



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE
MÉXICO

FACULTAD DE CIENCIAS

MODELOS DE REPRODUCCIÓN
ASOCIADOS AL PROCESO DE
BIENAYMÉ-GALTON-WATSON EN
TIEMPO DISCRETO

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL TÍTULO DE:
A C T U A R I A
P R E S E N T A:
V I V I A N A D I A Z M A G A L L A N E S

DIRECTORA DE TESIS:
DRA. MARÍA EMILIA CABALLERO ACOSTA

CODIRECTOR DE TESIS:
DR. JOSÉ LUIS ÁNGEL PÉREZ GARMENDIA





Universidad Nacional
Autónoma de México

Dirección General de Bibliotecas de la UNAM

Biblioteca Central



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.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE
MÉXICO

FACULTAD DE CIENCIAS

MODELOS DE REPRODUCCIÓN
ASOCIADOS AL PROCESO DE
BIENAYMÉ-GALTON-WATSON EN
TIEMPO DISCRETO

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL TÍTULO DE:
A C T U A R I A
P R E S E N T A:
V I V I A N A D I A Z M A G A L L A N E S

DIRECTORA DE TESIS:
DRA. MARÍA EMILIA CABALLERO ACOSTA

CODIRECTOR DE TESIS:
DR. JOSÉ LUIS ÁNGEL PÉREZ GARMENDIA



Hoja de Datos del Jurado

1. Datos del alumno	1. Datos del alumno
Apellido Paterno	Díaz
Apellido Materno	Magallanes
Nombre(s)	Viviana
Teléfono	26170645
Universidad Nacional Autónoma de México	Universidad Nacional Autónoma de México
Facultad de Ciencias	Facultad de Ciencias
Carrera	Actuaría
Número de Cuenta	304309201
2. Datos del tutor	2. Datos del tutor
Grado	Dra.
Nombre(s)	María Emilia
Apellido Paterno	Caballero
Apellido Materno	Acosta
3. Datos del cotutor	3. Datos del cotutor
Grado	Dr.
Nombre(s)	José Luis Ángel
Apellido Paterno	Perez
Apellido Materno	Garmendia
4. Datos del sinodal 1	4. Datos del sinodal 1
Grado	Dr.
Nombre(s)	Rámses Humberto
Apellido Paterno	Mena
Apellido Materno	Chávez
5. Datos del sinodal 2	5. Datos del sinodal 2
Grado	Dr.
Nombre(s)	Pedro Eduardo
Apellido Paterno	Miramontes
Apellido Materno	Vidal
6. Datos del sinodal 3	6. Datos del sinodal 3
Grado	M. en C.
Nombre(s)	Eduardo
Apellido Paterno	Oropeza
Apellido Materno	Solórzano
7. Datos del sinodal 4	7. Datos del sinodal 4
Grado	Dr.
Nombre(s)	José Luis Ángel
Apellido Paterno	Perez
Apellido Materno	Garmendia
8. Datos del trabajo escrito	8. Datos del trabajo escrito
Título	Modelos de reproducción asociados al proceso de Bienaymé-Galton-Watson en tiempo discreto
Número de páginas	108
Año	2011

Índice general

Prefacio	v
1. Proceso de Ramificación de Bienaymé-Galton-Watson	1
1.1. Construcción Matemática del Proceso	1
1.1.1. Propiedad de Ramificación	2
1.2. Ejemplos	2
1.3. Función Generadora de Probabilidades	5
1.3.1. Propiedades	6
1.4. Proceso de Ramificación con Inmigración	12
1.4.1. Formulación Matemática	12
1.5. Clasificación de Estados	15
1.6. Extinción del Proceso	17
1.6.1. Cálculo de la probabilidad de extinción	21
1.7. Propiedades Adicionales y Ejemplos	26
1.8. Algunas consideraciones sobre distribuciones estacionarias	29
2. Distribuciones Cuasi-estacionarias y Q-procesos	37
2.1. Distribuciones cuasi-estacionarias y Límite de Yaglom	38
2.1.1. Ejemplos	44
2.2. Q-procesos	47
2.3. Relación entre las distribuciones cuasi-estacionarias, límite de Yaglom y Q-procesos	54
3. Proceso de Bienaymé-Galton-Watson Sexual	57
3.1. Descripción del Modelo	58
3.1.1. Propiedades de la función ζ	58
3.1.2. Propiedades de Monotonía y Subprocesos del BGWS	61
3.2. Ley de Reproducción	62

3.3. Media de la Reproducción	63
3.3.1. Ejemplos	63
3.4. Crecimiento Poblacional: Extinción o Explosión	65
3.5. Probabilidad de Extinción	66
3.5.1. Ejemplos	73
3.6. Matriz de transición del BGWS	80
4. Aplicaciones	85
4.1. Aplicación a la Amplificación Génica	89
4.1.1. Inmunidad a los fármacos	91
4.2. Aplicación a la replicación de biomoléculas	94
4.3. Aplicación al ciclo celular con muerte e inactividad	96
4.3.1. Modelo matemático	96
A. Apéndice	101
A.1. Convolución de variables aleatorias	101
A.2. Series de Potencias	102
A.2.1. Propiedades de series de potencias	103
A.3. Lema de Borel Cantelli	105
Bibliografía	107

Prefacio

De acuerdo a Kimmel [KA02] un proceso de ramificación es un sistema de partículas que podría consistir ya sea de individuos, células o moléculas que poseen un tiempo aleatorio de vida, y en determinado momento (aún contando el instante de fallecimiento) producen un número aleatorio de descendientes. Su relevancia en la teoría matemática utilizada para su desarrollo es que permite modelar uno de los procesos más primordiales de la naturaleza: *la reproducción*.

Harris [Har63] y Roelly [Roe], contienen esbozos de la historia de los procesos de ramificación. En un principio los inicios de su análisis fueron los estudios de Leonhard Euler (1707-1783) y Thomas Robert Malthus (1766-1834) sobre el crecimiento geométrico (o de tipo exponencial) de la población humana. Sin embargo se considera que la teoría de los procesos de ramificación aparece por primera vez en 1874 en un problema planteado por Francis Galton (1822-1911) para conocer la probabilidad de extinción de una familia ordinaria en base a los datos de fertilidad de aquella época y así confirmar su hipótesis de que las familias distinguidas de Gran Bretaña eran más dadas a desaparecer que las ordinarias. Fue Henry William Watson (1827-1903) quien dió una solución errónea y así éste problema se resolvió medio siglo después cuando J.F. Stefensen (1930,1932) proporcionó la probabilidad correcta. Paralelamente Irénée-Jules Bienaymé (1796-1878) trabajó en este mismo problema en Francia y A.N. Kolmogorov (1903-1987) pudo determinar la forma asintótica de la probabilidad de supervivencia de una familia después de un número finito de generaciones.

