

INTELLIGENCE ARTIFICIELLE EN SANTÉ PUBLIQUE

RÉDACTRICE INVITÉE : RITA FINLEY

RECHERCHE

Modélisation de COVID-19 au
Canada

225

APERÇU

Cadre éthique de l'utilisation
des données des médias sociaux

191

APERÇU

Intelligence artificielle et
évaluation de la résistance aux
antimicrobiens

204

PROCHAIN NUMÉRO LE 2 JUILLET 2020



RMTC

RELEVÉ DES MALADIES TRANSMISSIBLES AU CANADA

Le *Relevé des maladies transmissibles au Canada* (RMTC) est une revue scientifique bilingue révisée par les pairs et en accès libre publié par l'Agence de la santé publique du Canada (ASPC). Il fournit des informations pratiques et fiables aux cliniciens et aux professionnels de la santé publique ainsi qu'aux chercheurs, aux décideurs politiques, aux enseignants, aux étudiants et aux autres personnes qui s'intéressent aux maladies infectieuses.

Le comité de rédaction du RMTC est composé de membres en provenance du Canada, des États-Unis, de l'Union européenne et de l'Australie. Les membres du conseil sont des experts reconnus dans le monde entier et actifs dans les domaines des maladies infectieuses, de la santé publique et de la recherche clinique. Ils se rencontrent quatre fois par année et fournissent des avis et des conseils à le rédacteur scientifique en chef du RMTC.

Bureau de la rédaction

Rédacteur scientifique en chef

Michel Deilgat, M.D.

Rédactrice émérite

Patricia Huston, M.D., M.S.P.

Éditrices scientifiques associées

Rukshanda Ahmad, MBBS., M.G.S.S.
Catherine Allen-Ayodabo, M.D., MPH
Erika Bontovics, M.D., FFPH (UK), CIC

Responsables de la production

Wendy Patterson
Lyal Saikaly, B.I.T.

Coordinatrice à la rédaction

Laura Rojas Higuera

Soutien web

Liang (Richard) You, B. Sc.,
B. Sc. inform., M. Sc.

Réviseures

Alejandra Dubois, Ph.D.
Joanna Odrowaz-Pieniazek
Laura Stewart-Davis, Ph.D.

Conseillère en communications

Jennifer Vuong

Rédactrices juniors

Shabnam Ullah, BSc (Hons), MPH (C)
Shehla Zafar, BHSc (Hons)

Membre du comité de rédaction du RMTC

Heather Deehan, infirmière autorisée,
B. Sc, MHSc

Centre du vaccin, Division des
approvisionnements UNICEF
Copenhagen, Danemark

Michel Deilgat, M.D., M.A.P., M.Ed.,
CCPE

Bureau du conseiller scientifique en
chef, Agence de la santé publique du
Canada, Ottawa, Canada

Jacqueline J Gindler, M.D.

Centre de prévention et de contrôle
des maladies
Atlanta, États-Unis

Richard Heller, B.M. B.C., M.D., FRCP
Universités de Manchester,
Royaume-Uni et Newcastle, Australie

Rahul Jain, M.D., CCMF, MScCH
Department of Family and Community
Medicine (département de médecine
familiale et communautaire)
l'Université de Toronto et le
Sunnybrook Health Sciences Centre,
Toronto, Canada

Jennifer LeMessurier, M.D., M.S.P.,
Résidente, Santé publique et
médecine familiale, Université
d'Ottawa, Ottawa, Canada

Caroline Quach, M.D., M. Sc, FRCPC,
FSHEA

Microbiologiste-infectiologue
pédiatrique, Centre hospitalier
universitaire Sainte-Justine et
Université de Montréal, Montréal,
Québec, Canada

Références Photographiques

L'illustration sur la couverture de ce numéro montre l'interaction entre l'humain et la machine dans le traitement du langage naturel tel qu'appliqué à l'étude des virus et des bactéries en santé publique. Cette image est basée sur une photo de Shutterstock qui a été adaptée par Lyal Saikaly (<https://image.shutterstock.com/image-illustration/clostridium-difficile-bacteria-360-degree-600w-1431239777.jpg>).

Répertoire

dans PubMed, Directory of Open
Access (DOAJ)/Medicus

Disponible

dans PubMed Central (texte entier)

Contactez-le bureau de la rédaction

phac.ccd-rmtc.aspc@canada.ca
613.301.9930



INTELLIGENCE ARTIFICIELLE EN SANTÉ PUBLIQUE

TABLE DES MATIÈRES

COMMENTAIRE

- Santé publique de précision : Rêve ou réalité? 181
M Dobbins, D Buckeridge

APERÇUS

- Défis et possibilités en matière de santé publique rendus possibles grâce aux progrès du traitement des langues naturelles 182
O Baclic, M Tunis, K Young, C Doan, H Swerdfeger, J Schonfeld
- Un appel à un cadre éthique lors de l'utilisation des données des médias sociaux pour des applications d'intelligence artificielle dans la recherche en santé publique 191
J-P Gilbert, V Ng, J Niu, EE Rees
- Vers l'automatisation des examens systématiques sur la vaccination au moyen d'un système d'extraction avancé fondé sur le traitement du langage naturel 197
D Begert, J Granek, B Irwin, C Brogly
- Application de l'intelligence artificielle à l'évaluation in silico de la résistance aux antimicrobiens et des risques pour la santé humaine et animale présentés par les pathogènes bactériens entériques prioritaires 204
R Steinkey, J Moat, V Gannon, A Zovoilis, C Laing
- Application d'algorithmes de traitement du langage naturel pour extraire des informations d'articles de presse dans le cadre de la surveillance événementielle 211
V Ng, EE Rees, J Niu, A Zaghoor, H Ghiasbeglou, A Verster

SCIENCE DE LA MISE EN OEUVRE

- Bon temps mauvais temps : Préviation automatisée de la cryptosporidiose saisonnière en Ontario à base d'apprentissage machine 218
O Berke, L Trotz-Williams, S de Montigny
- Scénarios de modélisation de l'épidémie de COVID-19 au Canada 225
NH Ogden, A Fazil, J Arino, P Berthiaume, DN Fisman, AL Greer, A Ludwig, V Ng, AR Tuite, P Turgeon, LA Waddell, J Wu

LIGNES DIRECTRICES

- Protocole du Réseau de laboratoires de santé publique du Canada pour les enquêtes microbiologiques sur les nouveaux agents pathogènes respiratoires, notamment les infections respiratoires aiguës graves 232
Groupe de travail sur les infections virales respiratoires

SÉRIE

- Gestion des réponses liées au stress dans le cadre de la vaccination : Un facteur déterminant pour maintenir la confiance envers les vaccins 237
C. Meghan McMurtry



Santé publique de précision : Rêve ou réalité?

Maureen Dobbins^{1*}, David Buckeridge²

Citation proposée : Dobbins M, Buckeridge D. Santé publique de précision : Rêve ou réalité? Relevé des maladies transmissibles au Canada 2020;46(6):181. <https://doi.org/10.14745/ccdr.v46i06a01f>

Cette oeuvre est mise à la disposition selon les termes de la licence internationale Creative Commons Attribution 4.0



Affiliations

¹ McMaster University, School of Nursing, National Collaborating Centre for Methods and Tools, Hamilton, ON

² McGill University, School of Population and Global Health, Montréal, QC

*Correspondance :

dobbinsm@mcmaster.ca

La santé publique de précision (SPP) est définie comme une « nouvelle pratique qui vise à accroître la précision des processus de prévision et de compréhension des risques de santé publique, ainsi qu'à adapter les traitements à des sous-populations spécifiques et homogènes, souvent par l'utilisation de nouvelles données, technologies et méthodes » (1) [Traduction]. Au Canada, les praticiens de la santé publique commencent à porter une attention particulière à la santé publique de précision et les chercheurs élaborent des méthodes pour sa mise en œuvre. Alors que ces efforts s'accroissent, il est important de se demander si les avantages prévus pourraient un jour se concrétiser ou si nous sommes à la poursuite d'un rêve irréalisable?

Un peu comme la santé publique fondée sur des données probantes (2), la santé publique de précision (3) a le potentiel de modifier, de façon significative, le processus de prise de décision et d'avoir des incidences positives sur la santé de la population. Ces deux approches sont fondées sur le recours aux meilleures données probantes accessibles pour classer l'état de santé de la population et pour déterminer les interventions optimales pour une population, compte tenu de son état de santé (2,4). Elles ont toutes deux été rendues possibles par la croissance exponentielle observée au cours de la dernière décennie des capacités relatives aux données et à l'informatique. À titre d'exemple, la plateforme logicielle PopHR intègre un large éventail de données sur la santé de la population qui utilise des connaissances épidémiologiques afin d'orienter la prise de décisions sur les interventions en santé publique (5). Associées à l'utilisation d'un répertoire résumé de données de recherche de haute qualité qui rend possible l'évaluation de l'efficacité des interventions en santé publique (Health Evidence™) (6), ces plateformes logicielles pourraient permettre d'atteindre différents avantages associés à la santé publique de précision.

Un projet pilote visant à coder les données de recherche sur les interventions liées à la lutte antigrippale a permis de démontrer qu'il pourrait être possible de créer une base de connaissances codées sur les interventions liées à la lutte antigrippale et que cette base de données pourrait être « lue » par un ordinateur avant d'être jumelée à des données locales pour indiquer quelles sont les interventions qui s'imposent pour répondre à une circonstance particulière. Cela étant dit, la mise en œuvre de cette automatisation a nécessité un capital humain considérable, ce qui représente un obstacle important jusqu'à ce que davantage d'automatisation du processus de codage des preuves se produise. De plus, bien qu'une enquête réalisée en 2019 auprès des professionnels de la santé publique présentait des perceptions très favorables à l'égard du service électronique

de données probantes pour la santé publique, les décideurs ont également relevé différents enjeux à aborder, comme la prise en considération des valeurs et des ressources communautaires pour être à l'aise avec l'utilisation de cette ressource. Donc, même si l'on a bien des raisons d'être optimistes concernant les avantages que pourrait offrir la santé publique de précision, la réalité est qu'il reste encore beaucoup de notions à assimiler et de travail à faire. Les investissements récemment effectués dans la santé publique et l'informatique placent toutefois le Canada à l'avant-garde de ce nouveau domaine.

Références

1. Dolley S. Big data's role in precision public health. *Front Public Health* 2018 Mar 7;6:68. [DOI](#)
2. Brownson RC, Fielding JE, Maylahn CM. Evidence-based public health: a fundamental concept for public health practice. *Annu Rev Public Health* 2009;30(1):175–201. [DOI](#)
3. Desmond-Hellmann S. Progress lies in precision. *Science* 2016 Aug 19;353(6301):731–1. [DOI](#)
4. Horton R. Offline: in defence of precision public health. *Lancet* 2018 Oct 17;392(10157):1504. [DOI](#)
5. Shaban-Nejad A, Lavigne M, Okhmatovskaia A, Buckeridge DL. PopHR: a knowledge-based platform to support integration, analysis, and visualization of population health data. *Ann N Y Acad Sci* 2017 Jan;1387(1):44–53. [DOI PubMed](#)
6. Dobbins M, DeCorby K, Robeson P, Husson H, Tirilis D, Greco L. A knowledge management tool for public health: health-evidence.ca. *BMC Public Health* 2010 Aug 18;10:496. [DOI](#)



Défis et possibilités en matière de santé publique rendus possibles grâce aux progrès du traitement des langues naturelles

Oliver Baclic^{1*}, Matthew Tunis¹, Kelsey Young¹, Coraline Doan², Howard Swerdfeger², Justin Schonfeld^{3*}

Résumé

Le traitement des langues naturelles (TLN) est un sous-domaine de l'intelligence artificielle consacré à la compréhension et à la création du langage. Les progrès récents des technologies du TLN permettent d'analyser rapidement des textes en grande quantité, créant ainsi des possibilités de recherche en santé et de prise de décisions éclairées par des données probantes. L'analyse et l'extraction de données à partir de la documentation scientifique, des rapports techniques, des dossiers de santé, des médias sociaux, des enquêtes, des registres et d'autres documents peuvent appuyer les fonctions essentielles de la santé publique, notamment l'amélioration des systèmes de surveillance existants (e.g. en identifiant plus rapidement les maladies et les facteurs de risque ou les populations à risque), les stratégies de prévention des maladies (e.g. en évaluant plus efficacement la sécurité et l'efficacité des interventions) et les efforts de promotion de la santé (e.g. en fournissant la capacité d'obtenir des réponses d'expert à toute question liée à la santé). Le TLN est en train de devenir un outil important qui peut aider les autorités de la santé publique à réduire le fardeau de l'inégalité et de l'iniquité en matière de santé parmi la population. Le présent document a pour but de fournir des exemples notables des applications et des défis possibles découlant de l'utilisation du TLN en santé publique.

Citation proposée : Baclic O, Tunis M, Young K, Doan C, Swerdfeger H, Schonfeld J. Défis et possibilités de en matière de santé publique rendus possibles grâce aux progrès du traitement des langues naturelles. *Relevé des maladies transmissibles au Canada* 2020;46(6):182–90. <https://doi.org/10.14745/ccdr.v46i06a02f>

Mots-clés : traitement des langues naturelles, TLN, intelligence artificielle, apprentissage automatique, santé publique

Cette oeuvre est mise à la disposition selon les termes de la licence internationale Creative Commons Attribution 4.0



Affiliations

¹ Centre de l'immunisation et des maladies respiratoires infectieuses, Agence de la santé publique du Canada, Ottawa, ON

² Centre de données, des partenariats et d'innovation, Agence de santé publique du Canada, Ottawa, ON

³ Laboratoire national de microbiologie, Agence de santé publique du Canada, Winnipeg, MB

*Correspondance :

oliver.baclic@canada.ca

justin.schonfeld@canada.ca

Introduction

On s'intéresse de plus en plus au déploiement de stratégies de l'intelligence artificielle (IA) pour atteindre les résultats en matière de santé publique, en particulier en réponse à la pandémie mondiale de la maladie à coronavirus de 2019 (COVID-19), où de nouveaux ensembles de données, des outils de surveillance et des modèles émergent très rapidement.

L'objectif de ce manuscrit est de fournir un cadre pour l'examen des approches du traitement des langues naturelles (TLN) en matière de santé publique fondées sur des applications historiques. Cet aperçu comprend une brève introduction à l'IA et au TLN, suggère des possibilités où le TLN peut être appliqué pour résoudre les problèmes de santé publique et décrit les défis liés à l'application du TLN dans un contexte de santé publique. Des articles particuliers ont été choisis pour souligner l'ampleur des applications possibles du TLN en santé publique ainsi que les

défis et les risques non négligeables inhérents à l'intégration de l'IA et du TLN dans l'analyse de la santé publique et l'appui à la décision.

Intelligence artificielle et traitement des langues naturelles

La recherche en IA a produit des modèles qui peuvent interpréter une radiographie (1,2), détecter des battements de cœur irréguliers à l'aide d'une montre intelligente (3), identifier automatiquement les rapports de maladies infectieuses dans les médias (4), déterminer les facteurs de risque cardiovasculaire à partir d'images rétinien (5) et trouver de nouvelles cibles pour les médicaments existants (6,7). Le succès de ces modèles s'appuie sur l'entraînement de centaines, de milliers



et parfois de millions de points de données contrôlés, étiquetés et structurés (8). La capacité de l'IA de fournir des analyses constantes, soutenues et rapides des données offre le potentiel de transformer l'approche de la société en matière de promotion de la santé, de prévention et de gestion des maladies. Les systèmes d'IA peuvent « lire » et trier environ tous les 1,3 million d'articles de recherche indexés par PubMed chaque année (9); « examiner » les commentaires de 1,5 milliard d'utilisateurs de Facebook ou « surveiller » 500 millions de gazouillis de personnes souffrant de maladies mentales tous les jours, de maladies d'origine alimentaire ou de grippe (10,11); et interagir en même temps avec chaque personne qui cherche des réponses à ses questions, préoccupations, problèmes et défis en matière de santé (12).

Le TLN est un sous-domaine de l'IA qui se consacre au développement d'algorithmes et à la construction de modèles capables d'utiliser le langage de la même manière que les humains (13). Il est couramment utilisé dans les assistants virtuels comme « Siri » et « Alexa » ou dans les recherches et traductions Google. Le TLN permet d'analyser et d'extraire des renseignements des sources non structurées, d'automatiser la réponse aux questions et de mener une analyse des sentiments et à la synthèse du texte (8). Les langues naturelles (communication) étant le principal moyen de collecte et d'échange de connaissances en santé publique et en médecine, le TLN est la clé pour libérer le potentiel de l'IA dans les sciences biomédicales.

La plupart des plateformes modernes du TLN sont construites sur des modèles affinés au moyen des techniques d'apprentissage automatique (14,15). Les techniques d'apprentissage automatique sont fondées sur quatre composantes : un modèle, des données, une fonction de perte, qui est une mesure qui montre à quel point le modèle convient aux données; et un algorithme pour former (améliorer) le modèle (16). Les récentes percées dans ces domaines ont permis d'améliorer considérablement les modèles TLN qui sont alimentés par un apprentissage profond, un sous-domaine de l'apprentissage automatique (17).

L'innovation dans les différents types de modèles, tels que les modèles basés sur un réseau de neurones récurrents (RNR), les modèles basés sur un réseau de neurones convolutif (RNC) et les modèles axés sur l'attention, a permis aux systèmes du TLN modernes de saisir et de modéliser des relations et des concepts linguistiques plus complexes qu'une simple présence de mots (c'est-à-dire la recherche de mots clés) (18). Cet effort a été soutenu par des approches d'intégration des vecteurs pour traiter à l'avance les données qui encodent les mots avant qu'ils n'alimentent un modèle. Ces approches reconnaissent que les mots existent dans un contexte (e.g. la signification des mots « patient », « tir » et « virus » varient selon le contexte) et les traitent comme des points dans un espace conceptuel plutôt que comme des entités isolées. Le rendement des modèles a également été amélioré par l'avènement du transfert

d'apprentissage, c'est-à-dire en prenant un modèle formé pour exécuter une tâche et en l'utilisant comme modèle de départ pour la formation sur une tâche connexe. Les progrès réalisés en matière de matériels et l'augmentation des ensembles de données gratuites et accessibles annotées ont également amélioré les rendements des modèles de TLN. De nouveaux outils d'évaluation et de mises au banc d'essai, tels que GLUE, superglue et BioASQ, nous aident à mieux comprendre le type et la portée de l'information que ces nouveaux modèles peuvent saisir (19–21).

Possibilités

La santé publique vise à atteindre des résultats optimaux en matière de santé au sein des différentes populations et entre elles, principalement en élaborant et en mettant en œuvre des interventions qui ciblent les causes modifiables de la mauvaise santé (22–26). Le succès dépend de la capacité de quantifier efficacement le fardeau des maladies ou des facteurs de risque de maladies au sein de la population et d'identifier ensuite les groupes qui sont touchés de manière disproportionnée ou à risque, d'identifier des pratiques exemplaires (c.-à-d. des stratégies de prévention optimale ou thérapeutiques) et évaluer les résultats (27). Ce modèle de prise de décision fondé sur des données probantes est mieux représenté par le concept de PICO (patient/problème, intervention/exposition, comparaison, résultat). PICO fournit une stratégie optimale d'identification des connaissances pour encadrer des questions précises cliniques ou relatives à la santé publique et y répondre (28). La prise de décisions fondées sur des données probantes est généralement fondée sur un examen et une synthèse exhaustifs et systématiques des données conformément aux éléments du cadre de PICO.

Aujourd'hui, l'information est produite et publiée (e.g. la documentation scientifique, les rapports techniques, les dossiers de santé, les médias sociaux, les enquêtes, les registres et d'autres documents) à un rythme sans précédent. En fournissant la capacité d'analyser rapidement des textes non structurés ou semi-structurés en grande quantité, le TLN ouvre d'immenses possibilités de recherches textuelles et de prise de décisions fondées sur des données probantes (29–34). Le TLN est en train de devenir un outil potentiellement puissant pour appuyer l'identification rapide des populations, des interventions et des résultats d'intérêt qui sont nécessaires à la surveillance des maladies, à la prévention des maladies et à la promotion de la santé. Par exemple, l'utilisation de plateformes de TLN capables de détecter des caractéristiques particulières d'individus (population/problème, par exemple, un état de santé ou un facteur prédisposant de risque biologique, comportemental, environnemental ou socio-économique) dans des dossiers médicaux non structurés ou des textes sur les médias sociaux peut être utilisée pour améliorer les systèmes de surveillance existants avec des données probantes réelles. Une étude récente a démontré la capacité des méthodes de TLN à prédire



la présence de dépression avant son apparition dans le dossier médical (35). La capacité de procéder à l'extraction en temps réel de textes de publications scientifiques à la recherche d'un concept particulier de PICO donne aux décideurs l'occasion de formuler rapidement des recommandations sur la prévention ou la gestion des maladies qui sont fondées sur les données probantes les plus récentes lorsqu'il est essentiel de fournir des conseils en temps opportun, par exemple pendant une éclipse. Les plateformes de question-réponse et les robots conversationnels de TLN sont également susceptibles d'améliorer les activités de promotion de la santé en faisant participer des personnes et en fournissant un soutien ou des conseils personnalisés. Le **tableau 1** donne des exemples d'applications potentielles du TLN en santé publique qui ont démontré au moins un certain succès.

Tableau 1 : Exemples d'applications existantes et potentielles du traitement des langues naturelles en santé publique

Type d'activité	Objectif en matière de santé publique	Exemple d'utilisation du TLN
Identification des populations à risque ou des conditions d'intérêt	Mesurer en permanence l'incidence et la prévalence des maladies et des facteurs de risque des maladies (e.g. la surveillance)	Analyse de textes non structurés ou semi-structurés tirés de dossiers de santé électroniques ou de médias sociaux (36–42)
	Identifier les populations vulnérables et à risque	Analyse des comportements à risque à l'aide des médias sociaux (43–45)
Détermination des interventions médicales	Élaborer des recommandations ou des interventions optimales	Examen et analyse systématiques automatisés des renseignements contenus dans les publications scientifiques et les données non publiées (46–50)
	Déterminer les pratiques exemplaires	Identification des interventions prometteuses en matière de santé publique au moyen de l'analyse de la littérature grise ou celle revue par les pairs disponible en ligne (51)
Identification des résultats en matière de santé à l'aide de données probantes réelles	Évaluer les avantages des interventions médicales	Analyse de textes non structurés ou semi-structurés tirés de dossiers de santé électroniques, de médias en ligne et de publications pour déterminer l'incidence des recommandations et des interventions en matière de santé publique (52,53)
	Déterminer les résultats négatifs imprévus liés aux interventions	Analyse de textes non structurés ou semi-structurés tirés de dossiers de santé électroniques, de médias sociaux et de publications pour identifier les événements indésirables potentiels découlant des interventions (54–58)

Tableau 1 : Exemples d'applications existantes et potentielles du traitement des langues naturelles en santé publique (suite)

Type d'activité	Objectif en matière de santé publique	Exemple d'utilisation du TLN
Production et transfert des connaissances	Appuyer la recherche en santé publique	Analyse et extraction des renseignements tirés des dossiers de santé électroniques et des publications scientifiques aux fins de la production de connaissances (59–62)
	Appuyer le processus décisionnel fondé sur des données probantes	Utilisation de robots conversationnels, de systèmes de questions-réponses et de résumés de textes pour fournir des renseignements personnalisés aux personnes qui demandent des conseils pour améliorer leur santé et prévenir des maladies (63–65)
Analyse de l'environnement et connaissance de la situation	Procéder à des évaluations des risques pour la santé publique et fournir une connaissance de la situation	Analyse du contenu en ligne pour la détection et l'atténuation des événements critiques en temps réel (66–70)
	Surveiller les activités qui peuvent avoir une incidence sur la prise de décisions en matière de santé publique	Analyse des décisions des intervenants nationaux et internationaux (71)

Abréviation : TLN, traitement des langues naturelles

Défis

Malgré les progrès récents, il reste encore des obstacles qui empêchent l'utilisation généralisée des technologies de TLN.

À l'instar d'autres techniques d'intelligence artificielle, le TLN dépend fortement de la disponibilité, de la qualité et de la nature des données d'entraînement (72). L'accès et la disponibilité des ensembles de données annotées de façon appropriée (pour utiliser efficacement l'apprentissage supervisé ou semi-surveillé) sont essentiels à la formation et à la mise en œuvre de modèles de TLN robustes. Par exemple, l'élaboration et l'utilisation d'algorithmes capables de procéder à une synthèse systématique de la recherche publiée sur un sujet particulier ou à une analyse et une extraction de données des dossiers de santé électroniques nécessitent un accès illimité aux bases de données des éditeurs ou des soins primaires et des hôpitaux. Bien que le nombre d'ensembles de données biomédicales gratuits et accessibles et de modèles préalablement entraînés ait augmenté ces dernières années, la disponibilité de ceux qui traitent des concepts de santé publique demeure limitée (73).

La capacité d'éviter une distorsion à l'égard des données (c.-à-d. en fournissant la capacité d'inspecter, d'expliquer et d'ajuster



les données d'un point de vue éthique) représente un autre point important de la formation et de l'utilisation des modèles du TLN dans le secteur de la santé publique à prendre en considération. Le fait de ne pas tenir compte des distorsions lors de l'élaboration (e.g. annotation des données), du déploiement (e.g. utilisation de plateformes préalablement formées) et de l'évaluation des modèles de TLN pourrait compromettre les extrants du modèle et renforcer l'iniquité existante en matière de santé (74). Toutefois, il est important de noter que même lorsque les ensembles de données et les évaluations sont ajustés en fonction des distorsions, cela ne garantit pas les mêmes incidences dans l'ensemble des strates moralement pertinentes. Par exemple, l'utilisation des données sur la santé disponibles sur les plateformes de médias sociaux doit prendre en compte des groupes d'âge et des groupes socio-économiques précis qui les utilisent. Un système de surveillance entraîné sur les données de Facebook est susceptible d'être biaisé au profit des données de santé et des bizarreries linguistiques spécifiques à une population plus âgée comparé à un système entraîné sur les données de Snapchat (75). Récemment, de nombreux outils élaborés suivant un modèle agnostique sont conçus pour évaluer et corriger l'inégalité dans les modèles d'apprentissage automatique, conformément aux efforts déployés par le gouvernement et les milieux universitaires afin de définir le développement inacceptable de l'intelligence artificielle (76–81).

À l'heure actuelle, l'un des principaux obstacles au développement des systèmes de TLN en santé publique est l'accès limité aux données (82,83). Au Canada, les données sur la santé sont généralement contrôlées à l'échelle régionale et, en raison de problèmes de sécurité et de confidentialité, on hésite à fournir un accès illimité à ces systèmes et à les intégrer à d'autres ensembles de données (e.g. couplage de données). Il y a aussi des défis à relever en ce qui concerne la perception du public de la protection de la vie privée et de l'accès aux données. Une récente enquête auprès des utilisateurs des médias sociaux a révélé que la majorité d'entre eux considérait que l'analyse de leurs données sur les médias sociaux pour identifier des problèmes de santé mentale était « gênante et exposante » et qu'ils n'approuveraient pas cela (84).

Avant que des activités de santé publique clés relatives au TLN ne puissent être réalisées à grande échelle, comme l'analyse en temps réel des tendances nationales des maladies, les administrations devront déterminer conjointement une portée raisonnable et l'accès aux sources de données pertinentes à la santé publique (e.g. les dossiers de santé et les données administratives). Afin de prévenir les violations de la vie privée et l'utilisation abusive des données, les applications futures du TLN dans l'analyse des données personnelles sur la santé dépendent de la capacité d'intégrer la confidentialité différentielle dans les modèles (85), pendant la période de formation et l'après-déploiement. L'accès aux données importantes est également limité par les méthodes actuelles, qui permettent l'accès aux publications des textes intégraux. La réalisation de l'extraction et de la synthèse des connaissances entièrement automatisées propres à PICO exigera un accès illimité aux bases de données

des journaux ou à de nouveaux modèles de stockage des données (86).

Enfin, comme pour toute nouvelle technologie, il faut tenir compte de l'évaluation et de l'évaluation des modèles de TLN pour s'assurer qu'ils fonctionnent comme prévu et qu'ils suivent le rythme auquel les opinions éthiques de la société évoluent. Ces technologies de TLN doivent être évaluées pour s'assurer qu'elles fonctionnent comme prévu et qu'elles tiennent compte des distorsions (87). Bien qu'aujourd'hui de nombreuses approches affichent des scores équivalents ou supérieurs à ceux de l'homme sur les tâches d'analyse textuelle, il est important de ne pas assimiler les scores élevés à la compréhension réelle de la langue. Il est toutefois tout aussi important de ne pas considérer le manque de compréhension réelle d'une langue comme un manque d'utilité. Les modèles ayant une compréhension « relativement faible » peuvent encore être très efficaces pour les tâches d'extraction, de classification et de prédiction des renseignements, en particulier avec la disponibilité croissante des données étiquetées.

Traitement des langues naturelles et la maladie à coronavirus de 2019 (COVID-19)

Depuis l'apparition de la COVID-19, le TLN a joué un rôle primordial dans les efforts fournis lors de l'intervention pour lutter contre les épidémies (88,89). Le TLN a été rapidement utilisé pour analyser la grande quantité de renseignements textuels qui ont été consultés au moyen de l'accès illimité aux journaux, aux prépublications et aux médias numériques revus par les pairs (90). Le TLN a été largement utilisé pour aider les communautés médicale et scientifique à trouver des réponses aux questions de recherche clés, à résumer les données probantes, à répondre aux questions, à suivre la désinformation et à surveiller le sentiment de la population (91–97).

Conclusion

Le TLN crée des occasions extraordinaires d'améliorer la prise de décisions éclairées par des données probantes en santé publique. Nous prévoyons que des applications plus larges du TLN mèneront à la création de systèmes de surveillance plus efficaces, qui seront en mesure d'identifier les maladies et les conditions à risque en temps réel. De même, grâce à la capacité d'analyser et de synthétiser de grands volumes de renseignements presque instantanément, le TLN doit faciliter des activités ciblées de promotion de la santé et de prévention des maladies, ce qui entraînera possiblement une réduction des maladies à l'échelle de la population et une plus grande équité en matière de santé. Cependant, ces possibilités ne sont pas sans risques : les modèles biaisés, les données biaisées, la perte de la confidentialité de données et la nécessité de maintenir et de mettre à jour les modèles pour refléter l'évolution de la



langue et du contexte de la communication publique présentent tous des défis qui existent déjà et qui devront être relevés. Nous encourageons les communautés de la santé publique et de la science informatique à collaborer afin d'atténuer ces risques, de veiller à ce que la pratique de la santé publique ne prenne pas de retard par rapport à ces technologies ou rate les opportunités de promotion de la santé, ainsi que de surveillance et de prévention des maladies dans ce paysage en évolution rapide.

Déclaration des auteurs

O. B. — Rédaction — ébauche initiale, révision et modification, et conceptualisation

M. T. — Rédaction — ébauche initiale, révision et modification, et conceptualisation

K. Y. — Rédaction — révision et modification, et conceptualisation

C. D. — Rédaction — révision et modification

H. S. — Rédaction — révision et modification

J. S. — Rédaction — ébauche initiale, révision et modification, et conceptualisation

Conflits d'intérêts

Aucun.

Remerciements

Nous remercions J. Nash et J. Robertson qui ont eu la gentillesse d'offrir leurs commentaires et leurs suggestions.

Financement

Ce travail est appuyé par l'Agence de la santé publique du Canada. La recherche entreprise par J. S. a été financée par l'Initiative de recherche et de développement en génomique du gouvernement fédéral canadien.

Références

1. Majkowska A, Mittal S, Steiner DF, Reicher JJ, McKinney SM, Duggan GE, Eswaran K, Cameron Chen PH, Liu Y, Kalidindi SR, Ding A, Corrado GS, Tse D, Shetty S. Chest radiograph interpretation with deep learning models: assessment with radiologist-adjudicated reference standards and population-adjusted evaluation. *Radiology* 2020;294(2):421–31. DOI PubMed
2. Liu X, Faes L, Kale A, Wagner SK, Fu DJ, Bruynseels A, Mahendiran T, Moraes G, Shamdas M, Kern C, Ledsam JR, Schmid MK, Balaskas K, Topol EJ, Bachmann LM, Keane PA, Denniston AK. A comparison of deep learning performance against health care professionals in detecting diseases from medical imaging: a systematic review and meta-analysis. *Lancet Digital Health* 2019. DOI
3. Perez MV, Mahaffey KW, Hedlin H, Rumsfeld JS, Garcia A, Ferris T, Balasubramanian V, Russo AM, Rajmane A, Cheung L, Hung G, Lee J, Kowey P, Talati N, Nag D, Gummidipundi SE, Beatty A, Hills MT, Desai S, Granger CB, Desai M, Turakhia MP; Apple Heart Study Investigators. Large-scale assessment of a smartwatch to identify atrial fibrillation. *N Engl J Med* 2019;381(20):1909–17. DOI PubMed
4. Feldman J, Thomas-Bachli A, Forsyth J, Patel ZH, Khan K. Development of a global infectious disease activity database using natural language processing, machine learning, and human expertise. *J Am Med Inform Assoc* 2019;26(11):1355–9. DOI PubMed
5. Poplin R, Varadarajan AV, Blumer K, Liu Y, McConnell MV, Corrado GS, Peng L, Webster DR. Prediction of cardiovascular risk factors from retinal fundus photographs via deep learning. *Nat Biomed Eng* 2018;2(3):158–64. DOI PubMed
6. Vamathevan J, Clark D, Czodrowski P, Dunham I, Ferran E, Lee G, Li B, Madabhushi A, Shah P, Spitzer M, Zhao S. Applications of machine learning in drug discovery and development. *Nat Rev Drug Discov* 2019;18(6):463–77. DOI PubMed
7. Corsello SM, Nagari RT, Spangler RD, Rossen J, Kocak M, Bryan JG, Humeidi R, Peck D, Wu X, Tang AA, Wang VM, Bender SA, Lemire E, Narayan R, Montgomery P, Ben-David U, Garvie CW, Chen Y, Rees MG, Lyons NJ, McFarland JM, Wong BT, Wang L, Dumont N, O'Hearn PJ, Stefan E, Doench JG, Harrington CN, Greulich H, Meyerson M, Vazquez F, Subramanian A, Roth JA, Bittker JA, Boehm JS, Mader CC, Tsherniak A, Golub TR. Discovering the anticancer potential of non-oncology drugs by systematic viability profiling. *Nat Can* 2020;1:235–48. DOI
8. Topol EJ. High-performance medicine: the convergence of human and artificial intelligence. *Nat Med* 2019 Jan;25(1):44–56. DOI PubMed
9. MEDLINE PubMed Production Statistics. Bethesda (MD): U.S. National Library of Medicine (mise à jour 2019-11-19; accédé 2020-01-27). https://www.nlm.nih.gov/bsd/medline_pubmed_production_stats.html
10. Twitter usage statistics. Internet LiveStats.com (mise à jour 2013-08-16; accédé 2020-01-27). <https://www.internetlivestats.com/twitter-statistics/>
11. Searching for health. Google News Lab, Schema; 2017 (accédé 2020-01-27). <https://googlenewslab.gistapp.com/searching-for-health>
12. Friedman C, Elhadad N. Natural language processing in health care and biomedicine. In: Shortliffe E, Cimino J, editors. *Biomed Informatics London*: Springer; 2014. DOI
13. Ruder S. NLP-progress. London (UK): Sebastian Ruder (accédé 2020-01-18). <https://nlpprogress.com/>
14. Jurafsky D, Martin JH. *Speech and language processing*. Stanford (CA): Stanford University; 2019 (mise à jour 2019-11-16; accédé 2020-01-18). <https://web.stanford.edu/~jurafsky/slp3/>



15. Nadkarni PM, Ohno-Machado L, Chapman WW. Natural language processing: an introduction. *J Am Med Inform Assoc* 2011;18(5):544–51. DOI PubMed
16. Nilsson N. Introduction to machine learning. Stanford (CA): Robotic Library, Department of Computer Science, Stanford University; 1998. <http://robotics.stanford.edu/people/nilsson/MLBOOK.pdf>
17. Zhou M, Duan N, Liu S, Shum HY. Progress in neural NLP: modeling, learning, and reasoning. *Engineering* 2020;6(3):275–90. DOI
18. Tang B, Pan Z, Yin K, Khateeb A. Recent advances of deep learning in bioinformatics and computational biology. *Front Genet* 2019;10:214. DOI PubMed
19. Hirschberg J, Manning CD. Advances in natural language processing. *Science* 2015;349(6245):261–6. DOI PubMed
20. Wang A, Singh A, Michael J, Hill F, Levy O, Bowman S. GLUE: a multi-task benchmark and analysis platform for natural language understanding. *Proceedings of the 2018 EMNLP Workshop BlackboxNLP: Analyzing and Interpreting Neural Networks for NLP*. Brussels (BE): 2018 Nov; p. 353–5. DOI
21. The Big Bad NLP Database. New York (NY): Quantum Stat; 2020 (mise à jour 2020-01-21; accédé 2020-01-27). <https://quantumstat.com/dataset/dataset.html>
22. Jackson B, Huston P. Promouvoir l'équité en santé en vue d'améliorer la santé : le moment d'agir est venu. *Promotion de la santé et prévention des maladies chroniques au Canada* 2016;36(2):17–21. DOI
23. Pan American Health Organization. Just societies: health equity and dignified lives. Report of the Commission of the Pan American Health Organization on Equity and Health Inequalities in the Americas. Washington (DC): Pan American Health Organization; 2019-10-01 (mise à jour 2019-11; accédé 2020-01-18). <http://search.ebscohost.com/login.aspx?direct=true&site=eds-live&db=edsebk&AN=2329553>
24. Marmot M, Allen J, Goldblatt P, Boyce T, McNeish D, Grady M, Geddes I; The Marmot Review. Fair society, healthy lives: strategic review of health inequalities in England post-2010. UCL Institute of Health Equity. <http://www.parliament.uk/documents/fair-society-healthy-lives-s-full-report.pdf>
25. Arcaya MC, Arcaya AL, Subramanian SV. Inequalities in health: definitions, concepts, and theories. *Glob Health Action* 2015;8:27106. DOI PubMed
26. Agence de la santé publique du Canada. Rapport de L'administrateur en chef de la santé publique sur l'état de la santé publique au Canada 2008 – S'attaquer aux inégalités en santé. Ottawa (ON) : Agence de la santé publique du Canada; 2008. Rapport No.: HP2-10/2008F. <https://www.canada.ca/content/dam/phac-aspc/migration/phac-aspc/cphorsphc-respcacsp/2008/fr-rc/pdf/CPHO-Report-f.pdf>
27. Ndumbe-Eyoh S, Dyck L, Clement C. Common agenda for public health action on health equity. Antigonish (NS): National Collaborating Centre for Determinants of Health, St Francis Xavier University; 2016 http://nccdh.ca/images/uploads/comments/Common_Agenda_EN.pdf
28. Alonso-Coello P, Schünemann HJ, Moberg J, Brignardello-Petersen R, Akl EA, Davoli M, Treweek S, Mustafa RA, Rada G, Rosenbaum S, Morelli A, Guyatt GH, Oxman AD; GRADE Working Group. GRADE Evidence to Decision (EtD) frameworks: a systematic and transparent approach to making well informed healthcare choices. 1: Introduction. *BMJ* 2016;353:i2016. DOI PubMed
29. Kim ES, James P, Zevon ES, Trudel-Fitzgerald C, Kubzansky LD, Grodstein F. Social media as an emerging data resource for epidemiologic research: characteristics of social media users and non-users in the Nurses' Health Study II. *Am J Epidemiol* 2020;189(2):156–61. DOI PubMed
30. Koleck TA, Dreisbach C, Bourne PE, Bakken S. Natural language processing of symptoms documented in free-text narratives of electronic health records: a systematic review. *J Am Med Inform Assoc* 2019;26(4):364–79. DOI PubMed
31. Marshall IJ, Wallace BC. Toward systematic review automation: a practical guide to using machine learning tools in research synthesis. *Syst Rev* 2019;8(1):163. DOI PubMed
32. Yin Z, Sulieman LM, Malin BA. A systematic literature review of machine learning in online personal health data. *J Am Med Inform Assoc* 2019;26(6):561–76. DOI PubMed
33. Kreimeyer K, Foster M, Pandey A, Arya N, Halford G, Jones SF, Forshee R, Walderhaug M, Botsis T. Natural language processing systems for capturing and standardizing unstructured clinical information: A systematic review. *J Biomed Inform* 2017;73:14–29. DOI PubMed
34. The Office of the National Coordinator for Health Information Technology. Health IT dashboard: Quick stats. Washington (DC): U.S. Department of Health and Human Services. <https://dashboard.healthit.gov/quickstats/quickstats.php>
35. Harris JK, Mansour R, Choucair B, Olson J, Nissen C, Bhatt J; Centers for Disease Control and Prevention. Health department use of social media to identify foodborne illness - Chicago, Illinois, 2013-2014. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep* 2014;63(32):681–5. PubMed
36. Gesualdo F, Stilo G, Agricola E, Gonfiantini MV, Pandolfi E, Velardi P, Tozzi AE. Influenza-like illness surveillance on Twitter through automated learning of naïve language. *PLoS One* 2013;8(12):e82489. DOI PubMed
37. Eichstaedt JC, Smith RJ, Merchant RM, Ungar LH, Crutchley P, Preoțiu-Pietro D, Asch DA, Schwartz HA. Facebook language predicts depression in medical records. *Proc Natl Acad Sci USA*. 2018;115(44):11203–8. DOI
38. Șerban O, Thapen N, Maginnis B, Hankin C, Foot V. Real-time processing of social media with SENTINEL: a syndromic surveillance system incorporating deep learning for health classification. *Inf Process Manage* 2019;56(3):1166–84. DOI



