

SEMINARIO ALEATORIO 443

RECONSTRUYENDO LA GENEALOGÍA DE UNA MUESTRA EN UNA POBLACIÓN

RESUMEN:

En esta plática describiremos la genealogía generada por una muestra de k individuos seleccionados aleatoriamente de una población. En particular, consideraremos una población que evoluciona como un proceso de Bienaymé--Galton--Watson multitypo, en el cual cada individuo posee un tipo $i \in \{1, \dots, d\}$, entre $d \in \mathbb{N}$ posibles, y evoluciona de acuerdo con una ley de reproducción $\mu_i \in \mathbb{Z}_+^d$.

Nuestro objetivo es caracterizar la genealogía completa de la muestra, obteniendo información acerca del tiempo en el pasado en que sus ancestros comunes vivieron, los tipos de estos ancestros, sus leyes de reproducción y las tasas asociadas a su dinámica reproductiva. Mostraremos cómo la genealogía converge hacia un objeto límite universal relacionado con el coalescente de Kingman, aunque con una estructura más compleja al incorporar los tipos.

Finalmente, discutiremos cómo estos resultados han sido aplicados, en el caso unitipo, para construir un estimador de la tasa de crecimiento de células en la sangre humana y de sus mutaciones.

Presentado por



OSVALDO ANGTUNCIO

**Investigador Asociado en el Centro
de Investigación en Matemáticas
(CIMAT), México.**

**Candidato a investigador del
Sistema Nacional de Investigadores
en México**

Detalles del evento:

 **Fecha:** Viernes 03 de
octubre del 2025

 **Hora:** 13:00 (Hora Centro de
México)

 **Ubicación:** Salón 317