

Alejandro Hernández

El coalescente de Bolthausen-Sznitman: combinatoria y genética

El coalescente de Bolthausen-Sznitman ha sido identificado como el proceso límite para las genealogías de poblaciones en las que la selección natural juega un papel importante. Por tanto ha sido propuesto como un modelo nulo, alternativo al coalescente de Kingman, para este tipo de poblaciones. En este trabajo presentaré expresiones explícitas para los primeros y segundos momentos del Espectro de Sitios Segregantes de este coalescente; este funcional es típicamente utilizado para la selección de modelos genealógicos en la genética de poblaciones. Dichas expresiones se obtuvieron a partir de una construcción reciente del coalescente de Bolthausen-Sznitman en términos de árboles aleatorios, lo cual evidencia la importancia de este tipo de representaciones.

Diego Ortega

Combining pairs of archaic and present-day samples to infer past demographic events

En esta plática hablaré de dos proyectos que estoy desarrollando para estudiar la demografía en el pasado combinando datos genómicos de una muestra tomada del presente y de otra muestra genómica tomada de un fósil. El primer proyecto trata sobre nueva teoría que he desarrollado para explicar cómo la medida de diferenciación genética F_{st} depende de la separación espacial y temporal cuando tomamos una muestra del presente y otra del pasado. Mostraré expresiones analíticas que explican cómo cambian los valores de F_{st} en una serie de modelos demográficos simples. El segundo proyecto trata sobre el desarrollo de un 'composite-likelihood method' para inferir tiempos de divergencia, tamaños poblacionales y tasas de migración bajo un modelo de aislamiento-migración. El método toma en cuenta cuatro características que se deben tomar en cuenta cuando se analiza una muestra de DNA fósil: la posibilidad de baja cobertura genómica, la presencia de contaminación, los errores de secuenciación y la diferencia temporal entre la muestra del presente y la muestra del pasado.

François Leyvraz

Cinética de procesos de agregación irreversible

En varias ramas de la física, procesos de agregación irreversible, o coalescencia, juegan un papel importante. En éstos se considera una cantidad grande, o infinita, de agregados de tamaños inicialmente pequeños, que evolucionan al juntarse al azar pares de agregados para formar otro cuyo tamaño es la suma de los dos agregados iniciales. La repetición de este proceso por tiempos largos lleva a una distribución de tamaños que depende de los detalles del proceso. En particular existe la posibilidad que aparezca un agregado infinito en tiempos finitos. Un enfoque particular consiste en describir este sistema mediante ecuaciones cinéticas, las llamadas ecuaciones de Smoluchowsky. Se describirán algunos resultados.

José Carlos Ramírez

Dinámica de plásmidos en ambientes fluctuantes

El genoma bacteriano está compuesto de un cromosoma circular que contiene genes esenciales, ocasionalmente acompañado de otras moléculas circulares más pequeñas, las cuales contienen genes no vitales pero sustanciales en determinados nichos. Estas moléculas, denominadas plásmidos tienen diversos tamaños y número de copias. Los plásmidos multicopia cuentan con un mecanismo de control del número

de copias, el cual no es exacto, esto genera variabilidad en el número de copias a nivel de una población de bacterias. Si asociamos el número de copias a un determinado fenotipo, entonces los plásmidos multicopia producen heterogeneidad en los fenotipos. El objetivo de este estudio es analizar las ventajas de portar un plásmido multicopia en ambientes fluctuantes. Para ello utilizamos un enfoque teórico-experimental tanto a nivel de poblaciones como a nivel de células individuales. Se observó que los plásmidos multicopia favorecen la diversidad genética en las poblaciones así como dentro de una misma bacteria. Dicha diversidad genética, y fenotípica, le permite a la población sobrevivir ante distintos regímenes ambientales. Encontramos que resulta más benéfico para una población contar con diversidad genética a nivel celular que contar con diversidad genética a través de subpoblaciones.

