

Éditorial pour le numéro spécial "Modélisation et inférence pour les maladies infectieuses"

Title: Editorial for the special issue "Modelling and Inference for Infectious diseases"

Sylvie Huet¹, Estelle Kuhn¹, Catherine Larédo¹ et Elisabeta Vergu¹

La détection précoce d'épidémies, la propagation spatiale et temporelle de l'infection, le contrôle de l'infection sont parmi les principales questions à traiter dans le domaine des maladies infectieuses. Les données sont généralement recueillies grâce à la surveillance directe des cas ou suite à la mise en place d'une surveillance syndromique (données de santé disponibles avant la confirmation de l'infection). Le plus souvent les données sont partiellement observées (seule une partie des individus infectés sont observés, ...), temporellement ou spatialement agrégées (nombres de nouveaux cas par unité de temps par exemple), et hétérogènes (données génomiques du pathogène, indicateurs indirects, ...). Dans ce contexte, les modèles mathématiques couplés aux méthodes statistiques permettant d'intégrer différentes sources d'information, sont des outils particulièrement utiles pour comprendre et prédire la dynamique spatio-temporelle des maladies infectieuses et pour estimer des paramètres clés en l'absence de données complètement observées.

Les cinq articles de ce numéro spécial présentent des modèles stochastiques, des méthodes statistiques et des développements algorithmiques pour la description et l'analyse des mécanismes et des données liés aux maladies infectieuses. Les questions considérées et les méthodes développées sont pertinentes en épidémiologie humaine et animale, ainsi qu'en épidémiologie végétale.

Ce numéro spécial débute par une introduction de Britton et Giardina à l'inférence statistique pour les maladies infectieuses. Les auteurs y présentent des modèles stochastiques épidémiques pour la propagation des maladies infectieuses, en partant du modèle canonique SIR. La prise en compte d'hétérogénéités individuelles et des contacts hétérogènes est discutée. Les auteurs fournissent également un panorama des méthodes statistiques existantes pour l'estimation des paramètres des modèles à partir de différents types de données. Ils consacrent une section aux méthodes d'estimation utilisant des données partiellement observées. Finalement, ils explicitent comment les modèles statistiques peuvent être utilisés pour la détection précoce d'épidémies dans la surveillance et la prédiction des maladies infectieuses.

Guy *et al.* proposent de nouvelles méthodes d'inférence basées sur des processus de diffusion qui approximent les dynamiques épidémiques. Ces dernières sont représentées par des processus de diffusion multidimensionnels de petite variance, chaque coordonnée représentant l'évolution d'un état de santé de la dynamique épidémique. Les auteurs étudient d'abord le cas où toutes les coordonnées sont observées avec un pas de temps discret, puis considèrent le cas où certaines

¹ MaIAGE, INRA, Université Paris-Saclay, 78350 Jouy-en-Josas, France.
E-mail : sylvie.huet@jouy.inra.fr

coordonnées ne sont pas observées. Ils proposent des estimateurs des paramètres des processus de diffusion correspondants et en établissent les propriétés théoriques en considérant différents types de données et plusieurs cadres asymptotiques. Des expériences numériques réalisées sur les modèles SIR et SIRS illustrent les performances des estimateurs proposés sur des données simulées et réelles.

Jacob et Pénisson utilisent un modèle de processus de branchement multitype pour analyser la dynamique de l'épidémie d'encéphalopathie spongiforme bovine en Grande-Bretagne. Pour les phases de croissance et de déclin de l'épidémie, les auteurs proposent des estimateurs des paramètres du modèle permettant ensuite de prédire le nombre de nouveaux cas, le temps d'extinction de l'épidémie et sa taille totale. Finalement, ils évaluent les risques dans le cas du scénario le plus défavorable correspondant à une très longue phase de déclin.

Soubeyrand propose de coupler des données génomiques sur le pathogène avec des données spatiales et temporelles pour reconstruire les arbres de transmission d'une maladie infectieuse dans une population. Il présente un modèle qui couple un modèle semi-markovien individu centré SEIR pour la dynamique spatio-temporelle du pathogène et un modèle évolutionnaire markovien pour l'évolution temporelle des séquences génétiques du pathogène. Il propose un nouvel algorithme pour l'inférence bayésienne des paramètres et évalue ses performances par des simulations.

Finalement, Madouasse *et al.* illustrent l'utilisation des méthodes statistiques pour plusieurs types de données en épidémiologie animale en considérant l'émergence de la fièvre catarrhale ovine en 2006 comme cas d'étude. Ils montrent comment estimer les impacts de la maladie sur la production laitière et sur la reproduction, ainsi que l'impact de la vaccination sur la reproduction. De plus, ils présentent des méthodes de surveillance syndromiques pour la détection d'émergence de maladies infectieuses à transmission vectorielle et évaluent leurs performances sur des données simulées. Les auteurs discutent également les enjeux et les questions soulevés en épidémiologie animale pour lesquels il serait bénéfique de renforcer les collaborations entre épidémiologistes et statisticiens.

Nous sommes reconnaissantes à l'ensemble des auteurs pour leurs contributions, aux rapporteurs pour leurs relectures attentives et à l'éditeur Gilles Celeux pour son invitation à publier ce numéro spécial.