

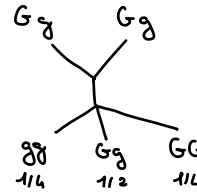
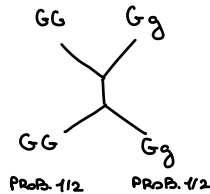
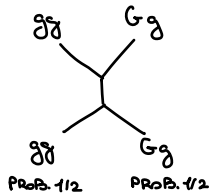
MODELO GENÉTICO: Animales que tienen un par de genes que pueden ser g, G

INDIVIDUO RECESIVO: gg

INDIVIDUO DOMINANTE: GG

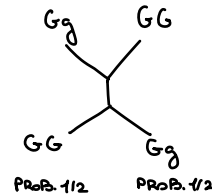
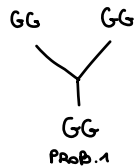
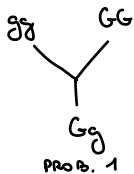
INDIVIDUO HIBRIDO: Gg

Modelo 1: cruce reiterado con un individuo híbrido



$$P_1 = \begin{matrix} & \begin{matrix} GG & Gg & gg \end{matrix} \\ \begin{matrix} GG \\ Gg \\ gg \end{matrix} & \begin{pmatrix} 1/2 & 1/2 & 0 \\ 1/4 & 1/2 & 1/4 \\ 0 & 1/2 & 1/2 \end{pmatrix} \end{matrix}$$

Modelo 2: cruce reiterado con un individuo dominante



$$P_2 = \begin{matrix} & \begin{matrix} GG & Gg & gg \end{matrix} \\ \begin{matrix} GG \\ Gg \\ gg \end{matrix} & \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0.5 & 0.5 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \end{pmatrix} \end{matrix}$$

PROBLEMA: Estimar $E_\pi[g(x)]$

Construir una cadena de Markov: $\vec{X}_0 \rightarrow \vec{X}_1 \rightarrow \dots \rightarrow \vec{X}_t \rightarrow \pi$
 $\downarrow \quad \downarrow$
 $\pi \quad \pi_1$

DEFINICIÓN: X cadena de Markov con espacio de estados E (finito o numerable)
 y matriz de transición P. Sean $\pi = (\pi_i)_{i \in E}$ una distribución de prob. sobre E

$$\pi_i \geq 0 \quad \text{y} \quad \sum_{i \in E} \pi_i = 1$$

$\rightarrow \pi$ es **invariante** o **estacionaria** para X

$$X_0 \sim \pi \Rightarrow X_t \sim \pi, \quad \forall t \geq 0$$

Se cumple si y solo si $\pi = \pi P$

$\rightarrow \pi$ es **distribución límite** de X si

$$\lim_{t \rightarrow \infty} P(X_t = j | X_0 = i) = \pi_j, \quad \forall i, j \in E \quad \left| \begin{array}{l} \Rightarrow \text{TIENE QUE SER} \\ \text{ESTACIONARIA} \\ (P(X_{t+1} = j | X_0 = i) = P(X_t = j | X_0 = i))P \\ \downarrow \quad \quad \downarrow \\ \pi \quad \quad \pi \end{array} \right.$$

EJEMPLO: $E = \{1, 2, 3\}$

$$P = \begin{pmatrix} 1/2 & 1/2 & 0 \\ 1/2 & 1/2 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}$$



$\pi = (1/3 \quad 1/3 \quad 1/3)$ es invariante $\rightarrow \pi P = \pi$

Sin embargo, $P(X_t = 3 | X_0 = 1) = 0 \neq 1/3$

\hookrightarrow DEFINIMOS CLASES Y CADENA DE MARKOV IRREDUCIBLE

EJEMPLO: $E = \{1, 2, 3\}$ $\pi = (1/3 \ 1/3 \ 1/3)$ es invariante



$\pi P = (1/3 \ 1/3 \ 1/3) = \pi$. Sin embargo

$$P(X_t = 1 \mid X_0 = 1) = \begin{cases} 1 & \text{si } t \text{ es múltiplo de } 3 \\ 0 & \text{en otros casos} \end{cases}$$

Luego tenemos la sucesión $1 \ 0 \ 0 \ 1 \ 0 \ 0$
 $\rightarrow \nexists \lim P(X_t = 1 \mid X_0 = 1)$

↪ DEFINIMOS EL PERIODO Y UNA CADENA DE MARKOV PERIODICA

⇒ TEOREMA ERGODICO!

