

Suivi de l'évolution de l'épidémie de COVID-19 et des besoins hospitaliers au Québec

Mise à jour du
8 mai 2020



McGill



Faits saillants

Mise à jour du 8 mai 2020

Constats

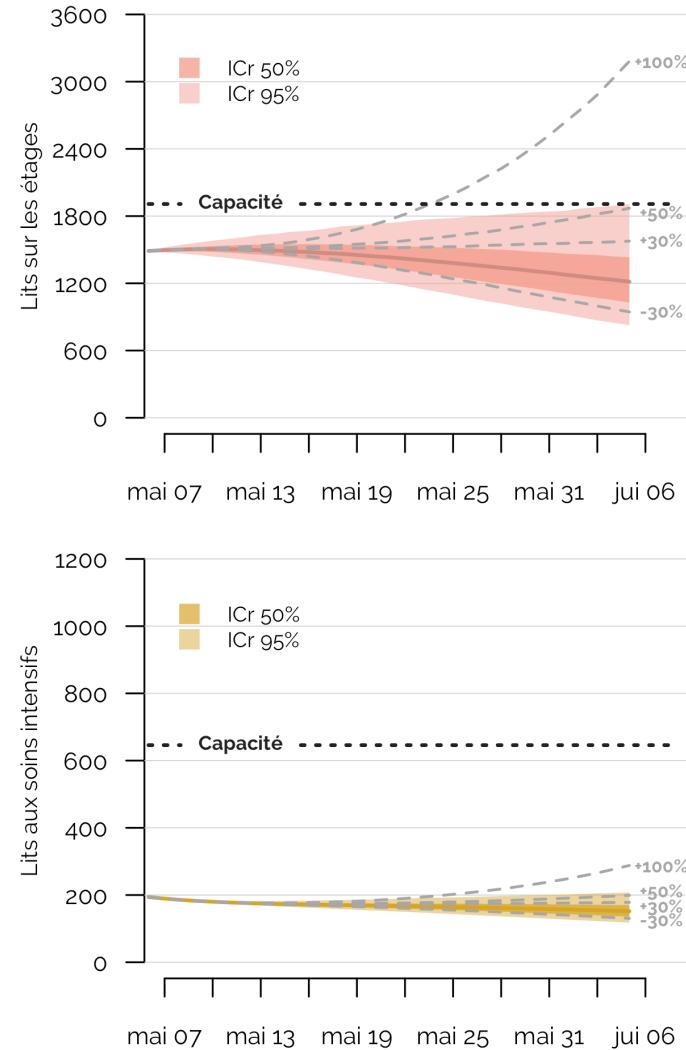
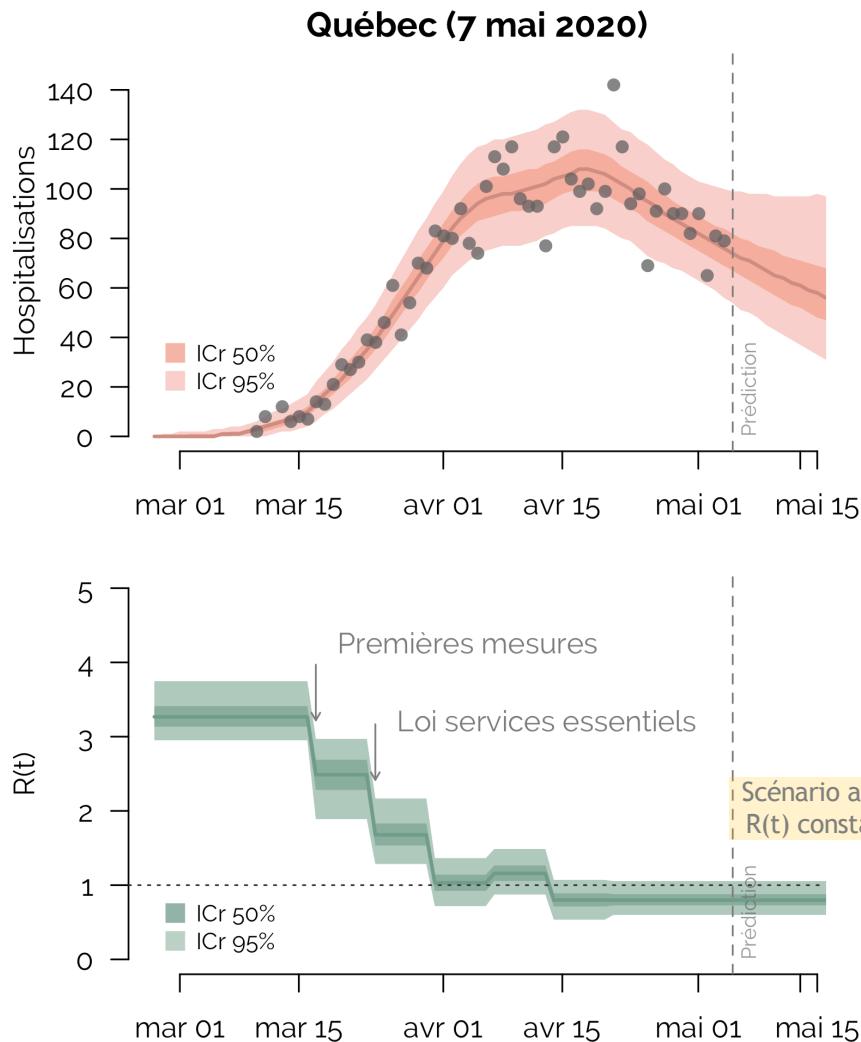
- Dans son ensemble, le Québec ne devrait pas surpasser sa capacité hospitalière en termes d'occupation des lits durant les prochaines semaines.
- Cependant, la situation dans les régions proches de Montréal est préoccupante.
 - Même si le taux de reproduction a diminué, la capacité hospitalière pourrait être surpassée dans la région.
 - Ce risque augmentera selon le degré d'assouplissement et d'observances des mesures de distanciations.
 - Dans un contexte de manque de personnel, la situation est fragile.

