



Une nouvelle approche au traçage numérique des contacts (application COVI au Québec)

Tegan Maharaj¹ et Yoshua Bengio²

Le traçage manuel des contacts est l'une des principales méthodes de gestion d'une épidémie. Lorsqu'un cas positif d'une maladie est identifié, ce processus nécessite qu'un responsable de la santé publique demande au patient de se rappeler tous les contacts qu'il a eus avec d'autres personnes. Le responsable tente ensuite de joindre chaque personne à risque pour l'avertir de s'isoler afin de réduire le risque de propagation de la maladie. Ce type de traçage manuel des contacts a été un élément crucial de la stratégie de santé publique de nombreux pays dans leurs efforts pour endiguer la COVID-19. Toutefois, l'ampleur de la pandémie dépasse parfois les ressources des responsables de traçage manuel. C'est une des raisons pour lesquelles le traçage numérique des contacts (TNC), qui envoie un message à un autre téléphone par l'entremise d'un protocole de messagerie protégée, a été étudié comme outil complémentaire à la méthode manuelle standard de traçage pouvant s'adapter à de vastes populations et à un grand nombre de cas. La méthode standard de traçage numérique repose sur des résultats diagnostics binaires (positifs ou négatifs) envoyés sous forme de messages sécurisés et anonymes entre téléphones intelligents pour ensuite fournir des recommandations binaires (mise en quarantaine ou pas).

COVI est une application mobile qui a été créée par une équipe de recherche interdisciplinaire dirigée par Yoshua Bengio de l'université de Montréal. COVI (cf. fi-

1. Docteur en informatique, école Polytechnique de Montréal.

2. Professeur en informatique à l'université de Montréal et récipiendaire du prix ACM Turing en 2019, yoshua.bengio@mila.quebec.

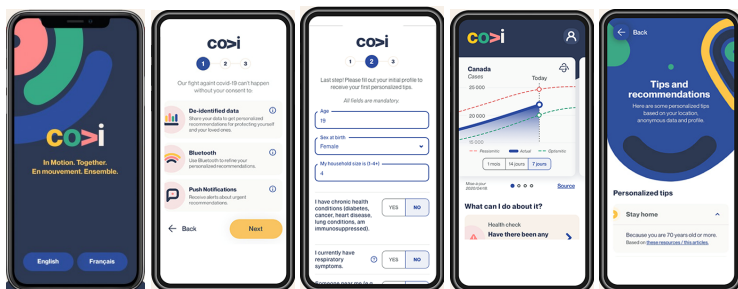


FIGURE 1. Application COVI au Québec.

gure 1) est une application de traçage numérique basée sur une approche novatrice qualifiée de traçage *proactif* des contacts. Ce nouveau type de traçage diffère du traçage binaire des contacts de deux façons importantes. Premièrement, il fait appel à de nombreuses sources d'information autres que les résultats positifs ou négatifs des tests (y compris les problèmes de santé préexistants, les symptômes déclarés par l'utilisateur et les habitudes de contacts répétés) afin de prédire le risque individuel d'infection par la COVID-19. Deuxièmement, grâce à ces sources d'information plus riches, il est en mesure de faire des recommandations graduées (non binaires) et personnalisées.

En formulant ces recommandations plus nuancées et plus ciblées de manière graduée et plus tôt, le traçage proactif des contacts devrait permettre d'atteindre le même endiguement de la propagation de la maladie avec moins de restrictions sur les activités habituelles des citoyens. Cela représente un potentiel important en matière de santé publique, dans la mesure où la propagation de la maladie pourrait être minimisée en sauvant davantage de vies. Ainsi, il serait moins nécessaire de recourir à un confinement total, qui a des retombées importantes sur l'économie et sur le bien-être et la santé mentale des citoyens.