39. Edo-Osagie O, Smith G, Lake I, Edeghere O, De La Iglesia B. Twitter mining using semi-supervised classification for relevance filtering in syndromic surveillance. *PLoS One* 2019;14(7):e0210689. [DOI PubMed](#)
40. Ford E, Carroll JA, Smith HE, Scott D, Cassell JA. Extracting information from the text of electronic medical records to improve case detection: a systematic review. *J Am Med Inform Assoc* 2016;23(5):1007–15. [DOI PubMed](#)
41. Dorr D, Bejan CA, Pizzimenti C, Singh S, Storer M, Quinones A. Identifying patients with significant problems related to social determinants of health with natural language processing. *Stud Health Technol Inform* 2019;264:1456–7. [DOI PubMed](#)
42. Carrell DS, Cronkite D, Palmer RE, Saunders K, Gross DE, Masters ET, Hylan TR, Von Korff M. Using natural language processing to identify problem usage of prescription opioids. *Int J Med Inform* 2015;84(12):1057–64. [DOI PubMed](#)
43. Cacheda F, Fernandez D, Novoa FJ, Carneiro V. Early detection of depression: social network analysis and random forest techniques. *J Med Internet Res* 2019;21(6):e12554. [DOI PubMed](#)
44. Conway M, Hu M, Chapman WW. Recent advances in using natural language processing to address public health research questions using social media and consumer generated data. *Yearb Med Inform* 2019;28(1):208–17. [DOI PubMed](#)
45. Coppersmith G, Dredze M, Harman C. Quantifying mental health signals in Twitter. *Proceedings of the Workshop on Computational Linguistics and Clinical Psychology: from linguistic signal to clinical reality*. Baltimore (MA): 27 June 2014;p. 51–60. [DOI](#)
46. Gates A, Guitard S, Pillay J, Elliott SA, Dyson MP, Newton AS, Hartling L. Performance and usability of machine learning for screening in systematic reviews: a comparative evaluation of three tools. *Syst Rev* 2019;8(1):278. [DOI PubMed](#)
47. Przybyła P, Soto AJ, Ananiadou S. Identifying personalised treatments and clinical trials for precision medicine using semantic search with Thalia. *Manchester (UK): TREC; 2017*.
48. Bannach-Brown A, Przybyła P, Thomas J, Rice AS, Ananiadou S, Liao J, Macleod MR. Machine learning algorithms for systematic review: reducing workload in a preclinical review of animal studies and reducing human screening error. *Syst Rev* 2019;8(1):23. [DOI PubMed](#)
49. Norman C, Leeflang M, Spijker R, Kanoulas E, Névéol A. A distantly supervised dataset for automated data extraction from diagnostic studies. *ACL Workshop on Biomedical Natural Language Processing, Florence (IT): 2019 Aug*. [DOI](#)
50. Tsafnat G, Glasziou P, Karystianis G, Coiera E. Automated screening of research studies for systematic reviews using study characteristics. *Syst Rev* 2018;7(1):64. [DOI PubMed](#)
51. Lerner I, Créquit P, Ravaud P, Atal I. Automatic screening using word embeddings achieved high sensitivity and workload reduction for updating living network meta-analyses. *J Clin Epidemiol* 2019;108:86–94. [DOI PubMed](#)
52. Tucker TC, Durbin EB, McDowell JK, Huang B. Unlocking the potential of population-based cancer registries. *Cancer* 2019;125(21):3729–37. [DOI PubMed](#)
53. Mohammadhassanzadeh H, Sketris I, Traynor R, Alexander S, Winquist B, Stewart SA. Using natural language processing to examine the uptake, content, and readability of media coverage of a pan-Canadian drug safety research project: cross-sectional observational study. *JMIR Form Res* 2020;4(1):e13296. [DOI PubMed](#)
54. Banerji A, Lai KH, Li Y, Saff RR, Camargo CA Jr, Blumenthal KG, Zhou L. Natural language processing combined with ICD-9-CM codes as a novel method to study the epidemiology of allergic drug reactions. *J Allergy Clin Immunol Pract* 2020;8(3):1032–1038.e1. [DOI PubMed](#)
55. Young IJ, Luz S, Lone N. A systematic review of natural language processing for classification tasks in the field of incident reporting and adverse event analysis. *Int J Med Inform* 2019;132:103971. [DOI PubMed](#)
56. Henry S, Buchan K, Filannino M, Stubbs A, Uzuner O. 2018 n2c2 shared task on adverse drug events and medication extraction in electronic health records. *J Am Med Inform Assoc* 2020;27(1):3–12. [DOI PubMed](#)
57. Fan B, Fan W, Smith C, Garner H. Adverse drug event detection and extraction from open data: a deep learning approach. *Inf Process Manage* 2020;57(1):102131. [DOI](#)
58. Yu W, Zheng C, Xie F, Chen W, Mercado C, Sy LS, Qian L, Glenn S, Tseng HF, Lee G, Duffy J, McNeil MM, Daley MF, Crane B, McLean HQ, Jackson LA, Jacobsen SJ. The use of natural language processing to identify vaccine-related anaphylaxis at five health care systems in the Vaccine Safety Datalink. *Pharmacoepidemiol Drug Saf* 2020;29(2):182–8. [DOI PubMed](#)
59. Liu F, Weng C, Yu H. Advancing clinical research through natural language processing on electronic health records: traditional machine learning meets deep learning. In: Richesson RL, Andrews JE, editors: *Clinical Research Informatics*. Springer International Publishing; 2019. p. 357–78. [DOI](#)
60. Chan L, Beers K, Yau AA, Chauhan K, Duffy Á, Chaudhary K, Debnath N, Saha A, Pattharanitima P, Cho J, Kotanko P, Federman A, Coca SG, Van Vleck T, Nadkarni GN. Natural language processing of electronic health records is superior to billing codes to identify symptom burden in hemodialysis patients. *Kidney Int* 2020;97(2):383–92. [DOI PubMed](#)
61. Juhn Y, Liu H. Artificial intelligence approaches using natural language processing to advance EHR-based clinical research. *J Allergy Clin Immunol* 2020;145(2):463–9. [DOI PubMed](#)



62. Wang Y, Wang L, Rastegar-Mojarad M, Moon S, Shen F, Afzal N, Liu S, Zeng Y, Mehrabi S, Sohn S, Liu H. Clinical information extraction applications: A literature review. *J Biomed Inform* 2018;77:34–49. DOI PubMed
63. Laranjo L, Dunn AG, Tong HL, Kocaballi AB, Chen J, Bashir R, Surian D, Gallego B, Magrabi F, Lau AY, Coiera E. Conversational agents in healthcare: a systematic review. *J Am Med Inform Assoc* 2018;25(9):1248–58. DOI PubMed
64. Head to health. COVID-19 support. Department of Health; Australian Government (accédé 2020-01-27). <https://headtohealth.gov.au/sam-the-chatbot>
65. Pereira J, Díaz Ó. Using health chatbots for behavior change: a mapping study. *J Med Syst* 2019;43(5):135. DOI PubMed
66. Dion M, AbdelMalik P, Mawudeku A. Les données massives et le Réseau mondial d'information en santé publique (RMISP). Rele-vé des maladies transmissibles au Canada 2015;41(9):241–7. DOI
67. Ghosh S, Chakraborty P, Lewis BL, Majumder M, Cohn E, Brownstein JS, Marathe M, Ramakrishnan N. GELL: Automatic extraction of epidemiological line lists from open sources. Proceedings of the 23rd ACM SIGKDD International Conference on Knowledge Discovery and Data Mining; 2017 Aug 13–17; Halifax (NS): Association for Computing Machinery; 2017. p. 1477–86. DOI
68. Charles-Smith LE, Reynolds TL, Cameron MA, Conway M, Lau EH, Olsen JM, Pavlin JA, Shigematsu M, Streichert LC, Suda KJ, Corley CD. Using social media for actionable disease surveillance and outbreak management: a systematic literature review. *PLoS One* 2015;10(10):e0139701. DOI PubMed
69. Jordan S, Hovet S, Fung I, Liang H, Fu KW, Tsz Ho Tse Z. Using Twitter for public health surveillance from monitoring and prediction to public response. *Data (Basel)* 2018;4(1):6. DOI
70. Abbood A, Ullrich A, Busche R, Ghazzi S. EventEpi—A natural language processing framework for event-based surveillance medRxiv 2019;19006395. DOI
71. Anglin K. Gather-narrow-extract: A framework for studying local policy variation using web-scraping and natural language processing. *J Res Educ Eff* 2019;12(4):685–706. DOI
72. Tatman R, Conner K. Effects of talker dialect, gender & race on accuracy of Bing speech and YouTube automatic captions. *Proc Interspeech* 2017;934–8. DOI
73. Spasic I, Nenadic G. Clinical text data in machine learning: systematic review. *JMIR Med Inform* 2020;8(3):e17984. DOI PubMed
74. Rajkomar A, Hardt M, Howell MD, Corrado G, Chin MH. Ensuring fairness in machine learning to advance health equity. *Ann Intern Med* 2018;169(12):866–72. DOI PubMed
75. Gramlich J. 10 facts about Americans and Facebook. Washington (DC): Pew Research Center (accédé 2020-01-27). <https://www.pewresearch.org/fact-tank/2019/05/16/facts-about-americans-and-facebook/>
76. Xu C, Doshi T. Fairness indicators: scalable infrastructure for fair ML system. Mountain View (CA): Google (accédé 2020-01-27). DOI
77. Holstein K, Vaughan JW, Daumé H, Dudík M, Wallach H. Improving fairness in machine learning systems: What do industry practitioners need? CHI '19: Proceedings of the 2019 CHI Conference on Human Factors in Computing Systems. 2019 Paper No.: 600. p. 1–16. DOI
78. Wiens J, Price WN 2nd, Sjoding MW. Diagnosing bias in data-driven algorithms for healthcare. *Nat Med* 2020;26(1):25–6. DOI PubMed
79. Chen IY, Joshi S, Ghassemi M. Treating health disparities with artificial intelligence. *Nat Med* 2020;26(1):16–7. DOI PubMed
80. Montreal Declaration for a Responsible Development of Artificial Intelligence. Forum on the Socially Responsible Development of AI: 2017 Nov 2–3: Montréal (QC) (accédé 2020-01-18). <https://www.montrealdeclaration-responsibleai.com/the-declaration>
81. Secrétariat du Conseil du Trésor du Canada. Directive sur la prise de décision automatisée. Ottawa (ON) : Gouvernement du Canada (mise à jour 2019-02-05; accédé 2020-01-27). <https://www.tbs-sct.gc.ca/pol/doc-fra.aspx?id=32592>
82. Friedman C, Rindflesch TC, Corn M. Natural language processing: state of the art and prospects for significant progress, a workshop sponsored by the National Library of Medicine. *J Biomed Inform* 2013;46(5):765–73. DOI PubMed
83. Sheikhalishahi S, Miotto R, Dudley JT, Lavelli A, Rinaldi F, Osmani V. Natural language processing of clinical notes on chronic diseases: systematic review. *JMIR Med Inform* 2019;7(2):e12239. DOI PubMed
84. Ford E, Curlew K, Wongkoblap A, Curcin V. Public opinions on using social media content to identify users with depression and target mental health care advertising: mixed methods survey. *JMIR Ment Health* 2019;6(11):e12942. DOI PubMed
85. Radebaugh C, Erlingsson U. Introducing tensorflow privacy: learning with differential privacy for training data. Medium. com (accédé 2020-01-27). <https://medium.com/tensorflow/introducing-tensorflowprivacy-learning-with-differential-privacy-for-trainingdata-b143c5e801b6>
86. Penning de Vries BB, van Smeden M, Rosendaal FR, Groenwold RH. Title, abstract, and keyword searching resulted in poor recovery of articles in systematic reviews of epidemiologic practice. *J Clin Epidemiol* 2020;121:55–61. DOI PubMed
87. Obermeyer Z, Powers B, Vogeli C, Mullainathan S. Dissecting racial bias in an algorithm used to manage the health of populations. *Science* 2019;366(6464):447–53. DOI PubMed



88. Coronavirus tech handbook: natural language processing. <https://coronavirustechhandbook.com/nlp>
89. COVID-19 Open Research Dataset Challenge (CORD-19): An AI challenge with AI2, CZI, MSR, Georgetown, NIH & The White House. San Francisco (CA): kaggle.com (accédé 2020-01-27). <https://www.kaggle.com/allen-institute-for-ai/CORD-19-research-challenge>
90. PubMed Central. Public Health Emergency COVID-19 Initiative. Bethesda (MD): US National Library of Medicine (accédé 2020-01-27). [PubMed](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/)
91. Bullock J, Luccioni A, Pham KH, Lam CS, Luengo-Oroz M. Mapping the landscape of artificial intelligence applications against COVID-19. arXiv:2003.11336 [cs.CY]. <https://vectorinstitute.ai/wp-content/uploads/2020/03/arxiv-mappingai.pdf>
92. Allen Institute for Artificial Intelligence (AI2). CORD-19 Explorer: explore the dataset. <https://cord-19.apps.allenai.org/>
93. Chen E, Lerman K, Ferrara E. COVID-19: the first public coronavirus Twitter dataset. Ithaca (NY): Cornell University (accédé 2020-01-27). <https://arxiv.org/abs/2003.07372>
94. LitCovid. Bethesda (MD): U.S. National Library of Medicine (accédé 2020-01-27). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/research/coronavirus/>
95. Coronafiles: Chatbots take strain off Denmark's emergency helplines (accédé 2020-01-27). <https://sifted.eu/articles/coronafiles-chatbots-helplines/>
96. Kritikos M. At a glance: scientific foresight: What if we could fight coronavirus with artificial intelligence? Scientific Foresight Unit, European Parliament. [https://www.europarl.europa.eu/RegData/etudes/ATAG/2020/641538/EPRS_ATAG\(2020\)641538_EN.pdf](https://www.europarl.europa.eu/RegData/etudes/ATAG/2020/641538/EPRS_ATAG(2020)641538_EN.pdf)
97. Against AI. COVID-19 Canada. About us. Toronto (ON): CIFAR (accédé 2020-01-27). <https://ai-against-covid.caa>

Voulez-vous devenir pair examinateur?

Communiquez avec l'équipe de rédaction du RMTC :
phac.ccdr-rmtc.aspc@canada.ca

RMTC RELEVÉ DES MALADIES TRANSMISSIBLES AU CANADA



Un appel à un cadre éthique lors de l'utilisation des données des médias sociaux pour des applications d'intelligence artificielle dans la recherche en santé publique

Jean-Philippe Gilbert^{1*}, Victoria Ng², Jingcheng Niu³, Erin E. Rees²

Résumé

Les progrès de l'intelligence artificielle (IA), plus précisément du sous-domaine de l'apprentissage automatique, et ses applications aux données Internet de source ouverte, telles que les médias sociaux, progressent plus rapidement que la gestion des questions éthiques liées à leur utilisation dans la société. Un cadre éthique aide les scientifiques et les décideurs politiques à considérer l'éthique dans leurs domaines de pratique, à légitimer leur travail et à protéger les membres du public générateur de données. Une question centrale pour faire avancer le cadre éthique est de savoir si les gazouillis, les publications Facebook et autres données de médias sociaux de source ouverte générées par le public représentent ou non de données humaines. Le présent document a pour but de mettre en évidence les problèmes éthiques auxquels le secteur de la santé publique sera ou est déjà confronté lors de l'utilisation des données des médias sociaux dans la pratique. Les problèmes comprennent le consentement éclairé, la confidentialité, l'anonymisation et la recherche d'un équilibre entre ces problèmes et les avantages de l'utilisation des données des médias sociaux pour le bien commun. Les cadres éthiques actuels doivent fournir des orientations pour permettre de résoudre les problèmes découlant de l'utilisation des données issues des médias sociaux dans le secteur de la santé publique. Des discussions dans ce domaine devraient avoir lieu, alors que l'application des données de source ouverte est encore relativement nouvelle, et suivre la cadence, car d'autres problèmes découlent de l'évolution technologique en cours.

Cette oeuvre est mise à la disposition selon les termes de la licence internationale Creative Commons Attribution 4.0



Affiliations

¹ Université Laval, Québec, QC

² Agence de la santé publique du Canada, Ottawa, ON

³ University of Toronto, Toronto, ON

*Correspondance :

jean-philippe.gilbert.5@ulaval.ca

Citation proposée : Gilbert J-P, Ng V, Niu J, Rees EE. Un appel à un cadre éthique lors de l'utilisation des données des médias sociaux pour des applications d'intelligence artificielle dans la recherche en santé publique. *Relevé des maladies transmissibles au Canada* 2020;46(6):191–6. <https://doi.org/10.14745/ccdr.v46i06a03f>

Mots-clés : éthique, recherche éthique, médias sociaux, intelligence artificielle

Introduction

Les progrès technologiques rapides de l'intelligence artificielle (IA), et plus particulièrement du traitement du langage naturel (TLN) utilisant des techniques d'apprentissage automatique, permettent un accès et une utilisation faciles des données massives de source ouverte. Le TLN permet aux ordinateurs d'analyser des ensembles de données du discours en langage naturel (c'est-à-dire, un texte non structuré pour une analyse quantitative).

En santé publique, l'épidémiologie numérique est devenue un nouveau domaine qui se concentre sur l'utilisation de données du secteur de la santé non public telles que les données Internet de source ouverte (e.g. Google Trends, les médias) et les données des réseaux sociaux (e.g. Twitter et Facebook), alors

que l'épidémiologie traditionnelle utilise les données collectées à des fins de soins de santé, telles que la déclaration des maladies à déclaration obligatoire par les professionnels de la santé, pour contribuer aux données de surveillance des cas de maladie.

Les chercheurs et les décideurs reconnaissent le potentiel des données épidémiologiques numériques pour améliorer l'alerte précoce des menaces pour la santé publique (1–3). Odlum et Yoon (4) ont utilisé le TLN pour évaluer les données de Twitter et ont indiqué que les gazouillis liés à Ebola ont augmenté dans les jours précédant l'alerte officielle de l'épidémie d'Ebola de 2014 en Afrique. Yousefinaghani et coll. (5) ont montré que 75 % des notifications d'épidémie de grippe aviaire en temps réel étaient repérables sur Twitter; un tiers des notifications d'épidémie ont



été signalées sur Twitter plus tôt que les rapports officiels. Ces observations soutiennent l'utilisation de volumes de données Twitter pour prédire la survenue d'épidémies, de même que pour prévoir le nombre de cas prévus. Cela a également été démontré avec les données de Google Trends (1,6). En outre, le peaufinement des données des médias sociaux par une répartition en diverses catégories pertinentes à la maladie, en utilisant le TLN pour classer les gazouillis en types de symptômes (e.g. fièvre, vomissements), ou en concentrant l'analyse sur des termes de recherche spécifiques de Google Trends, contribue à augmenter la précision des prévisions d'occurrence d'épidémie et des estimations des prévisions.

La recherche qui utilise des données de participants humains nécessite une approbation éthique. Un processus d'examen mené par un organisme gouvernemental ou un comité universitaire indépendant des chercheurs permet d'évaluer si l'utilisation de ces données garantit la sécurité, la dignité et les droits des participants. Les chercheurs doivent démontrer au comité d'éthique de la recherche (CER) que leur étude minimise les préjudices aux participants et respecte leur autonomie, génère et maximise les avantages (e.g. pour la société, la science, les participants) et qu'ils agissent avec intégrité, équité et transparence pour tous les intervenants (e.g. les participants, les bénéficiaires de la recherche). Cependant, dans le cadre d'un examen systématique de l'utilisation de Twitter pour la recherche en santé, seulement 32 % des études ont obtenu l'approbation éthique (7).

Il s'agit d'un exemple de technologie évoluant plus rapidement que la politique, dans la mesure où la disponibilité de nouvelles sources de données, telles que celles des médias sociaux, a dépassé la nécessité d'évaluer l'éthique de leur utilisation. Cela a donné lieu à des études comportant des démarches éthiques douteuses, ce qui entache tous les domaines qui utilisent des données massives. Un exemple est l'étude « Tastes, Ties, and Time » en 2007, où les chercheurs ont publié un ensemble de données anonymisé d'un groupe d'étudiants universitaires et métadonnées contenant des renseignements sur l'ensemble de données; l'ensemble de données était identifiable à partir de métadonnées (8). De même, en 2012, des preuves de contagion émotionnelle en ligne ont été recherchées, sans consentement préalable, en manipulant le flux de nouvelles Facebook de milliers de personnes pour voir si cela modifiait les sentiments dans les publications de ces personnes (9).

Dans cet article, nous explorons les problèmes liés aux cadres éthiques traditionnels en relation avec la recherche fondée sur l'IA, en particulier dans le domaine de la santé publique et de l'épidémiologie numérique. Nous présentons ensuite des cadres éthiques qui permettent aux scientifiques et aux décideurs politiques d'utiliser les données des médias sociaux et leurs applications.

Éthique contemporaine

Dans la science contemporaine, les chercheurs ont besoin d'une approbation éthique pour pouvoir utiliser des données humaines. Ce critère est le principal problème de la recherche fondée sur les données massives. Il soulève une question apparemment simple : Un message ou un gazouillis représente-t-il des données humaines ou des données textuelles? (10). Plusieurs questions et points de vue découlent de cette question et donnent lieu à un débat nécessaire étant donné que la popularité de l'utilisation des données issues des médias sociaux augmente dans plusieurs domaines scientifiques, y compris l'épidémiologie numérique.

Actuellement, les études qui utilisent les données des médias sociaux sont généralement perçues comme n'entrant pas dans le cadre de l'évaluation des comités d'éthique, car ces données ne sont généralement pas considérées comme des données humaines (11,12). De nombreux chercheurs, décideurs et praticiens supposent qu'ils peuvent utiliser des données de source ouverte, par exemple des gazouillis, des messages publics sur Facebook, des photos publiques sur Instagram et des questions Google Trends, dont l'accès n'exige pas de mot de passe (8,13). Cependant, pour de nombreux utilisateurs des médias sociaux, publier publiquement ne revient pas à donner leur consentement pour que le message soit utilisé à des fins de recherche (8,11,12). Cette question n'est pas couverte par les mécanismes d'examen éthique existants (14).

De plus, la facilité d'accès aux données des réseaux sociaux (en l'absence de règles éthiques et en utilisant la capture rapide de données à l'aide de l'IA) signifie que le nombre de points de données est souvent beaucoup plus important que dans les ensembles de données épidémiologiques traditionnels. Par conséquent, les décisions concernant l'utilisation et les répercussions des données des médias sociaux peuvent potentiellement affecter plus de personnes (14). Par exemple le nombre de personnes réidentifiées par accident ou par malveillance dans une base de données Twitter n'est limité que par les ressources utilisées pour compiler et analyser la base de données, ce qui est bien inférieur aux systèmes de surveillance traditionnels (14).

Consentement éclairé

Le consentement éclairé, tel qu'il existe dans l'éthique contemporaine, est mal adapté aux données des médias sociaux. Premièrement, il est presque impossible d'obtenir le consentement éclairé des personnes dont les données contribuent à l'épidémiologie numérique, car les ressources sont souvent insuffisantes pour contacter un nombre aussi élevé de personnes, lesquelles peuvent vivre n'importe où (15).

Deuxièmement, pour obtenir un consentement éclairé, les scientifiques doivent confirmer l'identité des utilisateurs des médias sociaux (16). Il n'y a aucun moyen de s'assurer que la personne qui se cache derrière le profil de médias sociaux est bien celle qu'elle prétend être ou de confirmer si le message sur



les réseaux sociaux n'a pas été généré par un agent numérique (c.-à-d., un « robot » responsable de messages sur les réseaux sociaux générés par ordinateur). En raison de cette complication, certains chercheurs considèrent que le consentement aux conditions et modalités de service d'une plateforme de médias sociaux, que les utilisateurs doivent donner pour utiliser la plateforme, est un substitut au consentement éclairé (16). Cependant, les utilisateurs ne lisent souvent pas les conditions et modalités de service ou ne les comprennent pas bien (17–19); celles-ci ne stipulent pas non plus les conditions dans lesquelles les données seront utilisées pour la recherche, ce qui remet en question la légitimité et l'intégrité de l'utilisation des conditions et modalités de service comme substitut d'un consentement éclairé. De nombreux « participants » à l'épidémiologie numérique ne savent pas que leurs données ont été collectées ou utilisées (20).

Problèmes de confidentialité et d'anonymisation

Nous dépendons de plus en plus de la technologie pour structurer et analyser les données qui prolifèrent dans nos sociétés numériques. L'exploration de données aide les chercheurs à trouver des patrons de données complexes et peu intuitifs. Cependant, les méthodes d'exploration de données peuvent également révéler des renseignements confidentiels à partir de données de médias sociaux apparemment inoffensives, par exemple des affiliations politiques (12,21). De plus, Wang et coll. (22) ont déclaré être en mesure de déterminer l'orientation sexuelle des personnes en traitant des photos de personnes tirées d'un site de rencontres.

Un ensemble de données anonymisé est l'exigence minimale pour protéger l'identité des sujets en sciences sociales (23) ou en épidémiologie traditionnelle (20). Selon la Règle commune, également connue sous le nom de « 45 CFR 46 Subpart A », le principal règlement pour la recherche humaine du Department of Health and Human Services des États-Unis (24), 17 identificateurs doivent être supprimés pour considérer un ensemble de données anonymisé. Il s'agit notamment du nom, du lieu de résidence, de toutes les dates à l'exception de l'année et des identifiants biométriques (25). Les Instituts de recherche en santé du Canada (IRSC), le Conseil de recherches en sciences naturelles et en génie du Canada (CRSNG) et le Conseil de recherches en sciences humaines du Canada (CRSH) précisent des identifiants similaires (26). Cependant, la suppression des 17 identificateurs que préconise la Règle commune ne suffit souvent pas à garantir l'anonymisation d'un ensemble de données. En effet, les données des médias sociaux sont très complexes (c.-à-d. qu'elles ont une grande dimensionnalité). De nombreux attributs non traditionnels peuvent permettre l'identification, comme la ré-identification par l'évaluation de la structure des réseaux sociaux (c.-à-d., les connexions humaines) à partir de multiples plateformes de médias sociaux (15,27). Les progrès liés aux algorithmes d'IA et à la puissance de calcul pour extraire des informations et évaluer les modèles signifient qu'il n'est plus

possible d'avoir des bases de données anonymes (28,29). De nombreux exemples dans la littérature scientifique démontrent ce problème en réidentifiant un ensemble de données anonymisé, puis publié (12,21).

Le bien commun

Le bien commun prend ses racines dans la vision utilitariste de l'éthique. Dans cette vision, le bien commun que la recherche peut générer est considéré par rapport au préjudice potentiel pour les personnes. Un certain niveau de préjudice peut être toléré s'il en résulte une « moralité positive ». Dans le contexte des médias sociaux, le préjudice est principalement une atteinte à la vie privée (30). Les gens sont plus disposés à sacrifier leur droit à la vie privée s'ils estiment que l'utilisation de leurs données bénéficiera au bien commun (31,32). Pour les utilisateurs de médias sociaux les plus enthousiastes dans l'étude de Mikal et coll. (31), [traduction] « c'est cool quand c'est des choses [...] comme la grippe, parce que c'est ainsi que [les décideurs en santé publique] savent comment acheminer les vaccins. » De même, pour les utilisateurs des médias sociaux de l'étude de Golder et coll. (32), cela [traduction] « pourrait donner une voix aux patients et à d'autres groupes, permettre de découvrir les vrais problèmes actuels et d'améliorer les soins aux patients ». Les facteurs qui influencent la disposition des personnes à partager leurs données pour le bien commun comprennent le type de recherche et les affiliations des chercheurs (c.-à-d., l'université, l'entreprise, le gouvernement) (32–34).

En fin de compte, bien que la majorité des personnes soient d'accord avec le concept de bien commun, il n'y a pas de seuil convenu pour lequel une atteinte à la vie privée peut et doit être tolérée pour la recherche en santé publique.

Nouveaux cadres éthiques

De nouveaux cadres qui répondent aux nouveaux défis éthiques concernant l'utilisation de l'IA pour la recherche ont été proposés par l'Association of Internet Researchers (AoIR) (35) et Zook et coll. (36) (**tableau 1**).

Suivre un cadre peut aider à légitimer la recherche pour la population (37). Étant donné que le cadre de l'AoIR (35) est accepté dans la littérature scientifique, l'Association étant l'une des organisations les plus citées en termes d'éthique et de données massives, les scientifiques pourraient vouloir utiliser ce cadre plutôt que le cadre moins connu de Zook et coll. Cependant, le cadre de Zook et coll. (36) est moins restrictif et plus facile à suivre.

De nombreux points de ces lignes directrices sont déjà des considérations que les scientifiques de la santé publique doivent aborder (e.g. la protection de la population vulnérable, les préjudices potentiels de l'étude, le processus d'anonymisation). Les scientifiques de la santé publique utilisent déjà fréquemment des données hautement confidentielles. La principale différence entre les données des médias sociaux et les données



Tableau 1 : Cadres éthiques proposés

Auteurs	Lignes directrices
AolR (35)	1. Protéger les populations vulnérables 2. Évaluer les dommages potentiels des études de recherche au cas par cas 3. Considérer les données d'humains comme étant humaines 4. Équilibrer les droits de toutes les parties concernées (c.-à-d. le droit à la vie privée du sujet et le droit de faire des recherches pour le scientifique) 5. La variabilité temporelle des considérations éthiques doit être résolue lorsqu'elle se produit 6. Discuter des problèmes éthiques avec des professionnels qualifiés lorsqu'ils surviennent
Zook et coll. (36)	1. Reconnaissez que les données sont des personnes et peuvent causer du tort 2. Reconnaissez que la confidentialité est plus qu'une valeur binaire 3. Protégez contre la réidentification de vos données 4. Pratiquez le partage éthique des données 5. Tenez compte des forces et des limites de vos données; « grand » ne signifie pas automatiquement « mieux » 6. Discutez des choix éthiques difficiles 7. Développez un code de conduite pour votre organisation, communauté de recherche ou industrie 8. Concevez vos données et systèmes de façon à assurer leur vérifiabilité 9. Interagissez avec les conséquences plus larges des données et des pratiques d'analyse 10. Sachez quand enfreindre ces règles

Abréviation : AoIR, Association of Internet Researchers

traditionnelles est la façon dont les données sont accessibles; l'intention initiale pour laquelle les données sont produites; et la capacité limitée des utilisateurs de médias sociaux à fournir un consentement éclairé. Les données représentent toujours des humains, et peuvent entraîner des conséquences involontaires telles que l'identification de la personne qui est à l'origine du contenu de médias sociaux. Les scientifiques de la santé publique ont l'obligation de protéger les personnes à l'origine de leurs données tout en équilibrant cela avec le bien commun; il est extrêmement difficile de se mettre d'accord sur cette décision subjective.

Discussion

À mesure que la technologie progresse rapidement et que davantage de recherches sont effectuées sur l'IA et les données des médias sociaux, un cadre éthique établi est essentiel pour empêcher une mauvaise utilisation des données des médias sociaux dans les applications de santé publique. Les chercheurs en santé publique, en informatique et en éthique doivent se réunir pour développer un cadre qui aidera les scientifiques à mener une recherche responsable. De façon générale, les cadres

existants ont été développés pour être utilisés dans tous les domaines scientifiques. Les décisions liées à la santé publique peuvent toutefois avoir des répercussions importantes sur la population, allant jusqu'à restreindre la liberté de circulation des personnes en cas de maladie hautement infectieuse, par exemple (20).

Le CER est un élément important du processus visant à garantir que la recherche respecte le cadre éthique. Ce qui est associé à l'utilisation de données de médias sociaux de source ouverte est le fait que les gens ne savent pas que leurs données sont utilisées ou n'ont pas la possibilité de consentir à leur utilisation. Ainsi, le CER fournit les moyens de défendre la sécurité, la dignité et les droits des participants comme stipulé dans le cadre éthique.

Le CER et le cadre éthique sont également nécessaires pour remédier aux limites des données des médias sociaux. De nombreuses plateformes de médias sociaux sont disponibles, et la prédominance de leur utilisation peut varier selon l'emplacement. Par exemple, Twitter et Facebook sont largement utilisés dans les pays occidentaux, mais interdits en République populaire de Chine; le gouvernement chinois autorise l'utilisation de Sina Weibo et de WeChat comme équivalents respectifs de Twitter et Facebook. De plus, les données démographiques d'utilisation peuvent varier selon les applications. Les générations plus âgées ont tendance à utiliser Twitter et Facebook, tandis que les générations plus jeunes ont tendance à utiliser Snapchat, Instagram et TikTok. C'est ce que l'on appelle la fossé numérique (38). Certains profils peuvent être sous-représentés (e.g. les enfants et les personnes âgées), selon les plateformes de médias sociaux.

Conclusion

Les questions éthiques liées à l'utilisation des données des médias sociaux pour les applications d'IA dans la recherche en santé publique se concentrent sur la question de savoir si ces données sont considérées comme humaines. Les cadres éthiques actuels sont inadéquats pour la santé publique. Pour éviter toute utilisation abusive des données des médias sociaux, nous soutenons que le fait de considérer les données des médias sociaux comme humaines faciliterait un processus de CER qui garantit la sécurité, la dignité et les droits des fournisseurs de données des médias sociaux. Nous sommes d'avis en outre qu'il faut accorder davantage d'attention à l'équilibre entre le bien commun et l'atteinte à la vie privée. La collaboration entre les chercheurs en éthique et les épidémiologistes numériques est nécessaire pour développer des comités d'éthique, des directives et pour superviser la recherche dans le domaine.

Déclaration des auteurs

J. P. G. — Rédaction – ébauche originale, administration de projet, conceptualisation



V. N. — Rédaction – révision et édition, conceptualisation, supervision
 N. J. — Rédaction – révision et édition, conceptualisation, supervision
 E. E. R. — Rédaction – révision et édition, conceptualisation, supervision

Conflit d'intérêts

Aucun.

Remerciements

Les auteurs tiennent également à remercier S. de Montigny, N. Barrette et P. Gachon pour leurs commentaires.

Financement

Ce travail est soutenu par l'Agence de la santé publique du Canada.

Références

- Ginsberg J, Mohebbi MH, Patel RS, Brammer L, Smolinski MS, Brilliant L. Detecting influenza epidemics using search engine query data. *Nature* 2009;457(7232):1012–4. [DOI PubMed](#)
- Barboza P, Vaillant L, Mawudeku A, Nelson NP, Hartley DM, Madoff LC, Linge JP, Collier N, Brownstein JS, Yangarber R, Astagneau P; Early Alerting Reporting Project Of The Global Health Security Initiative. Evaluation of epidemic intelligence systems integrated in the early alerting and reporting project for the detection of A/H5N1 influenza events. *PLoS One* 2013;8(3):e57252. [DOI PubMed](#)
- Salathé M. Digital epidemiology: what is it, and where is it going? *Life Sci Soc Policy* 2018;14(1):1–5. [DOI PubMed](#)
- Odium M, Yoon S. What can we learn about the Ebola outbreak from tweets? *Am J Infect Control* 2015;43(6):563–71. [DOI PubMed](#)
- Yousefinaghani S, Dara R, Poljak Z, Bernardo TM, Sharif S. The assessment of Twitter's potential for outbreak detection: avian influenza case study. *Sci Rep* 2019;9(1):18147. [DOI PubMed](#)
- Rangarajan P, Mody SK, Marathe M. Forecasting dengue and influenza incidences using a sparse representation of Google trends, electronic health records, and time series data. *PLOS Comput Biol* 2019;15(11):e1007518. [DOI PubMed](#)
- Sinnenberg L, Buttenheim AM, Padrez K, Mancheno C, Ungar L, Merchant RM. Twitter as a tool for health research: a systematic review. *Am J Public Health* 2017;107(1):e1–8. [DOI PubMed](#)
- Zimmer M. "But the data is already public": on the ethics of research in Facebook. *Ethics Inf Technol* 2010;12(4):313–25. [DOI](#)
- Jouhki J, Lauk E, Penttinen M, Sormanen N, Uskali T. Facebook's emotional contagion experiment as a challenge to research ethics. *Media Commun* 2016;4(4):75–85. [DOI](#)
- Buchanan E. Considering the ethics of big data research: A case of Twitter and ISIS/ISIL. *PLoS One* 2017;12(12):e0187155. [DOI PubMed](#)
- Fiesler C, Proferes N. "Participant" perceptions of Twitter research ethics. *Social Media Soc* 2018;4(1):14. [DOI](#)
- Ienca M, Ferretti A, Hurst S, Puhon M, Lovis C, Vayena E. Considerations for ethics review of big data health research: A scoping review. *PLoS One* 2018;13(10):e0204937. [DOI PubMed](#)
- Gehner M, Oughton D. Ethical challenges in social media engagement and research: considerations for code of engagement practices. *J Radiol Prot* 2016;36(2):S187–92. [DOI PubMed](#)
- Lee EC, Asher JM, Goldlust S, Kraemer JD, Lawson AB, Bansal S. Mind the scales: harnessing spatial big data for infectious disease surveillance and inference. *J Infect Dis* 2016;214 suppl_4:S409–13. [DOI PubMed](#)
- Lipworth W, Mason PH, Kerridge I, Ioannidis JP. Ethics and epistemology in big data research. *J Bioeth Inq* 2017;14(4):489–500. [DOI PubMed](#)
- Webb H, Jirotko M, Stahl BC, Housley W, Edwards A, Williams ML, Procter R, Rana OF, Burnap P. The Ethical Challenges of Publishing Twitter Data for Research Dissemination. *Proceedings of the 2017 ACM Web Science Conference*. 2017, New York: Assoc Computing Machinery; 339–48.
- Fiske ST, Hauser RM. Protecting human research participants in the age of big data. *Proc Natl Acad Sci USA* 2014;111(38):13675–6. [DOI PubMed](#)
- Saqr M. Big data and the emerging ethical challenges. *Int J Health Sci (Qassim)* 2017;11(4):1–2. [PubMed](#)
- Hesse A, Glenna L, Hinrichs C, Chiles R, Sachs C. Qualitative research ethics in the big data era. *Am Behav Sci* 2019;63(5):560–83. [DOI](#)
- Vayena E, Salathé M, Madoff LC, Brownstein JS. Ethical challenges of big data in public health. *PLOS Comput Biol* 2015;11(2):e1003904. [DOI PubMed](#)
- Mooney SJ, Pejaver V. Big data in public health: terminology, machine learning, and privacy. *Annu Rev Public Health* 2018;39:95–112. [DOI PubMed](#)



22. Wang Y, Kosinski M. Deep neural networks are more accurate than humans at detecting sexual orientation from facial images. *J Pers Soc Psychol* 2018;114(2):246–57. [DOI PubMed](#)
23. Phillips A, Borry P, Shabani M. Research ethics review for the use of anonymized samples and data: A systematic review of normative documents. *Account Res* 2017;24(8):483–96. [DOI PubMed](#)
24. Shade J, Coon H, Docherty AR. Ethical implications of using biobanks and population databases for genetic suicide research. *Am J Med Genet B Neuropsychiatr Genet* 2019;180(8):601–8. [DOI PubMed](#)
25. Rothstein MA. Is deidentification sufficient to protect health privacy in research? *Am J Bioeth* 2010 Sep;10(9):3–11. [DOI PubMed](#)
26. Instituts de recherche en santé du Canada. Conseil de recherches en sciences humaines Conseil de recherches en sciences naturelles et en génie du Canada Instituts de recherche en santé du Canada, Énoncé de politique des trois conseils Éthique de la recherche avec des êtres humains – EPTC 2 (2018). Ottawa (ON): Gouvernement du Canada; 2018 déc. <https://ethics.gc.ca/fra/documents/tcps2-2018-fr-interactive-final.pdf>
27. Vayena E, Haeusermann T, Adjekum A, Blasimme A. Digital health: meeting the ethical and policy challenges. *Swiss Med Wkly* 2018;148:w14571. [DOI PubMed](#)
28. El Emam K, Jonker E, Arbuckle L, Malin B. A systematic review of re-identification attacks on health data. *PLoS One* 2011;6(12):e28071. [DOI PubMed](#)
29. de Montjoye YA, Radaelli L, Singh VK, Pentland AS. Identity and privacy. Unique in the shopping mall: on the reidentifiability of credit card metadata. *Science* 2015;347(6221):536–9. [DOI PubMed](#)
30. Herron M, Sinclair M, Kernohan WG, Stockdale J. Ethical issues in undertaking internet research of user-generated content: a review of the literature. *Evid Based Midwifery* 2011;9(1):9–15.
31. Mikal J, Hurst S, Conway M. Ethical issues in using Twitter for population-level depression monitoring: a qualitative study. *BMC Med Ethics* 2016;17(1):22. [DOI PubMed](#)
32. Golder S, Ahmed S, Norman G, Booth A. Attitudes toward the ethics of research using social media: a systematic review. *J Med Internet Res* 2017;19(6):e195. [DOI PubMed](#)
33. Beninger K, Fry A, Jago N, Lepps H, Nass L, Silvester H. Research using social media; users' views. London (UK): NatCen Social Research; 2014. https://www.researchgate.net/publication/261551701_Research_using_Social_Media_Users'_Views
34. Golder S, Scantlebury A, Christmas H. Understanding public attitudes toward researchers using social media for detecting and monitoring adverse events data: multi methods study. *J Med Internet Res* 2019;21(8):e7081. [DOI PubMed](#)
35. Markham A, Buchanan E. Ethical decision-making and internet research: recommendations from the AoIR Ethics Working Committee (Version 2.0). Association of Internet Researchers; 2012.
36. Zook M, Barocas S, Boyd D, Crawford K, Keller E, Gangadharan SP, Goodman A, Hollander R, Koenig BA, Metcalf J, Narayanan A, Nelson A, Pasquale F. Ten simple rules for responsible big data research. *PLOS Comput Biol* 2017;13(3):e1005399. [DOI PubMed](#)
37. Shilton K, Sayles S. "We aren't all going to be on the same page about ethics:" Ethical practices and challenges in research on digital and social media. In: Bui TX, Sprague RH, editors. Proceedings of the 49th Annual Hawaii International Conference on System Sciences. 2016, IEEE Computer Soc: Los Alamitos. 1909–18.
38. Hargittai E. Digital Na(t)ives? Variation in internet skills and uses among members of the "Net Generation". *Sociol Inq* 2010;80(1):92–113. [DOI](#)



Vers l'automatisation des examens systématiques sur la vaccination au moyen d'un système d'extraction avancé fondé sur le traitement du langage naturel

David Begert¹, Justin Granek¹, Brian Irwin¹, Chris Brogly^{2*}

Résumé

Les décisions fondées sur des données probantes reposent sur le principe selon lequel tous les renseignements sur un sujet sont recueillis et analysés. Les examens systématiques permettent l'évaluation rigoureuse de différentes études selon les principes de PICO (population, intervention, contrôle, résultats). Toutefois, le fait de réaliser une révision est un processus généralement lent qui impose un fardeau important sur les ressources. Le problème fondamental est qu'il est impossible d'élargir l'approche actuelle à la réalisation d'un examen systématique pour faire face aux difficultés découlant d'un corpus important de données non structurées. Pour cette raison, l'Agence de la santé publique du Canada envisage l'automatisation de différentes étapes de synthèse des données visant à accroître les gains d'efficacité.

