Séminaire de modélisation Statistique 2022 - Statistiques et maladies infectieuses

Clara Champagne

Exercice 1 (8 points)

Les deux articles (un par binôme) proposés montrent l'importance de la modélisation des maladies infectieuses en santé publique, pour l'organisation de la réponse à plusieurs maladies importantes, le Zika, la dengue et le Covid-19.

On attend de l'analyse qu'elle discute de l'impact de l'article. Elle démontrera également la compréhension de l'article, et en particulier des méthodes statistiques employées, qui devront être expliquées, et éventuellement critiquées.

Exercice 2 (12 points)

Motivation

On dispose des données sur une épidémie de grippe dans un collège anglais en 1978. Parmi les 763 garçons du collège, 512 ont été infectés et mis au lit pendant leur convalescence, ce qui nous permet de suivre le nombre d'infectés au cours du temps.

```
time = c(3,4,5,6,7,8,9,10,11,12,13,14,15)
infected = c(31,82,216,299,269,242,190,125,81,52,25,22,7)
data=cbind(time, infected)
```

L'objectif de cet exercice est de retrouver les paramètres associés à cette épidémie, en particulier, le paramètre de transmission et du taux de guérison. On utilise pour cela un modèle de type SIR.

Le code suivant permet de simuler une épidémie selon le modèle SIR :

```
library(deSolve)

## Warning: package 'deSolve' was built under R version 4.0.5

library(truncnorm)

## Warning: package 'truncnorm' was built under R version 4.0.5

##SIR model

SIR<-function(t,x,parms){
    ##taille de chaque compartiment et de la population
    S = x[1]
    I = x[2]
    R = x[3]
    Z = x[4]
    N = x[1]+x[2]+x[3]

##valeurs des parametres</pre>
```

```
beta = parms["beta"]
  gamma = parms["gamma"]
  ##variations
  dS=-beta*S*I/N
  dI=beta*S*I/N-gamma*I
  dR=gamma*I
  dZ=beta*S*I/N
  res = c(dS,dI,dR,dZ)
  list(res)
}
simulate SIR=function(parameters){
  #parameters
  parms = c(parameters["beta"],parameters["gamma"])
  N=parameters["N"]
  #initial conditions
  init <- c(N-parameters["initI"],parameters["initI"],0,0)</pre>
  #simulation
  temps \leftarrow seq(0,15)
  solveSIR <- lsoda(y =init, times=temps, func = SIR,</pre>
                     parms = parms)
  solutionSIR=as.data.frame(solveSIR)
  names(solutionSIR)=c("time", "S", "I", "R", "Z")
  #merge with data
  sir_data=merge(data,solutionSIR)
  return(sir_data)
theta_init =c("beta"=1.7, "gamma"=0.44, "initI"=1, "N"=763)
simul=simulate_SIR(theta_init)
```

Question 1

A partir du code donné dans l'énoncé, tracer un graphique du nombre de garçons infectés au cours du temps, et comparer les vraies données avec celles simulées par le modèle. Comparer les simulations pour différents jeux de paramètres.

Question 2

On suppose que le nombre d'infectés observés chquue jour suit une loi de Poisson dont le paramètre est le nombre d'infectés simulé par le modèle. On choisira comme distributions a priori : Unif[0,10] pour le taux de transmission β , Unif[0,1] pour le taux de guérison γ .

- a) Ecrire la vraisemblance du modèle ainsi que la distribution a posteriori
- b) Avec le logiciel R, écrire une fonction qui, pour un jeu de paramètres donné, calcule la vraisemblance du modèle.
- c) Avec le logiciel R, écrire une fonction qui, pour un jeu de paramètres donné, calcule le posterior du modèle.

Question 3

Ecrire un algorithme de Metropolis-Hastings qui estime la distribution a posteriori du modèle. Appliquer l'algorithme aux données et commenter les résultats. Il n'est pas nécessaire dans le cadre de cet exercice que la chaîne ait convergé, en revanche, on attend des commentaires et des graphiques qui appuient les résultats (traces de la chaîne et histogrammes).

Question 4

Modifier le modèle de l'énoncé pour inclure une période d'incubation d'une durée de 2 jours (modèle SEIR). Faire un graphique qui compare des simulations des deux modèles et commenter.

Indications

Si vous avez des questions vous pouvez m'écrire à clara.champagne@swisstph.ch.

La référence du jeu de données est disponible à l'adresse suivante: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/artic les/PMC1603269/pdf/brmedj00115-0064.pdf