Les applications de traçage numérique sont plus efficaces lorsque le taux d'adoption (la proportion de la population qui utilise l'application) est plus élevé. COVI n'est actuellement pas disponible en tant qu'application autonome, car les *App Stores* limitent les applications de traçage des contacts à celles sanctionnées par les gouvernements nationaux afin d'encourager une plus grande adoption. Cependant, le développement de COVI est désormais finalisé et l'application est prête à l'utilisation. Les codes et modèles pour le traçage proactif des contacts ont été examinés par des pairs de la communauté scientifique et sont disponibles en code source ouvert³, de sorte qu'ils pourraient être intégrés à toute application de traçage existante.

3. <https://github.com/mila-iqua/COVI-Mobile>.

Nous décrivons d'abord l'application du point de vue de l'utilisateur, puis son fonctionnement, notamment la manière dont les messages échangés entre les téléphones restent sécurisés et anonymes, et les raisons pour lesquelles l'utilisation de l'apprentissage automatique fait en sorte que les informations personnelles sensibles de l'utilisateur n'aient jamais besoin de quitter son téléphone. Nous décrivons ensuite le simulateur que l'équipe COVI a construit pour développer et évaluer les algorithmes de traçage des contacts proactifs, et détaillons deux algorithmes proactifs différents : une heuristique basée sur des règles et un prédicteur basé sur l'apprentissage automatique. Nous résumons les expériences que l'équipe COVI a menées en comparant ces méthodes et d'autres méthodes de traçage numérique des contacts, qui montrent le potentiel du traçage proactif des contacts pour réduire la propagation de la maladie avec des mesures moins restrictives. Nous concluons par une réflexion sur l'avenir du traçage numérique des contacts et sur le rôle que les méthodes proactives pourraient jouer dans la gestion des épidémies.

Utilisation de l'application COVI

Existe-t-il un visuel de l'application ? Lorsque vous ouvrez l'application pour la première fois, il vous sera demandé de fournir certaines informations sur vos antécédents médicaux (par exemple, votre âge, vos conditions médicales préexistantes) et vos symptômes actuels, le cas échéant. La saisie de ces informations est volontaire et n'est pas obligatoire pour utiliser l'application, mais leur fourniture améliorera l'exactitude des recommandations personnalisées. En raison du mode de fonctionnement du traçage proactif des contacts (tel que décrit ci-après dans la section expliquant l'entraînement du réseau neuronal), aucune de ces données n'a à quitter l'appareil de l'utilisateur. La seule information échangée entre les téléphones est un niveau de risque anonymisé et non traçable au téléphone de l'utilisateur. Les utilisateurs participant ont le choix de consentir ou pas à envoyer une version anonymisée et cryptée de leurs données qui seront conservées sur un serveur sécurisé doté de protections adéquates, où elles seront utilisées pour améliorer la précision du traçage proactif des contacts. Cette démarche est entièrement volontaire et n'est pas obligatoire pour utiliser l'application.

Après avoir configuré ces préférences, l'application fournit des informations générales sur la COVID-19 et des ressources pour votre région, ainsi que des recommandations personnalisées. Vous pouvez consulter l'application aussi souvent que vous le souhaitez, mais il n'est pas nécessaire de la garder ouverte pour qu'elle fonctionne. Vous recevrez une notification si les recommandations changent, que ce soit en raison de nouvelles politiques gouvernementales, de recommandations générales pour votre région ou de prédictions faites à partir de la recherche de contacts. À tout moment, si vous ressentez des symptômes ou obtenez des résultats de tests, vous devez les entrer dans l'application pour obtenir des recommandations actualisées et pour permettre une estimation précise des risques.

