

88/201

15  
22j

**UNIVERSIDAD ANAHUAC**  
**ESCUELA DE ACTUARIA**

con Estudios incorporados a la Universidad Nacional Autónoma de México



**UNIVERSIDAD ANAHUAC**  
VINCE IN BONO MALUM

**UNA APLICACION DEL ALGEBRA LINEAL ENFOCADA**  
**A ALGUNOS ASPECTOS DE LA GENETICA.**

**T E S I S**

Que para obtener el título de  
**A C T U A R I O**

presenta

**MARCELA ANDREA ZUCHOVICKI SCHARF**

México, D. F.

TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN

1988



Universidad Nacional  
Autónoma de México



**UNAM – Dirección General de Bibliotecas**  
**Tesis Digitales**  
**Restricciones de uso**

**DERECHOS RESERVADOS ©**  
**PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL**

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.

## INDICE

|   | Página |
|---|--------|
| Introducción-----   | 1      |
| <br>  |        |
| Capítulo 1. Genética-----   | 4      |
| 1.1 Definición de Genética-----                                       | 5      |
| 1.2 Historia de la Genética-----                                      | 5      |
| 1.3 Constitución Genética-----  | 6      |
| 1.4 Herencia y El Medio Ambiente-----                                 | 12     |
| 1.5 Principales formas de Herencia--                                  | 12     |
| 1.6 Tratamiento y Prevención de las<br>Enfermedades Hereditarias----- | 22     |
| 1.7 Riesgos de Padecimientos en<br>Enfermedades Hereditarias-----     | 23     |
| 1.8 Objeto del estudio de la<br>Genética-----                         | 24     |
| <br>  |        |
| Capítulo 2. Algebra Lineal- 27  |        |
| 2.1 Definición de Matriz-----   | 28     |
| 2.2 Algunas Operaciones de Matrices- 29                               |        |
| 2.3 Matrices Especiales-----  | 32     |
| 2.4 Concepto de Espacio Vectorial--- 33                               |        |
| 2.5 Autovalor y Autovector de una<br>Matriz-----                      | 36     |
| 2.6 Diagonalización de una Matriz--- 41                               |        |
| 2.7 Cadena de Markov-----   | 43     |

|                                   |    |
|-----------------------------------|----|
| Capítulo 3. Aplicación del        |    |
| Algebra Lineal a la Genética--    | 46 |
| 3.1 Planteamiento del Modelo----- | 47 |
| 3.2 Aplicaciones-----             | 55 |
| A. Modelo Aplicado a la Herencia  |    |
| Autosómica-----                   | 55 |
| B. Modelo Aplicado a la Herencia  |    |
| Ligada al Sexo-----               | 76 |
| Bibliografía-----                 | 86 |

"Gran parte de la inspiración matemática proviene de la experiencia, y apenas es posible creer en la existencia de un concepto absolutamente inabundante de rigor matemático disociado de toda experiencia humana."

John Von Neumann

## INTRODUCCIÓN

La intención de esta tesis es la de mostrar que el razonamiento matemático puede ser de gran valor para las llamadas ciencias no exactas. En nuestro caso veremos una aplicación a la genética, que es una rama de la Biología.

El propósito primordial de este trabajo es el estudio del enfoque de un modelo matemático del álgebra lineal hacia algunas características de la Genética.

Esta tesis está dividida en tres Capítulos. El primer capítulo comprende un planteamiento de lo que consideré lo más relevante del estudio de la Genética para así poder entender la terminología y los conceptos del tercer capítulo.

En el capítulo dos exponemos las definiciones y conceptos matemáticos que necesitamos para usar el modelo en el siguiente capítulo.

Tanto el primer como el segundo capítulo son una base para el capítulo tres, que trata de la construcción del modelo para predecir cómo se distribuyen algunos tipos de herencia -estudiados en la genética- en una determinada generación. Es aquí donde tengo la elaboración del modelo, así como varios ejemplos de aplicaciones a éste.

Todas las ejemplificaciones pueden aplicarse desde otro enfoque matemático llamado Cadenas de Markov.

Uno de los ejemplos del tercer capítulo es planteado dos veces: una desde el punto de vista del modelo y la otra usando Cadenas de Markov. Aunque en ambos planteamientos llegamos a la misma conclusión, traté de mostrar que con el uso del Algebra Lineal la solución de este problema fué mas sencilla.

"So Nature deals with us, and takes away  
Our playthings one by one, and by the hand  
Leads us to rest so gently, that we go  
Scarce knowing if we wish to go or stay,  
Being too full of sleep to understand  
How far the unknown transcends the what we  
know."

Henry Wadsworth Longfellow

L - G E N E T I C A



## 1.- Genética

### 1.1. Definición de Genética

Es la ciencia que se preocupa principalmente del conocimiento de las propiedades biológicas que se transmiten de padres a hijos. Mediante la experimentación y el estudio, los genéticos han establecido ciertas reglas que caracterizan la transmisión de la herencia biológica. (4)

La Genética es el estudio científico de la herencia y de su variación en todos los organismos vivientes. (4)

### 1.2. Historia de la Genética

Fue llamada bajo este nombre por William Bateson en 1906. La herencia de los rasgos físicos y de las enfermedades se conoce desde el inicio de la historia de la medicina occidental y antes del siglo XX, ésta se consideraba como una mezcla de caracteres. Pocas ciencias tienen un comienzo tan claro como la Genética, ya que con el significado actual empezó a mediados del siglo XIX con los experimentos de un monje austriaco Gregorio Johan Mendel (1822-1884) quien inició sus investigaciones en 1856 empleando guisantes para averiguar como se heredaban los caracteres individuales.

Publicó sus resultados en 1866 en la revista de la Sociedad de Historia Natural de Brunn.

Mendel tuvo éxito en sus investigaciones gracias a su brillante perspicacia y metecología: prestó atención a un solo rasgo

(4) Adrian H. SKB. et al. "Genética General". p.15,16. cita bibliográfica #19.

(4) James H. Otto. Albert Towle. "Modern Biology", p.132 cita Bibliog. #28.

cada vez, se aseguró que fueran variedades puras y tuvo un enfoque cuantitativo en su estudio y aunque fue presentada como hipótesis, el tiempo ha demostrado que es fundamentalmente definitiva y correcta.

En realidad este fue el único método de análisis genético hasta el descubrimiento de la genética molecular en los años cincuenta.

### 1.3 Construcción Genética

Cada una de las células, de los muchos millones que pueden constituir un organismo, esta formada por la membrana celular, el citoplasma y el núcleo con su respectiva membrana nuclear. (Fig.1)

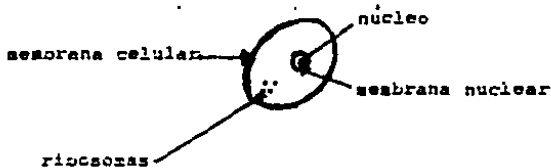


Figura 1

El material genético se encuentra en el núcleo de todas las células del organismo.

El núcleo esta constituido por ácido desoxirribonucleico (ADN) cuya molécula esta formada por una doble cadena de nucleótidos en forma de hélice.

Un nucleótido esta formado por una de las 4 bases (adenina, guanina, timina, citosina), una pentosa (desoxirribosa) y un fosfato.

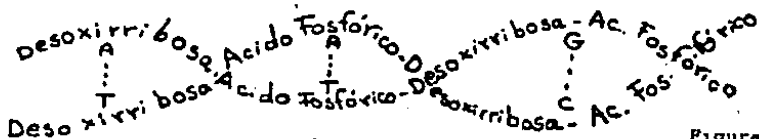


Figura 2

Al constituirse la doble cadena de ADN, las bases se sitúan en la porción interna, una enfrente a otra de tal manera que la guanina en una cadena siempre se aparea con la citosina en la otra cadena, y la adenina con la timina. De esta forma la secuencia de bases en una de las dos cadenas es complementaria de la otra.

Esta estructura permite que el ADN se duplique molécula a molécula antes de toda división celular.

#### Definición de Gen

Desde el punto de vista funcional un gen es la porción de esta doble hélice de ADN, que contiene la información necesaria para la síntesis de un polipéptido específico. Varios polipéptidos formaran la estructura de una proteína o enzima.

Muchos genes unidos uno tras otro como las cuentas de un collar formaran un cromosoma.

En otras palabras, los genes son porciones de cromosomas que contienen la información que determina las características genéticas. Estos son las unidades de transmisión hereditaria.

Todas las células de un individuo de la especie humana contienen 46 cromosomas (23 de los cuales un miembro del par es de origen paterno y el otro de origen materno).

De los 23 pares, 22 son idénticos en el hombre y en la mujer y se denominan autosomas y un par difiere en ambos sexos llamados sexocromosomas.

En la mujer ~~este~~ <sup>está</sup> representado por dos cromosomas idénticos XX, y en el hombre por dos cromosomas diferentes: un X y un Y.

La función del material genético es la siguiente:

Para que el código contenido en el ADN se traduzca en una proteína es necesaria la intervención de otro tipo de ácido nucleico: El ácido ribonucleico (ARN). El ARN es una cadena simple de nucleótidos que contiene ribosa en lugar de desoxirribosa y uracilo en vez de timina.

### Transmisión del material genético

Las células somáticas, es decir todas las células del organismo menos las germinales, se dividen y transmiten su material genético a las células hijas por medio de la duplicación de este material y el mecanismo de la mitosis.

Para la transmisión del material genético de una generación a otra intervienen 2 procesos: la meiosis y la fecundación. La meiosis es la división que sufren las células germinales en las gonadas para originar a los gametos (óvulos o espermatozoides). Durante la meiosis los pares cromosómicos se separan (segregan) en los gametos de tal manera que cada gameto recibe un miembro de cada par cromosómico, es decir 23 cromosomas. Además en las primeras fases de la meiosis ocurre normalmente el intercambio génico (crossing over) que resulta del intercambio de genes situados en los mismos lugares de dos cromosomas homólogos que integran un par cromosómico.

Los cromosomas que forman un par se dicen que son homólogos y los genes que están contenidos también se llaman homólogos.

Durante la fecundación se fusionan los núcleos de 2 gametos (óvulo y espermatozoide) y se restablece el número cromosómico humano normal en el cigoto.

El cigoto ha recibido, por lo tanto la mitad de sus cromosomas del padre y la otra mitad de la madre.

En el momento que se forma el cigoto se establece el sexo cromosómico que aporte el espermatozoide (X o Y), ya que el óvulo siempre contiene un X.

Los 46 cromosomas del cigoto con sus miles de genes constituyen el genotipo del nuevo individuo; su expresión final en términos de características físicas, bioquímicas, funcionales será el fenotipo. El fenotipo resulta de la estrecha interacción entre genotipo y medio ambiente.

### Acción Génica

Las diferencias entre los organismos son debidas a diferencias en los procesos fisiológicos de sus células que están determinadas por la acción génica.

La acción de los genes a nivel molecular implica síntesis de proteínas y enzimas que interactúan en una célula y entre varias células.

El resultado final de la acción génica es por lo tanto un carácter que puede ser una característica observable en el individuo o una propiedad bioquímica, un proceso celular o una estructura anatómica. Si un gen que interviene en la síntesis de una proteína muta (se altera) se formará una proteína anormal. Si dicha proteína es

importante en la estructura de diferentes órganos y tejidos, en ellos se observará el efecto nocivo del gen mutado.

Un solo gen puede causar un conjunto de características, lo que se llama síndrome clínico.

Para comprender la acción de los genes es necesario tener en cuenta los siguientes conceptos:

-Los genes encargados de una misma función generalmente ocupan el mismo lugar (locus) en los cromosomas homólogos y se denominan alelos.  
-Cuando dos alelos son idénticos se dice que el individuo es homocigoto con respecto a ese par de genes. Si, por lo contrario los alelos son diferentes el individuo es heterocigoto.

NOTA: Llamamos a "A" gen dominante y a "a" gen recesivo.

-Cuando en el heterocigoto un gen manifiesta su efecto sobre el de sus alelos se dice que es dominante. Ejemplo: (A,a)

-Por el contrario un gen es recesivo cuando para manifestarse el individuo necesita ser homocigoto. Ejemplo: (a,a)

-En ocasiones el heterocigoto puede expresar el fenotipo de ambos alelos. En este caso se habla de codominantes.

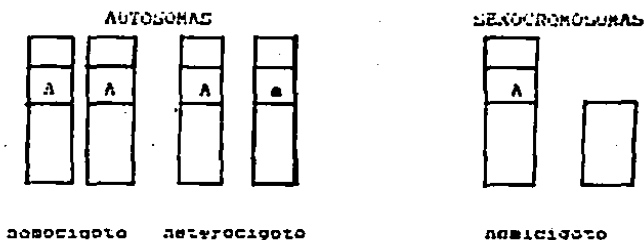
-Los genes que se encuentran en los cromosomas autosómicos se denominan autosómicos.

-Los genes localizados en los cromosomas X o Y (sexocromosómicos) se llaman ligados al sexo.

-Con respecto a los genes que se encuentran en el X, la mujer que tiene dos cromosomas X, puede ser heterocigota, mientras que el hombre que únicamente tiene un X, será siempre hemocigoto para todos los genes

de A. Todos estos genes sean dominantes o recesivos se manifiestan en el nombre fenotípico.

Ejemplo:



Una característica, rasgo o síntoma que puede o no manifestarse en el nacimiento, pero que es causa de alguna alteración en el material genético se llama hereditario.

Cada rasgo que aparece en el nacimiento, sea o no hereditario se llama congénito.

#### REGULACIÓN DE LA EXPRESIVIDAD Y PENETRANCIA

La expresión genética está representada por las funciones de expresividad y penetrancia. La primera indica la variabilidad fenotípica producida por un mismo gen y penetrancia se refiere a la presencia o ausencia de un rasgo: es decir es un fenómeno de todo o nada, abarca también la frecuencia con la que un genotipo se hace manifiesto entre los individuos portadores. Representa por lo tanto un caso estadístico.

#### 1.4 Herencia y el Medio Ambiente

Toda característica de los organismos vivos, tanto los normales como los anormales, son el resultado de la interacción que existe entre el genoma y el medio que los rodea.

Para la determinación de algunas de las características de los organismos, los factores más importantes son los hereditarios, mientras que para otras son los ambientales, aunque por lo general participen ambos.

Desde el momento de la fecundación en el individuo, interactúan dos tipos de influencias. La primera de éstas es la herencia que dará la información de las características como por ejemplo grupos sanguíneos. La segunda involucrada en el desarrollo del individuo es el medio ambiente, que junto con el material genético dará algunas características como: talla, constitución del cuerpo, color del pelo, de los ojos, etc.

#### 1.5 Mecanismos de la Herencia

Las características genéticas, tanto las normales como las anormales, se heredan de dos maneras cromosómicas.

##### 1.5.1 En forma mendeliana simple

##### 1.5.2 En forma poligénica o multifactorial

#### 1.5.1 Herencia Mendeliana simple

La herencia mendeliana simple es aquella en la que la presencia o ausencia de una característica depende de un solo par de genes alelos. Si los genes que determinan alguna característica se encuentran



en alguno de los 23 pares de autosomas, entonces dicha característica se llama herencia autosómica. Si estos genes que determinan alguna característica están situados en cromosomas sexuales, se llama herencia ligada al sexo.

### Patrones de Herencia

Dependiendo del efecto del gen (dominante o recesivo) y de su localización (en autósoma o en X), las características se heredan en formas:

- |                          |   |                         |
|--------------------------|---|-------------------------|
| A) Autosómica dominante  | } | Herencia autosómica     |
| B) Autosómica recesiva   |   |                         |
| C) Ligada al X recesiva  | } | Herencia ligada al sexo |
| b) Ligada al X dominante |   |                         |

A) Herencia autosómica dominante.- El gen dominante se expresa en el individuo heterocigoto, que lo ha heredado, sin importar el estado de su alelo.

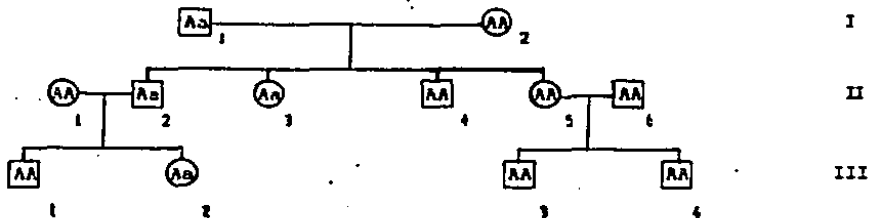
Por lo tanto, todo individuo que hereda el gen tendrá la característica o enfermedad. Como los genes dominantes que producen enfermedades son raros, el individuo casi siempre hereda el gen de un sólo de sus progenitores y del otro hereda el alelo normal, por lo tanto es heterocigoto. A su vez, lo más probable es que se case con una persona normal y así sus hijos recibirán de su conyugue el gen normal y tendrán la probabilidad de recibir de él el gen anormal o el gen normal. El riesgo de que un hijo herede el gen anormal es entonces del 50%. Por otra parte, el hijo que no hereda el gen, no estará afectado y no

transmitirá el carácter a su descendencia.