La incorporación de estos estudios a aplicaciones biológicas fue en 1922 cuando Ronald Aylmer Fisher(1890-1962) utilizó el modelo en un contexto genético: estudió el comportamiento de los descendientes de un gen mutante y así pudo analizar las variaciones (aleatorias) en la frecuencia de dichos genes. Con esto se abriría el uso de los procesos de ramificación a la genética y a otros campos como: biología molecular, biología celular, inmunología, epidemiología, estudio de células cancerosas hasta tener alcances en la física nuclear o finanzas.

En esta tesis se trabaja con varios modelos de reproducción que tienen como base el proceso de ramificación de Bienaymé-Galton-Watson (BGW) el cual es el más simple de los procesos de ramificación. Se pretende motivar a través de éste trabajo a personas que tienen conocimientos en Probabilidad y a los que sólo conocen el fenómeno biológico a interesarse en la aplicación de modelos matemáticos relativos a fenómenos en la naturaleza. Los temas que se desarrollarán tendrán en todo momento una clara explicación de las herramientas matemáticas utilizadas y ejemplos con una amplia descripción a diferentes estudios concentrándonos en los que tengan relación con la Biología.

El trabajo consta de 4 capítulos: en el primer capítulo daremos la construcción del proceso, sus propiedades y las herramientas necesarias (como la media de reproducción o la función generadora de probabilidades) para establecer la probabilidad de extinción del mismo. Después se buscará generalizar este modelo de reproducción a través de incorporar nuevos supuestos al modelo original: en un modelo asumiremos que a la población inicial llegan inmigrantes de manera independiente y a partir de esta idea se genera el Bienaymé-Galton-Watson con Inmigración (BGWI). Más adelante en el capítulo 2 nos enfocamos en estudiar el proceso BGW condicionado a la no extinción y este planteamiento nos llevará a estudiar las distribuciones cuasi-estacionarias y procesos límite (cuando existen) que se conocen en la literatura como el límite de Yaglom y Q-proceso. Explicaremos la diferencia y la heurística que hay entre cada uno de ellos.

Otro modelo de reproducción que se estudia a detalle incorpora el sexo y la forma de aparearse de los individuos dando origen al proceso de Bienaymé-Galton-Watson Sexual (BGWS) de donde su construcción y función de apareamiento que refleja ya sea la monogamia, poligamia o promiscuidad son estudiadas en el capítulo 3 donde se suministran las nuevas propiedades que posee. Concluimos este capítulo con el teorema vinculado a la probabilidad de extinción.

Para concluir el trabajo, una vez desarrollados éstos modelos, en el último capítulo se darán aplicaciones relacionadas en su mayoría a la Biología celular como lo son: el crecimiento celular que contempla la muerte e inactividad de las mismas en la cual describimos su comportamiento a través de la función generadora conjunta de las células prolíficas e inactivas. El límite de Yaglom se emplea en el modelo dado por [KA02] para estimar el número de células resistentes a un fármaco que pueden originar cáncer. Por último conoceremos a través de la función generadora de probabilidades las condiciones que se requieren para que una biomolécula se reproduzca de forma indefinida.

CAPÍTULO 1

Proceso de Ramificación de Bienaymé-Galton-Watson

Para la descripción del proceso de Bienaymé-Galton-Watson (BGW) tomaremos como referencia a [Roe].¹ Iniciemos por dar una pequeña explicación heurística del modelo. Consideremos una población sujeta a reproducción, dicha reproducción se modela de la siguiente forma: supongamos que al tiempo $n = 0$ hay Z_0 individuos, una vez transcurrida una unidad de tiempo (que es el tiempo de vida de una generación), los individuos se reproducen de manera aleatoria e independiente bajo una *ley de ramificación o reproducción* y después mueren. Al haber transcurrido una unidad de tiempo, los nuevos individuos se reproducen independientemente con las mismas reglas.

1.1. Construcción Matemática del Proceso

El proceso de BGW es la sucesión de variables aleatorias $(Z_n)_{n \geq 0}$, donde cada Z_n toma valores en los enteros no negativos y representa el número de individuos en la población en una generación determinada. Describimos a Z_{n+1} para $n \geq 0$ como sigue

$$Z_{n+1} = \begin{cases} \sum_{i=1}^{Z_n} X_i^{n+1} & \text{si } Z_n > 0 \\ 0 & \text{si } Z_n = 0 \end{cases}$$

¹El lector que así lo desee puede consultar las definiciones de una Cadena de Markov y de la convolución de la suma de variables aleatorias en el Apéndice A

Las variables aleatorias X_i^{n+1} se interpretan como el número de descendientes del i -ésimo individuo de la $n + 1$ -ésima generación. En un principio, tendremos en cuenta que el proceso inicia con un individuo i.e. $Z_0 = 1$; una parte importante del modelo es que la familia de variables aleatorias $(Z_n)_{n \geq 0}$ nos darán el tamaño de la población en la generación correspondiente.

Trabajaremos con el modelo más sencillo el cual supone que $\{X_i^n\}_{i \in \mathbb{N}, n \in \mathbb{N}}$ son v.a.i.i.d con distribución de probabilidad llamada *ley de ramificación o reproducción*- $\mathbf{r} := (r_j)_{j \in \mathbb{N}}$ dada por

$$\mathbb{P}(X_i^n = j) = r_j \quad j \geq 0$$

Observación 1.1 1. El evento $\{X_i^n = 0\}$ es que el individuo i muere en la generación n sin dejar descendientes.

2. En éste capítulo se supondrá que la ley \mathbf{r} es no degenerada, es decir $r_0 > 0$ y $r_0 + r_1 < 1$ lo que significa que hay probabilidad positiva de que un individuo no tenga descendientes o tenga más de un hijo en un periodo de reproducción.

1.1.1. Propiedad de Ramificación

Se puede crear el proceso de Bienaymé-Galton-Watson $(Z_n)_{n \geq 0}$ que inicie con más de un individuo bajo las siguientes hipótesis:

- Los descendientes de un individuo de cualquier generación forman un proceso equivalente al total.
- El proceso iniciado en $Z_0 = i$ es la suma de i copias independientes de Z_1 iniciadas en 1.

Esto es para toda $i, k \in \mathbb{N}$

$$\mathbb{P}((Z_{n+k})_{n \geq 0} \in \cdot | Z_k = i) = \mathbb{P}((\sum_{j=1}^i Z_n^{(j)})_{n \geq 0} \in \cdot)$$

donde $\mathbb{P}(Z_1^{(j)} \in \cdot) = \mathbb{P}(Z_1 \in \cdot | Z_0 = 1)$ para $j = 1, \dots, i$. De esta forma podemos descomponer al proceso en subprocesos que son idénticamente distribuidos al proceso original.

1.2. Ejemplos

Ejemplo 1.2

En [Roe] encontramos que la reproducción de los segmentos de ADN de longitud N se pueden modelar para $a, b \in (0, 1)$ con la siguiente ley de ramificación

$$\bullet \quad r_0 = b \quad r_1 = (1 - b)(1 - a^N) \quad r_2 = (1 - b)a^N \quad r_j = 0 \text{ para } j \geq 3$$

Ejemplo 1.3

Ilustramos un BGW que inicia con tres individuos y tiene ley de ramificación binaria la cual esta dada para $r_0 > 0$ por:

$$r_2 = 1 - r_0 \quad r_j = 0 \text{ para } j \notin \{0, 2\}$$

La reproducción de esta población se resume en la figura (1.1), en este ejemplo la población se extingue en la cuarta generación.

