



**Mardi 21 novembre 2017, 11:00**

Salle de réunion

# **EBOV PHYLODYNAMICS USING REGRESSION-ABC**

par

Emma Saulnier

Thèse MiVEGEC, Montpellier

🔍 Inférer des paramètres épidémiologiques à partir de phylogénies ou de données d'incidence est toujours un enjeu. D'une part, les approches basées sur les données d'incidence donnent souvent des estimations erronées du fait du biais d'échantillonnage important sur ce type de données. D'autre part, les approches utilisant les phylogénies reposent généralement sur des fonctions de vraisemblance exprimées à partir de modèles démographiques relativement simples et peu pertinents au regard des dynamiques épidémiologiques.

🔍 À notre connaissance, il n'existe aucune méthode d'inférence utilisant les deux types de données, qui se base sur des modèles épidémiologiques. Ce travail de thèse a donc conduit au développement de méthodes de calcul bayésien approché qui ne nécessitent aucune fonction de vraisemblance. Ces approches sont basées sur des simulations à partir de modèles épidémiologiques, des techniques de régression et un grand nombre de statistiques de résumé qui permettent de capturer l'information épidémiologique des phylogénies et des données d'incidence. Nous avons comparé ces nouvelles méthodes de calcul bayésien approché à diverses approches existantes permettant d'inférer des paramètres épidémiologiques à partir de phylogénies ou de données d'incidence et obtenu des résultats tout au moins similaires. Ces approches nous ont ensuite permis d'étudier la dynamique de l'épidémie de virus Ebola de 2013-2016 en Sierra Leone.

🔍 Ce travail est un premier pas vers l'application de méthodes sans-vraisemblance à des modèles complexes, de façon à aider les organismes de santé publique à établir des mesures de contrôle plus efficaces.