
Modélisation spatiale des maladies infectieuses

Président: Karen Kopciuk (Alberta Health Services and University of Calgary)

DANIEL GILLIS, University of Guelph

Classification de sources de maladies à l'aide de modèles de mélanges spatiaux multivariés de Poisson

Des données sur les maladies entériques obtenues de l'Institut canadien d'information sur la santé apportent une motivation pour étendre la littérature sur les modèles de mélanges (MM) afin d'identifier les maladies selon la source d'infection. Les MM sont utilisés pour classer les données comme étant d'origine alimentaire ou hydrique. Nous présentons deux modèles spatiaux que nous comparons au modèle autorégressif conditionnel (ARC) spatial décrit par Besag et al. (1991). Les modèles tiennent compte de maladies spatialement indexées en appliquant des lois a priori autorégressives conditionnelles spatiales indépendantes ou dépendantes au terme log linéaire de chaque composante du mélange. Tous les modèles sont comparés au moyen de simulations, avec application à des données d'Alberta sur les maladies gastro-intestinales (1992-1998).

YE LI, University of Toronto

Modèles géostatistiques pour données d'incidence de maladies spatialement agrégées

Les données cliniques sur les emplacements de cas de syphilis en Caroline du Nord sont modélisées dans le but d'y trouver des régions à risque anormalement élevé. L'inférence est compliquée par l'incertitude des emplacements de cas causée par l'agrégation des données aux régions de recensement. Un modèle de surface spatiale aléatoire continue avec des réponses agrégées et des effets de covariables fixes est présenté. Le processus est modélisé sur un treillis fin et l'inférence bayésienne est effectuée en utilisant une chaîne de Markov Monte-Carlo avec augmentation de données. Des études par simulation sont utilisées pour comparer avec le modèle de Besag-York-Mollié et un modèle qui suppose que l'exactitude des emplacements soit connu.

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.

JOURDAN GOLD, University of Guelph

Effets de l'incertitude sur les données temporelles dans la modélisation de maladies infectieuses

En raison de la complexité des systèmes de maladies infectieuses, des hypothèses simplificatrices sont souvent utilisées dans les processus de modélisation. Bien que pratiques d'un point de vue calculatoire, ces hypothèses peuvent mener à un modèle mal ajusté. Il est possible de tenir compte de l'incertitude des données de façon explicite, mais en risquant de causer des problèmes calculatoires. Nous avons effectué une étude de simulation pour évaluer les effets lorsque l'incertitude sur les données temporelles est ignorée. Les résultats présentés quantifient le compromis entre la qualité de l'inférence du modèle et le temps de calcul à l'aide d'une famille de modèles de maladies infectieuses hétérogènes à temps discret connue sous le nom de modèles au niveau de l'individu. Les approches de modélisation proposées varient, allant des hypothèses « à données fixes » à celles d'une « approche d'augmentation de données ».

LORNA DEETH, University of Guelph

Mélanges de modèles au niveau de l'individu pour la modélisation de maladies infectieuses

Les modèles au niveau de l'individu (MNI) sont une classe de modèles utilisés pour décrire la propagation spatio-temporelle de maladies infectieuses. Cependant, les MNI actuels ne tiennent pas compte d'une hétérogénéité (cachée) dans la population et supposent une population homogène. Nous proposons un mélange de MNI (MMNI) qui constitue l'ajustement d'un MNI spatial simple et qui permet une hétérogénéité de la population par rapport à certains paramètres du modèle. Nous avons procédé à une étude de simulation dans laquelle le MNI simple et le MMNI ont été ajustés pour simuler des données épidémiques, et nous avons étudié les capacités prédictives a posteriori respectives.

ROB DEARDON, University of Guelph

Approche prédictive a posteriori pour l'adéquation de modèles de maladies infectieuses

Dans les modèles non linéaires complexes tels que les modèles de maladies infectieuses spatio-temporels, il n'est pas toujours évident de déterminer l'adéquation. De tels modèles sont souvent ajustés dans un cadre statistique bayésien, puisqu'un tel contexte est idéal pour tenir compte des diverses formes d'incertitude dans les données. Dans un contexte bayésien, la distribution prédictive a posteriori constitue un outil remarquable pour évaluer l'adéquation. Ici, nous examinons diverses variables de test et déterminons, dans quelle mesure elles permettent de détecter les erreurs de spécification du modèle à l'aide d'une étude de simulation.