La messagerie anonyme entre les téléphones

Lorsque deux téléphones munis de l'application se trouvent à moins de deux mètres l'un de l'autre pendant 15 minutes, un contact est enregistré. Dans ce cas, les téléphones échangent des clés sécurisées via Bluetooth que les téléphones peuvent utiliser plus tard pour envoyer des mises à jour sécurisées sur le niveau de risque de ce contact. Ce niveau de risque se traduit par une recommandation personnalisée provenant du téléphone, qui aide à prévenir la propagation de la maladie (par exemple, éviter de faire les courses aujourd'hui). Le format exact du message et la sécurité de la communication dépendent du protocole de communication. Bien que COVI puisse être utilisée avec n'importe quel protocole de communication, incluant celui développé dans le cadre d'un partenariat entre Google et Apple intitulé *Google/Apple Exposure Notification* (GAEN). Il est important de noter que pour garantir la protection de la vie privée et la sécurité des utilisateurs, ces messages sont quantifiés selon une précision de 4 bits, ce qui donne 16 niveaux de risque possibles. L'échange de clé chiffrée est valide pour une période de 14 jours. Tout changement de niveau de risque pendant cette période déclenche un message de mise à jour du risque sécurisé pour toutes les clés valides, couvrant les 14 derniers jours. Par souci de confidentialité avant qu'un message quitte le téléphone d'un utilisateur, l'application émet des lots de données chiffrées à intervalles périodiques, soit quatre fois par jour.

Le calcul des niveaux de risque

Avec le traçage proactif des contacts, le risque correspond à l'infectiosité prédite (la probabilité qu'une personne infecte d'autres personnes). Ce calcul est prédit localement sur votre téléphone par un réseau de neurones pré-entraîné. Afin de faire des prévisions d'infectiosité, ce réseau neuronal recueille des informations sur les conditions médicales préexistantes, les symptômes déclarés par l'utilisateur, les habitudes de contacts répétés et les messages de mise à jour des risques des 14 derniers jours. En mettant à jour les prévisions pour les jours passés à partir de nouvelles informations, les recommandations peuvent être proactives (donc basées sur une prédiction du risque), plutôt que réactives (tels que le sont les traçages manuels et binaires). Toujours à partir du téléphone de l'utilisateur, l'infectiosité prédite est convertie en un niveau de risque. Si ce niveau de risque diffère de celui calculé à la fin du dernier intervalle, un message de mise à jour avec le nouveau niveau de risque est transmis à toutes les clés chiffrées avec lesquelles l'utilisateur a été en contact.

Comment le réseau neuronal est-il entraîné ?

Le réseau de prévision de l'infectiosité est formé hors-ligne sur des données simulées par un modèle épidémiologique. Afin de générer des données d'entraînement de haute fidélité, nous avons collaboré avec des épidémiologistes de premier plan pour mettre au point un simulateur détaillé que nous appelons COVI-AgentSim⁴,

4. <https://github.com/mila-iaiqia/COVI-AgentSim>

décrit ci-dessous. L'objectif est de générer des données qui ressemblent à celles que nous obtiendrons à partir d'une application de gestion des risques de la COVID-19, qui suit les symptômes et les contacts potentiellement risqués des personnes avec une conception privilégiant le respect de la vie privée. Avec les échantillons générés par le simulateur, nous disposons de l'information complète sur l'état de l'infection et les événements de contagion qui sont importants pour comprendre et prédire la propagation de la maladie, et ce, pour chaque agent (humain simulé) dans la simulation. Grâce à ces données, nous pouvons entraîner les modèles d'apprentissage automatique à prédire des variables non observées comme l'état d'infection, les événements de contagion, etc., à partir de variables observées comme les symptômes, les conditions préexistantes et les rencontres avec d'autres personnes utilisant l'application. En formant un prédicteur initial sur des données simulées qui incorporent des connaissances épidémiologiques et les contraintes probabilistes associées, nous sommes en mesure d'avoir des prédicteurs de risque plus précis que ce qui aurait pu être obtenu par un apprentissage sur des données réelles uniquement, tout en respectant la vie privée des personnes.