Dans le présent article, les auteurs présentent le résumé d'une version préliminaire d'un nouveau système d'apprentissage automatique fondé sur des avancements récents quant au traitement du langage naturel (TLN), comme BioBERT, où d'autres optimisations seront réalisées par l'entremise d'une nouvelle base de données de documents portant sur la vaccination. Le modèle de TLN optimisé obtenu et qui est au cœur de ce système peut déceler et extraire les champs relatifs aux principes de PICO des publications sur la vaccination avec une exactitude moyenne s'élevant à 88 % dans cinq classes de texte. La fonctionnalité est rendue possible par une interface Web directe.

Citation proposée : Begert D, Granek J, Irwin B, Brogly C. Vers l'automatisation des examens systématiques sur la vaccination au moyen d'un système d'extraction avancé fondé sur le traitement du langage naturel. *Relevé des maladies transmissibles au Canada* 2020;46(6):197–203. <https://doi.org/10.14745/ccdr.v46i06a04f>

Mots-clés : automatisation, traitement du langage naturel, TLN, extraction de données, révisions systématiques, apprentissage automatique

Introduction

La médecine fondée sur des données probantes s'appuie sur des examens systématiques à titre de sources principales d'information sur une variété de sujets (1) parce qu'elles fournissent les évaluations et les analyses de données provenant de différentes études. La publication rapide d'examens systématiques pertinents et de qualité supérieure est idéale, mais en pratique, le processus de publication est généralement lent (1,2). Cette lenteur est largement attribuable à la quantité considérable de données non structurées qui doivent être filtrées. La synthèse des données clés provenant de plusieurs articles visant à effectuer un examen systématique demande beaucoup de temps pour les experts. Le temps requis pour

effectuer une publication dépasse souvent un an (3), et les coûts s'élèvent à des centaines de milliers de dollars (4).

Des méthodes d'apprentissage automatique pour l'automatisation des examens systématiques ont été définies dans le passé (1,5). Elles permettent l'élaboration de systèmes logiciels capables de déterminer automatiquement des types distincts de données textuelles, pourvu que le nombre d'exemples à partir desquels le système peut apprendre soit suffisant. Des méthodes de traitement du langage naturel (TLN) ont aussi été définies pour l'automatisation des examens systématiques (1,5) puisque ces méthodes permettent d'analyser

Cette oeuvre est mise à la disposition selon les termes de la licence internationale Creative Commons Attribution 4.0



Affiliations

¹ Xtract AI, Vancouver, BC

² Centre de l'immunisation et des maladies respiratoires infectieuses, Agence de la santé publique du Canada, Ottawa, ON

*Correspondance :

christopher.brogly@canada.ca



des textes écrits au moyen d'approches statistiques ou fondées sur des connaissances, et permettent ainsi la définition d'éléments et de modèles clés.

Contexte

L'Agence de la santé publique du Canada envisage l'automatisation des aspects de la synthèse des données en fonction des principes de PICO (population, intervention, contrôle, résultats) afin d'éliminer certaines des barrières à l'obtention des résultats d'un examen systématique, notamment la mobilisation directe d'experts, le temps et les coûts. Pour ce faire, l'Agence a collaboré avec Xtract AI (Vancouver, Colombie-Britannique) afin d'élaborer un système qui s'appuie sur l'apprentissage automatique et le TLN de pointe pour cibler l'extraction des principes de PICO à partir d'articles portant sur la vaccination. La fonctionnalité de notre système est basé sur son apprentissage pour l'examen d'articles contenus dans une base de données formée de 249 articles portant sur la vaccination et qui renferment des éléments PICO marqués manuellement. Lorsqu'il est démontré que l'exactitude du système à extraire des données textuelles pertinentes relatives au PICO dans des articles jusque-là inconnus est élevée, il est possible de s'appuyer là-dessus pour réaliser des travaux qui seraient normalement réalisés manuellement. L'objectif consistait à élaborer le système permettant d'examiner de façon manuelle beaucoup moins d'articles.

Dans le présent article, les termes « modèle de TLN » et « système » sont utilisés. À proprement parler, le « modèle de TLN » renvoie à la collection de méthodes d'apprentissage automatique et de TLN employées pour traiter des documents relatifs à la vaccination. Le « système » renvoie au modèle de TLN doté d'une interface utilisateur sur le Web qui permet la convivialité du modèle (voir la **figure 1**). Le modèle de TLN est fondamental au système et réalise des tâches d'extraction et de prédiction, mais le terme « système » est utilisé plus souvent dans le présent article en raison des liens de dépendance entre le modèle de TLN et les composantes du système.

Figure 1 : Capture d'écran de la page d'accueil de l'interface Web du système d'extraction fondé sur la TLN montrant une interrogation de recherche

Abréviation : TLN, traitement du langage naturel
(Figure en anglais seulement)

Le système a été conçu pour extraire automatiquement 27 catégories de texte fondées sur le principe de PICO à parti

d'articles inconnus portant sur la vaccination. Pour mettre à l'essai cette version initiale du système, le rendement a été mesuré en fonction de la capacité du système à repérer le texte portant sur le vaccin principal, le type d'étude, l'état de santé de la population et le résultat, ainsi que le texte descriptif du résultat dans 40 articles initialement inconnus portant sur la vaccination. Nous avons considéré ces cinq catégories comme des moyens appropriés de mesurer le rendement initial de l'extraction de textes relatifs au principe de PICO parce qu'elles englobent une vaste gamme de textes, et avons présumé que les catégories étaient plus variées que bon nombre des autres catégories de texte que le système peut extraire. Le **tableau 1** montre les cinq catégories principales utilisées pour mesurer le rendement du système.

Tableau 1 : Catégories d'extraction de texte principales, avec exemples et score d'exactitude

Catégorie de texte	Description	Exemple extrait	Résultat d'exactitude, en pourcentage (%)
Vaccin principal	De quel vaccin cet article traite-t-il?	Vaccin quadrivalent contre le virus du papillome humain, ou vaccin heptavalent antipneumococcique	90
Type d'étude	De quel type d'étude s'agit-il?	Essai randomisé, contrôlé par placebo	92,5
État de santé de la population	État de santé de la population	VIH positif	85
Résultat – effet indésirable	Un effet indésirable décrit dans l'article	[traduction] « L'effet indésirable le plus courant était la douleur; les autres effets indésirables courants étaient de nature neurologique, gastro-intestinale ou épidermique. »	85
Résultat – phrase descriptive	Toutes les phrases importantes relatives aux résultats	Résultat concernant l'innocuité et l'immunogénicité, e.g. « L'EV était de 93,0 % (85,1–97,3) dans l'ECV-PE (Tableau S1). »	87,5

Au moment de la rédaction, l'exactitude moyenne du système dans ces cinq catégories de texte principales était de 88 %. Le tableau 1 présente le résumé des résultats de l'exactitude. Afin d'atteindre ce niveau d'exactitude, le système a appris de 209 exemples sur les 249 qui se trouvent dans notre base de données de documents. La tâche d'automatisation a été mise à l'essai au moyen des 40 autres exemples se trouvant dans la base de données de documents. Deux versions de ces 40 documents d'essai existaient; la première version a été



marquée par un expert qui a analysé les documents pour des cas des 27 catégories de texte, et l'autre n'était pas marquée. Afin de mettre à l'essai la capacité d'extraire des textes relativement aux principes de PICO du système, le système a traité les versions non marquées des documents d'essai. Les extraits automatisés du système ont ensuite été comparés au texte des documents marqués de l'expert. L'extraction par le système d'un texte de qualité comparable à celle de l'un des textes marqués de l'expert était comptée comme un succès ayant contribué au score d'exactitude moyen de 88 %.

Nous présumons qu'il est possible d'obtenir des résultats semblables à la mise à l'essai de la tâche d'extraction de textes relatifs aux principes de PICO sur de nombreux autres documents à mesure que les travaux d'élaboration se poursuivent et que d'autres articles portant sur la vaccination marqués par des experts s'ajoutent à la base de données de documents.

Le présent article décrit l'approche technique à l'égard de l'élaboration du modèle de TLN et le processus par lequel le modèle de TLN a appris à réaliser cette tâche. Il présente ensuite une analyse plus détaillée de l'exactitude au moyen de plusieurs mesures du rendement.

Approche technique

Le modèle de TLN a été conçu en tant que modèle d'extraction de séquences à plusieurs classes. Un modèle d'extraction de séquences à plusieurs classes fonctionne en traitant le texte intégral d'un document auparavant inconnu, puis en extrayant les séquences de texte qui correspondent à chacune des catégories de texte qu'il a appris à extraire. Dans ce cas, selon les domaines marqués par des experts dans 209 documents portant sur la vaccination des 249 documents disponibles, le système extrait jusqu'à 27 catégories de texte. Chaque catégorie peut être comprise en double.

BioBERT, la variante de langue biomédicale de Représentations des codeurs bidirectionnels des transformateurs (BERT) pour l'exploration de texte biomédicale a été employée comme fondement du modèle de TLN afin d'accroître le rendement (6,7). En tant qu'avancée récente dans le TLN (7), BERT est essentiellement un modèle qui a traité un corpus de texte énorme et qui a appris de ce corpus. BERT, et les variantes comme BioBERT, sont de plus en plus utilisés comme base des nouveaux systèmes logiciels d'apprentissage automatique et de TLN. Leur utilisation a entraîné une augmentation importante de l'exactitude de ces systèmes. L'utilisation de BioBERT, en tant que variante de langue biomédicale du modèle original BERT, était considérée comme la plus appropriée dans le présent travail.

Création d'un ensemble de données

Les données d'apprentissage de départ employées pour le modèle de TLN du système étaient le corpus de Traitement automatique du langage naturel sur les données probantes à des fins d'extraction relative aux principes de PICO. Le corpus de TLN sur les données probantes renferme 5 000 résumés annotés d'articles médicaux décrivant des essais cliniques randomisés contrôlés (8). Les annotations du corpus de TLN sur les données probantes marquent les passages principaux de ces résumés, comme la description des participants (e.g. groupe d'âge, état), le type d'intervention (e.g. pharmacologique) et les résultats (e.g. douleur, effets indésirables, ou mortalité). Ces champs ou catégories de texte ont été déterminés par les personnes responsables d'élaborer le corpus de TLN sur les données probantes. Une description détaillée de la méthodologie d'annotation employée pour le corpus de TLN sur les données probantes se trouve au <https://ebm-nlp.herokuapp.com/annotations> (en anglais seulement).

Le corpus TLN sur les données probantes a été employé pour « enseigner » à notre système à travailler avec ces champs, parce qu'il fallait être en mesure d'extraire les mêmes champs ou catégories de texte. Toutefois, puisque le corpus de TLN sur les données probantes annote un petit nombre de champs de texte qui ne portent pas sur la vaccination, la base de données contenant les 249 documents portant sur la vaccination a été générée par l'annotation de données sur place. Le temps exact qu'il a fallu pour intégrer et marquer chaque article dans la base de données de documents n'a pas été consigné, mais le temps qu'il faut pour ajouter et marquer un document équivaldrait généralement au temps requis pour examiner manuellement un article qui pourrait faire l'objet d'un examen systématique. Toutefois, les efforts à cette étape signifieront au bout du compte moins de participation humaine au processus général d'examen systématique, puisque l'exactitude du système devrait montrer qu'il est capable de réaliser la tâche lui-même avec fiabilité.

À l'heure actuelle, le modèle traite tous les types de documents, sans arrêt, mais ne rend aucun résultat pour ceux qui ne contiennent aucun texte reconnaissable semblable aux exemples d'apprentissage. Nous prévoyons que les versions ultérieures du système sont en mesure de repérer les documents qui ne portent pas sur la vaccination par manque de résultat. Au moyen de l'outil d'annotation BRAT (9), les sections relatives au titre, au résumé, aux méthodes et aux résultats des 249 articles de la nouvelle base de données ont été annotées. Les articles ont été obtenus auprès de PubMed Central au moyen d'une recherche par mot-clé. Les champs qui n'étaient pas compris dans le corpus de TLN sur les données probantes, c'est-à-dire, les équivalents anglais de « type d'études », « vaccin principal », « résultats – effets indésirables », « résultat – phrase descriptive » et « état de santé de la population », ont été annotés. Le modèle de TLN comprend ces catégories de texte parce qu'elles ont été



marquées manuellement dans la nouvelle base de données de documents portant sur la vaccination. Des exemples de ces catégories sont énumérés au tableau 1.

Processus d'apprentissage et essai de l'exactitude du système

Le modèle de TLN fondé sur BioBERT a été lancé à partir du modèle de BioBERT original, et l'apprentissage ultérieur a eu lieu au moyen du corpus de TLN sur les données probantes. Le modèle a ensuite poursuivi son apprentissage au moyen de la base de données de documents portant sur la vaccination des présents chercheurs. Alors que 209 échantillons de la base de données de documents ont été utilisés au cours de cette dernière étape d'apprentissage, 40 articles marqués ont été exclus pour mettre le rendement du système à l'essai.

Nous avons ciblé la mise à l'essai de cinq catégories de texte principales dans cet article, mais le système n'a besoin d'extraire et de produire qu'une petite quantité de textes simples pour mettre à l'essai plusieurs des catégories de texte qu'il est possible d'extraire (voir le **tableau 2** pour des exemples). En ce qui concerne les autres catégories, le système ne produit pas le texte extrait lorsqu'il le trouve, mais attribue plutôt l'indicateur « vrai » (true) ou « faux » (false) au contenu de l'article de recherche. Le corpus de TLN sur les données probantes utilisé dans la formation initiale du modèle de TLN contient des exemples de quelques-unes de ces catégories. Il était prévu que ces exemples permettent au modèle de TLN de détecter n'importe quoi qui se trouvait dans le corpus de TLN sur les données probantes avec exactitude.

Tableau 2 : Catégories d'extraction de texte supplémentaires avec exemples^a

Catégorie de texte ^b	Exemple extrait
Innocuité	Vrai
Efficacité	Vrai
Pharmacologique ^b	Vaccin quadrivalent contre le virus du papillome humain (types 6, 11, 16 et 18) recombinant intramusculaire de 0,5 mL
État	VIH positif
Pays	Mali
Âge	Adultes âgés d'au moins 27 ans
Taille de l'échantillon	535
Sexe	Femmes

^a Le système extrait aussi les équivalents anglais de « cible de l'agent pathogène du vaccin », « immunogénicité », « immunodéprimé », « en santé », « non vivant », « sans adjuvant », « vivant », « sexe », « grossesse », « identifiant numérique d'objet », « score », « résumé », « méthodes », « résultats », « version_ja », et « mot-clé », mais ils ne sont pas énumérés à des fins de concision

^b Pour certaines catégories de texte, e.g. pharmacologique, plusieurs milliers d'exemples d'apprentissage ont été montrés au système par l'entremise d'un corpus de traitement du langage naturel de médecine fondée sur des données probantes

Évaluation

Afin d'évaluer le rendement de la prédiction des cinq catégories de texte, des mesures de rendement courantes de systèmes d'apprentissage automatique et de TLN ont été calculées. Elles comprennent la précision, le rappel et le score F1 (une autre mesure d'exactitude fondée sur la précision et le rappel). Le nombre de réussites et d'erreurs ainsi que le pourcentage d'exactitude général ont été calculés. Toutes les mesures de rendement sont définies au **tableau 3**. Les mesures énumérées s'appliquent aux documents dans leur intégralité. Le nombre de « vrais positifs », de « vrais négatifs », de « faux positifs » et de « faux négatifs » est utilisé pour calculer le nombre de réussites et d'erreurs. Le nombre de vrais positifs, de vrais négatifs, de faux positifs et de faux négatifs est le résultat du niveau d'exactitude de l'extraction de textes effectuée par le système. Les pourcentages d'exactitude généraux présentés dans le tableau 1 sont calculés en fonction des réussites et des erreurs.

Tableau 3 : Définition des mesures de rendement du modèle

Mesure de l'exactitude	Méthodes ou formule de calcul	Signification des résultats
VP	Nombre de documents	Documents correctement repérés Les résultats élevés sont préférables
VN	Nombre de documents	Documents correctement repérés Les résultats élevés sont préférables
FP	Nombre de documents	Documents incorrectement repérés Les faibles résultats sont préférables
FN	Nombre de documents	Documents incorrectement repérés Les faibles résultats sont préférables
Réussites	$VP + VN$	Somme des documents correctement repérés Les résultats élevés sont préférables
Erreurs	$FP + FN$	Somme des documents incorrectement repérés Les faibles résultats sont préférables
Pourcentage d'exactitude général	$\frac{(VP + VN)}{(VP + VN + FP + FN)} * 100$	Exactitude générale allant de 0 % à 100 %
Précision	$\frac{VP}{(VP + FP)}$	Mesure de la recherche documentaire Résultats allant de 0,0 à 1,0; plus un résultat est élevé, meilleur il est

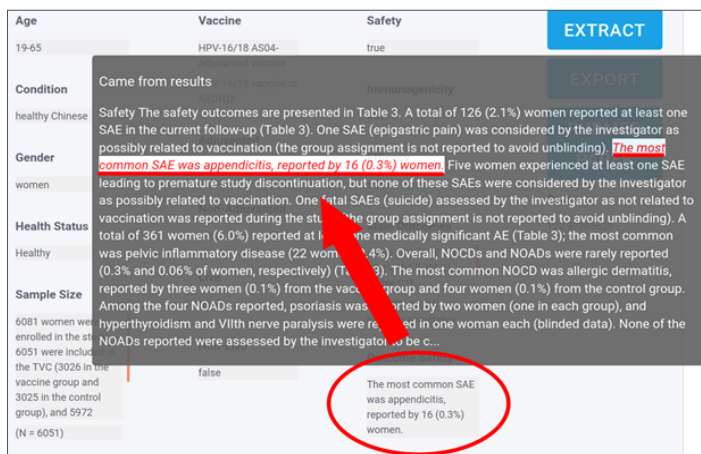
Tableau 3 : Définition des mesures de rendement du modèle (suite)

Mesure de l'exactitude	Méthodes ou formule de calcul	Signification des résultats
Rappel	$\frac{VP}{(FN + VP)}$	Mesure de la recherche documentaire Résultats allant de 0,0 à 1,0; plus un résultat est élevé, meilleur il est
Score [F1]	$2 * (P * R) / (P + R)$	Résultats allant de 0,0 à 1,0; plus un résultat est élevé, meilleur il est.

Abréviations : FN, faux négatif; FP, faux positif; P, précision; R, rappel; VN, vrai négatif; VP, vrai positif

Il est important de noter que le système extrait du texte de format libre. Dans ce cas, la longueur et le contenu d'une prédiction extraite peuvent varier grandement de la séquence correcte et marquée du texte d'un document d'essai (pour connaître des exemples, consulter la **figure 2**). Puisque c'est le cas, il est très important de définir clairement ce qui constitue une réussite (vrai positif ou vrai négatif). Par exemple, si la prédiction extraite est « vaccin antipneumococcique » alors que la bonne réponse est « vaccin heptavalent antipneumococcique », le résultat pourrait être catégorisé comme une erreur si le système juge « heptavalent » comme étant trop important pour l'exclure du texte sur le « vaccin principal » de ce document.

Figure 2 : Capture d'écran de l'interface Web du modèle de TLN présentant une prédiction extraite^a



The screenshot shows a web interface for the TLN model. It displays various patient and study characteristics on the left (Age: 19-65, Vaccine: HPV-16/18 AS04, Safety: true, Condition: Came from results, Gender: women, Health Status: Healthy, Sample Size: 6051). The main area shows a prediction: 'The most common SAE was appendicitis, reported by 16 (0.3%) women'. This prediction is highlighted with a red circle and a red arrow pointing to it from the left. The interface also includes buttons for 'EXTRACT' and 'EXPORT'.

Abréviation : TLN, traitement du langage naturel

^a La prédiction extraite est soulignée dans l'interface Web et est encadrée dans le panneau des résultats principaux de l'interface Web (Figure en anglais seulement)

Lorsque le problème associé aux définitions n'est pas réglé, les mesures de rendement sont dépourvues de contexte. À cette première étape, les prédictions extraites sont inspectées manuellement pour évaluer l'exactitude en fonction des critères définis. L'application de critères d'exactitude aux prédictions extraites n'avait pas été effectuée au moment de la rédaction, mais il est prévu qu'elle soit automatisée dans les versions

ultérieures du système. Ces critères d'exactitude ont été imposés aux cinq catégories de texte principales afin qu'une prédiction extraite compte comme une valeur prédictive positive (VPP). Puisqu'un document peut contenir de nombreuses prédictions extraites, il faut un grand nombre de VPP correctes pour que la tâche de catégorisation du document soit comptée comme une réussite entière, ou un vrai positif. La façon la plus facile de penser à une VPP par rapport à un vrai positif est que si la VPP se trouve au niveau textuel, alors qu'un vrai ou un faux positif est attribué à un document entier en fonction du nombre de VPP. Le **tableau 4** en définit les critères généraux.

Tableau 4 : Critères établis sur mesure pour les vrais positifs prévus et les formules utilisées pour calculer les vrais positifs et les vrais négatifs

Critères 1 de VPP ^a	Critères 2 de VPP ^a	Exigence pour obtenir une réussite (vrai positif) ^{b,c}	Exigence pour obtenir une réussite (vrai négatif) ^{b,c}
La PE comprend au moins une des réponses marquées OU bonnes réponses non marquées, y compris toutes les données importantes	La PE ne peut pas comprendre trop de données inutiles	$\frac{VPP}{(VPP + FPP + FNP)} > 0,8$ > 0,5 pour les catégories de texte « Résultat » attribuable à la subjectivité	$VPP + FPP + FNP = 0$

Abréviations : FNP, faux négatif prévu; FPP, faux positif prévu; PE, prédictions prévues; VPP, vrai positif prévu

^a Les VPP sont déterminés en fonction des prédictions extraites effectuées par le système à partir du texte du document après une évaluation par un spécialiste d'examen. De nombreuses prédictions extraites par catégorie de texte pourraient compter comme VPP ou autre

^b Les FPP et les FNP sont tout aussi importants, mais leur nombre varie selon l'article
^c Si les exigences d'un vrai positif ou d'un vrai négatif ne sont pas respectées, un faux positif peut être attribué lorsqu'un FPP > FNP, ou un faux négatif peut être attribué lorsqu'un FPP < FNP

Tous les résultats de l'essai d'exactitude sur 40 documents sont présentés dans le **tableau 5**.

Le système a continuellement donné un bon rendement. Le taux de réussite était élevé et le taux d'erreur était faible, ce qui démontre l'efficacité générale de la tâche d'extraction en fonction des principes de PICO. Il était impossible d'assurer l'équilibre entre les exemples d'essai négatifs et positifs pour chaque catégorie en raison des données limitées, quoiqu'un équilibre ne reflète pas nécessairement le rendement réel. Par exemple, le nombre de vrais négatifs pour la catégorie « population - état de santé » était beaucoup plus élevé parce que les articles de cette catégorie ne contenaient aucun texte qui aurait pu être extrait. Néanmoins, ce déséquilibre a entraîné un problème; les résultats d'exactitude de ces catégories de texte peuvent être biaisés en faveur du groupe (soit positif ou négatif) qui présente le plus d'exemples d'essai. Toutefois, il est prévu que ces résultats demeurent élevés puisque ce problème se règle par l'élargissement de la base de données de documents portant sur la vaccination.



Tableau 5 : Tous les résultats de rendement des cinq catégories principales

Mesure du rendement	Catégories principales de texte				
	Vaccin principal	Type d'étude	Résultat – effet indésirable	Résultat – phrase descriptive ^a	Population – État de santé
Résultat F1	0,8824	0,947	0,727	0,9315	0,75
Précision ^c	1	0,964	1	0,9444	0,9
Rappel ^d	0,7895	0,931	0,571	0,9189	0,643
VP ^e	15	27	4	34	9
VN ^e	21	10	33	1	25
FP ^f	0	1	0	2	1
FN ^f	4	2	3	3	5
Réussites (VP ou VN) ^g	36	37	37	35	34
Erreurs (FP ou FN) ^h	4	3	3	5	6
Pourcentage d'exactitude de la catégorie, % ⁱ	90	92,5	92,5	87,5	85

Abréviations : FN, faux négatif; FP, faux positif; P, précision; R, rappel; VN, vrai négatif; VP, vrai positif

^a Les catégories de texte présentaient des exemples de positifs et de négatifs visiblement déséquilibrés. L'exactitude générale peut être faussée en faveur du groupe qui comprend le plus d'exemples. Toutefois, un déséquilibre entre des exemples peut survenir au sein des données réelles

^b Une autre mesure d'exactitude fondée sur la précision et le rappel. Les résultats varient entre 0,0 et 1,0, plus un résultat est élevé, meilleur il est

^c Les résultats varient entre 0,0 et 1,0, plus un résultat est élevé, meilleur il est

^d Les résultats varient entre 0,0 et 1,0, plus un résultat est élevé, meilleur il est

^e Mesure des documents correctement repérés. Plus un résultat est élevé, meilleur il est

^f Mesure des documents incorrectement repérés. Les faibles résultats sont préférables

^g Mesure de la somme des documents correctement repérés. Les résultats élevés sont préférables

^h Somme des documents incorrectement repérés. Les faibles résultats sont préférables

ⁱ Exactitude générale. Les résultats varient de 0 % à 100 %

Comme le montre la figure 1, les résultats d'extraction relatifs aux principes de PICO sont accessibles au moyen d'une interface Web conviviale. La **figure 3** présente l'exemple d'une recherche effectuée affichant les résultats d'un grand nombre des catégories de texte.

Limites du système

Comme indiqué précédemment, il a été impossible d'obtenir des groupes d'exemple d'essai positifs et négatifs équilibrés parce que les données étaient limitées. Ce problème pourrait biaiser les résultats d'exactitude en faveur du groupe qui comprend le plus d'exemples d'essai. Toutefois, il est important de noter que ces exemples de positifs et de négatifs peuvent présenter un déséquilibre dans les documents inconnus dans les situations réelles.

L'élaboration de la nouvelle base de données de documents portant sur la vaccination a nécessité une certaine participation d'experts, c'est-à-dire qu'elle n'était pas automatisée. Il a aussi fallu faire des travaux manuellement pour examiner les prédictions extraites du texte du document pour apporter des corrections. Ces travaux effectués manuellement au départ

Figure 3 : Exemples de résultats d'extraction associés au VPH après l'envoi des termes de recherche

Title	Countries	Age	Vaccine	Safety	
Efficacy, immunogenicity, and safety of the HPV-16/18 AS04-adjuvanted vaccine in Chinese women aged 18–25 years: event-triggered analysis of a randomized controlled trial	China	19-65	HPV-16/18 AS04-adjuvanted vaccine	true	EXTRACT
	StudyType	Condition	HPV-16/18 vaccine or AI(OH)3	Immunogenicity	EXPORT
	event-triggered analysis of a randomized controlled trial	healthy Chinese		true	PUBMED PAPER
	multicenter, double-blind, randomized, controlled extended follow-up of a primary study	women	Adjuvanted	Efficacy	Score
	phase II/III, double-blind, randomized controlled study	Healthy	Non-Adjuvanted	true	122.97265625
Authors		Sample Size	Live	Main Outcomes	
Feng-cai Zhu		6081 women were enrolled in the study; 6051 were included in the TVC (3026 in the vaccine group and 3025 in the control group), and 5972	false	In the TVC-E, VE was 83.2% (24.7–98.2) (Table S1).	
Shang-Ying Hu			Non-Live	Outcome Safety	
Ying Hong				The most common SAE was appendicitis, reported by 16 (0.3%) women.	
Yue-Mei Hu					
Xun Zhang					
Yi-Ju Zhang					
Qin-Jing Pan					
Wen-Hua Zhang					
Fang-Hui Zhao					

(Figure en anglais seulement)

sont en fin de compte requis pour permettre l'automatisation ultérieurement.

Prochaines étapes

Au moment de la rédaction, le système était toujours en cours d'élaboration. Les prochains travaux consisteront entre autres à augmenter le nombre de documents marqués dans la nouvelle base de données de documents portant sur la vaccination afin d'améliorer l'apprentissage du système. De plus, l'interface Web continuera d'être peaufinée. Idéalement, le système repérera les documents qui ne traitent pas de la vaccination, et arrêtera immédiatement de les traiter pour empêcher même le court délai qu'il faut pour analyser un texte à l'heure actuelle. De plus, un système connexe, conçu pour englober tous les documents de nature biomédicale (fondés sur la même technologie dont il est question dans le présent article), est en cours d'élaboration.

Enfin, il faudra mettre à l'essai l'efficacité d'un système plus exhaustif en consultation avec les responsables des décisions en matière de santé publique.

Conclusion

Les auteurs ont décrit un système fondé sur l'apprentissage automatique et les méthodes de TLN qui vise à automatiser les travaux manuels répétitifs de l'analyse de documents assujettis au processus d'examen systématique. Ce système cible les documents portant sur la vaccination seulement. Les résultats prometteurs quant au rendement dans le cadre des présents travaux préliminaires montrent qu'il est possible de s'éloigner des approches manuelles et laborieuses à l'égard des examens systématiques et d'avancer vers des systèmes automatisés dans le but d'éliminer éventuellement (ou réduire de façon considérable) la participation de spécialiste aux tâches répétitives du processus.



La conception générale du système présente une manière prometteuse pour les responsables de décisions en matière de santé publique d'utiliser des données non structurées plus rapidement et de façon économique lorsqu'ils prennent des décisions et appliquent les principes de la médecine fondée sur des données probantes. La contribution unique des présents chercheurs à ce domaine est la convivialité du système au moyen d'une interface Web directe jumelée au rendement attribuable à l'application de méthodes d'apprentissage automatique et de TLN de pointe à notre nouvelle base de données de documents portant sur la vaccination.

Déclaration des auteurs

D. B. — Conception et mise en œuvre du système, mise à l'essai, rédaction, examen, révision

J. G. — Conception et mise en œuvre du système, mise à l'essai, rédaction, examen, révision

B. I. — Conception et mise en œuvre du système, mise à l'essai, rédaction, examen, révision

C. B. — Exigences en matière de mise à l'essai, rédaction, examen, révision

Conflits d'intérêts

Aucun.

Remerciements

Les auteurs souhaitent souligner la contribution de Xtract AI et des représentants suivants de l'Agence de la santé publique du Canada : O. Baclic, M. Tunis, M. Laplante, K. Young, H. Swerdfeger, C. Doan.

Financement

Le travail a reçu l'appui de l'Agence de la santé publique du Canada.

Références

1. Tsafnat G, Glasziou P, Choong MK, Dunn A, Galgani F, Coiera E. Systematic review automation technologies. *Syst Rev* 2014;3(74):1-15. [DOI PubMed](#)
2. Jonnalagadda SR, Goyal P, Huffman MD. Automating data extraction in systematic reviews: a systematic review. *Syst Rev* 2015;4(78):1-16. [DOI PubMed](#)
3. Borah R, Brown AW, Capers PL, Kaiser KA. Analysis of the time and workers needed to conduct systematic reviews of medical interventions using data from the PROSPERO registry. *BMJ Open* 2017;7(2):e012545. [DOI PubMed](#)
4. Lau J. Editorial: systematic review automation thematic series. *Syst Rev* 2019;8(70):1-2. [DOI PubMed](#)
5. Marshall IJ, Wallace BC. Toward systematic review automation: a practical guide to using machine learning tools in research synthesis. *BMC Syst Rev* 2019;8(163):1-10 [DOI PubMed](#)
6. Lee J, Yoon W, Kim S, Kim D, Kim S, So CH, Kang J. BioBERT: a pre-trained biomedical language representation model for biomedical text mining. *Bioinformatics* 2020 Feb;36(4):1234–40. [DOI PubMed](#)
7. Devlin J, Chang MW, Lee K, Toutanova K. Proceedings of the 2019 Conference of the North American Chapter of the Association for Computational Linguistics: Human Language Technologies, Volume 1 (Long and Short Papers); BERT: pre-training of deep bidirectional transformers for language understanding; 2019-06. NAACL-HLT. Minneapolis, Minnesota (US): Association for Computational linguistics: 2019;4171–86. [DOI](#)
8. Nye B, Li JJ, Patel R, Yang Y, Marshall I, Nenkova A, Wallace B. Proceedings of the 56th Annual Meeting of the Association for Computational Linguistics; A corpus with multi-level annotations of patients, interventions and outcomes to support language processing for medical literature. Melbourne (AUS): Association for Computational linguistics; July 15-20, 2018. [DOI](#)
9. Stenetorp P, Pyysalo S, Topić G, Ohta T, Ananiadou S, Tsujii J. BRAT: A web-based tool for NLP-assisted text annotation. Proceedings of the Demonstrations at the 13th Conference of the European Chapter of the Association for Computational Linguistics. 2012 April. Avignon (FR): EACL.



Application de l'intelligence artificielle à l'évaluation *in silico* de la résistance aux antimicrobiens et des risques pour la santé humaine et animale présentés par les pathogènes bactériens entériques prioritaires

Rylan Steinkey¹, Janice Moat^{2,3}, Victor Gannon¹, Athanasios Zovoilis^{3,4,5}, Chad Laing^{2*}

Résumé

Chaque année, environ un Canadien sur huit est touché par des maladies d'origine alimentaire, soit par des écloisons, soit par des maladies sporadiques, les animaux constituant le principal réservoir des pathogènes. Les laboratoires de santé publique et animale procèdent désormais régulièrement à des analyses de séquençage du génome complet afin de définir des grappes de cas de maladie épidémiologique et de déterminer les sources potentielles d'infection. De même, un certain nombre d'outils bio-informatiques peuvent être utilisés pour identifier les facteurs déterminant la virulence et la résistance aux antimicrobiens (RAM) dans les génomes des souches pathogènes.

De nombreuses caractéristiques cliniques et phénotypiques importantes de ces agents pathogènes peuvent maintenant être prédites à l'aide d'algorithmes d'apprentissage automatique appliqués aux données de séquence génomique complète. Dans cet aperçu, nous comparons la capacité des machines à vecteurs de support, des arbres de décision à croissance par gradient et des réseaux neuronaux artificiels de prédire les niveaux de RAM à l'intérieur de *Salmonella enterica* et de la bêta-lactamase à spectre étendu (BLSE) produisant l'*Escherichia coli*. Nous montrons que les concentrations minimales d'inhibitrices (CMI) pour chacun des 13 antimicrobiens pour les souches de *S. enterica* peuvent être déterminées avec précision et ces souches *E. coli* produisant la BLSE peuvent être classifiées avec précision comme susceptible, intermédiaire ou résistante pour chacun des sept antimicrobiens.

En plus de la RAM et des populations bactériennes présentant les plus grands risques pour la santé humaine, les algorithmes d'intelligence artificielle offrent des outils prometteurs pour prédire d'autres phénotypes cliniquement et épidémiologiquement importants des pathogènes entériques.

Citation proposée : Steinkey R, Moat J, Gannon V, Zovoilis A, Laing C. Application de l'intelligence artificielle à l'évaluation *in silico* de la résistance aux antimicrobiens et des risques pour la santé humaine et animale présentés par les pathogènes bactériens entériques prioritaires. *Relevé des maladies transmissibles au Canada* 2020;46(6):204–10. <https://doi.org/10.14745/ccdr.v46i06a05f>

Mots-clés : apprentissage automatique, pathogènes bactériens, séquence génomique complète, génomique prédictive, résistance aux antimicrobiens

Introduction

Chaque année, environ un Canadien sur huit sera touché par une maladie d'origine alimentaire, ce qui se traduira par une moyenne de 11 600 hospitalisations et 238 décès dans l'ensemble du pays (1). Les animaux sont souvent le réservoir de

grands pathogènes bactériens comme la *Salmonella enterica* et l'*Escherichia coli*. Ces agents pathogènes sont associés à des cas sporadiques et à des écloisons de maladies d'origine alimentaire. La résistance aux antimicrobiens (RAM) chez ces organismes est

Cette oeuvre est mise à la disposition selon les termes de la licence internationale Creative Commons Attribution 4.0



Affiliations

¹ Laboratoire national de microbiologie à Lethbridge, Agence de la santé publique du Canada, Lethbridge, AB

² Centre national des maladies animales, Agence canadienne d'inspection des aliments, Lethbridge, AB

³ Département de chimie et de biochimie, Université de Lethbridge, Lethbridge, AB

⁴ Southern Alberta Genome Sciences Centre, Lethbridge, AB

⁵ Centre canadien de neurosciences comportementales, Lethbridge, AB

*Correspondance :

chad.laing@canada.ca



une préoccupation croissante, le traitement étant plus difficile et plus coûteux. Par exemple, la bêta-lactamase à spectre étendu (BLSE) produisant l'*E. coli* est multirésistante, avec des coûts de traitement jusqu'à trois fois supérieurs à ceux d'*E. coli* ne produisant pas la BLSE (2).

Les organismes nationaux et provinciaux de santé publique sont très efficaces pour identifier les sources et arrêter l'exposition aux agents pathogènes. Historiquement, la détermination de la RAM a été effectuée dans un milieu de laboratoire de travaux pratiques (3,4). Deux des méthodes diagnostiques les plus couramment utilisées sont les tests de diffusion et de dilution. Les méthodes de diffusion, telles que la méthode Kirby-Bauer, exigent la culture d'un tapis bactérien dans un disque de concentration connue d'antimicrobiens ou dans une bande présentant un gradient de concentration d'antimicrobiens; la zone d'inhibition de la croissance autour de l'antimicrobien est comparée à une norme pour déterminer la résistance des bactéries (3). Les méthodes de dilution impliquent des cultures liquides dans la dilution en série de chaque antimicrobien, où la croissance de l'organisme est utilisée pour déterminer la concentration minimale inhibitrice (CMI) (3,4).

Ces méthodes prennent beaucoup de temps parce qu'elles reposent sur la croissance des bactéries et sont coûteuses parce qu'elles nécessitent du personnel qualifié et de l'équipement spécialisé pour être appliquées.

Les analyses de la séquence génomique complète (SGC) sont devenues une partie intégrante des flux de travail en santé publique. Les tests *in silico* ont en grande partie remplacé de nombreux tests en laboratoire coûteux et longs en réponse aux éclosions et en surveillance de routine (5–7). L'intelligence artificielle est de plus en plus utilisée pour analyser ces ensembles de données.

L'intelligence artificielle comprend la formation de machines pour faire des prédictions basées sur de grandes quantités de données. Elle a été utilisée dans des domaines aussi disparates que la reconnaissance de l'écriture manuscrite (8) et les systèmes d'armes autonomes (9).

L'apprentissage automatique (AA) surveillé décrit mieux l'application de l'intelligence artificielle à la prédiction des phénotypes bactériens à partir des données de SGC. Les algorithmes d'AA sont formés sur des données connues (« caractéristiques ») et prédisent ou classifient ensuite des données inconnues à l'aide des modèles formés. En général, les données utilisées pour la formation à l'AA sont particulières aux applications et peuvent inclure des images ou des renseignements sur les conditions météorologiques ou les éclosions de maladies infectieuses. Les données biologiques, et en particulier les données de SGC provenant de populations d'organismes, fournissent un très grand nombre de caractéristiques pour la formation de modèles d'AA et la prédiction des phénotypes d'intérêt. L'utilisation de ces

algorithmes dans la recherche sur les maladies infectieuses n'a pas encore été pleinement exploitée, mais elle est très prometteuse.