Limites

- La méthode de compilation des données hospitalières pourrait sous-estimer les hospitalisations récentes et, par conséquent, le taux de reproduction.

Évolution et besoins (7 mai)

Ensemble du Québec

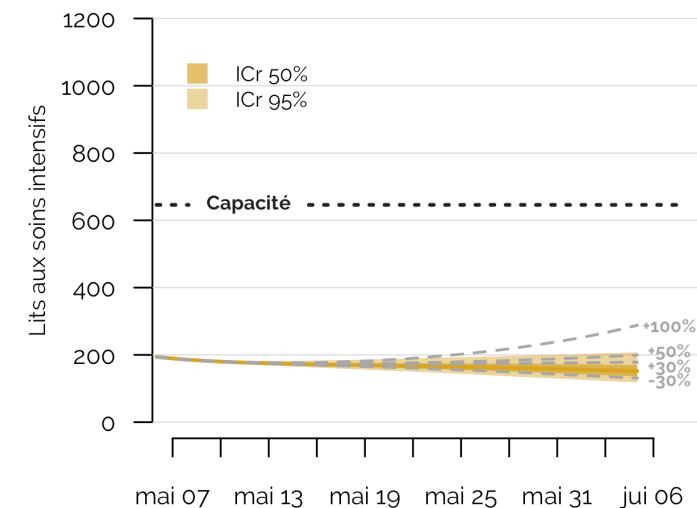
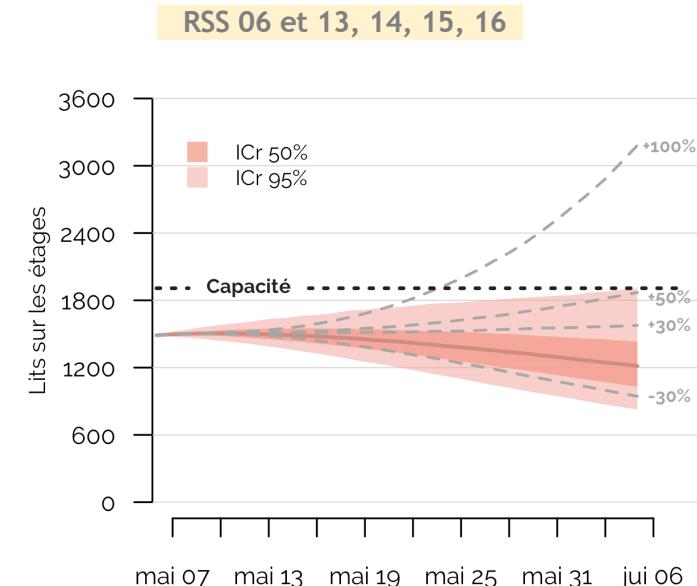
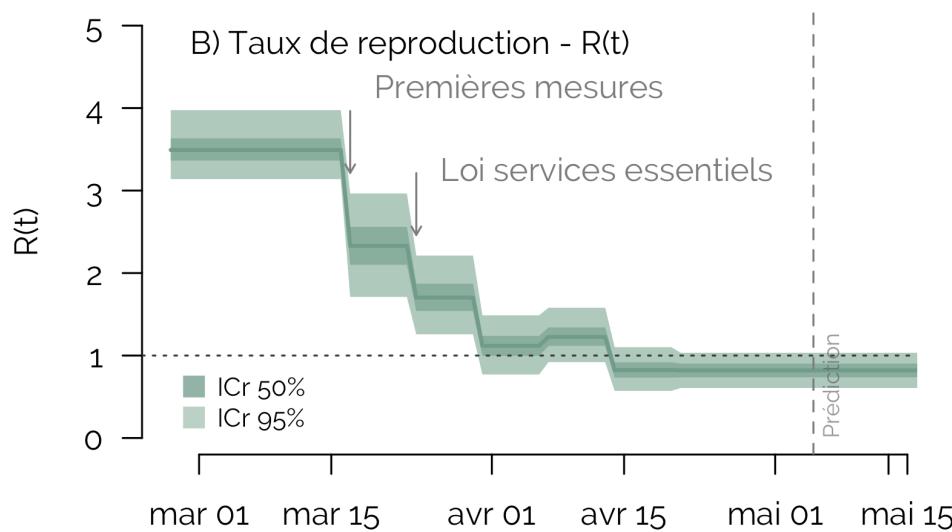
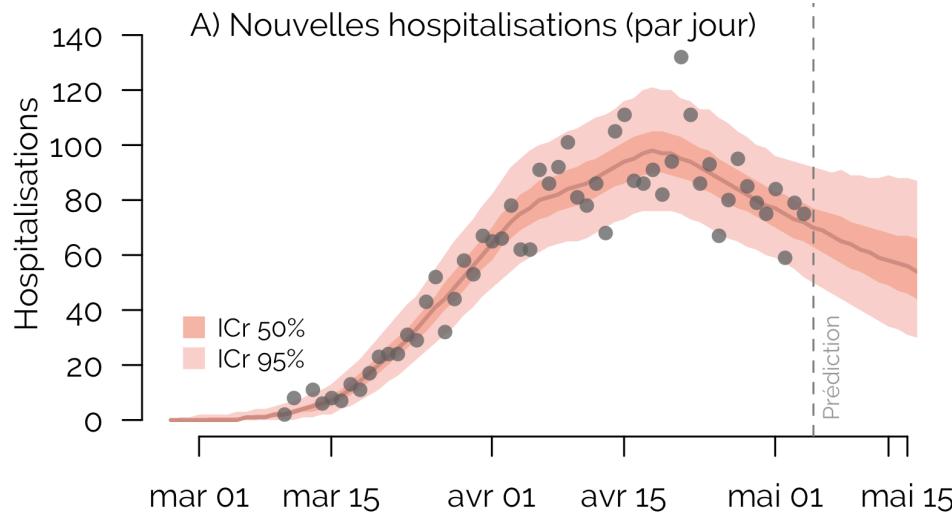