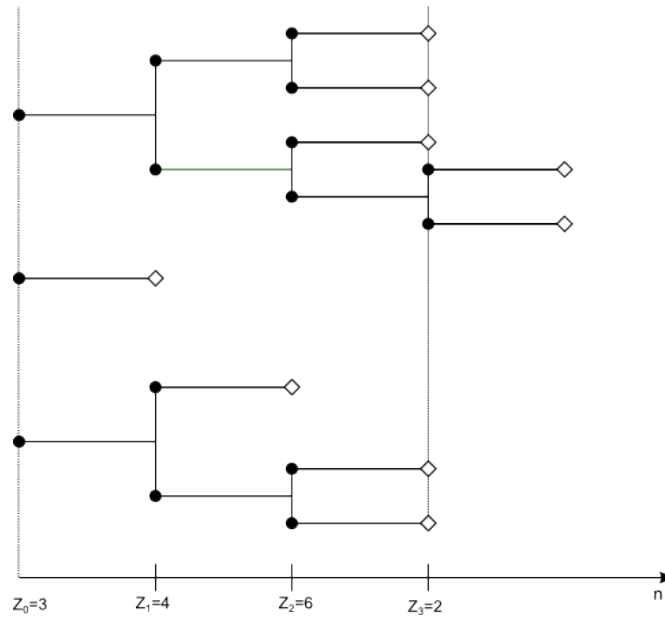


Figura 1.1: Representación de un BGW con ley de reproducción binaria. Con \diamond denotamos a los individuos que no tienen progeñe y con \bullet a los que tuvieron 2 hijos

La primera consecuencia que probaremos de la descripción del proceso es que $(Z_n)_{n \geq 0}$ es una cadena de Markov lo cual mostramos formalmente en la siguiente

Proposición 1.4 *El proceso de Bienaymé-Galton-Watson es una Cadena de Markov con $E = \mathbb{N}$*

Demostración. Tenemos que demostrar que la propiedad (A.1) se cumple. Sean $i, j, z_0, z_1, \dots, z_{n-1} \in \mathbb{N}$

$$\begin{aligned} \mathbb{P}(Z_{n+1} = j | Z_n = i, \dots, Z_0 = z_0) &= \mathbb{P}\left(\sum_{k=1}^{Z_n} X_k^{n+1} = j | Z_n = i, \dots, Z_0 = z_0\right) \\ &= \mathbb{P}\left(\sum_{k=1}^i X_k^{n+1} = j | Z_n = i, \dots, Z_0 = z_0\right) \end{aligned}$$

Debido a que Z_l y X_k^{n+1} son independientes para $k \in \{1, 2, \dots, i\}$ y $l \in \{0, 2, \dots, n\}$, lo anterior es igual a

$$= \mathbb{P}\left(\sum_{k=1}^i X_k^{n+1} = j\right) = \mathbb{P}(X_1^{n+1} + \dots + X_i^{n+1} = j)$$

Pero se puede reinterpretar como

$$\begin{aligned} \mathbb{P}(X_1^{n+1} + \dots + X_i^{n+1} = j) &= \mathbb{P}(X_1^{n+1} + \dots + X_i^{n+1} = j | Z_n = i) \\ &= \mathbb{P}(Z_{n+1} = j | Z_n = i) \end{aligned}$$

Es decir $\mathbb{P}(Z_{n+1} = j | Z_n = i, \dots, Z_0 = 1) = \mathbb{P}(Z_{n+1} = j | Z_n = i) \square$

Además al ser $\{X_m^{n+1}\}_{m=1}^{m=i}$ v.a.i.i.d, podemos usar la ecuación (A.3)

$$\begin{aligned} \mathbb{P}\left(\sum_{k=1}^{Z_n} X_k^{n+1} = j | Z_n = i, \dots, Z_0 = z_0\right) &= \mathbb{P}\left(\sum_{k=1}^i X_k^{n+1} = j\right) \\ &= \sum_{k_1 + \dots + k_i = j} r_{k_1} \dots r_{k_i} = (\mathbf{r}^{*i})(j) \end{aligned}$$

Donde \mathbf{r}^{*i} es la convolución de \mathbf{r} i -veces. Esto último nos permite concluir que la matriz de transición $P = (P_{i,j})_{i,j \geq 0}$ del proceso esta dada por

$$P_{i,j} = (\mathbf{r}^{*i})(j) \quad i, j \geq 0 \quad (1.1)$$

Una consecuencia importante de ser Cadena de Markov es que la razón del tamaño de la población y la media forman una martingala

Proposición 1.5

Sea $(Z_n)_{n \geq 0}$ un proceso de Bienaymé-Galton-Watson donde las variables aleatorias X_i^n tienen media μ . Entonces $M_n = \frac{Z_n}{\mu^n}$ es martingala con respecto a la filtración $\mathcal{F}_n = \sigma(X_i^1, \dots, X_i^n, i \geq 1)$.

Demostración. Sea $n \geq 1$, tenemos

$$\mathbb{E}(M_n | \mathcal{F}_{n-1}) := \sum_{k=0}^{\infty} \mathbb{E}\left(\frac{Z_n}{\mu^n} \mathbf{1}_{(Z_{n-1}=k)} | \mathcal{F}_{n-1}\right) \quad (1.2)$$

Ahora bien si nos enfocamos en el sumando, es claro que $\sigma(X_i^1, \dots, X_i^n, i \geq 1) = \sigma(\frac{X_i^1}{\mu^n}, \dots, \frac{X_i^n}{\mu^n}, i \geq 1)$, por lo que

$$\begin{aligned} \mathbb{E}\left(\frac{Z_n}{\mu^n} 1_{(Z_{n-1}=k)} | \mathcal{F}_{n-1}\right) &= \mathbb{E}\left(\sum_{l=1}^k \frac{X_l^n}{\mu^n} 1_{(Z_{n-1}=k)} | \mathcal{F}_{n-1}\right) \\ &= \sum_{l=1}^k \mathbb{E}\left(\frac{X_l^n}{\mu^n}\right) 1_{(Z_{n-1}=k)} \end{aligned} \quad (1.3)$$

$$\begin{aligned} &= \frac{k}{\mu^n} \mathbb{E}(X_l^n) 1_{(Z_{n-1}=k)} \\ &= \frac{k}{\mu^{n-1}} 1_{(Z_{n-1}=k)} \end{aligned} \quad (1.4)$$