Le simulateur COVI-AgentSim

Le simulateur de notre application s'inspire d'un modèle basé sur les agents, classique en épidémiologie et écologie. Il diffère des modèles basés sur les populations qui utilisent des équations différentielles uniquement pour modéliser les statistiques de l'infection. Le modèle basé sur les agents simule les caractéristiques et les comportements des individus ; chaque agent représente les aspects ciblés et virtuels d'une personne susceptible d'être infectée et contagieuse, ce qui motive ce choix pour notre projet. Les deux types de modèles peuvent être décrits comme étant des modèles à compartiments s'ils captent l'évolution de la proportion de la population dans un nombre fini d'états possibles⁵. COVI-AgentSim considère les états Susceptible (S), Exposé (E), Infecté et Récupéré (R) du modèle comportemental courant. Le simulateur est développé en Python et basé sur le package Simpy⁶. Une population humaine dont les caractéristiques individuelles suivent des statistiques régionales est créée dans une ville simulée. Chaque individu se déplace selon des trajectoires générées que nous réglons pour qu'elles correspondent aux données démographiques de la région visée. Une partie de ces individus ont la maladie et, lorsqu'ils se déplacent dans la ville (passant du temps dans des lieux comme leur domicile, leur travail, les transports en commun, des commerces, des hôpitaux, des centres de soins de longue durée, etc.), ils peuvent s'infecter les uns les autres, présenter des symptômes, être hospitalisés, et ainsi de suite. Nous suivons la propagation de la maladie au moyen de plusieurs paramètres (le taux de reproduction R , le taux d'atteinte, etc.), que nous réglons pour qu'ils correspondent aux données réelles et aux résultats d'un modèle

5. <https://docs.idmod.org/projects/emod-hiv/en/latest/model-seir.html>.

6. <https://simpy.readthedocs.io/en/latest>.

à compartiments (SEIR) ajusté selon les données provenant de la ville de Wuhan et adapté aux caractéristiques sociodémographiques de la population canadienne. Le simulateur produit des séquences de rencontres entre les agents, accompagnées de renseignements sur la transmission de la maladie. Nous nous servons de ces séquences pour créer un ensemble de données destiné aux modèles d'apprentissage automatique afin de prédire le risque individuel à partir de variables observées, comme les symptômes, les problèmes de santé préexistants et les lieux visités par la personne.

Quelques informations sur le simulateur :

- la ville simulée est dotée d'une structure de graphe pour les lieux — notamment les domiciles, les magasins, les parcs, les hôpitaux (dont les unités de soins intensifs), les centres d'hébergement et les différents modes de transport — tels que la marche, le vélo, le métro et l'autobus, le covoiturage ou le taxi et la voiture. À chaque lieu et à chaque moyen de transport sont associées des propriétés relatives à la capacité et à la transmission de la maladie ;
- toutes les données démographiques et les statistiques paramétrées par région peuvent être définies en fournissant les fichiers de configuration appropriés ; actuellement, le simulateur est configuré pour Montréal au Canada ;
- chaque individu possède des caractéristiques individuelles : âge, sexe, problèmes de santé préexistants, degré de prudence, utilisation ou non de l'application, fréquence du port d'un masque, lieu de travail, etc. Ces caractéristiques sont échantillonnées aléatoirement selon les données démographiques pour le Canada. Les individus sont dotés de caractéristiques épidémiologiques, telles que la charge virale, la contagiosité et la progression des symptômes durant la maladie, qui dépendent de ces caractéristiques individuelles (voir ci-dessous pour plus de précisions) ;
- de nombreux événements se produisent tandis que les individus se déplacent et que le temps passe :
 - une rencontre se produit lorsque deux individus sont suffisamment rapprochés dans l'espace et le temps. Dans le cas du protocole GAEN, cela signifie une distance de 2 mètres pendant 15 minutes. Si l'un des individus est contagieux, il infectera l'autre selon une probabilité proportionnelle à sa contagiosité,
 - si les individus consignent leurs symptômes dans l'application ou obtiennent un résultat positif ou négatif à un test, un nouveau niveau de risque est calculé. Les centres de dépistages présentent une capacité fixe invariable, et les différents types de test ont des taux de faux négatifs différents en fonction du temps, établis à partir de la littérature. Les individus enregistrent leurs symptômes avec des probabilités variables en fonction des caractéristiques individuelles,
 - Les individus peuvent attraper un rhume, une grippe ou des allergies saisonnières, pondérés selon les statistiques régionales enregistrées sur ces

