'est à l'utilisateur de ce modèle relativement simple d'interpréter les résultats avec prudence. C'est le message que je veux transmettre ici : vous devez employer une certaine logique lorsque vous mettez à l'essai différents scénarios.

Ce serait un excellent exemple de l'axiome « à données inexactes, résultats erronés ». On peut trouver une combinaison de valeurs qui n'est pas logique dans le monde réel. Il faut toujours interpréter les résultats en faisant preuve de bon sens et de connaissance de la santé publique. Cela dit, on peut générer divers autres résultats. Nous venons d'examiner les incidents quotidiens. On peut produire des résultats qui indiquent le taux d'attaque total. Il s'agit essentiellement d'une courbe cumulative qui montre la proportion de la population totale affectée à la fin de la pandémie. Elle ressemble aux courbes précédentes, mais indique seulement le taux d'attaque total. On peut également tracer cela à l'aide de différentes courbes.

Disons qu'on veut voir l'effet des tests sur le taux d'attaque total. On pourrait alors se pencher sur les résultats de la durée d'obtention des résultats des tests. La réduction du taux de contact peut être établie à 20 %. Nous allons éliminer la recherche des contacts, qui est donc à zéro. La période avant la recherche est de sept. Réduisons un peu la proportion des cas détectés à 30 %. Nous avons donc un programme de tests comportant divers délais que nous voulons étudier. Et nous voulons aussi déterminer l'impact sur le taux d'attaque final.

On voit ici à la ligne rose qu'il s'agit de sept jours et qu'après 365 jours, presque 65 % de la population canadienne serait affectée. C'est ce qui se produirait si on ne faisait rien, mais le taux de contact est réduit de 20 %, ce qui veut dire que les gens pratiquent un peu la distanciation sociale. On ne fait rien d'autre, sauf isoler les malades 30 % du temps.

Ce n'est donc probablement pas non plus un scénario réaliste. Il nous aide toutefois à comprendre que si mon seul outil accélérât le délai d'exécution des tests, et que je le maintenais à 30 %, je ne détecterais toujours que 30 %. Ces 30 % sont isolés et après un certain nombre de jours, je les trouve et je les empêche de propager davantage l'infection. Ce serait là l'effet sur le taux d'attaque final.

Je pourrais obtenir une réduction plutôt importante allant de plus de 50 % à moins de 10 % tout simplement en accélérant le processus. Bien entendu, la prochaine étape serait de déterminer s'il est possible de procéder aux tests et à l'isolement dans un délai d'une journée. C'est là l'enjeu suivant. Au moins, on peut savoir si cela vaut la peine de pousser davantage et on peut alors comprendre comment concrétiser le tout.

C'est le taux d'attaque. De même, il y a divers intrants et extrants que l'on peut explorer à l'aide de tous ces boutons. Je tiens à faire remarquer que si on ouvre le modèle réel et qu'on veut visualiser le résultat de l'une de ces bulles, cela est également possible. Par exemple, si je clique sur Exposés, j'obtiens deux autres petites bulles. Si je clique sur la verte, j'obtiens le résultat de ce paramètre particulier pour diverses configurations. Les résultats qui apparaissent à cet écran à l'avant ne sont pas les seuls que l'on peut visualiser.

Si on souhaite se pencher sur tout autre paramètre intermédiaire, il suffit d'ouvrir le modèle, de cliquer une fois sur la valeur et de cliquer sur ce bouton vert en bas ou sur la mention d'affichage du résultat en haut. En cliquant là-dessus, on voit la valeur médiane de symptomatique grave. Donc, peu importe le paramètre, on peut voir à quoi cela ressemble. On peut aussi modifier tous les autres paramètres qui ont une influence sur celui-ci. Les résultats s'affichent en haut de l'écran et on sera en mesure d'apporter les modifications et de voir l'impact sur les résultats.

Comme je l'ai mentionné plus tôt, le message sous-jacent est le suivant : on doit toujours faire preuve de prudence et de

sens critique jusqu'au résultat. Le modèle n'est pas restrictif et on peut produire des combinaisons qui ne sont pas logiques dans la pratique. Il ne faut jamais l'oublier. Ceci met fin à la présentation du modèle compartimental de l'ASPC construit à l'aide du logiciel Analytica. Merci.