La ecuación (1.3) es resultado de la independencia de $\frac{X_l^n}{\mu^n}$ de \mathcal{F}_{n-1} y de que $1_{(Z_{n-1}=k)}$ es \mathcal{F}_{n-1} medible por lo que $\mathbb{E}(1_{(Z_{n-1}=k)} | \mathcal{F}_{n-1}) = 1_{(Z_{n-1}=k)}$. Al ser las variables X_l^n idénticamente distribuidas para $l \in \{1, 2, \dots, k\}$ se obtiene (1.4). Finalizamos la demostración al sustituir este valor en (1.2)

$$\sum_{k=0}^{\infty} \frac{k}{\mu^{n-1}} 1_{(Z_{n-1}=k)} = \frac{1}{\mu^{n-1}} \sum_{k=0}^{\infty} k 1_{(Z_{n-1}=k)} = \frac{Z_{n-1}}{\mu^{n-1}} = M_{n-1}$$

Por lo tanto $\mathbb{E}(M_n | \mathcal{F}_{n-1}) = M_{n-1} \square$

Observación 1.6 *La importancia de esta propiedad es que como consecuencia del teorema de convergencia de Martingalas de Doob ² al ser M_n una martingala con $M_n \geq 0$ para toda $n \in \mathbb{N}$, sabemos que $\lim_{n \rightarrow \infty} M_n = M$ c.s y $0 \leq M < \infty$. Gracias a esta propiedad si sucede que $\mu > 1$ entonces el proceso crece de manera geométrica, es decir $Z_n \approx \mu^n M$. Esto último es el análogo estocástico de la ley de Malthus sobre el crecimiento geométrico de la población ³.*

1.3. Función Generadora de Probabilidades

Definición 1.7 *Sea X una variable aleatoria que toma valores en $\mathbb{N} \cup \{0\}$. La función generadora de X (denotada como $f_X(s)$ o simplemente $f(s)$ cuando sea claro de que variable aleatoria se trate) está dada por*

$$f_X(s) := \mathbb{E}(s^X) = \sum_{k=0}^{\infty} s^k \mathbb{P}(X = k) \quad \text{para } |s| \leq 1 \quad (1.5)$$

siempre que $\mathbb{E}(s^X)$ sea finita.

Notación 1.8 *En el caso del BGW, denotaremos por $f_n(s)$ a $\mathbb{E}(s^{Z_n})$*

² Este teorema se puede consultar en [Tud02] (Teorema 2.21)

³ Véase [Har63] para más información

Mencionaremos algunas propiedades que posee esta función. El lector puede consultar las propiedades referentes a series de potencias en el Apéndice A. Se supondrá que $\mathbb{E}(X) < \infty$

1.3.1. Propiedades

1. f es una función no decreciente sobre $[0, 1]$: si $u \leq v$ se sigue que

$$f(u) := \sum_{n=0}^{\infty} u^n \mathbb{P}(X = n) \leq \sum_{n=0}^{\infty} v^n \mathbb{P}(X = n) := f(v) \quad (1.6)$$

2. Existe un $R > 0$ tal que la suma (1.5) es absolutamente convergente si $|s| < R$, y divergente si $|s| > R$ (*existencia del radio de convergencia*). La suma es uniformemente convergente sobre conjuntos de la forma $\{s : |s| < R'\}$ con $R' < R$
3. f es integrable y derivable término a término con derivada de todos los órdenes dentro de su radio de convergencia R
4. La derivada de (1.5) está dada por:

$$(f(s))' = \sum_{k=1}^{\infty} k s^{k-1} \mathbb{P}(X = k)$$

En nuestro caso

$$f_1(s)' = \sum_{k=1}^{\infty} k s^{k-1} \mathbb{P}(X_1^1 = k) > 0 \quad (1.7)$$

Debido a los supuestos de que la ley de reproducción es no degenerada. De aquí se deduce que es una función *estrictamente creciente* para toda $s \in (0, 1]$. Si el radio de convergencia R es mayor a 1, al evaluar la ecuación (1.7) en $s = 1$ se tiene la esperanza de la variable en cuestión:

$$\begin{aligned} (f(1))' &= \sum_{k=1}^{\infty} k \mathbb{P}(X = k) = \sum_{k=0}^{\infty} k \mathbb{P}(X = k) \\ &= \mathbb{E}(X) \end{aligned} \quad (1.8)$$

5. De esta forma, al derivar n -veces (1.5) con s entre $[-R, R]$

$$f^{(n)}(s) = \frac{d^n}{ds^n} (\mathbb{E}(s^X)) = \frac{d^n}{ds^n} \left(\sum_{k=0}^{\infty} s^k \mathbb{P}(X = k) \right)$$

Podemos intercambiar las derivada con la suma debido a que la serie converge uniformemente

$$= \sum_{k=0}^{\infty} \frac{d^n}{ds^n} (s^k \mathbb{P}(X = k)) = \mathbb{E} \left(\frac{d^n}{ds^n} s^X \right) \quad (1.9)$$

$$\begin{aligned} &= \mathbb{E}([X(X-1)(X-2)\dots X-n+1]s^{X-n}) \\ &= \sum_{k=n}^{\infty} k(k-1)\dots(k-n+1)s^{k-n} \mathbb{P}(X = k) \end{aligned} \quad (1.10)$$

y al tomar $s = 1$

$$f^{(n)}(1) = \mathbb{E}[(X(X-1)(X-2)\dots(X-n+1))] \quad (1.11)$$

Si esta esperanza existe, podemos obtener $\mathbb{P}(X = n)$ de (1.10), ya que al desarrollar esta expresión

$$f^{(n)}(s) = n!\mathbb{P}(X = n) + (n+1)!s\mathbb{P}(X = n+1) + \dots \quad (1.12)$$

por lo que en $s = 0$ se tiene

$$f^{(n)}(0) = n!\mathbb{P}(X = n) \quad (1.13)$$

$$\text{entonces } \mathbb{P}(X = n) = \frac{1}{n!}f^{(n)}(0) \text{ para } n \geq 1$$

6. La varianza de X esta dada por $Var(X) = \mathbb{E}(X^2) - (\mathbb{E}(X))^2$, si utilizamos la ecuación (1.11) para el caso $n = 2$ se tiene

$$\mathbb{E}(X^2) = f^{(2)}(1) + f'(1) \quad (1.14)$$

$$\Rightarrow Var(X) = f^{(2)}(1) + f'(1) - (f'(1))^2 \quad (1.15)$$

7. Si $f_X(s) = f_Y(s)$ para toda $0 < s < R' < R$ entonces entonces X es igual a Y en distribución denotado como $(X \stackrel{D}{=} Y)$ ⁴.
Por hipótesis se tiene que

$$\begin{aligned} \sum_{k=0}^{\infty} s^k \mathbb{P}(X = k) &= \sum_{k=0}^{\infty} s^k \mathbb{P}(Y = k) \text{ que es igual a} \\ &\sum_{k=0}^{\infty} s^k (\mathbb{P}(X = k) - \mathbb{P}(Y = k)) = 0 \end{aligned}$$

Como consecuencia de que es una serie no negativa, se concluye que $s^k(\mathbb{P}(X = k) - \mathbb{P}(Y = k)) = 0$ para toda $k \in \mathbb{N} \cup \{0\}$ de donde se sigue el resultado

8. En el caso en que el radio de convergencia sea $R = 1$ las expresiones anteriores se toman como

$$\lim_{s \rightarrow 1^-} f(s). \quad (1.16)$$

Siempre y cuando el límite exista.

