

**XXII ESCUELA DE PROBABILIDAD Y ESTADISTICA**  
**De 5 al 7 de junio de 2024**  
**CUCEI, Universidad de Guadalajara**

**RESÚMENES**

**MINICURSOS**

**Título:** *Métodos estadísticos aplicados a la bioinformática.*

**Ponentes:** Dr. Omar Paredes y MC. Moisés Sotelo (CUCEI, UdeG)

En el curso exploraremos cómo identificar y entender las diferencias entre las secuencias genómicas de ADN de diferentes organismos. Aprenderemos a utilizar patrones específicos en el ADN para detectar variaciones importantes en el genoma, lo que nos ayudará a comprender mejor la diversidad genética y su impacto en la evolución y otros aspectos biológicos. Este curso proporciona una introducción accesible al emocionante campo de la genómica diferencial y sus aplicaciones en la investigación biomédica y la biotecnología.

**Título:** **Superando barreras: Problemas de primer paso en finanzas y riesgo**

**Ponente:** Dr. José Luis Pérez Garmendia (CIMAT)

En este curso estudiaremos ciertos problemas en finanzas cuya solución se puede expresar explícitamente en términos del tiempo en el que el precio de un activo supera una barrera por primera vez. En específico, analizaremos los problemas de paro óptimo que surgen de la valuación de opciones americanas en varios contextos, así como su solución en términos de los tiempos de primer paso.

**Título:** *Introducción a las dinámicas de dispersión de enfermedades infecciosas en redes de contacto, sus simulaciones y aproximaciones*

**Ponente:** Dra. Leticia Ramírez (CIMAT)

Este curso ofrece una breve introducción a los modelos epidemiológicos de infecciones que se propagan a través de una red de contactos. Se presentarán algunos de los resultados más relevantes, así como algunos algoritmos para llevar a cabo la simulación estocástica de un proceso de infección. También se explorarán algunas aproximaciones a este proceso infeccioso, entre las cuales se destacan las aproximaciones de campo medio. Además, se proporcionarán ejemplos prácticos ilustrativos con código en Python.

## CONFERENCIAS

### **Título: MLOps: los retos de llevar la ciencia de datos a producción**

**Ponente: Dr. Omar Rojas Altamirano (Universidad Panamericana)**

En esta charla hablaremos sobre los retos que existen a la hora de llevar modelos de ciencia de datos, en particular Machine Learning (ML) a producción. Derivado de prácticas de software eficientes, llamadas DevOps, se ha acuñado el término MLOps (operaciones de ML) para referirse al conjunto de prácticas para automatizar y simplificar los flujos de trabajo y las implementaciones de ML. Entre los procesos contenidos en estos flujos, está el desarrollo de modelos y conjuntos de datos, las pruebas, la integración, el lanzamiento y la administración de la infraestructura. Discutiremos el ciclo de vida de los modelos de ML en producción y los distintos enfoques, principalmente el de Google, que se centra en tres pilares para la adopción de modelos de Inteligencia Artificial (IA): procesos, personas y tecnología, los cuales están estructurados en seis temas distintos: aprendizaje, liderazgo, accesibilidad, seguridad, escalabilidad y automatización.

Así, hablaremos de las ventajas de utilizar la estructura y flujos de trabajo de MLOps, sobre todo de cara a los enfoques centrados en datos, contra los enfoques centrados en modelos, así como aspectos de regulaciones de IA que toman estas buenas prácticas en consideración.

### **Título: Probabilidad Cuántica: Cuando el orden de las variables altera la esperanza.**

**Ponente: Dr. Josué Daniel Vázquez Becerra (CIMAT)**

En esta plática, veremos nociones básicas de la probabilidad cuántica, también llamada probabilidad no conmutativa, en la que las variables aleatorias son consideradas como objetos algebraicos. Cabe recordar que la noción de independencia de probabilidad clásica resulta en que la distribución conjunta de variables independientes está dada por el producto de las distribuciones individuales, así la esperanza del producto es el producto de las esperanzas. Resulta que el enfoque de probabilidad no conmutativa permite la generalización de la noción de independencia, dando lugar a 4 nociones naturales de independencia adicionales: Booleana, monótona, anti-monótona y libre. Veremos cómo esta última, la independencia libre, ha tenido un impacto considerable en el estudio de un objeto natural de la probabilidad clásica pero intrínsecamente no conmutativo: las matrices aleatorias.