Como el gen autosómico no tiene relación en la segregación del X ó del Y en los espermatozoides, ambos sexos están igualmente afectados. Generalmente todo individuo con la característica o enfermedad tiene un progenitor afectado, a menos de que se trate de una mutación de novo es decir ocurrida en uno de los gametos que se unieron para formar el cigoto.

En la actualidad se conocen cuando menos 934 enfermedades que se heredan en forma autosómica dominante y otras 893 que probablemente se transmiten así. (1)

Ejemplo:



Notación:  $\square^{Aa}$  nombre heterocigoto       $\circ^{Aa}$  mujer heterocigota  
 $\square^{AA}$  nombre homocigoto normal       $\circ^{AA}$  mujer homocigota normal

Este árbol genealógico es un ejemplo de una característica heredada en forma autosómica dominante. En este ejemplo se representan, dentro de los círculos y los cuadros, los cromosomas en donde se encuentran los genes que determinan esa característica. Al gen

(1) Victor A McKusick, MD. "Mendelian Inheritance in Man", pag. 545. cita bibliográfica #21.

dominante se le identifica con la letra "A". Podemos observar que la característica sólo está presente en aquellos sujetos que tienen el gen dominante (I-1, II-2, II-3, III-2), y que además son los únicos que la pueden transmitir.

b) Herencia autosómica recesiva.- Un gen recesivo sólo produce enfermedad en el individuo homocigoto para ese par de alelos, por lo tanto, la persona afectada habrá recibido un gen mutante en cada uno de sus padres. Los padres del afectado son entonces heterocigotos para ese gen y son sanos precisamente porque, un gen recesivo no se expresa en los heterocigotos.

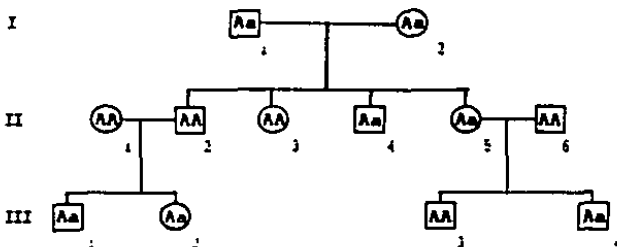
Los hijos de una pareja de heterocigotos pueden heredar ambos alelos normales y ser homocigotos normales, con una probabilidad de 1:4 (25%) o bien heredar el gen mutante de la madre y el normal del padre, o bien el gen mutante del padre y el normal de la madre. En éstas dos situaciones el hijo será heterocigoto normal al igual que los progenitores, con una probabilidad de 2:4 (50%). Si el hijo hereda el gen mutante de ambos padres será homocigoto y estará afectado, con una probabilidad de 1:4 (25%) de ser homocigoto y presentar la enfermedad ó el carácter.

Puesto que los heterocigotos para los genes mutantes recesivos son normales, y los afectados sólo aparecen cuando se casan dos heterocigotos, generalmente los árboles genealógicos no indican la presencia de la enfermedad entre los ancestros del caso índice y los afectados se observan en la misma hermandad. Son excepcionales las familias en las que hay un ancestro común y matrimonios consanguíneos

frecuentes, en las que los heterocigotos se están casando entre ellos y produciendo homocigotos afectados en varias generaciones. Esto sucede en poblaciones aisladas cultural o geográficamente en las que se detecta una incidencia elevada de algún padecimiento autosómico recesivo.

Actualmente se conocen cuando menos 588 enfermedades autosómicas recesivas y otras 710 que muy probablemente se hereden de la misma manera. (\*)

Ejemplo:



Notación:  $\boxed{Aa}$     $\bigcirc Aa$    heterocigotos  
 $\boxed{aa}$     $\bigcirc aa$    homocigotos que presentan la característica  
 $\boxed{AA}$     $\bigcirc AA$    homocigotos normales.

El árbol genealógico es un ejemplo típico de una característica heredada en forma autosómica recesiva. Los sujetos afectados deben tener el gen que los distingue en doble dosis, por lo que únicamente los individuos homocigotos II-2 y II-3 están afectados, mientras que

(\*) IBID. pag.545. cita bibliográfica #21

los heterocigotos I-1, I-2, II-5, III-1, III-2 y III-4 no presentan la característica.

C) Herencia ligada al X recesiva.- Como ya se ha mencionado, la mujer tiene 2 cromosomas XX y por lo tanto puede ser heterocigota u homocigota con respecto a los genes que se encuentran en el X. En ella, la relación de dominancia y recesividad se lleva a cabo en forma parecida a los genes autosómicos. Por el contrario, en el hombre que sólo tiene un cromosoma X y es hemocigoto, todos los genes que se encuentran en su único X se expresan sin importar si en la mujer su efecto es dominante o recesivo.

Quando se trata de un gen ligado al X recesivo, la mujer heterocigota que procrea con un hombre normal, puede transmitir el cromosoma X con el gen mutante a una hija que será heterocigota normal ó a un hijo que por ser hemocigoto expresará el fenotipo mutante. Por otra parte puede heredar el gen normal a una hija o a un hijo y ambos serán normales. Por lo tanto tiene un riesgo de 1:4 o 25% de procrear un hijo enfermo, 1:4 o 25% de tener una hija heterocigota y 50% de que nazcan niños o niñas normales. Cuando el hombre afectado se casa con una mujer homocigota normal, transmite el X con el gen mutante a todas sus hijas que serán heterocigotas, mientras que a los varones transmite el Y, consiguientemente no se observa transmisión directa de hombre a hombre.

Para que una mujer presente una enfermedad ó carácter recesivo ligado al X, necesita recibir el gen mutante del padre (afectado)

y de la madre portadora (heterocigota). Esta situación se presenta raramente.

Ejemplo:

La hemofilia es un padecimiento recesivo ligado al X, que consiste en un déficit en la coagulación de la sangre, lo que motiva que las hemorragias sean copiosas. A continuación se analizarán casos en los que se puede o no presentar la hemofilia.

Con la siguiente notación analizaremos la situación presentada en la tabla de abajo:

$X(A)Y$  hombre sano

$X(a)X(a)$  o  $X(a)X(A)$  mujer portadora de hemofilia

$X(a)X(a)$  mujer enferma

$X(A)X(A)$  mujer sana

$X(a)Y$  hombre enfermo

El macho posee un gen ( $A$  ó  $a$ ) y la hembra dos ( $AA, Aa$  ó  $aa$ ) en sus respectivos cromosomas X, en cambio del cromosoma Y lo único que se sabe es la determinación del sexo.

| ♀ \ ♂  | $X(A)$     | $Y$     |
|--------|------------|---------|
| $X(a)$ | $X(a)X(A)$ | $X(a)Y$ |
| $X(A)$ | $X(A)X(A)$ | $X(A)Y$ |

Usando la tabla anterior llamada cuadro de Punnett, debido a

su diseñador R.C. Punnett, se observa que en el caso de cuatro hijos las posibilidades de que se presente la hemofilia son las siguientes:

- Una hija portadora de la enfermedad, lo que equivale a un 25% de ésta población.
- Un hijo enfermo, lo que equivale también a un 25% de ésta población
- Y por último, una hija y un hijo sanos, lo que equivale a un 50% de la población.

En el siguiente caso se analiza a los hijos de un hombre enfermo con una mujer sana:

|       |          |       |
|-------|----------|-------|
| ♀ \ ♂ | X(a)     | Y     |
| X(A)  | X(A)X(A) | X(A)Y |
| X(A)  | X(A)X(a) | X(A)Y |

Se observa que de cuatro hijos, dos hijas serán portadoras y dos hijos sanos.

En el caso de una mujer enferma y un hombre sano, las posibilidades de cuatro hijos son, dos hijas portadoras y todos los hijos varones serán afectados.

|       |          |       |
|-------|----------|-------|
| ♀ \ ♂ | X(A)     | Y     |
| X(a)  | X(a)X(A) | X(a)Y |
| X(a)  | X(a)X(A) | X(a)Y |

Por último se puede observar que los hijos de una mujer enferma y un hombre enfermo serán siempre enfermos.

|       |          |       |
|-------|----------|-------|
| ♀ \ ♂ | X(a)     | Y     |
| X(a)  | X(a)X(a) | X(a)Y |
| X(a)  | X(a)X(a) | X(a)Y |

Las peculiaridades de este tipo de herencia se explican, ya que como el gen anormal es recesivo, éste no se expresa en las mujeres heterocigotas, y en cambio si se manifiesta en los hombres que presentan una sola copia del gen anormal en el cromosoma X, en donde no está presente el alelo correspondiente, puesto que el cromosoma Y no contiene los mismos genes que el cromosoma X.

D) Herencia dominante ligada al X.- Existen algunos caracteres y padecimientos determinados por los genes dominantes localizados en el cromosoma X. Estos genes se expresan tanto en las mujeres heterocigotas, como en los varones hemocigotos. La mujer heterocigota afectada tiene 50% de riesgos de transmitir el X con el gen mutante a cualquiera de sus hijos independientemente del sexo del producto. Por otra parte el hombre afectado transmite su X con el gen mutante a todas sus hijas que estarán afectadas como él y a ninguno de sus hijos varones.

Es frecuente que el efecto del gen mutante sea mayor en los hombres que lo heredan que en las mujeres y en algunos casos este efecto es letal para el hombre in utero. Las historias familiares muestran, mujeres afectadas y una mayor incidencia de abortos.

Los rasgos y enfermedades que se transmiten como dominantes ligados al X, son tan escasos que varios autores no los describen.

En resumen, la herencia ligada al sexo funciona de la siguiente manera: un descendiente macho recibe con igual probabilidad uno de los genes de su madre y una descendiente hembra recibe con igual



probabilidad el gen de su padre y uno de su madre.

En la actualidad se conocen cuando menos 115 enfermedades ligadas al X y otras 128 que muy probablemente se heredan de la misma forma. (\*)

#### 1.5.2 Herencia Poligénica o multifactorial

En éste tipo de herencia no interviene un gen o un par de genes sino el efecto aditivo de múltiples genes que interaccionan con el medio ambiente. Como ejemplo de ésta herencia tenemos: la estatura, la inteligencia, el color de la piel y la mayor parte de las malformaciones congénitas únicas.

Los caracteres producidos por factores múltiples suelen distribuirse en la población de acuerdo a la curva normal de distribución continua.

Características de la herencia multifactorial:

- A) La frecuencia del carácter en los parientes de primer grado de un afectado es aproximadamente igual a la raíz cuadrada de la frecuencia de la población.
- B) El riesgo de recurrencia aumenta después del nacimiento de dos hijos afectados.
- C) El riesgo de recurrencia es más alto si el defecto es más severo.
- D) El riesgo de recurrencia es más alto si el propósito es del sexo menos frecuente afectado por el defecto.

A diferencia de la herencia mendeliana simple (en el cuál una enfermedad puede o no aparecer dependiendo de cómo estén determinados

(\*) Ibid. pag. 545. cita bibliográfica 61

los cromosomas) en la multifactorial, la frecuencia de los padecimientos es mayor entre los parientes de los sujetos afectados que entre la población en general. y tanto más frecuente cuanto más cercano es el parentesco.

La manera de averiguar si una enfermedad es transmitida conforme a este tipo de herencia es comparando el parecido que existe en relación a la característica, entre individuos que tengan diferentes grados de parentesco. Esta forma de análisis se basa en el hecho que mientras más cercano es el parentesco entre dos personas, más genes tienen en común, y por lo tanto si una característica es determinada genéticamente serán más parecidas en cuanto al rasgo un padre y su hijo, que dos primos hermanos.

#### 1.6 Tratamiento y Prevención de las Enfermedades Hereditarias

Existen anormalidades cromosómicas a las cuales se deben algunos padecimientos, que pueden afectar el número o la estructura de los cromosomas, e involucrar los autosomas o bien los cromosomas sexuales.

Desde hace tiempo se ha considerado la posibilidad de tratar enfermedades hereditarias mediante la modificación del medio ambiente, en el que la enfermedad genética se desarrolle, o trabajando con el material genético.

En el primero de los casos sería una manipulación del medio ambiente que se harían procedimientos tales como: evitar el contacto de sustancias peligrosas que pueden afectar a un organismo; la administración de productos deficientes o simplemente administrar enzimas suplementarias.

En el segundo de los casos se realizará una manipulación del material genético, que es un procedimiento relativamente nuevo que consiste en lo que se llama ingeniería genética, que trata de modificar la codificación de los genes anormales.

El consejo genético es importante, ya que consiste en proporcionar información sobre el riesgo de que ocurra o se repita una enfermedad genética en la familia.

Para proporcionar consejo genético adecuadamente es necesario contar con el diagnóstico preciso de la enfermedad sobre la que se va a informar, conocer cómo se hereda el padecimiento, comunicar el riesgo al interesado para que así se decida algún curso de acción, analizar y registrar los resultados, a corto y a largo plazo del consejo genético para conocer su efectividad.

En las decisiones que toman los interesados después de recibir asesoramiento genético no interviene exclusivamente los aspectos médicos, sino que influyen también factores culturales, emocionales, familiares, financieros, legales, religiosos, etc.

### 1.7 Riesgos de Padecimientos en Enfermedades Hereditarias

a) Riesgos en las enfermedades mendelianas simples:

En las enfermedades autosómicas dominantes, cada descendencia de un individuo afectado tiene un 50% de probabilidad de estar afectada y un 50% de ser sano (ya que en las enfermedades autosómicas dominantes, el gen anormal se expresa en estado heterocigoto).

En el caso de enfermedades autosómicas recesivas el riesgo que tiene una pareja heterocigota de tener un hijo afectado es de 25% de

probabilidad y 75% de que sea clínicamente sano, ya sea homocigoto normal o heterocigoto como sus progenitores.

En las enfermedades ligadas al sexo, la existencia de un hijo enfermo identifica a la madre como portadora de un gen anormal.

#### b) Riesgos en las enfermedades poligénicas:

Los ejemplos típicos de trastornos multifactoriales o poligénicos son las malformaciones congénitas múltiples y uno de los motivos más frecuentes de consulta es precisamente el de la pareja que solicita consejo genético por haber tenido algún hijo malformado.

El primer problema que se presenta en estos casos suele ser que el diagnóstico en los niños malformados es menos preciso y a veces imposible de establecer, y sin diagnóstico no puede proporcionarse un consejo genético adecuado. Por lo general, el riesgo de que se repita este tipo de malformaciones en los hermanos de los sujetos afectados o en sus hijos no es mayor al 5% de probabilidad, que es muy inferior al de las enfermedades mendelianas simples. (\*)

### 1.6 Objeto del estudio de la Genética

El estudio de la Genética se incrementa día con día por la importancia que tiene para entender y controlar la herencia defectuosa en plantas y animales.

La Genética es relevante para entender al hombre. La humanidad es una especie biológica aunque desarrolle cultura y civilización. Así como el resto de los organismos, somos el producto de la evolución histórica orgánica, que continúa realizándose.

La importancia y necesidad de proveer alimento a toda la humanidad.

(\*) Ruben Linker, "La Genética y Usted", pag.78. cita bibliográfica #17

hace que la genética se aplique en la agricultura en forma significativa. Similarsmente, la Genética aplicada al mundo animal es importante para mejorar razas y así proporcionar en éste campo mejor alimentación al hombre.

#### 1.8.1 Objeto del estudio de las enfermedades hereditarias.

Los estudios que hoy en día se hacen para la detección de enfermedades hereditarias se llevan a cabo principalmente por las siguientes razones:

- Para detectar a los pacientes con problemas hereditarios para su tratamiento, manejo y prevención oportunas, las cuales pueden ser preconcepcional, prenatal y postnatal.
- Por el interés puramente científico de averiguar la frecuencia de ciertas enfermedades hereditarias y poder establecer así programas preventivos en grupos poblacionales.

De esta manera se presenta la posibilidad de ahorrar sufrimientos e integrar a la sociedad a individuos sanos si se trata adecuadamente.

#### 1.8.2 Objeto del estudio de la Genética en la agricultura.

El aprovechamiento de la genética en el campo de la agricultura se debe a las siguientes razones:

- Para mejorar los progresos de cultivo y obtener el máximo aprovechamiento de la tierra.
- Para obtener vegetación en lugares áridos y así tener un mejor clima en el mundo.
- Para crear tipos de plantas genéticamente controladas que sean resistentes a las enfermedades y las inclemencias del tiempo.