Des algorithmes d'AA ont été utilisés pour prédire des phénotypes importants comme la RAM (10,11) et pour déterminer si différents groupes d'agents pathogènes de la même espèce présentent des risques différents pour la santé humaine (12–14). La capacité de prédire d'importants phénotypes bactériens fondés uniquement sur les données du SGC serait d'un grand avantage pour la santé publique canadienne et pour l'industrie de l'agriculture animale.

Dans cette étude, nous avons formé trois modèles d'AA sur les données de SGC pour prédire les niveaux de résistance à 13 antimicrobiens dans les isolats de la *S. enterica* et pour classifier les souches d'*E. coli* produisant la BLSE comme susceptible, intermédiaires ou résistantes à sept antimicrobiens.

Méthodes

Les SGC de *S. enterica* ont été recueillis auprès de la GenBank du National Centre for Biotechnology Information. Ces 5 853 séquences ont été principalement isolées en Amérique du Nord entre 2002 et 2017; les données comprenaient 63 sérotypes avec au moins cinq membres, ainsi que des CMI phénotypiques pour 13 antimicrobiens (15). Les SGC ont été décomposés en sous-chaînes séquentielles de 11 *k*-mers de longueur et leurs occurrences ont été comptées à l'aide du logiciel Jellyfish (16). Afin de limiter la sélection des caractéristiques à celles qui sont le plus associées au phénotype examiné, nous avons utilisé une analyse de la variance de la valeur *F*, ce qui nous a permis de maintenir les 1 000 *k*-mers les plus associés à chaque agent antimicrobien avant la formation au modèle. Cette sélection de fonctions permet au modèle de se concentrer sur des *k*-mers statistiquement importants, lesquels peuvent améliorer la précision et économiser beaucoup de temps et de ressources informatiques.

Nous avons mis en œuvre des arbres de décision à croissance par gradient en utilisant XGBoost (17) et des machines à vecteurs de support en utilisant SciKit-learn (18). Les analyses de données ont été effectuées au moyen d'une validation croisée quintuple, où 80 % des données ont été utilisées pour former un modèle et les 20 % restants ont été retenus pour évaluer le rendement du modèle. Les analyses ont été répétées cinq fois, avec chaque 20 % étant utilisé une fois pour évaluer le rendement. Une moyenne de l'exactitude des cinq évaluations a été calculée pour chaque répétition expérimentale. Dix répétitions expérimentales distinctes ont été effectuées avec l'attribution aléatoire de génomes à chaque fois, avec la précision totale du modèle et l'écart type calculés à partir de ces résultats.

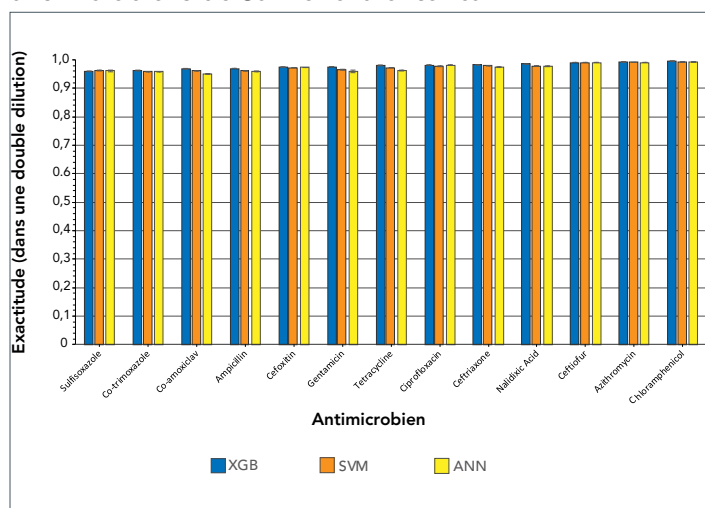
Des réseaux neuronaux artificiels ont été mis en œuvre à l'aide de Keras (19) avec un TensorFlow (20) en arrière-plan et des



optimisations d'hyperparamètres réalisées avec Hyperas (21). La validation croisée quintuple pour le réseau neuronal a consisté en un partage de 60-20-20 pour la formation, l'optimisation d'hyperparamètres et les tests, respectivement, pour chaque fois. Des mécanismes d'arrêt précoce ont été utilisés pour prévenir la suradaptation en surveillant les rendements décroissants ou négatifs à l'occasion des périodes de formation successives. En outre, une sélection aléatoire de nœuds dans le réseau et de leurs connexions a été supprimée par l'abandon afin d'empêcher la suradaptation ou la coadaptation (22).

Comme le montre la **figure 1**, les CMI ont été prédits dans une dilution avec une précision de 97,88 % ($\pm 1,13$) en utilisant XGBoost, 97,48 % ($\pm 1,20$) en utilisant des machines à vecteurs de support et 97,16 % ($\pm 1,48$) en utilisant des réseaux neuronaux artificiels. Les classificateurs XGBoost ont enregistré en moyenne une erreur majeure et un taux d'erreur majeur de 0,19 % ($\pm 0,19$) et 0,71 % ($\pm 0,60$), respectivement. Afin d'éviter l'inflation de l'exactitude des modèles, on a supprimé de ces moyennes le co-trimoxazole, la ciprofloxacine et la ceftriaxone, qui présentaient une faible diversité des classes de CMI. Les classificateurs XGBoost formés à prédire les CMI pour un seul antimicrobien utilisaient huit cœurs (processeur Intel Xeon Gold 6154), avaient un temps de formation moyen de 15 minutes et 12 secondes et ont atteint un maximum de 84,74 Go de mémoire vive.

Figure 1 : Exactitude dans une dilution double pour trois modèles d'apprentissage automatique formés sur les 1 000 principaux 11-mers et utilisés pour prédire les concentrations minimales d'inhibiteurs pour 13 antimicrobiens de *Salmonella enterica*

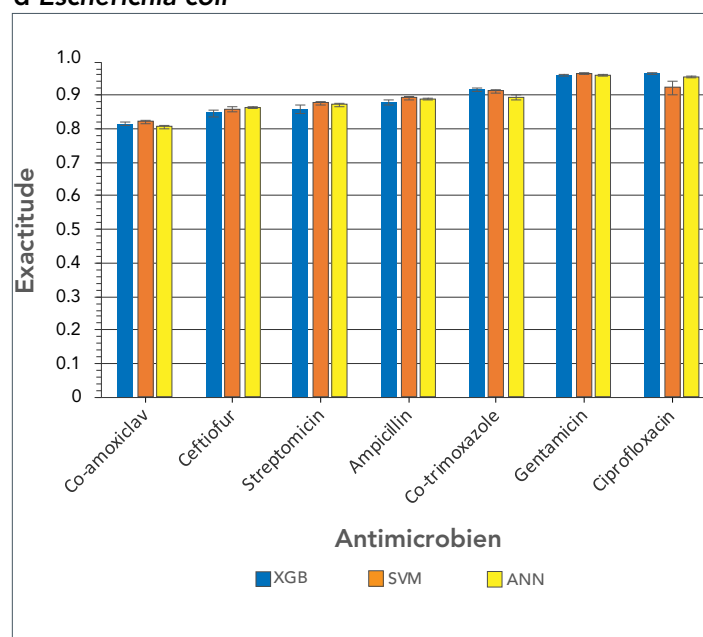


Abréviations : ANN, artificial neural network (RNA, réseau neuronal artificiel); SVM, support vector machine (MVS, machine à vecteurs de support); XGB, XGBoost

Nous avons également examiné un ensemble de 2 413 séquences d'*E. coli* contenant des producteurs de la BLSE, mais aucune donnée de CMI n'était disponible pour ces souches. Au lieu de cela, ils ont été classés comme susceptibles, intermédiaires ou résistants pour sept antimicrobiens. L'ensemble comprenait des échantillons de bovins, de cliniques

et d'environnement isolés entre 1970 et 2017 au Canada, en Thaïlande et au Royaume-Uni (11,23,24). Nous avons analysé les séquences en utilisant l'approche *k*-mer décrite ci-dessus et nous les avons utilisées pour former des modèles pour classer les isolats comme susceptibles, intermédiaires ou résistants pour chaque antimicrobien. La précision moyenne des modèles dans les sept antimicrobiens était de 89,18 % ($\pm 5,44$) pour XGBoost, 89,25 % ($\pm 4,43$) pour les machines à vecteurs de support et 89,18 % ($\pm 5,20$) pour les réseaux neuronaux artificiels (**figure 2**).

Figure 2 : Exactitude de trois modèles d'apprentissage automatique formés sur les 1 000 principaux 11-mers et utilisés pour prédire les classifications susceptibles, intermédiaires et résistants de sept antimicrobiens d'*Escherichia coli*



Abréviations : ANN, artificial neural network (RNA, réseau neuronal artificiel); SVM, support vector machine (MVS, machine à vecteurs de support); XGB, XGBoost

Discussion

Comme nous l'avons montré, les méthodes d'AA que nous utilisons ne reposaient pas sur des génomes de référence spécifiques, ni sur une connaissance *a priori* des mécanismes de résistance, mais sur la classification des organismes en grands groupes phénotypiques. Ce sont les modèles d'AA qui identifient les différences génomiques sous-jacentes qui sont le plus associées au phénotype. Cela présente le double avantage de ne pas exiger de connaissances mécanistes et peut permettre d'identifier de nouveaux déterminants génomiques du phénotype à l'étude. Ces nouvelles caractéristiques extraites des modèles présentent d'énormes avantages potentiels : comme dans le cas de la résistance aux antibiotiques, ils peuvent être utilisés pour développer des bases de données publiques établies sur les mécanismes de résistance et ils peuvent être utilisés comme cibles potentielles pour des diagnostics rapides



lors d'essais ultérieurs *in silico* ou en laboratoire de travaux pratiques.

Les modèles d'AA peuvent prédire rapidement et précisément la RAM à l'aide de données de SGC, de la classification susceptible, intermédiaire ou résistante aux valeurs quantitatives CMI. Pour les prévisions de RAM, il a été démontré que les modèles XGBoost se forment plus rapidement, utilisent moins de mémoire et sont plus précis que les méthodes d'apprentissage en profondeur. De plus, les modèles XGBoost et les modèles à vecteurs de support peuvent être utilisés pour déterminer les régions spécifiques du génome qui sont les plus prédictives d'un phénotype. C'est très difficile avec la mise en place d'un réseau neuronal dans la « boîte noire »; cependant, les réseaux neuronaux artificiels excellent encore dans la modélisation complexe des réseaux et ne devraient donc pas être exclus des études futures en génomique.

Les données de RAM souffrent généralement d'un déséquilibre de classe important, ce qui peut donner lieu à des modèles de haute précision sans valeur, comme le cas du co-trimoxazole dans nos données sur la *Salmonella*, où plus de 95 % des échantillons se trouvaient dans une dilution l'un de l'autre, ce qui donne un modèle capable d'une précision de 95 % sans apprendre quoi que ce soit des données sous-jacentes.

Nguyen et coll. (10) ont formé des régresseurs XGBoost sur un ensemble de données contenant 4 500 séquences de génomes complets de *S. enterica* non typhoïdes (provenant d'un ensemble de données plus vaste de 5 278 échantillons, dont 4 595 étaient également dans notre ensemble de données). Ces modèles avaient une précision de validation croisée de 95 % pour les 10 mêmes antimicrobiens inclus dans notre étude actuelle. Nguyen et coll. (10) ont utilisé un seul régresseur formé sur les 15 antimicrobiens en même temps, ce qui a pris 51 heures à former et a atteint un maximum de 1 184 Go de mémoire sur 170 cœurs (processeur Intel Xeon E5-4669v4) (10). Les classificateurs XGBoost formés dans notre étude actuelle se sont améliorés sur ces temps de formation ainsi que sur l'utilisation et la précision de la mémoire. Les classificateurs XGBoost y sont arrivés en créant des modèles par antimicrobien et en sélectionnant initialement uniquement les 1 000 caractéristiques les plus importantes statistiquement. Pour mieux comparer les précisions de ces modèles, il faut utiliser un ensemble de données indépendant au lieu de s'appuyer sur les exactitudes de validation croisée rapportées.

L'ensemble de données sur l'*E. coli* comprenait 1 935 isolats provenant d'une étude antérieure de Moradigaravand et coll. (11). Leurs méthodes exigeaient l'année d'isolement pour chaque séquence et le prétraitement des données sous forme de détermination du pangénome et de calcul de la structure de la population (11). En revanche, nos méthodes n'exigeaient que la séquence du génome associée au phénotype de résistance déterminé en laboratoire, ce qui permet la classification ainsi que l'identification de nouvelles régions qui ne sont pas actuellement

associées à la RAM. Les régions pourraient être utilisées pour des tests de diagnostic ultérieurs *in silico* ou en laboratoire.

Bien que des classifications plus larges, comme susceptibles, intermédiaires et résistantes, soient courantes pour les diagnostics de laboratoire et utiles pour établir des lignes directrices de traitement pour une infection bactérienne, les critères de base de ces catégories sont établis par des comités, avec une certaine disparité entre les régions. La prédiction des valeurs quantifiées sous forme de CMI sera la plus utile à l'avenir, même si elles sont utilisées par la suite pour classer les bactéries dans des catégories plus larges comme la susceptible, intermédiaire et résistant.

Bien que les résultats de ces études soient encourageants, la surinterprétation des résultats pose un problème avec les données génomiques en raison du nombre élevé de caractéristiques utilisées pour faire des prédictions par rapport à la taille plus petite de l'échantillon du nombre de génomes. Cela peut conduire à une surexploitation des données et à un piètre rendement des modèles, que nous avons tenté de traiter dans les méthodes de cette étude (25).

L'utilisation d'AA a permis de prédire la RAM dans d'autres pathogènes, y compris *Mycobacterium tuberculosis*, où de nouvelles signatures génétiques résistantes ont été identifiées (26). L'AA s'est également révélée utile dans l'identification de nouveaux composés antimicrobiens, qui ont historiquement été marqués par des taux élevés d'échec dans les sociétés pharmaceutiques (27).

La recherche par AA sur la *S. typhimurium* a découvert que plus de 80 % de la source hôte pouvait être attribuée à l'aide de variantes protéiques. Ce résultat a été obtenu à l'aide d'une machine à vecteurs de support, de réseaux neuronaux artificiels et de modèles de « prévisions au hasard » (28). Ce qui est particulièrement intéressant dans cette étude, c'est le chevauchement entre le réservoir animal et les cas humains. Cela indique que tous les isolats d'un agent pathogène particulier ne représentent pas le même risque de maladie et suggère que des points de contrôle plus spécifiques pourraient limiter l'infection humaine. De plus, comme plus de 60 % des agents pathogènes humains sont d'origine zoonotique, l'AA promet d'identifier les agents pathogènes émergents en analysant l'adaptation de l'hôte aux agents pathogènes animaux actuels (29).

Malgré l'utilité avérée de l'AA, les bactéries sont en constante évolution, et nos modèles aussi doivent évoluer, car ils ne sont aussi bons que les données sur lesquelles ils sont formés. La puissance de ces techniques doit être tempérée par leur utilisation judicieuse. De plus, des modèles spécifiques à la classe et à l'espèce sont toujours nécessaires pour produire des résultats significatifs, par exemple, un modèle par médicament par espèce pour prédire la RAM (30).



Il convient de noter que l'AA ne saisit pas toujours avec précision les interactions complexes et que l'amélioration de la modélisation ne peut à elle seule compenser le biais d'échantillonnage ou un ensemble de données incomplet ou sujet à erreur.

Conclusion

Comme le montre cet aperçu, l'intelligence artificielle a déjà amélioré l'identification et la caractérisation des maladies infectieuses, dont les avantages toucheront les laboratoires de santé publique et de santé animale au niveau mondial. Par exemple, les régions génomiques identifiées comme prédictives pour des classes spécifiques de RAM pourraient être utilisées pour l'identification et la classification rapides en aval, y compris dans les pipelines *in silico* et les applications en laboratoire comme la réaction en chaîne de la polymérase.

Le futur proche promet des développements passionnants, comme l'utilisation de l'AA pour identifier les bactériophages qui lysent des groupes spécifiques de bactéries pathogènes, permettant la phagothérapie à la place des antimicrobiens traditionnels (31). Enfin, la caractérisation du « phénotype complet », avec la capacité de prédire l'expression intégrale des protéines membranaires, est de plus en plus probable (32); et la formation de biofilms (33).

Malgré cela, la taille des ensembles de données requis pour former efficacement les modèles d'AA signifie que les ordinateurs de bureau sont souvent incapables d'analyser les données. Ceux qui n'ont pas accès aux ressources nécessaires doivent plutôt utiliser des méthodes analytiques qui réduisent la charge de calcul (34). À juste titre, l'utilisation d'AA lui-même a entraîné une augmentation de la vitesse des modèles mécanistes, dans certains cas plus de quatre ordres de grandeur (35).

Nous ne sommes qu'au début du couplage de grandes quantités de données génomiques et d'intelligence artificielle, avec la promesse de nouvelles découvertes qui amélioreront la plupart des aspects de la santé animale et humaine du fardeau des pathogènes bactériens entériques.

Déclaration des auteurs

R. J. S. — Traitement des données, analyse formelle, méthodologie, logiciel, validation, visualisation, ébauche originale, édition

J. M. — Traitement des données, analyse formelle, méthodologie, logiciel, validation, visualisation, ébauche originale, édition

V. P. J. G. — Conceptualisation, acquisition du financement, méthodologie, administration de projet, ressources, supervision, validation, ébauche originale, édition

A. Z. — Conceptualisation, acquisition du financement, méthodologie, administration de projet, ressources, supervision, ébauche originale, édition

C. R. L. — Conceptualisation, acquisition du financement, méthodologie, administration de projet, ressources, supervision, validation, ébauche originale, édition

Conflits d'intérêts

Aucun.

Financement

J. M., A. Z., C. R. L. : Ce travail a été appuyé par la subvention *Antimicrobial Resistance - One Health Consortium* accordée à A. Z. et C. R. L. par le ministère du Développement économique, du Commerce et du Tourisme de l'Alberta.

R. J. S., V. P. J. G., C. R. L. : Ce travail a été appuyé par le projet de l'Initiative de recherche et développement en génomique sur la résistance aux antimicrobiens. Ces travaux ont également été financés par l'Agence de la santé publique du Canada, l'Agence canadienne d'inspection des aliments et l'Université de Lethbridge.

Références

1. Agence de la santé publique du Canada. Estimations annuelles des maladies d'origine alimentaire au Canada. Ottawa (ON) : Gouvernement du Canada; 2015 (mise à jour 2016-07-05). <https://www.canada.ca/fr/sante-publique/services/maladie-origine-alimentaire-canada/estimations-annuelles-maladies-origine-alimentaire-canada.html>
2. Maslikowska JA, Walker SA, Elligsen M, Mittmann N, Palmay L, Daneman N, Simor A. Impact of infection with extended-spectrum β -lactamase-producing *Escherichia coli* or *Klebsiella* species on outcome and hospitalization costs. *J Hosp Infect* 2016;92(1):33–41. [DOI PubMed](#)
3. Schumacher A, Vranken T, Malhotra A, Arts JJ, Habibovic P. In vitro antimicrobial susceptibility testing methods: agar dilution to 3D tissue-engineered models. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis* 2018;37(2):187–208. [DOI PubMed](#)
4. Andrews JM. Determination of minimum inhibitory concentrations. *J Antimicrob Chemother* 2001;48 (1 Suppl 1):5–16. [DOI PubMed](#)
5. Collineau L, Boerlin P, Carson CA, Chapman B, Fazil A, Hetman B, McEwen SA, Parmley EJ, Reid-Smith RJ, Taboada EN, Smith BA. Integrating whole-genome sequencing data into quantitative risk assessment of foodborne antimicrobial resistance: a review of opportunities and challenges. *Front Microbiol* 2019;10:1107. [DOI PubMed](#)
6. Besser JM, Carleton HA, Trees E, Stroika SG, Hise K, Wise M, Gerner-Smidt P. Interpretation of whole-genome sequencing for enteric disease surveillance and outbreak investigation. *Foodborne Pathog Dis* 2019;16(7):504–12. [DOI PubMed](#)



7. Hendriksen RS, Bortolaia V, Tate H, Tyson GH, Aarestrup FM, McDermott PF. Using genomics to track global antimicrobial resistance. *Front Public Health* 2019;7:242. DOI PubMed
8. Muehlberger G, Seaward L, Terras M, Ares Oliveira S, Bosch V, Bryan M, Colutto S, Déjean H, Diem M, Fiel S, Gatos B, Greinöcker A, Grüning T, Hackl G, Haukkovaara V, Heyer G, Hirvonen L, Hodel T, Jokinen M, Kahle P, Kallio M, Kaplan F, Kleber F, Labahn R, Lang EM, Laube S, Leifert G, Louloudis G, McNicholl R, Meunier JL, Michael J, Mühlbauer E, Philipp N, Pratikakis I, Puigcerver Pérez J, Putz H, Retsinas G, Romero V, Sablatnig R, Sánchez JA, Schofield P, Sfikas G, Sieber C, Stamatopoulos N, Strauß T, Terbul T, Toselli AH, Ulreich B, Villegas M, Vidal E, Walcher J, Weidemann M, Wurster H, Zagoris K. Transforming scholarship in the archives through handwritten text recognition: transkribus as a case study. *J Doc* 2019;75:954–76. DOI
9. Sharkey A. Autonomous weapons systems, killer robots and human dignity. *Ethics Inf Technol* 2019;21:75–87. DOI
10. Nguyen M, Long SW, McDermott PF, Olsen RJ, Olson R, Stevens RL, Tyson GH, Zhao S, Davis JJ. Using machine learning to predict antimicrobial MICs and associated genomic features for nontyphoidal *Salmonella*. *J Clin Microbiol* 2019;57(2):e01260-18. DOI PubMed
11. Moradigaravand D, Palm M, Farewell A, Mustonen V, Warringer J, Parts L. Prediction of antibiotic resistance in *Escherichia coli* from large-scale pan-genome data. *PLOS Comput Biol* 2018;14(12):e1006258. DOI PubMed
12. Fisch D, Yakimovich A, Clough B, Wright J, Bunyan M, Howell M, Mercer J, Frickel E. Defining host-pathogen interactions employing an artificial intelligence workflow. *eLife* 2019;8:e40560. DOI PubMed
13. Lupolova N, Dallman TJ, Matthews L, Bono JL, Gally DL. Support vector machine applied to predict the zoonotic potential of *E. coli* O157 cattle isolates. *Proc Natl Acad Sci USA* 2016;113(40):11312–7. DOI PubMed
14. Lupolova N, Dallman TJ, Holden NJ, Gally DL. Patchy promiscuity: machine learning applied to predict the host specificity of *Salmonella enterica* and *Escherichia coli*. *Microb Genom* 2017;3(10):e000135. DOI PubMed
15. Benson DA, Cavanaugh M, Clark K, Karsch-Mizrachi I, Lipman DJ, Ostell J, Sayers EW. GenBank. *Nucleic Acids Res* 2013;41(Database issue):D36–42. DOI PubMed
16. Marçais G, Kingsford C. A fast, lock-free approach for efficient parallel counting of occurrences of k-mers. *Bioinformatics* 2011;27(6):764–70. DOI PubMed
17. Chen T, Guestrin C. XGBoost: a scalable tree boosting system. *KDD '16: Proceedings of the 22nd ACM SIGKDD International Conference on Knowledge Discovery and Data Mining*. New York (NY): ACM; 2016. pp. 785–94. DOI
18. Pedregosa F, Varoquaux G, Gramfort A, Michel V, Thirion B, Grisel O, Blondel M, Prettenhofer P, Weiss R, Dubourg V, Vanderplas J, Passos A, Cournapeau D. Scikit-learn: machine learning in Python. *J Mach Learn Res* 2011;12:2825–30. <http://www.jmlr.org/papers/volume12/pedregosa11a/pedregosa11a.pdf>
19. Chollet F. Keras. GitHub repository; 2015. <https://github.com/fchollet/keras>
20. Abadi M, Barham P, Chen J, Chen Z, Davis A, Dean J, Devin M, Ghemawat S, Irving G, Isard M, Kudlur M, Levenberg J, Monga R, Moore S, Murray DG, Steiner B, Tucker P, Vasudevan V, Warden P, Wicke M, Yu Y, Zheng X. TensorFlow: A system for large-scale machine learning. *Proceedings of the 12th USENIX Symposium on Operating Systems Design and Implementation*. 2016 Nov 2–4. Savannah (GA): OSDI 16. pp. 265–83. <https://www.usenix.org/system/files/conference/osdi16/osdi16-abadi.pdf>
21. Pumperla M. Keras + Hyperopt: A very simple wrapper for convenient hyperparameter optimization: Maxpumperla/Hyperas. 2019 (accédé 2020-03-25). <http://maxpumperla.com/hyperas/>
22. Srivastava N, Hinton G, Krizhevsky A, Sutskever I, Salakhutdinov R. Dropout: a simple way to prevent neural networks from overfitting. *J Mach Learn Res* 2014;15:1929–58. <http://jmlr.org/papers/volume15/srivastava14a/srivastava14a.pdf>
23. Runcharoen C, Raven KE, Reuter S, Kallonen T, Paksanont S, Thammachote J, Anun S, Blane B, Parkhill J, Peacock SJ, Chantratita N. Whole genome sequencing of ESBL-producing *Escherichia coli* isolated from patients, farm waste and canals in Thailand. *Genome Med* 2017;9(1):81. DOI PubMed
24. Kallonen T, Brodrick HJ, Harris SR, Corander J, Brown NM, Martin V, Peacock SJ, Parkhill J. Systematic longitudinal survey of invasive *Escherichia coli* in England demonstrates a stable population structure only transiently disturbed by the emergence of ST131. *Genome Res* 2017;27(8):1437–49. DOI PubMed
25. Hastie T, Tibshirani R, Friedman J. The elements of statistical learning: data mining, inference, and prediction. 2nd ed. Springer Science & Business Media; 2009. DOI
26. Kavas ES, Catoi E, Mih N, Yurkovich JT, Seif Y, Dillon N, Heckmann D, Anand A, Yang L, Nizet V, Monk JM, Palsson BO. Machine learning and structural analysis of *Mycobacterium tuberculosis* pan-genome identifies genetic signatures of antibiotic resistance. *Nat Commun* 2018;9(4306):1–9. DOI PubMed
27. Ivanenkov YA, Zhavoronkov A, Yamidanov RS, Osterman IA, Sergiev PV, Aladinskiy VA, Aladinskaya AV, Terentiev VA, Veselov MS, Ayginin AA, Kartsev VG, Skvortsov DA, Chemeris AV, Baimiev AK, Sofronova AA, Malyshev AS, Filkov GI, Bezrukov DS, Zagribelnyy BA, Putin EO, Puchinina MM, Dontsova OA. Identification of novel antibacterials using machine learning techniques. *Front Pharmacol* 2019;10:913. DOI PubMed



Application d'algorithmes de traitement du langage naturel pour extraire des informations d'articles de presse dans le cadre de la surveillance épidémiologique

Victoria Ng^{1*}, Erin E. Rees¹, Jingcheng Niu², Abdelhamid Zaghlool³, Homeira Ghiasbeglou³, Adrian Verster⁴

Résumé

Cet article porte sur l'application du traitement du langage naturel (TLN) pour l'extraction d'informations dans les systèmes de surveillance épidémiologique (SSE). Nous décrivons les applications courantes de l'extraction d'informations à partir d'articles de presse et de sources médiatiques de sources ouvertes dans les SSE, les méthodes, la valeur en matière de santé publique, les difficultés et les nouveaux développements.

Citation proposée : Ng V, Rees EE, Niu J, Zaghlool A, Ghiasbeglou H, Verster A. Application d'algorithmes de traitement du langage naturel pour extraire des informations d'articles de presse dans le cadre de la surveillance épidémiologique. *Relevé des maladies transmissibles au Canada* 2020;46(6):211–7.

<https://doi.org/10.14745/ccdr.v46i06a06f>

Mots-clés : traitement du langage naturel, TLN, surveillance épidémiologique, algorithmes, extraction d'informations, données de sources ouvertes

Cette oeuvre est mise à la disposition selon les termes de la licence internationale Creative Commons Attribution 4.0



Affiliations

¹ Laboratoire national de microbiologie, Agence de la santé publique du Canada

² Département de sciences informatiques, Université de Toronto, Toronto, ON

³ Centre de mesures et d'interventions d'urgence, Agence de la santé publique du Canada

⁴ Direction des aliments, Santé Canada, Ottawa, ON

*Correspondance :

victoria.ng@canada.ca

Contexte

Les méthodes de traitement du langage naturel (TLN) permettent aux ordinateurs d'analyser, de traiter et de tirer un sens du discours humain. Le domaine du TLN existe depuis les années 1950 (1); toutefois, les progrès de la technologie et des méthodes de ces dernières années ont rendu les applications de TLN plus faciles à mettre en œuvre, certaines tâches menant à des meilleurs résultats que les performances humaines (2). Il existe de nombreuses applications quotidiennes du TLN, notamment la traduction automatique, la reconnaissance du pourriel et la reconnaissance vocale. Le TLN est un outil puissant dans le domaine des soins de santé en raison des volumes importants de données textuelles qui sont produites, par exemple les dossiers de santé électroniques. En effet, les dossiers de santé électroniques ont déjà fait l'objet d'applications du TLN, notamment pour la détection des proliférations mélanocytaires (3,4), du risque de démence (5) et des phénotypes neurologiques (6). Cependant, les applications du TLN dans le domaine des soins de santé vont au-delà des dossiers médicaux électroniques. Par exemple, il est possible d'identifier les personnes atteintes de la maladie d'Alzheimer à partir de leurs habitudes langagières (7).

Cet article porte principalement sur l'application du TLN pour l'extraction d'informations dans les systèmes de surveillance épidémiologique (SSE). Nous décrivons les applications courantes de l'extraction d'informations à partir d'articles de presse et de sources médiatiques de sources ouvertes dans les SSE, les méthodes, la valeur en matière de santé publique, les difficultés et les nouveaux développements.

Les SSE exploitent l'internet pour trouver des données de sources ouvertes, en s'appuyant sur des sources informelles (e.g. les activités des médias sociaux) et des sources formelles (e.g. les rapports médiatiques ou épidémiologiques des individus, des médias ou des organisations de santé) pour aider à détecter les menaces émergentes (8). Les systèmes opérationnels comprennent le Réseau mondial de renseignement de santé publique (RMISP) de l'Agence de la santé publique du Canada (9), HealthMap (10) et le renseignement sur les épidémies provenant de sources ouvertes de l'Organisation mondiale de la Santé (11). En raison de la variété, de la rapidité et du volume croissants des informations numériques, une multitude de données non structurées à source ouverte



sont générées quotidiennement, principalement sous forme de communications verbales ou écrites (9). Les données de sources ouvertes non structurées contiennent des informations pertinentes sur les menaces émergentes qui peuvent être traitées pour extraire des données structurées du bruit de fond afin de faciliter la détection précoce des menaces (12). Pour les SSE, cela comprend des informations sur la nature de l'événement (classification de la menace; nombre de cas), le lieu de l'événement (géolocalisation) et le moment de l'événement (informations temporelles). La capacité à identifier ces informations permet aux gouvernements et aux chercheurs de surveiller les menaces de maladies infectieuses émergentes et d'y répondre.

L'un des défis de la surveillance des maladies infectieuses, comme la COVID-19, est qu'une immense quantité de données textuelles est continuellement générée et, dans une pandémie en cours, cette quantité peut être bien supérieure à ce que les humains sont capables de traiter. Les algorithmes du TLN peuvent aider à ces efforts en automatisant le filtrage de grands volumes de données textuelles afin de trier les articles par degré d'importance et d'identifier et d'extraire les éléments d'information importants.

Dans cet article, nous discutons de certains algorithmes importants de TLN et de la manière dont ils peuvent être appliqués à la santé publique. Consultez le **tableau 1** pour un glossaire de la terminologie technique courante en TLN.

Tableau 1 : Glossaire de la terminologie technique courante dans le domaine du traitement du langage naturel

Terme	Définition
Annotation (linguistique)	L'association de notations descriptives ou analytiques avec des données linguistiques, généralement effectuée pour générer un corpus pour l'entraînement des algorithmes
Apprentissage automatique (AA)	Étude des algorithmes informatisés qui apprennent des modèles à partir d'expériences. Les approches de l'AA comprennent l'apprentissage supervisé (l'algorithme apprend à partir d'échantillons d'apprentissage étiquetés), non supervisé (l'algorithme crée des modèles à partir de données non étiquetées), ou semi-supervisé (l'algorithme apprend à l'aide d'une petite quantité de données étiquetées et une grande quantité de données non étiquetées)
Apprentissage non supervisé	Un type de méthode d'AA qui n'utilise pas données étiquetées, mais plutôt des approches analytiques de regroupement et de composantes principales afin que l'algorithme puisse trouver des attributs communs pour regrouper les données en différents résultats
Apprentissage supervisé	Les algorithmes issus de l'apprentissage supervisé représentent un type d'algorithme de l'AA qui apprend à partir de paires entrée-sortie étiquetées. Les attributs des données d'entrée sont extraits automatiquement grâce à l'apprentissage, et les modèles sont généralisés à partir de ces attributs afin de produire des prédictions sur les sorties. Les algorithmes

Tableau 1 : Glossaire de la terminologie technique courante dans le domaine du traitement du langage naturel (suite)

Terme	Définition
Apprentissage supervisé (suite)	communs incluent les modèles cachés de Markov (HMM), les arbres décisionnels, les modèles d'estimation basés sur l'entropie maximale, les machines à vecteur de support (SVM) et les champs conditionnels aléatoires (CRF)
Corpora (singulier - corpus)	Un ensemble d'articles où le texte non structuré a été annoté (étiqueté) pour identifier différents types d'entités nommées. Des corpora sont conçus pour différents domaines afin d'entraîner les algorithmes d'AA à identifier des entités nommées (e.g. le corpus WikToR d'articles Wikipédia pour les emplacements géographiques, le corpus TimeBank de nouveaux documents de rapport pour les informations temporelles)
Entité nommée (EN)	Un mot ou une phrase qui identifie un élément ayant des attributs particuliers qui le distinguent d'autres éléments ayant des attributs similaires (e.g. une personne, une organisation, un lieu)
Fils RSS	RSS signifie Really Simple Syndication ou Rich Site Summary. Il s'agit d'un type de flux Web qui permet aux utilisateurs et aux applications de recevoir des mises à jour régulières et automatisées à partir du site Web de leur choix sans avoir à visiter manuellement ces sites Web pour obtenir les mises à jour
Géocodage	Également appelé géorésolution, il attribue des coordonnées géographiques à des toponymes
Géolocalisation	Un sous-ensemble de la REN qui permet d'identifier des entités géographiques dans un texte non structuré
Géoparsing	Le processus combiné du géomarquage et du géocodage
Intelligence artificielle (IA)	Une branche de l'informatique traitant de la simulation de l'intelligence humaine par des machines
Linguistique computationnelle (LC)	Branche de l'informatique qui tente de modéliser le langage humain (y compris divers phénomènes linguistiques et applications liés au langage) à l'aide d'algorithmes computationnels
Précision (également appelée valeur prédictive positive)	Pourcentage des entités nommées trouvées par l'algorithme qui sont correctes : (vrais positifs) / (vrais positifs + faux positifs)
Polysémie	L'association d'un mot ou d'une phrase ayant deux ou plusieurs significations distinctes (e.g. une souris est un petit rongeur ou un dispositif de pointage pour un ordinateur)
Rappel	Fraction du montant total des cas pertinents qui ont été effectivement récupérés (vrais positifs) / (vrais positifs + faux négatifs)
Reconnaissance d'entité nommée (REN)	Le processus d'identification d'un mot ou d'une phrase qui représente une EN dans le texte. La REN est anciennement apparue dans la sixième conférence de compréhension des messages (MUC-6), à partir de laquelle les REN ont été classés en trois catégories : ENAMEX (personne, organisation, lieu), TIMEX (date, heure) et NUMEX (argent, pourcentage, quantité)



Tableau 1 : Glossaire de la terminologie technique courante dans le domaine du traitement du langage naturel (suite)

Terme	Définition
Score F1	Une mesure de la performance utilisée pour évaluer la capacité du TLN à identifier correctement les EN en calculant la moyenne harmonique de précision et de rappel : $F1 = 2 * Précision * Rappel / (Rappel + Précision)$. Le score F1 privilégie les algorithmes équilibrés, car il tend vers le nombre le plus faible, minimisant l'incidence des grandes valeurs aberrantes et maximisant l'incidence des petites valeurs
Semi-supervisé	En raison des coûts élevés requis pour la création de données annotées, les algorithmes issus de l'apprentissage semi-supervisé apportent un équilibre coût-performance grâce à un apprentissage combiné à partir d'une petite quantité de données étiquetées (supervisé) et une grande quantité de données non étiquetées (non supervisé)
Synonymes	Les mots d'une même langue qui ont la même signification ou presque
Toponyme	L'EN du nom d'un lieu géographique tel qu'un pays, une province et une ville
Traitement du langage naturel (TLN)	Un sous-domaine de l'IA pour traiter les entrées en langage humain (naturel) pour diverses applications, y compris la reconnaissance automatique de la parole, la compréhension du langage naturel, la génération du langage naturel et la traduction automatique

Les algorithmes de TLN et leur application à la santé publique

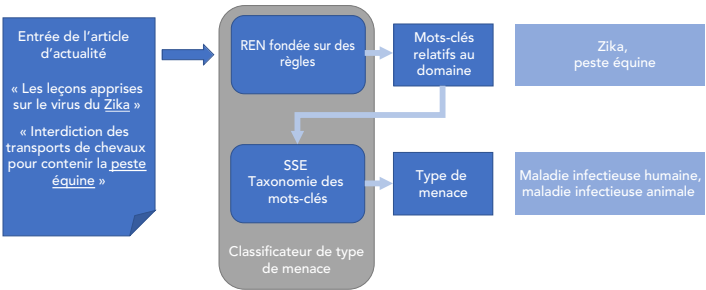
Le moyen le plus simple d'extraire des informations à partir de données textuelles non structurées est la recherche par mot-clé. Bien qu'efficace, cette méthode omet la question des synonymes et des concepts connexes (e.g. les nausées et vomissements sont liés aux maladies de l'estomac); elle ignore également le contexte de la phrase (e.g. en anglais, Apple peut être soit le fruit ou l'entreprise). Le problème de l'identification et de la classification des mots importants (entités) en fonction de la structure de la phrase est connu sous le nom de reconnaissance des entités nommées (REN) (13). Les entités les plus courantes sont les personnes, les organisations et les lieux. De nombreuses méthodes de REN étaient fondées sur des règles, identifiant et classant les mots à l'aide de dictionnaires (e.g. dictionnaire des noms d'agents pathogènes) et de règles (e.g. en utilisant « H#N# » pour classer une nouvelle souche de grippe non trouvée dans le dictionnaire) (14). Les synonymes et les concepts connexes peuvent être résolus à l'aide de bases de données qui organisent la structure des mots dans la langue (e.g. WordNet (15)). Les méthodes de REN les plus récentes utilisent des classifications et des relations prédéfinies dans les corpora pour développer des algorithmes d'apprentissage automatique (AA) afin d'identifier et de classer les entités (13). Aux fins de la REN, les termes sont annotés en catégories et l'algorithme apprend à reconnaître d'autres exemples de la catégorie à partir du terme et de la structure de la phrase qui

l'entoure. Comme les données linguistiques sont converties en jetons de mots dans le cadre de l'analyse, les algorithmes de TLN ne se limitent pas aux langues utilisant l'alphabet latin; ils peuvent également être utilisés avec des langues à base de caractères comme le chinois.

1. Classification des articles (type de menace)

La classification des articles par mots-clés taxonomiques en types de menaces permet aux utilisateurs du SSE de hiérarchiser les menaces émergentes. Par exemple, les analystes qui surveillent un événement peuvent filtrer les articles pour se concentrer sur une catégorie de menace spécifique. La REN fondée sur des règles identifie des mots-clés afin de relier chaque article à différentes catégories de menaces pour la santé (e.g. le type de maladie). Les mots-clés sont ensuite organisés en une taxonomie multilingue prédéterminée (e.g. « virus Zika » est une maladie infectieuse humaine, « peste équine » est une maladie infectieuse animale, etc.) qui peut être mise à jour à mesure que de nouvelles menaces sont découvertes. La taxonomie tire profit d'une structure linguistique similaire à celle de WordNet (16). Cela permet d'atténuer une partie du problème de la correspondance des mots-clés, car elle permet aux synonymes et aux concepts connexes de se substituer les uns aux autres. (figure 1).

