

SFM Webinar COVID-19, 22 Septembre 2020

Phylodynamique et modélisation de l'épidémie à SARS-CoV-2 : comprendre, décrire et prévoir

Samuel Alizon

samuel.alizon@cnrs.fr

DR, CNRS, IRD, Université de Montpellier

Résumé

De par sa soudaineté et l'absence de solutions pharmaceutiques, l'épidémie de COVID-19 a mis sur le devant de la scène les approches de modélisation mathématique et statistique. En début d'épidémie, quand les connaissances étaient très limitées, notre équipe a appliqué des modèles simples de croissance exponentielle afin d'estimer des grandeurs telles que le temps de doublement de l'épidémie ou le nombre de reproduction de base (R_0). Grâce aux approches de phylodynamique, l'information contenue dans les séquences des génomes viraux nous a aussi permis d'accéder à des informations similaires, et même à des détails supplémentaires concernant la structure géographique de l'épidémie ou le nombre de jours entre le moment où une personne est infectée et le moment où elle en infecte une autre. Au fur et à mesure que les connaissances se sont accumulées, nous avons pu élaborer des modèles plus mécanistiques, permettant de faire de prévisions plus fine quant à l'occupation du nombre de lits en réanimation. Ces modèles nous fournissent un regard rétrospectif sur l'épidémie, qui montre ainsi que la croissance était sous contrôle jusque début juillet, nous informent sur son état actuel et nous permettent d'explorer des scénarios prospectifs pour guider les politiques de santé publique. Ces travaux sont disponibles sur le site <https://clicktime.symantec.com/37zffEkYgkDs6ootmj1H2BT6H2?u=http%3A%2F%2F covid-ete.ouvaton.org%2F>