

---

# Modélisation de la propagation des maladies infectieuses

Président: Patrick Brown (Cancer Care Ontario)

---

---

**LIN ZHANG**, University of Guelph

*Comparaison de modèles bayésiens d'épidémies de maladies infectieuses au moyen d'une pondération probabiliste*

La comparaison et l'évaluation de modèles sont des composantes clés de la modélisation statistique. Nous considérons ces composantes pour les modèles de maladies infectieuses. Notre approche consiste à développer des règles de pondération basées sur des probabilités appropriées afin d'évaluer la calibration et la précision des prévisions probabilistes pour des modèles épidémiques spatio-temporels. Les règles de pondération attribuent une valeur numérique au modèle en fonction de la distribution prédictive et des événements infectieux et non infectieux observés. Nous montrons comment utiliser ces méthodes et nous comparons la performance de différentes méthodes de pondération probabiliste.

---

**LILIA LETICIA RAMIREZ RAMIREZ**, Instituto Tecnológico Autónomo de México (ITAM)

*Simulation de la propagation d'une maladie infectieuse comme outil pour évaluer les mesures de lutte en cas de flambée épidémique*

SIMID (SIMulation of Infectious Diseases) est un programme développé avec la région de Peel (Ontario) et Infonaut Inc. pour imaginer des scénarios de flambée de maladies directement transmissibles. Il vise à aider les agents de santé et les décideurs à évaluer diverses mesures de lutte telles la vaccination prophylactique, la fermeture des écoles et l'isolement. Il a été mis en œuvre dans la région de Peel en utilisant ses caractéristiques sociales et démographiques pour modéliser un réseau de contact individuel, notamment dans les écoles. Nous en discutons les bases théoriques, les algorithmes, les caractéristiques principales et les éventuelles extensions.

---

**NADIA BIFOLCHI**, University of Guelph

*Approximations spatiales des modèles de maladie infectieuse individualisés en réseau*

Les modèles de propagation des maladies infectieuses approximent souvent les réseaux complexes de propagation par des informations spatiales simplifiées. Ici, nous simulons la propagation via divers réseaux de contact et ajustons des modèles spatiaux dans un cadre bayésien par des méthodes Monte Carlo par chaîne de Markov. Ces modèles spatiaux sont des modèles individualisés qui tiennent compte de la dynamique spatio-temporelle de la maladie infectieuse. Il s'agit de sélectionner le modèle qui prédit le mieux les probabilités d'infection véritables et de déterminer dans quelles conditions ces modèles échouent.

---

**LORNA DEETH**, University of Guelph

*Variations sur le critère d'information de déviance pour les modèles de maladies infectieuses*

Le critère d'information de déviance (CID) est un outil de comparaison adapté aux modèles complexes ajustés dans un cadre bayésien. Depuis son apparition, des variantes du CID ont été proposées pour l'application aux modèles de données manquantes. L'utilisation du DIC en tant que méthode de sélection de modèles est étudiée pour l'application aux modèles conditionnels à variable latente au niveau individuel (LC-ILM), une classe de modèles qui peuvent être utilisés pour la modélisation de maladies infectieuses et qui offrent des caractéristiques semblables aux modèles de mélange à cause de la présence de la variable de groupe latente. L'efficacité du CID traditionnel est comparée à celle de définitions alternatives afin d'identifier la définition la plus adaptée aux modèles LC-ILM.

---

**CHEN ZHANG**, Memorial University of Newfoundland

*Estimation et prévision d'un modèle dynamique à décalage de deux périodes pour les maladies infectieuses*

Nous discutons l'estimation et la prévision d'une généralisation du modèle dynamique longitudinal à décalage d'une période pour des données corrélées utilisées par Oyet & Sutradhar (2011) pour modéliser la propagation d'une maladie infectieuse. Le modèle à décalage d'une période permet aux individus infectés à la période  $t - 1$  de propager la maladie uniquement à la période  $t$ . Il est cependant évident qu'un individu infecté à la période  $t - 2$  qui est toujours porteur de la maladie à la période  $t$  peut infecter d'autres personnes. Le modèle présenté prévoit cette éventualité.

---

**RAJAT MALIK**, University of Guelph

*Modéliser la propagation de l'influenza dans les ménages de Hong Kong*

Les modèles de niveau individuel (ILM) peuvent être utilisés pour modéliser l'étendue de maladies infectieuses en temps discret. Une caractéristique clé des ILM est qu'ils peuvent prendre en compte l'information sur des covariables propres aux individus infectés ou susceptibles de l'être, ainsi que des covariables communes telles que la géographie ou des mesures de contact. Dans notre exposé, les ILM sont ajustés dans un contexte bayésien à l'aide de techniques de chaînes de Markov Monte Carlo pour étudier l'influenza dans les ménages de Hong Kong en 2009. L'objectif principal est d'estimer l'effet de la vaccination sur le risque d'infection et de choisir un modèle qui décrit le mieux possible la propagation de la maladie