- Para mejorar los progresos de cultivo y obtener mejor calidad y cantidad de alimento para la humanidad.

"Nachdem der Observator das  
Seine getan hat, ist es an den  
Geometer die Unsicherheit der  
Beobachtungen und der der Rechnungen  
daraus abgeleiteten Größen, nach  
streng mathematischen Prinzipien zu  
würdigen."

Carl Friedrich Gauss.

## 2. - ALGEBRA LINEAL

## 2.- Álgebra Lineal

### 2.1 Definición de Matriz

Una matriz es una disposición rectangular de números, dispuestos en  $m$  renglones y  $n$  columnas.

Ejemplo:

$$A = \begin{bmatrix} a_{11} & a_{12} & a_{13} & \dots & a_{1n} \\ a_{21} & a_{22} & a_{23} & \dots & a_{2n} \\ \dots & \dots & \dots & \dots & \dots \\ a_{m1} & a_{m2} & a_{m3} & \dots & a_{mn} \end{bmatrix}$$

**Nota:** El símbolo  $a_{ij}$  denota el número en el  $i$ -ésimo renglón y en la  $j$ -ésima columna del arreglo.

Una matriz formada por una sola columna se llama vector columna.

La columna de orden  $j$  de la matriz  $A$  es el conjunto ordenado de  $m$  elementos, denotada por  $A^j$ ,

$$A^j = \begin{bmatrix} a_{1j} \\ a_{2j} \\ \vdots \\ a_{mj} \end{bmatrix}$$

Una matriz puede ser vista como un conjunto de  $n$  vectores columna de orden  $m$ .

$$A = [ A^1, A^2, A^3, \dots, A^n ], \text{ con } A^j = \begin{bmatrix} a_{1j} \\ a_{2j} \\ \vdots \\ a_{mj} \end{bmatrix}$$



## 2.2 Algunas Operaciones de Matrices

### Multiplicación por Escalar.-

El producto de un escalar  $k$  y una matriz  $A$ , es la matriz que se obtiene multiplicando cada elemento de  $A$  por  $k$ .

$$kA = k \begin{bmatrix} a_{11} & a_{12} & \dots & a_{1n} \\ a_{21} & a_{22} & \dots & a_{2n} \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ a_{m1} & a_{m2} & \dots & a_{mn} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} ka_{11} & ka_{12} & \dots & ka_{1n} \\ ka_{21} & ka_{22} & \dots & ka_{2n} \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ ka_{m1} & ka_{m2} & \dots & ka_{mn} \end{bmatrix}$$

### Multiplicación de Matrices.-

Sean  $A$  y  $B$  matrices tales que el número de columnas de  $A$  es igual al número de rengiones de  $B$ . Entonces el producto de  $A$  y  $B$  es la matriz con el mismo número de filas de  $A$  y el mismo número de columnas de  $B$  y cuyo elemento en el  $i$ -ésimo rengión y la  $j$ -ésima columna se obtiene multiplicando el  $i$ -ésimo rengión de  $A$  por la  $j$ -ésima columna de  $B$ .

$$AB = \begin{bmatrix} a_{11} & \dots & a_{1p} \\ \dots & \dots & \dots \\ a_{i1} & \dots & a_{ip} \\ \dots & \dots & \dots \\ a_{m1} & \dots & a_{mp} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_{11} & \dots & b_{1j} & \dots & b_{1n} \\ \dots & \dots & \dots & \dots & \dots \\ \dots & \dots & \dots & \dots & \dots \\ b_{p1} & \dots & b_{pj} & \dots & b_{pn} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} c_{11} & \dots & c_{1n} \\ \dots & \dots & \dots \\ \dots & c_{ij} & \dots \\ \dots & \dots & \dots \\ c_{m1} & \dots & c_{mn} \end{bmatrix}$$

$$\text{donde } c_{ij} = \sum_{k=1}^n a_{ik} b_{kj}$$

Ejemplo:

$$\begin{bmatrix} 1 & 5 \\ 2 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 4 & 3 \\ 0 & -1 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -4 & -8 \\ 8 & 5 \end{bmatrix}$$

$$\begin{bmatrix} a_{11} & a_{12} \\ a_{21} & a_{22} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} x_1 \\ x_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} a_{11}x_1 + a_{12}x_2 \\ a_{21}x_1 + a_{22}x_2 \end{bmatrix}$$

### Matrices Cuadradas.-

Una matriz con igual número de renglones y columnas recibe el nombre de matriz cuadrada. Se dice que una matriz cuadrada es de orden  $n$ , si tiene  $n$  renglones y  $n$  filas.

La diagonal principal, o simplemente la diagonal de una matriz cuadrada  $A = [a_{ij}]$ , está formada por los números  $a_{11}, a_{22}, \dots, a_{nn}$ .

La matriz cuadrada de orden  $n$  con 1 en todos los lugares de la diagonal principal y 0 en todos los otros lugares, se llama matriz unitaria ó matriz identidad y se representa por

$$I = \begin{bmatrix} 1 & 0 & \dots & 0 \\ 0 & 1 & \dots & 0 \\ & & \dots & \\ 0 & 0 & \dots & 1 \end{bmatrix}$$

### Potencia de Matrices Cuadradas.-

Si  $A$  es una matriz de  $n \times n$  y  $k$  es un entero positivo, definimos

$$A^0 = I_n, \quad A^1 = A, \quad A^2 = AA, \quad A^3 = A^2A, \quad \dots, \quad A^{k+1} = A^kA$$

### Matriz Inversa.-

El elemento unidad para multiplicación de matrices de orden  $n \times n$  es  $I_n$  ya que  $AI_n = I_nA = A$ .

**Definición.** Si para una matriz dada  $A$  existe una matriz denotada por  $A^{-1}$  tal que

$$AA^{-1} = A^{-1}A = I_n,$$

entonces decimos que  $A$  es invertible y que  $A^{-1}$  es la inversa de  $A$ .

-Para toda matriz cuadrada  $A$ , la inversa  $A^{-1}$  existe si y solo si  $|A| \neq 0$

Ejemplo: Halleos la inversa  $A^{-1}$  de la matriz

$$A = \begin{bmatrix} 1 & -1 \\ 1 & 2 \end{bmatrix}$$

si escribimos  $A^{-1} = \begin{bmatrix} x & z \\ y & w \end{bmatrix}$ , debemos determinar  $x$ ,  $y$ ,  $z$  y  $w$

de tal forma que

$$\begin{bmatrix} 1 & -1 \\ 1 & 2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} x & z \\ y & w \end{bmatrix} = I_2 = \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{bmatrix}$$

Esto es,  $x, y, z$  y  $w$  deben satisfacer

$$x - y = 1, \quad z - w = 0$$

$$x + 2y = 0, \quad z + 2w = 1$$

al resolver este sistema de ecuaciones se obtiene  $x = 2/3$ ,  $y = 1/3$ ,  $w = 1/3$  y  $z = 1/3$ , de modo que

$$A^{-1} = 1/3 \begin{bmatrix} 2 & 1 \\ -1 & 1 \end{bmatrix}$$

Nota: Existen varios métodos para encontrar la inversa  $A^{-1}$  de una matriz invertible  $A$ ; en la siguiente cita son explicados varios de estos métodos. (♣)

#### Determinantes.-

A toda matriz cuadrada le corresponde un número específico, llamado el determinante de la matriz; que se escribe  $\det(A)$  ó  $|A|$ .

La definición de determinante es muy extensa. Por lo tanto nos referiremos al libro de Algebra Lineal, cita bibliográfica #5 pag. 33.

Deducción para el caso particular del determinante de una matriz  $3 \times 3$ .

Ejemplo:

$$\begin{vmatrix} a_1 & b_1 & c_1 \\ a_2 & b_2 & c_2 \\ a_3 & b_3 & c_3 \end{vmatrix} = a_1 b_2 c_3 + a_2 b_3 c_1 + a_3 b_1 c_2 - a_1 b_3 c_2 - a_2 b_1 c_3 - a_3 b_2 c_1$$

(♣) Ariel Kleisan, Elena K. de Kleisan "Matrices, Aplicaciones Matemáticas en Economía y Administración". pp. 353-390.cita bibliográfica #14.

Deducción para el caso particular del determinante de una matriz 6x6.

Ejemplo:

$$\begin{vmatrix} 1-\lambda & n & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & n-\lambda & 0 & 1 & n & 0 \\ 0 & 0 & -\lambda & 0 & n & 0 \\ 0 & n & 0 & -\lambda & 0 & 0 \\ 0 & n & 1 & 0 & n-\lambda & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & n & 1-\lambda \end{vmatrix} = (1-\lambda) \begin{vmatrix} n-\lambda & 0 & 1 & n & 0 \\ 0 & -\lambda & 0 & n & 0 \\ n & 0 & -\lambda & 0 & 0 \\ n & 1 & 0 & n-\lambda & 0 \\ 0 & 0 & 0 & n & 1-\lambda \end{vmatrix} \rightarrow \begin{vmatrix} 0 & 0 & 1 & n & 0 \\ 0 & -\lambda & 0 & n & 0 \\ n & 0 & -\lambda & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & n-\lambda & 0 \\ 0 & 0 & 0 & n & 1-\lambda \end{vmatrix}$$

$$(1-\lambda) \left[ (n-\lambda) \begin{vmatrix} -\lambda & n & 0 & 0 \\ 0 & -\lambda & 0 & 0 \\ 1 & 0 & n-\lambda & 0 \\ 0 & 0 & n & 1-\lambda \end{vmatrix} + \begin{vmatrix} 0 & -\lambda & 0 & 0 \\ n & 0 & 0 & 0 \\ n & 1 & n-\lambda & 0 \\ 0 & 0 & n & 1-\lambda \end{vmatrix} \right] \rightarrow \begin{vmatrix} 0 & -\lambda & 0 & 0 \\ 0 & -\lambda & -1 & 0 \\ n & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1-\lambda \end{vmatrix} \rightarrow \begin{vmatrix} n & -\lambda & n & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & n-\lambda & 0 \\ 0 & 0 & n & 1-\lambda \end{vmatrix} +$$

$$\rightarrow \begin{vmatrix} 0 & -\lambda & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -1 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1-\lambda \end{vmatrix} = (1-\lambda) \left[ (n-\lambda) \begin{vmatrix} -\lambda & 0 & 0 \\ 0 & n-\lambda & 0 \\ 0 & n & 1-\lambda \end{vmatrix} + \begin{vmatrix} 0 & -\lambda & 0 \\ 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1-\lambda \end{vmatrix} + \lambda \begin{vmatrix} n & 0 & 0 \\ 0 & n-\lambda & 0 \\ 0 & n & 1-\lambda \end{vmatrix} + \right.$$

$$\left. + \begin{vmatrix} n & 0 & 0 \\ n & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1-\lambda \end{vmatrix} \right] \rightarrow \lambda \begin{vmatrix} n & -\lambda & 0 \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1-\lambda \end{vmatrix} \rightarrow \begin{vmatrix} 0 & 0 & 0 \\ \lambda & 0 & n-\lambda \\ 0 & n & 1-\lambda \end{vmatrix} + \begin{vmatrix} 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 1-\lambda \end{vmatrix} \rightarrow \lambda \begin{vmatrix} 0 & -\lambda & 0 \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1-\lambda \end{vmatrix} =$$

$$= \lambda^6 - 5/2\lambda^5 + 3/2\lambda^4 + 5/8\lambda^3 - 11/16\lambda^2 + 1/16$$

Conociendo el determinante de una matriz podemos verificar si es ó no invertible.

$$\begin{cases} |A| = 0 & \text{no invertible} \\ |A| \neq 0 & \text{invertible} \end{cases}$$

### 2.3 Matrices Especiales.-

Para el estudio de la aplicación de la Genética al Algebra Lineal necesitamos conocer una de las matrices especiales llamada diagonal.

#### Definición de Matriz Diagonal.

Una matriz diagonal es una matriz cuadrada en la que todos los elementos que se encuentran fuera de la diagonal principal son ceros. esto es,  $a_{ij} = 0$  siempre que  $i \neq j$ .

$$A = \begin{bmatrix} a_{11} & 0 & \dots & 0 \\ 0 & a_{22} & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \dots & a_{nn} \end{bmatrix} = \text{diag} (a_{11}, a_{22}, \dots, a_{nn})$$

Ejemplo:

La matriz unidad, que se denota por I.

es la matriz diagonal cuyos elementos en la diagonal son la unidad:

$$I = \begin{bmatrix} 1 & 0 & \dots & 0 \\ 0 & 1 & \dots & 0 \\ 0 & 0 & \dots & 1 \end{bmatrix}$$

Si la matriz  $I$  tiene  $n$  filas, entonces se puede escribir  $I_n$  en lugar de escribir  $I$ .

#### 2-4 Concepto de Espacio Vectorial

Un conjunto  $K$  de objetos  $x, y, z, \dots$  dotados de dos operaciones una llamada adición, que asocia a cada par de elementos  $x, y \in K$ , un elemento  $x+y \in K$ ; la otra llamada multiplicación que asocia a cada par de elementos  $x, y \in K$ , un elemento  $xy \in K$  y que satisfacen las nueve propiedades dadas a continuación es llamado cuerpo. Usaremos la palabra escalar para designar un elemento de un cuerpo  $K$ .

Si designamos por  $K$  el conjunto  $\mathbb{R}$  de los números reales, las siguientes propiedades se satisfacen

1. Asociatividad de la suma

$$x + (y+z) = (x+y) + z, \text{ para todo } x, y, z \in K$$

2. Existencia del elemento neutral cero

$$x+0 = 0+x, \text{ para todo } x \in K$$

3. Existencia del elemento simétrico

$$x+(-x) = 0 = (-x)+x, \quad \forall x \in K$$

4. Conmutatividad de la suma

$$x+y = y+x, \quad \forall x, y \in K$$

5. Asociatividad en la multiplicación

$$x(yz) = (xy)z, \quad \forall x, y, z \in K$$

6. Existencia del elemento unidad 1

$$x \cdot 1 = 1 \cdot x, \quad \forall x \in K$$

7. Existencia del elemento inverso

$$xx^{-1} = 1 = x^{-1}x, \quad \forall x \neq 0 \in K$$

8. Conmutatividad en la multiplicación

$$xy = yx, \quad \forall x, y \in K$$

9. Distributividad de la multiplicación en relación a la suma.

$$x(y+z) = xy+xz, \quad \text{para todo } x, y, z \in K$$

Un espacio vectorial consta de un cuerpo  $K$  de escalares, un conjunto no vacío  $V$  de objetos llamados vectores con:

A) Una operación llamada adición que asocia a cada par de vectores  $u, v \in V$  la suma  $u+v \in V$  satisfaciendo las siguientes propiedades:

- la adición es asociativa  $u+(v+w) = (u+v)+w \quad \forall u, v, w \in V$
- la adición es conmutativa  $u+v = v+u$  para todo  $u, v \in V$
- existe un único vector en  $V$ , denotado por  $0$  y llamado vector nulo tal que  $u+0 = u$   $\forall u \in V$
- para todo vector  $u \in V$  existe un vector en  $V$ , denotado por  $-u$  para el cual  $u+(-u) = 0$

B) Una operación llamada multiplicación por escalar que asocia a cada escalar  $k \in K$  y a cada vector  $u \in V$  un producto  $ku$  satisfaciendo las siguientes propiedades:

- $1u = u$  para todo  $u \in V$
- $(k_1 k_2)u = k_1(k_2 u)$  para todo  $u \in V$  y  $k_1, k_2 \in K$
- $k(u+v) = ku + kv$  para todo  $u, v \in V$  y  $k \in K$
- $(k_1 + k_2)u = k_1 u + k_2 u$  para todo  $u \in V$ ,  $k_1, k_2 \in K$

Sea  $V(K)$  un espacio vectorial y  $W$  un subconjunto de  $V$ . Supongamos que  $W$  satisface las siguientes condiciones:

(a) si  $u, v \in W$  entonces  $u+v \in W$

(b) si  $v \in W$  y  $\alpha \in K$ , entonces  $\alpha v \in W$

Entonces  $W$  es un espacio vectorial sobre  $K$  ya que para  $k = 0$  en (a), obtenemos que  $0 \in W$ , y para  $k = -1$  la afirmación (b) nos dice que  $-u \in W$  para todo  $u \in W$ . Las otras propiedades del espacio vectorial son válidas para  $W$  por herencia ya que son válidas para  $V$ . Se dice que  $W$  es un subespacio de  $V(K)$ .