Notes

- Le taux de reproduction semble légèrement inférieur à la valeur unitaire. Les courbes pointillées correspondent à des scénarios où le $R(t)$ serait varierait de -30, +30%, +50% et +100% de sa valeur la plus récente.

Stratification régionale plus fine

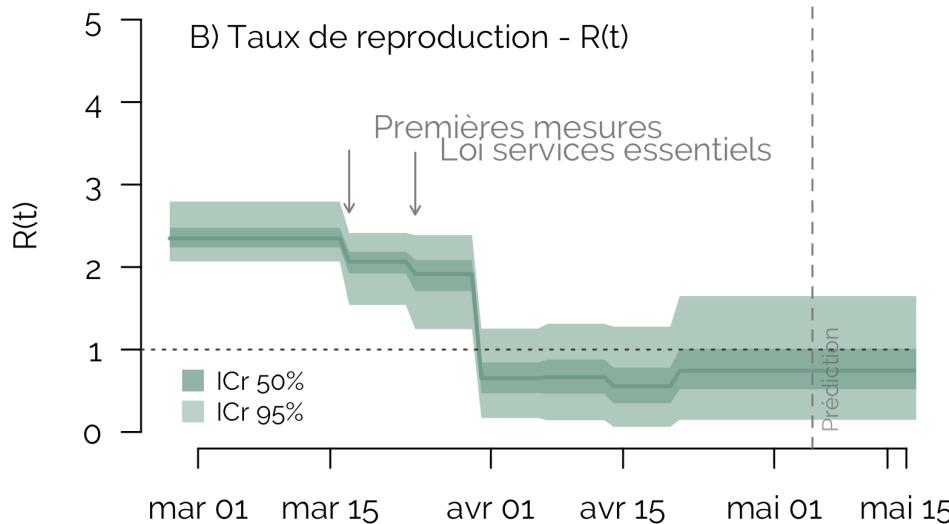
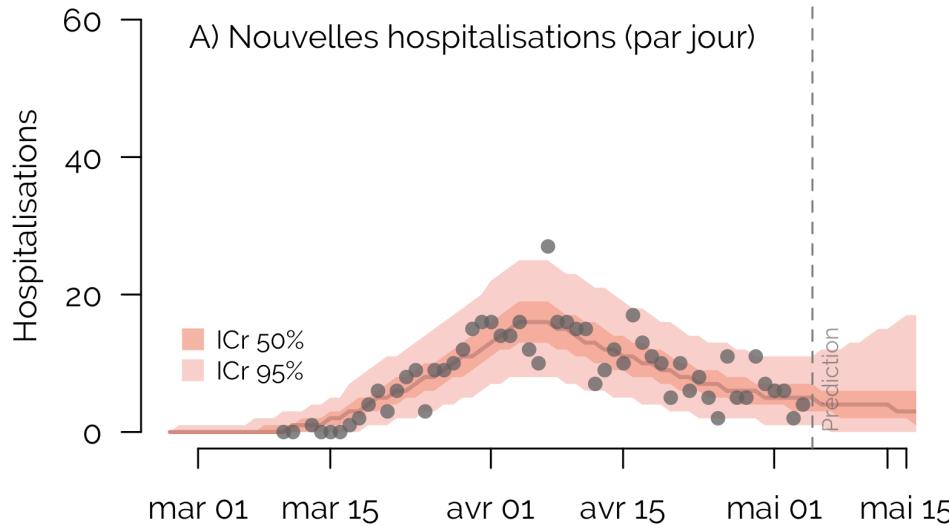
Montréal et régions proches (Zone 1) au 7 mai 2020



