



➤ **Évaluation quantitative du risque alimentaire de la production à la maladie humaine**

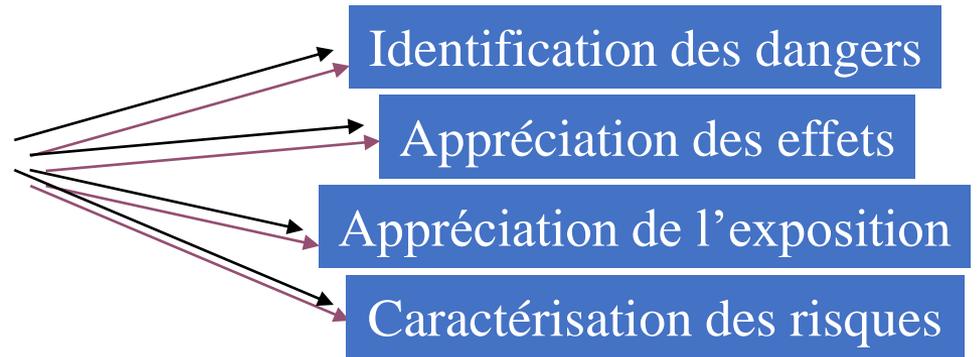
Isabelle Albert – CRCN-HDR, Unité MIA-Paris,  
Département MathNum

19/10/2021 – Atelier Risque REUSE

# ➤ L'appréciation quantitative des risques alimentaires

L'analyse d'un risque alimentaire :  
(Codex Alimentarius, FAO/OMS)

- L'Évaluation du risque



- La Gestion du risque

- La Communication sur le risque

## ➤ L'appréciation quantitative des risques alimentaires

« La crédibilité d'une analyse de risque est fondée sur son aptitude à prendre en compte :

- la complexité,

- la variabilité,

et l'incertitude,

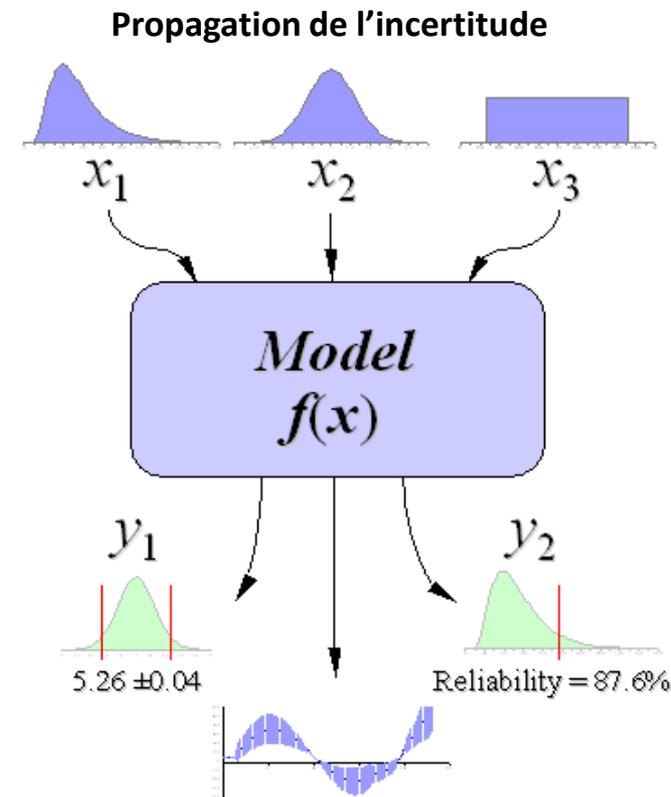
de l'information disponible » (Codex Alimentarius).



## ➤ L'appréciation quantitative des risques alimentaires

La méthode la plus répandue pour l'évaluation quantitative du risque utilise des techniques de simulation de Monte Carlo :

- Un modèle empirique est utilisé pour simuler l'influence de différents paramètres sur le risque et le quantifier ;
- À chaque paramètre du modèle est associée une loi de probabilité correspondant à la prise en compte de la variabilité et/ou l'incertitude associées à ce paramètre ;
- Des simulations de type « Monte Carlo » permettent d'estimer les distributions marginales des variables d'intérêt.



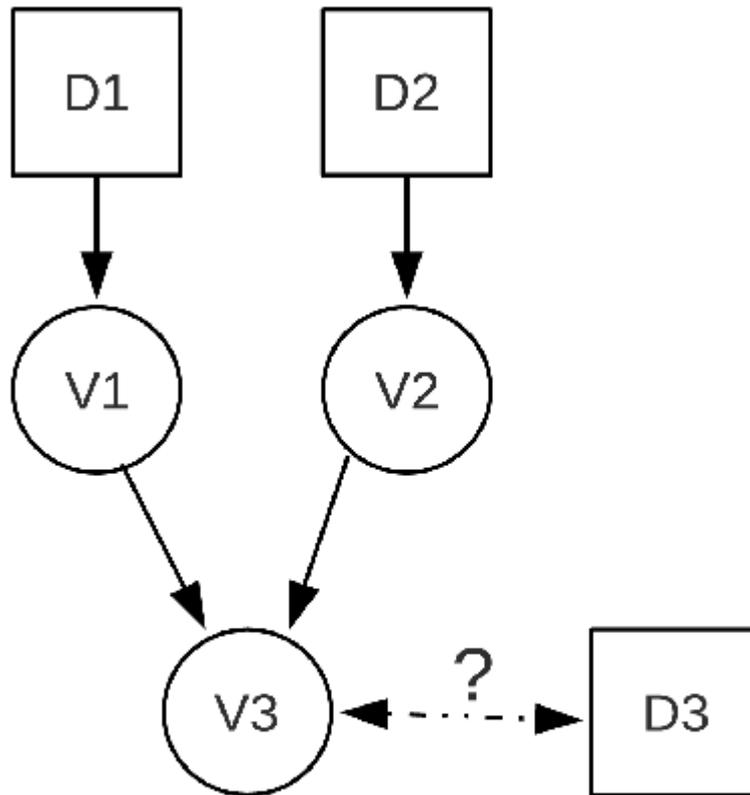
## ➤ L'appréciation quantitative des risques alimentaires