9. Para la expresión (1.16) afirmamos que se cumple

$$\lim_{s \rightarrow 1^-} f(s) = 1$$

⁴ $(X \stackrel{D}{=} Y)$ si $\mathbb{P}(X = k) = \mathbb{P}(Y = k)$ para toda k que esta $[-R, R]$

Sea $\epsilon > 0$. Tenemos que probar que $|f(s) - 1| < \epsilon$ si $0 < 1 - s < \delta$

$$\begin{aligned} & \left| \sum_{k=0}^{\infty} s^k \mathbb{P}(X = k) - 1 \right| < \epsilon \quad \text{que es lo mismo que pedir que} \\ & \left| \sum_{k=0}^{\infty} s^k \mathbb{P}(X = k) - \sum_{k=0}^{\infty} \mathbb{P}(X = k) \right| < \epsilon \end{aligned}$$

ya que $0 < 1 - s < \delta$ entonces $s < 1$ por lo que $s^k \leq s$ para $k \geq 1$, luego

$$\begin{aligned} & \leq \sum_{k=0}^{\infty} |(s - 1)\mathbb{P}(X = k)| < \epsilon \\ & = \sum_{k=0}^{\infty} (1 - s)|\mathbb{P}(X = k)| < \epsilon \\ & < \sum_{k=0}^{\infty} \delta \mathbb{P}(X = k) < \delta \end{aligned}$$

finalmente, tomando $\delta = \epsilon$ obtenemos el resultado.

10. La relación (1.8) también se cumple, es decir

$$\lim_{s \rightarrow 1^-} f'(s) = \mathbb{E}(X) \quad (1.17)$$

Partimos de la expresión $\frac{1-f(s)}{1-s}$

$$\begin{aligned} \frac{1 - f(s)}{1 - s} &= \frac{f(1) - f(s)}{1 - s} \\ &= \frac{\sum_{k=0}^{\infty} \mathbb{P}(X = k) - \sum_{k=0}^{\infty} s^k \mathbb{P}(X = k)}{1 - s} \\ &= \frac{\sum_{k=0}^{\infty} (1 - s^k) \mathbb{P}(X = k)}{1 - s} \end{aligned}$$

Recordemos que $1 - s^k = (1 - s)(1 + s + \dots + s^{k-1})$, así la igualdad anterior es lo mismo que

$$\begin{aligned} &= \sum_{k=0}^{\infty} (1 + s + \dots + s^{k-1}) \mathbb{P}(X = k) \\ &= \sum_{k=0}^{\infty} \sum_{j=0}^{k-1} s^j \mathbb{P}(X = k) \end{aligned}$$

Por el teorema de Fubini podemos cambiar el orden de la suma

$$= \sum_{j=0}^{\infty} s^j \sum_{k=j+1}^{\infty} \mathbb{P}(X = k) = \sum_{j=0}^{\infty} s^j \mathbb{P}(X > j) \quad (1.18)$$

Al aplicar el límite cuando s tiende a 1 por la izquierda.

$$= \sum_{j=0}^{\infty} \lim_{s \rightarrow 1^-} s^j \mathbb{P}(X > j)$$

Por la convergencia uniforme de la serie sobre $s \in [-1, 1]$, podemos intercambiar el límite y la suma

$$\begin{aligned} &= \sum_{j=0}^{\infty} \lim_{s \rightarrow 1} s^j \mathbb{P}(X > j) \\ &= \sum_{j=0}^{\infty} \mathbb{P}(X > j) \\ \therefore \lim_{s \rightarrow 1^-} \frac{1 - f(s)}{1 - s} &= f'(1) = \mathbb{E}(X) \end{aligned}$$

Observación 1.9 En particular la igualdad $g(s) = \frac{1-f(s)}{1-s} = \sum_{n=0}^{\infty} s^n \mathbb{P}(X > n)$ muestra que $g : [0, 1] \mapsto \mathbb{R}$ es no decreciente

11. En base a (1.11) podemos aplicar argumentos similares al anterior para obtener

$$\lim_{s \rightarrow 1^-} f^{(n)}(s) = \mathbb{E}[X(X-1)(X-2)\dots(X-n+1)] \quad (1.19)$$

Enunciaremos un teorema que fue probado por Galton (véase [Har63]) el cual da una propiedad básica que nos permite calcular la función generadora de probabilidades de Z_n del proceso de BGW.

Teorema 1.10 Sea f_1 la función generadora de Z_1 . Para $n \geq 1$ sea $f_n(s)$ la función generadora de Z_n , entonces se tiene que f_n es la n -ésima composición de f_1 consigo misma.

Demostración. Al condicionar con respecto al valor de Z_n se produce la siguiente expresión para f_{n+1}

$$\begin{aligned} f_{n+1}(s) &= \mathbb{E}(s^{Z_{n+1}}) = \mathbb{E}(\mathbb{E}(s^{Z_{n+1}} | Z_n)) \\ &= \mathbb{E}\left(\sum_{k=0}^{\infty} \mathbb{E}(s^{Z_{n+1}} | Z_n = k) 1_{\{Z_n=k\}}\right) \\ &= \mathbb{E}\left(\sum_{k=0}^{\infty} \mathbb{E}(s^{X_1^n + \dots + X_k^n} | Z_n = k)\right) \\ &= \sum_{k=0}^{\infty} \mathbb{E}(s^{X_1^n}) \dots \mathbb{E}(s^{X_k^n}) \mathbb{P}(Z_n = k) \end{aligned}$$

y como X_i^n $i = 1, \dots, k$ son idénticamente distribuidas

$$\begin{aligned} &= \sum_{k=0}^{\infty} (\mathbb{E}(s^{X_1^n}))^k \mathbb{P}(Z_n = k) \\ &= \sum_{k=0}^{\infty} (f_1(s))^k \mathbb{P}(Z_n = k) \\ &= f_n(f_1(s)). \end{aligned}$$

Por lo que nos podemos percatar que si realizamos este procedimiento n veces obtendremos el resultado deseado.

$$\therefore f_n(s) = \underbrace{f_1 \circ \dots \circ f_1}_n(s)$$

□

Observación 1.11 Cabe aclarar que bajo el principio de ramificación podemos establecer que si iniciamos con un individuo se tiene $\mathbb{E}(s^{Z_1} | Z_0 = 1) = \mathbb{E}(s^{Z_1}) = f_1(s)$ con lo que la función generadora condicionada a tener al tiempo cero i individuos simplemente es

$$\mathbb{E}(s^{Z_1} | Z_0 = i) = (f_1(s))^i \quad (1.20)$$

con el siguiente Lema se determinan los momentos del proceso de ramificación en el tiempo n si se conoce la media y la varianza de las variables $\{X_i^n\}_{i,n=1,2,\dots}$