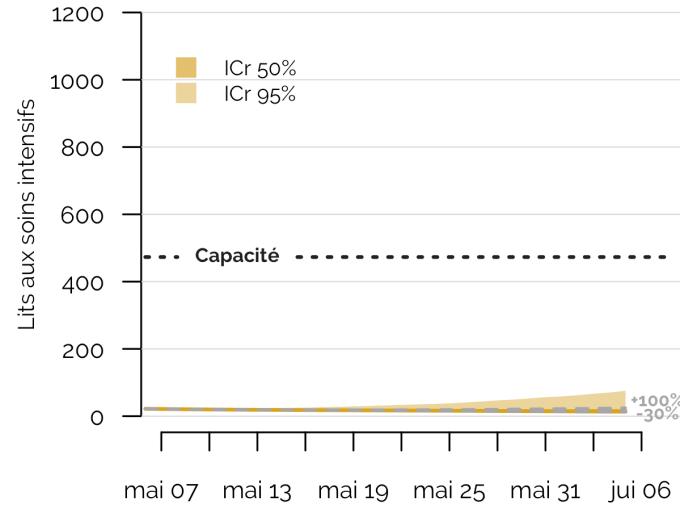
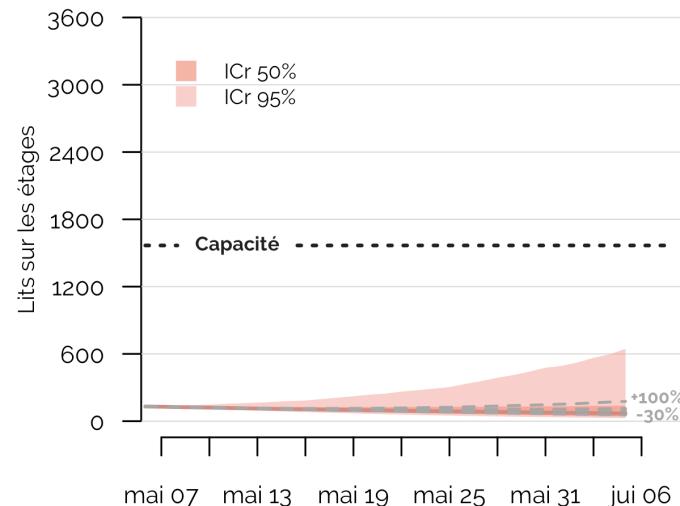
Note: Les modèles régionaux sont sensibles à la qualité des données d'hospitalisation.

Stratification régionale plus fine

Autres régions (Zone 2) au 7 mai 2020



RSS 01, 02, 03, 04, 05, 07, 08, 09, 10, 11, 12, 17



Note: Les modèles régionaux sont sensibles à la qualité des données d'hospitalisation.

Précisions méthodologiques

Approches



Sommaire méthodologique
Description de l'approche

Sommaire méthodologique

Évolution à court terme de l'épidémie et des besoins hospitaliers

Objectif

Suivre l'évolution de l'épidémie de SARS-CoV-2 pour évaluer les besoin en ressources de soins de santé.