Margaret Harris Brockman : Merci beaucoup, Aamir, pour cette présentation et la démonstration de l'utilisation du modèle. Nous allons maintenant passer à la période de questions en direct avec Aamir. La première question posée durant votre présentation est la suivante : « Quelles étaient vos sources de données dans l'élaboration du modèle d'origine? Avez-vous réexécuté le modèle à mesure que la dynamique de l'épidémie a changé au Canada? »

Aamir Fazil : Merci. Au début, une grande partie de l'information était tirée de la documentation publiée. Nous avons une équipe à l'ASPC qui passait également au peigne fin la documentation qui n'avait pas encore été publiée afin d'établir les meilleurs paramètres d'entrée possibles. Comme je l'ai dit, tout cela a évolué continuellement avec le temps. Ce modèle avait pour but de servir de modèle initial si on veut, pour réfléchir aux éléments qui doivent être inclus ainsi qu'à la trajectoire potentielle.

Nous avons mis au point ce modèle à l'aide de l'information initiale tirée de la documentation publiée et de ce qu'on savait à ce moment-là au Canada. Ce modèle a fini par être moins utilisé et nous en avons déployé d'autres qui sont beaucoup plus appropriés et qui seront publiés sur le site du CCNMI. Il s'agit notamment d'approches de modélisation à base d'agents et d'un modèle SEIR plus complexe comportant une stratification par âge convenant aux données de surveillance épidémique du monde réel.

Margaret Harris Brockman : Merci. Voici la prochaine question : « Les provinces ou territoires utilisent-ils leurs propres modèles, et sont-ils similaires ou différents du modèle dont vous parlez? Qu'en est-il de l'impact sur les résultats modélisés? » Le modèle compartimental de la Saskatchewan serait un exemple, je suppose.

Aamir Fazil : Je crois que la plupart des provinces ont leurs propres modèles qu'elles ont mis au point à l'interne. De plus, partout au Canada, nous faisons équipe et nous partageons des modèles et des idées. Par conséquent, dans certaines situations comme celle du modèle à base d'agents, nous avons

constaté qu'il pouvait être appliqué dans d'autres provinces à mesure que les besoins se sont fait sentir. Tout un nombre de provinces ont élaboré leurs propres modèles, et les modèles ont été partagés sur demande afin de contribuer au processus de prise de décision.

Comme nous le savons tous, les paramètres et la nature de l'épidémie dans les différentes provinces doivent être nuancés en ce qui a trait à la population, qui est très différente dans chaque province. D'un point de vue très fédéral, on ne peut pas nécessairement descendre jusqu'à ce niveau de désagrégation. Je crois qu'il est très important que la plupart des modèles et des analyses soient effectués au niveau provincial ou territorial, sinon même à un niveau inférieur.

Margaret Harris Brockman : Merci, Aamir. Je crois que cela nous amène à la prochaine question : « Si je manipule les paramètres d'entrée ou d'autres éléments, comme vous l'avez décrit dans Analytica, serai-je en mesure de les enregistrer afin de les utiliser par la suite, et qu'en est-il des changements au modèle lui-même? »

Aamir Fazil : Pardon, pouvez-vous répéter cela, Margaret?

Margaret Harris Brockman : « Si je manipule les paramètres d'entrée ou d'autres éléments, comme vous l'avez décrit dans Analytica, serai-je en mesure de les enregistrer afin de les utiliser par la suite, et qu'en est-il des changements au modèle lui-même? »

Aamir Fazil : Malheureusement, Analytica est un logiciel privé. À l'aide du visualiseur gratuit, vous pouvez regarder le modèle, l'exécuter et enregistrer les résultats. Vous pouvez le modifier, y ajouter des paramètres et produire des résultats qui correspondent aux paramètres d'entrée. Toutefois, je ne crois pas que la version gratuite vous permette de modifier les équations ou la structure du modèle.

Ce serait la seule restriction. Le but principal est de voir le modèle gratuitement.

Je crois que tout le monde peut voir mon écran. Quand on ouvre les détails du modèle, il devrait y avoir suffisamment d'informations à cet écran pour permettre de recréer le modèle, par exemple dans un autre logiciel, si on le souhaite absolument.

