



HAL
open science

Modélisation stochastique sur graphes et statistiques de la propagation d'épidémies

Jean-Stephane Dhersin, Elisabeta Vergu

► **To cite this version:**

Jean-Stephane Dhersin, Elisabeta Vergu. Modélisation stochastique sur graphes et statistiques de la propagation d'épidémies. Journées MAS et Journée en l'honneur de Jacques Neveu, Aug 2010, Talence, France. inria-00496708

HAL Id: inria-00496708

<https://hal.inria.fr/inria-00496708>

Submitted on 1 Jul 2010

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Journées MAS 2010, Bordeaux

Modélisation stochastique sur graphes et statistiques de la propagation d'épidémies

Session organisée par **Jean-Stéphane Dhersin** et **Elisabeta Vergu**

Cette session a pour objet l'approche probabiliste et statistique de l'épidémiologie. Elle se décompose en deux parties :

- la présentation de développements récents de méthodes statistiques pour l'analyse de données épidémiques ;
- celle de l'importance de la prise en compte des réseaux (au travers de graphes, voir par exemple [1]) pour la modélisation stochastique d'évolution d'épidémies.

Références :

- [1] R. Durrett. *Random graph dynamics*. Cambridge university press edition, 2007.

Adresses des organisateurs :

Jean-Stéphan DHERSIN
LAGA, Université Paris 13
Département de Mathématiques
Institut Galilée
Université Paris 13
99, avenue Jean-Baptiste Clement
F-93430 - Villetaneuse
E-mail : dhersin@math.univ-paris13.fr,
<<http://www.math.univ-paris13.fr/~dhersin/>>

Elisabeta VERGU
Unité de recherche MIA-Jouy
INRA
Domaine de Vilvert
78352 JOUY-EN-JOSAS CEDEX
E-mail : Elisabeta.Vergu@jouy.inra.fr

Session : Modélisation stochastique sur graphes

Journées MAS 2010, Bordeaux

Session : Modélisation stochastique sur graphes et statistiques de la propagation d'épidémies

Estimation statistique et modélisation des maladies transmissibles

par **Pierre-Yves Boelle**

Un des domaines d'application de l'épidémiologie théorique est l'étude des maladies transmissibles par le biais de modèles mathématiques. L'utilisation de ces modèles à des fins prédictives, ou en outil de support aux décideurs de santé publique, nécessite que les paramètres inclus dans les modèles soient estimés à partir de données réelles. Dans cette présentation, les quantités classiques et leurs estimateurs seront présentés, ainsi que les approches plus récentes basées sur les statistiques intensives en calcul.

Adresse :

Pierre-Yves BOELLE

INSERM UMR-S 707

Faculté de Médecine Saint-Antoine

27 Rue Chaligny

75571 PARIS CEDEX 12

FRANCE

E-mail : pierre-yves.boelle@u707.jussieu.fr

<http://www.u707.jussieu.fr/www_u707//annuaire/home_u444/boelle_p/>

Session : Modélisation stochastique sur graphes

Journées MAS 2010, Bordeaux

Session : Modélisation stochastique sur graphes et statistiques de la propagation d'épidémies

Propagation d'épidémies et risque d'extinction stochastique

par **Anton Camacho**

Dans les modèles stochastiques de propagation d'épidémies, il faut distinguer d'une part le régime transitoire qui décrit l'invasion et le maintien de l'agent infectieux dans la population, et d'autre part le régime stationnaire qui est caractérisé par des fluctuations de l'équilibre endémique. La dynamique de la probabilité d'extinction au temps t permet d'étudier l'existence de l'équilibre endémique stationnaire et donc de déterminer le risque que l'agent infectieux s'établisse durablement dans la population. Cette étude se fait généralement via des simulations de type Monte-Carlo nécessitant un grand nombre de répliquations et donc très coûteuses en temps de calcul. Dans cet exposé, nous nous intéresserons aux différentes approximations en grande population qui se proposent de remplacer ces simulations (les méthodes de clôture des moments, l'approximation de van Kampen, l'approximation par diffusion). Nous verrons dans quelle mesure elles permettent d'évaluer rapidement le risque d'extinction stochastique tout au long de la propagation de l'épidémie et donc de caractériser le passage de l'invasion à la persistance de l'agent infectieux.