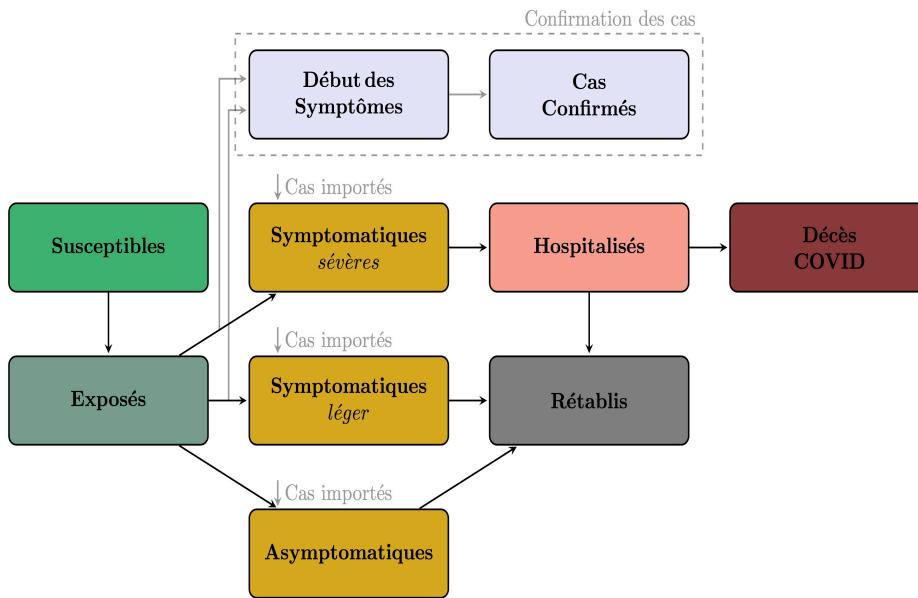
Résumé méthodologique

1^{ère} étape: Un modèle de transmission du COVID-19 a été développé et calibré aux données de vigie épidémiologique pour prédire quotidiennement le nombre de nouvelles hospitalisations.

2^e étape: Les trajectoires d'utilisation des soins sont modélisées afin d'évaluer à court terme les besoins en ressources hospitalières (basé sur les prédictions ci-haut) .

1 Modèle de transmission de type SEIR

Estimer le $R(t)$ et prédire nouvelles admissions



Modèle semi-mécanistique
L'impact des interventions est capturé indirectement à l'aide d'un taux de reproduction $R(t)$ qui varie dans le temps.

Permet

- D'estimer l'impact des interventions passées et de faire des projections.
- D'élaborer des scénarios en variant le $R(t)$.

Taux de reproduction $R(t)$

Le nombre moyen de transmissions secondaires par personne infectée.

2

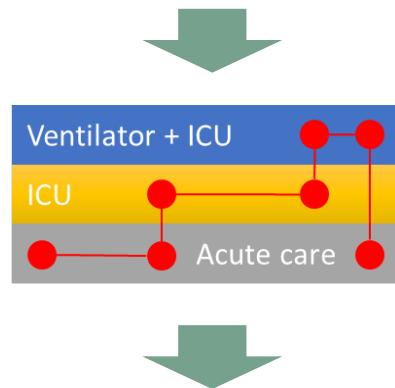
Modèle de demande des ressources

Prédire les besoins en ressources

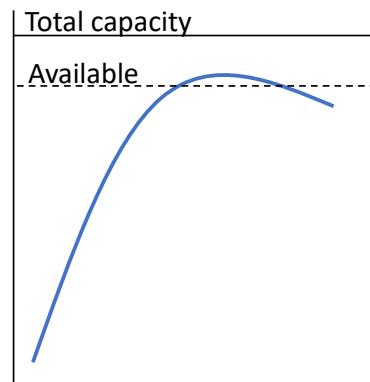
Admissions passées
(observations) et
futures (du modèle
transmission)

Day	Arrivals
2/27	3
2/2	13
...	...
6/	

Trajectoires
d'utilisation



Estimation de
la demande en
ressources



Modèle de Markov
les trajectoires d'utilisations
des soins pour les personnes
atteintes de COVID-19
nouvellement admises en
centres hospitaliers.

Permet

- Une estimation de l'utilisation des ressources sur un horizon de 4 semaines.
- D'examiner l'impact de différentes politiques d'utilisation des ressources.

Avantages et limites

Un outil pour suivre l'épidémie et anticiper les besoins

Limites

- Les séries temporelles sont courtes (incertitude).
- Le modèle reflète principalement la transmission hors CHSLD.
- Nos résultats dépendent de la qualité des données de vigie épidémiologique et sont sensibles à leur qualité.

Avantages

- Modèle simple requérant peu de données mais assez flexible pour en intégrer de nouvelles.
- Possibilité d'explorer divers scénarios et politiques d'utilisation des ressources ainsi que des projections plus détaillées.
- Résultats mis à jour régulièrement.