Lema 1.12 Con la notación $\mathbb{E}(X_1^n) = \mu, \text{Var}(X_1^n) = \sigma^2$, se tiene que

$$\mathbb{E}(Z_n) = \mu^n \quad n \geq 1 \quad (1.21)$$

$$\text{Var}(Z_n) = \begin{cases} n\sigma^2 & \text{si } \mu = 1 \\ \sigma^2 \mu^{n-1} \frac{\mu^{n-1}}{\mu - 1} & \text{si } \mu \neq 1 \end{cases} \quad (1.22)$$

Demostración. Para probar (1.21) recordemos que al evaluar la derivada en uno de la función generadora de probabilidades nos dará la esperanza de la variable en cuestión

$$\mathbb{E}(Z_n) = f'_n(s) = (f_1(f_{n-1}(s)))' = f'_1(f_{n-1}(s))f'_{n-1}(s) \quad (1.23)$$

$$\Rightarrow f'_n(1) = \mu f'_{n-1}(1) \quad (1.24)$$

De forma recursiva podemos ver que

$$f'_{n-1}(1) = (f_1(f_{n-2}(1)))' = f'_1(1)(f'_{n-2}(1))$$

Al sustituir este valor en la ecuación (1.24)

$$f'_n(1) = \mu(\mu(f'_{n-2}(1))) = \mu^2(f'_{n-2}(1))$$

De esta forma después de $n - 2$ pasos

$$f'_n(1) = \mu^n$$

Para verificar (1.22) derivamos la ecuación (1.23) y evaluamos en $s = 1$

$$f_n^{(2)}(1) = f_1^{(2)}(1)(f'_{n-1}(1))^2 + f'_1(1)f_{n-1}^{(2)}(1) \quad (1.25)$$

Distinguimos dos casos:

Caso I. $\mu = 1$. Podemos utilizar la fórmula (1.15)

$$\begin{aligned} f_1^{(2)}(1) &= \text{Var}(X) - f'_1(1) + (f'_1(1))^2 = \sigma^2 - 1 + 1^2 = \sigma^2 \\ \Rightarrow f_n^{(2)} &= \sigma^2 + f_{n-1}^{(2)}(1) \end{aligned}$$

y al iterar $n - 1$ veces llegamos a

$$f_n^{(2)}(1) = n\sigma^2 \quad n \geq 1$$

Caso II. $\mu \neq 1$. Nótese de (1.25)

$$\begin{aligned} f_n^{(2)}(1) &= f_1^{(2)}(1)(f'_{n-1}(1))^2 + f'_1(1)f_{n-1}^{(2)}(1) \\ &= f_1^{(2)}(1)\mu^{2n-2} + \mu f_{n-1}^{(2)}(1) \end{aligned}$$

Si usamos recursión podemos escribir a $f_{n-1}^{(2)}(1)$ como

$$= f_1^{(2)}(1)\mu^{2n-2} + \mu(f^{(2)}(1)\mu^{2n-4} + \mu f_{n-2}^{(2)}(1))$$

Al agrupar

$$\begin{aligned} &= f_1^{(2)}(1)(\mu^{2n-2} + \mu^{2n-3}) + \mu^2 f_{n-2}^{(2)}(1) \\ &= f_1^{(2)}(1)(\mu^{2n-2} + \mu^{2n-3} + \mu^{2n-4}) + \mu^3 f_{n-3}^{(2)}(1) \\ &\vdots \\ &= f_1^{(2)}(1) \left(\mu^{2n-2} + \mu^{2n-3} + \dots + \mu^{2n-(k+1)} \right) + \mu^k f_{n-k}^{(2)}(1) \\ &\vdots \end{aligned}$$

Finalizamos con la expresión

$$\begin{aligned} &= f_1^{(2)}(1) (\mu^{2n-2} + \mu^{2n-3} + \dots + \mu^{n-1}) \\ &= f_1^{(2)}(1)\mu^{n-1} (\mu^{n-1} + \mu^{n-2} + \dots + 1) \end{aligned}$$

la razón de la suma es μ , se sigue que

$$\begin{aligned} &= f_1^{(2)}(1)\mu^{n-1} \left(\frac{1-\mu^n}{1-\mu} \right) \\ \Rightarrow f_n^{(2)}(1) &= f_1^{(2)}(1)\mu^{n-1} \left(\frac{\mu^n-1}{\mu-1} \right) \end{aligned}$$

Por lo que al sustituir esta expresión en la fórmula para la varianza de f_n

$$\begin{aligned} \text{Var}(Z_n) &= f_n^{(2)}(1) + f_n'(1) - (f_n'(1))^2 \\ &= (\sigma^2 - \mu + \mu^2)\mu^{n-1} \frac{\mu^n-1}{\mu-1} + f_n'(1) - (f_n'(1))^2 \\ &= \sigma^2 \mu^{n-1} \frac{\mu^n-1}{\mu-1} - (\mu - \mu^2)\mu^{n-1} \frac{\mu^n-1}{\mu-1} + f_n'(1) - (f_n'(1))^2 \\ &= \sigma^2 \mu^{n-1} \frac{\mu^n-1}{\mu-1} + \mu^{2n} - \mu^n + \mu^n - \mu^{2n} \\ \therefore \text{Var}(Z_n) &= \sigma^2 \mu^{n-1} \frac{\mu^n-1}{\mu-1}. \end{aligned}$$

□

1.4. Proceso de Ramificación con Inmigración

Hasta este momento sólo hemos contemplado poblaciones que se encuentran aisladas de otras y que provienen de un mismo ancestro. Sin embargo, para llegar a explicar de forma más fidedigna cómo se comporta una población, construiremos un proceso de ramificación que de aquí en adelante llamaremos *Proceso de Ramificación de Bienaymé-Galton-Watson con Inmigración* (BGWI); el cual modelará al número total de individuos en una población condicionado a que pueden llegar inmigrantes que son incorporados al modelo y se reproducen de la misma manera bajo los siguientes supuestos:

- Los individuos presentes en la población se reproducen de acuerdo al modelo de BGW usual.
- El número de inmigrantes que se integran en cada periodo de reproducción son independientes de la historia pasada del proceso y del resto de los individuos en cada generación.
- Así mismo, los inmigrantes poseen la misma ley de reproducción y son indistinguibles del número de inmigrantes ya presentes para el siguiente periodo.

1.4.1. Formulación Matemática

Para el proceso de BGWI definimos a la familia de variables aleatorias independientes e idénticamente distribuidas $(W_n)_{n=1}^{\infty}$ la cual denotará al número de individuos que inmigran a la población en el periodo $(n-1, n)$, se cumple que

$$W_n \sim W, \quad n = 1, 2, \dots$$

Se considera que al tiempo cero hay Z_0 individuos en la población y si Z_n denota al tamaño de la misma al tiempo n , se tiene entonces que Z_n está dada por la relación:

$$Z_n = X_1^n + X_2^n + \dots + X_{Z_{n-1}}^n + W_n \quad (1.26)$$

Donde cada X_i^n será el número de descendientes del i -ésimo individuo en el periodo de reproducción n . Se sigue que el tamaño de la generación n estará dado por los descendientes de la generación $n-1$ más los inmigrantes en el periodo n .

