

VI Encuentro Conjunto RSME-SMM
València, 1-5 de Julio de 2024
Sesión Especial “Probabilidad”

Organizadores:

Octavio Arizmendi, Centro de Investigación en Matemáticas,
octavius@cimat.mx

Inés del Puerto, Universidad de Extremadura,
idelpuerto@unex.es

Arno Siri-Jégousse, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México
arno@sigma.iimas.unam.mx

Autosimilaridad: una nueva perspectiva en genética de poblaciones matemática

Alejandro Hernández Wences

Palabras clave: Procesos Autosimilares, Transformada de Lamperti

Mathematics Subject Classification 2020: 92D25, 60G18, 60J68

Resumen

En este proyecto conjunto con Arno Siri-Jégousse, conectamos los campos de la genética de poblaciones matemática y los procesos de Markov autosimilares (AS) en dimensiones infinitas. Específicamente, proponemos un cambio de enfoque desde la propiedad de ramificación como paradigma predominante para el modelado de poblaciones, hacia uno basado en la propiedad de autosimilaridad, que también introducimos por primera vez en el contexto de procesos estocásticos con valores en el espacio de las medidas positivas (PVM). Al extender la transformación de Lamperti para procesos autosimilares al caso infinito dimensional, pudimos generalizar el célebre resultado de Birkner et al. (2005) en genética de poblaciones. Ellos describen la genealogía de poblaciones descritas por un PVM de ramificación alfa-estable, en términos de la subfamilia de coalescentes Beta. Nosotros describimos la genealogía de poblaciones cuyo tamaño total describe un proceso de Markov positivo y AS; en nuestro caso recuperamos la familia entera de los coalescentes Lambda. Nuestros resultados demuestran el potencial de la perspectiva de la autosimilaridad para el estudio de modelos de población más complejos en los cuales la dinámica de reproducción de los individuos depende del tamaño total de la población. Paralelamente, los PVM, junto con las herramientas analíticas disponibles en el campo de la genética de poblaciones, como los métodos de dualidad, constituyen un modelo matemático prometedor para el desarrollo de la teoría de los procesos de Markov AS en el contexto de dimensiones infinitas.

Referencias

- [1] MATTHIAS BIRKNER ET AL. “Alpha-stable branching and beta-coalescents”. In: *Electronic Journal of Probability* 10 (2005), pp. 303–325. url: <https://doi.org/10.1214/EJP.v10-241>

CIMI - LAAS - CNRS,
Toulouse, France.
ahernandez@laas.fr

Mediciones estadísticas de enteros suaves, leyes Dickman y método de Stein

Arturo Jaramillo Gil

Palabras clave: Teoría de números probabilística, Método de Stein, Distribución Dickman

Mathematics Subject Classification 2020: 60F05, 11K65

Resumen

Hablaremos sobre problemas clásicos referentes al comportamiento estocástico del mayor primo divisor de un entero aleatorio, su relación con números suaves, la función de Dickman y la función ζ de Riemann. Tomando dicha discusión como punto de inicio, propondremos una nueva medición estadística para describir el contenido de los enteros suaves en un intervalo finito de longitud tendiendo a infinito. Las herramientas clave de nuestro análisis son de carácter enteramente probabilista, y tienen una estrecha relación con el método de Stein. Este es un trabajo conjunto con Xiaochuan Yang.

Referencias

- [1] A. JARAMILLO AND X. YANG. Approximation of smooth numbers for harmonic samples: a Stein method approach *Arxiv*
- [2] C. BHATTACHARJEE AND L. GOLDSTEIN. Dickman approximation in simulation, summations and perpetuities. *Bernoulli* **25**(4A) (2019), 2758–2792.

Centro de Investigación en matemáticas
36023 Guanajuato, Gto
jagil@cimat.mx

Modelización de la resistencia a los antibióticos usando procesos estocásticos

Fátima Palacios Rodríguez

Palabras clave: Epidemiología, Procesos cuasi-nacimiento y muerte, Cadenas de Markov, Número reproductivo exacto

Mathematics Subject Classification 2020: 60J25, 92D30

Resumen

Para examinar la propagación de bacterias en una sala de hospital, se introduce un proceso de cuasi-nacimiento y muerte con niveles dependientes junto con la metodología analítica matricial asociada. En particular, se analiza la distribución de probabilidad del número reproductivo exacto.

El número reproductivo exacto se considera distinguiendo entre infecciones debidas a cepas bacterianas sensibles a los antibióticos y a cepas bacterianas resistentes a los antibióticos. Además, como estudios futuros, se discuten posibles extensiones teniendo en cuenta la variable tiempo en los estados del proceso. Este trabajo se ha realizado con F. A. C. Chalub, A. Gómez-Corral y M. López-García. Esta investigación está financiada por el proyecto PID2021-125871NB-B-I00 del Ministerio de Ciencia e Innovación, Gobierno de España.