Précisions méthodologiques

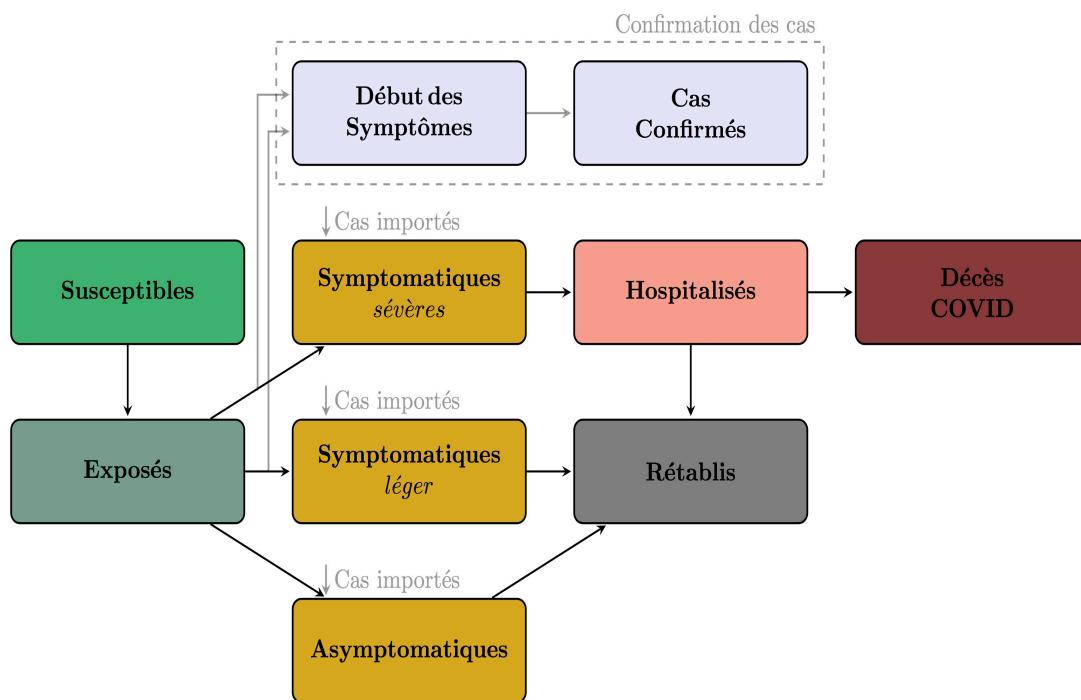
Équations, paramètres et statistiques

Modèle de transmission du COVID-19
Étape ①

Précisions méthodologiques

Schéma du modèle mathématique

Diagramme du modèle



Force d'infection

Cette quantité est calculée comme suit:

$$\lambda_t = \beta_t \times S_t \times \frac{I_s + I_l + I_a}{N}$$

où β_t est le taux de contact; S_t le nombre de personne susceptible; I_s , I_l , et I_a sont le nombre de personnes infectieuses avec symptômes sévères, légers et asymptomatiques, respectivement.

Note

- La force d'infection est le taux per capita auquel les individus susceptibles acquièrent l'infection.
- Le nombre de cas importés ($Z(t)$) provient du V10.
- Les périodes de latence et d'infectiosité suivent des distributions d'Erlang-2.
- Un algorithme de Euler avec un pas de temps de 1.2 heures est utilisé pour résoudre numériquement le système d'équations différentielles.

Précisions méthodologiques

Principaux paramètres du modèle

Table 1. Liste des paramètres du modèle

Paramètres	Symboles	Valeurs	Références
Taux de transmission	$\beta(t)$	Calibré	Non-applicable
Durée de la période d'incubation	$1 / \varepsilon$	5.2 jours	[1]
Proportion d'infections symptomatiques	κ_s	82%	[2]
Proportion d'infections symptomatiques requérant une hospitalisation (sévère)	κ_h	6.1% / κ_s	[3]*
Durée de la période infectieuse (communauté)	$1/\sigma_c$	5 jours	[4]
Durée de l'hospitalisation	$1/\sigma_d$	18.8 - $1/\sigma_c$ jours	[3]
Proportion des hospitalisations qui vont décéder	μ	1.3% / ($\kappa_s * \kappa_h$)	[3]*
Délai entre l'apparition des symptômes et le dépistage	$1/\pi$	2.5 jours	Prémissé
Proportion des cas symptomatiques qui seront dépistée	$\omega(t)$	60%	Prémissé

*Paramètres standardisées à la distribution d'âge du Québec.