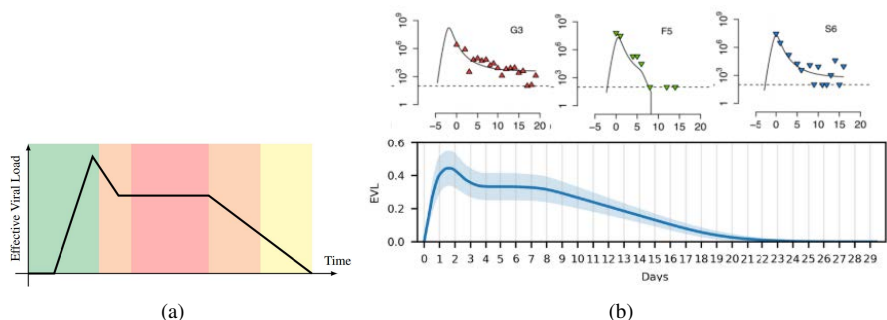


FIGURE 2. Un diagramme schématique des symptômes (a) où les couleurs dénotent la gravité et une courbe réelle (b) moyennée (en bas) avec quelques cas individuels (en haut).

maladies. Il en résulte une répartition plus réaliste des symptômes (car la COVID-19 n'est pas la seule cause de symptômes). De plus, nous ajoutons du bruit (symptômes aléatoires), afin de résister à l'entrée accidentelle de symptômes.

Les détails épidémiologiques

L'horodatage de l'infection désigne le moment précis où un individu est infecté. Les individus peuvent être infectés en fonction d'un lieu (par exemple, si un individu très contagieux s'y trouvait peu de temps auparavant, ou, ce qui est plus probable, lors d'une rencontre avec une autre personne). Nous suivons la source d'exposition pour chaque individu infecté.

La charge virale est la quantité de virus mesurée chez un humain infecté. Sur la base d'études sérologiques qui mesurent cette quantité, nous modélisons une quantité que nous appelons la charge virale effective. Celle-ci saisit l'interaction du virus avec le système immunitaire de l'hôte dans un nombre compris entre 0 et 1 qui représente la sévérité de l'infection actuelle chez la personne. Cette quantité est modélisée en tant que fonction linéaire par morceaux comprenant cinq stades de l'évolution de la maladie : incubation (charge virale effective 0), augmentation, diminution, plateau et rétablissement, illustrés dans la figure 2. Dans cette figure, tous les chiffres sont relatifs aux jours d'incubation (apparition des symptômes), soit en moyenne 5,8 jours après l'exposition :

- l'augmentation commence dès le début de la contagiosité, en moyenne 2,3 jours avant les jours d'incubation, et atteint un pic de 0,7 jour avant les jours d'incubation ;

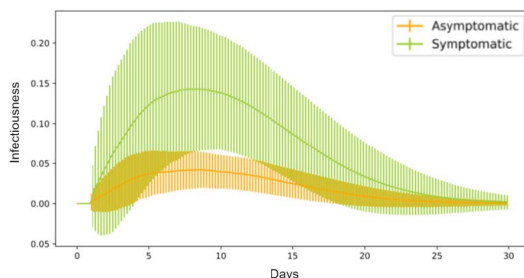


FIGURE 3. Infectiosité moyenne des individus.

- le plateau dure un certain nombre de jours et est échantillonné selon une loi normale ayant pour espérance une durée de 5 jours ;
- la diminution, ou le rétablissement, dure un certain nombre de jours d'incubation et est échantillonné à partir d'une loi normale ayant pour espérance une durée de 14 jours.

La contagiosité est proportionnelle à la charge virale, mais dépend de caractéristiques telles que le fait d'être asymptomatique ou immunodéprimé, ou de porter un masque, de tousser, et ainsi de suite. L'infectiosité moyenne, ventilée par individus symptomatiques et asymptomatiques, est illustrée dans la figure 3. La progression des symptômes est tributaire de la charge virale. Pour chacun des cinq stades de la figure 2(a), les symptômes sont échantillonnés en fonction de leur prévalence moyenne chez les patients atteints de la COVID-19. Les symptômes débutent en moyenne 5,8 jours après l'exposition (jours d'incubation). L'application que nous avons développée modélise environ une vingtaine de symptômes.