Sea X una cadena de Markov irreducible y aperiódica con espacio de estados finito E . Entonces,

1. X tiene una única distribución invariante $\pi = (\pi_i)_{i \in E}$
2. π es la distribución límite de X
3. $\pi_i = 1/m_i$ para todo $i \in E$, donde $m_i = E[\tau(i) \mid X_0 = i]$

→ $\tau(i) = \inf \{ t \geq 1 \mid X_t = i \}$ y vale $+\infty$ si el conjunto es vacío ↳ SIEMPRE FINITA

Modelo genético

El tipo más simple de herencia de rasgos en animales ocurre cuando el rasgo está gobernado por un par de genes, cada uno de los cuales puede ser de dos tipos, digamos G y g . Un individuo se dice *dominante* si tiene la combinación GG , *recesivo* si tiene la combinación gg e híbrido si tiene la combinación Gg (que es genéticamente la misma que gG).

En el apareamiento de dos animales, la descendencia hereda un gen de cada progenitor. La asunción básica de los genetistas es que esos genes se seleccionan al azar, de manera independiente. Esta asunción determina la probabilidad de ocurrencia de cada tipo de descendencia. La descendencia de dos progenitores dominantes debe ser dominante, de dos progenitores recesivos debe ser recesiva y de un progenitor dominante y uno recesivo debe ser híbrida.

En el apareamiento de un progenitor dominante y uno híbrido, cada descendiente debe heredar un gen G del primero y tiene la misma posibilidad de heredar un gen G o un gen g del segundo. Por lo tanto, hay la misma probabilidad de obtener un descendiente dominante o uno híbrido. Igualmente, la descendencia de un progenitor recesivo y uno híbrido tiene la misma probabilidad de ser recesivo o ser híbrido.

En el apareamiento de dos progenitores híbridos, la descendencia tiene la misma posibilidad de obtener un gen G o un gen g de cada padre. Por lo tanto, tiene probabilidad 0.25 de ser dominante, 0.25 de ser recesivo y 0.5 de ser híbrido.

Consideremos un proceso de apareamiento continuado en el que siempre uno de los progenitores es híbrido. Asumimos que siempre hay al menos un descendiente, uno de los cuales es elegido al azar para participar en el siguiente apareamiento. Podemos modelizar este proceso mediante una cadena de Markov en la que los estados son pares de genes.

```
pares_genes <- c("GG", "Gg", "gg")
```

La matriz de probabilidades de transición viene dada por

$$P = \begin{pmatrix} .5 & .5 & 0 \\ .25 & .5 & .25 \\ 0 & .5 & .5 \end{pmatrix}$$

```
library(markovchain)

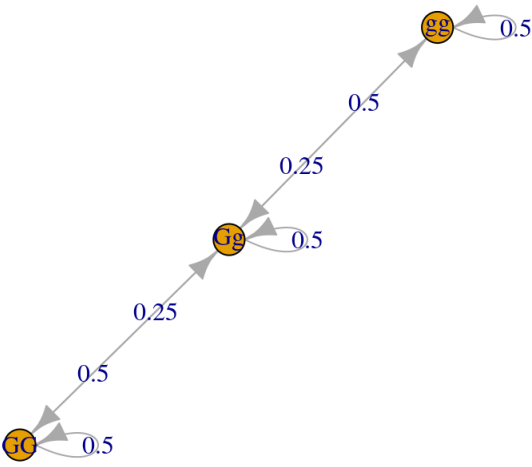
transicion_genetico_1 <- matrix(c(.5, .5, 0,
                                .25, .5, .25,
                                0, .5, .5),
                               nrow = 3, byrow = TRUE,
                               dimnames = list(pares_genes, pares_genes))

modelo_genetico_1 <- new("markovchain",
                        states = pares_genes,
                        transitionMatrix = transicion_genetico_1,
                        name = "Modelo genético 1")

modelo_genetico_1
```

```
## Modelo genético 1
## A 3 - dimensional discrete Markov Chain defined by the following states:
## GG, Gg, gg
## The transition matrix (by rows) is defined as follows:
##      GG  Gg  gg
## GG 0.50 0.5 0.00
## Gg 0.25 0.5 0.25
## gg 0.00 0.5 0.50
```

```
plot(modelo_genetico_1)
```