Adresse :

Anton CAMACHO

CNRS UMR 7625 Ecologie et Evolution

Equipe Eco-Evolution Mathématique

ENS

46 rue d'Ulm

75230 Paris Cedex 05

FRANCE

E-mail : camacho@biologie.ens.fr

<<http://www.biologie.ens.fr/eceem/spip.php?article135>>

Session : Modélisation stochastique sur graphes

Journées MAS 2010, Bordeaux

Session : Modélisation stochastique sur graphes et statistiques de la propagation d'épidémies

Limite en grand graphe d'un processus SIR décrivant la propagation d'une épidémie sur un réseau

par Pascal Moyal, Laurent Decreusefond, Jean-Stéphane Dhersin et **Viet Chi Tran**

Nous considérons un modèle SIR décrivant la propagation d'une épidémie sur un graphe de configuration. Dans ces graphes, la distribution des degrés est donnée et les sommets sont appariés aléatoirement. Nous montrons que l'épidémie peut être résumée par trois équations à valeurs mesures, décrivant les distributions de degrés des susceptibles ainsi que les distributions des connexions entre infectieux ou retirés et susceptibles. La limite en grands graphes est considérée. En corollaire, nous prouvons de façon rigoureuse les équations obtenues par Volz (2008) qui modélisent de façon synthétique l'évolution de l'épidémie.

Adresses :

Pascal MOYAL
Laboratoire de Mathématiques Appliquées de Compiègne
Université de Technologie de Compiègne
Département Génie Informatique
Centre de Recherches de Royallieu
BP 20 529
60 205 COMPIEGNE Cedex
FRANCE
E-mail : pascal.moyal@utc.fr
<<http://www.lmac.utc.fr/~moyalpas/>>

Laurent DECREUSEFOND
Institut Telecom
Telecom ParisTech
CNRS LTCI
46 rue Barrault
75634 Paris Cedex 13
FRANCE
E-mail : Laurent.Decreusefond@telecom-paristech.fr
<<http://www.infres.enst.fr/~decreuse>>

Session : Modélisation stochastique sur graphes

Journées MAS 2010, Bordeaux

Jean-Stéphane DHERSIN
LAGA, Université Paris 13
Département de Mathématiques
Institut Galilée
Université Paris 13 99, avenue Jean-Baptiste Clement
F-93430 - Villetaneuse
FRANCE
E-mail : dhersin@math.univ-paris13.fr
<<http://www.math.univ-paris13.fr/~dhersin/>>

Viet Chi TRAN
Laboratoire Paul Painlevé - UMR CNRS 8524
Université des Sciences et Technologies de Lille
Bureau 316, Bat M3
59 655 Villeneuve d'Ascq Cedex
FRANCE
E-mail : chi.tran@math.univ-lille1.fr
<<http://math.univ-lille1.fr/~tran/>>

Session : Modélisation stochastique sur graphes

Journées MAS 2010, Bordeaux

Session : Modélisation stochastique sur graphes et statistiques de la propagation d'épidémies

Diffusions et cascades dans les graphes aléatoires

par **Marc Lelarge**

Motivé par la modélisation de diffusions de virus ou d'épidémies (avec une possible coordination parmi les agents), nous introduisons un modèle de diffusion qui généralise à la fois le processus de contact et la percolation 'bootstrap'. Nous analysons ce processus sur des graphes aléatoires dilués. Ceci nous permet de retrouver des résultats connus (taille de la composante géante, seuil de percolation) et nouveaux (condition de cascade). En particulier, nous étudions différentes vaccinations possibles des agents (qui ne demandent pas une connaissance a priori du graphe d'interaction) et nous quantifions leur efficacité. Les preuves reposent sur des idées de couplages développées récemment par Janson et Luczak.

Adresse :

Marc LELARGE

INRIA

23, avenue d'Italie

CS 81321

75214 Paris Cedex 13

FRANCE

E-mail : marc.lelarge@ens.fr

<http://www.di.ens.fr/~lelarge/>

Session : Modélisation stochastique sur graphes