
GRACE PUI SZE KWONG, University of Guelph

Forme computationnellement efficace pour modèles spatiaux de maladies infectieuses

Les modèles au niveau de l'individu (MNI) pour maladies infectieuses, calculés dans un cadre bayésien de chaînes de Markov Monte-Carlo, sont une classe de modèles intuitive et flexible dont l'hétérogénéité de la population est tenue compte par divers covariables au niveau de l'individu. Les MNI ayant une distance géométrique à noyaux pour tenir compte de l'hétérogénéité géographique modélisent de façon naturelle la propagation spatiale de plusieurs maladies. Cependant, même dans le cas de populations à taille modérée, les calculs de la vraisemblance peuvent demander beaucoup de temps. Il est possible d'accélérer les calculs au moyen d'une technique qui utilise la distance linéarisée à noyaux. Nous examinons quelques méthodes utilisant cette approximation et comparons leurs performances.