Si, por el contrario, el proceso de apareamiento se realizara con uno de los progenitores siempre dominante, entonces la matriz de transición sería

$$P = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ .5 & .5 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \end{pmatrix}$$

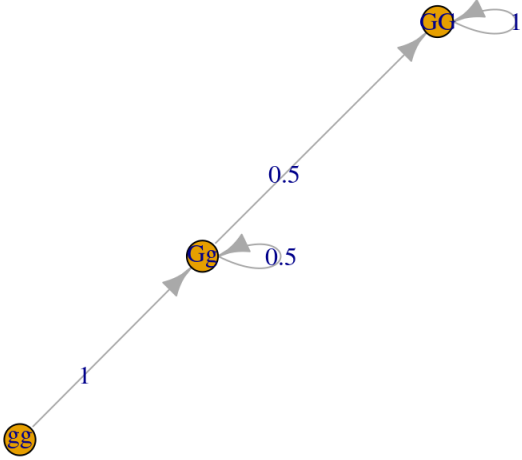
```
transicion_genetico_2 <- matrix(c(1, 0, 0,
                                .5, .5, 0,
                                0, 1, 0),
                               nrow = 3, byrow = TRUE,
                               dimnames = list(pares_genes, pares_genes))

modelo_genetico_2 <- new("markovchain",
                        states = pares_genes,
                        transitionMatrix = transicion_genetico_2,
                        name = "Modelo genético 2")

modelo_genetico_2
```

```
## Modelo genético 2
## A 3 - dimensional discrete Markov Chain defined by the following states:
## GG, Gg, gg
## The transition matrix (by rows) is defined as follows:
##      GG  Gg  gg
## GG 1.0 0.0 0
## Gg 0.5 0.5 0
## gg 0.0 1.0 0
```

```
plot(modelo_genetico_2)
```



A continuación calculamos las clases de estados comunicantes y comprobamos que el primer modelo de apareamiento continuado es una cadena de Markov irreducible.

```
communicatingClasses(modelo_genetico_1)
```

```
## [[1]]
## [1] "GG" "Gg" "gg"
```

```
is.irreducible(modelo_genetico_1)
```

```
## [1] TRUE
```

Sin embargo, en el segundo modelo hay estados que no son accesibles entre sí, por lo que la cadena de Markov no es irreducible.

```
for (i in pares_genes) {
  for (j in pares_genes) {
    print(sprintf("%s es accesible desde %s: %s", j, i,
                is.accessible(modelo_genetico_2, from = i, to = j)))
  }
}
```

```
## [1] "GG es accesible desde GG: TRUE"
## [1] "Gg es accesible desde GG: FALSE"
## [1] "gg es accesible desde GG: FALSE"
## [1] "GG es accesible desde Gg: TRUE"
## [1] "Gg es accesible desde Gg: TRUE"
## [1] "gg es accesible desde Gg: FALSE"
## [1] "GG es accesible desde gg: TRUE"
## [1] "Gg es accesible desde gg: TRUE"
## [1] "gg es accesible desde gg: TRUE"
```

```
communicatingClasses(modelo_genetico_2)
```

```
## [[1]]
## [1] "GG"
##
## [[2]]
## [1] "Gg"
##
## [[3]]
## [1] "gg"
```

```
is.irreducible(modelo_genetico_2)
```

```
## [1] FALSE
```