**Definición.** Sea  $V(K)$  un espacio vectorial  $W$  un subconjunto no vacío de  $V$ . Si  $W$  forma un espacio vectorial en relación a las operaciones de  $V$  decimos que  $W(K)$  es un espacio vectorial de  $V(K)$ .

Sea  $V(K)$  un espacio vectorial y sea  $\{v_1, \dots, v_n\}$  un subconjunto de  $V(K)$ . Se dice que  $\{v_1, \dots, v_n\}$  es linealmente dependiente o aquellos vectores  $v_1, \dots, v_n$  son linealmente dependientes si existen elementos  $\alpha_1, \dots, \alpha_n \in K$  no todos nulos tales que

$$\alpha_1 v_1 + \dots + \alpha_n v_n = 0$$

Si no existen tales números entonces decimos que  $\{v_1, \dots, v_n\}$  es linealmente independiente ó que  $v_1, \dots, v_n$  son linealmente independientes.

#### Definición de Base

Una base para un espacio vectorial  $V(K)$  es un conjunto de vectores linealmente independientes que generan  $V(K)$ .

-El número de vectores en una base dada para un espacio vectorial

es conocido como dimensión del espacio.

Sea  $V(K)$  un espacio vectorial con una base dada  $\{v_1, v_2, \dots, v_n\}$ .  
Cada vector  $v \in V(K)$  puede ser escrito de modo único

$$v = k_1 v_1 + k_2 v_2 + \dots + k_n v_n$$

como combinación lineal de los vectores de la base  $B$ . Los elementos  $k_1, k_2, \dots, k_n$  son llamados coordenadas de  $v$  en relación a la base  $B$  y la matriz columna

$$[v]_B = \begin{bmatrix} k_1 \\ k_2 \\ \vdots \\ k_n \end{bmatrix}$$

es la matriz coordenada de  $v$  en relación a la base  $B$ .

## 2.5 Autovector y Autovalor de una Matriz

Sean  $V(K)$  y  $W(K)$  dos espacios vectoriales

Una transformación lineal es una función  $T:V(K) \rightarrow W(K)$  que asocia a cada vector  $v \in V(K)$  un vector  $T(v) \in W(K)$  satisfaciendo las siguientes propiedades:

$$T(u+v) = T(u) + T(v), \text{ para todo } u, v \in V(K)$$

$$T(kv) = kT(v), \text{ para todo } k \in K \text{ y todo } v \in V(K)$$

Una función  $T:V(K) \rightarrow W(K)$  es una transformación lineal si y sólo si

$$T(kv) = kT(v) \text{ para todo } v \in V(K) \text{ y } k \in K$$



El conjunto de todas las transformaciones lineales de  $V(K)$  en  $W(K)$ , junto con la suma y multiplicación escalar es un espacio vectorial sobre el cuerpo  $K$ .

El espacio vectorial de todas las transformaciones lineales de  $V$  en  $W$  sobre un mismo cuerpo  $K$  es denotado usualmente por  $L(V, W)$ .

Sea  $V(K)$  un espacio vectorial de dimensión finita y  $T \in L(V, V)$ . Supongamos que  $v$  es un vector no nulo de  $V$  tal que

$$T(v) = \lambda v$$

para algún escalar  $\lambda \in K$ . Entonces al escalar  $\lambda$  le llamamos valor característico (ó autovalor) y a  $v$  le llamamos vector característico (ó autovector de  $T$ ) correspondiente al valor característico de  $\lambda$ .

El conjunto de todos los vectores característicos asociados al valor característico  $\lambda$ , denotado por  $V_\lambda$ , es llamado espacio característico asociado a  $\lambda$ .

Si  $A \in M_n(K)$ ,  $\lambda \in K$  es un valor característico de  $A$  si para algún vector (columna) no nulo  $X \in K^n$ ,

$$AX = \lambda X \quad (1)$$

Decimos en este caso que  $X$  es el vector característico (eigenvalor valor propio o autovalor de la matriz  $A$ ), de  $A$  asociado a  $\lambda$ .

Ejemplo:

Si  $A = \begin{bmatrix} 1 & 2 \\ 3 & 2 \end{bmatrix}$  encontremos los valores característicos de  $A$ .

Buscamos un escalar  $\lambda$  y un vector no nulo  $X = \begin{bmatrix} x \\ y \end{bmatrix}$  tales que:  $AX = \lambda X$

$$\begin{bmatrix} 1 & 2 \\ 3 & 2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} x \\ y \end{bmatrix} = \lambda \begin{bmatrix} x \\ y \end{bmatrix}$$

tal ecuación matricial es equivalente al sistema :

$$\begin{cases} x + 2y = x \\ 4x + 2y = x \end{cases} \quad \text{ó} \quad \begin{cases} (1-\lambda)x + 2y = 0 \\ 3x + (2-\lambda)y = 0 \end{cases}$$

Un sistema homogéneo posee una solución no trivial si y sólo si el determinante de la matriz de los coeficientes es 0.

$$\begin{vmatrix} 1-\lambda & 2 \\ 3 & 2-\lambda \end{vmatrix} = \lambda^2 - 3\lambda - 4 = (\lambda-4)(\lambda+1) = 0$$

Los valores característicos de A son  $\lambda_1 = 4$  y  $\lambda_2 = -1$

Si  $A = [T]_{\mathcal{B}}$  y  $X = [v]_{\mathcal{B}}$  son las representaciones matriciales del operador lineal T del vector  $v \in V(K)$ , en relación a una base dada  $\mathcal{B} = \{v_1, v_2, \dots, v_n\}$  de  $V(K)$ , entonces encontrar los valores característicos de T, es decir, resolver la ecuación vectorial

$$T(v) = \lambda v$$

es equivalente a resolver la ecuación matricial

$$AX = \lambda X$$

ó

$$(A - \lambda I_n)X = 0 \quad (2)$$

Si se escoge una  $\lambda$  dada, entonces cualquiera X que satisfaga a (1) debe satisfacer al conjunto de n ecuaciones lineales homogéneas, con n incógnitas, descrito en (2).

Existirá una solución  $X \neq 0$  para la ecuación (2) si y sólo si  $|A - \lambda I| = 0$

Sea  $T \in L(V, V)$  y sea  $\mathcal{B}$  una base de  $V(K)$  tal que  $[T]_{\mathcal{B}} = A$ .

Al polinomio de grado  $n$  sobre el cuerpo  $K$

$$f(\lambda) = |A - \lambda I_n| = \begin{vmatrix} a_{11} - \lambda & a_{12} & \dots & a_{1n} \\ a_{21} & a_{22} - \lambda & \dots & a_{2n} \\ & & \ddots & \\ a_{n1} & a_{n2} & \dots & a_{nn} - \lambda \end{vmatrix}$$

se le llama polinomio característico de  $A$  (y de  $T$ ).

A la ecuación  $f(\lambda) = |A - \lambda I_n| = 0$  se le llama ecuación característica de  $A$  (y de  $T$ ). Los valores característicos de  $A$  (y de  $T$ ) son las raíces de  $f(\lambda) = 0$ , es decir, los escalares  $\lambda_1$  tales que  $f(\lambda_1) = 0$ .

Los vectores  $X \neq 0$  que satisfacen la ecuación  $AX = \lambda X$  son llamados autovectores (vectores característicos, eigenvectores, vectores propios) de la matriz  $A$  correspondientes al autovalor  $\lambda$ .

Una vez encontrados los autovalores a partir del sistema  $AX = \lambda X$ , para cada autovalor encontrado  $\lambda$  se encuentra un conjunto solución del sistema  $(A - \lambda I)X = 0$ , llamado  $S_\lambda$ .

El siguiente paso a seguir es encontrar una base para tal conjunto solución, y esto nos da un conjunto de vectores linealmente independientes asociados al escalar  $\lambda$ . Un conjunto linealmente independiente de autovectores asociados a la matriz  $A$  es entonces  $S = US_\lambda$ , donde  $\lambda$  es un autovalor de  $A$ .

Ejemplo:

En el ejemplo anterior obtuvimos  $\lambda_1 = 4$ ,  $\lambda_2 = -1$  substituyendo  $\lambda_1 = 4$  en el sistema  $(A - 4I)X = 0$  tenemos

$$\begin{cases} -5x + 2y = 0 \\ 3x - 2y = 0 \end{cases} \quad \text{ó simplemente} \quad \begin{cases} 3x - 2y = 0 \end{cases}$$

Entonces, el conjunto solución es

$$S_{\lambda_1} = \{ (x, 3/2x) / x \in \mathbb{R} \}$$

Por lo tanto una base para éste conjunto solución es el vector

$$\begin{bmatrix} 2 \\ 3 \end{bmatrix}$$

la cual está formada por un autovector asociado al valor propio  $\lambda_1 = 4$ , y cualquier otro vector propio asociado a  $\lambda_1 = 4$  es un múltiplo de  $\{ 2, 3 \}$

Substituyendo  $\lambda_2 = -1$  en el sistema  $(A - (-1)I)X = 0$  tenemos

$$\begin{cases} 2x + 2y = 0 \\ 3x + 2y = 0 \end{cases} \quad \text{ó simplemente} \quad \begin{cases} x + y = 0 \end{cases}$$

Entonces el conjunto solución es

$$S_{\lambda_2} = \{ (x, -x) / x \in \mathbb{R} \}$$

Una base para éste conjunto solución es el vector

$$\begin{bmatrix} 1 \\ -1 \end{bmatrix}$$

la cual está formada por un autovector asociado al valor propio  $\lambda_2 = -1$  y cualquier otro vector propio asociado a  $\lambda_2 = -1$  es un múltiplo de  $\{ 1, -1 \}$ .

Conclusión :  $S = S_{\lambda_1} \cup S_{\lambda_2} = \left\{ \begin{bmatrix} 2 \\ 3 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} 1 \\ -1 \end{bmatrix} \right\}$  es un conjunto L. I.

de los autovectores de la matriz A.

## 2.6 Diagonalización de una Matriz

Una matriz  $A \in M_{n \times n}(K)$  es diagonalizable si y solamente si A posee n vectores característicos linealmente independientes.

En este caso si  $\lambda_1, \dots, \lambda_n$  son los valores característicos de A

$$D = M^{-1}AM = \begin{bmatrix} \lambda_1 & 0 & \dots & 0 \\ 0 & \lambda_2 & \dots & 0 \\ & & \ddots & \\ 0 & 0 & \dots & \lambda_n \end{bmatrix}$$

si y solamente si la i-ésima columna de la matriz diagonalizante M es un autovector de A correspondiente al valor característico  $\lambda_i$ ,  $i = 1, 2, \dots, n$ .

Resumen. Supongamos que  $A \in M_{n \times n}(K)$  es diagonalizable. Entonces existe una matriz M invertible tal que  $D = M^{-1}AM$ , es decir  $AM = MD$  donde D es una matriz diagonal.

Si  $D = \begin{bmatrix} \lambda_1 & & 0 \\ & \ddots & \\ 0 & & \lambda_n \end{bmatrix}$ , entonces  $\lambda_1, \dots, \lambda_n$  son los valores característicos de A.

Sean  $M^1, \dots, M^n$ , los vectores columna de la matriz M. Como  $AM = MD$  podemos igualar los correspondientes vectores columna de cada lado de la última igualdad y tendremos:

$$AH^i = \lambda_i H^i, \quad i = 1, 2, \dots, n$$

lo que muestra que  $H^i$  es un vector característico de  $A$  correspondiente al valor característico  $\lambda_i$ . Como  $H$  es invertible, sus columnas, es decir, los autovectores de  $A$ , son l.i.

Supongamos ahora que  $A$  tiene  $n$  vectores característicos  $H^1, \dots, H^n$  linealmente independientes. Así existen escalares  $\lambda_1, \dots, \lambda_n$  tales que

$$AH^i = \lambda_i H^i$$

Definiendo  $M$  como la matriz cuyas columnas son los vectores característicos de  $A$  tendremos  $AM=DM$ , donde

$$D = \begin{bmatrix} \lambda_1 & 0 & \dots & 0 \\ 0 & \lambda_2 & \dots & 0 \\ & & \vdots & \\ 0 & 0 & \dots & \lambda_n \end{bmatrix}$$

y  $M$  es una matriz invertible ya que sus vectores columna son l.i. Así,  $M^{-1}AM = D$  y por lo tanto  $A$  es diagonalizable. (\*)

Ejemplo:

La matriz  $A = \begin{bmatrix} 1 & 2 \\ 3 & -1 \end{bmatrix}$  del ejemplo anterior usado para

encontrar autovalores y autovectores, es diagonalizable ya que posee dos vectores característicos

$\begin{bmatrix} 2 \\ 3 \end{bmatrix}$  y  $\begin{bmatrix} 1 \\ -1 \end{bmatrix}$  que son linealmente independientes.

Si  $M = \begin{bmatrix} 2 & 1 \\ 3 & -1 \end{bmatrix}$  es la matriz cuyas columnas son los vectores

(\*) Rita L. de Souza, "Álgebra Lineal", pp. 119-120, cita bibliográfica #5.

características de  $n$ . entonces

$$M^{-1}AM = \begin{bmatrix} 1/5 & 1/5 \\ 3/5 & 3/5 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 1 & 2 \\ 3 & 2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 2 & 1 \\ 3 & -1 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 4 & 0 \\ 0 & -1 \end{bmatrix} = D$$

es una matriz diagonal cuyos elementos de la diagonal son los autovalores 4 y -1 de A.

## 2.7 Cadenas de Markov

Un vector  $u = \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \\ u_3 \\ \vdots \\ u_n \end{bmatrix}$  recibe el nombre de vector de probabilidades si

sus componentes son no negativos y su suma es igual a 1.

### Matrices Estocásticas

Una matriz cuadrada  $P = [p_{ij}]$  es estocástica si cada una de sus filas es un vector de probabilidad.

-Un vector no nulo  $u$  es un punto fijo de una matriz cuadrada  $A$  si  $u$  permanece fijo, i.e., no cambia cuando se multiplica por  $A$

$$uAu$$

### Definición de Cadena de Markov

Una Cadena de Markov es una secuencia de experimentos realizados en un sistema  $X$  con las siguientes propiedades.

- En cualquier momento el sistema puede estar en cualquiera de

Los estados  $S_1, S_2, \dots, S_n$  y el resultado de cada experimento depende de si  $X$  cambia ó no a un nuevo estado del conjunto  $\{S_1, S_2, \dots, S_n\}$ .

- El sistema sólo puede cambiar de un estado  $S_i$  a otro  $S_j$  si se efectuó un experimento.

- La probabilidad de cambiar del sistema del estado  $S_i$  al  $S_j$  depende únicamente de  $S_j$  y  $S_i$ , en el estado del sistema en el momento del experimento. Esta probabilidad se denota como  $p_{ij}$ .

Los números  $p_{ij}$  se llaman probabilidades de transición y pueden organizarse en una forma de matriz

$$P = \begin{matrix} & \begin{matrix} S_1 & S_2 & \dots & S_n \end{matrix} \\ \begin{matrix} S_1 \\ S_2 \\ \dots \\ S_n \end{matrix} & \begin{bmatrix} p_{11} & p_{12} & \dots & p_{1n} \\ p_{21} & p_{22} & \dots & p_{2n} \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ p_{n1} & p_{n2} & \dots & p_{nn} \end{bmatrix} \end{matrix}$$

que se llama matriz de transición.

**Definición.** - Una matriz de transición es una matriz cuadrada con elementos no negativos tales que la suma de los elementos de cada columna sea 1.

**Teorema** Si  $P$  es una matriz regular de transición entonces

- Las potencias  $P^n$  se aproximan a una matriz  $U$  (cada renglón de  $U$  es un punto fijo  $u$  de la matriz  $P$ ).
- Cada renglón de  $U$  es el mismo vector de probabilidad  $u$ .
- Las componentes de  $u$  son positivas.



- Si  $P$  es una matriz regular de transición, y  $v$  y  $u$  están dados por lo anterior entonces

- (a) si  $p$  es cualquier vector de probabilidad  $pP^n$  se aproxima a  $u$ .
- (b) El vector  $u$  es el único vector de probabilidad punto fijo de  $P$ .

Teorema.- Si  $P$  es una matriz regular de transición, entonces

- (1)  $P$  tiene un único vector de probabilidad fijo  $A$ , y los componentes de  $A$  son todos positivos.
- (2)  $\lim_{n \rightarrow \infty} P^n = T$  donde cada renglón de  $T$  es un vector fijo de  $A$ .
- (3) Si  $X$  es un vector de probabilidad entonces  $\lim_{n \rightarrow \infty} XP^n = A$ .