**Les limites de la méthode tiennent à :**

- La définition du modèle numérique le plus adéquat pour représenter la réalité ;
- La construction des lois de probabilité sur les paramètres ;
- La non-possibilité de prendre en compte de l'information en aval de la chaîne modélisée dans l'évaluation.



## ➤ Exemple



- D1 : données de contamination d'un aliment
- V1 : probabilité de contamination de l'aliment
- D2 : données de consommation
- V2 : intensité de la consommation
- V3 : probabilité de maladie
- D3 : nombre de malades

Simulation Monte-Carlo

# ➤ L'appréciation quantitative des risques alimentaires

## Propositions

*Limite : la définition du modèle numérique le plus adéquat pour représenter la réalité*

- Construction global du modèle par réseau bayésien
- Validation partielle par inférence bayésienne

*Limite : la construction des lois de probabilité sur les paramètres*

- Séparation données / modèle expert
- Élicitation de dires d'experts

*Limite : la non-possibilité de prendre en compte de l'information en aval de la chaîne modélisée*

- Inférence bayésienne, synthèse bayésienne



# ➤ Graphical Independance network / Réseau bayésien à variables continues

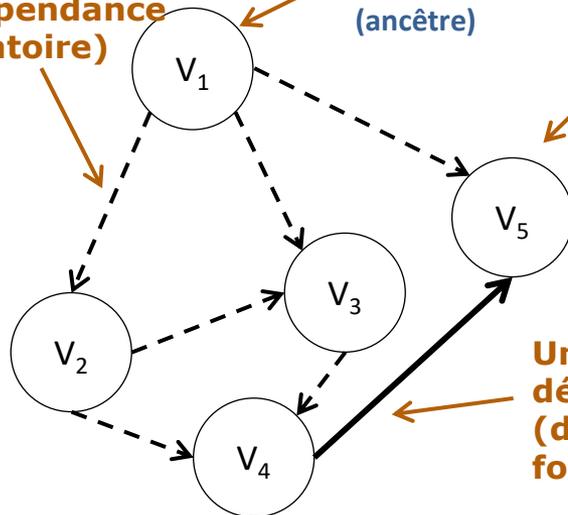
Un modèle graphique donnant une représentation graphique des dépendances et indépendances entres des variables aléatoires (v.a)

$G = (\Gamma, \Sigma)$  un graphe orienté acyclique (DAG) est composé d'un ensemble de nœuds représentant des v. a. et un ensemble d'arcs orientés sans cycle traduisant les liens entre ces v. a. par des lois de probabilité conditionnelles  
Soit  $V=(V_i)_{i \in \Gamma}$  l'ensemble des v. a. du DAG

**Un lien orienté stochastique (dépendance aléatoire)**

Un nœud sans parents (ancêtre)

Nœud (v. a.)



**Un lien orienté déterministe (dépendance fonctionnelle)**

Relation d'indépendance conditionnelle dans un DAG

$$V_i \perp\!\!\!\perp V_{\Gamma \setminus \text{desc}(i)} \mid V_{\text{pa}(i)}$$

desc(i) : descendants du nœud  $V_i$  : tout nœud pointé par les arcs partant de  $V_i$   
pa(i) : parents de  $V_i$  : tout nœud ayant un arc pointant sur  $V_i$

Factorisation de la loi jointe

$$p(\mathbf{V}) = \prod_{i \in \Gamma} p(V_i \mid V_{\text{pa}(i)})$$

Ex:  $p(v_1, v_2, v_3, v_4, v_5) = p(v_1)p(v_2|v_1)p(v_3|v_1, v_2)p(v_4|v_2, v_3)p(v_5|v_1, v_4)$