1. Li Q, Guan X, Wu P, Wang X, Zhou L, Tong Y, et al. Early Transmission Dynamics in Wuhan, China, of Novel Coronavirus-Infected Pneumonia. *N Engl J Med* 2020; 382(13):1199-1207.
2. Mizumoto K, Kagaya K, Zarebski A, Chowell G. Estimating the asymptomatic proportion of coronavirus disease 2019 (COVID-19) cases on board the Diamond Princess cruise ship, Yokohama, Japan, 2020. *Euro Surveill* 2020; 25(10).
3. Verity R, Okell LC, Dorigatti I, Winskill P, Whittaker C, Imai N, et al. Estimates of the severity of coronavirus disease 2019: a model-based analysis. *Lancet Infect Dis* 2020.
4. Davies N, Kucharski A, Eggo R, Gimma A, CMMID COVID-19 Working Group, Edmunds W. The effect of non-pharmaceutical interventions on COVID-19 cases, deaths and demand for hospital services in the UK: a modelling study. In: Centre for Mathematical Modelling of Infectious Diseases, LSHTM; 2020.

Calibration aux données

Sources des données

Nombre de cas confirmés

- Ces données ne sont pas utilisées pour le moment en raison des variations importantes des critères d'éligibilité et des efforts de dépistage.

Nombre d'hospitalisations journalier

- Données MED-ECHO et GESTRED.
 - Les transferts provenant des CHSLD ne sont pas pris en compte pour calculer le $R(t)$. Cependant, le modèle de projections des hospitalisations comptabilise les transferts passés.

Nombre de décès par jour

- Ces données ne sont pas utilisées.

Note

- Les données d'hospitalisation des 2 derniers journées sont exclues des calibrations.

Calibration aux données

Cadre Bayésien - fonction de vraisemblance

Fonction de vraisemblance

Le nombre observé de nouvelles hospitalisations ($Hosp_t$) au temps t suit une loi binomial négative :

$$Hosp_t \sim NB\left(H_t, H_t + \frac{H_t^2}{r}\right)$$

où H_t est le nombre d'hospitalisations prédit par le modèle et r est le paramètre de « *sur-dispersion* ». Pour ce dernier, une distribution gamma est utilisée :

$$r \sim Gamma(10, 0.01)$$

Note

- Le modèle peut facilement être calibré aux autres types de données épidémiologiques. Par exemple, à de futures enquêtes de séroprévalence.

Calibration aux données

Cadre Bayésien - distributions *a priori*

Distributions *a priori*

- Le nombre d'individus infectieux au début de la simulation (28 février 2020) est entre 1 et 30.

$$Z_{t=0} \sim Uniform(1, 30)$$

- Le paramètre de transmission $R(t)$ au début de l'épidémie correspond à un R_0 de 2.2 (95%CI: 1.2-4.0).

$$\log(\beta_{t=0}) \sim Normal(\log(2.2/\sigma_c), 0.3)$$

- Les facteurs de réduction de la transmission, s'appliquant sur une période de 7 jours, prennent une valeur entre 0 et 1 :

$$\begin{aligned}\beta_t &= \beta_{t=0} \times impact_t \\ impact_t &\sim Uniform(0, 1)\end{aligned}$$

Calibration aux données

Cadre Bayésien - Inférences statistiques

Procédure d'estimation

- Le modèle est calibré aux données en utilisant des méthodes de *Monte-Carlo par chaînes de Markov*.
- Ces méthodes permettent d'obtenir des échantillons de la distribution postérieure du vecteur de paramètres. L'avantage de l'utilisation de méthodes Bayésiennes est la propagation efficace de l'incertitude aux résultats.
- La librairie *Nimble* de R est utilisé. Des algorithmes adaptatifs de marche aléatoire de type *Metropolis-Hastings* et *Automated Factor Slice Sampling* permettent une bonne convergence des chaînes.

Note

- Un total de 8 chaînes MCMC de 30,000 itérations sont utilisées (warm-up de 2,500 et intervalle d'éclaircissement de 20). L'examen des chaînes permet de s'assurer de la convergence de l'algorithme.

Indicateurs

Détails des calculs

Taux de reproduction $R(t)$

- Le taux de reproduction est calculé à partir des distributions postérieure des taux de contacts estimés.

$$R_t = \frac{\beta_t \times impact_t}{\sigma_c}$$

- Les intervalles de crédibilité à 50% et 95% correspondent au 25^e et 75^e et au 2.5^e et 97.5^e percentiles de la distribution postérieur du $R(t)$.

