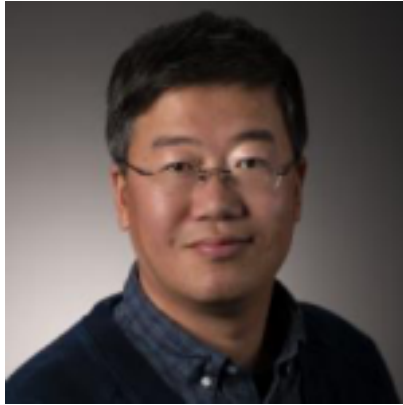


[COVID Information Commons \(CIC\) Research Lightning Talk](#)

Transcript of a Presentation by Xifeng Yan, (University of California Santa Barbara), November 13, 2020



Title: *Prévision interventionnelle de la réponse au COVID-19 dans les communautés locales à l'aide de modèles d'adaptation du domaine neuronal*

[Xifeng Yan CIC Database Profile](#)

NSF Award #: 2029626

[Youtube Recording with Slides](#)

[November 2020 CIC Webinar Information](#)

Transcript Editor: Rhyley Vaughan

Transcript

Slide 1

Merci beaucoup d'avoir organisé ce webinaire. J'ai le grand plaisir de vous faire part de nos récents progrès. Ce travail est financé par le programme RAPID de la NSF. Je m'appelle Xifeng Yan, de l'UCSB, et l'objectif de ce projet est de prévoir les nouveaux cas quotidiens, les hospitalisations et les décès aux États-Unis pour le COVID -19 et la maladie. Ce travail a été réalisé en collaboration avec mon doctorant, Xiaoyong Jin, et le professeur Yu-Xiang Wang. Tous deux travaillent à l'UCSB.

Slide 2

Comme nous pouvons le constater, le nombre de nouveaux cas quotidiens a récemment augmenté. Cela nous préoccupe.

Slide 3

En outre, le nombre de nouveaux décès quotidiens a augmenté de façon spectaculaire dans le monde entier. Cela nous alerte. Notre objectif est d'essayer de prévoir ces cas et ces tests quotidiens. Nous pensons que ce type de prévision serait très utile pour nos décideurs locaux, pour les hôpitaux et pour nos gouvernements.

Slide 4

De nombreux facteurs sont liés au nombre de cas de COVID-19 et à la maladie. Il existe une multitude de facteurs différents. Par exemple, il y a les facteurs démographiques, la densité de la population dans un comté, dans un État, dans une ville, les structures commerciales locales, les facteurs socioculturels et psychologiques, et les politiques d'intervention. Tous ces facteurs ont une influence sur le ratio de contact entre les personnes, puis sur le ratio d'infection entre les personnes. Ces deux chiffres vont avoir un impact sur le nombre d'hospitalisations, le nombre de lits de soins intensifs utilisés pour les patients atteints de COVID-19 et, en fin de compte, ils vont influencer le nombre de décès. En outre, tous ces chiffres sont influencés par la dynamique de la maladie. La maladie COVID-19 a évolué de manière dynamique. Tous ces chiffres peuvent être représentés sous forme de séries chronologiques, le taux d'infection, l'hospitalisation, la base de l'unité de soins intensifs. Comme nous le savons, l'analyse des séries temporelles est étudiée depuis des décennies. Il existe de nombreux et excellents algorithmes de prévision des séries temporelles.

Slide 5

Cependant, dans le cadre de ce travail, nous aimerions faire quelque chose de différent. Nous aimerions tirer parti des modèles d'apprentissage profond les plus récents et tenter d'élaborer une approche purement axée sur les données sans présumer d'un quelconque modèle académique. Notre intuition est comme [inaudible]. L'histoire se répète. Différentes régions partagent le COVID-19 et les tendances, car le taux de propagation est généralement déterminé par des facteurs communs tels que les interactions sociales, les protections et les politiques d'intervention. Par exemple, si vous voulez prévoir la situation aux États-Unis, vous pouvez vous référer à l'Allemagne, à la France et à l'Italie et apprendre ainsi beaucoup de choses. Pour prévoir les cas dans une certaine région, nous pouvons en fait nous référer à ces autres régions. Nous pouvons en fait nous référer à ces autres régions où la pandémie commence beaucoup plus tôt et tirer des enseignements de leur expérience. C'est l'intuition qui sous-tend notre modèle.

Slide 6

Permettez-moi d'utiliser une diapositive pour présenter très brièvement cette intuition. En fait, c'est ce qu'on appelle le mécanisme d'attention dans l'apprentissage profond. Il existe un modèle très efficace pour le traitement du langage naturel et la modélisation de ces séquences. Supposons que nous souhaitions prévoir les nouveaux cas en Californie. Nous pouvons essayer de nous référer à des situations similaires dans d'autres États des États-Unis, et nous considérons ces États comme des États de référence.

Slide 7

Nous pouvons ensuite comparer la fenêtre actuelle en Californie avec les fenêtres historiques dans différents États, en essayant de trouver les fenêtres historiques qui partagent la même tendance. Nous pouvons ensuite utiliser une tendance de suivi pour prévoir les cas futurs en Californie. Bien entendu, il

faut procéder à une sorte de pondération, et c'est là qu'intervient l'apprentissage en profondeur. Ensuite, nous pouvons simplement refaire ce travail. C'est tout. Vous déplacez la fenêtre et vous vérifiez la similitude entre ces fenêtres et vous pondérez les différentes similitudes. Ensuite, on utilise les chances de suivi pour prévoir les futurs cas en Californie. Vous pouvez le faire pour les nouveaux cas quotidiens. Vous pouvez le faire pour les hospitalisations. Vous pouvez le faire pour le nombre de décès. Il s'avère que ce modèle simple, purement basé sur les données, peut en fait atteindre des performances optimales sans utiliser aucun modèle SIR/SEIR. Comme vous le savez, ces modèles sont des modèles épidémiques de premier plan, qui peuvent nous aider à comprendre les schémas de propagation des maladies. C'est un peu surprenant pour nous. Nous pouvons obtenir d'assez bons résultats en matière de prévision, du moins par rapport à ces modèles, sans comprendre les schémas sous-jacents et les schémas de propagation de la maladie.

Slide 8

Cette diapositive présente une sorte de résumé et les résultats fournis par les principaux groupes à travers les États-Unis. Ces groupes envoient les résultats de leurs prévisions au CDC, qui les archive afin de pouvoir comparer ultérieurement la précision de ces algorithmes. Comme vous pouvez le constater, notre algorithme, appelé ACTS (across time series forecasting), peut en fait atteindre de très bonnes performances. Ces chiffres sont en fait mesurés à l'aide de WAP, c'est-à-dire de pourcentages d'erreur absolus pondérés. En utilisant le même modèle, nous pouvons prévoir les nouveaux cas, les hospitalisations et les tests. Nous effectuons les prévisions au niveau de l'État, mais si le besoin s'en fait sentir, nous pouvons le faire au niveau du pays si les données sont disponibles. C'est un résultat assez surprenant, et nous communiquons actuellement avec DC Action. Mardi prochain, il y a une réunion avec le CDC, et nous allons présenter ce résultat à un groupe d'experts travaillant dans ce domaine. Nous sommes assez nouveaux dans ce domaine, et nous ne sommes pas des experts en analyse de séries temporelles.

Nos résultats sont disponibles sur le lien suivant. Nous venons de soumettre un article à archive.org afin qu'il puisse être partagé avec les chercheurs beaucoup plus tôt, et nous publions également nos résultats de prévision sur ce site web. Le résultat a été envoyé au CDC. C'est la fin de cette présentation. Merci pour votre attention.