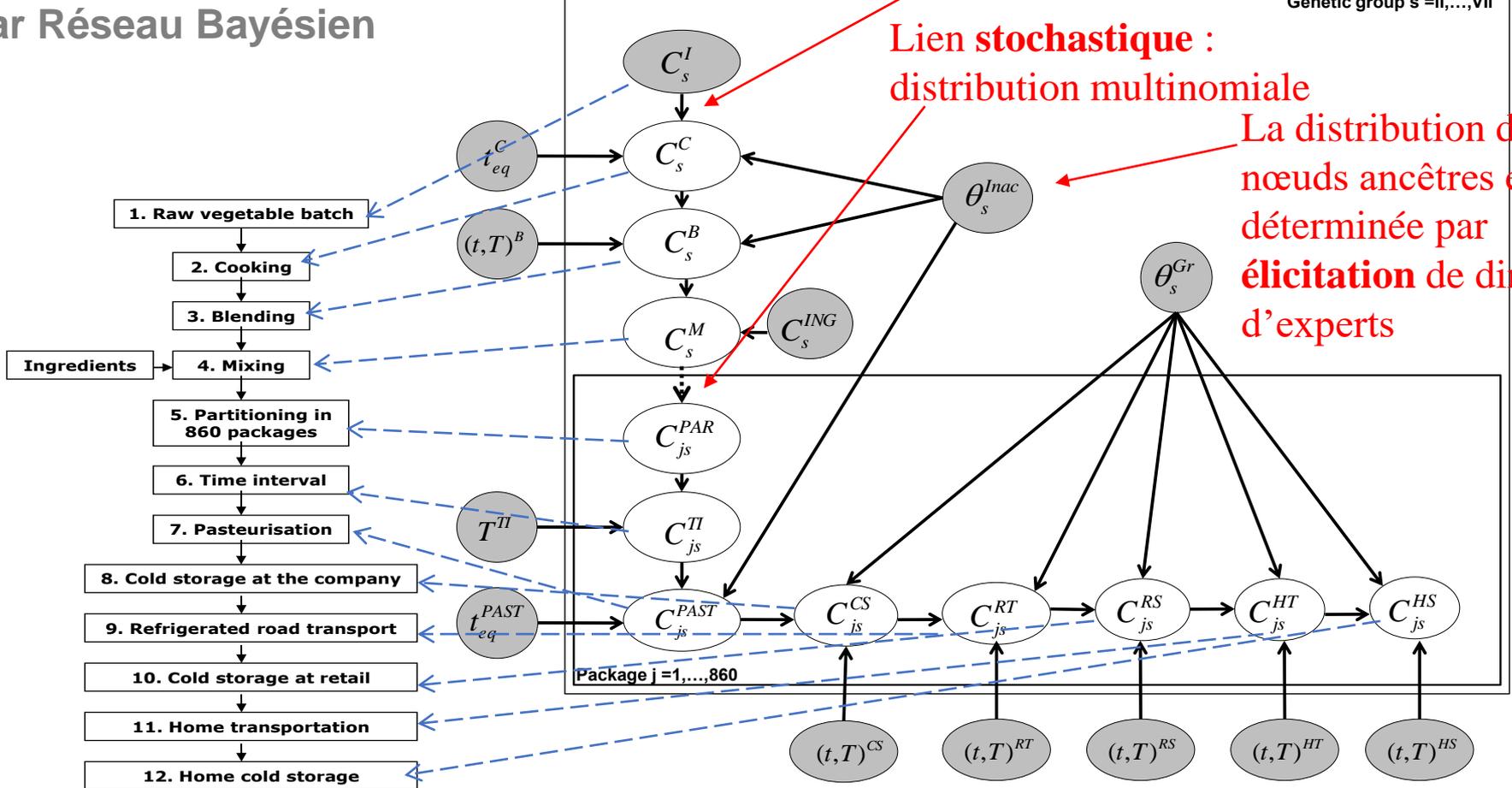
# Modélisation de la fourche à la fourchette (QMRA)

Lien **déterministe** : ex. : modèle d'inactivation bactérienne de la microbiologie prévisionnelle

Lien **stochastique** : distribution multinomiale

La distribution des nœuds ancêtres est déterminée par **élicitation de dires d'experts**

Genetic group  $s = I, \dots, VII$



# ➤ Les liens déterministes

- Modèle d'inactivation thermique : modèle de Weibull (Peleg and Cole, 1998) et modèle de Biglow (Biglow et al., 1920).  
 $t$  : durée du procédé thermique,  $T$  : température,  $Tr$  : température de référence

$$\log_{10} \left( \frac{N_t}{N_0} \right) = - \left( \frac{t}{\delta'(T)} \right)^p \quad \text{et} \quad \delta'(T) = \delta \cdot 10^{(T_r - T)/z}$$

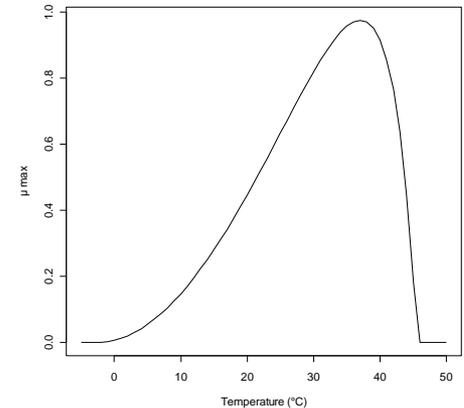
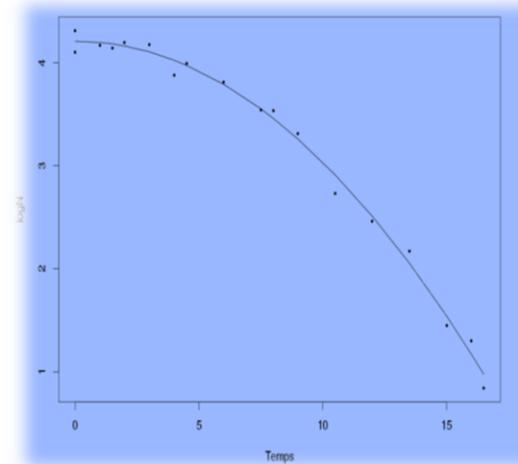
➔  $\theta_{inac} = (\delta, p, z)$