Este teorema muestra que si  $P$  es una matriz de transición regular, entonces a la larga (n $\rightarrow\infty$ ), la probabilidad de que cualquier estado  $S_j$  ocurra, es aproximadamente igual al componente  $a_j$  del vector de probabilidad fijo  $A$  de  $P$ .

- Un estado  $S_j$  de un proceso de Markov se llama absorbente si el proceso se mantiene en su estado una vez que entra en él.

"Tu pulpa ha de vivir en mi cuerpo.  
Y las semillas de tu mañana florecerán  
en mi corazón.  
Y tu fragancia será mi aliento.  
Y gozaremos juntos en las estaciones de  
la eternidad."

Khalil Gibran

3.- APLICACIÓN  
DEL  
ALGEBRA LINEAL  
A LA  
GENÉTICA

### 3.1 PLANTEAMIENTO DEL MODELO

Este capítulo está enfocado a una aplicación del álgebra lineal a la genética. Podemos observar que esta aplicación, también puede explicarse desde el punto de vista de Cadenas de Markov, como comentaremos en una aplicación.

Vamos a utilizar un modelo matemático aplicado a la genética. Mediante este modelo encontraremos ecuaciones que nos permitirán determinar la distribución a través del tiempo de las distintas estructuras genéticas que utilizaremos.

En las aplicaciones que se presentarán, trabajaremos con la herencia mendeliana simple de las dos formas que como vimos en el capítulo uno, son la herencia autosómica y la herencia ligada al sexo. En el caso de la herencia autosómica utilizaremos el modelo aplicado en la agricultura y también a los seres humanos.

Por otro lado en el caso de la herencia ligada al sexo, utilizaremos el modelo aplicado a parejas de machos y hembras (tabla 3.3). Esto lo haremos así puesto que cuando se estudia el cromosoma Y, que únicamente se encuentra en los hombres, solamente se conoce la información relativa a la existencia de un gen tipo  $a$  ó  $A$ , y con esta sola información no es posible determinar cuando un macho es híbrido.

Las siguientes tablas presentan la distribución de los genotipos posibles en los descendientes, partiendo de todas las combinaciones posibles de los genotipos de los padres.

|                       |    | Genotipo de los padres |               |       |               |               |       |
|-----------------------|----|------------------------|---------------|-------|---------------|---------------|-------|
|                       |    | AA-AA                  | AA-Aa         | AA-aa | Aa-Aa         | Aa-aa         | aa-aa |
| Genotipo de los hijos | AA | 1                      | $\frac{1}{2}$ | 0     | $\frac{1}{2}$ | 0             | 0     |
|                       | Aa | 0                      | $\frac{1}{2}$ | 1     | $\frac{1}{2}$ | $\frac{1}{2}$ | 0     |
|                       | aa | 0                      | 0             | 0     | $\frac{1}{2}$ | $\frac{1}{2}$ | 1     |

Tabla 3.1

|                       |    | Genotipo de los padres (Padre, madre) |               |        |        |               |        |
|-----------------------|----|---------------------------------------|---------------|--------|--------|---------------|--------|
|                       |    | (A,AA)                                | (A,Aa)        | (A,aa) | (a,AA) | (a,Aa)        | (a,aa) |
| Genotipo de los hijos | A  | 1                                     | $\frac{1}{2}$ | 0      | 1      | $\frac{1}{2}$ | 0      |
|                       | a  | 0                                     | $\frac{1}{2}$ | 1      | 0      | $\frac{1}{2}$ | 1      |
|                       | AA | 1                                     | $\frac{1}{2}$ | 0      | 0      | 0             | 0      |
|                       | Aa | 0                                     | $\frac{1}{2}$ | 1      | 1      | $\frac{1}{2}$ | 0      |
|                       | aa | 0                                     | 0             | 0      | 0      | $\frac{1}{2}$ | 1      |

Tabla 3.2

|                                   |        | Genotipos de los padres |               |        |        |               |        |
|-----------------------------------|--------|-------------------------|---------------|--------|--------|---------------|--------|
|                                   |        | (A,AA)                  | (A,Aa)        | (A,aa) | (a,AA) | (a,Aa)        | (a,aa) |
| Genotipos de las parejas de hijos | (A,AA) | 1                       | $\frac{1}{2}$ | 0      | 0      | 0             | 0      |
|                                   | (A,Aa) | 0                       | $\frac{1}{2}$ | 0      | 1      | $\frac{1}{2}$ | 0      |
|                                   | (A,aa) | 0                       | 0             | 0      | 0      | $\frac{1}{2}$ | 0      |
|                                   | (a,AA) | 0                       | $\frac{1}{2}$ | 0      | 0      | 0             | 0      |
|                                   | (a,Aa) | 0                       | $\frac{1}{2}$ | 1      | 0      | $\frac{1}{2}$ | 0      |
|                                   | (a,aa) | 0                       | 0             | 0      | 0      | $\frac{1}{2}$ | 1      |

Tabla 3.3

La tabla 3.1 se aplica a los casos de la herencia autosómica, mientras que la tabla 3.3 se aplica a los casos de la herencia ligada al sexo. La tabla 3.2 no se aplica al modelo pero la menciono porque de ahí obtenemos la 3.3.

Para empezar a construir el modelo debemos especificar como empieza el proceso.

Como primer paso deberemos encontrar una distribución inicial de genotipos. Se considera una secuencia de experimentos finita y un número de posibilidades para cada experimento.

Sea  $X$  la distribución de genotipos que estudiaremos. Lo que queremos encontrar es  $X^n$ , que es una distribución de genotipos en la  $n$ -ésima generación. Supondremos que:

$$X^n = AX^{n-1} \quad (1)$$

donde,  $X^{n-1}$  es la distribución anterior a la  $n$ -ésima generación y  $A$  es una matriz  $n \times n$  obtenida de la tabla 3.1 si es herencia autosómica y de la 3.3, si es herencia ligada al sexo.

Llamaremos por:

$$a_n, b_n, c_n, \dots, f_n$$

el conjunto de fracciones de los genotipos resultantes en la  $n$ -ésima generación y por:  $a_0, b_0, c_0, \dots, f_0$

el conjunto de fracciones de genotipos de la generación inicial.

Por lo tanto denotaremos por  $X^n = \begin{bmatrix} a_n \\ \vdots \\ f_n \end{bmatrix}$  y  $X^0 = \begin{bmatrix} a_0 \\ \vdots \\ f_0 \end{bmatrix}$

Además como sabemos  $a_n, b_n, \dots, f_n$  son valores probabilísticos que agotan todas las posibilidades en cualquier generación, por lo tanto

se deberá cumplir que:

$$a_n + b_n + c_n + d_n + e_n + f_n = 1$$

Por otro lado definiremos a los escalares probabilísticos sacados de las tablas 3.1 y 3.3 con letras griegas  $\alpha_x, \beta_x, \gamma_x, \delta_x, \epsilon_x, \theta_x$   $x = 1, 2, 3, \dots, 6$

Entonces si  $a_n, b_n, c_n, \dots, f_n$  es en cada caso la probabilidad de que se produzca un genotipo determinado, podremos plantear a través de las tablas anteriores:

$$a_n = \alpha_1 a_{n-1} + \beta_1 b_{n-1} + \gamma_1 c_{n-1} + \dots + \theta_1 f_{n-1}$$

$$b_n = \alpha_2 a_{n-1} + \beta_2 b_{n-1} + \gamma_2 c_{n-1} + \dots + \theta_2 f_{n-1}$$

$$c_n = \alpha_3 a_{n-1} + \beta_3 b_{n-1} + \gamma_3 c_{n-1} + \dots + \theta_3 f_{n-1}$$

$$\vdots$$

$$f_n = \alpha_6 a_{n-1} + \beta_6 b_{n-1} + \gamma_6 c_{n-1} + \dots + \theta_6 f_{n-1}$$

Escribiendo éste conjunto de ecuaciones en forma matricial tendremos:

$$\begin{bmatrix} a_n \\ b_n \\ c_n \\ \vdots \\ f_n \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \alpha_1 & \beta_1 & \gamma_1 & \dots & \theta_1 \\ \alpha_2 & \beta_2 & \gamma_2 & \dots & \theta_2 \\ \alpha_3 & \beta_3 & \gamma_3 & \dots & \theta_3 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \dots & \vdots \\ \alpha_6 & \beta_6 & \gamma_6 & \dots & \theta_6 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_{n-1} \\ b_{n-1} \\ c_{n-1} \\ \vdots \\ f_{n-1} \end{bmatrix}$$

o  $X^n = A X^{n-1}$  tal como habíamos planteado en (1)

Usando el concepto de potencia de matrices podemos establecer que, si sustituimos valores de  $n$  en  $X^n = A X^{n-1}$  obtenemos las

ecuaciones:  $X^1 = AX^0$ ,  $X^2 = AX^1 = A^2X^0$ ,  $X^3 = AX^2 = A^3X^0$ , etc. Por lo que en general se obtiene:  $X^n = A^nX^0$  (2)

Si podemos encontrar una expresión explícita para  $A^n$ , podremos aplicar la ecuación (2) y obtener una expresión explícita para  $X^n$ .

Para encontrar la expresión explícita de  $A^n$ , supondremos que la matriz  $A$  es diagonalizable, o sea trabajaremos con una matriz de la forma  $A = MDH^{-1}$ , donde  $M$  es una matriz invertible y  $D$  una matriz diagonal.

En consecuencia podremos obtener:

$$A^2 = MDM^{-1}MDM^{-1}$$

y como  $M^{-1}M = I$  será:

$$A^2 = MDIDM^{-1} \quad \text{o sea}$$

$$A^2 = MD^2M^{-1}$$

de la misma manera será:

$$A^3 = MD^3M^{-1}MDM^{-1} \quad \text{o sea}$$

$$A^3 = MD^3M^{-1}$$

y generalizando obtenemos:

$$A^n = MD^{n-1}M^{-1}MDM^{-1} \quad \text{o sea}$$

$$A^n = MD^nM^{-1} \quad (3)$$

donde  $D$  y  $M$  son:

$$D = \begin{bmatrix} \lambda_1 & 0 & 0 & \dots & 0 \\ 0 & \lambda_2 & 0 & \dots & 0 \\ 0 & 0 & \lambda_3 & \dots & 0 \\ \vdots & & & & \\ 0 & 0 & 0 & \dots & \lambda_n \end{bmatrix}$$

donde los  $\lambda_i$ ,  $i = 1, 2, 3, \dots, 6$  son los valores propios correspondientes a la matriz A y

$$H = \left[ \begin{array}{c|c|c|c|c} V_1 & V_2 & V_3 & \dots & V_6 \end{array} \right]$$

donde los  $V_i$ ,  $i = 1, 2, 3, \dots, 6$  son los vectores propios correspondientes a la matriz A.

Con el procedimiento que se muestra a continuación, se encuentran los valores propios correspondientes a la matriz A.

Como sabemos, por definición de autovalor

$$AX = \lambda X \quad (4)$$

de esta manera podemos escribir

$$\begin{bmatrix} \alpha_1 & \beta_1 & \gamma_1 & \dots & \theta_1 \\ \alpha_2 & \beta_2 & \gamma_2 & \dots & \theta_2 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \alpha_6 & \beta_6 & \gamma_6 & \dots & \theta_6 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_n \\ b_n \\ c_n \\ \vdots \\ f_n \end{bmatrix} = \lambda \begin{bmatrix} a_n \\ b_n \\ c_n \\ \vdots \\ f_n \end{bmatrix}$$

por (4) será

$$AX - \lambda X = 0$$

lo cual nos permite obtener el sistema

$$(A - \lambda I) X = 0$$

$$(\alpha_1 - \lambda) a_n + \beta_1 b_n + \gamma_1 c_n + \dots + \theta_1 f_n = 0$$

$$\alpha_2 a_n + (\beta_2 - \lambda) b_n + \gamma_2 c_n + \dots + \theta_2 f_n = 0$$

$$\vdots$$

$$\alpha_6 a_n + \beta_6 b_n + \gamma_6 c_n + \dots + (\theta_6 - \lambda) f_n = 0$$



Del sistema anterior obtenemos el polinomio característico de A que es:

$$\begin{vmatrix} \alpha_1 - \lambda & \beta_1 & \gamma_1 & \dots & \theta_1 \\ \alpha_2 & \beta_2 - \lambda & \gamma_2 & \dots & \theta_2 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \alpha_6 & \beta_6 & \gamma_6 & \dots & \theta_6 - \lambda \end{vmatrix} \quad (5)$$

Igualando (5) a cero obtenemos la ecuación característica cuyas raíces nos darán los valores  $\lambda_i$ ,  $i = 1, 2, 3, \dots, 6$  o sea los valores propios

Ahora busquemos los vectores propios correspondientes a la matriz

A.

Para ello sustituycmos

$$\lambda = \lambda_i \text{ en el sistema } (A - \lambda I)X = 0$$

y de esta forma encontraremos conjunto solución  $S_{\lambda_i}$  haciendo:

$$(\alpha_1 - \lambda_i) a_n + \beta_1 b_n + \gamma_1 c_n + \dots + \theta_1 f_n = 0$$

$$\alpha_2 a_n + (\beta_2 - \lambda_i) b_n + \gamma_2 c_n + \dots + \theta_2 f_n = 0$$

$\vdots$

$$\alpha_6 a_n + \beta_6 b_n + \gamma_6 c_n + \dots + (\theta_6 - \lambda_i) f_n = 0$$

para toda  $i = 1, 2, 3, \dots, 6$

Para  $S_{\lambda_i}$  se determina una base  $V_i$  que estará formada de autovectores, con estos se forma la matriz M.

Reemplazando en  $X^n = A^n X^0$  el valor de  $A^n = M D^n M^{-1}$  dado en (3) tendremos que:

$$\begin{bmatrix} a_n \\ b_n \\ c_n \\ \vdots \\ f_n \end{bmatrix} = X^n = (M D^n M^{-1}) X^0 = \begin{bmatrix} | & | & | & | & | \\ | & | & | & | & | \\ | & | & | & | & | \\ | & | & | & | & | \\ | & | & | & | & | \\ | & | & | & | & | \\ | & | & | & | & | \\ | & | & | & | & | \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \lambda_1^n & 0 & \dots & 0 \\ 0 & \lambda_2^n & \dots & 0 \\ 0 & 0 & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \dots & \lambda_n^n \end{bmatrix} \begin{bmatrix} | & | & | & | & | \\ | & | & | & | & | \\ | & | & | & | & | \\ | & | & | & | & | \\ | & | & | & | & | \\ | & | & | & | & | \\ | & | & | & | & | \\ | & | & | & | & | \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} a_0 \\ b_0 \\ c_0 \\ \vdots \\ f_0 \end{bmatrix}$$

Resolviendo este producto de matrices llegaremos a ecuaciones que serán las formulas explícitas que proporcionarán las fracciones de los genotipos de las generaciones de orden  $n$ , expresadas en función de las fracciones de los genotipos iniciales. Como el número de generaciones, o sea  $n$ , va creciendo con el tiempo aplicando límites para  $n \rightarrow \infty$  podremos predecir a que tienden, en cada caso, los valores de  $a_n, b_n, c_n, \dots, f_n$ .

### 3-2 APLICACIONES

#### A.- Modelo aplicado a la herencia autosómica.

Veamos como se aplica el modelo a la herencia autosómica en la agricultura. De la tabla 3.1 (ver pag.48) podemos sacar algunas matrices cuadradas. Todas ellas diagonalizables.

Ejemplo 1.- Supongamos que un agricultor tiene una gran población de plantas con una cierta distribución de los posibles tipos de genotipos: "AA" "Aa" y "aa".

El agricultor desea iniciar un programa de cultivos en el cual todas las plantas de la población sean fecundadas por una planta de genotipo "Aa"; ya que considera que dicha fecundación mejorará de manera considerable la especie en dicho programa de cultivo.

Analizaremos cual será la fórmula de la distribución de los tres posibles tipos de genotipos de la población, después de un cierto número de generaciones.

sea:

$a_n$ , fracción de plantas del genotipo "AA" que hay en la n-ésima generación.

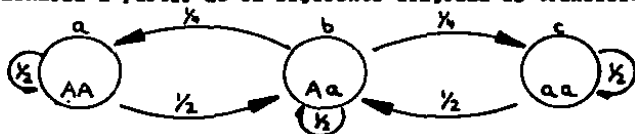
$b_n$ , fracción de plantas del genotipo "Aa" que hay en la n-ésima generación.

$c_n$ , fracción de plantas del genotipo "aa" que hay en la n-ésima generación.