Précisions méthodologiques

Équations, paramètres et statistiques



Modélisation des besoins en ressources hospitalières
Étape ②

Modélisation des trajectoires

Modèle de Markov - indices et états

Indices

- I états de Markov (besoin courant en ressources)
- J états de Markov (besoin en ressources après la transition)
- T jours de la simulation ($t = 1, \dots, T$)

États (niveau des besoins en ressources)

1. Lits en soins actif avant les soins intensifs (SI) (actifs 1)
2. Aux SI
3. Aux SI et ventilé
4. Lits en soins actif avant les SI (actifs 2)
5. Congé hospitalier
6. Décès

Modélisation des trajectoires

Modèle de Markov - intrants, paramètres et indicateurs

Intrants

- n^0 , un vecteur avec la distribution initiale de longueur I pour laquelle n^0_i est le nombre d'individus nécessitant i .
- A , une matrice de dimension $I \times T$ qui décrit les nouvelles admissions en centre hospitalier et nécessitant des ressources spécifique (obtenu du modèle de transmission).

Paramètres

- P^* , est une matrice de transition de dimensions $I \times J$ où $p_{i,j}^*$ est la probabilité de transition (par jour) de l'état i à l'état j , conditionnellement à son état actuel (diapo suivante).

Indicateurs

- N , est une matrice $I \times T$ contentant le nombre d'individus nécessitant les ressources de l'état i au jour t .

Précisions méthodologiques

Transitions et précisions

P_{ij}^* - Transitions au prochain état en fonction de l'état actuel

$P_{i,j}^*$	1 (actifs 1)	2 (SI)	3 (SI + respirateur)	4 (actifs 2)	5 (congé)	6 (décès)
1 (actifs 1)	$p_{1,1}^*$	$p_{1,2}^*$	$p_{1,3}^*$	0	$p_{1,5}^*$	$p_{1,6}^*$
2 (SI)	0	$p_{2,2}^*$	0	$p_{2,4}^*$	$p_{2,5}^*$	$p_{2,6}^*$
3 (SI + respirateur)	0	0	$p_{3,3}^*$	$p_{3,4}^*$	$p_{3,5}^*$	$p_{3,6}^*$
4 (actifs 2)	0	0	0	$p_{4,4}^*$	$p_{4,5}^*$	$p_{4,6}^*$
5 (congé)	0	0	0	0	1	0
6 (décès)	0	0	0	0	0	1

Notes

- Les décès et les congés sont des états “absorbants”.
- Les personnes hospitalisées requerront des SI avec ou sans ventilation et ne transitionnent pas entre ces états (les données actuelles ne permettant pas un suivi longitudinal de l'utilisation des respirateurs).
- Les individus ne peuvent pas passer du stade de soins actifs 1 (état 1) au stade de soins actifs 2 (état 4).
- Les probabilités de transition ($p_{i,j}^*$) sont estimées à partir de données hospitalières (MED-ECHO Live).

Équipes et collaborations

U McGill, U Laval, INESSS et INSPQ



Collaborateurs

Équipes de modélisation

Université McGill

Mathieu Maheu-Giroux et David Buckeridge

Alexandra Schmidt

Dimitra Panagiotoglou

Nicole Basta

Arnaud Godin

Yiqing Xia

Dirk Douwes-Schultz

Alton Russell

Maxime Lavigne

Yannan Shen

Aman Verma

Collaborateurs à l'Université Laval

Marc Brisson, Guillaume Gingras, Mélanie Drolet

Contexte

Travaux réalisés dans le cadre d'un mandat confié par l'INESSS, avec la collaboration d'une équipe constituée de scientifiques de l'INESSS et de l'INSPQ.

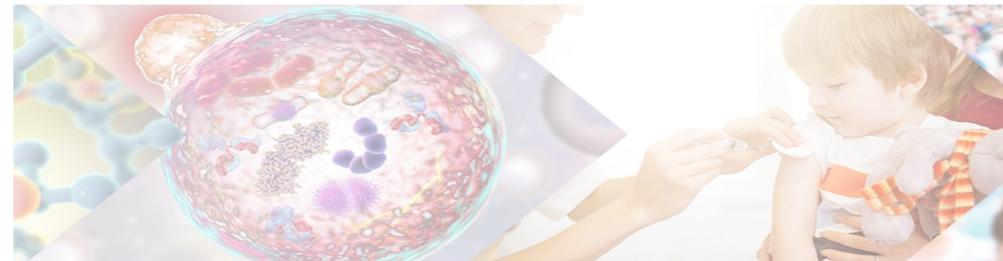
<https://www.inspq.qc.ca/covid-19/donnees/projections/hospitalisation>

Remerciements

Soutien financier

Université McGill

M[i]⁴ Initiative interdisciplinaire en infection et immunité



M[i]⁴ Interdisciplinary Initiative in
Infection and Immunity



Chaires
de recherche
du Canada

Canada
Research
Chairs

Canada