

# Propagation d'épidémies et risque d'extinction stochastique

Anton Camacho

► **To cite this version:**

Anton Camacho. Propagation d'épidémies et risque d'extinction stochastique. Journées MAS et Journée en l'honneur de Jacques Neveu, Aug 2010, Talence, France. <inria-00510292>

**HAL Id: inria-00510292**

**<https://hal.inria.fr/inria-00510292>**

Submitted on 17 Aug 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

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](mailto:camacho@biologie.ens.fr)

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

Session : Modélisation stochastique sur graphes