Universidad de Sevilla, Sevilla, España
fpalacios2@us.es

Una extensión del teorema de verificación mediante engrosamiento de filtraciones

Liliana Peralta Hernández

Palabras clave: Integral forward, engrosamiento de filtraciones, control óptimo estocástico

Mathematics Subject Classification 2020: 60H10, 93E20, 60G48

Resumen

El objetivo de esta presentación es mostrar como combinamos técnicas de engrosamiento de filtraciones junto con la teoría de control estocástico para desarrollar una extensión del teorema de verificación. En esta extensión, los coeficientes de la ecuación controlada estocástica se ajustan a la filtración subyacente, mientras que los controles se adaptan a una filtración G que es mayor que la generada por el movimiento browniano correspondiente B .

Universidad Autónoma de México,
Ciudad de México,
lylyanaaa@ciencias.unam.mx

Aproximación por difusión de procesos críticos controlados de ramificación multitypo.

Inés M. del Puerto

Palabras clave: Procesos de ramificación controlados, procesos de ramificación de múltiples tipos, ramificación de dos sexos, aproximación por difusión, procesos de Bessel al cuadrado.

Mathematics Subject Classification 2020: 60J80, 60F17

Resumen

Los procesos de ramificación multitypo controlados (CMBP por sus siglas en inglés) son procesos estocásticos útiles para modelizar la evolución de poblaciones con diferentes tipos de individuos, donde el número de progenitores de cada tipo en una generación queda determinado por un mecanismo de control aleatorio y el número de individuos de diferentes tipos en la generación anterior. En esta charla se presenta una aproximación de difusión tipo Feller para algunos CMBP críticos. En particular, consideramos una sucesión de procesos de salto aleatorios formados a partir de un CMBP crítico con distribuciones de control que tienen esperanzas que satisfacen una especie de supuesto de linealidad. Se prueba que tal sucesión converge débilmente hacia un proceso de Bessel

al cuadrado sustentado por un rayo determinado por un vector propio de una matriz relacionada con la matriz media de la descendencia y las distribuciones de control del proceso de ramificación en cuestión.

Este resultado extiende el trabajo de González et al. [1] al caso multitipo. Como casos particulares, se pueden obtener el resultado para el procesos multitipos con inmigración (véase Ispány and Pap [2]) y una aproximación por difusión Feller de un procesos de dos sexos promiscuo con inmigración. Los resultados están publicados en [3]. Este es un trabajo conjunto con Mátyás Barcy, Miguel González y Pedro Martín-Chávez.

Agradecimientos: Esta investigación se enmarca dentro del proyecto de investigación PID2019-108211GB-I00, subvencionado por MICIU/AEI/10.13039/501100011033.

Referencias

- [1] M. GONZÁLEZ, P. MARTÍN-CHÁVEZ AND I. DEL PUERTO. Diffusion approximation of controlled branching processes using limit theorems for random step processes. *Stoch. Models*, **39** (1) (2023), 232–248.
- [2] M. ISPÁNY AND G. PAP. Asymptotic Behavior of Critical Primitive Multi-Type Branching Processes with Immigration. *Stoch. Anal. Appl.*, **32** (5) (2014), 727–741.
- [3] M. BARCY, M. GONZÁLEZ, P. MARTÍN-CHÁVEZ AND I. DEL PUERTO. Diffusion approximation of critical controlled multi-type branching processes. *Rev. Real Acad. Cienc. Exactas Fis. Nat. Ser. A-Mat.* **118** (2024), 101.

Universidad de Extremadura
06006, Badajoz, España
idelpuerto@unex.es

Cómo el fenómeno de inactividad puede modificar las genealogías

Arno Siri-Jégousse

Palabras clave: Modelo de Cannings, inactividad (dormancy), coalescentes, tiempos de mezcla

Mathematics Subject Classification 2020: 92D10, 60F05, 60G10, 60J05, 60J90, 92D25

Resumen

Los modelos de Cannings y sus modificaciones son un tema importante en la genética de poblaciones. Además, en las últimas décadas, el estudio de la inactividad (dormancy o seed bank effect en inglés) ha recibido una considerable atención. En esta charla, exploraremos la construcción de un grafo aleatorio que nos permita incorporar los procesos de ancestro y frecuencia de un modelo de Cannings con un efecto de inactividad, y estudiar la relación de dualidad de los procesos hacia adelante y hacia atrás. Utilizando esta dualidad y teoremas de límite, también estudiaremos cómo el efecto seed bank modifica esos procesos y transforma las difusiones y los coalescentes que surgirían en los modelos de Cannings clásicos con una población que crece hasta el infinito.

Referencias

- [1] A. GONZÁLEZ-CASANOVA, L. PEÑALOZA, A. SIRI-JÉGOUSSE. Seed bank Cannings graphs: How dormancy smoothes random genetic drift *ALEA Lat. Am, J. Probab. Math. Stat.* 2023.

Universidad Nacional Autónoma de México
Ciudad de México
arno@sigma.iimas.unam.mx