Ce modèle a toutefois été conçu pour commencer à comprendre la trajectoire potentielle et l'impact possible de diverses interventions. Je ne vois donc pas un grand besoin de

le modifier considérablement. Il pourrait être nécessaire de mettre à l'essai des scénarios de rechange, et on serait donc probablement encouragé à élaborer un modèle plus détaillé et peut-être plus propre à la région ou à l'endroit où il va être appliqué. Ce modèle comprendrait aussi probablement des éléments comme une stratification par âge. Nous allons bientôt partager certains de ses modèles. Comme je l'ai mentionné, il s'agira notamment d'un autre modèle SEIR qui comporte une telle stratification.

Ces modèles pourraient mieux convenir à cette fin. Je crois que ce modèle est approprié quand on veut avoir un aperçu général de l'impact de diverses interventions, réel ou potentiel, et de l'importance de la trajectoire dans son secteur particulier en fonction de diverses hypothèses.

Margaret Harris Brockman : Merci, Aamir. Voulez-vous ajouter quelque chose? Cette présentation a été enregistrée un peu plus tôt et je sais qu'on pense souvent par la suite à autre chose qui pourrait intéresser l'auditoire.

Aamir Fazil : Oui, je crois que j'ai mentionné l'idée d'entrée des distributions d'incertitude. Je crois que c'est également une considération importante. Chaque fois que nous produisons des résultats à partir de modèles, au moins ceux que j'ai montrés ici, voici à quoi ressemble une courbe. La courbe épidémique est simplement une meilleure estimation fondée sur les meilleurs paramètres d'entrée d'une personne. Au bout du compte, tous ces paramètres sont associés à une certaine incertitude et, franchement, une certaine variabilité. Comme je l'ai mentionné, la pratique exemplaire consisterait à définir des distributions de probabilités pour les paramètres d'entrée.

Ceci fait, on doit examiner les options d'incertitude. Sous la taille de l'échantillon, on définirait combien d'itérations on veut que le modèle exécute. Par exemple, si on entrait 1 000, le modèle tirerait un échantillon de chaque distribution, produiraient des résultats, puis tirerait de nouveau des échantillons des distributions de probabilités. On finirait par obtenir un résultat qui ne serait pas juste une simple ligne, mais un nuage de courbe épidémique qui pourrait être interprété pour représenter la gamme des résultats attendus, compte tenu de la distribution des incertitudes et des paramètres d'entrée. Il est important de reconnaître que cela est réellement une simple distribution des incertitudes.

Il ne s'agit pas du modèle stochastique auquel pensent peut-être un bon nombre d'entre vous. Lorsqu'on exécute un modèle à base d'agents, les éléments très stochastiques qu'il contient représentent la disparition de l'épidémie ou des événements de probabilités qui ne seraient pas nécessairement saisis dans un modèle comme celui-ci. Mais en entrant au moins des distributions de probabilités, on peut reconnaître qu'il existe une gamme de possibilités dictées par l'incertitude dans ces paramètres d'entrée. Comme nous l'avons dit, la nature de l'information de cette éclosion particulière évolue tous les jours et toutes les semaines. Il est important de tenir compte de cette incertitude.

Margaret Harris Brockman : En effet, parfois on dirait qu'elle évolue presque d'heure en heure. La période de questions est maintenant terminée. Je tiens à vous remercier, Aamir Fazil, d'avoir été des nôtres une fois de plus. Ce séminaire a été formidable et nous vous savons gré d'avoir pris le temps d'être avec nous aujourd'hui pour la présentation et le webinaire. Nous vous remercions aussi de travailler au CCNMI en vue d'élaborer du matériel supplémentaire. L'information ayant trait à la modélisation mathématique de la Santé publique et de ce modèle SEIR se trouve sur notre site Web, ccnmi.ca.

Ce webinaire fait partie d'une série que le CCNMI présente sur la modélisation mathématique et la COVID-19 intitulée *Synergy Series*. Le prochain webinaire aura lieu le 11 septembre et s'intitule « Vaccin contre la COVID-19 : perspectives et occasions de modélisation avec la Dre Joanne Langly. » Pour obtenir de l'information ou une copie de l'enregistrement de cette présentation, rendez-vous à ccnmi.ca ou @CentreInfection sur Twitter. Restez en santé et en sécurité. Merci.