
Résumé

Titre de la thèse:

“Conditional limit theorems for multitype branching processes and illustration in epidemiological risk analysis”

Cette thèse s’articule autour de la problématique de l’extinction de populations comportant différents types d’individus, et plus particulièrement de leur comportement avant extinction et/ou en cas d’une extinction très tardive. Nous étudions cette question d’un point de vue strictement probabiliste, puis du point de vue de l’analyse des risques liés à l’extinction pour un modèle particulier de dynamique de population, et proposons plusieurs outils statistiques.

La taille de la population est modélisée soit par un processus de branchement de type Bienaymé-Galton-Watson à temps continu multitype (BGWc), soit par son équivalent dans un espace de valeurs continu, le processus de diffusion de Feller multitype. Nous nous intéressons à différents types de conditionnement à la non-extinction, et aux états d’équilibre associés. Ces conditionnements ont déjà été largement étudiés dans le cas monotype. Cependant la littérature relative aux processus multitypes est beaucoup moins riche, et il n’existe pas de travail systématique établissant des connexions entre les résultats concernant les processus BGWc et ceux concernant les processus de diffusion de Feller. Nous nous y sommes attelés.

Dans la première partie de cette thèse, nous nous intéressons au comportement de la population avant son extinction, en conditionnant le processus de branchement X_t à la non-extinction ($X_t \neq 0$), ou plus généralement à la non-extinction dans un futur proche $0 \leq \theta < \infty$ ($X_{t+\theta} \neq 0$), et en faisant tendre t vers l’infini. Nous prouvons le résultat, nouveau dans le cadre multitype et pour $\theta > 0$, que cette limite existe et est non-dégénérée, traduisant ainsi un comportement stationnaire pour la dynamique de la population conditionnée à la non-extinction, et offrant une généralisation de la limite dite de Yaglom (correspondant au cas $\theta = 0$). Nous étudions dans un second temps le comportement de la population en cas d’une extinction très tardive, obtenu comme limite lorsque θ tend vers l’infini du processus X_t conditionné par $X_{t+\theta} \neq 0$. Le processus conditionné ainsi obtenu est un objet connu dans le cadre monotype (parfois dénommé Q -processus), et a également été étudié lorsque le processus X_t est un processus de diffusion de Feller multitype. Nous examinons le cas encore non considéré où X_t est un BGWc multitype, prouvons l’existence du Q -processus associé, examinons ses propriétés, notamment asymptotiques, et en proposons plusieurs interprétations. Enfin, nous nous intéressons aux échanges de limites en t et en θ , ainsi qu’à la commutativité encore non étudiée de ces limites vis-à-vis de la relation de type grande densité reliant processus BGWc et processus de Feller. Nous prouvons ainsi une liste exhaustive et originale de tous les échanges de limites possibles (limite en temps t , retard de l’extinction θ , limite de diffusion).

La deuxième partie de ce travail est consacrée à l’analyse des risques liés à l’extinction d’une population et à son extinction tardive. Nous considérons un certain modèle de population branchante (apparaissant notamment dans un contexte épidémiologique) pour lequel un paramètre lié aux premiers moments de la loi de reproduction est inconnu, et construisons plusieurs estimateurs adaptés à différentes phases de l’évolution de la population (phase de croissance, phase de décroissance, phase de décroissance lorsque l’extinction est supposée tardive), prouvant de plus leurs propriétés asymptotiques (consistance, normalité). En particulier, nous construisons un estimateur des moindres carrés adapté au Q -processus, permettant ainsi une prédiction de l’évolution de la population dans le meilleur ou le pire des cas (selon que la population est menacée ou au contraire invasive), à savoir celui d’une extinction tardive. Ces outils nous permettent d’étudier la phase d’extinction de l’épidémie d’Encéphalopathie Spongiforme Bovine en Grande-Bretagne, pour laquelle nous estimons le paramètre d’infection correspondant à une possible source d’infection horizontale persistant après la suppression en 1988 de la voie principale d’infection (farines animales). Cela nous permet de prédire l’évolution de la propagation de la maladie, notamment l’année d’extinction, le nombre de cas à venir et le nombre d’animaux infectés, et en particulier de produire une analyse très fine de l’évolution de l’épidémie dans le cas peu probable d’une extinction très tardive.