- Modèle de croissance : modèle logistique (Kono, 1968) et modèle à valeurs cardinales en température (Rosso et al., 1995)

$$N_t = \frac{N_{\max}}{1 + \left( \frac{N_{\max}}{N_0} - 1 \right) e^{-\mu_{\max}(T)t}} \quad \forall t \geq 0$$

$$\mu_{\max}(T) = \begin{cases} \frac{\mu_{opt}(T - T_{\max})(T - T_{\min})^2}{(T_{opt} - T_{\min})[(T_{opt} - T_{\min})(T - T_{opt}) - (T_{opt} - T_{\max})(T_{opt} + T_{\min} - 2T)]} & T \in [T_{\min}, T_{\max}] \\ 0 & T \notin [T_{\min}, T_{\max}] \end{cases}$$

➔  $\theta_{gr} = (N_{\max}, \mu_{opt}, T_{\min}, T_{\max}, T_{opt})$



## ➤ Les liens probabilistes

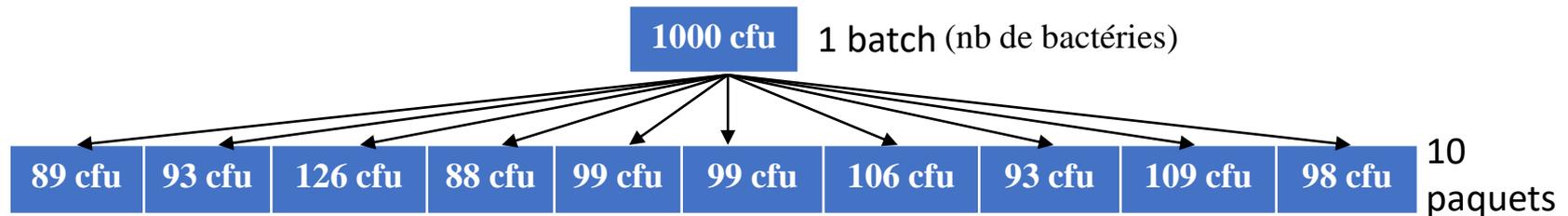
- Exemple : une distribution normale sur le logit de la probabilité de contamination d'un produit

$$\text{logit}(p_f) = N(m_f, s_f) \quad m_f \sim N(0, 0.22) \quad s_f \sim U(0, 0.2)$$

I. Albert, E. Grenier, J.-B. Denis, J. Rousseau. Quantitative Risk Assessment from Farm to Fork and Beyond: a global Bayesian Approach concerning food-borne diseases, *Risk Analysis*, 28(2) : 557-571, 2008.

- Exemple pour modéliser les mécanismes aléatoires dans la chaîne de production

- Exemple: le partitionnement d'une population homogène de bactéries lors de la division du batch en paquets



Distribution multinomiale :  $n$  bactéries dans un batch avec la probabilité  $p_i = 1/10$  d'être dans le paquet  $i$

$\text{Mult}(n, (p_1, \dots, p_k))$ , avec  $p_1, \dots, p_k = 1/10$  and  $\sum_i n_i = n$

# ➤ Élicitation de dires d'experts

## - Combiner les opinions de plusieurs experts

- Proposition d'une modélisation hiérarchique de la loi a priori pour prendre en compte des grps d'experts de « milieux similaires » et obtenir une distribution « consensus » surdispersée par la variabilité inter-grps.

- Élicitation sur une quantité observable (prédictive)

- Approche supra-bayésienne : la loi a priori issue d'une famille paramétrique de loi :

$$\pi(\theta) \in \{\pi(\theta|\lambda), \lambda \in \Lambda\}$$

est la loi a posteriori sachant les données élicitées :