Lizbeth Peñaloza

La forma del seed-bank coalescent

El modelo *banco de semillas (seed-bank)* consiste en la evolución de linajes de plantas y un banco de semillas donde estas últimas permanecen dormidas durante un tiempo para luego reincorporarse y volverse plantas. En este modelo, las genealogías límites están dadas por un proceso de Markov llamado el coalescente *seed-bank*. El objetivo de este proyecto es estudiar el comportamiento asintótico de algunas funcionales de un árbol *seed-bank*, que podrían ser útiles en aplicaciones de genética. Por ejemplo, existe una relación entre el árbol genealógico de una muestra y el número de mutaciones observadas en ella. Es decir, si conocemos el comportamiento asintótico de la longitud total del árbol podemos deducir el comportamiento asintótico del número de mutaciones y también obtener un estimador de la tasa de mutación, describiendo la velocidad a la cual evoluciona una población. Finalmente, usamos una conexión con la distribución Poisson Dirichlet para calcular la longitud del coalescente *seed-bank*.

Marcos Capistrán

Reemplazo temprano de patógenos en un modelo de Influenza y virus sincicial respiratorio con vacunación parcial

En este trabajo, analizamos la descomposición espectral de las fluctuaciones de un modelo epidémico de dos patógenos en torno a su atractor determinista, es decir, estado estacionario o ciclo límite, para examinar el papel de la vacunación parcial y la interacción entre patógenos sobre el reemplazo temprano de patógenos durante las epidemias estacionales de influenza y virus sincicial respiratorio.

Ramón Plaza

Diffusive limits of stochastic velocity jump processes for biological agents

In this talk I will introduce some mathematical aspects related to mean field reaction-diffusion-chemotaxis systems that model the complex spatio-temporal dynamics of certain biological agents. Special attention will be paid to the formal derivation of such systems as the diffusive limit of stochastic velocity-jump processes. As an example, I will discuss a system with nonlinear degenerate cross diffusion and chemotactic terms proposed to model the aggregation patterns of the bacterium *Bacillus subtilis*.

Sandra Palau

Descomposición de los procesos de ramificación multi-tipo

En esta plática estudiaremos los procesos de ramificación multi-tipo con espacio de estados continuo. Mostraremos el comportamiento asintótico del proceso y que este depende de un parámetro. Cuando el proceso crece, daremos una descripción en termino de los individuos prolíficos.

Verónica Miró Pina

Cromosomas de colores

Durante esta plática analizaremos un modelo neutro de genética de poblaciones con recombinación. Imaginen una población con N individuos en la cual, en la generación 0 cada individuo tiene un cromosoma lineal y cada uno es de un color distinto. Cada individuo que nace hereda un cromosoma que es un mosaico de los cromosomas de sus dos padres. Y así, gracias a la recombinación, con el paso del tiempo los cromosomas de los individuos terminan siendo mosaicos de colores. Nuestro objetivo es estudiar ese mosaico: ¿cuantos colores tiene? ¿cual es la distribución de los colores? Eso nos permite responder a preguntas de interés biológico como: ¿cuantos ancestros reales tiene un cromosoma humano? ¿Cómo de grandes son los bloques IBD (idénticos por descendencia)? Además, presentaremos una aplicación del modelo al estudio de poblaciones híbridas que nos permite estimar el tiempo de hibridación.

Leticia Ramírez

Aproximaciones a procesos de infección en redes de contactos y retos en la inferencia para el proceso exacto

En la charla presento el modelo epidemiológico, de transmisión directa, basado en una red de contactos. Este proceso generaliza los modelos clásicos en donde se asume la ley de acción de masas. Si la red es de gran orden, el proceso infeccioso puede aproximarse con un proceso de ramificación y en este caso es posible realizar el cálculo de la verosimilitud. Sin embargo, en el caso de una red de orden pequeño, la estimación tiene que recurrir a métodos que no usen la verosimilitud. En esta charla también delinee el método Bayesiano para hacer inferencia sin verosimilitud.