Usando el modelo, como consecuencia de la tabla 3.1 (tomando en cuenta nada más las columnas donde queda el genotipo "Aa"):

|               |    | GENOTIPO DE PADRE |       |       |
|---------------|----|-------------------|-------|-------|
|               |    | AA-Aa             | Aa-Aa | Aa-aa |
| GENOTIPO HIJO | AA | a                 | b     | 0     |
|               | Aa | c                 | b     | b     |
|               | aa | 0                 | c     | c     |

determinamos la distribución de los genotipos en cada generación, a partir de la distribución en la generación anterior. También podemos determinarla a partir de el siguiente diagrama de transición:



Así obtenemos el siguiente sistema de ecuaciones:

$$a_n = \frac{1}{2} a_{n-1} + \frac{1}{2} b_{n-1}$$

$$b_n = \frac{1}{2} a_{n-1} + \frac{1}{2} b_{n-1} + \frac{1}{2} c_{n-1}$$

$$c_n = \frac{1}{2} b_{n-1} + \frac{1}{2} c_{n-1}$$

$$X^n = AX^{n-1}, \quad \begin{bmatrix} a_n \\ b_n \\ c_n \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \frac{1}{2} & \frac{1}{2} & 0 \\ \frac{1}{2} & \frac{1}{2} & \frac{1}{2} \\ 0 & \frac{1}{2} & \frac{1}{2} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_{n-1} \\ b_{n-1} \\ c_{n-1} \end{bmatrix}$$

Empecemos buscando los valores propios y los vectores propios correspondientes a la matriz A:

$$\begin{bmatrix} \frac{1}{2} & \frac{1}{2} & 0 \\ \frac{1}{2} & \frac{1}{2} & \frac{1}{2} \\ 0 & \frac{1}{2} & \frac{1}{2} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_n \\ b_n \\ c_n \end{bmatrix} = \lambda \begin{bmatrix} a_n \\ b_n \\ c_n \end{bmatrix}$$

De ahí obtenemos el sistema  $(A - \lambda I) X = 0$ , que es

$$(\frac{1}{2} - \lambda)a_n + \frac{1}{2}b_n = 0$$

$$\frac{1}{2}a_n + (\frac{1}{2} - \lambda)b_n + \frac{1}{2}c_n = 0$$

$$\frac{1}{2}b_n + (\frac{1}{2} - \lambda)c_n = 0$$

El polinomio característico de A es

$$\begin{vmatrix} h-\lambda & h & 0 \\ h & h-\lambda & h \\ 0 & h & h-\lambda \end{vmatrix} = -\lambda^3 + 3/2\lambda^2 - 1/2\lambda$$

La ecuación característica es  $\lambda^3 - 3/2\lambda^2 + 1/2\lambda = 0$   
 ó  $\lambda(\lambda^2 - 3/2\lambda + 1/2) = 0$

Los valores propios son:

$$\lambda_1 = 0$$

$$\lambda_{2,3} = (3/2 \pm \sqrt{9/4 - 4(1/2)}) / 2 = \begin{cases} (3/2 + 1/2) / 2 = 1 = \lambda_2 \\ (3/2 - 1/2) / 2 = h = \lambda_3 \end{cases}$$

Ahora pasemos al cálculo de los vectores característicos; substituyendo  $\lambda = \lambda_1 = 0$  en el sistema  $(A - \lambda I) X = 0$ , tenemos:

$$\begin{aligned} ha_n + hb_n &= 0 \\ ha_n + hb_n + hc_n &= 0 \\ hb_n + hc_n &= 0 \end{aligned}$$

cuyo conjunto solución es

$$S_{\lambda_1} = \{ (a_n, -2a_n, a_n) / a_n \in \mathbb{R} \}$$

Una base para este conjunto solución está formado por el vector

$$\begin{bmatrix} 1 \\ -2 \\ 1 \end{bmatrix}$$

Sustituyendo  $\lambda = \lambda_2 = 1$  en el sistema  $(A - \lambda I) X = 0$  tenemos

$$\begin{array}{rclcl} ha_n & - & hb_n & = & 0 \\ ha_n & - & hb_n & + & hc_n = 0 \\ hc_n & - & hb_n & = & 0 \end{array}$$

Cuyo conjunto solución es

$$S_{\lambda_2} = \{ (a_n, 2a_n, a_n) / a_n \in \mathbb{R} \}$$

Una base para este conjunto solución está formado por el vector:

$$\begin{bmatrix} 1 \\ 2 \\ 1 \end{bmatrix}$$

Y sustituyendo  $\lambda = \lambda_3 = 1/2$  en el sistema  $(A - \lambda I) X = 0$  tenemos

$$\begin{array}{rclcl} hb_n & = & 0 \\ ha_n & + & hc_n & = & 0 \\ hb_n & = & 0 \end{array}$$

El conjunto solución es:

$$S_{\lambda_3} = \{ (a_n, 0, -a_n) / a_n \in \mathbb{R} \}$$

Una base para este conjunto solución está formado por el vector

$$\begin{bmatrix} 1 \\ 0 \\ -1 \end{bmatrix}$$

Considerando que los autovectores  $V_1, V_2, V_3$ , correspondientes a los autovalores  $\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3$ , son

$$v_1 = \begin{bmatrix} 1 \\ -2 \\ 1 \end{bmatrix}, \quad v_2 = \begin{bmatrix} 1 \\ 2 \\ 1 \end{bmatrix}, \quad v_3 = \begin{bmatrix} 1 \\ 0 \\ -1 \end{bmatrix},$$

Sabemos que  $A$  es diagonalizable ya que posee 3 valores característicos distintos, siendo que el orden de  $A$  es 3.

podemos escribir:

$$D = \begin{bmatrix} \lambda_1 & 0 & 0 \\ 0 & \lambda_2 & 0 \\ 0 & 0 & \lambda_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & h \end{bmatrix}$$

y

$$M = \begin{bmatrix} | & | & | \\ v_1 & v_2 & v_3 \\ | & | & | \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 \\ -2 & 2 & 0 \\ 1 & 1 & -1 \end{bmatrix}$$

Usando en la ecuación  $X^n = A^n X^0$  el hecho de que  $A^n = MD^n M^{-1}$ ,

$$\begin{aligned} X^n &= (MDM^{-1})^n X^0 = (M D^n M^{-1}) X^0 = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 \\ -2 & 2 & 0 \\ 1 & 1 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 \\ 0 & (1)^n & 0 \\ 0 & 0 & (h)^n \end{bmatrix} \begin{bmatrix} h & -h & h \\ h & h & h \\ h & 0 & -h \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_0 \\ b_0 \\ c_0 \end{bmatrix} \\ &= \begin{bmatrix} 0 & 1 & (h)^n \\ 0 & 2 & (h)^n \\ 0 & 1 & (h)^n \end{bmatrix} \begin{bmatrix} h & -h & h \\ h & h & h \\ h & 0 & -h \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_0 \\ b_0 \\ c_0 \end{bmatrix} \\ &= \begin{bmatrix} h + h(h)^n & h & h - h(h)^n \\ h + h(h)^n & h & h + (-h)(h)^n \\ h + h(h)^n & h & h + (-h)(h)^n \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_0 \\ b_0 \\ c_0 \end{bmatrix} \end{aligned}$$

$$= \begin{bmatrix} (k + h(h)^n) a_0 + kb_0 + (k - h(h)^n) c_0 \\ (h + h(h)^n) a_0 + hb_0 + (h - h(h)^n) c_0 \\ (k + h(h)^n) a_0 + kb_0 + (k - h(h)^n) c_0 \end{bmatrix}$$

entonces:

$$a_n = ka_0 + h(h)^n a_0 + kb_0 + kc_0 - h(h)^n c_0$$

$$b_n = ha_0 + h(h)^n a_0 + hb_0 + hc_0 - h(h)^n c_0$$

$$c_n = ka_0 + h(h)^n a_0 + kb_0 + kc_0 - h(h)^n c_0$$

Como  $a_0 + b_0 + c_0 = 1$ , podemos reducir nuestro sistema de ecuaciones a:

$$a_n = k + (1/2)^{n+1} (a_0 - c_0)$$

$$b_n = h + (1/2)^{n+1} (a_0 - c_0)$$

$$c_n = k + (1/2)^{n+1} (a_0 - c_0)$$

Las ecuaciones anteriores son fórmulas explícitas que proporcionan las fracciones de los genotipos de la generación de plantas de orden  $n$ , expresadas en función de las fracciones de los genotipos iniciales. Usando un teorema de Cálculo que se refiere a límites al infinito que dice: Si  $n$  es cualquier entero positivo, entonces:

$$\lim_{n \rightarrow \infty} r^n = 0 \quad \text{si} \quad |r| < 1$$

Entonces:



$$\lim_{n \rightarrow \infty} h + (h)^{n+1} (a_0 - c_0) = h$$

$$\lim_{n \rightarrow \infty} h + (h)^{n+1} a_0 - c_0 = h$$

$$\lim_{n \rightarrow \infty} h + (h)^{n+1} (a_0 - c_0) = h$$

Con esto concluimos que:

$$\begin{array}{l} a_n \longrightarrow h \\ b_n \longrightarrow h \\ c_n \longrightarrow h \end{array}$$

Con este resultado podemos predecir que siempre que el orden  $n$  de la generación correspondiente sea cada vez más grande, la mitad de la población tendrá el genotipo  $Aa$ , y habrá una cuarta parte de plantas de genotipo  $AA$  y otra cuarta parte de plantas del genotipo  $aa$ .

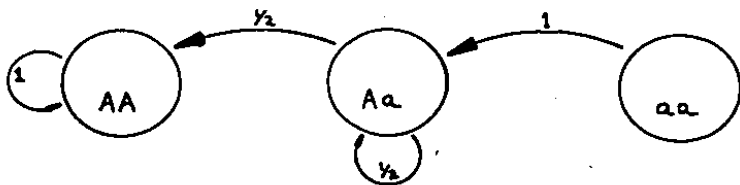
Recordando las definiciones del capítulo 1, veamos que en la estructura genética del organismo, la mitad de la población será homocigota, dividiéndose una cuarta parte del tipo  $AA$  y la otra cuarta parte del tipo  $aa$ . La otra parte de la población será heterocigota. Aunque tengamos este tipo de resultado se debe recordar que el fenómeno se puede ver afectado por condiciones del medio ambiente. Podemos observar que cuando el orden  $n$  de la generación correspondiente sea cada vez más grande habrá una cuarta parte de éste tipo de genotipo. Sin embargo sería interesante ver como se desarrolla éste experimento en la práctica para ver como influye el medio ambiente en el fenotipo.

Veamos a que resultado llegamos con una aplicación igual a la anterior cambiando el programa de cultivo por otro.

Ejemplo 2. Supongamos ahora que el agricultor desea hacer su programa de cultivos bajo el supuesto de que todas las plantas de la población serán fecundadas por una planta del genotipo AA. Decide hacer éste programa de cultivo ya que piensa que las plantas que son del genotipo AA son de mejor calidad. Veamos cual será la fórmula de distribución de los tres posibles tipos de genotipos de la población, en la generación "n". De la tabla (3.1) podemos determinar la distribución de los genotipos en cada generación tomando en cuenta nada más la primera, segunda y tercera columnas donde aparece una planta con genotipo AA.

| GENOTIPO DE LA PLANTA | GENOTIPO DE LAS PLANTAS |       |       |
|-----------------------|-------------------------|-------|-------|
|                       | AA-AA                   | AA-Aa | AA-aa |
| AA                    | 1                       | 0     | 0     |
| Aa                    | 0                       | 1     | 0     |
| aa                    | 0                       | 0     | 1     |

Otra vez podemos determinar la distribución de los genotipos a través de un diagrama de transición:



La distribución de los genotipos es:

$$a_n = a_{n-1} + h b_{n-1}$$

$$b_n = h^2 b_{n-1} + c_{n-1}$$

$$c_n = 0$$

Efectuando el mismo procedimiento que en el ejemplo anterior obtenemos

$$X^n = A^n X^0 = M D^n M^{-1} X^0 = \begin{bmatrix} a_0 + (1-h)^n b_0 + (1-2(h)^n c_0) \\ (h)^n b_0 + 2(h)^n c_0 \\ 0 \\ a_0 + b_0 + c_0 - (h)^n b_0 - (h)^{n-1} c_0 \\ (h)^n b_0 + (h)^{n-1} c_0 \\ 0 \end{bmatrix}$$

Entonces:

$$a_n = a_0 + b_0 + c_0 - (h)^n b_0 - (h)^{n-1} c_0$$

$$b_n = (h)^n b_0 + (h)^{n-1} c_0$$

$$c_n = 0$$

Caso:  $a_n + b_n + c_n = 1$ ,  $a_0 + b_0 + c_0 = 1$  y  $c_n = 0$ , entonces:

$$a_n = 1 - (h)^n b_0 - (h)^{n-1} c_0$$

$$b_n = (h)^n b_0 + (h)^{n-1} c_0$$

$$c_n = 0$$

Estas ecuaciones proporcionan las fracciones de los genotipos de la generación de plantas de orden  $n$ , expresadas en función de las fracciones de los genotipos iniciales.

Tomando límites, cuando  $n$  tiende al infinito, podemos concluir que:

$$\begin{aligned} a_n &\longrightarrow 1 \\ a_n &\longrightarrow 0 \\ c_n &\longrightarrow 0 \end{aligned}$$

Con este resultado nos podemos dar cuenta que al cambiar el programa de cultivo por la fecundación de plantas con una planta del genotipo AA obtenemos que a medida que  $n$  crece, las plantas de la población tenderán a ser del genotipo AA. Esto es, a largo plazo, el agricultor tendrá puras plantas del genotipo AA.

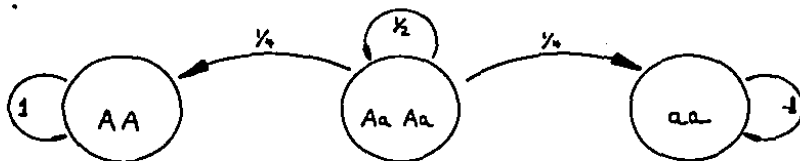
Presento otro tipo de ejemplo de la misma aplicación, ya que considero que el resultado del experimento es interesante.

Ejemplo 3.- Supongamos ahora que el agricultor hace la siguiente modificación a su experimento. Establece que cada planta de la población sea fertilizada siempre con una planta de su propio genotipo. Haciendo este tipo de cultivo vemos que es lo que sucede en la generación de orden  $n$ .

Usando la primera, cuarta y sexta columna de la tabla (3.1) obtenemos la distribución de los genotipos en cada generación

| GENOTIPOS<br>DE<br>LOS PADRES | DISTRIBUCIÓN DE LOS HIJOS |       |       |
|-------------------------------|---------------------------|-------|-------|
|                               | AA-AA                     | Aa-Aa | aa-aa |
| AA                            | 1                         | a     | c     |
| Aa                            | 0                         | b     | d     |
| aa                            | 0                         | e     | f     |

También podemos obtener la distribución de los genotipos con el siguiente diagrama de transición:



La distribución de los genotipos de las plantas es:

$$a_n = a_{n-1} - kb_{n-1}$$

$$b_n = kb_{n-1}$$

$$c_n = kb_{n-1} - c_{n-1}$$

Efectuando el mismo procedimiento que en los ejemplos anteriores obtenemos

$$X^n = A^n X^0 = MDM^{n-1}X^0 = \begin{bmatrix} a_0 + (k - k^n)b_0 \\ k^n b_0 \\ c_0 + (k - k^n)b_0 \end{bmatrix}$$

Entonces:

$$a_n = a_0 + (k - k^{n+1})b_0$$

$$b_n = k^n b_0$$

$$c_n = c_0 + (k - k^{n+1})b_0$$

Tomando el límite:

$$\lim_{n \rightarrow \infty} (a_0 + (b - (b)^{n+1})b_0) = a_0 + hb_0$$

$$\lim_{n \rightarrow \infty} (b)^n b_0 = 0$$

$$\lim_{n \rightarrow \infty} (c_0 + (b - (b)^{n+1})b_0) = c_0 + hb_0$$

Con esto concluimos que:

$$\begin{array}{l} a_n \longrightarrow a_0 + hb_0 \\ b_n \longrightarrow 0 \\ c_n \longrightarrow c_0 + hb_0 \end{array}$$

Las conclusiones que obtenemos son que siempre que se fertilize una población de plantas, cada una con su propio genotipo, se obtendrá una población que a la larga contendrá únicamente genotipos de tipo AA y aa.

Es muy interesante observar que si se cruzan plantas con su propio genotipo, en el futuro tiende a desaparecer la clase de los híbridos.