$$\pi(\theta) = \int \pi(\theta|\lambda)\pi(\lambda|\text{Data})d\lambda$$

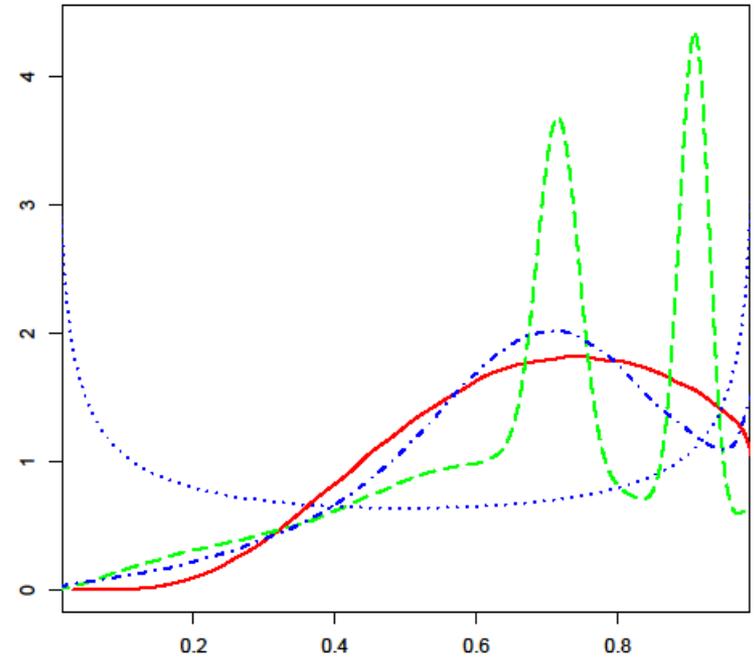
$$\pi(\lambda|\text{Data}) \propto \pi(\lambda) \int \dots \int L(\text{Data}|\lambda_{ij})g(\lambda_{ij}|\lambda_j)g(\lambda_j|\lambda)d\lambda_{ij}d\lambda_j$$

$L(\text{Data}|\lambda_{ij}, \lambda_j, \lambda)$  = Vraisemblance des données élicitées

$\pi(\theta)$  obtenue par MCMC

- Prise en compte de l'incertitude de l'expert dans la vraisemblance des données élicitées

I. Albert, S. Donnet, C. Guihenneuc-Jouyaux, S. Low-Choy, K. Mengersen and J. Rousseau. Combining expert opinions in prior elicitation, Bayesian Analysis, 7, 503-532 (with discussion), 2012.



$p(d_0=4)$  by mixture (---), pooling estimates (solid line), hierarchical (- -) approaches. The density of  $\text{beta}(.5, .5)$  ( $\dots$ ) is an example of non informative  $p(d)$

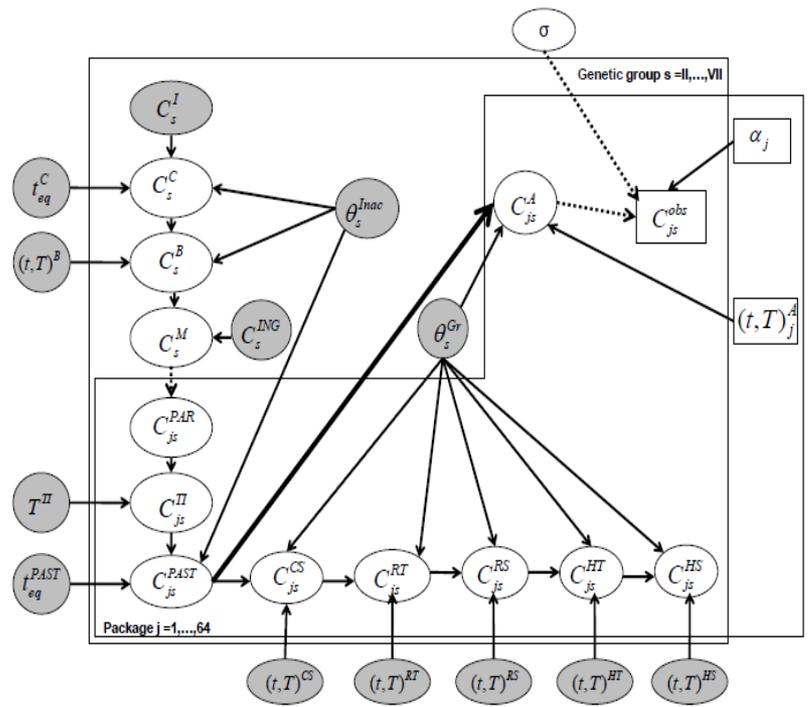


# Modélisation de la fourche à la fourchette

## Réseau augmenté pour l'inférence bayésienne

Données de vieillissement (mesures de la contamination dans des paquets retirés de la chaîne après pasteurisation et conservés dans des conditions particulières)

Vraisemblance :



$$\log_{10}(C_{js}^{obs}) \sim \begin{cases} N(\log_{10}(C_{js}^A), \sigma^2) & \text{if } \log_{10}(C_{ij}^{obs}) > \alpha_j \\ N(\log_{10}(C_{js}^A), \sigma^2) C(; \alpha_j) & \text{if } \log_{10}(C_{ij}^{obs}) \leq \alpha_j \end{cases}$$

$j$  : paquet,  $s$  : groupe génétique,  $\alpha$  : limite de détection



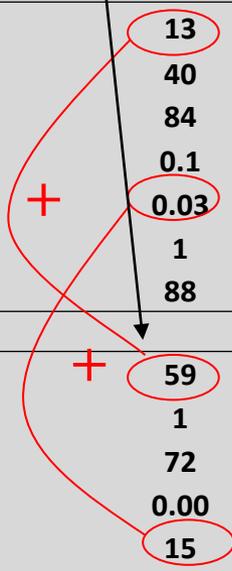


# ➤ Modélisation de la fourche à la fourchette

**Augmentation pour les groupes II et VI en accord avec les observations**

Nouveaux pourcentages de paquets contaminés en fonction du type de souche

Genetic Group	MC mean prevalence (%)						
	Initial	After cooking	Milk (ingredient)	Starch (ingredient)	After mixing with ingredients and partitioning	After pasteurization	After home cold storage
II	100	60	100	100	28	13	13
III	100	48	100	100	80	40	40
IV	100	45	100	100	100	84	84
V	100	24	100	100	5	0.1	0.1
VI	100	45	100	100	6	0.03	0.03
VII	100	64	100	100	10	1	1
Total	100	83	100	100	100	88	88
MCMC mean prevalence (%)							
II	100	100	100	100	80	59	59
III	100	87	100	100	65	1	1
IV	100	86	100	100	100	72	72
V	100	82	100	100	6	0.00	0.00
VI	100	93	100	100	50	15	15
VII	100	99	100	100	19	0.05	0.05
Total	100	100	100	100	100	90	90