Il y a dans le modèle une probabilité d'environ 29 % qu'une personne infectée soit asymptomatique (ce qui réduit sa contagiosité à 10 % de ce qu'elle serait normalement), une probabilité d'environ 15 % (modulée par âge) qu'elle soit très malade (état nécessitant une hospitalisation) et une probabilité d'environ 30 % qu'elle soit extrêmement malade (état nécessitant un séjour aux soins intensifs). Il y a une probabilité de 0,2 % que la personne ne se rétablisse jamais (également modulé par âge). Le simulateur pourrait modéliser la réinfection, mais ne le fait pas pour le moment à cause de l'incertitude qui plane toujours sur la fréquence de ce phénomène. Nous validons plusieurs paramètres à partir de simulations afin de calibrer le simulateur aux données réelles. Les paramètres les plus importants sont résumés dans la figure 4. Les chiffres indiquent une moyenne μ en jours et un écart-type σ , calculé sur 10 tirages aléatoires sur une population de 3 000 habitants. Il faut souligner que ces statistiques sont le résultat de nombreux processus qui se déroulent au sein du modèle épidémiologique. Il n'existe pas de paramètres qui codent spécifiquement

Metric	Simulator $\mu \pm \sigma$	Reference
Incubation	5.505 $\pm$ 0.01	5.807 [34]
Infectiousness onset	3.357 $\pm$ 0.016	2.3 [8]
Recovery	18.886 $\pm$ 0.035	14 [8]
Generation time	4.341 $\pm$ 0.018	3.99 [36]
Daily contacts	16.355 $\pm$ 0.137	13.4 [37]
Presymptomatic transmission	0.563 $\pm$ 0.011	0.44 [8]
Asymptomatic transmission	0.226 $\pm$ 0.004	0.29 [9]

FIGURE 4. Mesures obtenues par le simulateur et leurs valeurs réelles.

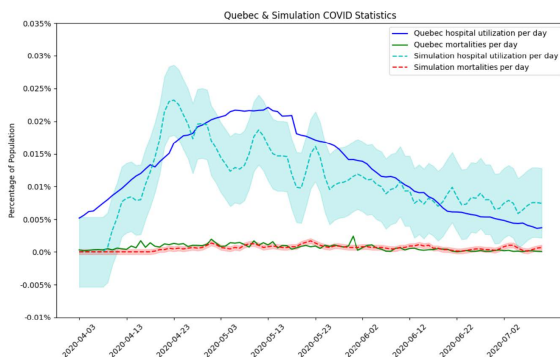


FIGURE 5. Évolutions réelle et simulée du nombre d'admissions en hôpital et du nombre de morts.

ces valeurs. Nous montrons également un ajustement qualitatif aux données réelles des admissions à l'hôpital et du nombre de mortalités par jour dans la figure 5.

Générer les données d'apprentissage à partir du simulateur

Nous utilisons un processus de génération aléatoire pour obtenir un ensemble de données qui représente un degré réaliste de variation entre les paramètres du simulateur. Pour chaque simulation réalisée, les paramètres sont choisis au hasard parmi une portée réaliste et prédéfinie. Cela permet d'utiliser le simulateur pour couvrir une grande variété de paramètres, sans avoir besoin de couvrir de manière exhaustive tous les scénarios possibles, ce qui serait prohibitif en termes de calcul. À partir de cet éventail de données d'apprentissage, les méthodes d'apprentissage automatique sont capables de généraliser (interpoler) très efficacement à travers le domaine d'apprentissage.