Figure 1 : Classification des articles



Abréviations : REN, reconnaissance d'entités nommées; SSE, surveillance événementielle

2. Géoparsing

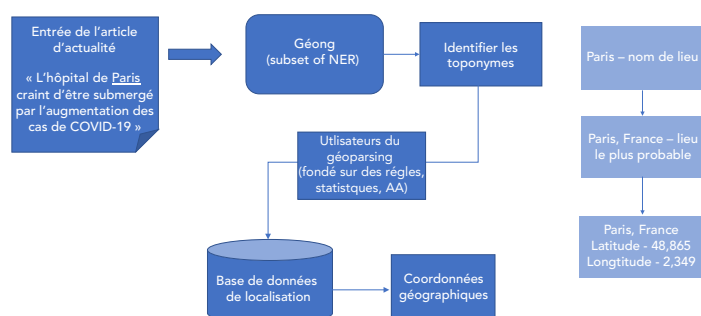
L'identification des lieux où des événements liés à la santé sont rapportés à partir d'articles peut aider à localiser les populations sensibles. Le géoparsing consiste à attribuer des coordonnées géographiques à des entités de localisation (c'est-à-dire des toponymes tels que la ville, le pays) identifiées dans un texte non structuré. Le processus commence par la géolocalisation, un sous-ensemble de REN pour identifier les toponymes, puis se poursuit avec le géocodage pour attribuer des coordonnées géographiques à partir d'un dictionnaire comme celui des noms géographiques (17). Les utilisateurs du géoparsing font appel à des méthodes de calcul qui sont fondées sur des règles, des statistiques et l'AA. L'approche générale du géoparsing consiste à caractériser les toponymes par un ensemble d'éléments (e.g. le nom du toponyme, la position du premier et du dernier caractère dans le texte, la longueur en caractères). Les informations sur les caractéristiques sont ensuite traitées au moyen de méthodes computationnelles pour relier chaque toponyme à un



nom géographique dans une base de données de localisation (e.g. GeoNames (17)), puis lui attribuer les coordonnées correspondantes (18).

Les avancées en géoparsing, comme d'autres applications du TLN, visent à accroître la force des textes non structurés pour résoudre les ambiguïtés. Un progrès est l'utilisation de techniques d'apprentissage semi-supervisées qui utilisent des corpora générés par des programmes pour entraîner des algorithmes d'AA à partir de plus grands ensembles de données d'exemples annotés. L'utilisation de code pour annoter des articles est plus rapide et permet d'obtenir des corpora plus grands et plus cohérents que l'annotation humaine (19). L'exploitation d'un contexte plus large résulte également de l'élargissement des informations sur les caractéristiques pour qu'elles soient topologiques (relations spatiales entre les toponymes, e.g. la distance par rapport au toponyme voisin le plus proche) (20). Un toponyme tiré d'une phrase comme « il y a de nouveaux cas de grippe à Londres » peut être difficile à résoudre, car il existe de multiples lieux potentiels. Les coordonnées toponymiques peuvent être résolues en attribuant un biais en faveur des zones plus peuplées, car elles sont généralement mentionnées plus souvent dans le discours; cependant, les maladies émergentes ne favorisent pas toujours les zones très peuplées (figure 2).

Figure 2 : Géoparsing



Abréviations : AA, apprentissage automatique; REN, reconnaissance d'entités nommées

3. Extraction d'informations temporelles et raisonnement temporel

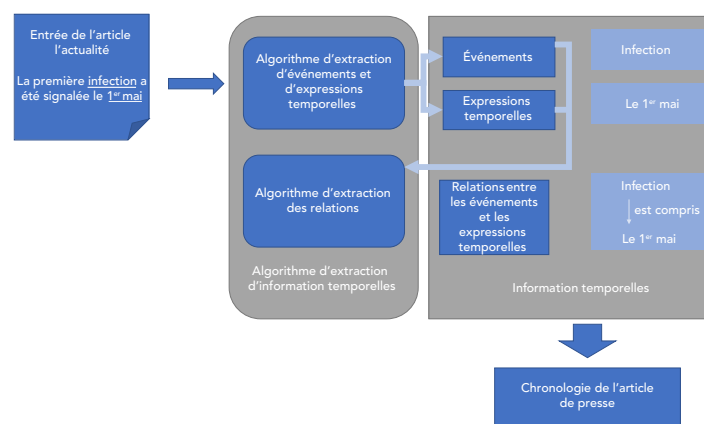
L'identification du moment où se produisent les événements décrits dans les articles est nécessaire pour établir une chronologie cohérente de ces événements. Il est important de pouvoir différencier un article rapportant un nouvel événement d'un article rapportant un événement antérieur connu. Les identificateurs temporels les plus courants dans les SSE sont la date de publication de l'article et la date de réception ou d'importation (l'horodatage de la réception de l'article dans le SSE). Aucune de ces dates n'extrait le moment des événements décrits dans les articles. Un sous-ensemble du TLN — l'extraction d'informations temporelles — a été développé pour extraire ces informations. L'extraction d'informations

temporelles est utilisée pour identifier les jetons dans le texte qui contiennent des informations temporelles sur des événements pertinents.

Deux sous-tâches d'extraction d'informations temporelles aident à résoudre les ambiguïtés découlant de récits compliqués relatant des événements multiples. Premièrement, l'extraction de relations temporelles se concentre sur la classification des relations temporelles entre les événements extraits et les expressions temporelles. En utilisant ces relations, les SSE peuvent ancrer les événements dans le temps (e.g. dans la phrase « la première infection a été signalée le 1^{er} mai », la relation entre l'événement « infection » et la date « 1^{er} mai » est utilisée pour horodater la première infection). Deuxièmement, le raisonnement temporel (21) se concentre sur l'ordonnement chronologique des événements par inférence.

Plusieurs systèmes d'extraction d'informations temporelles ont été développés, notamment TimeML (développé pour l'extraction temporelle d'articles de presse dans le domaine de la finance) (22); ISO-TimeML (une version révisée de TimeML) (23); et THYME (développé pour l'extraction temporelle dans les dossiers des patients) (24). Les résultats ont démontré l'atteinte d'une performance quasi humaine (25–28). En se fondant sur ces normes d'annotation, une norme d'annotation pour les articles de presse dans le domaine de la santé publique, Temporal Histories of Epidemic Events (THEE), a récemment été développée pour les SSE par les auteurs de cet article (29) (figure 3).

Figure 3 : Extraction d'informations temporelles et raisonnement temporel



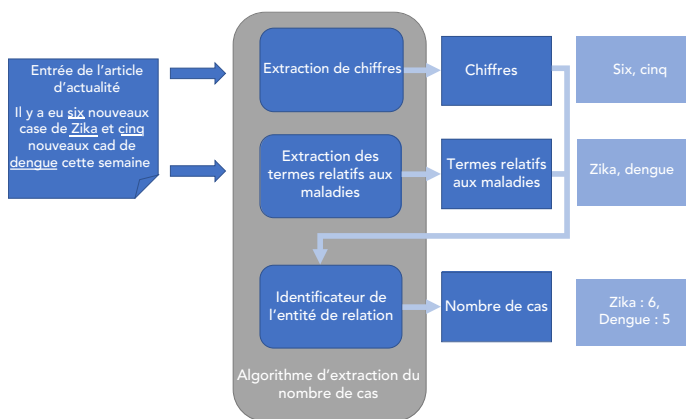
4. Extraction du nombre de cas

L'extraction du nombre de cas de maladie signalés dans les articles aiderait les utilisateurs d'un SSE à surveiller et à prévoir la progression de la maladie. Actuellement, il n'existe pas d'algorithme de TLN intégré dans les SSE capable de cette tâche. Cependant, il existe des algorithmes capables de s'attaquer à des tâches connexes qui peuvent être exploités pour développer un algorithme de comptage des cas. Les articles de presse en épidémiologie mentionnent fréquemment l'apparition

de cas de maladie (e.g. « Il y a eu six nouveaux cas de Zika cette semaine »), de sorte que l'identification des cas nécessite de déterminer les relations entre une référence quantitative dans le texte (six nouveaux cas) et un terme de maladie (de Zika). De nombreux algorithmes identifient déjà les relations entre des entités dans divers domaines. Par exemple, l'algorithme RelEx identifie les relations entre les gènes qui sont enregistrés dans les résumés MEDLINE et fonctionne avec un score F1 de 0,80 (30). Un algorithme a été développé à partir de l'algorithme RelEx, pour identifier les phrases dans les articles de presse qui font état de cas de maladies d'origine alimentaire (31).

Les auteurs de cet article développent et affinent cet algorithme pour extraire des informations sur le nombre de cas à partir de phrases qui ont été identifiées comme contenant des informations sur le nombre de cas (figure 4).

Figure 4 : Extraction du nombre de cas



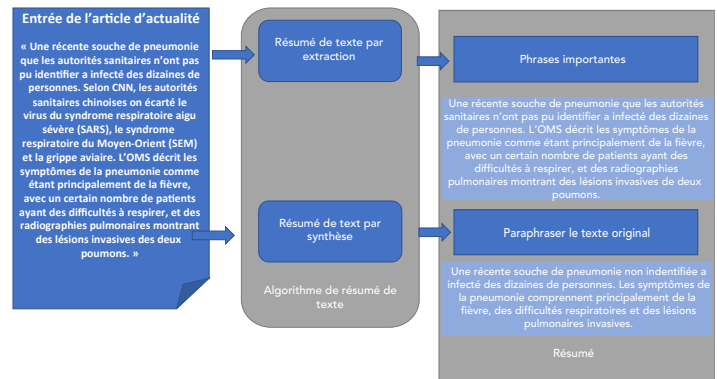
5. Résumé automatique du texte

L'objectif de la synthèse de texte est de créer rapidement et précisément un résumé concis qui conserve les informations essentielles du texte original. Le résumé de texte dans les SSE augmenterait le nombre d'articles qui peuvent être parcourus pour y détecter des menaces en réduisant le volume de texte à lire. Il existe deux principaux types de résumés de texte : soit un résumé fondé sur l'extraction et l'autre fondé sur la synthèse. La synthèse par extraction consiste à identifier les mots et phrases clés les plus importants du texte et à les combiner mot à mot pour produire un résumé. Le résumé fondé sur la synthèse utilise une technique plus sophistiquée qui consiste à paraphraser le texte original pour écrire un nouveau texte, imitant ainsi le résumé d'un texte humain.

Le résumé de texte en TLN est normalement développé à l'aide de modèles d'AA supervisés et formés sur des corpora. Dans les deux cas, soit le résumé par extraction et le résumé par synthèse, les phrases principales sont extraites du document source à l'aide de méthodes telles que le balisage des parties de discours, les séquences de mots ou d'autres méthodes de reconnaissance des formes linguistiques (32). Le résumé par synthèse va plus loin et tente de créer de nouvelles phrases et expressions à partir des

phrases principales extraites. Un certain nombre de techniques sont utilisées pour améliorer le degré de synthèse, notamment des techniques d'apprentissage approfondi et des modèles de langue préformés (33) (figure 5).

Figure 5 : Résumé automatique du texte



Abréviation : OMS, Organisation mondiale de la Santé

Discussion

Le domaine des soins de santé offre un nombre énorme d'applications potentielles pour le TLN en raison de l'omniprésence des données textuelles. Les dossiers de santé électroniques sont une source évidente de données pour l'application du TLN, mais les textes relatifs aux soins de santé vont bien au-delà des dossiers de santé; ils incluent les sources traditionnelles et les médias sociaux, qui sont les principales sources de données pour les SSE, en plus des rapports et documents officiels des gouvernements.

Comme les algorithmes de TLN peuvent interpréter des textes et extraire des informations essentielles de sources de données aussi diverses, ils continueront à jouer un rôle croissant dans la surveillance et la détection des maladies infectieuses émergentes. L'actuelle pandémie de COVID-19 est un exemple de cas où les algorithmes de TLN pourraient être utilisés pour la surveillance des crises de santé publique. (C'est d'ailleurs ce que plusieurs coauteurs de cet article sont en train de développer.)

Toutefois, même s'ils sont puissants, les algorithmes du TLN ne sont pas parfaits. Les principaux défis actuels consistent à regrouper plusieurs sources faisant référence à un même événement et à traiter les imperfections dans la précision de l'extraction des informations dues aux nuances des langues humaines. Les recherches en TLN sur l'extraction d'informations de la prochaine génération qui peuvent améliorer ces défis comprennent la résolution d'événements (déduplication et liaison des mêmes événements entre eux) (34) et les avancées dans les approches de TLN neurales, comme les réseaux de transformateurs (35), le mécanisme d'attention (36) et les modèles de langage à grande échelle, comme ELMo (37), BERT (38) et XLNet (39), visant à améliorer les performances actuelles des algorithmes.



Conclusion

Nous avons discuté de plusieurs algorithmes d'extraction de TLN communs aux SSE : la classification des articles, qui peut identifier les articles contenant des informations cruciales sur la propagation des maladies infectieuses; la géolocalisation, qui identifie où un nouveau cas de la maladie s'est produit; l'extraction temporelle, qui identifie quand un nouveau cas s'est produit; l'extraction du nombre de cas, qui identifie combien de cas se sont produits; et le résumé des articles, qui peut réduire considérablement la quantité de texte à lire par un humain.

Bien que le domaine du TLN pour l'extraction d'informations soit bien établi, de nombreux développements existants et émergents pertinents pour la surveillance de la santé publique se profilent à l'horizon. S'ils sont mis à profit, ces développements pourraient se traduire par une détection plus précoce des nouvelles menaces sanitaires ayant des répercussions immenses sur les Canadiens et le monde entier.

Conflit d'intérêts

Aucun.

Financement

E. E. Rees et V. Ng sont actuellement les co-enquêteurs principaux du Programme canadien pour la sûreté et la sécurité (PCSS), un programme financé par le ministère de la Défense nationale. La subvention est une subvention de trois ans intitulée « Incorporating Advanced Data Analytics into a Health Intelligence Surveillance System » — CSSP-2018-CP-2334.

Références

1. Bates M. Models of natural language understanding. *Proc Natl Acad Sci USA* 1995 Oct;92(22):9977–82. [DOI PubMed](#)
2. Wang A, Pruksachatkun Y, Nangia N, Singh A, Michael J, Hill F, Levy O, Bowman S. SuperGLUE: a stickier benchmark for general-purpose language understanding systems. *Ithaca (NY): arXiv; 2019* (mise à jour 2020-02-13; accédé 2020-02-24). <https://arxiv.org/abs/1905.00537>
3. Lott JP, Boudreau DM, Barnhill RL, Weinstock MA, Knopp E, Piepkorn MW, Elder DE, Knezevich SR, Baer A, Tosteson AN, Elmore JG. Population-based analysis of histologically confirmed melanocytic proliferations using natural language processing. *JAMA Dermatol* 2018 Jan;154(1):24–9. [DOI PubMed](#)
4. Nguyen AN, Truran D, Kemp M, Koopman B, Conlan D, O'Dwyer J, Zhang M, Karimi S, Hassanzadeh H, Lawley MJ, Green D. Computer-Assisted Diagnostic Coding: effectiveness of an NLP-based approach using SNOMED CT to ICD-10 mappings. *AMIA Annu Symp Proc* 2018 Dec;2018:807–16. [PubMed](#)
5. McCoy TH Jr, Han L, Pellegrini AM, Tanzi RE, Berretta S, Perlis RH. Stratifying risk for dementia onset using large-scale electronic health record data: A retrospective cohort study. *Alzheimers Dement* 2020 Mar;16(3):531–40. [DOI PubMed](#)
6. Wheeler E, Mair G, Sudlow C, Alex B, Grover C, Whiteley W. A validated natural language processing algorithm for brain imaging phenotypes from radiology reports in UK electronic health records. *BMC Med Inform Decis Mak* 2019 Sep;19(1):184. [DOI PubMed](#)
7. Karlekar S, Niu T, Bansal M. Detecting linguistic characteristics of Alzheimer's Dementia by interpreting neural models. In: *Proceedings of NAACL-HLT 2018*. New Orleans (LA). June 1–6, 2018.
8. World Health Organization. A guide to establishing event-based surveillance. Manila (PH): WHO Regional Office for the Western Pacific; 2008.
9. Dion M, AbdelMalik P, Mawudeku A. Les données massives et le Réseau mondial d'information en santé publique (RMISP). *Relevé des maladies transmissibles au Canada* 2015;41(9):241–7. [DOI](#)
10. Freifeld CC, Mandl KD, Reis BY, Brownstein JS. HealthMap: global infectious disease monitoring through automated classification and visualization of Internet media reports. *J Am Med Inform Assoc* 2008 Mar-Apr;15(2):150–7. [DOI PubMed](#)
11. World Health Organization. Epidemic Intelligence from Open Sources (EIOS): saving lives through early detection. Geneva (CH): World Health Organization; 2020 (accédé 2020-01-24). <https://www.who.int/eios>
12. Barboza P, Vaillant L, Mawudeku A, Nelson NP, Hartley DM, Madoff LC, Linge JP, Collier N, Brownstein JS, Yangarber R, Astagneau P. Early Alerting Reporting Project Of The Global Health Security Initiative. Evaluation of epidemic intelligence systems integrated in the early alerting and reporting project for the detection of A/H5N1 influenza events. *PLoS One* 2013;8(3):e57252. [DOI PubMed](#)
13. Nadeau D, Sekine S. A survey of named entity recognition and classification. In: Nadeau D, Sekine S, editors. *Named entities: recognition, classification and use*. *Linguisticae Investigationes* 2007;30(1):3–26.
14. Sekine S, Nabata C. Definition, dictionaries and tagger for extended named entity hierarchy. In: *Proceedings of the Fourth International Conference on Language Resources and Evaluation (LREC 2004)*. Lisbon (PT). 26–28 May 2004.
15. Princeton University. WordNet: an electronic lexical database. Princeton (NJ): Princeton University; 2010 (accédé 2020-01-24). <https://wordnet.princeton.edu/>



16. Miller GA. WordNet: a lexical database for English. Commun ACM 1995;38(11):39–41.
17. GeoNames [database]. 2020. <https://www.geonames.org/>
18. Santos J, Anastácio I, Martins B. Using machine learning methods for disambiguating place references in textual documents. GeoJournal 2015;80(3):375–92. DOI
19. Gritta M, Pilehvar MT, Limsopatham N, Collier N. What's missing in geographical parsing? Lang Resour Eval 2018;52(2):603–23. DOI PubMed
20. DeLozier G, Baldridge J, London L. Gazetteer-independent toponym resolution using geographic word profiles. Proceedings of the Twenty-Ninth AAAI Conference on Artificial Intelligence. Austin (TX): AAAI Press; 2015. p. 2382–8.
21. Allen JF. Maintaining knowledge about temporal intervals. In: Weld DS, De Kleer J. Readings in qualitative reasoning about physical systems. 1990, Elsevier; pp. 361–72. DOI
22. Pustejovsky J, Ingria R, Sauri R, Castano JM, Littman J, Gaizauskas RJ, Setzer A, Katz G, Mani I. The specification language TimeML. In: Mani I, Pustejovsky J, Gaizauskas R, editors. The language of time: a reader. 2005. p. 545–58.
23. Pustejovsky J, Kiyong L, Bunt H, Romary L. ISO-TimeML: an international standard for semantic annotation. In: Proceeding from the International Conference on Language Resources and Evaluation 2010. La Valette (MT). 2010 May.
24. Styler WF 4th, Bethard S, Finan S, Palmer M, Pradhan S, de Groen PC, Erickson B, Miller T, Lin C, Savova G, Pustejovsky J. Temporal annotation in the clinical domain. Trans Assoc Comput Linguist 2014 Apr;2:143–54. DOI PubMed
25. Chambers N. Navytime: event and time ordering from raw text. In: Second Joint Conference on Lexical and Computational Semantics (*SEM). Volume 2: Proceedings of the Seventh International Workshop on Semantic Evaluation (SemEval 2013). Annapolis (MD): Naval Academy; 2013.
26. Lee HJ, Xu H, Wang J, Zhang Y, Moon S, Xu J, Wu Y. UTHHealth at SemEval-2016 Task 12: an end-to-end system for temporal information extraction from clinical notes. In: Proceedings of the 10th International Workshop on Semantic Evaluation (SemEval-2016). San Diego (CA): Association for Computational Linguistics; 2016. DOI
27. Strötgen J, Zell J, Gertz M. HeideTime: tuning English and developing Spanish resources for TempEval-3. In: Proceedings of the Second Joint Conference on Lexical and Computational Semantics (*SEM). Volume 2: Proceedings of the Seventh International Workshop on Semantic Evaluation (SemEval 2013). Atlanta (GA);2013.
28. Lin C, Miller T, Dligach D, Bethard S, Savova G. A BERT-based universal model for both within- and cross-sentence clinical temporal relation extraction. In: Proceedings of the 2nd Clinical Natural Language Processing Workshop. Minneapolis (MN);2019.
29. Niu J, Ng V, Penn G, Rees E. Temporal histories of epidemic events (THEE): a case study in temporal annotation for public health. In: Proceedings of the International Conference on Language Resources and Evaluation. Marseille (FR);2020.
30. Fundel K, Küffner R, Zimmer R. RelEx--relation extraction using dependency parse trees. Bioinformatics 2007 Feb;23(3):365–71. DOI PubMed
31. Nasheri N, Vester A, Petronella N. Foodborne viral outbreaks associated with frozen produce. Epidemiol Infect 2019 Oct;147:e291. DOI PubMed
32. Aries A, Eddine ZD, Hidouci WK. Automatic text summarization: what has been done and what has to be done. arXiv:1904.00688. <https://arxiv.org/abs/1904.00688>
33. Kryscinski W, Paulus R, Xiong C, Socher R. Improving abstraction in text summarization. In: Proceedings of the 2018 Conference on Empirical Methods in Natural Language Processing. Brussels (BE): Association for Computational Linguistics; 2018. DOI
34. Petroni F, Raman N, Nugent T, Nourbakhsh A, Panic Z, Shah S, Leidner J. An extensive event extraction system with cross-media event resolution. In: Proceedings of the 24th ACM SIGKDD International Conference on Knowledge Discovery & Data Mining. 2018.
35. Vaswani A, Shazeer N, Parmar N, Uszkoreit J, Jones L, Gomez A, Kaiser Ł, Polosukhin I. Attention is all you need. In: Proceedings from the 31st Conference on Neural Information Processing Systems (NIPS 2017). Long Beach (CA);2017.
36. Liu B, Lane I. Attention-based recurrent neural network models for joint intent detection and slot filling. Proc Interspeech 2016;685–9. DOI
37. Peters M, Neumann M, Iyyer M, Gardner M, Clark C, Lee K, Zettlemoyer L. Deep contextualized word representations. In: Proceedings of the Human Language Technology Conference of the North American Chapter of the Association for Computational Linguistics: Human Language Technologies (NAACL-HLT) 2018. New Orleans (LA). DOI
38. Devlin J, Chang M, Lee K, Toutanova K. BERT: pre-training of deep bidirectional transformers for language understanding. CoRR 2018;abs/1810.04805. <https://arxiv.org/abs/1810.04805>
39. Yang Z, Dai Z, Yang Y, Carbonell J, Salakhutdinov R, Le Q. XLNet: generalized autoregressive pretraining for language understanding. arXiv 2019;1906.08237. <https://arxiv.org/abs/1906.08237>



Bon temps mauvais temps : Prédiction automatisée de la cryptosporidiose saisonnière en Ontario à base d'apprentissage machine

Olaf Berke^{1*}, Lise Trotz-Williams^{1,2}, Simon de Montigny^{3,4}

Résumé

Contexte : L'augmentation de l'utilisation des mégadonnées et de la modélisation prédictive connexe fondée sur des algorithmes d'apprentissage automatique au cours des deux dernières décennies a fourni de nouvelles possibilités de surveillance des maladies et de préparation de la santé publique. Les mégadonnées s'accompagnent de la promesse d'une production et d'un accès plus rapide à des renseignements précis, ce qui pourrait faciliter la précision prédictive en santé publique (« santé publique de précision »). À titre d'exemple, nous avons envisagé de prévoir l'évolution future de l'incidence mensuelle de la cryptosporidiose en Ontario.

Méthodes : L'approche statistique traditionnelle en matière de prévision est le modèle de moyenne mobile intégrée saisonnière autorégressive (SARIMA). Nous avons appliqué le modèle SARIMA et une approche de réseau de neurones artificiels (RNA), plus précisément un réseau de neurones à propagation avant, pour prévoir l'incidence mensuelle de la cryptosporidiose en Ontario en 2017 en utilisant les données de 2005 à 2016 comme ensemble d'apprentissage initial. Les deux approches de prévision sont automatisées pour les rendre pertinentes au contexte de la surveillance des maladies. Nous avons comparé les prévisions résultantes en utilisant la racine de l'erreur quadratique moyenne (REQM) et l'erreur absolue moyenne (EAM) comme mesures de la précision des prévisions.

Résultats : La cryptosporidiose est une maladie saisonnière qui atteint son apogée en Ontario à la fin de l'été. Dans cette étude, le modèle SARIMA et les approches de prévision du RNA ont saisi le schéma saisonnier de la cryptosporidiose. Contrairement à des études semblables publiées dans la documentation scientifique, les prévisions du RNA sur la cryptosporidiose étaient légèrement moins précises que les prévisions du modèle SARIMA.

Conclusion : Les approches du RNA et du SARIMA conviennent à la prévision automatisée des données des séries chronologiques en santé publique provenant des systèmes de surveillance. Les études futures devraient utiliser des algorithmes supplémentaires (e.g. forêts d'arbres décisionnels) et évaluer l'exactitude en utilisant d'autres maladies comme études de cas et en réalisant des études de simulation rigoureuses. La différence entre les prévisions de l'algorithme d'apprentissage automatique, c.-à-d. le RNA, et le modèle d'apprentissage statistique, c.-à-d. le SARIMA, doit être prise en compte en ce qui concerne les différences philosophiques entre les deux approches.

Citation proposée : Berke O, Trotz-Williams L, de Montigny S. Bon temps mauvais temps : Prédiction automatisée de la cryptosporidiose saisonnière en Ontario grâce à l'apprentissage machine. *Relevé des maladies transmissibles au Canada* 2020;46(6):218–24. <https://doi.org/10.14745/ccdr.v46i06a07f>

Mots-clés : surveillance des maladies, apprentissage automatique, apprentissage statistique, cryptosporidiose, réseau neuronal artificiel, SARIMA, prévisions, séries chronologiques saisonnières

Cette oeuvre est mise à la disposition selon les termes de la licence internationale Creative Commons Attribution 4.0



Affiliations

¹ Department of Population Medicine, Collège de médecine vétérinaire de l'Ontario, Université de Guelph, Guelph, ON

² Wellington-Dufferin Guelph Public Health, Guelph, ON

³ École de santé publique - Département de médecine sociale et préventive, Université de Montréal, Montréal, QC

⁴ Centre de recherche du CHU Sainte-Justine, Montréal, QC

***Correspondance :**
oberke@uoguelph.ca



Introduction

La cryptosporidiose est une maladie diarrhéique potentiellement mortelle qui touche les humains et les animaux. Elle est causée par le parasite protozoaire *Cryptosporidium* sp. (1). Une vingtaine des 26 espèces connues ont été associées à des infections humaines (2). La majorité des infections humaines sont causées par le *C. hominis* et le *C. parvum*, qui sont principalement liées respectivement à des transmissions anthropiques et zoonotiques (3). La principale voie d'infection pour les humains est la consommation (notamment pendant la baignade) d'eau contaminée par les oocystes des parasites.

La cryptosporidiose est souvent asymptomatique, mais elle peut entraîner des maladies gastro-intestinales légères à graves, voire le décès. La prévalence des infections chez les humains en Amérique du Nord varie entre 1 % et 4 % par année, mais peut atteindre 20 % ailleurs (4). Bien que la cryptosporidiose soit probablement sous-déclarée, on sait qu'elle est plus fréquente chez les enfants et les personnes immunodéprimées. Aucun traitement prophylactique n'est disponible, ce qui fait de la préparation de la santé publique fondée sur la surveillance une option préventive importante.

De nouvelles possibilités d'application des statistiques, de l'épidémiologie et de la surveillance des maladies en santé publique sont apparues au cours des deux dernières décennies depuis l'avènement des mégadonnées (5,6). Gunther Eysenbach a introduit le terme « infodémiologie » pour l'utilisation des mégadonnées (plus précisément des données sur l'utilisation et le comportement dans les médias sociaux) dans la surveillance de la santé (7). Un exemple frappant d'infodémiologie est le projet Google Flu Trends, qui a prédit des éclosions régionales de grippe de 7 à 10 jours avant les méthodes de surveillance conventionnelles du Center for Disease Control and Prevention (CDC), mais qui a largement surestimé la prévalence de la grippe (8). Ce projet est un exemple manifeste des possibilités ainsi que des risques liés aux mégadonnées, qu'on appelle « l'orgueil des mégadonnées » (8,9).

Les mégadonnées sont souvent caractérisées par les cinq V : volume, variété, vitesse, véracité et valeur (9). L'orgueil de mégadonnées fait référence à la véracité des données. La promesse des mégadonnées est que de grandes quantités de données (volume) de différents types et de sources différentes (variété) fournissent une représentation plus complète et précise de la réalité, ce qui mène à la « santé publique de précision » (10). Toutefois, lorsque les données ne sont pas représentatives de la population d'intérêt, les inférences prédictives sont biaisées.

La surveillance des maladies donne lieu à une situation de mégadonnées en raison de la vitesse et du volume des données : les données sont constamment mises à jour et leur taille augmente. La nature dynamique des données de surveillance des maladies exige une approche automatisée de l'analyse et de la

prévision. La méthode traditionnelle de modélisation statistique en série chronologique est le modèle de moyenne mobile intégrée saisonnière autorégressive (SARIMA) proposé par Box et Jenkins (11). Un algorithme d'apprentissage automatique largement utilisé pour la prévision des séries chronologiques est le réseau neuronal artificiel (RNA) (à propagation avant) (12). Nous avons appliqué ces deux approches de prévision pour prévoir l'incidence mensuelle de la cryptosporidiose en Ontario en 2017 en utilisant les données de 2005 à 2016 comme ensemble initial d'apprentissage. Nous avons comparé ces approches de prévision en utilisant l'incidence de 2017 comme données de test, avec la racine de l'erreur quadratique moyenne (REQM) et l'erreur absolue moyenne (EAM) de prévision comme mesures de précision.

Des comparaisons semblables ont été rapportées dans la documentation scientifique. Zhang et Qi (13) ont comparé le SARIMA et le RNA à l'aide de simulations et ont montré que le RNA offre toujours de meilleures prévisions que le SARIMA, lorsque les données sont prétraitées de façon appropriée. Kane et coll. (14) ont comparé les prévisions de foyers de grippe aviaire H5N1 avec le SARIMA à celles de l'algorithme de forêts d'arbres décisionnels et ont conclu que l'apprentissage automatique offre une meilleure capacité de prédiction par rapport à la modélisation des séries chronologiques. De même, dans une étude sur l'incidence de la fièvre typhoïde en Chine, Zhang et coll. ont comparé la modélisation SARIMA à trois architectures différentes de RNA; les chercheurs ont conclu que les trois algorithmes de réseau neuronal surclassent le modèle statistique (15).

Cette étude vise à comparer les deux approches utilisées pour automatiser la prévision des taux d'incidence mensuels de la cryptosporidiose en Ontario pour l'année 2017. Les objectifs spécifiques étaient (1) de comparer la précision des prévisions en utilisant la REQM; (2) de comparer les prévisions en utilisant l'EAM; et (3) de comparer visuellement les taux d'incidence prévus aux séries chronologiques observées.

Méthodes

Les données que nous avons utilisées étaient des dénombrements mensuels d'incidence de la cryptosporidiose en Ontario pour les années 2005 à 2017 tels que déclarés à Santé publique Ontario et disponibles à partir des pages d'accueil respectives (16). À des fins d'analyse, nous divisons l'ensemble de données en données d'apprentissage (incidences mensuelles de 2005 à 2016) et en données de test (incidences mensuelles de 2017).

À des fins d'exploration, nous avons signalé des fourchettes d'incidence moyenne annuelle et mensuelle dans les données d'apprentissage et nous avons inspecté les données avec la décomposition saisonnière et tendancielle en utilisant la méthode de Loess (STL) (17). La composante saisonnière a été



présumée invariante dans le temps ou périodique, tandis que la composante de tendance a été trouvée en utilisant une fenêtre mobile de 73 mois, ou six ans plus un mois.

Le SARIMA (11) est un modèle de génération de données qui comprend des composantes saisonnières et des tendances. Il est utilisé pour décrire les autocorrélations dans une série chronologique et pour prédire les valeurs futures. Il est décrit par l'ordre des filtres appliqués pour supprimer les composantes saisonnières et de tendance ainsi que par l'ordre des corrélations décalées dans la série filtrée. La série filtrée est supposée être une fonction stationnaire et gaussienne. On résume le SARIMA comme suit : SARIMA $(p,d,q)(P,D,Q)_S$, où S désigne la durée de la saison (ici 12 mois), d et D désignent les filtres de différence non saisonnière et saisonnière pour éliminer les composantes tendancielle et saisonnière, respectivement. De plus, p et P sont des ordres des paramètres d'autocorrélation non saisonniers et saisonniers, respectivement. Enfin, q et Q désignent l'ordre non saisonnier et saisonnier des paramètres de moyenne mobile. L'approche de modélisation SARIMA a été automatisée en utilisant l'estimation du maximum de vraisemblance et la sélection progressive rétrospective du modèle avec le critère d'information bayésienne (BIC). Le SARIMA, adapté aux données d'apprentissage 2005 à 2016, a ensuite été utilisé pour prévoir les incidences mensuelles pour les données de test de 2017.

Le RNA est un algorithme automatisé et axé sur les données qui permet de prévoir les données des séries chronologiques. Bien qu'une variété d'architectures de RNA existe (18,19), nous avons appliqué le réseau neuronal multicouche de base, à propagation avant, avec une seule couche cachée dans cette étude (12). Plus précisément, le RNA est décrit comme RNA $(p,P,k)_S$, où p , P et S ont les mêmes significations que dans le modèle SARIMA, et k indique le nombre de nœuds dans la couche cachée. La sélection automatique des valeurs d'ordre du RNA était la suivante : $S=12$ est connu; k était la valeur arrondie de $(p+P+1)/2$, où P était réglé à $P=1$ pour tenir compte de la saisonnalité linéaire; et p a été sélectionné comme l'ordre optimal d'un modèle autorégressif convenant au reste du terme de la série décomposée de la STL.

Nous avons appliqué l'algorithme du RNA comme suit : les combinaisons linéaires de données d'entrée ont été soumises à la fonction d'activation sigmoïde non linéaire $1/(1+\exp[-z])$ comme sortie d'une couche cachée, et les résultats de la couche cachée ont ensuite été agrégés sous forme de combinaisons linéaires, ce qui a donné lieu à la sortie finale. Le RNA a été formé en utilisant 100 répétitions, c'est-à-dire 100 valeurs de départ aléatoires différentes pour les paramètres de poids des combinaisons linéaires entre les couches d'entrée et cachées, ainsi que les couches cachées et de sortie. De plus, la série d'entrées (c.-à-d. les données de 2005 à 2016) a été prétraitée au moyen d'une sélection automatique du paramètre de transformation de Box-Cox (par la méthode Guerrero (12)) suivie

d'une studentisation (c.-à-d. le centrage et la mise à l'échelle). Pour chaque répétition, l'algorithme a été entraîné par un processus expérimental itératif d'optimisation d'une fonction de perte. L'ensemble des prévisions qui en a résulté a été moyenné sur toutes les itérations.

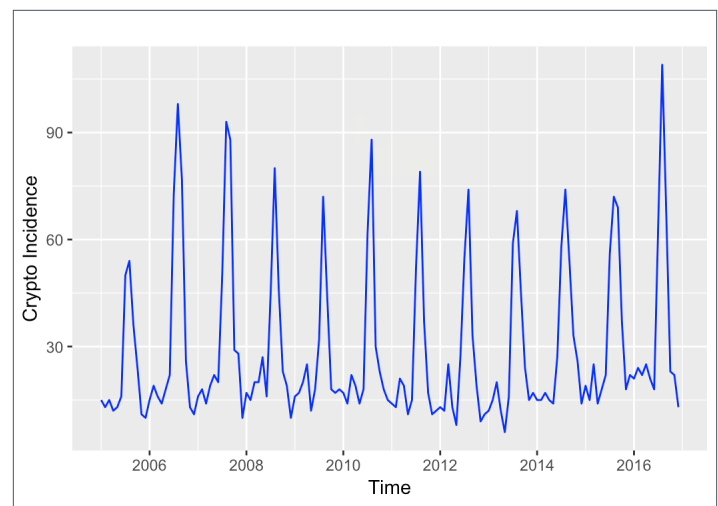
Les deux approches de prévision fournissent des intervalles de prévision. L'intervalle de prévision du SARIMA était fondé sur l'estimation du paramètre du modèle. L'intervalle de prévision du RNA était fondé sur 1 000 exemplaires de chemins générés par bootstrap (12), c'est-à-dire en utilisant des résidus passés rééchantillonnés. De plus, les deux approches de prévision ont été comparées par leurs mesures d'exactitude (REQM et EAM) pour les prévisions mensuelles et les données d'essai observées de l'année 2017.

Toutes les analyses de données ont été effectuées dans R (20) et RStudio (21) à l'aide de la librairie « forecast » (12).

Résultats

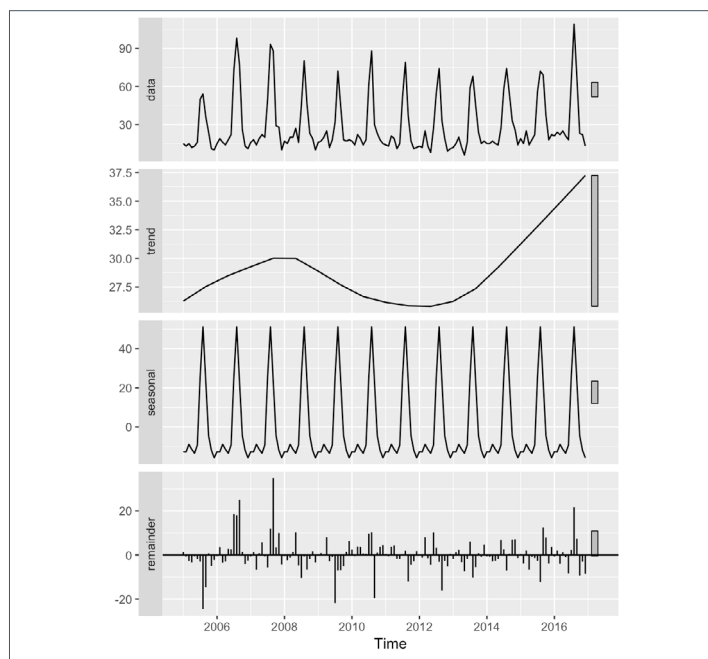
La série chronologique des incidences de cryptosporidiose signalées mensuellement en Ontario pour les années 2005 à 2016 est dominée par une composante saisonnière, avec des pics en été et seulement une faible – voire aucune – tendance à la hausse (**figure 1**). La décomposition du STL à la **figure 2** confirme cette impression. La série chronologique des données sur la formation est relativement courte, 12 ans comprenant 4 152 cas, soit une moyenne annuelle de 346 cas, ce qui équivaut à environ 2,57 cas annuels pour 100 000 personnes à risque. Le nombre moyen de cas mensuels était de 29, allant de 6 à 109 cas de 2005 à 2016.

Figure 1 : Graphique chronologique de l'incidence mensuelle de la cryptosporidiose en Ontario de 2005 à 2016



Abbréviation : Crypto, cryptosporidiose
(Figure en anglais seulement)

Figure 2 : Série chronologique des incidences mensuelles de la cryptosporidiose de 2005 à 2016^a



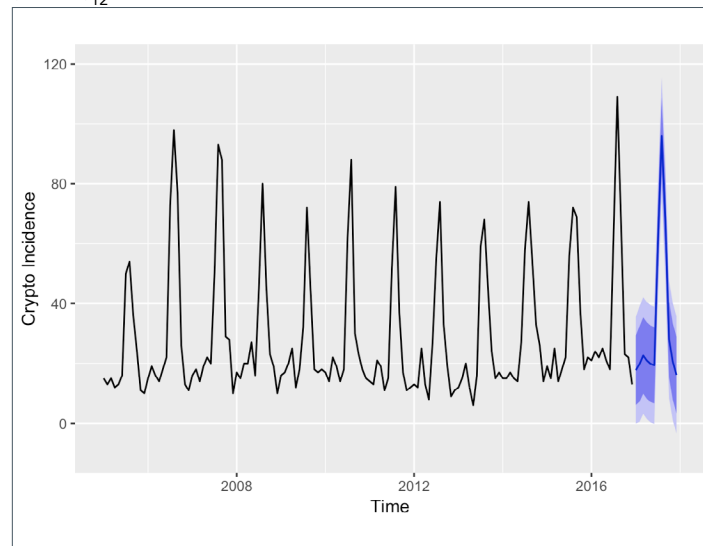
^a Décomposition saisonnière et tendance basée sur le tracé de la procédure de STL (procédure Loess) de l'ensemble de données de formation (17)
(Figure en anglais seulement)

La sélection automatisée par étapes du modèle a abouti à un SARIMA (1,0,0)(1,1,0)₁₂ dont les estimations des paramètres du modèle sont le paramètre autorégressif du premier ordre AR (1)=0,41 (erreur standard [SE]=0,08) et le paramètre autorégressif saisonnier du premier ordre SAR (1)=0,35 (SE=0,10) (**figure 3**).

