

[COVID Information Commons \(CIC\) Research Lightning Talk](#)

[Transcript of a Presentation by Babatunde Ogunnaike \(University of Delaware\), July 2021](#)



Title: [Predictive Modeling & Optimal Control Framework for Model-Based Epidemic Response in Delaware](#)

NIH Project #: [3P20GM103446-20S2](#)

[YouTube Recording with Slides](#)

[July 2021 CIC Webinar Information](#)

Transcript Editor: Julie Meunier

Transcript

Lauren Close:

A présent, j'aimerais vous présenter nos fantastiques intervenants. Cet après-midi, nous allons écouter des chercheurs qui travaillent sur une grande variété de sujets qui vont du suivi des mobilités humaines à la prédiction de la réponse immunitaire à la COVID-19 et de possibles processus de décontamination.

Tout d'abord, je voudrais inviter le professeur Ogunnaike de l'Université du Delaware à commencer. Je vais donc arrêter de partager mon écran et, professeur, si vous le souhaitez, c'est à vous.

Slide 1

Babatunde Ogunnaike:

Laissez-moi vous partager mon écran. Très bien. Bon après-midi à tous. Merci d'être là. Je vais vous parler du travail que nous menons avec le *Nemours Children's Hospital* (l'hôpital pédiatrique de Nemours) sur un modèle prédictif et le contrôle optimal - un cadre pour une réponse à l'épidémie au Delaware.

Slide 2

Par définition d'un exposé éclair, je vais aller très vite et si vous avez des questions, vous pourrez les poser à la fin. Notre objectif est de développer et évaluer une approche de modélisation prédictive qui peut être appliquée à la propagation du SARS-CoV-2 mais qui pourrait aussi être adaptée à d'autres maladies infectieuses émergentes plus tard. En particulier, pour les enfants, nous nous concentrons sur l'état du Delaware en ce moment et nous parlerons un peu du modèle optimal basé sur une stratégie d'atténuation vers la fin.

Slide 3

Je n'ai pas besoin de préciser à ce public que la modélisation mathématique est devenue un outil standard l'arsenal des praticiens et il y a eu plusieurs approches de la modélisation COVID-19 que nous n'avons pas le temps de passer en revue, mais je vais motiver les raisons pour lesquelles nous adoptons l'approche que nous avons adoptée.

Slide 4

Nous utilisons le concept de la cinétique des réactions chimiques. Quand une espèce entre en contact avec une autre, elles réagissent. Mais l'utilisation de canevas nous permet de faire plusieurs choses qui nous seraient interdites autrement. Par exemple, nous avons ce concept de distribution du temps de résidence qui nous aide à caractériser combien de temps une molécule passe à l'intérieur d'un réacteur, ce qui est d'une certaine manière similaire au temps nécessaire pour qu'une personne infectée guérisse ou meurt.

Slide 5

Donc, c'est ce genre de chose que nous utilisons. C'est probablement la diapositive la plus importante jusqu'à maintenant - pour vous donner une idée du mécanisme. Si A, en rouge, représente quelqu'un qui est infecté et entre en contact avec quelqu'un qui n'est pas infecté, vous obtenez deux personnes infectées au taux de transmission $k_{sub t}$ et ensuite cette personne peut guérir mais elle traverse une étape intermédiaire où elle est toujours contagieuse avant d'être complètement guérie. La même chose est aussi malheureusement valable pour la mort et il existe une étape intermédiaire pendant laquelle la contagion est toujours possible etc. La transmission secondaire est le fait que quelqu'un qui est en voie de guérison ou en voie de mort peut encore infecter d'autres personnes. Si l'on imagine que toutes les personnes qui ont été infectées et qui sont en voie de guérison ou en voie de mort se trouvent dans un réacteur, il leur faut un certain temps avant d'échapper à la guérison, complètement, ou à la mort, complètement. En procédant de cette manière, nous pouvons caractériser ce phénomène à l'aide d'un ensemble d'équations d'état que les ingénieurs chimistes reconnaîtront. Mais l'élément le plus important de ce cadre est que nous reconnaissons que toutes les personnes qui ont été infectées n'ont pas été identifiées comme telles. Ainsi, lorsque nous prenons une mesure, la prise de mesure ne représente qu'une fraction des personnes qui ont réellement été infectées.

Slide 6

L'intégration de ces éléments dans ce modèle nous permet donc de développer un modèle. Je ne vais pas entrer dans les détails, mais à partir du modèle, comment déterminer les paramètres ? Nous prenons des données, des données d'entraînement et nous utilisons l'optimisation des moindres carrés pour obtenir ces paramètres, cette constante de taux et nous réservons la semaine de données la plus récente pour la validation. En d'autres termes, si nous disposons de trois semaines de données, nous utilisons les deux premières semaines pour ajuster les modèles, puis nous essayons de prédire ce qui se serait passé la troisième semaine, comme si nous ne disposions pas de ces données, et nous les utilisons pour la validation.

Slide 7

Voici donc ce qui s'est passé pour nous le 23 mai. La ligne bleue - la ligne bleue continue est la moyenne mobile sur sept jours. Les données sont manifestement très bruitées, les cas enregistrés quotidiennement sont très variables. La prédiction de notre modèle à ce moment-là est cette courbe classique que les gens connaissent bien. C'est donc ce que nous pensions le 23 mai et nous pensions vraiment que les choses allaient peut-être se terminer à la fin du mois de juillet.