Le traçage proactif des contacts : aperçu du modèle prédictif

Le diagramme de la figure 6 donne un aperçu du traçage proactif des contacts (TPC). La partie gauche de la figure présente la transmission de messages anonymes

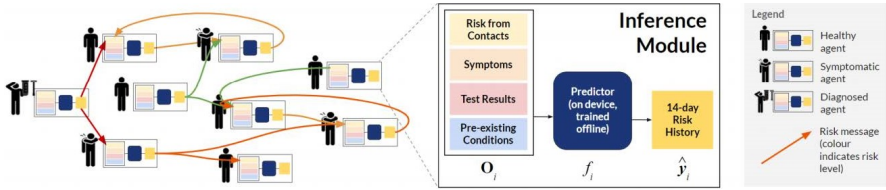


FIGURE 6. Portrait du traçage proactif des contacts.

à risque gradués (non-binaires) entre utilisateurs. L'application de chaque utilisateur contient un module d'inférence (encadré) qui, à partir d'observations O_i et un modèle prédictif f_i pré-entraîné estime le risque d'infection attendue de la personne $\hat{y}_i$ pour chacun des 14 derniers jours. Des éléments anonymes sélectionnés à partir de ce vecteur de risque sont envoyés sous forme de messages aux contacts appropriés, ce qui leur permet de mettre à jour de manière proactive leur propre estimation de l'infectiosité attendue. Le module d'inférence doit prendre en compte un ensemble d'informations (il n'y a pas d'ordre entre les éléments de l'entrée), mais les prévisions ont lieu sur une fenêtre temporelle. Le TPC peut opérer avec n'importe quel réseau neuronal capable de faire face à ces contraintes. Nous expérimentons avec deux sortes de transformateurs à valeur fixe. Nous entraînons le modèle prédictif sur l'ensemble des données randomisées en utilisant une méthode de descente de gradient stochastique pour l'objectif supervisé de la prévision de l'infectiosité. L'entrée comprend des informations mises à jour dynamiquement : les messages de risques et des mises à jour de tous les contacts des 14 derniers jours, les symptômes déclarés que la personne éprouve actuellement, les résultats des tests qu'elle a obtenus, ainsi que des informations statiques sur ses conditions médicales préexistantes, son âge, etc. La cible est l'historique d'infectiosité avec la vérité terrain généré par le simulateur.

Un aspect important de cet entraînement est que les cibles (infectiosité) du modèle prédictif obtenues de la simulation dépendent des prévisions de l'application employée dans la simulation. Pour atténuer les effets de ce changement, nous effectuons plusieurs cycles de ce que nous appelons un réapprentissage itératif.

Comparaison des méthodes de traçage numérique des contacts

Nous comparons les modèles de réseaux neuronaux profonds à une simple régression linéaire sur les mêmes entrées. Cette comparaison révèle que les interactions non linéaires entre caractéristiques sont essentielles à la réalisation de bonnes prévisions.

Afin de déterminer si l'on pourrait obtenir une version plus simple de l'application qui ne nécessite pas d'ajustement aux données (et donc ne nécessiterait pas de

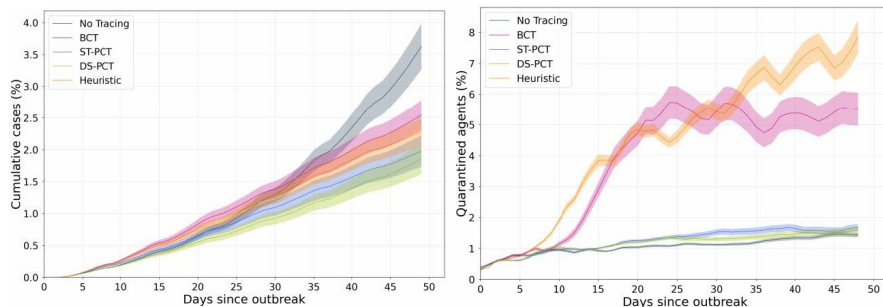


FIGURE 7. À gauche, le nombre cumulé de cas pour chaque méthode ; à droite, les restrictions de déplacement pour les mêmes expériences (une fraction des quarantaines).

recueillir de données des téléphones pour améliorer l'application), nous avons développé une méthode heuristique fondée sur des règles. Le TPC avec apprentissage profond dépasse les méthodes fondées sur la régression linéaire et heuristique, mais l'heuristique fournit une base de référence étonnamment forte. Il est donc susceptible de se révéler utile pour un premier déploiement avant que suffisamment de données aient été recueillies ou pour éviter les coûts d'une infrastructure de ré-entraînement régulier des modèles.