Una vez establecido el modelo daremos una proposición la cual nos permite obtener la función generadora de probabilidades de un BGWI.

Proposición 1.13 (Ramificación Con Inmigración) *Sea $(Z_n)_{n \geq 0}$ un proceso de ramificación de BGWI. Sea g la función generadora de la variable aleatoria W . Entonces la función generadora f_n del tamaño de la n -ésima generación satisface la relación*

$$f_n(s) = f_{n-1}(f_1(s))g(s)$$

donde f_1 es la función generadora del BGW.

Demostración. Debido al supuesto de independiencia entre la población y los inmigrantes se tiene al tiempo n para $z_0, \dots, z_{n-1} \in E$

$$\mathbb{P}(W_n = i | Z_{n-1} = z_{n-1}, \dots, Z_0 = z_0) = \mathbb{P}(W_n = i)$$

Si el número de inmigrantes en diferentes generaciones es independiente del número de individuos presentes: entonces para toda $l, m, n \in \mathbb{N}$ $m, n \geq l, m \neq n$

$$\mathbb{P}(W_n = i, W_m = j | Z_l) = \mathbb{P}(W_n = i, W_m = j)$$

Por lo que

$$\begin{aligned} f_n(s) &= \mathbb{E}(s^{Z_n}) = \mathbb{E}(\mathbb{E}(s^{Z_n} | Z_{n-1})) \\ &= \mathbb{E}\left(\sum_{k=0}^{\infty} \mathbb{E}(s^{Z_n} | Z_{n-1} = k) 1_{\{Z_{n-1}=k\}}\right) \end{aligned}$$

ya que Z_n esta dada por (1.26), entonces

$$= \mathbb{E}\left(\sum_{k=0}^{\infty} \mathbb{E}(s^{X_1^n + X_2^n + \dots + X_k^n + W_n} | Z_{n-1} = k) 1_{\{Z_{n-1}=k\}}\right)$$

por independencia de las variables $\{X_i^n\}_{i=1,2,\dots,k}$ y de los inmigrantes con los individuos presentes en la población

$$\begin{aligned}
&= \sum_{k=0}^{\infty} \mathbb{E}(s^{X_1^n} s^{X_2^n} \dots s^{X_{Z_k}^n} s^{W_n}) \mathbb{P}(Z_{n-1} = k) \\
&= \sum_{k=0}^{\infty} \mathbb{E}(s^{X_1^n} s^{X_2^n} \dots s^{X_{Z_k}^n}) \mathbb{E}(s^{W_n}) \mathbb{P}(Z_{n-1} = k) \\
&= \sum_{k=0}^{\infty} \prod_{j=1}^k \mathbb{E}(s^{X_j^n}) \mathbb{P}(Z_{n-1} = k) \mathbb{E}(s^{W_n})
\end{aligned}$$

Al ser las variables $\{X_i^n\}_{i=1,2,\dots,k}$ idénticamente distribuidas y tener la variable W_n función generadora g

$$= \sum_{k=0}^{\infty} (f_1(s))^k \mathbb{P}(Z_{n-1} = k) g(s)$$

Por lo tanto $f_n(s) = f_{n-1}(f_1(s))g(s)$ \square

Por medio de la siguiente proposición se describe el comportamiento de la media de un BGWI.

Proposición 1.14 *Sea $(Z_n)_{n \geq 0}$ es un BGWI con $\mathbb{E}(W_n) = \lambda$ y $\mathbb{E}(X_i^n) = \mu$ para toda $n \geq 0, i \in \{1, 2, \dots\}$. Entonces la media del proceso esta dada por*

$$\mathbb{E}(Z_n) = \begin{cases} \mu^{n+1} + \lambda \frac{\mu^n - 1}{\mu - 1} & \mu \neq 1 \\ 1 + n\lambda & \mu = 1 \end{cases} \quad (1.27)$$

Demostración. El propósito de la demostración es formular una expresión recursiva de la media condicionada al valor de la variable Z_{n-1}

$$\mathbb{E}(Z_n) = \mathbb{E}(\mathbb{E}(Z_n | Z_{n-1}))$$

De acuerdo a (1.26)

$$\begin{aligned}
&= \mathbb{E}(\mathbb{E}(X_1^n + X_2^n + \dots + X_{Z_{n-1}}^n + W_n | Z_{n-1})) \\
&= \mathbb{E}(\mathbb{E}(X_1^n + X_2^n + \dots + X_{Z_{n-1}}^n | Z_{n-1})) + \mathbb{E}(\mathbb{E}(W_n | Z_{n-1}))
\end{aligned}$$

Nuevamente si hacemos uso de que el número de inmigrantes presentes al tiempo n es independiente de la generación anterior

$$= \mathbb{E}(\mathbb{E}(X_1^n + X_2^n + \dots + X_{Z_{n-1}}^n) | Z_{n-1}) + \mathbb{E}(W_n)$$

Realizamos el cálculo a partir de la definición de la esperanza condicional

$$\begin{aligned}
&= \mathbb{E}\left(\sum_{k=0}^{\infty} \mathbb{E}(X_1^n + X_2^n + \cdots + X_k^n | Z_{n-1} = k) 1_{\{Z_{n-1}=k\}}\right) + \mathbb{E}(W_n) \\
&= \mathbb{E}\left(\sum_{k=0}^{\infty} \mathbb{E}(X_1^n + \cdots + X_k^n) 1_{\{Z_{n-1}=k\}}\right) + \mathbb{E}(W_n) \\
&= \sum_{k=0}^{\infty} \mathbb{E}(X_1^n + \cdots + X_k^n) \mathbb{P}(Z_{n-1} = k) \tag{1.28}
\end{aligned}$$

Basándonos en el argumento de que los vástagos al tiempo n y los individuos presentes en la generación pasada son independientes, además de la hipótesis de que las variables $\{X_j^n\}_{j=0}^k$ son idénticamente distribuidas se sigue que

$$\begin{aligned}
&= \sum_{k=0}^{\infty} k \mathbb{E}(X_j^n) \mathbb{P}(Z_{n-1} = k) + \lambda \\
&= \mu \sum_{k=0}^{\infty} k \mathbb{P}(Z_{n-1} = k) + \lambda
\end{aligned}$$

entonces $\mathbb{E}(Z_n) = \mu \mathbb{E}(Z_{n-1}) + \lambda$

Recursivamente es claro que

$$\begin{aligned}
&= \mu(\mu \mathbb{E}(Z_{n-2}) + \lambda) + \lambda = \mu^2 \mathbb{E}(Z_{n-2}) + \mu\lambda + \lambda \\
&\vdots \\
&= \mu^k \mathbb{E}(Z_{n-k}) + \lambda \mu^{k-1} + \cdots + \mu\lambda + \lambda \\
&\vdots
\end{aligned}$$