Le RNA sélectionné automatiquement est d'ordre RNA (11,1,6)₁₂, c.-à-d. que les 11 dernières observations plus la première observation saisonnière sont linéairement combinées en six nœuds d'une seule couche cachée. La série d'entrée a été transformée selon la méthode de Box-Cox avec un paramètre choisi automatiquement $\lambda=0,21$. Les prévisions du RNA sont visualisées avec des intervalles de prévision de 80 % et 95 % à la **figure 4**.

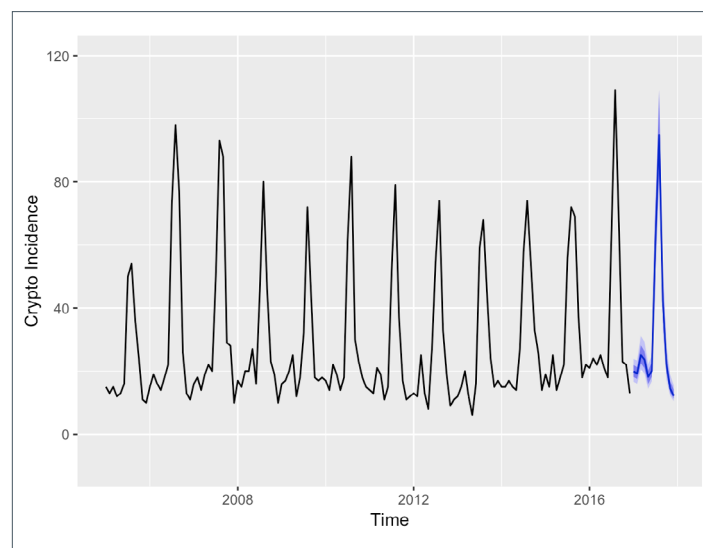
Les incidences mensuelles observées et les prévisions arrondies sont présentées au **tableau 1** et à la **figure 5** pour les deux modèles. Le **tableau 2** présente les résumés du REQM et de l'EAM tirés des prévisions de 2017 pour les deux approches.

Figure 3 : Prévisions des incidences mensuelles de cryptosporidiose de 2017 avec des intervalles de prévision de 80 % et 95 % à partir d'un SARIMA (1,0,0)(1,1,0)₁₂



Abréviations : Crypto, cryptosporidiose; SARIMA, moyenne mobile intégrée saisonnière autorégressive
(Figure en anglais seulement)

Figure 4 : Prévisions des incidences mensuelles de cryptosporidiose de 2017 avec des intervalles de prévision par bootstrap à 80 % et 95 % à partir d'un RNA (11,1,6)₁₂



Abréviations : Crypto, cryptosporidiose; RNA, réseau neuronal artificiel
(Figure en anglais seulement)

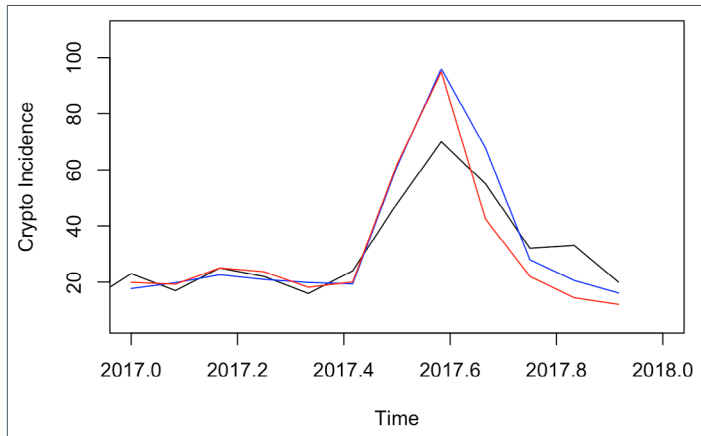
Tableau 1 : Taux d'incidence observés de la cryptosporidiose pour 2017 et prévisions arrondies de l'approche SARIMA et du RNA^a

Taux d'incidence par mois												
Mois	janv.	févr.	mars	avril	mai	juin	juill.	août	sept.	oct.	nov.	déc.
Observé	23	17	25	22	16	24	48	70	55	32	33	20
SARIMA	18	20	23	21	20	19	61	96	68	28	21	16
RNA	20	19	25	24	18	20	62	95	42	22	15	12

Abréviations : RNA, réseau neuronal artificiel; SARIMA, moyenne mobile intégrée saisonnière autorégressive
^a Pour chaque mois, les prévisions les plus proches de l'incidence observée sont en caractères gras



Figure 5: Graphique chronologique des incidences mensuelles de cryptosporidioses observées pour 2017 et des prévisions de l'approche SARIMA et du RNA



Abréviations : Crypto, cryptosporidiose (ligne noire); RNA, réseau neuronal artificiel (ligne rouge); SARIMA, moyenne mobile intégrée saisonnière autorégressive (ligne bleue)
(Figure en anglais seulement)

Tableau 2 : Mesures de performance prédictive pour l'approche SARIMA et le RNA

Modèle	REQM	EAM
SARIMA (1,0,0)(1,1,0) ₁₂	10,3	7,7
RNA (11,1,6) ₁₂	11,2	8,4

Abréviations : EAM, erreur absolue moyenne; REQM, racine de l'erreur quadratique moyenne; RNA, réseau neuronal artificiel; SARIMA, moyenne mobile intégrée saisonnière autorégressive

Discussion

L'incidence mensuelle de la cryptosporidiose en Ontario est caractérisée par une tendance saisonnière dominante qui culmine généralement en août. Le court pic d'incidence peut appuyer le concept du comportement humain comme principal facteur d'infection puisque les conditions environnementales (e.g. la température ambiante) ne varient pas de la même façon que l'incidence. Aucune tendance à la hausse n'a été relevée, ce qui signifie que l'incidence n'est pas émergente.

Ni l'algorithme d'apprentissage automatique (c.-à-d. le RNA) ni la méthode d'apprentissage statistique (c.-à-d. le SARIMA) n'ont obtenu un rendement supérieur pour ce qui est de prédire l'incidence mensuelle de la cryptosporidiose. Alors que les prévisions du RNA étaient plus proches des observations pour six mois, le SARIMA a obtenu de meilleurs résultats pour un groupe différent de cinq mois; les deux méthodes étaient à égalité pour le mois de septembre 2017 (voir le tableau 1). Toutefois, les mesures de l'exactitude REQM et EAM indiquent un léger avantage pour les prévisions du SARIMA : la REQM du RNA et l'EAM étaient supérieurs de 0,9 et 0,7 unité, respectivement (voir le tableau 2).

Ce léger avantage pour le SARIMA est interprété comme suit : les prévisions du SARIMA sont, en moyenne, presque un cas

par mois plus précises que les prévisions du RNA. Bien que ce résultat soit inattendu en ce qui concerne les rapports cités (13–15), il est conforme à un examen systématique (22) qui n'a trouvé aucune preuve de prédictions plus exactes des solutions de rechange à l'apprentissage machine à la modélisation de régression logistique statistique. Toutefois, il convient de noter qu'il s'agit d'une étude de cas et que les résultats sont propres à cet exemple. Bien que le SARIMA suppose des résidus de bruit blanc et une composante saisonnière additive, cela n'a pas été vérifié ici à l'aide de l'approche de modélisation automatisée. De même, le RNA est optimisé à l'aide de la rétropropagation, qui est connue pour avoir de la difficulté à trouver les estimations de paramètres optimales (19). Par conséquent, le RNA utilise les prévisions d'ensemble pour se prémunir contre les prévisions erronées individuelles.

Un prétraitement adéquat des données est important pour les algorithmes d'apprentissage automatique (23). Cela signifie qu'une série chronologique doit être mise à l'échelle et centrée (c.-à-d. studentisée ou normalisée) avant l'analyse. Le prétraitement des données est une partie naturelle de l'approche de modélisation de la moyenne mobile intégrée autorégressive, car les effets saisonniers et les effets de tendance sont filtrés avant que le modèle ne soit adapté à la série chronologique. Dans notre étude, la sélection progressive du modèle a permis de filtrer un effet saisonnier, mais aucun effet de tendance n'a été identifié ou supprimé. Le RNA a été prétraité par une transformation Box-Cox, suivie d'un centrage et d'une mise à l'échelle.

L'analyse des mégadonnées est souvent présentée avec des algorithmes d'apprentissage automatique pour l'inférence, c.-à-d. la modélisation prédictive. Cela pourrait s'expliquer par l'impression que les méthodes statistiques traditionnelles ne conviennent pas aux défis des mégadonnées. Par exemple, la variété des données exprimées par le nombre de covariables pourrait rendre l'inférence statistique traditionnelle moins attrayante et peu pratique. Par ailleurs, les algorithmes d'apprentissage automatique sont conçus autour de méthodes statistiques modernes pour la réduction des dimensions et la régularisation (e.g. régression Lasso). La phase d'entraînement des algorithmes d'apprentissage automatique est ce qu'on appelle aussi l'estimation des paramètres dans la modélisation statistique et elle n'est pas différente des méthodes d'apprentissage statistique, car elle est fondée sur la validation croisée et le bootstrap.

En résumé, dans une certaine mesure, l'apprentissage statistique et l'apprentissage automatique ne diffèrent pas. Toutefois, dans le domaine de la santé publique, les applications de l'analyse des mégadonnées, notamment la modélisation prédictive, y compris la prévision des séries chronologiques, diffèrent de l'analyse traditionnelle des données biostatistiques en ce qui concerne l'identification et l'évaluation des facteurs de risque. Breiman a fait la distinction entre « les deux cultures » de la modélisation statistique, soit la culture de la modélisation des



données et la culture de la modélisation algorithmique (24). Il a soutenu que la théorie statistique n'est pas pertinente si les hypothèses de modélisation ne sont pas respectées dans des situations de données réelles. Cependant, il a également admis que les algorithmes d'apprentissage automatique sont souvent basés sur peu de théorie, et que les hypothèses de modélisation sont remplacées par les propriétés des algorithmes, c.-à-d. si ces derniers convergent et produisent de bonnes prévisions.

D'un point de vue philosophique, l'apprentissage automatique est basé sur une « boîte noire » qui n'est pas ouverte aux interprétations ou aux explications. Dans l'exemple actuel, l'algorithme du RNA (11,1,6)₁₂ comprenait une combinaison non linéaire des données de la série chronologique et 85 paramètres (23). Par ailleurs, le SARIMA décrit comment les observations antérieures influent sur le déroulement futur d'un processus; cette caractéristique pourrait suggérer des hypothèses causales (25). Par conséquent, il n'est pas tout à fait correct de simplement comparer les méthodes de prévision à leurs valeurs prévues ou à leurs mesures de précision, car les approches sont différentes sur le plan philosophique et ne sont pas entièrement comparables; le RNA est un algorithme prédictif, tandis que le SARIMA est un modèle descriptif et prédictif.

Limites

Une des limites de cette étude est le manque d'ajustement pour la population à risque. En effet, la population de l'Ontario augmente régulièrement, mais à un taux annuel inférieur à 0,5 %, ce qui est négligeable dans ce contexte, où la sous-déclaration est plus préoccupante. Aucune tendance des taux mensuels d'incidence de la cryptosporidiose n'a été indiquée par l'approche du SARIMA ou le RNA.

Conclusion

La cryptosporidiose est une maladie fortement saisonnière qui entraîne des périodes favorables et défavorables pour la santé publique. Les méthodes d'apprentissage automatique convenant à la prévision des données chronologiques de la santé publique provenant des systèmes de surveillance sont de plus en plus populaires; il a été démontré qu'elles sont plus précises que les méthodes statistiques traditionnelles. Toutefois, dans cette étude de cas en particulier, le SARIMA a donné lieu à des REQM et à des EAM légèrement inférieures et donc à une plus grande exactitude que le RNA. Les deux approches de prévision ont bien saisi la tendance saisonnière de la cryptosporidiose.

Les études futures devraient utiliser des algorithmes supplémentaires (e.g. forêts d'arbres décisionnels) et évaluer l'exactitude dans différents contextes, soit en utilisant d'autres maladies pour les études de cas, soit en utilisant une approche plus systématique en réalisant des études de simulation.

Déclaration des auteurs

O. B. a conçu l'examen, recueilli les données et effectué l'analyse des données

O. B., L. T. W. et S. D. M. ont tous écrit et approuvé le manuscrit.

Conflit d'intérêts

Les auteurs déclarent n'avoir aucun conflit d'intérêts.

Références

1. Abeywardena H, Jex AR, Gasser RB. A perspective on *Cryptosporidium* and *Giardia*, with an emphasis on bovines and recent epidemiological findings. *Adv Parasitol* 2015;88:243–301. [DOI PubMed](#)
2. Ryan U, Fayer R, Xiao L. *Cryptosporidium* species in humans and animals: current understanding and research needs. *Parasitology* 2014;141(13):1667–85. [DOI PubMed](#)
3. Nwosu A, Berke O, Pearl DL, Trotz-Williams LA. Exploring the geographical distribution of cryptosporidiosis in the cattle population of Southern Ontario, Canada, 2011–2014. *Geospat Health* 2019;14(2):236–46. [DOI](#)
4. Medema G, Teunis P, Blokker M, Deere D, Davison A, Charles P, Loret JF. Risk assessment of *Cryptosporidium* in drinking water. Geneva (CH): World Health Organization; 2009. pp. 143.
5. Mooney SJ, Pejaver V. Big data in public health: terminology, machine learning and privacy. *Annu Rev Public Health* 2018;39:95–112. [DOI PubMed](#)
6. Bi Q, Goodman KE, Kaminsky J, Lessler J. What is machine learning? A primer for the epidemiologists. *Am J Epidemiol* 2019;188(12):2222–39. [DOI PubMed](#)
7. Eysenbach G. Infodemiology: the epidemiology of (mis) information. *Am J Med* 2002;113(9):763–5. [DOI PubMed](#)
8. Lazer D, Kennedy R, King G, Vespignani A. Big data. The parable of Google Flu: traps in big data analysis. *Science* 2014 Mar;343(6176):1203–5. [DOI PubMed](#)
9. Fuller D, Buote R, Stanley K. A glossary for big data in population and public health: discussion and commentary on terminology and research methods. *J Epidemiol Community Health* 2017 Nov;71:1113–7. [DOI PubMed](#)
10. Dowell SF, Blazes D, Desmond-Hellmann S. Four steps to precision public health. *Nature* 2016;540:189–91. [DOI](#)
11. Box G, Jenkins G. Time series analysis: forecasting and control. San Francisco: Holden-Day; 1970.
12. Hyndman RJ, Athanasopoulos G. Forecasting: principles and practice (2nd ed). Melbourne (AU): OTexts; 2018.
13. Zhang GP, Qi M. Neural network forecasting for seasonal and trend time series. *Eur J Oper Res* 2005;160(2):501–14. [DOI](#)



14. Kane MJ, Price N, Scotch M, Rabinowitz P. Comparison of ARIMA and Random Forest time series models for prediction of avian influenza H5N1 outbreaks. BMC Bioinformatics 2014;15:276. DOI PubMed
15. Zhang X, Liu Y, Yang M, Zhang T, Young AA, Li X. Comparative study of four time series methods in forecasting typhoid fever incidence in China. PLoS One 2013 May;8(5):e63116. DOI PubMed
16. Santé publique Ontario. Tendances des maladies infectieuses en Ontario. Toronto (ON) : Santé publique Ontario ; 2020 (accédé 2020-01-20). <https://www.publichealthontario.ca/fr/data-and-analysis/infectious-disease/reportable-disease-trends-annually#/14>
17. Cleveland RB, Cleveland WS, McRae JE, Terpenning I. STL: a seasonal-trend decomposition procedure based on Loess. J Off Stat 1990;6(1):3–73.
18. Jain AK, Mao J, Mohluddin KM. Artificial neural networks: a tutorial. Computer 1996;29(3):31–4. DOI
19. Warner B, Misra M. Understanding neural networks as statistical tools. Am Stat 1996;50(4):284–92. DOI
20. R Core Team. R: A language and environment for statistical computing. Vienna (AT): R Foundation for Statistical Computing; 2019.
21. RStudio Team. RStudio: integrated development for R. Boston (MA): RStudio, Inc.; 2018.
22. Christodoulou E, Ma J, Collins GS, Steyerberg EW, Verbakel JY, Van Calster B. A systematic review shows no performance benefit of machine learning over logistic regression for clinical prediction models. J Clin Epidemiol 2019 Jun;110:12–22. DOI PubMed
23. Kuhn M, Johnson K. Applied predictive modeling. New York (NY): Springer; 2013. pp. 1–600. DOI
24. Breiman L. Statistical modeling: the two cultures. Stat Sci 2001;16(3):199–231. DOI
25. Shmueli G. To explain or to predict? Stat Sci 2010;5(3): 299–310. DOI

Scénarios de modélisation de l'épidémie de COVID-19 au Canada

Nick H Ogden^{1*}, Aamir Fazil¹, Julien Arino², Philippe Berthiaume¹, David N Fisman³, Amy L Greer⁴, Antoinette Ludwig¹, Victoria Ng¹, Ashleigh R Tuite³, Patricia Turgeon¹, Lisa A Waddell¹, Jianhong Wu^{5,6}

Résumé

Contexte : Le virus du syndrome respiratoire aigu sévère 2 (SARS-CoV-2), un coronavirus ayant probablement comme origine la chauve-souris, s'est transmis des animaux sauvages vers les humains en Chine à la fin de 2019 se manifestant sous la forme d'une maladie respiratoire. La maladie du coronavirus 2019 (COVID-19) s'est propagée d'abord en Chine, puis à l'échelle mondiale, entraînant une pandémie.

Objectifs : Cet article décrit la modélisation prédictive de la COVID-19 en général et les efforts déployés au sein de l'Agence de la santé publique du Canada pour modéliser les effets des interventions non pharmaceutiques (INP) sur la transmission du SARS-CoV-2 dans la population canadienne afin d'appuyer les décisions en santé publique.

Méthodes : Les objectifs généraux de deux approches de modélisation, 1) un modèle à base d'agent et 2) un modèle compartimenté déterministe sont décrites et un synopsis des études est illustré à l'aide d'un modèle élaboré à partir du logiciel Analytica 5.3.

Résultats : Sans intervention, plus de 70 % de la population canadienne pourrait être infectée. Les interventions non pharmaceutiques, appliquées avec une intensité insuffisante pour éteindre l'épidémie, réduisent le taux d'attaque à 50 % ou moins, et l'épidémie est plus longue avec un pic moins élevé. Si les INP sont retirées tôt, l'épidémie pourrait reprendre de la force, ce qui se traduirait par des pourcentages élevés (plus de 70 %) de la population touchée. Si les INP sont appliquées avec une intensité suffisamment élevée pour éteindre l'épidémie, le taux d'attaque peut être réduit entre 1 % et 25 % de la population.

Conclusion : Appliquer les INP avec une intensité suffisamment élevée pour éteindre l'épidémie semblerait être le choix privilégié. Le retrait des INP perturbatrices, comme les fermetures, doit être accompagné d'améliorations aux autres INP afin de prévenir de nouvelles éclosions, d'identifier et de contrôler toute nouvelle chaîne de transmission.

Citation proposée : Ogden NH, Fazil A, Arino J, Berthiaume P, Fisman DN, Greer AL, Ludwig A, Ng V, Tuite AR, Turgeon P, Waddell LA, Wu J. Scénarios de modélisation de l'épidémie de COVID-19 au Canada. *Relevé des maladies transmissibles au Canada* 2020;46(6):225–31. <https://doi.org/10.14745/ccdr.v46i05a08f>

Mots-clés : modélisation, COVID-19, Canada, interventions non pharmaceutiques

Cette oeuvre est mise à la disposition selon les termes de la licence internationale Creative Commons Attribution 4.0



Affiliations

¹ Division des sciences des risques pour la santé publique, Laboratoire national de microbiologie, Agence de la santé publique du Canada, Saint-Hyacinthe (QC) et Guelph, ON

² Département des mathématiques et des sciences des données NEXUS, Université du Manitoba, Winnipeg, MB

³ Dalla Lana School of Public Health, Université de Toronto, Toronto, ON

⁴ Department of Population Medicine, Université de Guelph, Guelph, ON

⁵ Laboratory for Industrial and Applied Mathematics, Département de mathématiques et de statistiques, Université York, Toronto, ON

⁶ Fields-CQAM Laboratory of Mathematics for Public Health, Université York, Toronto, ON

*Correspondance :

nicholas.ogden@canada.ca

Introduction

Dans cet article, nous passons en revue les efforts déployés au sein de l'Agence de santé publique du Canada (ASPC) pour modéliser la transmission du virus du syndrome respiratoire aigu sévère 2 (SARS-CoV-2), l'agent de la maladie à coronavirus 2019 (COVID-19), afin d'étayer les décisions de santé publique. La pandémie de COVID-19 s'est propagée à une vitesse remarquable. Le SARS-CoV-2 est probablement un coronavirus provenant de la chauve-souris (1) qui peut s'être transmis aux

humains à partir d'un réservoir animal intermédiaire qui n'est pas encore identifié. Le premier événement d'exposition humaine détecté était lié à un marché traditionnel de produits frais dans la ville de Wuhan, la capitale de la province du Hubei, en Chine, vers la fin de 2019 (2). Le virus était probablement déjà capable de se transmettre entre humains, mais sa transmissibilité a évolué de manière plus efficace vers la fin de 2019 (3). La transmission entre humains a été officiellement reconnue par la communauté mondiale de la santé publique à la mi-janvier 2020 (4). Peu de temps après, une propagation géographique en Chine



était signalée. Des mesures intensives de santé publique (ou interventions non pharmaceutiques; INP) de détection des cas, de dépistage des contacts, de mise en quarantaine et de distanciation physique (sociale) ont été mises en œuvre dans la province du Hubei, et la région a été isolée du reste de la Chine par des restrictions de voyage (5). Des restrictions sur les voyages internationaux à destination et en provenance de la Chine ont été introduites, mais des cas s'étaient déjà répandus à l'extérieur de la Chine (6), et la propagation mondiale qui en a résulté a entraîné la déclaration d'une pandémie (4). Les premiers cas liés aux voyages ont été recensés au Canada en janvier 2020 et, en avril 2020, la transmission communautaire avait lieu dans toutes les provinces, à l'exception peut-être de l'Île-du-Prince-Édouard. Les territoires n'ont pas encore signalé de transmission communautaire. La majorité des cas et des décès ont été signalés dans les quatre plus grandes provinces (Colombie-Britannique, Alberta, Ontario et Québec). La distanciation physique (notamment les fermetures d'écoles, de collèges, d'universités et d'entreprises « non essentielles ») a été mise en œuvre à partir de la mi-mars 2020 au Canada, et les réductions subséquentes de la transmission de la maladie suggèrent que ces mesures et d'autres INP (détaillées ci-dessous) ralentissent l'épidémie (7).

Évolution de la modélisation de la COVID-19

Dans les débuts, les études de modélisation portaient sur l'épidémie en Chine, particulièrement sur la dynamique de l'épidémie dans la ville de Wuhan et dans toute la province du Hubei. À ce stade précoce, beaucoup d'efforts ont été déployés pour analyser les données de surveillance de la Chine afin d'obtenir des estimations des paramètres comme le taux de reproduction de base (R_0), le taux de mortalité et la période d'incubation (8). Pour les premières tentatives de modèles dynamiques de type SEIR (Susceptible-Exposé-Infectieux-Rétablis), les estimations des paramètres ont été « empruntées » à ce qui était connu au sujet d'autres coronavirus (SARS-CoV et MERS-CoV) (6) et/ou obtenues en adaptant les modèles aux données de surveillance (9,10). À mesure que d'autres données sur la transmission du virus du SARS-CoV-2 et l'évolution de l'infection chez les humains sont devenues disponibles, les paramètres des modèles sont devenus de plus en plus ajustés à l'aide de données propres au SARS-CoV-2 (11). Avec la propagation mondiale de la maladie, et considérant que le vaccin ne sera probablement pas disponible avant encore un an, les efforts de modélisation se sont portés vers l'évaluation de l'étendue possible de la pandémie dans des pays en dehors de la Chine, et l'impact des différentes INP (11,12). Des données scientifiques émergentes ont révélé que le virus SARS-CoV-2 est hautement transmissible par voie respiratoire et possiblement par voie féco-orale, qu'il est transmis avant l'apparition des symptômes et que certains cas peuvent être entièrement asymptomatiques (13,14). Le virus peut être hautement

pathogène pour les personnes âgées et certaines personnes plus jeunes, en particulier celles avec des comorbidités (14). La transmission présymptomatique, les symptômes bénins (en particulier chez les groupes d'âge plus jeunes) et les cas asymptomatiques nuisent tous à la détection des cas infectieux (contrairement au SARS) (15), ce qui rend le contrôle difficile. Les efforts de modélisation déployés à ce jour ont mis en lumière l'ampleur du défi auquel nous sommes confrontés : 1) la population mondiale est totalement naïve immunologiquement; 2) le virus est hautement transmissible (les valeurs R_0 peuvent être supérieures à cinq dans certains contextes) (16) et 3) le niveau de pathogénicité du SARS-CoV-2 signifie que même les systèmes de santé les plus avancés au monde peuvent être complètement dépassés si le virus se propage sans introduire d'INP. Par ailleurs, contrairement à l'influenza pandémique, il n'existe aucun antiviral efficace connu.

Modélisation de la COVID-19 au Canada

La modélisation prédictive de la COVID-19 par des scientifiques canadiens est un domaine d'étude qui datait d'environ trois mois au moment de la rédaction (début de mai 2020), mais il existe au Canada de grandes compétences en modélisation de la transmission des maladies infectieuses. Certains modèles précédemment développés qui étudiaient les interventions pour contrôler la grippe H1N1 et d'autres grippes (17,18) ont été adaptés pour évaluer la transmission du SARS-CoV-2 et les impacts de différentes INP (9,19,20). Tang et coll. (9) et Li et coll. (21) ont développé des modèles de type SEIR pour explorer la transmission et tirer des leçons des INP mises en œuvre en Chine et en Corée du Sud. Un groupe d'experts en modélisation, composé de plus de 50 modélisateurs et épidémiologistes fédéraux, provinciaux, territoriaux et universitaires, a été mis sur pied par l'ASPC pour élaborer un réseau canadien de modélisation de la COVID-19 qui appuie la prise de décisions. Des groupes semblables ont été mis sur pied dans d'autres pays, et la liaison entre eux a été facilitée par un groupe de modélisation de l'Organisation mondiale de la Santé.

Modélisation de la COVID-19 par l'ASPC

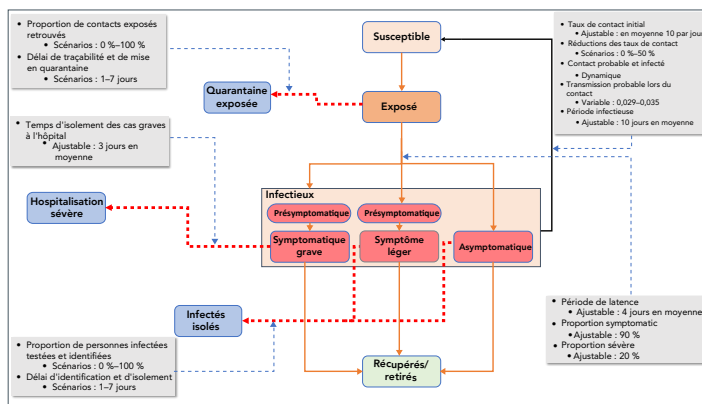
En janvier 2020, un groupe de modélisation a été formé afin d'entreprendre l'élaboration de deux approches de modélisation complémentaires. Le principal objectif de cette modélisation était d'évaluer l'impact des différentes INP et les niveaux d'efficacité nécessaires pour contrôler l'épidémie au Canada. En l'absence d'un vaccin ou d'un traitement, les INP disponibles pour contrôler l'épidémie, qui ont été explorées dans la modélisation, sont 1) la distanciation physique (fermeture d'écoles, de collèges et d'universités, lieux de réunion, rassemblements et distanciation personnelle) qui réduit les taux de contact entre les membres de la société (notamment ceux qui



peuvent être infectés), 2) la détection des cas par la surveillance et leur isolement pour les empêcher de transmettre l'infection et 3) le suivi et la mise en quarantaine des personnes qui ont été en contact avec des cas.

Les deux approches de modélisation utilisées seront publiées sous forme d'articles distincts et plus détaillés et sont appelées « approches » étant donné que les modèles eux-mêmes ont évolué avec l'amélioration des connaissances. Ce qui suit est une description générale de ces approches, qui sont fondées sur 1) un modèle fondé sur les agents (22) et 2) un modèle de compartiment déterministe (23). L'approche fondée sur les agents a été élaborée *de novo* à l'aide du logiciel Anylogic®, tandis que le modèle déterministe s'exécute dans R (24). Les versions initiales du modèle déterministe ont été adaptées de Tang et coll. (9). Les deux sont des modèles de type SEIR avec des éléments pour modéliser le SARS-CoV-2 et les impacts des INP, avec plus de réalisme (**figure 1**). Ces éléments comprennent les compartiments pour les cas isolés et les contacts « exposés » mis en quarantaine à partir desquels la transmission aux personnes vulnérables est limitée ou absente, les compartiments pour les cas asymptomatiques qui peuvent être détectés par surveillance, ainsi que les flux vers les compartiments d'« isolement » et de la « mise en quarantaine » qui permettent des variations selon les différents niveaux d'effort de santé publique. Les paramètres des modèles sont calibrés en fonction des valeurs obtenues par des recherches documentaires, qui sont effectuées chaque jour pour s'assurer que l'évolution des connaissances est saisie dans les modèles.

Figure 1 : Schéma du modèle de compartiments Analytica 5.3 montrant le flux de populations entre les compartiments



Abbreviations : moy, moyenne; prob, probable
La flèche noire indique la transmission entre les populations infectées et vulnérables, les lignes rouges pointillées indiquent le retrait des personnes infectées ou exposées à la suite d'interventions non pharmaceutiques

Dans l'approche de modélisation déterministe, les effets de la distanciation physique sont modélisés de façon simple en réduisant les taux de contact quotidien par habitant fondés sur un certain nombre de paramètres, notamment les données sur

les téléphones cellulaires (25). L'approche du modèle à base d'agents, qui contient des éléments stochastiques, utilise une représentation plus détaillée des communautés, notamment les maisons et les espaces de réunion communautaires qui peuvent représenter les lieux de travail, les écoles, les centres commerciaux et les restaurants, etc. Ce modèle est donc capable de modéliser les effets des fermetures de façon plus détaillée et de prédire différentes réalisations de la propagation de la maladie dans la communauté. L'approche à base d'agents comprend des taux de contact à l'intérieur et entre les groupes d'âge qui sont (20) fondés sur l'étude POLYMOD (26). Les données de contact propres au Royaume-Uni et aux pays européens ont été utilisées comme substitut des taux de contact au Canada, étant donné que des études semblables n'ont pas été réalisées au Canada. L'approche déterministe utilise un mélange homogène, mais elle est également modifiée pour inclure des taux de contact qui varient à l'intérieur des groupes d'âge et entre eux. À des fins d'illustration, un modèle de compartiment déterministe a été élaboré dans Analytica 5.3 (Lumina Inc.) en utilisant la connaissance de la transmission de la COVID-19 élucidée par les deux approches de modélisation. Le code de ce modèle est disponible sur demande avec des instructions sur la façon d'explorer le modèle et de générer des résultats.

Les principaux résultats des modèles sont les suivants : 1) dans quelles circonstances les INP provoquent l'extinction de l'épidémie en réduisant le taux de reproduction effectif (R_e) en dessous de l'unité (c.-à-d. qu'une personne infectée infecte moins d'une autre personne, en moyenne), 2) le taux d'attaque final (c.-à-d. le pourcentage total de la population infectée) et 3) la durée approximative de l'épidémie.

Résumé des résultats de la modélisation effectuée par l'Agence de la santé publique du Canada et d'autres groupes

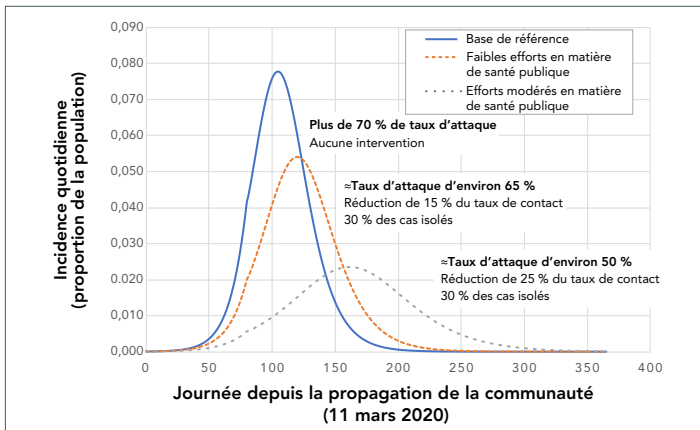
Le synopsis suivant des résultats des études de modélisation comprend celles réalisées par l'ASPC avec des références aux études menées par des groupes de modélisation à l'extérieur du gouvernement du Canada. Les résultats sont illustrés ici à l'aide de graphiques générés par le modèle développé dans Analytica 5.3.

1. Que se passe-t-il en l'absence d'INP?

La base de référence pour comparer les effets des INP est un scénario dans lequel aucun effort n'est déployé pour contrôler la propagation de la maladie. Dans ce cas, le taux d'attaque devrait être supérieur à 70 %, et l'épidémie dure environ un an (**figure 2**). Ces résultats concordent avec ceux d'études estimant



Figure 2 : Impacts des INP partiellement efficaces sur l'épidémie par rapport à la référence sans effort de contrôle



Les valeurs par courbe sont le taux d'attaque final estimé et les interventions non pharmaceutiques (INP) appliquées. On suppose que les INP sont en vigueur pendant toute la durée de l'épidémie

les répercussions sur les populations du Royaume-Uni et des États-Unis (11).

2. Que se passe-t-il lorsque les INP sont partiellement efficaces?

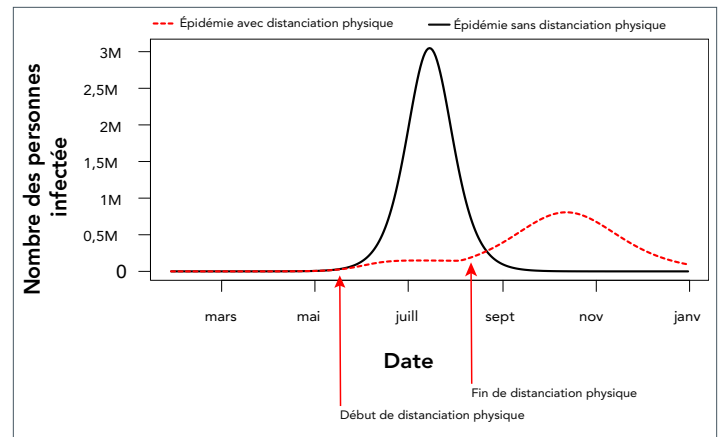
Si les INP, maintenues tout au long de l'épidémie, sont partiellement efficaces (c'est-à-dire qu'elles ont une incidence sur l'épidémie, sans l'éteindre), les principaux effets sont les suivants : l'épidémie est prolongée, le pic est réduit, la courbe épidémiologique est aplatie et le taux d'attaque est réduit à environ 50 % (à 25 % dans certains modèles) (20) (figure 2). Cette constatation concorde avec les études de modélisation équivalentes (11,20). Ce scénario a été nommé « retard et réduction ».

Si les INP ne provoquent pas l'extinction de l'épidémie et sont retirées avant la fin de l'épidémie, il est prédit que la maladie reprendra en force et le taux d'attaque pourrait être aussi élevé que dans le scénario sans INP, parce que la majorité de la population reste naïve (figure 3) (11,20).

3. Que se passe-t-il lorsque les INP sont très efficaces?

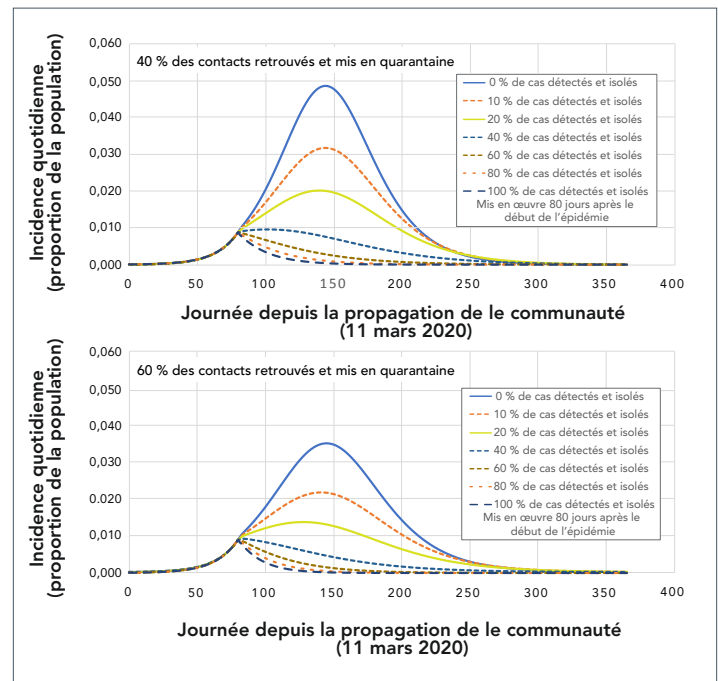
Lorsque les INP sont très efficaces, le taux R_0 tombe en dessous de l'unité, l'épidémie s'éteint et ne reprend pas de force si les INP sont retirées (aussi appelé lutte contre l'épidémie). La rapidité avec laquelle cela se produit, et donc le taux d'attaque final (qui peut se situer entre moins de 1 % et 25 %), dépend de plusieurs facteurs, notamment le moment où les INP épidémiques sont mises en œuvre, l'intensité avec laquelle les INP sont mises en œuvre, la durée de la mise en œuvre et le niveau de conformité (figure 4) (12).

Figure 3 : Effet du lancement d'interventions non pharmaceutiques partiellement efficaces (dans ce cas, distanciation physique) et de l'élimination de ces interventions avant la fin de l'épidémie^a



^a Estimations de la population canadienne d'Arino et de Portet (non publiées)

Figure 4 : Effets de différents niveaux et de différentes combinaisons d'interventions non pharmaceutiques sur le degré de maîtrise de l'épidémie et la rapidité avec laquelle elle est contrôlée



Évaluation des taux d'hospitalisation et de mortalité à partir des taux d'attaque

Le principal objectif des approches de modélisation était de comparer les impacts des différentes INP. Il subsiste une grande incertitude quant à certains paramètres du modèle et à leur distribution, notamment la durée de la période de latence, la proportion de cas asymptomatiques et la durée de l'infectiosité.



La force de ces modèles réside dans leur capacité à comparer entre différentes INP en utilisant les meilleures estimations actuelles des valeurs des paramètres. Toutefois, pour s'assurer que la capacité de soins de santé est suffisante pour répondre à la pandémie, les planificateurs doivent disposer d'une gamme d'estimations du nombre prévu de cas, d'hospitalisations, de cas nécessitant des soins dans les unités de soins intensifs (USI) et de décès. Les approches de modélisation initiales étaient axées sur l'estimation des taux d'attaque totaux et n'étaient pas conçues pour estimer les hospitalisations, les cas nécessitant des soins intensifs et les décès. Pour obtenir ces estimations à partir des taux d'attaque totaux, des estimations de gravité selon l'âge tirées de l'analyse des données de surveillance internationales (27) ont été utilisées pour évaluer la proportion de cas au Canada qui seraient bénins ou asymptomatiques, qui nécessiteraient une hospitalisation ou un traitement aux soins intensifs, et les cas pouvant entraîner un décès, selon la démographie de l'ensemble de la population canadienne (28). Les estimations par million d'habitants sont présentées au **tableau 1**.

Ces estimations sont brutes; des estimations plus précises des besoins en soins de santé devraient être calculées au niveau de la collectivité (e.g. la zone desservie par un hôpital ou un groupe d'hôpitaux) afin que la structure d'âge et les comorbidités particulières de la collectivité faisant l'objet de l'évaluation puissent être prises en compte dans le modèle (19).

Observations au Canada et ailleurs dans le monde

Les résultats des études de modélisation sont théoriques, mais leurs perspectives et leurs implications politiques ont été renforcées par des données concrètes. Le contrôle de l'épidémie a été réalisé à Singapour, en Chine et en Corée du Sud, avec un taux R_0 en dessous de l'unité grâce à l'application d'un niveau rapide et intense d'INP (5,21,29). En revanche, les INP en Europe ne semblent pas avoir ramené le taux R_0 en dessous de l'unité à ce jour (30). Au moment de la rédaction du présent rapport, l'épidémie est géographiquement hétérogène au Canada, mais des estimations non publiées donnent à penser que dans certains juridictions, le taux R_0 peut être inférieur à

l'unité, tandis que cet état n'a pas été atteint dans d'autres régions (*non publié; Ashleigh Tuite et David Champredon*). Au moment de la rédaction du présent rapport, le taux de mortalité observé est plus élevé que celui prévu à l'aide des méthodes décrites ci-dessus en raison de la transmission étendue dans les établissements de soins de longue durée et les établissements pour personnes âgées. Dans ces établissements, les taux de contact sont probablement très élevés (31) et la population est très vulnérable à la COVID-19.