— A continuación veamos un ejemplo que se puede aplicar a los seres humanos para el caso de una enfermedad autosómica recesiva. Recordemos del capítulo uno que una enfermedad autosómica recesiva es aquella en la que se presentan un par de genes recesivos que se encuentran de alguna forma afectados. Es decir, la enfermedad del individuo se expresa únicamente cuando éste es homocigoto, para un par de genes; es decir, la acción del gen debe encontrarse en doble dosis.

Veamos como se aplica el modelo para la erradicación de alguna enfermedad autosómica:

Ejemplo 4.- Supongamos que existe un programa para identificar a los portadores de una enfermedad autosómica recesiva y dada la naturaleza de la enfermedad, todos los portadores identificados prometen no procrear hijos entre ellos mismos. De esta forma, los futuros hijos tendrán padres normales (cruzas de tipo: AA-AA) o un progenitor normal y otro portador (cruzas de tipo: AA-Aa). Como consecuencia de esto, en el futuro no habrá descendencia que sufra la enfermedad, aunque existan portadores en las generaciones futuras. Analizaremos cual será la fracción de los genotipos resultantes que tendrán las futuras generaciones, siguiendo el programa de matrimonios controlados.

La siguiente tabla se obtiene de la tabla (3.1) suprimiendo las columnas 3, 4, 5, 6 y la tercera fila.

| GENOTIPO DE LOS PADRES |    |       |       |
|------------------------|----|-------|-------|
|                        | AA | AA-AA | AA-Aa |
| GENOTIPO DE LOS HIJOS  | AA | 1     | a     |
|                        | Aa | 0     | b     |

Tabla 3.4

Sea:

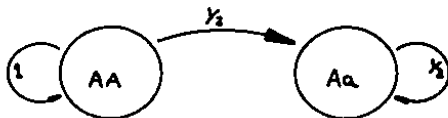
$$X^n = \begin{bmatrix} a_n \\ b_n \end{bmatrix}$$

donde:

$a_n$  es la fracción de la población de sanos (o sea, del genotipo AA que hay en la generación de orden n).

$b_n$  es la fracción de la población que son portadores (o sea, del genotipo Aa) que hay en la generación de orden n.

Como consecuencia de la tabla 3.4 o por el siguiente diagrama de transición, podemos determinar la distribución de los genotipos en cada generación a partir de la distribución en la generación anterior:



Así llegamos a las siguientes ecuaciones:

$$\begin{aligned} a_n &= a_{n-1} + \frac{1}{2}b_{n-1} \\ b_n &= \frac{1}{2}b_{n-1} \end{aligned}$$

Las ecuaciones anteriores se pueden escribir en forma matricial como:

$$X^n = AX^{n-1}$$

De esta forma nos damos cuenta que éste tipo de aplicaciones se efectúa de la misma manera que los de herencia autosómica en la agricultura.

Conociendo la distribución inicial, la de los genotipos de la  $n$ -ésima generación se expresa de la siguiente forma:

$$X^n = A^n X^0$$

Encontremos la forma diagonal de  $A$  :

$$\begin{bmatrix} 1 & \frac{1}{2} \\ 0 & \frac{1}{2} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_n \\ b_n \end{bmatrix} = \lambda \begin{bmatrix} a_n \\ b_n \end{bmatrix} \begin{cases} a_n (1 - \lambda) + \frac{1}{2}b_n = 0 \\ b_n (\frac{1}{2} - \lambda) = 0 \end{cases}$$

El polinomio característico es



$$\begin{vmatrix} 1 - \lambda & h \\ 0 & h - \lambda \end{vmatrix} = (1 - \lambda)(h - \lambda) = \lambda^2 - 3/2\lambda + h$$

Los Autovalores son

$$\lambda_1 = \frac{3/2 \pm \sqrt{9/4 - 4(1)(h)}}{2} = \begin{cases} (3/2 + 1/2)/2 = 1 = \lambda_1 \\ (3/2 - 1/2)/2 = 1/2 = \lambda_2 \end{cases}$$

De la ecuación característica encontramos los autovalores

$$\lambda_1 = 1 \quad \text{y} \quad \lambda_2 = h$$

ahora pasemos al cálculo de los vectores característicos.

Substituyendo  $\lambda = \lambda_1 = 1$  en el sistema  $(A - \lambda I)x = 0$  tenemos:

$$\begin{aligned} ha_n &= 0 \\ -ha_n &= 0 \end{aligned}$$

Cuyo conjunto solución es

$$S_{\lambda_1} = \{ (a_n, 0) / a_n \in \mathbb{R} \}$$

Una base para este conjunto solución es el vector

$$\begin{bmatrix} 1 \\ 0 \end{bmatrix}$$

Substituyendo  $\lambda = \lambda_2 = h$  en el sistema  $(A - \lambda I)x = 0$  tenemos:

$$ha_n + hb_n = 0$$

El conjunto solución es

$$S_{\lambda_2} = \{ (a_n, -a_n) / a_n \in \mathbb{R} \}$$

Una base para este conjunto solución es el vector:

$$\begin{bmatrix} 1 \\ -1 \end{bmatrix}$$

Los autovectores son

$$V_1 = \begin{bmatrix} 1 \\ 0 \end{bmatrix} \quad \text{y} \quad V_2 = \begin{bmatrix} 1 \\ -1 \end{bmatrix}$$

Sabemos que  $A$  es diagonalizable ya que posee dos valores característicos  $\lambda_1 = 1$  y  $\lambda_2 = h$  distintos; siendo que el orden de  $A$  es 2.

De esta forma:

$$\begin{aligned} X^n &= A^n X^0 = MD^n M^{-1} X^0 = \begin{bmatrix} 1 & 1 \\ 0 & -1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & (h)^n \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 1 & 1 \\ 0 & -1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_0 \\ b_0 \end{bmatrix} \\ &= \begin{bmatrix} 1 & (h)^n \\ 0 & -(h)^n \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 1 & 1 \\ 0 & -1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_0 \\ b_0 \end{bmatrix} \\ &= \begin{bmatrix} 1 & 1-(h)^n \\ 0 & (h)^n \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_0 \\ b_0 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} a_0 + (1-(h)^n)b_0 \\ (h)^n b_0 \end{bmatrix} \end{aligned}$$

Entonces

$$a_n = a_0 + b_0 - (h)^n b_0$$

$$b_n = (h)^n b_0$$

Como  $a_0 + b_0 = 1$ , la primera ecuación es:  $a_n = 1 - (h)^n b_0$

Ahora,

$$\lim_{n \rightarrow \infty} 1 - (h)^n b_0 = 1, \text{ y}$$

$$\lim_{n \rightarrow \infty} (h)^n b_0 = 0$$

de modo que podemos concluir que

$$\begin{array}{l} a_n \longrightarrow 1 \\ b_n \longrightarrow 0 \end{array}$$

Con este resultado nos damos cuenta que a la larga no existirán portadores de enfermedades autosómicas recesivas, sino que, bajo éste tipo de apareamientos, sólo habrá una población sana.

Es interesante notar que bajo este tipo de apareamientos de matrimonios controlados pueda llegar a desaparecer alguna determinada enfermedad de la especie humana, aunque se debe de tomar en cuenta la tasa de mutación que puede crearse.

En los humanos no es común este tipo de apareamientos ya que hay razones éticas involucradas.

Ejemplo 5.- A continuación consideraré el ejemplo anterior pero ahora explicándolo desde el punto de vista de cadenas de Markov.

Nuestro ejemplo se puede ver como una secuencia de experimentos con las propiedades siguientes. El resultado de cada experimento es alguno de un número finito de resultados posibles  $S_1, S_2, \dots, S_r$ .

Se supone que la probabilidad del resultado  $S_j$  en cualquier experimento dado no es necesariamente independiente de los resultados de los experimentos previos, sino que depende cuando más del resultado del experimento inmediato anterior.

Suponemos que hay números dados  $P_{ij}$  que representa la probabilidad del resultado  $S_j$  en cualquier experimento precedente. Los resultados  $S_1, S_2, \dots, S_r$  se llaman estados, y los números  $P_{ij}$  se llaman probabilidades de transición. Si suponemos que el proceso comienza en algún estado particular, tenemos entonces suficiente información para determinar las probabilidades de las proposiciones que se refieren a toda secuencia de experimentos. Como ya vimos en el capítulo 2, este proceso se denomina Cadenas de Markov.

Las probabilidades de transición se pueden escribir de dos formas. La primera forma es por medio de un diagrama de transición (como lo hemos hecho en todos los ejemplos). La segunda forma es por medio de una matriz llamada Matriz de transición:

$$P = \begin{pmatrix} P_{11} & P_{12} \\ P_{21} & P_{22} \end{pmatrix}$$

En la matriz  $P$  la suma de los elementos de cada columna es 1. Esto debe de ser así en cualquier matriz de transición puesto que los elementos de la  $j$ -ésima columna representan las probabilidades para todas las posibilidades cuando el proceso está en el estado  $a_j$ .

Recordemos que para obtener una cadena de Markov debemos especificar como empieza el proceso. Se supone que  $e_{1,1}$  estado inicial se escoge por un procedimiento aleatorio que selecciona el estado

$s_j$  con probabilidad  $p_j^{(0)}$ . Podemos representar estas probabilidades iniciales por medio del vector:

$$P^0 = \{ p_1^{(0)} \ p_2^{(0)} \}$$

Sea  $p_j^{(n)}$  la probabilidad de que el proceso esté en el estado  $a_j$  después de  $n$  pasos:

$$P^n = \{ p_1^{(n)} \ p_2^{(n)} \}$$

Los vectores  $P^0$  y  $P^n$  son vectores probabilidad, por lo que sus componentes deben ser no negativos y su suma igual a uno.

Hasta ahora comparando nuestro ejemplo con lo visto de cadenas de Markov, podemos darnos cuenta que los vectores de probabilidad constituyen nuestra distribución de genotipos  $X^n = [a_n, b_n]$  y la matriz de transición  $P$  es nuestra matriz:

$$A = \begin{bmatrix} 1 & b \\ 0 & b \end{bmatrix}$$

También en cadenas de Markov se encuentra que las probabilidades satisfacen las ecuaciones siguientes. (\*)

$$p_1^{(n)} = p_{11} p_1^{(n-1)} + p_{21} p_2^{(n-1)}$$

$$p_2^{(n)} = p_{12} p_1^{(n-1)} + p_{22} p_2^{(n-1)}$$

$p_1^{(n)}$  expresa el hecho de que la probabilidad de estar en el estado  $S_1$  después de  $n$  pasos, es la suma de las probabilidades de estar en cada uno de los dos posibles estados después de  $n-1$  paso y adviniéndose al estado  $a_1$  en el  $n$ -ésimo paso.

(\*) J. G. Kennedy et al, "Introducción a las matemáticas finitas", pp. 300. cita bibliográfica #13.

En nuestro ejemplo tenemos lo mismo que es:

$$a_n = a_{n-1} + b_{n-1}$$

$$b_n = hb_{n-1}$$

Sabemos que el vector de probabilidad  $u$  es un punto fijo de la matriz  $P$ , si  $u = Pu$ .

En el sistema  $(A - \lambda I) X = 0$  cuando  $\lambda = 1$  tenemos que:

$$(A - I) X = 0$$

$$AX - X = 0$$

$$AX = X.$$

A continuacion tendremos que elevar potencias de la matriz de transicion  $A$  para encontrar el punto fijo:

$$A = \begin{bmatrix} 1 & h \\ 0 & h \end{bmatrix} \quad A^2 = \begin{bmatrix} 1 & 3/4 \\ 0 & 1/4 \end{bmatrix} \quad A^3 = \begin{bmatrix} 1 & 0.875 \\ 0 & 0.125 \end{bmatrix}$$

$$A^4 = \begin{bmatrix} 1 & 0.9375 \\ 0 & 0.0625 \end{bmatrix} \quad A^5 = \begin{bmatrix} 1 & 0.96875 \\ 0 & 0.03125 \end{bmatrix} \quad A^6 = \begin{bmatrix} 1 & 0.9843 \\ 0 & 0.015625 \end{bmatrix}$$

$$A^7 = \begin{bmatrix} 1 & 0.9921875 \\ 0 & 0.0078125 \end{bmatrix} \quad \dots$$

por lo que podemos suponer que:

$$A^n = \begin{bmatrix} 1 & 1 \\ 0 & 0 \end{bmatrix}$$

para comprobarlo  $u = Au$ .

$$\begin{bmatrix} 1 & h \\ 0 & h \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 1 \\ 0 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 \\ 0 \end{bmatrix}$$

Observemos que cuando usamos algebra lineal en todos los casos existe  $\lambda = 1$ , que es justificada por la existencia de un punto fijo para la matriz  $P$ .

B.- Modelo aplicado a la herencia ligada al sexo.

Ahora veamos como se aplica el modelo a la herencia ligada al sexo. De la tabla 3.3 (ver pag. 48) podemos formar una matriz cuadrada; a partir de ella, plantearemos el siguiente ejemplo.

Ejemplo 6.- Supongamos que existe un programa de apareamiento en el cual -de la descendencia de un macho y una hembra- se seleccionan dos de sus hijos al azar, uno de cada sexo, y se cruzan; repitiéndose este tipo de apareamiento en las siguientes generaciones, bajo el mismo procedimiento.

Nota :

En los animales es común hacer este tipo de apareamientos en laboratorios de investigación científica para predecir con que frecuencia se pueden presentar ciertas enfermedades ligadas al sexo. En los seres humanos esto no se debe de hacer debido a que se presta a que haya malformaciones genéticas en los descendientes. Sin embargo, entre los gobernantes del antiguo Egipto y de otras civilizaciones, este tipo de matrimonios entre hermano y hermana eran muy comunes, para conservar el linaje real.

Para el estudio de los seres humanos, lo ideal sería trabajar con un problema en el que se utilicen parejas aleatorias y analizar las siguientes generaciones. Esto por desgracia no se puede hacer, ya que a medida que vayan avanzando las generaciones futuras, mientras más mezcla exista, más falta de información tendremos.



En este ejemplo, la pareja original de macho y hembra puede ser de la siguiente forma:

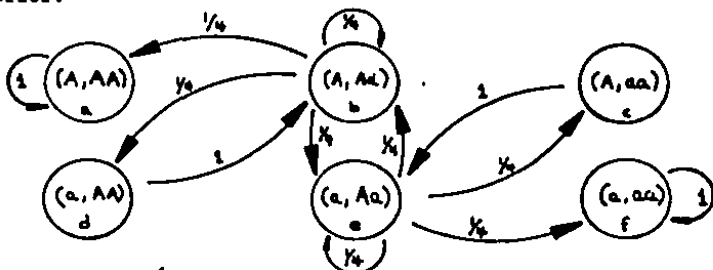
(A, AA), (A, Aa), (A, aa), (a, AA), (a, Aa), (a, aa)

Esto se debe a la forma en que ocurre este tipo de herencia explicada en el capítulo I.

Las parejas de hermanos que se aparean en las siguientes generaciones tienen una cierta probabilidad de ser de alguno de los siguientes seis tipos: (A,AA), (A,Aa), (A,aa), (a,AA), (a,Aa) o (a,aa). Para encontrarlos establezcamos :

- $a_n$  la probabilidad que la pareja cruzada de hermanos en la n-ésima generación sea del tipo (A,AA)
- $b_n$  la probabilidad de que sea del tipo (A,Aa)
- $c_n$  la probabilidad de que sea del tipo (A,aa)
- $d_n$  la probabilidad de que sea del tipo (a,AA)
- $e_n$  la probabilidad de que sea del tipo (a,Aa)
- $f_n$  la probabilidad de que sea del tipo (a,aa)

Usando la tabla 3.3 y el siguiente diagrama de transición podemos determinar la distribución de los genotipos en cada generación anterior:



con lo que resultan las siguientes ecuaciones:

$$\begin{aligned} a_n &= a_{n-1} + \omega b_{n-1} \\ b_n &= \omega b_{n-1} + d_{n-1} + \omega a_{n-1} \\ c_n &= a_{n-1} \\ d_n &= \omega b_{n-1} \\ e_n &= \omega b_{n-1} + c_{n-1} + \omega a_{n-1} \\ f_n &= \omega a_{n-1} + f_{n-1} \end{aligned}$$

Nuevamente obtenemos  $X^n = AX^{n-1}$

En donde

$$X^n = \begin{bmatrix} a_n \\ b_n \\ \cdot \\ \cdot \\ \cdot \\ f_n \end{bmatrix}, \quad X^{n-1} = \begin{bmatrix} a_{n-1} \\ b_{n-1} \\ \cdot \\ \cdot \\ \cdot \\ f_{n-1} \end{bmatrix}, \quad A = \begin{bmatrix} 1 & \omega & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \omega & 0 & 1 & \omega & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \omega & 0 \\ 0 & \omega & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \omega & 1 & 0 & \omega & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \omega & 1 \end{bmatrix}$$

Como en los ejemplos anteriores tenemos

$$X^n = A^n X^0$$

Encontramos la forma diagonal de A.

