

# Moments et TCL pour le spectre de fréquence d'un splitting tree avec mutations Poissonienne neutre.

**Benoit HENRY**, Institut Elie Cartan de Lorraine, Vandoeuvre-Lès-Nancy

Dans cet exposé nous introduisons un modèle de dynamique des populations dans lequel les individus vivent et se reproduisent de manière i.i.d. Leurs durées de vie suivent une loi arbitraire alors que la reproduction se produit de manière Poissonienne (voir [1, 3]). Le processus  $(N_t, t \in \mathbb{R}_+)$  comptant le nombre d'individus vivant à un instant  $t$  est alors un processus de branchement, généralement non Markovien, dit de Crump, Mode et Jagers (binaire et homogène).

Nous supposons de plus que des mutations neutres touchent les individus indépendamment à taux  $\theta$  sous l'hypothèse d'infinité d'allèles: chaque nouvelle mutation touchant un individu remplace son type actuel par un totalement nouveau type. Ce mécanisme mène à une partition de la population par type. On appelle spectre de fréquence la suite  $(A(k, t))_{k \geq 1}$  où l'entier  $A(k, t)$  correspond au nombre de type représentés dans la population vivante au temps  $t$  pour  $k$  individus [2]. L'étude de cet objet est motivé par son utilisation par les biologistes pour détecter des gènes en cours de sélection dans des populations en croissance (voir [4]).

Il est connu que les quantités  $e^{-\alpha t} N_t$  et  $e^{-\alpha t} A(k, t)$  (où  $\alpha$  est le taux de croissance de la population) convergent presque sûrement vers une variable aléatoire exponentielle sur l'événement de non-extinction. Le but de l'exposé est d'une part de présenter une nouvelle méthode basé sur la représentation de la généalogie de la population vivante en  $t$  l'aide un *processus ponctuel de coalescence* (voir [2]), permettant de calculer les moments du spectre de fréquence. Et d'autre part de montrer un TCL pour les convergences de  $e^{-\alpha t} N_t$  puis de  $(e^{-\alpha t} A(k, t))_{k \geq 1}$  en utilisant conjointement des méthodes de renouvellement et les moments précédemment calculé.

## Références

- [1] Geiger, J., Kersting, G. *Depth-first search of random trees, and Poisson point processes*, Classical and modern branching processes (Minneapolis, 1994) IMA Math. Appl. Vol. 84, 1997.
- [2] Champagnat, N., Lambert, A., *Splitting trees with neutral Poissonian mutations I: Small families*, Stoch. Proc. Appl; **122**, 1003-1033, 2012.
- [3] Lambert, A. *The contour of splitting trees is a Lévy process*, Ann. Probab, **38**, 348-395, 2010.
- [4] Sabeti, P.C., Reich, D.E., Higgins, J.M., Levine, H.Z.P., Richter, D.J., Schaffner, S.F., Gabriel, S.B., Platko, J.V., Patterson, N.J., McDonald, G.J., Ackerman, H.C., Campbell, S.J., Altshuler, D., Cooperk, R., Kwiatkowski, D., Ward, R., Lander, E.S., *Detecting recent positive selection in the human genome from haplotype structure.*, Nature, **419**, 832-837, 2002.

**Benoit HENRY**, Institut Elie Cartan de Lorraine Université de Lorraine, Site de Nancy B.P. 70239, F-54506 Vandoeuvre-lès-Nancy Cedex  
benoit.henry@univ-lorraine.fr  
**Nicolas CHAMPAGNAT**, Institut Elie Cartan de Lorraine Université de Lorraine, Site de Nancy B.P. 70239, F-54506 Vandoeuvre-lès-Nancy Cedex  
Nicolas.Champagnat@inria.fr