Slide 8

Il s'agit des données cumulées. Vous pouvez voir ce que nous avons utilisé pour ajuster et ce que nous avons utilisé pour valider.

Slide 9

Voici le pourcentage de personnes non infectées.

Slide 10

Ce sont les résultats que nous avons obtenus à ce moment-là et la prévision de la population finale des personnes non infectées, etc.

Slide 11

Le résultat le plus important à l'époque était que nous avons estimé à 30 % le pourcentage total de personnes infectées qui n'avaient pas été identifiées. En réalité, il a été confirmé depuis que seul ce pourcentage avait été identifié comme infecté, ce qui signifie que 70 % étaient asymptomatiques, présymptomatiques ou symptomatiques mais n'avaient pas fait l'objet de tests. Tout cela plaide fortement en faveur d'un échantillonnage aléatoire permettant de détecter les asymptomatiques et de faire quelque chose.

Slide 12

Permettez-moi de revenir rapidement sur ce qui s'est passé le 27 septembre et, comme vous pouvez le constater, nous avons fait des choses assez stupides dans le sens où nous n'avons pas prêté attention et nous avons eu une deuxième vague, puis une troisième, et notre modèle a été capable de s'adapter et de suivre le mouvement.

Slide 13

Depuis, nous avons eu une quatrième vague et je vais vous montrer comment un modèle a suivi. Encore une fois, gardez à l'esprit, gardez à l'œil la courbe elle-même. La ligne bleue continue est la moyenne mobile sur sept jours et nous l'avons donc suivie assez bien et tout ce qui se passe.

Slide 14

Il est probablement important de vous montrer quelques estimations du taux de transmission. Voici donc ce qui s'est passé au cours des neuf dernières semaines. La dernière fois que nous avons vérifié, vous pouvez voir que le taux de transmission commençait à baisser et qu'il commence à remonter, et j'espère donc que nous n'aurons pas à nouveau des problèmes très graves.

Slide 15

Ce que vous n'avez peut-être pas vu auparavant, c'est que nous pouvons réellement intervenir de manière active. Lorsque nous procédons à un échantillonnage aléatoire et à une recherche des contacts et que nous trouvons des personnes infectées, nous les mettons en quarantaine et nous les traitons. C'est l'équivalent mathématique de l'introduction de cette fonction $u(t)$ - que je n'ai malheureusement pas le temps de vous expliquer - mais si vous me donnez une fraction d'infectés, une date de début d'échantillonnage, la période d'échantillonnage, la population totale et la fraction de la population, nous

pouvons déterminer ce qu'il faut faire pour atteindre un objectif que vous pouvez dire laissez-moi vous montrer quelques résultats - c'est l'équation que vous verrez.

Slide 16

Ainsi, par exemple, si au tout début, dans l'État du Delaware, 30 jours après, nous avons échantillonné chaque semaine et pris 0,02 % de la population de l'État du Delaware, c'est-à-dire le nombre de personnes que nous échantillonnons et que nous testons, et pour une fraction initiale de personnes infectées de 0,01, voici ce que nous aurions vu.

Nous aurions pu raccourcir la courbe - il ne s'agit pas de l'aplatir, mais de la modifier complètement. Nous aurions réduit les choses d'environ 15 jours et d'environ 50 % si nous avions fait cela en 30 jours. Pourquoi faisons-nous cela maintenant ? Nous disons que la prochaine fois que quelque chose se produira, nous saurons quoi faire, comment le faire, et les choses qui ressemblent à [inaudible] dans le dossier sont ce que nous aurions vu au lieu de la courbe bleue, ce qui aurait permis de gérer les choses.

Slide 17

Je ne veux pas passer trop de temps sur ce sujet, mais il existe de nombreux paramètres que nous pouvons sélectionner et donc différentes manières d'atteindre le même objectif, ce qui est typique. Vous montrez une courbe de contour. Par exemple, si nous voulons ramener l'infection COVID à une valeur moins détectable en cent jours, nous pouvons y parvenir en utilisant un échantillon de 0,15, en prélevant sept échantillons chaque semaine, et ce sont là quelques-uns des résultats que nous avons obtenus.

Slide 18

Je vais passer sur ce point parce que ce n'est pas vraiment important. Il s'agit simplement de montrer que si l'on ne commence pas tôt, il devient plus difficile de faire avancer les choses.

Slide 19

Pour résumer et conclure, nous avons utilisé le modèle basé sur la cinétique des réactions chimique pour la propagation du COVID-19. Nous l'avons appliqué à l'État du Delaware, mais nous ne vous avons pas montré les autres ensembles de données auxquels nous l'avons appliqué. Nous avons utilisé le modèle pour étudier l'effet d'une intervention active. Nous développons actuellement une approche récursive pour les enfants et nous allons mettre au point une plateforme que les décideurs pourront utiliser.

Slide 20

J'aimerais remercier mon post-doctorant Yu Luo qui a maintenant un vrai travail chez GlaxoSmithKline et nous avons deux étudiants diplômés qui travaillent avec nous : Rob Akins, Neha et Jonathan, ainsi que Julie Carrick, l'informaticienne qui travaille avec nous. C'est tout.