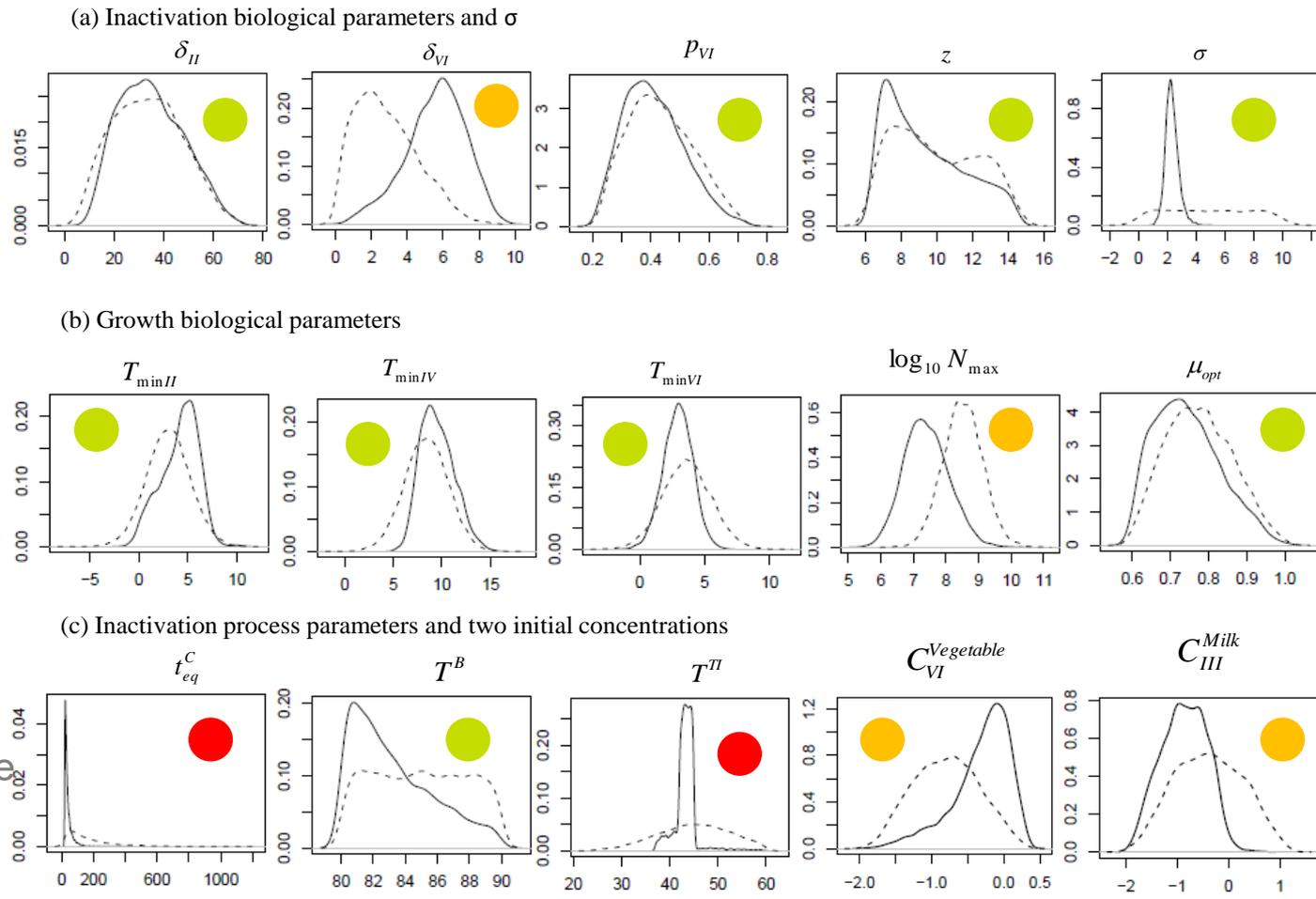
# Modélisation de la fourche à la fourchette

**Validation :**  
**comparaison**  
**prior/posterior**

**Mise à jour de la**  
**connaissance a priori :**  
 Distributions a priori  
 (pointillé) vs a posteriori  
 (continue) des paramètres  
 les plus modifiés parmi les  
 66