Víctor Breña

De la evolución de poblaciones según su distribución espacial; un enfoque dinámico

La evolución de poblaciones de agentes bioquímicos es consecuencia de una amplia diversidad de interacciones de origen biológico, químico y físico. Estas interacciones, a su vez, son consecuencia de propiedades relacionadas con el medio y de los agentes que interactúan. En esta charla, con el fin de mostrar una conexión de algunas propiedades de transporte con la evolución de una población, desde el punto de vista de una caminata aleatoria, expondré los ingredientes clave que dan lugar a las ecuaciones de reacción-difusión-advección. Enseguida, expondré dos propuestas de modelos que tienen como objetivo describir los ingredientes dinámicos esenciales para: (i) la formación de somitas en seres vertebrados y, por otro lado, (ii) un fenómeno de autorregulación de bacterias debida a la producción y emisión de una concentración de autoinductores. Asimismo, expondré los resultados más relevantes del análisis riguroso de un modelo que describe un proceso dinámico y morfogenético en pelos radiculares a nivel subcelular, el cual es catalizado debido a la presencia de una distribución espacialmente heterogénea de la hormona auxinas.

Airam Blancas

Coalescentes anidados

Coalescentes anidados describen la dinámica de partículas encajadas en componentes, donde de manera Markoviana, tanto las componentes como las partículas dentro de una misma componente pueden fusionar. La representación de la evolución en el tiempo de esta clase de procesos origina árboles dentro árboles que modelan por ejemplo, la genealogía de individuos en la genealogía de las especies. En esta plática voy a definir y caracterizar los coalescentes anidados, para luego estudiar el comportamiento en tiempos pequeños del llamado coalescente anidado de Kingman

Carlos Díaz

Procesos puntuales espaciales como herramienta de análisis en ecología

Los procesos puntuales espaciales han cobrado popularidad en los últimos años debido a su utilidad para contestar diversas preguntas en campos científicos. En el campo de la ecología de comunidades, los procesos puntuales han mostrado su utilidad para detectar la presencia de interacciones intra e interespecíficas en ecosistemas boscosos o para evaluar el riesgo y los factores asociados a perturbaciones ecológicas como incendios forestales. Aunque la estimación de los parámetros de modelos en aplicaciones de procesos puntuales espaciales puede ser complicada, los avances en la parte computacional han permitido lograr aproximaciones numéricas aceptables, lo cual ha sido factor para su uso en diversos campos del conocimiento humano.

En esta charla se presenta un panorama general de los fundamentos teóricos de los procesos puntuales espaciales y se ilustra con un ejemplo de su aplicación en la construcción de mapas de riesgo de incendios forestales.

Eneas Aguirre

Estabilidad de comunidades bacterianas del suelo a niveles filogenéticos altos

La metagenómica ha abierto una nueva era en la exploración de las comunidades microbianas, al permitir una visión global de los microorganismos de un ambiente por primera vez en la historia de la humanidad. Estos estudios demostraron una tendencia generalizada, que cambió nuestra visión del mundo procarionta: la diversidad es mucho mayor de lo que se pensaba anteriormente. Conforme se acumularon estudios de la microbiota del suelo, otra observación inesperada surgió. A pesar de que hay grandes diferencias en las especies de microorganismos que se encuentran en suelos de distintas regiones, a nivel phylum hay una gran estabilidad, siendo los mismos phyla dominantes en todos los suelos. En este trabajo, se presentan datos de suelos de dos milpas en el estado de Hidalgo, separadas por cientos de kilómetros, donde se ve claramente la degradación de la correlación entre estas comunidades a niveles filogenéticos progresivamente más finos. Se utiliza análisis de redes de coexistencia para entender mejor la estructura de estos datos, y se plantea la pregunta: ¿Cómo podemos utilizar modelos probabilísticos para entender esta intrigante tendencia?