El polinomio característico de A es:

$$|A - \lambda I| = \begin{vmatrix} 1-\lambda & \omega & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \omega-\lambda & 0 & 1 & \omega & 0 \\ 0 & 0 & -\lambda & 0 & \omega & 0 \\ 0 & \omega & 0 & -\lambda & 0 & 0 \\ 0 & \omega & 1 & 0 & \omega-\lambda & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \omega & 1-\lambda \end{vmatrix} = \lambda^6 - 5/2\lambda^5 + 3/2\lambda^4 + 5/8\lambda^3 - 11/16\lambda^2 + 1/16$$

La ecuación característica es:

$$\lambda^6 - 5/2\lambda^5 + 3/2\lambda^4 + 5/8\lambda^3 - 11/16\lambda^2 + 1/16 = 0$$

los valores propios son :

$$\lambda_1 = 1, \lambda_2 = 1, \lambda_3 = h, \lambda_4 = -h, \lambda_5 = h(1 + \sqrt{5}), \lambda_6 = h(1 - \sqrt{5})$$

Substituyendo  $\lambda = \lambda_i$  en el sistema  $(A - \lambda_i I) X = 0$ , se encuentra el conjunto solución para cada  $\lambda_i$  y luego una base para cada conjunto solución.

Consideremos que los autovectores correspondientes a los autovalores dados son :

$$\begin{aligned} V_1 &= [1 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0] & V_2 &= [0 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0 \ 1] \\ V_3 &= [-1 \ 2 \ -1 \ 1 \ -2 \ 1] & V_4 &= [1 \ -6 \ -3 \ 3 \ 6 \ -1] \\ V_5 &= [h(-3-\sqrt{5}) \ 1 \ h(-1+\sqrt{5}) \ h(-1+\sqrt{5}) \ 1 \ h(-3-\sqrt{5})] \\ V_6 &= [h(-3+\sqrt{5}) \ 1 \ h(-1-\sqrt{5}) \ h(-1-\sqrt{5}) \ 1 \ h(-3+\sqrt{5})] \end{aligned}$$

Aplicando la ecuación  $X^n = A^n X^0$ , donde  $A^n = MD^n M^{-1}$  obtenemos,

$$X^n = \begin{bmatrix} 1 & 0 & -1 & 1 & h(-3-\sqrt{5}) & h(-3+\sqrt{5}) \\ 0 & 0 & 2 & -6 & 1 & 1 \\ 0 & 0 & -1 & -3 & h(-1+\sqrt{5}) & h(-1-\sqrt{5}) \\ 0 & 0 & 1 & 3 & h(-1+\sqrt{5}) & h(-1-\sqrt{5}) \\ 0 & 0 & -3 & 6 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 1 & -1 & h(-3-\sqrt{5}) & h(-3+\sqrt{5}) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} (1)^n & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & (1)^n & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & (h)^n & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & (-h)^n & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & [h(1+\sqrt{5})]^n & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & [h(1-\sqrt{5})]^n \end{bmatrix}$$

$$\begin{bmatrix} 1 & 2/3 & 1/3 & 2/3 & 1/3 & 0 \\ 0 & 1/3 & 2/3 & 1/3 & 2/3 & 1 \\ 0 & 1/8 & -1/4 & 1/4 & -1/8 & 0 \\ 0 & -1/24 & -1/12 & 1/12 & 1/24 & 0 \\ 0 & (5+5)/20 & 5/5 & 5/5 & (5+5)/20 & 0 \\ 0 & (5-5)/20 & -5/5 & -5/5 & (5-5)/20 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_0 \\ b_0 \\ c_0 \\ d_0 \\ e_0 \\ f_0 \end{bmatrix}$$

Podemos simplificar haciendo  $n$  tender al infinito en  $D^n$ ; de esta forma

$$D^n = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

y, por lo tanto,

$$X^n = \begin{bmatrix} a_0 + 2/3b_0 + 1/3c_0 + 2/3d_0 + 1/3e_0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 1/3b_0 + 2/3c_0 + 1/3d_0 + 2/3e_0 + f_0 \end{bmatrix}$$

así,

$$\begin{matrix} a \\ b \\ c \\ d \\ e \\ f \end{matrix} = \begin{matrix} a_0 + 2/3b_0 + 1/3c_0 + 2/3d_0 + 1/3e_0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 1/3b_0 + 2/3c_0 + 1/3d_0 + 2/3e_0 + f_0 \end{matrix}$$

Podemos concluir que en la generación de orden  $n$ , todas las parejas de hermanos y hermanas serán del genotipo (A,AA) ó (a,aa).

Entonces, si la pareja inicial de este tipo de programa es del tipo (A,AA) (esto es  $a_0 = 1, b_0=c_0=d_0=e_0=f_0 = 0$ ),  $V_n$  que tiende a infinito obtenemos el siguiente resultado :

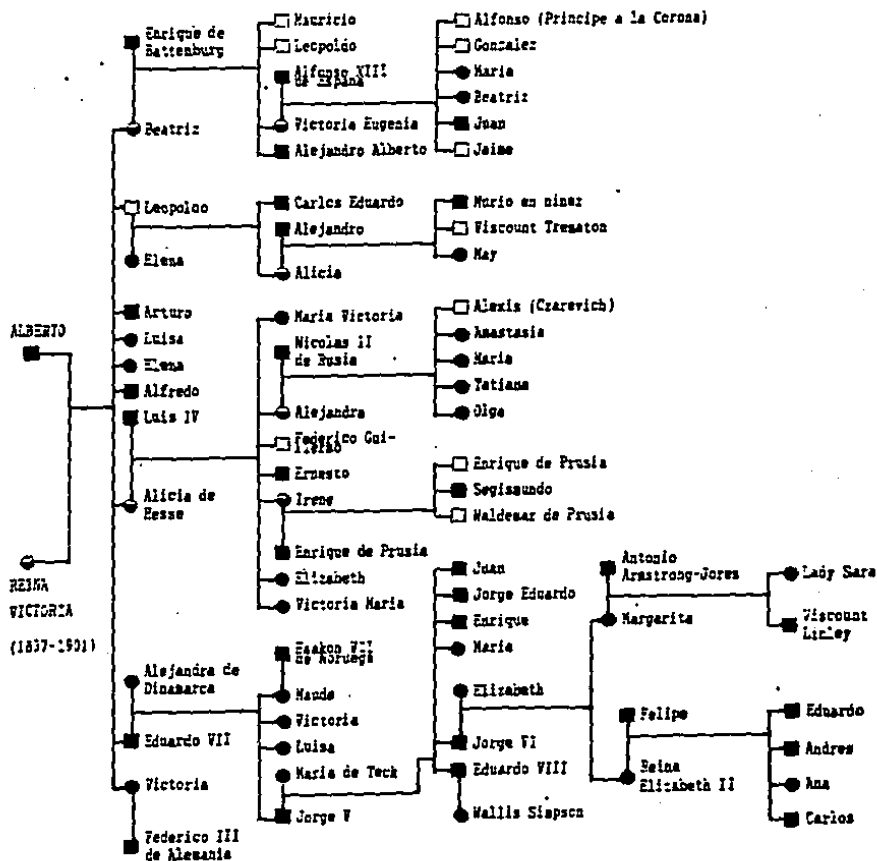
$$X^n = [ 1 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0 ]$$

Pero si la pareja inicial es del tipo (A, aa) (esto es,  $c_0 = 1$  y  $a_0=b_0=d_0=e_0=f_0$ ), entonces cuando  $n$  tiende a infinito obtenemos:

$$X^n = [ 1/3 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0 \ 2/3 ]$$

Ejemplo 7.- Podemos interpretar uno de los estudios más famosos que se ha hecho de herencia ligada al sexo en base a la aplicación anterior. Este ha sido el de la reina Victoria de Inglaterra que era portadora de hemofilia. Veamos según su árbol genealógico cómo se cumplió la descendencia real.

Tabla 3.5 (A)



(\*) Otto Towle. "Modern Biology" pp. 179  
cita bibliografica #28.

- Mujer Normal
- Mujer Portadora
- Hombre Normal
- Hombre Hemofílico

Al ser la reina Victoria portadora y Alberto sano, según el cuadro de Punnett del capítulo II, las probabilidades de sus hijos eran de:

- ¼ de mujeres portadoras.
- ¼ de mujeres sanas.
- ¼ de hombres sanos.
- ¼ de hombres enfermos

¿Se caspó éste en la primera generación?

La Reina tuvo nueve hijos que se distribuyeron de la siguiente manera:

- 3 mujeres sanas.
- 2 hijas portadoras.
- 2 hombres sanos.
- 2 hijos enfermos.

En la segunda generación se casó Alejandra de Dinamarca con Eduardo VII y ambos eran sanos por ambos lados. Toda su descendencia resultó sana, prolongándose hasta nuestros días; por lo que la familia real de Windsor ha perdido la posibilidad de su parte de contraer la enfermedad de la hemofilia.

Alicia de Hesse que era una hija portadora, se casó con Luis IV que era un hombre sano. Tuvieron siete hijos que se distribuyeron de la siguiente manera:

- 3 hijas sanas,
- 2 hijas portadoras.
- 1 hijo enfermo,
- 1 hijo sano.

El hijo Leopoldo era hemofílico y se casó con una mujer sana llamada Elena. Según el cuadro de Punnett las probabilidades se distribuyen de la siguiente forma:

h de hijas portadoras y  
h de hijos sanos.

Efectivamente, los resultados tendieron a dichas probabilidades. Tuvo un hijo sano y una hija portadora.

En el caso de la hija Beatriz -que era portadora- casada con Enrique de Battengurg -que era sano- se sigue cumpliendo el cuadro de Punnett, ya que su descendencia fue:

1 hija portadora  
1 hijo sano  
2 hijos enfermos.

Con la aplicación del álgebra lineal, podría haber predecido de antemano como se hubiera desarrollado la propagación de la hemofilia en generaciones futuras.

En la aplicación anterior habíamos obtenido: .-

$$\begin{aligned} a_n &= a_0 + 2/3b_0 + 1/3c_0 + 2/3d_0 + 1/3e_0 \\ b_n &= 0 \\ c_n &= 0 \\ d_n &= 0 \\ e_n &= 0 \\ f_n &= 1/3b_0 + 2/3c_0 + 1/3d_0 + 2/3e_0 + f_0 \end{aligned}$$

Estas ecuaciones constituyen como será la distribución de parejas de hermanos que en la n-ésima generación fueron del tipo (A,AA).



(A,Aa), (A,aa), (a,AA), (a,Aa) y/o (a,aa). Podemos analizar el ejemplo anterior aplicado a la familia real, ya que estamos estudiando una característica única que es la hemofilia, en la cual no nos importa saber si los descendientes fueron el producto de parejas de hermanos, ya que existe la misma probabilidad. Por ejemplo, si una mujer portadora se casa con un hombre sano, la pareja tendrá la misma probabilidad de tener hijos hemofílicos o no, independientemente de que el esposo fuera o no hermano. Lo importante es analizar como se propaga la hemofilia. Cabe considerar que entre las familias reales, los lazos consanguíneos entre parejas de esposos generalmente son fuertes.

La familia de Windsor que es la familia real de la Gran Bretaña, empieza con la pareja de la Reina Victoria (1837-1901) y Alberto. Esto constituye que la pareja inicial de éste programa fue del tipo (A,Aa) (esto es,  $b_0 = 1$ ,  $a_0 = c_0 = d_0 = e_0 = f_0 = 0$ ) por lo que en la n-ésima generación se debería haber obtenido :

$$a_n = 2/3, \quad b_n = 0, \quad c_n = 0, \quad d_n = 0, \quad e_n = 0 \quad \wedge \quad f_n = 1/3$$

que significa 2/3 de la población serían parejas sanas y 1/3 hemofílicas.

De la tabla 3.5 no tenemos la información de todos los descendientes de la cuarta generación filial, por lo que tenemos que suponer -en base a la información que tenemos accesible- que nuestras conclusiones serán ciertas; si la información de la descendencia del resto de la familia real fuera conocida, estoy convencida de que habría coincidido con los resultados anteriores.

## BIBLIOGRAFIA

1. Campbell, G. Hugh and Spencer E. Robert. "Finite Mathematics". Macmillan Publishing Co. Inc., New York, U.S.A.: 1974.
2. Carnevale, Alessandra. "Herencia Mendeliana". Trabajo no publicado, Instituto Nacional de Pediatría, México D.F.
3. Daniel, W. Wayne. "Estadística con Aplicaciones a las Ciencias Sociales y a la Educación". Editorial Mc. Graw Hill, México D.F.: 1981.
4. De Groot, Morris H. "Probability and Statistics". Addison-Wesley Publishing Co., Menlo Park California, U.S.A.: 1975.
5. De Souza, L. Rita. "Álgebra Lineal". Instituto Politécnico Nacional, Sección de Graduados e Investigación Científica y Tecnológica, México D.F.: 1983.
6. Del Castillo, Victoria y Carnevale Alessandra. "ABC de la Genética". Trabajo no publicado, Servicio de Genética, Hospital del Niño INAM, México D.F.
7. Del Castillo, Victoria y Carnevale Alessandra. "Patología Genética". Trabajo no publicado; Servicio de Genética, Hospital del Niño INAM, México D.F.
8. Emanuel, M. B. "Basic Concepts of Clinical Trial Design". Clinical Research Reviews, U.S.A.: 1981.

9. Feinstein, K. Alvan. "The Populational Experiments of Nature and of Man in Human illness".  
Clinical Epidemiology. U.S.A.; 1982.
10. Goodman, A. W. and Kath J. S. "Finite Mathematics with Applications". Mc. Millan Publishing Co. New York, U.S.A.; 1979.
11. Grossman, F. Stanley. "Elementary Linear Algebra". Macsworth Publishing Co., Belmont, California U.S.A.; 1980.
12. Isaacson, L. Dean and Madsen W. Richard. "Markov Chains Theory and Applications". John Wiley and Sons. New York. U.S.A.; 1975.
13. Kennedy G. John, Snell Laurie J. and Thompson L. Gerald. "Introducción a las Matemáticas Finitas". Compañía Editorial Continental S.A. México D.F.; 1972.
14. Kleiman, Ariel y de Kleiman K. Elena. "Matrices Aplicaciones Matemáticas en Economía y Administración". Editorial Limusa, México D.F. 1979.
15. Leithold, Louis. "El Cálculo con Geometría Analítica". Harla Harper & Row Latinoamericana México D.F.; 1973.
16. Linker, Rubén. "Estructura Genética de la Población Mexicana". Salvat Mexicana de Ediciones, Querétaro, México; 1981.
17. Linker, Rubén y Armendares Salvador. "La Genética y Usted". Siglo XXI Editores. México D.F.; 1984.

18. Lunberger, G. David. "Introduction to Dynamic Systems". John Wiley and Sons, New York, U.S.A.; 1979.
19. M. SRB Adrian, Owen D. Ray y Edgar S. Robert. "Genética General". Ediciones Omega, Barcelona, España; 1968.
20. Martin, Pearl. "Matrix Theory and Finite Mathematics". Mc. Graw Hill Inc., New York, U.S.A.; 1973.
21. Mc. Kusic, A. Victor. "Mendelian Inheritance in Man". The Johns Hopkins University Press, U.S.A.; 1983.
22. Noble, Ben. "Applied Linear Algebra". Prentice Hall, U.S.A.; 1969.
23. Torres, Chris and Howard Anton. "Applications of Linear Algebra". John Wiley and Sons, New York, U.S.A.; 1979.
24. Smith, Maynard J. "Ideas Matemáticas en Biología". Compañía Editorial Continental S.A., México D.F.; 1977.
25. Snell, Kessoy. "Finite Markov Chains". D. Van Nostrand Co., New York, U.S.A.; 1960.
26. Strang, Gilbert. "Linear Algebra and its Applications". Academic Press, New York, U.S.A.; 1976.

27. Thorn, Adams et al. "Biological Considerations in the Approach to Clinical Medicine". from "Harrison's Principles of Internal Medicine" Volume 1, Part 3, Section 1.; U.S.A.
28. Towle, Albert y Otto H. James. "Modern Biology". Hoit, Rine, Hart and Winston Inc., Virginia U.S.A.: 1973.
29. Vaughan, Mc Kay y Behraan. "Prenatal Disturbances and Factors in Diseases of Children Genetic Factors". from 'Nelson Textbook of Pediatrics', Chapter VI. U.S.A.: 1979.