### **Título: Método de edición genética CRISPR CAST: Un enfoque estadístico.**

**Ponente: Dr. Ernesto Borrayo (CUCEI, UdeG)**

En esta charla exploraremos las generalidades de la edición genética mediante la tecnología CRISPR/Cas9, con un enfoque especial en la importancia de la estadística para su implementación efectiva. En la primera parte, nos centraremos en los principios fundamentales de esta técnica, explorando sus aplicaciones potenciales y destacando las consideraciones clave para el diseño de ensayos exitosos. Posteriormente, se abordarán los conceptos esenciales del sistema CRISPR/Cas9 más ampliamente utilizado, así como las estrategias para diseñar guías ARN (gRNAs) eficientes. Discutiremos los puntos críticos en la selección de secuencias óptimas, los criterios para su evaluación, y exploraremos algunas de las herramientas informáticas disponibles para este propósito.

**Título: Modelos de predicción y machine learning****Ponente: Dr. Abelardo Montesinos López (CUCEI, UdeG)**

En esta presentación, abordaremos varios temas relacionados con las tareas de predicción. Comenzaremos resaltando la importancia de la predicción en diferentes áreas y exploraremos las ideas principales para establecer un marco para desarrollar modelos predictivos. A continuación, nos centraremos en el problema de la predicción con el modelo de regresión lineal múltiple, discutiendo sus limitaciones y las soluciones que han surgido, como la regresión Ridge y Lasso. También veremos métodos comunes para calibrar los parámetros de penalización en estas soluciones y exploraremos su enfoque Bayesiano. Después, mencionaremos algunas extensiones más flexibles de estos modelos predictivos y ofreceremos una visión general de otros modelos (paramétricos, semiparamétricos, no paramétricos) utilizados en el aprendizaje automático supervisado. Finalmente, concluiremos con algunas reflexiones sobre la utilidad y aplicabilidad de los modelos lineales en comparación con los modelos más complejos.

**Título: Juegos no cooperativos finitos****Ponente: Alejandra Fonseca Morales (UNISON)**

Estudiaremos algunos conceptos fundamentales de la teoría de juegos. Presentaremos ejemplos de juegos finitos y analizaremos sus principales características, incluyendo elementos básicos como jugadores, estrategias, pagos y soluciones. Además, discutiremos algunos problemas comunes que surgen al estudiar estos modelos.

**Simulación estocástica para modelos epidémicos****Ponentes: Dr. Abel Palafox González y Dr. Fernando I. Becerra López (CUCEI, UdeG)**

Algunos modelos epidemiológicos, como el modelo SIR, están gobernados por un sistema de ecuaciones diferenciales que no necesariamente tiene solución analítica. Por lo cual es obligado el uso de métodos numéricos. Los métodos numéricos para ecuaciones diferenciales ordinarias, en general ofrecen buenas aproximaciones del comportamiento de cada grupo poblacional. Sin embargo, cuando se quieren incorporar elementos cuya naturaleza es aleatoria (por ejemplo, fenómenos demográficos o vacunación) es más natural trabajar con versiones estocásticas del modelo. Consecuentemente, los métodos numéricos para este tipo de modelos, son también estocásticos. El método de simulación estocástica Gillespie es un método tipo Monte Carlo, y fue diseñado para simular reacciones químicas utilizando recursos computacionales limitados. Sucede que este algoritmo es capaz de generar trayectorias estadísticamente correctas, y en el caso de modelos epidemiológicos, permite seguir eventos a la escala de individuos. Como beneficio, el método Gillespie puede alcanzar estados en el sistema que no pueden ser capturados por la versión determinista. Al menos no de manera natural. En esta charla platicaremos sobre el algoritmo Gillespie y cómo lo podemos utilizar para plantear distintos escenarios en un fenómeno epidemiológico.