Para un sitio i dado y un set de f\_ij para ese sitio, la probabilidad de aceptar la mutacion sera

p(i) = exp(-beta \* Sum(fij^2))

log(p)(i) = - beta \* Sum(fij^2).

El promedio de log(p) sobre mutaciones en el sitio i sera:

<log(p)> (i) = - beta Sum(<fij^2>).

Como <fij^2> no depende ni de i ni de j, es una constante, llamémosla f2:

<fij^2> = f2 = <fmax \* runif(1000, -1, 1)>

Entonces

<log(p)> (i) = - beta \* Sum(f2).

Como la suma es sobre todos los sitios j en contacto con i, o sea el número de contactos:

<log(p)> (i) = - beta \* f2 \* CN(i)

El promedio sobre todos los sitios es:

<<log(p)>> = - beta \* f2 \* <CN>.

O sea que aproximadamente vas a estar aceptando una proporción

w = exp(<<log(p)>>) = exp( -beta \* f2 \* <CN>) de las mutaciones que intentas.

Tipicamente, en un regimen de fuerte seleccion, se aceptan un 10-20% de las mutaciones, en un regimen intermedio 50%, con seleccion debil 80%, digamos.

Podes usar entonces

beta = - log(w) / (f2\*<CN>) con w = 0.2, 0.5, y 0.8.

Para verificar que esto este bien, cada vez que intentas una mutacion, podes aumentar un contador Nmut = Nmut+1 (inicializalo en 0), y cada vez que aceptas una mutacion Nsubs = Nsubs+1. Al final de un linaje podes calcular w = Nsubs/Nmut: la proporción de mutaciones aceptadas sobre intentos totales. Esto te debería dar más o menos lo esperado según la formula anterior.

En todo caso, hace un grafico de w (= Nsubs/Nmut) vs beta para ver lo que da. Es un grafico que podria ir eventualmente en el paper.