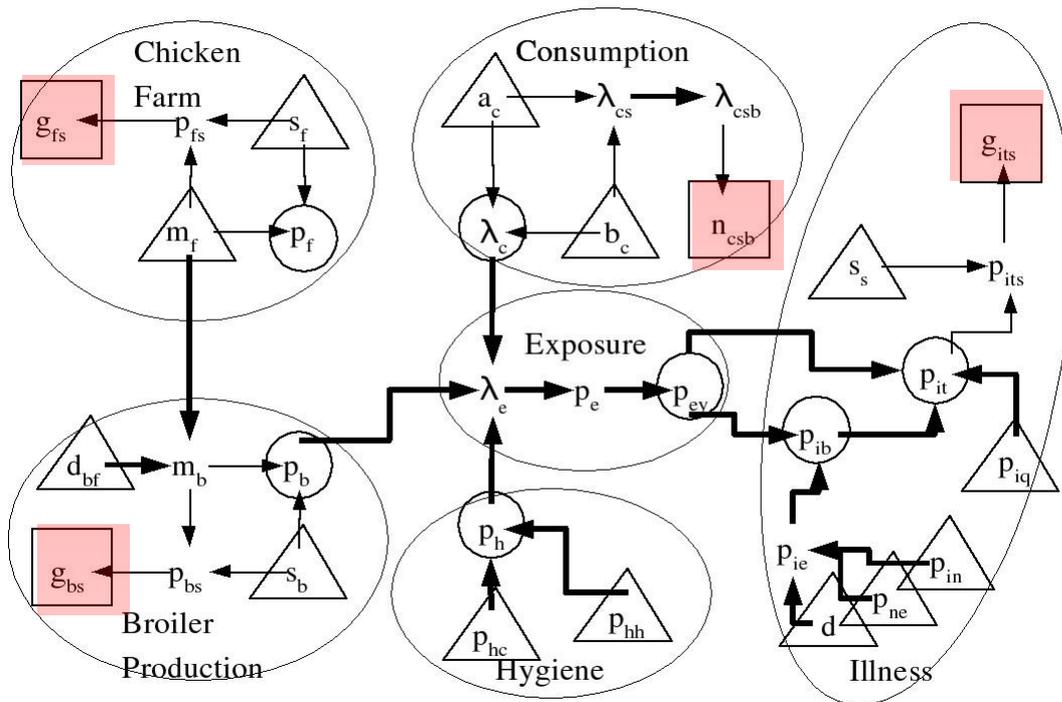
**Retour vers l'expert :**

- Réduction de l'incertitude
- Accord de l'expert (mise à jour de la connaissance)
- Questionne la modélisation



# ➤ Modélisation de la production à la maladie humaine

## Évaluation de la prévalence de la campylobactérose en France



$$g_{fs} \sim \text{Bin}(n_{fs}, p_{fs})$$

$g_{fs}$ : number of chicken flocks contaminated out of  $n_{fs}$  in a sample ( $s=1, \dots, 16$ )

$$\text{logit}(p_{fs}) \sim N(m_f, s_f)$$

$$g_{bs} \sim \text{Bin}(n_{bs}, p_{bs})$$

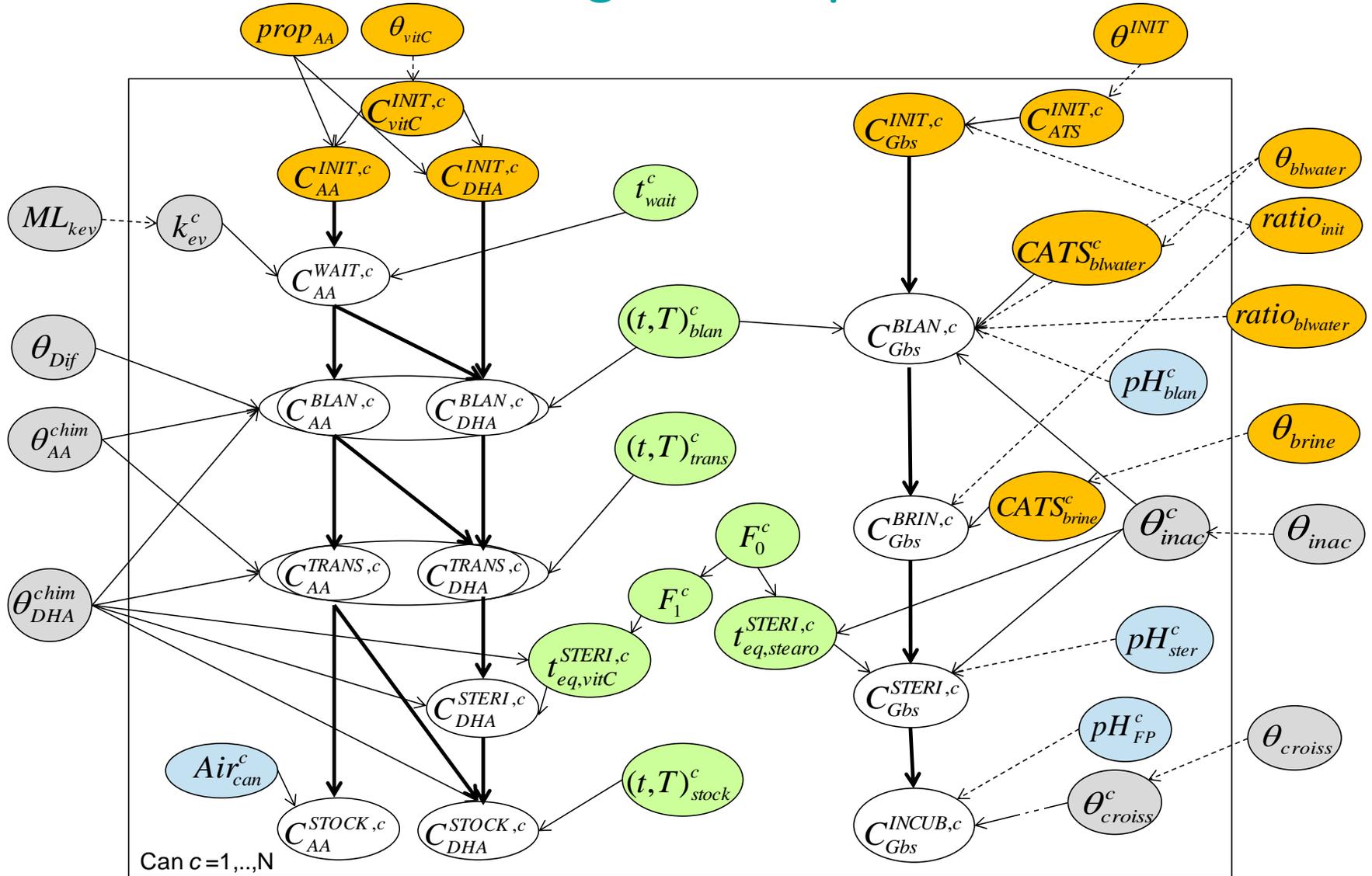
$g_{bs}$ : number of chicken carcasses contaminated out of  $n_{bs}$  in a sample ( $s=1, \dots, 14$ )