Conclusion

Les études de modélisation décrites ici fournissent des renseignements utiles à la planification des politiques de santé publique afin de lutter contre le risque sans précédent de la COVID-19 pour la santé et le bien-être de la population canadienne et mondiale. Ces études soulignent que sans les INP, la majorité de la population canadienne contracterait l'infection en relativement peu de temps et que le système de soins de santé serait fort probablement débordé, ce qui entraînerait un taux de mortalité plus élevé, particulièrement dans les groupes d'âge les plus vulnérables. L'intensité des INP et la conformité du public détermineront si l'épidémie est contrôlée, ou retardée et réduite. Le premier objectif semble être le meilleur, car le nombre de personnes touchées sera réduit au minimum. Cependant, ce scénario exigera un niveau très élevé d'efforts de santé publique et d'adhésion du public et, en cas de succès, il faudra un niveau élevé de vigilance pour identifier les cas importés et les chaînes de transmission qui pourraient en résulter, parce que la population canadienne demeure en grande partie naïves relativement à l'infection. Si la transmission au Canada n'est pas complètement éteinte, il faudra maintenir de fortes INP, sinon l'épidémie reprendra. Toute levée de la distanciation physique, qui semble porter fruit à l'heure actuelle, devra être accompagnée d'efforts accrus pour détecter les cas par la surveillance et pour retracer les contacts afin de le mettre en quarantaine.

Les études de modélisation ne sont pas des prédictions; elles présentent des résultats plausibles avec différents niveaux d'INP, compte tenu de nos connaissances actuelles du virus et de sa transmission, et peuvent être utilisées pour appuyer la planification, en particulier dans des situations limitées par des données probantes, comme les épidémies émergentes de

Tableau 1 : Estimations par million d'habitants des hospitalisations, patients nécessitant des soins intensifs et décès selon différents scénarios de niveaux de contrôle^a

Niveau de contrôle de l'épidémie	« Retarder et réduire »			Lutte contre l'épidémie		
Taux d'attaque	50 %	25 %	10 %	5 %	2,5 %	1 %
Tous les cas	500 000	250 000	100 000	50 000	25 000	10 000
Léger (89,5 %)	450 000	225 000	90 000	45 000	22 000	9 000
Hospitalisés—pas de SI (8 %)	39 000	19 000	7 800	3 900	2 000	800
Hospitalisés – SI (2,5 %)	12 000	6 000	2 400	1 200	600	200
Décès (1,2 % de tous les cas)	6 000	3 000	1 200	600	300	100

Abréviation : SI, soins intensifs

^a Les chiffres supérieurs à 1 000 ont été arrondis au millier le plus proche



maladies infectieuses. Nos connaissances évoluent constamment, et les modèles et leurs résultats évoluent en conséquence. Les modèles fournissent des renseignements utiles pour la prise de décisions, mais ils ne dictent pas de décisions à prendre. Les décisions sur les programmes de santé publique visant à contrôler la COVID-19 au Canada tiendront compte d'un éventail de facteurs supplémentaires qui comprennent, sans s'y limiter, les répercussions économiques, les préoccupations éthiques et juridiques et les effets négatifs sur la santé de mesures agressives de distanciation physique.

Financement

Ce travail a été financé par l'Agence de la santé publique du Canada. Le travail de J. A. et de J. W. a également été financé par le programme de recherche rapide 2019 sur le nouveau coronavirus (COVID-19) des Instituts de recherche en santé du Canada (IRSC).

Références

1. Lau SK, Luk HK, Wong AC, Li KS, Zhu L, He Z, Fung J, Chan TT, Fung KS, Woo PC. Possible Bat Origin of Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2. *Emerg Infect Dis* 2020;26(7). DOI [Publié en ligne avant impression] PubMed
2. Zhang T, Wu Q, Zhang Z. Probable Pangolin Origin of SARS-CoV-2 Associated with the COVID-19 Outbreak. *Curr Biol* 2020 Apr;30(7):1346–1351.e2. DOI PubMed
3. Andersen KG, Rambaut A, Lipkin WI, Holmes EC, Garry RF. The proximal origin of SARS-CoV-2. *Nat Med* 2020;26(4):450–2. DOI PubMed
4. World Health Organization. WHO Timeline – COVID-19. Geneva (CH): WHO; April 27, 2020. <https://www.who.int/news-room/detail/08-04-2020-who-timeline---covid-19>
5. Wang C, Liu L, Hao X, Guo H, Wang Q, Huang J, He N, Yu H, Lin X, Pan A, Wei S, Wu T. Association of Public Health Interventions With the Epidemiology of the COVID-19 Outbreak in Wuhan, China. *JAMA* 2020;323(19):1915–23. DOI
6. Wu JT, Leung K, Leung GM. Nowcasting and forecasting the potential domestic and international spread of the 2019-nCoV outbreak originating in Wuhan, China: a modelling study. *Lancet* 2020;395(10225):689–97. DOI PubMed
7. Gouvernement du Canada. Maladie à coronavirus (COVID-19). Ottawa (ON); Gouvernement du Canada; mise à jour le 15 mai 2020. <https://www.canada.ca/fr/sante-publique/services/maladies/maladie-coronavirus-covid-19.html>
8. Li J, Wang Y, Gilmour S, Wang M, Yoneoka D, Wang Y, You X, Gu J, Hao C, Peng L, Du Z, Xu DR, Hao Y. Estimation of the epidemic properties of the 2019 novel coronavirus: A mathematical modeling study. *MedRxiv*: 2020a <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2020.02.18.20024315v1.full.pdf>
9. Tang B, Wang X, Li Q, Bragazzi NL, Tang S, Xiao Y, Wu J. Estimation of the Transmission Risk of the 2019-nCoV and Its Implication for Public Health Interventions. *J Clin Med* 2020a;9(2):E462. DOI PubMed
10. Kucharski AJ, Russell TW, Diamond C, Liu Y, Edmunds J, Funk S, Eggo RM; Centre for Mathematical Modelling of Infectious Diseases COVID-19 Working Group. Early dynamics of transmission and control of COVID-19: a mathematical modelling study. *Lancet Infect Dis* 2020;20(5):552–8. DOI [Publié en ligne avant impression]
11. Ferguson NM, Laydon D, Nedjati-Gilani G, Imai N, Ainslie K, Baguelin M, Bhatia S, Boonyasiri A, Cucunubá Z, Cuomo-Dannenburg G, Dighe A, Dorigatti I, Fu H, Gaythorpe K, Green W, Hamlet A, Hinsley W, Okell LC, van Elsland S, Thompson H, Verity R, Volz E, Wang H, Wang Y, Walker PG, Walters C, Winskill P, Whittaker C, Donnelly CA, Riley S, Ghani AC. Impact of non-pharmaceutical interventions (NPIs) to reduce COVID-19 mortality and healthcare demand. London (UK): Imperial College; 2020. <https://www.imperial.ac.uk/media/imperial-college/medicine/sph/ide/gida-fellowships/Imperial-College-COVID19-NPI-modelling-16-03-2020.pdf>
12. Hellewell J, Abbott S, Gimma A, Bosse NI, Jarvis CI, Russell TW, Munday JD, Kucharski AJ, Edmunds WJ, Funk S, Eggo RM; Centre for the Mathematical Modelling of Infectious Diseases COVID-19 Working Group. Feasibility of controlling COVID-19 outbreaks by isolation of cases and contacts. *Lancet Glob Health* 2020;8(4):e488–96. DOI PubMed
13. Wei WE, Li Z, Chiew CJ, Yong SE, Toh MP, Lee VJ. Presymptomatic Transmission of SARS-CoV-2 - Singapore, January 23-March 16, 2020. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep* 2020;69(14):411–5. DOI PubMed
14. Vetter P, Vu DL, L'Huillier AG, Schibler M, Kaiser L, Jacquerioz F. Clinical features of covid-19. *BMJ* 2020;369:m1470. DOI PubMed
15. Wilder-Smith A, Chiew CJ, Lee VJ. Can we contain the COVID-19 outbreak with the same measures as for SARS? *Lancet Infect Dis* 2020 May;20(5):e102–7. DOI PubMed
16. Sanche S, Lin YT, Xu C, Romero-Severson E, Hengartner N, Ke R. High Contagiousness and Rapid Spread of Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2. *Emerg Infect Dis* 2020;26(7). DOI [Publié en ligne avant impression] PubMed
17. Arino J, Brauer F, van den Driessche P, Watmough J, Wu J. A model for influenza with vaccination and antiviral treatment. *J Theor Biol* 2008;253(1):118–30. DOI PubMed
18. Tuite A, Fisman DN, Kwong JC, Greer A. Optimal pandemic influenza vaccine allocation strategies for the canadian population. *PLoS Curr* 2010;2:RRN1144. DOI PubMed



19. Arino J, Portet S. A simple model for COVID-19. *Inf Dis Modelling*. 2020;5: 309-15. [PubMed](#)
20. Tuite AR, Fisman DN, Greer AL. Mathematical modelling of COVID-19 transmission and mitigation strategies in the population of Ontario, Canada. *CMAJ* 2020;192(19): E497–505. [DOI PubMed](#)
21. Li J, Yuan P, Heffernan J, Zheng T, Ogden N, Sander B, Li J, Li Q, Bélair J, Dzevela Kong J, Aruffo E, Tan Y, Jin Z, Yu Y, Fan M, Cui J, Teng Z, Zhu H. Observation wards and control of the transmission of COVID-19 in Wuhan. *Bull World Health Organ*. [DOI](#)
22. Ng V, Fazil A, Waddell S, Bancej C, Turgeon P, Ogden NH. An agent-based model of COVID-19 transmission in Canada: forecasting impacts and de-escalation of non-pharmaceutical public health interventions [soumis pour publication].
23. Ludwig A, Berthiaume P, Orpana H, Swerdfeger H, Otten A, Statistics Canada team, Ogden NH. A dynamic compartmental model of national COVID-19 transmission and the impact of varying levels of case identification and contact tracing in Canada [soumis pour publication].
24. R Core Team. R: A language and environment for statistical computing. Vienna (Austria): R Foundation for Statistical Computing; 2020. <https://www.r-project.org/>
25. Google. <https://www.google.com/covid19/mobility/>
26. Mossong J, Hens N, Jit M, Beutels P, Auranen K, Mikolajczyk R, Massari M, Salmaso S, Tomba GS, Wallinga J, Heijne J, Sadkowska-Todys M, Rosinska M, Edmunds WJ. Social contacts and mixing patterns relevant to the spread of infectious diseases. *PLoS Med* 2008;5(3):e74. [DOI PubMed](#)
27. Verity R, Okell LC, Dorigatti I, Winskill P, Whittaker C, Imai N, Cuomo-Dannenburg G, Thompson H, Walker PGT, Fu H, Dighe A, Griffin JT, Baguelin M, Bhatia S, Boonyasiri A, Cori A, Cucunubá Z, FitzJohn R, Gaythorpe K, Green W, Hamlet A, Hinsley W, Laydon D, Nedjati-Gilani G, Riley S, van Elsland S, Volz E, Wang H, Wang Y, Xi X, Donnelly CA, Ghani AC, Ferguson NM. Estimates of the severity of coronavirus disease 2019: a model-based analysis. *Lancet Infect Dis* 2020;pii:S1473-3099(20)30243-7. [DOI](#) [Publié en ligne avant impression]
28. Statistique Canada. Estimations de la population au 1^{er} juillet, par âge et sexe. Tableau 17-10-0005-01. Ottawa (ON) : StatsCan; mise à jour le 18 mai 2020. https://www150.statcan.gc.ca/t1/tbl1/fr/tv.action?pid=1710000501&request_locale=fr
29. Tang B, Xia F, Bragazzi NL, McCarthy Z, Wang X, He S, Sun X, Tang S, Xiao Y, Wu J. Lessons drawn from China and South Korea for managing COVID-19 epidemic: insights from a comparative modeling study. *Bull World Health Organ* 2020. [DOI](#) [Publié en ligne avant impression]
30. Flaxman S, Mishra S, Gandy A, Unwin HJ, Coupland H, Mellan TA, Zhu H, Berah T, Eaton JW, Guzman PN, Schmit N, Callizo L, Ainslie KE, Baguelin M, Blake I, Boonyasiri A, Boyd O, Cattarino L, Ciavarella C, Cooper L, Cucunubá Z, Cuomo-Dannenburg G, Dighe A, Djaafara B, Dorigatti I, van Elsland S, FitzJohn R, Fu H, Gaythorpe K, Geidelberg L, Grassly N, Green W, Hallett T, Hamlet A, Hinsley W, Jeffrey B, Jorgensen D, Knock E, Laydon D, Nedjati-Gilani G, Nouvellet P, Parag K, Siveroni I, Thompson H, Verity R, Volz E, Walters C, Wang H, Wang Y, Watson O, Winskill P, Xi X, Whittaker C, Walker PG, Ghani A, Donnelly CA, Riley S, Okell LC, Vollmer MA, Ferguson NM, Bhatt S. Report 13: Estimating the number of infections and the impact of non-pharmaceutical interventions on COVID-19 in 11 European countries. London (UK): Imperial College; 2020. <https://www.imperial.ac.uk/mrc-global-infectious-disease-analysis/covid-19/report-13-europe-npi-impact/>
31. Najafi M, Laskowski M, de Boer PT, Williams E, Chit A, Moghadas SM. The effect of individual movements and interventions on the spread of influenza in long-term care facilities. *Med Decis Making* 2017;37(8):871–81. [DOI PubMed](#)



Protocole du Réseau de laboratoires de santé publique du Canada pour les enquêtes microbiologiques sur les nouveaux agents pathogènes respiratoires, notamment les infections respiratoires aiguës graves

Groupe de travail sur les infections virales respiratoires¹

Citation proposée : Groupe de travail sur les infections virales respiratoires. Protocole du Réseau de laboratoires de santé publique du Canada pour les enquêtes microbiologiques sur les nouveaux agents pathogènes respiratoires, notamment les infections respiratoires aiguës graves. Relevé des maladies transmissibles au Canada 2020;46(6):232–6. <https://doi.org/10.14745/ccdr.v46i06a09f>

Mots-clés : protocole, COVID-19, pathogènes respiratoires émergents, IRAS, Canada, RLSPC

Cette oeuvre est mise à la disposition selon les termes de la licence internationale Creative Commons Attribution 4.0



Affiliation

¹ Réseau de laboratoires de santé publique du Canada, Winnipeg, MB

Correspondance :

dionne.marcino@canada.ca

Introduction

Un protocole pour les infections respiratoires aiguës graves (IRAS) a été élaboré initialement en réponse à l'écllosion du syndrome respiratoire aigu sévère (SARS) de 2003 (1). L'utilisation prévue du protocole était de faciliter le diagnostic d'infections respiratoires nouvelles et émergentes, notamment les IRAS, en raison de pathogènes respiratoires inconnus et connus qui pourraient entraîner des épidémies à grande échelle. Dans le cas du coronavirus du syndrome respiratoire du Moyen-Orient (MERS-CoV) et du virus de l'influenza A (H7N9), un facteur clé du diagnostic est la détermination du risque en fonction de facteurs épidémiologiques qui, à leur tour, sont liés à l'exposition dans un « secteur préoccupant ». Avec le coronavirus 2 (SARS-CoV-2), syndrome respiratoire aigu sévère plus transmissible, la cause de la pandémie du coronavirus 2019 (COVID-19), les lignes directrices en matière de dépistage ont changé à mesure que la pandémie s'est répandue. Au départ, les tests étaient axés sur les personnes présentant des facteurs de risque liés aux voyages; puis la portée des tests a augmenté une fois qu'un plus grand nombre de cas ont été signalés (au Canada). Cette évaluation initiale des risques doit être effectuée de concert avec le ministère de la Santé local. Les signaux d'infections respiratoires nouvelles et émergentes, notamment les alertes d'IRAS, devraient inciter les cliniciens à « réfléchir, déclarer et tester » :

- **Réfléchir** à la possibilité d'une infection respiratoire émergente (e.g. nouveau virus de l'influenza A)
- **Déclarer** le cas au médecin hygiéniste local ou au responsable local de la santé publique; aviser le laboratoire local et le laboratoire provincial de santé publique (LPSP) du soupçon d'un nouvel agent pathogène
- **Tester** pour le dépistage des agents pathogènes fondé sur les symptômes cliniques et seulement après une consultation appropriée

Protocole de laboratoire

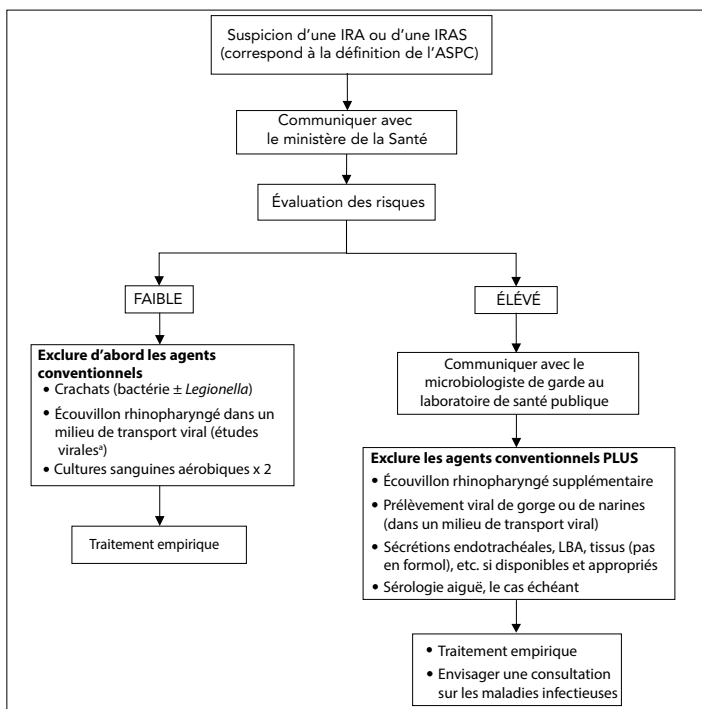
Quand procéder au test

De nombreux facteurs épidémiologiques influent les directives sur le moment de procéder à des tests de dépistage de pathogènes nouveaux ou émergents. Au moment de l'apparition d'un nouvel agent pathogène, avant l'infection humaine généralisée, la probabilité qu'une IRAS soit due à un nouvel agent pathogène est extrêmement faible. Par conséquent, chez les patients qui n'ont aucun facteur de risque épidémiologique, les agents pathogènes les plus courants devraient être écartés avant d'envisager un agent pathogène nouveau, inhabituel ou plus virulent. Lorsque des facteurs de risque appropriés existent, les nouveaux agents pathogènes doivent être exclus, qu'un autre agent pathogène soit détecté ou non, car les co-infections virales ont été bien documentées avec de nouveaux agents pathogènes respiratoires viraux (e.g. MERS-CoV, influenza A (H7N9) et SARS-CoV-2) (**figure 1**).

Bien que les tests soient initialement concentrés sur les personnes ayant des liens épidémiologiques, comme celles qui se sont rendues dans une région où le pathogène circule, une fois que l'activité est généralisée, comme dans le cas de la pandémie de COVID-19, les fournisseurs de soins de santé devraient avoir un seuil peu élevé pour envisager de tester le nouvel agent pathogène lorsqu'ils examinent des patients atteints d'une infection respiratoire aiguë (IRA). Ce seuil de dépistage reste influencé par l'épidémiologie de l'infection,



Figure 1 : Protocole de laboratoire



Abbréviations : ASPC, Agence de la santé publique du Canada; IRA, infection respiratoire aiguë; IRAS, infection respiratoire aiguë sévère; LBA, lavage bronchoalvéolaire

* Contacter un microbiologiste de garde pour obtenir des conseils sur le test approprié

comme 1) le stade de la vague pandémique dans laquelle se trouve la province ou le territoire, 2) s'il y a une activité locale ou généralisée et 3) si l'intervention correspond à une phase de confinement ou d'atténuation. Des lignes directrices précises sur les tests sont élaborées à l'échelle provinciale et varieront d'un bout à l'autre du Canada. D'autres facteurs peuvent influencer les approches en matière de tests, notamment la disponibilité des fournitures et des réactifs de test, qui peuvent être en quantité limitée à différents moments durant une pandémie. Ces tests peuvent être effectués au laboratoire local ou au LPSS en fonction des capacités et de l'expertise locales.

Spécimens à recueillir

Jusqu'à ce que le spécimen idéal pour détecter un agent pathogène émergent ait été identifié, une vaste gamme de spécimens doivent être prélevés, notamment un écouvillon rhinopharyngé (RP), un écouvillon de gorge ou un écouvillon combiné de gorge/narines, un lavage bronchoalvéolaire (LBA), des sécrétions endotrachéales et des expectorations. Pour les patients pédiatriques, une aspiration rhinopharyngée est un substitut approprié à un écouvillon RP, bien qu'il s'agisse d'une procédure médicale générant des aérosols qui nécessite des précautions aéroportées, ce qui n'est pas le cas des écouvillons RP. Bien que la salive ait été suggérée pour la détection de certains pathogènes émergents comme le SARS-CoV-2, l'option doit être davantage validée avant d'être recommandée comme unique spécimen pour le prélèvement.

Pour les patients qui ne sont pas admis à l'hôpital, notamment ceux qui se trouvent dans une salle d'urgence, un seul spécimen des voies respiratoires supérieures est habituellement suffisant pour tester les pathogènes respiratoires viraux émergents (comme SARS-CoV-2 ou H7N9). Les spécimens prélevés dans les voies respiratoires supérieures comprennent un écouvillon RP, un prélèvement de gorge OU un écouvillon combiné gorge/narines prélevé dans un milieu de transport universel. Un écouvillon RP est le spécimen préféré en raison d'une sensibilité accrue possible par rapport à un écouvillon de gorge. Un spécimen combiné de gorge/narines peut également être prélevé, à condition que le laboratoire de test ait approuvé la soumission de ce type de source combiné de spécimen.

Pour les patients hospitalisés, en particulier ceux qui ont une IRAS, la soumission de spécimens des voies respiratoires supérieures et inférieures est recommandée dans la mesure du possible. Comme ci-dessus, l'écouvillon RP est l'échantillon préféré des voies respiratoires supérieures. Un écouvillon de gorge ou un écouvillon combiné de gorge/narines prélevé dans un milieu de transport universel peut être soumis comme spécimen supplémentaire des voies supérieures. Les spécimens des voies respiratoires inférieures doivent également être soumis dans la mesure du possible. Ces spécimens des voies inférieures comprennent les expectorations, une aspiration endotrachéale et le LBA. Pour un certain nombre de nouveaux pathogènes, notamment l'influenza aviaire et le nouveau coronavirus, on a signalé des cas de patients qui ont obtenu des résultats négatifs au test des voies respiratoires supérieures, mais positifs au test des voies respiratoires inférieures.

Pathogènes recommandés et spécimens à tester

Au moment de l'apparition d'un nouvel agent pathogène, avant l'infection humaine généralisée, la probabilité qu'une maladie respiratoire aiguë grave soit due à ce nouvel agent pathogène est extrêmement faible. Par conséquent, chez les patients qui n'ont aucun facteur de risque épidémiologique, les agents pathogènes les plus courants devraient être écartés avant d'envisager un agent pathogène inhabituel ou plus virulent. Cela comprend ce qui suit :

Bactéries conventionnelles

- Crachats pour les taches et les cultures bactériennes de routine

Bactéries atypiques

- *Legionella* – crachat, LBA, aspiration endotrachéale, tissu pulmonaire pour réaction en chaîne de la polymérase (PCR) et/ou culture
- Analyse d'urine pour l'antigène urinaire de la *Legionella*
- *Mycoplasme/Chlamydia* – écouvillon RP, échantillon par prélèvement de gorge et/ou de voies respiratoires inférieures pour PCR et/ou culture



Virus respiratoires classiques

- Influenza humain, parainfluenza, virus respiratoire syncytial, adénovirus, métapneumovirus humain, rhinovirus/entérovirus, coronavirus)
- Échantillons – écouvillon RP, sécrétions endotrachéales, LBA, avec ou sans écouvillon de gorge (ou écouvillon combiné gorge/narines) et crachats
- L'écouvillon RP est le principal type d'échantillon pour les virus respiratoires, notamment l'influenza saisonnier. Toutefois, d'après notre expérience de l'influenza H1N1 pandémique, des spécimens plus profonds, comme les sécrétions endotrachéales ou le LBA, doivent être prélevés dans les cas d'infection respiratoire grave avec un résultat d'écouvillon RP négatif
- Un certain nombre de virus de l'influenza A aviaire, notamment le virus H7N9, ont été détectés dans des écouvillons de gorge. L'influenza A (H7N9) n'était détectable que chez l'un des quatre patients. Bien que les écouvillons d'expectoration et de gorge ne soient pas idéaux pour la plupart des virus de l'influenza, il faut envisager plusieurs types d'échantillons chez les patients soupçonnés d'être porteurs de virus de l'influenza A aviaire

Méthodes de test

Les tests devraient être effectués à l'aide de tests validés pour l'agent pathogène en question :

- le SARS-CoV-2 doit être testé par transcription inverse-PCR en temps réel (rRT-PCR) (voir cidessus)
- La principale méthode de détection de l'influenza A et B (délai de 24 heures) devrait être le rRT-PCR avec sous-typage (H3N2 ou H1N1). Les protocoles préférés pour la détection de nouveaux virus de l'influenza sont ceux élaborés par les Centers for Disease Control des États-Unis
- Pour le parainfluenza, le métapneumovirus humain, le coronavirus, le rhinovirus/entérovirus et l'adénovirus, la RT-PCR multiplex respiratoire doit être effectuée sur tous les spécimens, si possible, ou sur les spécimens négatifs pour l'influenza lorsqu'il y a une indication clinique pour détecter les virus non invasifs
- Les tests de diagnostic rapide de l'influenza ne devraient pas être utilisés pour exclure l'influenza A. La sensibilité des tests de diagnostic rapide de l'influenza actuellement disponibles pour les souches de l'influenza humaines est sous-optimale. La sensibilité des tests commerciaux actuellement disponibles pour la détection du H7N9 est faible et ne doit pas être utilisée pour les tests cliniques
- Le SARS-CoV-2, les nouveaux virus de l'influenza A et le MERS-CoV sont classés comme pathogènes RG3. La culture de routine de spécimens de patients suspects ne devrait être envisagée que dans les LPSS avec des installations de niveau de confinement (NC) 3. La culture du virus dans un laboratoire de NC2 peut être envisagée si le spécimen a été testé pour les pathogènes émergents pertinents et est négatif avec le test rRT-PCR

Si des échantillons plus invasifs sont prélevés, ils devraient être traités pour un large éventail d'agents pathogènes :

- LBA pour le dépistage d'un large éventail de pathogènes (bactéries, virus, mycobactéries, champignons)
- biopsie pulmonaire ouverte - bactérienne, mycobactérienne et fongique, cultures, RT-PCR et histologie (s'Assurer que le spécimen n'est PAS MIS DANS DU FORMOL)

Quand soupçonner le virus SARS-CoV-2

Au cours des premières phases de la pandémie, qui a commencé à Wuhan, en Chine, en décembre 2019, seules les personnes qui revenaient de Wuhan, puis de la province du Hubei, en Chine, ont été testées lorsqu'elles présentaient une IRA. Compte tenu de la progression de l'épidémie, on a recommandé le dépistage des personnes atteintes d'IRA après leur retour d'un voyage dans un pays où il y avait des cas de COVID-19.

À la suite de l'évolution de la COVID-19 vers une pandémie et une transmission locale dans la plupart des provinces et territoires du Canada, les approches de test ont été élargies, en mettant d'abord l'accent sur l'identification des cas pour le dépistage des contacts et les tests à l'appui de la stratégie de confinement. Les tests portent sur les groupes suivants :

- Personnes avec IRA qui sont des voyageurs revenant de régions où il y a des cas locaux actifs de COVID-19
- Personnes hospitalisées; contacts de cas d'éclosion
- Personnes institutionnalisées
- Travailleurs de la santé
- Collectivités éloignées, isolées ou autochtones
- Populations vulnérables

Lorsque le nombre de cas augmentera, avec une transmission communautaire plus étendue et des pressions sur les ressources de test, il faudra peut-être prioriser l'objectif des tests pour appuyer la stratégie d'atténuation, notamment avec les mesures suivantes :

- Test des personnes à risque de maladie grave
- Personnes susceptibles de transmettre le virus dans un établissement de soins de santé ou un milieu communautaire vulnérable
- Personnes dont la maladie de la COVID-19 aurait une incidence sur la prestation de soins de santé ou sur les infrastructures essentielles
- Personnes auxquelles l'exposition les exposerait à un risque de test positif

Des groupes supplémentaires peuvent être envisagés pour les tests, selon le stade de la pandémie, la politique locale et la disponibilité des réactifs.

Le test pour la COVID-19 devrait être effectué pour les patients qui répondent aux critères du test, qu'un autre agent pathogène soit identifié ou non. Les premières données indiquent que jusqu'à 30 % des patients atteints de la COVID-19 peuvent avoir une co-infection avec d'autres virus respiratoires.



De plus amples renseignements sur les tests en laboratoire pour la COVID-19 sont disponibles dans le document sur les pratiques exemplaires sur la COVID-19 du Réseau de laboratoires de santé publique du Canada (RLSPC) (2).

Quand soupçonner le coronavirus du syndrome respiratoire du Moyen-Orient

Des données limitées suggèrent que le MERS-CoV peut se présenter comme une co-infection avec d'autres pathogènes viraux. Par conséquent, en plus des spécimens qui sont négatifs pour les agents pathogènes conventionnels, ceux qui ont d'autres agents pathogènes identifiés, **mais qui correspondent à des cas suspects de MERS-CoV selon la définition de cas de l'Agence de la santé publique du Canada (ASPC), ou encore les lignes directrices provinciales en matière de dépistage** devraient être testés. Les détails concernant les tests et certains matériaux de contrôle pour le développement de la méthode sont disponibles auprès du Laboratoire national de microbiologie (LNM). À ce jour, seuls quelques LPSS ont développé la capacité de tester cet agent pathogène à l'interne; tous les autres LPSS doivent acheminer les spécimens suspects au LNM pour des tests plus poussés.

Quand soupçonner un nouveau virus de l'influenza (y compris le H7N9)

Les virus de l'influenza qui sont positifs au test initial d'identification de l'influenza, mais qui ne peuvent pas être sous-typés au moyen du test RT-PCR devraient être caractérisés davantage. Les laboratoires qui ont la capacité de caractériser davantage les spécimens au moyen de nouvelles PCR de sous-typage ou de méthodes de séquençage (e.g. séquencer le HA, le N, le M ou d'autres gènes) pour déterminer le sous-type du virus devraient le faire. Ceux qui n'ont pas cette capacité devraient se fier au LNM pour une caractérisation plus poussée. Toutefois, étant donné que les tests de sous-typage sont généralement moins sensibles que les tests d'identification, les résultats positifs faibles peuvent ne pas être typables. Chaque laboratoire devrait évaluer ces résultats au cas par cas, en se basant sur l'expérience locale, de concert avec ses cliniciens locaux et ses collègues de la santé publique.

Les échantillons positifs pour l'influenza en dehors de la saison grippale ou obtenus de patients ayant des antécédents d'exposition à des animaux (e.g. des porcs ou des poulets) doivent être systématiquement soumis au LPSS et/ou au LNM à des fins de caractérisation.

Remarque : Bien que l'analyse initiale des tests internes utilisés par de nombreux laboratoires indique qu'ils devraient être efficaces pour identifier le H7N9, il est difficile de déterminer leur effet sur la sensibilité des tests. Cela est particulièrement

vrai pour le rendement des tests commerciaux dont les séquences d'amorces ne sont pas connues. Il est important que les laboratoires demandent aux fournisseurs de donner des renseignements sur la capacité de leurs tests à détecter de nouveaux virus de l'influenza. Les laboratoires qui utilisent des tests de niveau de détection devraient surveiller les séquences virales et leur correspondance avec les amorces et les sondes des tests.

Si un laboratoire de première ligne soupçonne un nouvel agent pathogène respiratoire

Les tests initiaux (comme décrits ci-dessus) seraient semblables, mais des tests supplémentaires seront exigés au LPSS. Le laboratoire doit communiquer avec le clinicien pour s'assurer que les spécimens suivants sont prélevés :

- Une deuxième aspiration endotrachéale, un autre écouvillon RP ou LBA (à utiliser pour confirmation par le LNM)
- Un écouvillon viral dans la gorge (dans les milieux de transport viral). Un certain nombre de virus de l'influenza A aviaire, notamment le virus H7N9, ont été détectés dans les écouvillons dans la gorge. Plusieurs types de spécimens devraient être prélevés lorsque de nouveaux virus de l'influenza sont envisagés et, dans la mesure du possible, inclure des spécimens des voies respiratoires supérieures et inférieures
- Une collecte de sérums en phase aiguë et en phase de convalescence peut être appropriée, en fonction du virus particulier suspecté et des conseils du LNM et des LPSS. On ne recommande pas de test sérologique pour les patients soupçonnés d'être infectés par l'influenza A (H7N9) ou le MERS-CoV. Certains tests sérologiques du SARS-CoV-2 ont été mis au point par plusieurs fournisseurs commerciaux et sont évalués par le LNM et certains LPSS. Il s'agit notamment de tests ELISA et de tests immunochromatographiques au point de service. Leur rôle dans les essais cliniques et la santé publique n'a pas encore été clarifié, car les données disponibles sur la sensibilité, la spécificité et les valeurs prédictives positives et négatives sont insuffisantes. Des lignes directrices seront élaborées une fois que les caractéristiques de rendement des tests auront été élucidées et que les tests auront été validés pour les essais cliniques

Si un laboratoire provincial de santé publique soupçonne un nouvel agent pathogène respiratoire

- Le LPSS doit aviser immédiatement le fournisseur de soins de santé du patient, le bureau de santé publique local et le ministère de la Santé lorsqu'un spécimen suspect est identifié



- Tous les spécimens soupçonnés d'être porteurs de nouveaux agents pathogènes respiratoires (décrits ci-dessous) doivent être envoyés au LNM pour des tests de confirmation. Si un nouvel agent pathogène respiratoire cause une épidémie ou une pandémie, avec transmission locale, seuls les spécimens précoces seront envoyés au LNM pour des tests de confirmation. De plus, des tests peuvent être effectués dans des laboratoires hospitaliers ou communautaires, comme cela s'est produit pendant la pandémie de SARS-CoV-2
- Les échantillons suspectés de contenir un nouveau virus respiratoire doivent être manipulés en utilisant le NC2 avec un équipement de protection individuelle renforcé **s'ils sont manipulés en dehors d'une enceinte de biosécurité**

Remarque : la culture de virus ne doit pas être effectuée sur des échantillons respiratoires dans un laboratoire de NC2 lorsqu'on suspecte un pathogène nouveau ou émergent, car il s'agit de pathogènes de catégorie RG3. La culture de virus, si nécessaire, peut être envisagée dans un cadre de NC2 si l'échantillon a été testé pour ces pathogènes et est négatif selon le test RT-PCR.

Transport de spécimens

Les spécimens doivent être transportés au laboratoire dès que possible, de préférence dans les 72 heures avec des blocs réfrigérants. Si on prévoit un délai plus long, les spécimens doivent être congelés à -70°C et transportés sur de la glace sèche. Toutefois, les spécimens ne doivent pas être congelés à -20°C, car cela peut avoir une incidence sur la récupération du virus si une culture est nécessaire. S'il n'est pas possible de congeler les spécimens à -70°C ou d'utiliser de la glace sèche, les spécimens doivent rester à 4°C et être expédiés dès que possible. Les spécimens doivent être transportés comme spécimens diagnostiques conformément à la pratique habituelle pour les spécimens de l'influenza saisonnier, et aucune précaution accrue n'est nécessaire. Voir l'avis de biosécurité du SARS-CoV-2 de l'ASPC pour de plus amples renseignements (3).

On doit étiqueter les tubes de prélèvement et faire une demande adéquate et complète avec les noms de patients correspondants, les identifiants uniques et les informations cliniques pertinentes.

Déclaration des auteurs

Le Groupe de travail sur l'infection par le virus respiratoire du Réseau des laboratoires de santé publique du Canada (RLSPC) se consacre à fournir un leadership et des conseils sur des sujets liés aux agents pathogènes viraux respiratoires, notamment la réponse en laboratoire aux virus respiratoires émergents. Le Groupe de travail sur les infections virales respiratoires est composé de dirigeants de laboratoires de santé publique de partout au Canada.

Remerciements

Le Groupe de travail sur les infections virales respiratoires aimerait remercier les membres du Secrétariat du Réseau de laboratoires de santé publique du Canada (RLSPC), S. Radons Arneson et D. Marcino pour la coordination de la synthèse de ce document. Nous aimerions également remercier le Conseil des directeurs de laboratoire du RLSPC pour l'examen du présent document.

Références

1. Agence de la santé publique du Canada. Protocole d'enquête microbiologique concernant les Infections Respiratoires Aiguës Sévères (IRAS). Ottawa (ON) : ASPC. <https://www.canada.ca/fr/sante-publique/services/agents-pathogenes-voies-respiratoires-emergents/protocole-enquete-microbiologique-concernant-infections-respiratoires-aigues-severes-iras.html>
2. Centre des collaborations nationale des maladies infectieuses. The Réseau des laboratoires de santé publique du Canada. <https://ccnmi.ca/rlspsc/>
3. Agence de la santé publique du Canada SARS-CoV-2 (Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 pour Coronavirus du syndrome respiratoire aigu sévère 2). Avis de biosécurité. Ottawa (ON): ASPC; mise à jour le 29 février 2020. <https://www.canada.ca/fr/sante-publique/services/biosurete-biosurete-laboratoire/directives-avis-avis-speciaux-matiere-biosurete/nouveau-coronavirus-27-janvier.html>



Gestion des réponses liées au stress dans le cadre de la vaccination : Un facteur déterminant pour maintenir la confiance envers les vaccins

C. Meghan McMurtry^{1,2,3,4*}

Résumé

Il est important d'identifier et de gérer efficacement les manifestations post-vaccinales indésirables (MAPI) afin de maintenir la confiance envers les vaccins et d'optimiser la santé. La catégorie de MAPI liée à «l'anxiété à l'égard de la vaccination» a été jugée problématique, car elle ne saisisait pas adéquatement l'éventail des réactions au stress qui peuvent survenir. Le terme actuellement utilisé pour cette catégorie, réactions au stress de la vaccination (RSV), est plus général, comprenant l'ensemble des signes et symptômes qui peut survenir en réponse au stress. Les RSV peuvent comprendre des réactions vasovagales (évanouissement), l'hyperventilation et des symptômes neurologiques fonctionnels (e.g. faiblesse, crises non épileptiques). Ce concept repose sur un cadre biopsychosocial dans lequel les facteurs biologiques (e.g. l'âge, le sexe), psychologiques (e.g. préparation, expériences antérieures, anxiété) et sociaux (e.g. les réactions des autres, médias sociaux) interagissent pour créer la réaction de stress d'une personne au processus de vaccination.

De nouvelles directives sont disponibles sur la prévention, la détection précoce et la prise en charge des RSV résumées dans l'article.

Cette oeuvre est mise à la disposition selon les termes de la licence internationale [Creative Commons Attribution 4.0](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/)



Affiliations

¹ Département de psychologie de l'Université de Guelph, Guelph, ON

² Programme pédiatrique sur la douleur chronique, McMaster hôpital pour enfants, Hamilton, ON

³ Professeure de recherche auxiliaire, Département de pédiatrie, Université Western, London, ON

⁴ Scientifique associée, Institut de recherche sur la santé des enfants, London, ON

Citation proposée : McMurtry CM. Gestion des réponses liées au stress dans le cadre de la vaccination : Un facteur déterminant pour maintenir la confiance envers les vaccins. *Relevé des maladies transmissibles au Canada* 2020;46(6):237–45. <https://doi.org/10.14745/ccdr.v46i06a10>

Mots-clés : vaccin, vaccination, stress, peur, douleur, syncope, évanouissement

***Correspondance :**
cmcmurtr@uoguelph.ca

Introduction

Les vaccins sont une histoire de réussite évidente en santé publique, protégeant les gens contre un certain nombre de maladies. Il est important d'identifier et de gérer correctement les manifestations post-vaccinales indésirables (MAPI) afin de maintenir la confiance envers les vaccins et d'optimiser la santé. En 2015, le Comité consultatif mondial de la sécurité vaccinale de l'Organisation mondiale de la Santé (OMS) a réuni un groupe de travail formé d'experts pour discuter de ce qu'on appelait auparavant «MAPI résultant de l'anxiété concernant la vaccination». À la suite de l'examen par le Comité consultatif mondial en 2017 et 2018 et de l'approbation par le Comité consultatif stratégique pour la sécurité vaccinale en avril 2019, un manuel d'orientation détaillé à l'intention des professionnels de la santé, intitulé *Immunization stress-related response: a manual for program managers and health professionals to prevent, identify and respond to stress-related responses following immunization* (en anglais seulement), a été publié (1), accompagné d'un synopsis (2) et d'une publication examinée par les pairs (3).

Le manuel d'orientation fournit des détails sur la compréhension, la prévention, l'identification et la gestion de ce que l'on appelle maintenant les «réactions au stress de la vaccination» ou RSV (1).

L'objectif de ce document est de décrire brièvement les RSV, d'orienter les lecteurs vers des directives détaillées sur le sujet et de fournir un aperçu de la prévention et de la gestion.

Il s'agit du cinquième article produit par le Centre canadien de ressources et d'échange sur les données probantes en vaccination (CANVax) dans la série CANVax. Les professionnels pluridisciplinaires de CANVax répertorient et créent des ressources utiles dans le but de favoriser le recours à la vaccination (4,5).