La figure 7 montre les résultats quantitatifs du nombre de cas en fonction du temps en nombre de jours. L'absence de traçage (méthode la plus élevée au bout de 50 jours sur le graphique de gauche) est le scénario où aucun membre de la population ne dispose d'une méthode de traçage numérique des contacts, mais où la plupart des individus suivent les directives de mise en quarantaine lorsqu'ils obtiennent un résultat de test positif. Nous constatons que toutes les applications de traçage numérique peuvent faire mieux. Les méthodes proactives basées sur les réseaux neuronaux profonds (ST-PCT et DS-PCT) sont capables de réaliser cette diminution tout en imposant très peu de restrictions de déplacement (graphique de droite), voire à être proche du cas sans traçage (*No tracing*).

Le graphique de la figure 8 illustre le taux de reproduction R pour chaque méthode de traçage. On constate que toutes les méthodes de TNC sont capables de réduire le taux R en dessous de 1 (c'est-à-dire qu'elles permettraient à terme de freiner la propagation de la maladie), mais les méthodes ST-PCT et DS-PCT basées sur l'apprentissage profond sont les plus efficaces.

Le fait que les applications numériques de recherche des contacts ne soient efficaces qu'avec un grand nombre d'utilisateurs suscite de vives inquiétudes de la part des utilisateurs. Cependant, plusieurs études ont maintenant démontré le contraire,

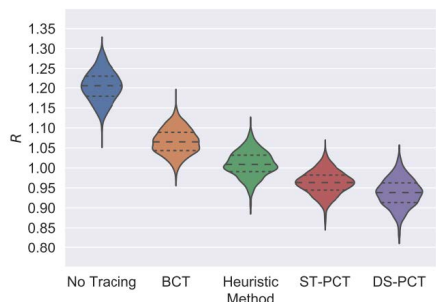


FIGURE 8. Indice de reproduction pour chaque méthode de traçage.

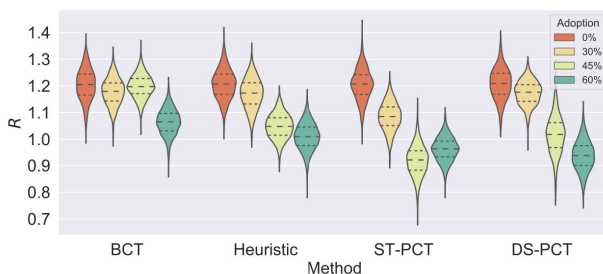


FIGURE 9. Analyse du taux d'adoption par les individus pour chaque méthode de traçage.

à savoir que les applications de traçage de contact numérique peuvent être utiles et sauver des vies même à des taux d'adoption faibles.

Nous avons effectué une analyse de la sensibilité des différentes méthodes au taux d'adoption, et nos résultats (cf. figure 9) confirment les conclusions des études précédentes : si des taux d'adoption plus élevés rendent ces applications plus efficaces, même des taux d'adoption faibles (à 30 %) représentent une amélioration comparée à l'absence de traçage.

L'avenir du traçage numérique des contacts

Le traçage numérique des contacts pourrait aider à prévenir des éclosions à l'avenir avec un déconfinement sécurisé. Cette recherche fournit également une base pour concevoir des applications de traçage proactif des contacts en vue de futures épidémies. Cette recherche est le fruit d'une collaboration entre des experts de nombreux

domaines. Nous espérons qu'elle pourra inspirer le type de progrès scientifique nécessaire pour résoudre certains des problèmes auxquels l'humanité est confrontée.