$$\text{logit}(p_{bs}) \sim N(m_b, s_b)$$

.....

I. Albert, E. Grenier, J.-B. Denis, J. Rousseau. Quantitative Risk Assessment from Farm to Fork and Beyond: a global Bayesian Approach concerning food-borne diseases, *Risk Analysis*, 28(2) : 557-571, 2008.

# ➤ DAG du modèle global risque-bénéfice



# ➤ Tests de scénarios

Scénario		$C_{VitC}^{STOCK}$ moyen (mg/100g)	$\Pr[C_{VitC}^{STERI} \geq S_b]$ (%)	$\Pr[C_{Gbs}^{INCUB} \geq S_r]$ (%)	$\Pr[(C_{Gbs}^{INCUB} < S_r) \text{ et } (C_{VitC}^{STERI} \geq S_b)] \%$
Diminution	Augmentation				
Modèle de référence		2.3 [1.2; 3.2]	3.2 [0.1; 13.2]	0.5 [0.1; 1.3]	3.2 [0.1; 13.1]
$F_0 = 40$ min		2.3 [1.3; 3.2]	3.6 [0.1; 13.0]	0.1 [0.0; 0.5]	3.6 [0.1; 13.0]
$F_0 = 20$ min		2.3 [1.2; 3.2]	3.5 [0.1; 13.3]	2.0 [0.8; 4.2]	3.5 [0.1; 13.1]
$F_0 = 10$ min		2.3 [1.3; 3.2]	3.3 [0.1; 12.8]	13.4 [7.7; 19.6]	2.9 [0.1; 11.2]
$N_{BLANcc} = 0$ CFU/g		2.3 [1.2; 3.2]	3.7 [0.1; 13.5]	0.2 [0.0; 0.8]	3.7 [0.1; 13.5]
$t_{wait} = 140$ min		2.8 [1.7; 3.8]	6.3 [0.3; 19.0]	0.5 [0.1; 1.3]	6.3 [0.3; 18.9]
$t_{wait} = 45$ min		2.9 [1.8; 3.8]	7.1 [0.3; 20.6]	0.5 [0.1; 1.3]	7.1 [0.3; 20.3]
$t_{blan} = 2$ min		3.6 [2.3; 4.7]	21.2 [3.4; 38.9]	0.5 [0.1; 1.3]	21.1 [3.4; 38.7]
$pH_{FP} = 5.15$		2.3 [1.2; 3.2]	3.4 [0.1; 12.9]	0.2 [0.0; 1.1]	3.4 [0.1; 12.9]
$F_0 = 40$ min et $t_{blan} = 2$ min		3.5 [2.3; 4.6]	21.4 [4.2; 37.4]	0.1 [0.0; 0.5]	21.3 [4.2; 37.3]
$F_0 = 40$ min et $t_{blan} = 2$ min et $t_{wait} = 45$ min et $N_{BLANcc} = 0$ CFU/g		4.4 [3.1; 5.5]	34.4 [10.1; 51.9]	0.1 [0.0; 0.3]	34.3 [10.1; 51.8]
$pH_{FP} = 5.15$ et $t_{blan} = 2$ min et $t_{wait} = 45$ min		4.5 [3.1; 5.5]	35.3 [9.2; 52.6]	0.2 [0.0; 1.1]	35.3 [9.1; 52.5]

# Merci de votre attention



**INRAE**

Atelier Risque REUSE  
19-10-21 / Isabelle Albert