RSV en comme composantes des MAPI

La sécurité des vaccinations est surveillée à l'échelle mondiale, et les MAPI, y compris les événements qui sont considérés comme résultant de «l'anxiété» à l'égard de la vaccination,



sont regroupées en cinq catégories différentes (6). Les appeler «réactions d'anxiété» est problématique pour deux raisons : le mot anxiété ne donne pas une image précise ou complète d'une situation qui peut être très complexe; et cette description est indicative d'une optique biomédicale qui classe les réponses physiologiques comme étant soit «physiques», soit «psychologiques», ce qui ne tient pas compte du fait que l'esprit et le corps de chaque individu sont intimement liés (1).

L'expression «réactions au stress de la vaccination» (RSV) tient compte de l'éventail complet des signes et des symptômes éprouvés en réaction au stress : réaction vasovagale (syncope), l'hyperventilation et les symptômes neurologiques fonctionnels (e.g. les faiblesses ou les crises non épileptiques), entre autres. Le cadre biopsychosocial aide à comprendre que les facteurs biologiques (e.g. l'âge, le sexe), psychologiques (e.g. préparation, expériences antérieures, anxiété) et sociaux (e.g. comportement et expériences des pairs, médias sociaux, confiance de la collectivité envers les soins de santé) interagissent pour développer la réaction au stress et les RSV d'une personne (1).

Les RSV et d'autres MAPI nécessitent des démarches de prévention et de traitement différentes. Par exemple, il importe de distinguer les RSV de l'anaphylaxie, qui est potentiellement mortelle et exige une reconnaissance immédiate, une intervention pharmacologique particulière (épinéphrine par voie intramusculaire) et une prise en charge spécialisée. Les RSV ne sont pas potentiellement mortelles, ne sont pas aidées par l'épinéphrine et nécessitent une prise en charge différente.

Rôle du processus de vaccination

Les vaccins sont généralement administrés par injection. Le processus présente plusieurs caractéristiques qui peuvent causer de la détresse : la douleur de l'injection, la peur, la vue d'une aiguille, la vue du sang, l'attente prolongée en position debout et les réactions des autres dans l'environnement (1,7). Les enfants et les adolescents sont particulièrement sujets à cette détresse, car les vaccins sont courants durant l'enfance. La douleur et la peur vont parfois de pair : plus une personne a peur des aiguilles, plus vive est la douleur qu'elle dit ressentir (7,8). La plupart des gens qui ont très peur des aiguilles disent avoir vécu une expérience négative par le passé (7,9–11).

La peur des aiguilles a des conséquences à court et à long terme. À court terme, les personnes peuvent avoir besoin de temps de procédure plus longs, être plus à risque de s'évanouir, essayer de s'enfuir et ressentir davantage de détresse et de douleur (7,8,10,12). La peur de la procédure peut se développer à long terme, en même temps que la peur des professionnels de la santé, l'évitement des procédures médicales, l'hésitation à la vaccination et une moindre efficacité des techniques traditionnelles de gestion de la douleur (7,8,13–15).

Identification des RSV : Calendrier et manifestation

La compréhension et la reconnaissance des RSV sont essentielles pour faciliter la prévention et la gestion appropriée de cette catégorie de MAPI. Bien que d'autres MAPI ne se produisent qu'après la vaccination, une RSV peut se produire immédiatement avant, pendant ou après la vaccination (1,6). Les manifestations sont des réactions aiguës au stress, les réactions vasovagales ou des réactions de symptômes neurologiques dissociatifs (RSND) (1). Une réaction aiguë au stress (réaction «de combat, de fuite ou d'immobilisation») peut varier en gravité; elle peut aller des «nœuds dans l'estomac» et de l'inquiétude moyenne à élevée, à la respiration difficile ou rapide (hyperventilation) avec des picotements dans les doigts et les orteils et une fréquence cardiaque accrue (1,16,17). Une réaction vasovagale est une réaction de syncope qui peut causer divers effets, d'un léger étourdissement à la perte de conscience due à l'apport insuffisant de sang au cerveau (18).

Une réaction aiguë au stress peut être suivie d'une réaction vasovagale après une baisse soudaine de la fréquence cardiaque et de la pression artérielle. Des maux de tête et de la nausée peuvent également accompagner les réactions au stress (1). Les symptômes d'une réponse aiguë au stress et d'une réaction vasovagale peuvent se présenter avant, pendant ou immédiatement après la vaccination, habituellement dans un délai de cinq minutes (1).

Les RSND sont caractérisés par des symptômes neurologiques sans résultats physiques, connus sous le nom de symptômes neurologiques fonctionnels (19,20). Ces symptômes peuvent comprendre la difficulté à marcher ou à bouger un bras ou une jambe, la faiblesse, les picotements et les crises non épileptiques. Ces symptômes sont considérés comme involontaires. Les RSND ne sont pas bien documentés ni déclarés chez les individus après la vaccination, mais on rapporte des réactions «de masse» ou «de grappe» chez plusieurs personnes à proximité immédiate les unes des autres (21). Les preuves actuelles suggèrent que les RSND résultent d'étiologies multifactorielles complexes (22). Les RSND se produisent le plus souvent indépendamment de la vaccination; il est plus facile de comprendre un RSND qui se développe après une vaccination en employant un cadre biopsychosocial dans lequel le processus de vaccination est l'un des nombreux facteurs contributifs (1).

Divers événements, syndromes et troubles d'après-vaccination qui n'ont pas de relation confirmée avec la vaccination ont été signalés (1). Ceux-ci incluent notamment le syndrome douloureux régional complexe (SDRC) de type 1 d'apparition retardée; syndrome de fatigue chronique; syndrome de tachycardie orthostatique posturale (STOP); et les troubles neurologiques dissociatifs (aussi appelés troubles de conversion) d'apparition retardée. Ils ne sont pas considérés comme des RSV (1).



La réaction aiguë au stress, la réaction vasovagale et les RSND chez les individus ou les «grappes» d'individus peuvent se produire indépendamment de la vaccination. Ils ont également été signalés après la vaccination. L'OMS emploie un processus de causalité détaillé pour déterminer l'existence d'un lien entre les symptômes et la vaccination (6); davantage de détails sont disponibles dans le guide d'orientation de l'OMS sur les RSV (1). Les RSV ne sont causées ni par les vaccins, ni par des problèmes reliés à la qualité des vaccins, ni par des erreurs dans les programmes ou les processus de vaccination.

Chaque personne qui vient se faire vacciner se présente avec ses antécédents, ses forces et ses vulnérabilités psychologiques et ses perceptions de l'intervention et du contexte social. Le fait d'éprouver une RSV n'est pas sa faute (1). La **figure 1** illustre les RSV dans les contextes individuels et de groupe (1).

Faciliter la prévention des RSV et une intervention appropriée

Prévention

La prévention repose sur le ciblage des facteurs de risque prédisposants. Les cliniciens devraient être formés sur les RSV, leur prévention, leur dépistage et leur prise en charge (1). De brefs rappels et des documents éducatifs présentés dans les cliniques de vaccination pourraient être utiles, par exemple une affiche décrivant la différence entre l'anaphylaxie et les RSV. Comme les médias sociaux peuvent jouer un rôle particulièrement négatif dans les contextes de vaccination de masse, y compris les programmes de vaccination scolaire, la communication est importante avant, pendant et après la vaccination pour réduire le risque de RSV (23). La planification des vaccinations de masse devrait tenir compte des taux actuels de RSV et des facteurs de vulnérabilité, c'est-à-dire de l'âge et du sexe des receveurs parce que les adolescents et les filles courent un plus grand risque de subir une réaction vasovagale (24). Par conséquent, la planification pour les cliniques de vaccination devrait inclure la familiarisation des professionnels de la santé avec la façon de détecter, de prévenir et de gérer les réactions vasovagales (1). Des séances d'éducation ciblées enseignant des stratégies d'adaptation peuvent également être utiles (25,26).

Dans chaque clinique, les stratégies environnementales peuvent réduire les facteurs de risque pour les RSV. L'environnement vaccinal devrait être à une température confortable (plutôt qu'à une température trop élevée) et les personnes plus susceptibles aux RSV devraient être vaccinées en privé (1). La circulation des personnes à travers la clinique devrait être organisée afin que la zone d'attente ne contienne que quelques personnes en même temps (c.-à-d. elle ne devrait pas être bondée) et que personne ne soit forcé d'attendre longtemps. Il est utile de laisser de l'espace pour s'asseoir plutôt que de devoir rester longtemps debout. Pour établir la confiance, l'équipe de soins de santé

devrait être calme, confiante et amicale, et être capable de bien communiquer avec les personnes à vacciner et leurs proches aidants; ils devront aussi s'occuper de tout aidant qui est nerveux et qui exacerbe la peur chez la personne à vacciner (1).

Dépistage

Les personnes à risque élevé de RSV devraient être identifiées en dépistant les niveaux élevés de peur aux aiguilles et les expériences négatives antérieures avec des aiguilles, y compris l'évanouissement (1). Pour les campagnes de vaccination à l'école, les enseignants, les infirmières scolaires ou d'autres membres du personnel peuvent signaler à l'avance les élèves à risque élevé pour les RSV, ou les individus peuvent s'identifier eux-mêmes. Les préadolescents (entre 10 et 12 ans) et les adolescents semblent être plus susceptibles d'être atteints du RSV que les autres groupes d'âge. Les personnes qui ont des antécédents de réactions vasovagales, y compris une syncope et/ou un haut niveau de peur des aiguilles, peuvent être particulièrement à risque. Les personnes souffrant de troubles anxieux préexistants et/ou de troubles du développement (y compris les troubles du spectre autistique) peuvent également avoir besoin de davantage de temps et de soins (1).

On devrait demander à chaque personne à vacciner si elle s'est déjà évanouie (c.-à-d. qu'elle a perdu conscience) et/ou si elle a eu des symptômes prodromiques (e.g. étourdissements, nausées, mains moites ou taches dans le champ visuel) avant, pendant ou après une intervention impliquant une aiguille (1). Les personnes qui ont des antécédents de réactions vasovagales devraient être vaccinées dans une position assise ou couchée et ne s'asseoir (si elles sont couchées) ou se lever (si elles sont assises) que s'il n'y a aucun signe de réaction vasovagale. Idéalement, l'individu devrait rester assis pendant 15 à 30 minutes après la procédure, et le professionnel de la santé devrait le surveiller pour déceler les signes d'une possible réaction vasovagale (1). De plus, la technique de tension musculaire peut être enseignée à la personne à vacciner et utilisée par celle-ci (voir Interventions ciblées pour les RSV).

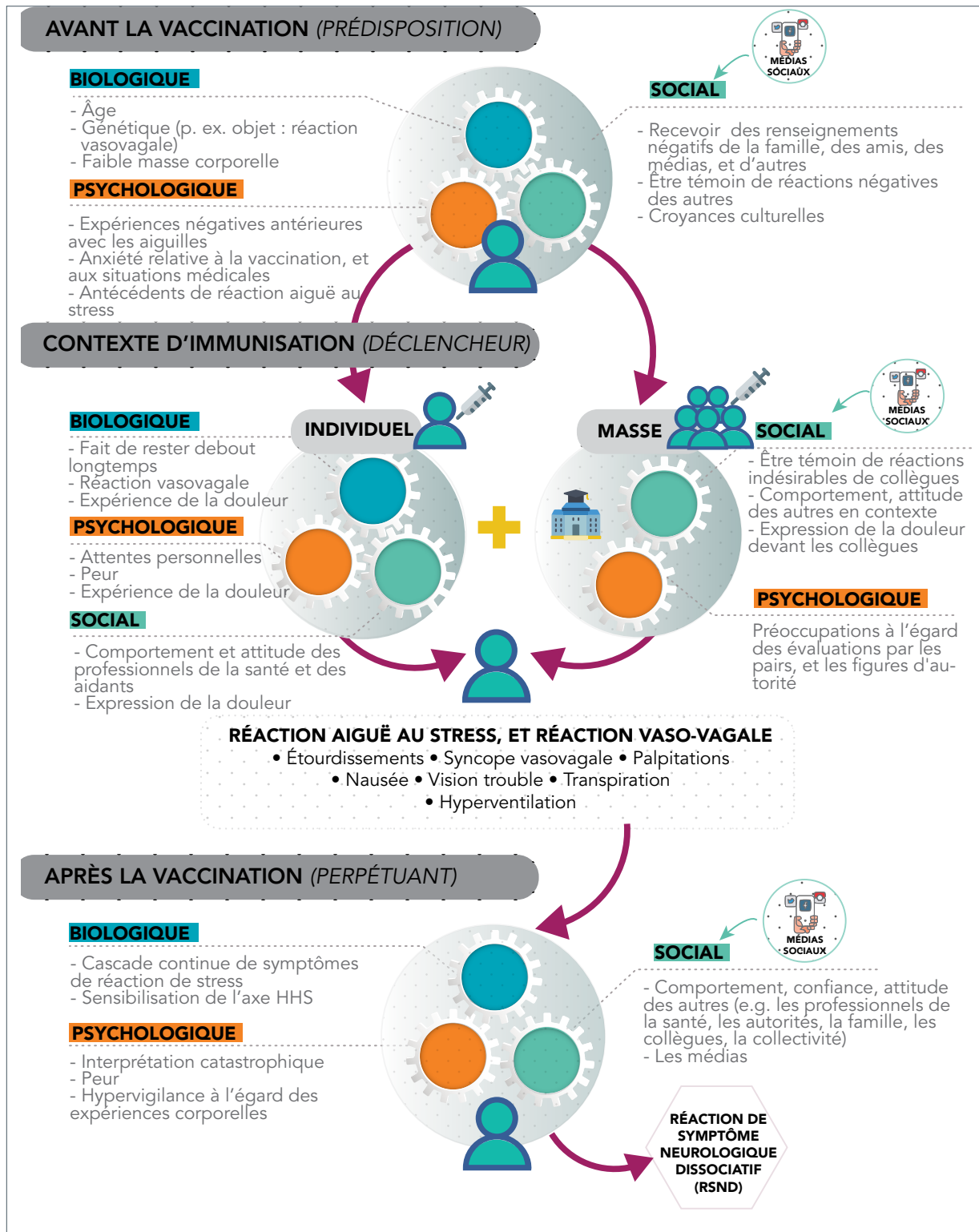
Bien qu'il n'existe actuellement aucune norme d'excellence pour le dépistage des niveaux élevés de peur, il est recommandé que les professionnels de la santé posent aux personnes à vacciner les questions indiquées au **tableau 1** (27). On peut poser des questions semblables aux proches aidants au sujet de leurs jeunes enfants.

Interventions universelles

On devrait présenter à toutes les personnes à vacciner des moyens adaptés à leur âge pour gérer la douleur et la peur faible à modérée (1,27). Consultez le **tableau 2** pour les stratégies physiques, psychologiques, procédurales et pharmacologiques recommandées pour différents groupes d'âge. Un aidant naturel solidaire pourrait également être présent pour aider à mettre en œuvre les stratégies d'adaptation. Pour plus de détails,



Figure 1 : Les RSV dans les contextes individuels et de groupe



Abréviations : HHS, hypothalamo-hypophyso-surrénalien; RSV, réactions au stress de la vaccination

Remarques :

Il y a trois grands points dans le temps : avant la vaccination (facteurs historiques prédisposants), dans le contexte de la vaccination (facteurs déclenchants, réaction initiale) et après la vaccination (réaction tardive influencée par les facteurs perpétuants)

Facteurs de risque : les formes remplies d'un pointillé donnent des exemples de facteurs de risque potentiels de RSV; les roues dentées montrent les interactions dynamiques entre ces facteurs de risque

Évolution : la personne à vacciner est présentée à différents moments, avec des exemples de facteurs de risque menant à une cascade de symptômes (réaction initiale, réaction continue) conformes aux RSV. Cependant, tout le monde ne passe pas systématiquement d'un stade à l'autre. Par exemple, rien n'indique qu'une réaction de symptôme neurologique dissociatif suit obligatoirement une réaction aiguë au stress

Le potentiel des médias sociaux à répandre des informations négatives est souligné

Source : Immunization stress-related response: a manual for program managers and health professionals to prevent, identify and respond to stress-related responses following immunization (en anglais seulement) (1)



voir *Reducing pain during vaccine injections: clinical practice guideline* (en anglais seulement) (27).

Tableau 1 : Questions à poser pour dépister les niveaux élevés de peur des aiguilles

Groupe d'âge, années	Question
5 à 8 ans	1) À quel point as-tu peur des aiguilles? Pas du tout; un peu; moyennement; beaucoup; énormément/autant qu'il est possible? 2) Essaies-tu fort d'éviter de te faire piquer parce que tu as si peur?
Plus de 8 ans	1) À quel point as-tu peur des aiguilles? Pas peur; un peu; moyennement; beaucoup; ou autant qu'il est possible? 2) Penses-tu que ce niveau est plus élevé que ce qu'il devrait être (ou plus élevé que celui de la plupart de tes amis)? 3) Évites-tu de te faire piquer parce que tu as peur?

Interventions ciblées pour les RSV

Si une personne présente un haut risque de RSV, des mesures supplémentaires doivent être mises en place, par exemple éviter de la faire attendre dans la zone d'attente générale, la vacciner au début de la clinique et la vacciner en privé (1). Ces stratégies sont conçues pour réduire la contagion de la peur et d'autres émotions négatives ainsi qu'à contenir les effets négatifs d'une RSV, si cela se produit. Ces personnes peuvent bénéficier de la présence d'un proche aidant ou d'un ami calme et solidaire; comme nous l'avons mentionné plus haut, un proche aidant ou un ami craintif peut aggraver la situation et ce problème doit être réglé sur-le-champ (1).

Si le niveau de peur d'une personne est élevé, mais qu'elle n'évite pas la vaccination, deux approches pourraient être utilisées : premièrement, déterminer ce qui peut être fait dans la clinique de vaccination pour créer une expérience positive pour la personne, par exemple, prendre plus de temps, apporter d'autres modifications environnementales, etc.; et deuxièmement, déterminer si le traitement de la peur des aiguilles par un professionnel de la santé mentale en dehors du contexte de la vaccination est nécessaire avant les futures vaccinations (1,28). Si des niveaux élevés de peur et d'évitement des aiguilles sont présents, songez à retarder la piqûre pour pouvoir vous attaquer à ces facteurs. Pour la peur extrême, des stratégies pharmacologiques (e.g. anxiolytique, sédations (1)) pourraient aussi être envisagées si l'expertise est disponible.

Si l'individu présente un risque de réaction vasovagale, il peut être utile de le vacciner en position inclinée ou couchée pendant qu'il utilise la technique de tension musculaire (1). La tension musculaire maintient la tension artérielle d'un individu à un niveau élevé et empêche la chute précipitée qui peut mener à une syncope. Cette technique a été recommandée pour les personnes âgées de sept ans et plus (les adolescents sont plus susceptibles à la syncope vasovagale) (27,28). Tout

d'abord, l'individu tend ses principaux groupes musculaires (e.g. abdomen, jambes, bras controlatéral jusqu'à l'endroit où l'injection sera administrée) pendant 15 à 30 secondes jusqu'à ce qu'il se sente rougir ou ressent de la chaleur dans son visage. Ensuite, il relâche la tension pendant 15 à 30 secondes, mais il ne se détend pas complètement. Il répète ces étapes en cycles avant, pendant et après la procédure jusqu'à ce qu'il n'ait plus de symptômes prodromiques.

Il est essentiel de différencier l'anaphylaxie d'une RSND (1). (Le manuel d'orientation sur les RSV de l'OMS contient un tableau qui peut aider les professionnels de la santé à distinguer l'anaphylaxie des RSV (29)). Si un individu perd conscience après une vaccination, cela peut être le résultat d'une syncope vasovagale ou d'une anaphylaxie. L'anaphylaxie est potentiellement mortelle et nécessite des médicaments (30). Pendant que la personne vaccinée est en position de rétablissement (couchée, de côté), un professionnel de la santé devrait surveiller le pouls, la respiration, la pression artérielle et la circulation périphérique de la personne vaccinée (1), vérifier sa peau pour repérer des éruptions cutanées ou des gonflements et écouter ses poumons pour détecter une respiration sifflante ou un stridor.

Si un RSV a été identifié, il est important de signaler que la réaction n'est pas causée par un produit vaccinal ou une erreur de procédure; que la réaction est un événement connu que le personnel peut résoudre en suivant des directives spécifiques; et que la réaction peut disparaître spontanément sans médicaments ni hospitalisation.

Une RSND qui survient après une vaccination n'implique pas une relation causale avec la vaccination ni le processus de vaccination. Une évaluation spécifique est utilisée pour déterminer la causalité (6); le manuel d'orientation sur les RSV de l'OMS fournit une liste qui peut aider à diagnostiquer une RSND. Les exemples comprennent des symptômes qui sont incompatibles avec les troubles connus et une présentation incohérente des symptômes (e.g. ceux-ci disparaissent de façon inexplicable ou n'ont pas une réponse typique aux interventions (31). Les crises non épileptiques sont un exemple de RSND; ces crises ressemblent à des crises épileptiques, mais elles n'ont pas de décharges neurales de la même manière que les crises épileptiques (les crises épileptiques sont différenciées des crises non épileptiques dans le manuel d'orientation sur les RSV (32) de l'OMS). Les crises non épileptiques sont généralement un diagnostic d'exclusion (33). Bien qu'un électroencéphalogramme représente la norme d'excellence pour l'évaluation des crises, il n'est peut-être pas faisable d'en effectuer un.

Une RSND peut disparaître spontanément ou nécessiter l'intervention d'une équipe multidisciplinaire incluant un professionnel de la santé mentale. Le cadre biopsychosocial utilisé pour comprendre les RSV devrait également guider le traitement (1). Une expertise médicale et psychologique est nécessaire pour une évaluation et une gestion plus poussée afin



Tableau 2 : Stratégies de gestion de la douleur et de la peur liées aux vaccins dans différents groupes d'âge

Type de stratégie	Nouveau-né	Nourrison (1 à 35 mois)	Préscolaire (3 à 5 ans)	Âgé scolaire (6 à 12 ans)	Adolescent (13 à 18 ans)	Adulte (19 ans et plus)
Procédurale						
Injecter dans la partie antérolatérale de la cuisse	✓	✓ (1 à 11 months)	–	–	–	–
Injection du vaccin sans aspiration	✓	✓	✓	✓	✓	✓
Donner le vaccin le plus douloureux en dernier	✓	✓ (ou injection simultanée pour 0 à 1 ans)	✓	✓	✓	✓
Physique						
Peau contre peau (méthode mère kangourou) avant, pendant, après	✓	–	–	–	–	–
Bercé dans les bras du parent	✓	✓	–	–	–	–
Allaitement avant, pendant, après OU solutions sucrées avant et/ou succion non nutritive avant, pendant, après	✓	✓	–	–	–	–
Assis droit ^a	–	–	✓	✓	✓	✓
Appareil de vibration externe avec froid	–	–	✓	✓	✓	–
Communication^b et psychologique						
Voix calme, langage simple	✓	✓	✓	✓	✓	✓
Ne dites pas que ça ne fera pas mal	✓	✓	✓	✓	✓	✓
Utiliser des mots neutres pour signaler la procédure (e.g. « 1, 2, 3, on y va »)	✓	✓	✓	✓	✓	✓
Évitez les apaisements excessifs répétés (e.g. « Tout va bien, tout va bien, tout va bien ») avant, pendant, après	✓	✓	✓	✓	✓	✓
Parler de choses autres que la procédure (distraction verbale) avant, pendant, après	✓	✓	✓	✓	✓	✓
Distraction (adaptée à l'âge)	–	✓ (e.g. jouet, vidéo avec un accompagnement adulte pour porter attention au distracteur)	✓ (e.g. faire des bulles, jouets, vidéo, chanter)	✓ (e.g. jeu vidéo, vidéo, faire des bulles, jouets, musique)	–	–
Stratégie de respiration	–	–	✓ (respirer avec un jouet)	✓ (respirer avec un jouet)	–	✓ (toussez, retenir son souffle)
Pharmacologique						
Anesthésique topique appliqué avant (vérifier les instructions du produit pour le temps) ^c	–	✓	✓	✓	✓	✓
Pulvérisateur de froid appliqué juste avant	–	–	–	–	–	✓

Abréviations : ✓, stratégie recommandée pour un groupe d'âge particulier; – la stratégie n'est pas recommandée pour un groupe d'âge particulier

^a Les personnes qui ont des antécédents de réactions vasovagales devraient être vaccinées dans une position assise ou couchée et ne s'asseoir (si elles sont couchées) ou se lever (si elles sont assises) seulement s'il n'y a aucun signe de réaction vasovagale

^b Les stratégies de communication pour les nouveau-nés et les jeunes nourrissons visent principalement le proche aidant

^c L'anesthésique topique devrait être utilisé lorsque cela est possible; pour les adolescents et les adultes, l'anesthésique topique peut être utilisé si des ressources sont disponibles et si la personne est à risque élevé d'une réaction au stress de la vaccination (RSV)



de réduire l'incapacité fonctionnelle. Le traitement est spécifique aux symptômes présentés, mais peut inclure la physiothérapie, la thérapie cognitivocomportementale ou des stratégies pharmacologiques (34,35). À court terme, les professionnels de la santé de la clinique de vaccination devraient essayer de mettre à l'aise la personne touchée et les autres personnes présentes. Ils doivent noter que l'anxiété et la peur de la vaccination sont normales et peuvent donner lieu à une réaction corporelle qui peut sembler extrême, mais peut disparaître spontanément sans laisser de blessure (1). L'individu affecté devrait être gardé dans un espace séparé, calme et tranquille, où seules des personnes clés sont présentes. Les professionnels de la santé peuvent répondre aux questions soulevées par la personne concernée ou par son ou ses proches aidants. Si la personne à vacciner et le(s) professionnel(s) de la santé sont relativement calmes, il est possible de les distraire en parlant de quelque chose d'autre ou en écoutant de la musique pour les calmer davantage. L'objectif est d'encourager le retour aux activités normales (1).

Des symptômes semblables ou identiques apparaissant chez plus d'une personne sans cause physiologique ont attiré l'attention et la curiosité depuis des centaines d'années; on pense que la «propagation» est due à des croyances communes et à la contagion de l'anxiété et de la peur (36–39). Ces «grappes» ont été appelées «maladies psychogènes de masse» ou «hystérie collective» et ont été signalées à l'intérieur et à l'extérieur du contexte de la vaccination (21,40). Ces termes peuvent être provocateurs et dégradants pour les personnes touchées (1).

Tenter de mener à bien une campagne de vaccination de masse dans un court laps de temps est un facteur de risque pour le développement de RSV (1). Le cadre biopsychosocial est utilisé pour comprendre les grappes, en accordant une attention particulière à la compréhension et à la gestion des facteurs sociaux. Des grappes connues dans le contexte de la vaccination sont survenues chez les adolescents et les adultes, mais pas chez les nourrissons et les jeunes enfants (1). L'anaphylaxie est rare et il risque très peu de se produire au sein des grappes (1). Si une grappe de RSV se produit, les personnes touchées devraient être séparées des autres et les unes des autres pour permettre un confinement approprié et une gestion appropriée (1). Les stratégies générales décrites ci-dessus (c.-à-d. formation du personnel, communication, modifications de l'environnement, dépistage des personnes à risque pour les RSV et stratégies ciblées comme la confidentialité) sont également essentielles dans le contexte de la vaccination de masse. Les dirigeants communautaires et les professionnels de la santé qui sont connus par les personnes à vacciner peuvent les aider à rester calmes et à se sentir à l'aise. Du matériel éducatif comme des affiches expliquant la différence entre l'anaphylaxie et les RSV ainsi qu'entre les crises épileptiques et les crises non épileptiques pourrait être conçu et affiché dans la clinique (1).

Conclusion

En résumé, les RSV sont la façon redéfinie d'envisager, d'identifier et de gérer ce qu'on appelait auparavant les MAPI découlant de «l'anxiété» liée à la vaccination. Les RSV peuvent survenir avant, pendant ou après la vaccination et ne sont pas attribuables au produit vaccinal lui-même ou à une erreur dans le processus. Les stratégies de prévention comprennent la communication proactive, la gestion de l'utilisation des médias sociaux et des stratégies environnementales en clinique. Le dépistage peut identifier les personnes qui présentent un risque accru de RSV, y compris celles qui ont des niveaux élevés de peur des aiguilles ou qui ont déjà eu une réaction vasovagale. Les stratégies de gestion de la douleur adaptées à l'âge devraient être la norme pour toutes les personnes à vacciner. Les interventions ciblées pour les personnes qui subissent une RSV comprennent notamment la tension musculaire pour les réactions vasovagales, la réduction de la peur des personnes à vacciner, l'augmentation du confort et la prévention de la contagion de la peur et de la désinformation.

La compréhension de la nature des RSV et de leur occurrence offre l'occasion de les prévenir et de les gérer de façon appropriée, d'empêcher les réactions négatives futures à l'égard de la vaccination et des soins de santé en général et de contribuer à maintenir la confiance envers les vaccins. Les RSV devraient être signalés dans le cadre de la surveillance des MAPI.

Pour de plus amples renseignements, veuillez consulter le manuel d'orientation sur les RSV de l'OMS (1) et le site Web de CANVax pour des mises à jour.

Déclaration de l'auteure

C. M. M. — Conceptualisation, rédaction - première ébauche, révision, édition. Ce manuscrit est basé sur *Immunization stress-related response: a manual for program managers and health professionals to prevent, identify and respond to stress-related responses following immunization* (en anglais seulement). Le contenu du manuel d'orientation de l'Organisation mondiale de la Santé (OMS) sur les réactions au stress de la vaccination/ réaction au stress de la vaccination (RSV) a été élaboré par M. Gold, N. E. MacDonald, C. M. McMurtry, R. Pless et U. Heininger, sous la coordination et la supervision de M. R. Balakrishnan et P. Zuber et avec l'appui de L. Menning et O. Benes de l'OMS.

Conflit d'intérêts

C. M. M. était membre du groupe de travail d'experts sur les réactions au stress de la vaccination (RSV). Il n'y a pas d'autres conflits d'intérêts.



Remerciements

L'auteure remercie les autres membres du groupe de travail sur les réactions au stress de la vaccination (RSV) (M. R. Balakrishnan, O. Benes, M. Gold, U. Heininger, N. E. MacDonald, L. Menning, R. Pless et P. Zuber) pour les efforts qu'ils ont déployés. Elle remercie également à N. E. MacDonald pour avoir examiné une version antérieure de ce manuscrit et fourni des commentaires. Elle remercie à K. Constantin pour avoir examiné la version française.

Financement

Aucun financement externe n'a été reçu.

Références

- World Health Organization. Immunization stress-related response: a manual for program managers and health professionals to prevent, identify and respond to stress-related responses following immunization. Geneva (CH): World Health Organization; 2019.
- World Health Organization. Immunization stress-related responses: a synopsis of the manual for program managers and health professionals to prevent, identify and respond to stress-related responses following immunization. Geneva (CH): World Health Organization; 2019.
- Gold MS, MacDonald NE, McMurtry CM, Balakrishnan MR, Heininger U, Menning L, Benes O, Pless R, Zuber PL. Immunization stress-related response - Redefining immunization anxiety-related reaction as an adverse event following immunization. *Vaccine* 2020 Mar;38(14):3015–20. DOI PubMed
- CANVax. Centre canadien de ressources et d'échange sur les données probantes en vaccination. Ottawa (ON) (mise à jour 2019; accédé 2020-03-17). <https://www.canvax.ca/fr>
- MacDonald NE, Dubé E. Nouvelle ressource permettant de résumer les données sur la vaccination provenant du Centre canadien de ressources et d'échange sur les données probantes en vaccination (CANVax). *Relevé des maladies transmissibles au Canada* 2020;46(1):17–21. DOI
- World Health Organization. Causality assessment of an adverse event following immunization (AEFI): User manual for the revised WHO classification. Geneva (CH): World Health Organization; 2018.
- McMurtry CM, Pillai Riddell R, Taddio A, Racine N, Asmundson GJ, Noel M, Chambers CT, Shah V; HELPinKids&Adults Team. HELPinKids&Adults Team. Far from "just a poke": common painful needle procedures and the development of needle fear. *Clin J Pain* 2015;31(10 Suppl):S3–11. DOI PubMed
- Taddio A, Ipp M, Thivakaran S, Jamal A, Parikh C, Smart S, Sovran J, Stephens D, Katz J. Survey of the prevalence of immunization non-compliance due to needle fears in children and adults. *Vaccine* 2012;30(32):4807–12. DOI PubMed
- Kleinknecht RA. Acquisition of blood, injury, and needle fears and phobias. *Behav Res Ther* 1994;32(8):817–23. DOI PubMed
- Öst LG. Blood and injection phobia: background and cognitive, physiological, and behavioral variables. *J orm Psychol* 1992;101(1):68–74. DOI PubMed
- Öst LG. Acquisition of blood and injection phobia and anxiety response patterns in clinical patients. *Behav Res Ther* 1991;29(4):323–32. DOI PubMed
- Page AC. Blood-injury phobia. *Clin Psychol Rev* 1994;14(5):443–61. DOI
- Noel M, Chambers CT, Petter M, McGrath PJ, Klein RM, Stewart SH. Pain is not over when the needle ends: a review and preliminary model of acute pain memory development in childhood. *Pain Manag* 2012;2(5):487–97. DOI PubMed
- Gullone E. The development of normal fear: a century of research. *Clin Psychol Rev* 2000;20(4):429–51. DOI PubMed
- Hamilton JG. Needle phobia: a neglected diagnosis. *J Fam Pract* 1995;41(2):169–75. PubMed
- McEwen BS. Physiology and neurobiology of stress and adaptation: central role of the brain. *Physiol Rev* 2007;87(3):873–904. DOI PubMed
- Selye H. Forty years of stress research: principal remaining problems and misconceptions. *Can Med Assoc J* 1976;115(1):53–6. PubMed
- van Lieshout JJ, Wieling W, Karemaker JM, Eckberg DL. The vasovagal response. *Clin Sci (Lond)* 1991;81(5):575–86. DOI PubMed
- World Health Organization. ICD-11 for Mortality and Morbidity Statistics (ICD-11 MMS): 2018 version. Geneva (CH): World Health Organization; 2018 (mise à jour 2019-04; accédé 2020-03-17). <https://icd.who.int/browse11/l-m/en>
- American Psychiatric Association. Diagnostic and statistical manual of mental disorders, fifth edition. Washington (DC): American Psychiatric Publishing; 2013. DOI
- Loharikar A, Suragh TA, MacDonald NE, Balakrishnan MR, Benes O, Lamprianou S, Hyde TB, McNeil MM. Anxiety-related adverse events following immunization (AEFI): A systematic review of published clusters of illness. *Vaccine* 2018;36(2):299–305. DOI PubMed
- Bodde NM, Brooks JL, Baker GA, Boon PA, Hendriksen JG, Mulder OG, Aldenkamp AP. Psychogenic non-epileptic seizures--definition, etiology, treatment and prognostic issues: a critical review. *Seizure* 2009;18(8):543–53. DOI PubMed



23. Suragh TA, Lamprianou S, MacDonald NE, Loharikar AR, Balakrishnan MR, Benes O, Hyde TB, McNeil MM. Cluster anxiety-related adverse events following immunization (AEFI): an assessment of reports detected in social media and those identified using an online search engine. *Vaccine* 2018;36(40):5949–54. DOI PubMed
24. Braun MM, Patriarca PA, Ellenberg SS. Syncope after immunization. *Arch Pediatr Adolesc Med* 1997;151(3):255–9. DOI PubMed
25. Freedman T, Taddio A, Alderman L, McDowall T, deVlaming-Kot C, McMurtry CM, MacDonald N, Alfieri-Maiolo A, Stephens D, Wong H, Boon H; Pain Pain Go Away Team. The CARD™ System for improving the vaccination experience at school: results of a small-scale implementation project on student symptoms. *Paediatr Child Health* 2019;24 Suppl 1:S42–53. DOI PubMed
26. Taddio A, Alderman L, Freedman T, McDowall T, McMurtry CM, MacDonald N, deVlaming-Kot C, Alfieri-Maiolo A; Pain Pain Go Away Team. The CARD™ System for improving the vaccination experience at school: results of a small-scale implementation project on program delivery. *Paediatr Child Health* 2019;24 Suppl 1:S54–67. DOI PubMed
27. Taddio A, McMurtry CM, Shah V, Riddell RP, Chambers CT, Noel M, MacDonald NE, Rogers J, Bucci LM, Mousmanis P, Lang E, Halperin SA, Bowles S, Halpert C, Ipp M, Asmundson GJ, Rieder MJ, Robson K, Uleryk E, Antony MM, Dubey V, Hanrahan A, Lockett D, Scott J, Bleeker EV, Team HA; HELPinKids&Adults. Reducing pain during vaccine injections: clinical practice guideline. *CMAJ* 2015;187(13):975–82. DOI PubMed
28. McMurtry CM, Taddio A, Noel M, Antony MM, Chambers CT, Asmundson GJ, Pillai Riddell R, Shah V, MacDonald NE, Rogers J, Bucci LM, Mousmanis P, Lang E, Halperin S, Bowles S, Halpert C, Ipp M, Rieder MJ, Robson K, Uleryk E, Votta Bleeker E, Dubey V, Hanrahan A, Lockett D, Scott J. Exposure-based Interventions for the management of individuals with high levels of needle fear across the lifespan: a clinical practice guideline and call for further research. *Cogn Behav Ther* 2016;45(3):217–35. DOI PubMed
29. World Health Organization. Immunization stress-related response: a manual for program managers and health professionals to prevent, identify and respond to stress-related responses following immunization. Geneva (CH): World Health Organization; 2019. Table 4.1, Differences between anaphylaxis, general acute stress response and vasovagal reaction with syncope. <https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/330277/9789241515948-eng.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
30. Rüggeberg JU, Gold MS, Bayas JM, Blum MD, Bonhoeffer J, Friedlander S, de Souza Brito G, Heininger U, Imoukhuede B, Khamesipour A, Erlewyn-Lajeunesse M, Martin S, Mäkelä M, Nell P, Pool V, Simpson N; Brighton Collaboration Anaphylaxis Working Group. Anaphylaxis: case definition and guidelines for data collection, analysis, and presentation of immunization safety data. *Vaccine* 2007;25(31):5675–84. DOI PubMed
31. World Health Organization. Immunization stress-related response: a manual for program managers and health professionals to prevent, identify and respond to stress-related responses following immunization. Geneva (CH): World Health Organization; 2019. Table 4.2, Clues to diagnosis of a DNSR. <https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/330277/9789241515948-eng.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
32. World Health Organization. Immunization stress-related response: a manual for program managers and health professionals to prevent, identify and respond to stress-related responses following immunization. Geneva (CH): World Health Organization; 2019. Table 4.3, Differentiating a non-epileptic seizure (subgroup of DNSR) from epilepsy. <https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/330277/9789241515948-eng.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
33. Stone J, LaFrance WC Jr, Brown R, Spiegel D, Levenson JL, Sharpe M. Conversion disorder: current problems and potential solutions for DSM-5. *J Psychosom Res* 2011;71(6):369–76. DOI PubMed
34. Nielsen G, Stone J, Matthews A, Brown M, Sparkes C, Farmer R, Masterton L, Duncan L, Winters A, Daniell L, Lumsden C, Carson A, David AS, Edwards M. Physiotherapy for functional motor disorders: a consensus recommendation. *J Neurol Neurosurg Psychiatry* 2015;86:1113–9. DOI PubMed
35. FitzGerald TL, Southby AK, Haines TP, Hough JP, Skinner EH. Is physiotherapy effective in the management of child and adolescent conversion disorder? A systematic review. *J Paediatr Child Health* 2015;51(2):159–67. DOI PubMed
36. Jones TF, Craig AS, Hoy D, Gunter EW, Ashley DL, Barr DB, Brock JW, Schaffner W. Mass psychogenic illness attributed to toxic exposure at a high school. *N Engl J Med* 2000;342(2):96–100. DOI PubMed
37. Bauch CT, Galvani AP. Epidemiology. Social factors in epidemiology. *Science* 2013;342(6154):47–9. DOI PubMed
38. Bartholomew RE. 'Mystery illness' in Western New York: is social networking spreading mass hysteria? *Skeptical Inquirer* 2012;36(4):26–9.
39. Boss LP. Epidemic hysteria: a review of the published literature. *Epidemiol Rev* 1997;19(2):233–43. DOI PubMed
40. Clements CJ. Mass psychogenic illness after vaccination. *Drug Saf* 2003;26(9):599–604. DOI PubMed

RMTC

RELEVÉ DES MALADIES TRANSMISSIBLES AU CANADA

Agence de la santé publique du Canada
130, chemin Colonnade
Indice de l'adresse 6503A
Ottawa (Ontario) K1A 0K9
phac.ccdr-rmtc.aspc@canada.ca

Promouvoir et protéger la santé des Canadiens au moyen du leadership, de partenariats, de l'innovation et de la prise de mesures dans le domaine de la santé publique.

Agence de la santé publique du Canada
Publication autorisée par la ministre de la Santé.

© Cette œuvre est mise à la disposition selon les termes de la licence internationale [Creative Commons Attribution 4.0](#)

On peut aussi consulter cette publication en ligne :
<https://www.canada.ca/rmtc>

Also available in English under the title:
Canada Communicable Disease Report