Finalmente

$$\begin{aligned}
&= \mu^n \mathbb{E}(Z_0) + \lambda \mu^{n-1} + \cdots + \lambda \mu + \lambda \\
&= \mu^{n+1} + \lambda(1 + \mu + \cdots + \mu^{n-1}) \tag{1.29}
\end{aligned}$$

La suma se puede expresar si $\mu \neq 1$

$$= \mu^{n+1} + \lambda \frac{1 - \mu^n}{1 - \mu}$$

Si sucede que la media es uno, se sigue inmediatamente el resultado por (1.29). \square

1.5. Clasificación de Estados

Podemos apoyarnos en la interpretación del proceso de BGW y deducir que tipo de estados tendría éste. Imaginemos que bajo una población sin inmigración

al desarrollarse el proceso de ramificación se llega a tener una generación que no tiene hijos es decir, la siguiente generación tiene cero individuos. De ahí en adelante ya no habría descendientes y concluiríamos que cero es un estado absorbente, pero una buena interrogante es averiguar si es el único. Por medio de este teorema podremos catalogar a los estados del proceso y confirmar que el cero es el único absorbente.

Teorema 1.15 *Sea $(Z_n)_{n \geq 0}$ un proceso de BGW no degenerado (es decir $r_0 > 0$ y $r_0 + r_1 < 1$). Entonces:*

I) *El estado 0 es el único estado absorbente, es decir*

$$\mathbb{P}(Z_n = 0 | Z_{n-1} = 0) = 1$$

II) *Si $i \geq 1$; entonces es transitorio*

$$\mathbb{P}(Z_n = i \text{ para algún } n \in \mathbb{N} | Z_0 = i) < 1.$$

Demostración.

II) Definimos $T_i = \inf\{n \in \mathbb{N} | Z_n = i\}$, variable aleatoria que nos indica la primera vez que se visita el estado $i = 0, 1, 2, \dots$. Si $i \geq 1$, para ver que es un estado transitorio demostraremos que

$$\mathbb{P}(T_i = \infty | Z_0 = i) > 0$$

Si $A = \{\omega \in \Omega : T_i(\omega) = \infty\}$ es el conjunto de las trayectorias para las cuales el proceso nunca llegó a i ; puede suceder que $\mathbb{P}(A) = 0$ o $\mathbb{P}(A) > 0$. Para probar que este evento tiene probabilidad positiva basta ver que con probabilidad positiva en un número finito de pasos se llega a 0. Al ser la cadena homogénea calcularemos

$$\mathbb{P}(Z_{n+1} = i - 1 | Z_n = i) > 0$$

Esta probabilidad de transición esta dada por (1.1), i.e. $(r^{*i})(i - 1)$. Afirmamos que esta convolución es positiva:

$$\begin{aligned} (r^{*i})(i - 1) &= \mathbb{P}(X_1 + \dots + X_i = i - 1) \\ &\geq \mathbb{P}\left(\left(\bigcup_{k \in \{1, \dots, i-1\}, l \neq k} X_k = i - 1\right), X_l = 0\right) \end{aligned}$$

ya que el proceso es no degenerado sabemos que hay más de una forma de que se tenga un individuo menos en la siguiente generación, aquí mostramos una posibilidad

$$\begin{aligned} &\geq \mathbb{P}(X_1 = 1, \dots, X_{i-1} = 1, X_i = 0) \\ &= \prod_{k=1}^{i-1} \mathbb{P}(X_k = 1) \mathbb{P}(X_l = 0) > 0 \end{aligned}$$

que de acuerdo a la definición de la ley de ramificación es igual a $r_0 \prod_{k=1}^{i-1} (r_1) = r_0 (r_1)^{i-1}$. Entonces

$$\mathbb{P}(T_i = \infty | Z_0 = i) \geq \mathbb{P}(T_0 = i | Z_0 = i) = (r_1)^{i-1} r_0 > 0$$

por lo que hay probabilidad positiva de no regresar al estado i , i.e. es transitorio. I) Tenemos que 0 es absorbente ya que si en determinado tiempo n hay cero individuos, entonces para cualquier tiempo $m \geq n$ se tendrán cero individuos también, es decir si $j \neq 0$ y $n, z_0, z_1, \dots, z_{n-1} \in \mathbb{N}$

$$\mathbb{P}(Z_{n+1} = j | Z_n = 0, \dots, Z_0 = z_0) = \mathbb{P}(Z_{n+1} = j | Z_n = 0) = 0$$

y

$$\mathbb{P}(Z_{n+1} = 0 | Z_n = 0, \dots, Z_0 = z_0) = \mathbb{P}(Z_{n+1} = 0 | Z_n = 0) = 1$$

Por lo que al ser todos los estados $j \geq 1$ transitorios, entonces se da la unicidad del cero como estado absorbente. \square

1.6. Extinción del Proceso

En esta parte del capítulo tenemos los elementos necesarios para determinar la probabilidad de extinción de una población, razón de la creación de los procesos de ramificación. Antes de dar comienzo con su estudio clasificaremos al proceso de acuerdo al número promedio de individuos generados en una reproducción.

Definición 1.16 (Críticidad) *El valor medio del proceso de ramificación de BGW con ley de reproducción r está definido por*

$$\mu = \sum_{j=0}^{\infty} j r_j = \sum_{j=0}^{\infty} j \mathbb{P}(Z_1 = j) = \mathbb{E}(Z_1) \quad (1.30)$$

Supondremos que $\mu < \infty$. Para su estudio se consideran tres casos:

- ★ $\mu < 1$: ramificación subcrítica
- ★ $\mu = 1$: ramificación crítica
- ★ $\mu > 1$: ramificación supercrítica

Observación 1.17 *Con este criterio, podemos establecer el comportamiento del crecimiento de la varianza de la ecuación (1.22) la cual crece geométricamente si la media es supercrítica ($\mu > 1$) o decrece geométricamente si la tasa es subcrítica ($\mu < 1$). Será lineal si es crítica ($\mu = 1$).*

Adicionalmente, por medio de ésta propiedad se puede llegar a un comportamiento asintótico en el proceso de BGWI una vez establecida la ecuación (1.27). Con

la notación de esa proposición enfocándonos en particular en el caso $\mu < 1$ se concluye que conforme n crece

$$\begin{aligned} \lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{E}(Z_n) &= \lim_{n \rightarrow \infty} \left(\mu^{n+1} + \lambda \frac{1 - \mu^n}{1 - \mu} \right) \\ &= \frac{\lambda}{1 - \mu} \end{aligned}$$

Esto es, si la tasa de reproducción de los individuos no inmigrantes es subcrítica, la tasa de reproducción del BGWI permanece constante a lo largo de las generaciones.

En [Har63] encontramos la siguiente definición de extinción.

Definición 1.18 *Extinción* es el evento en que la sucesión $(Z_n)_{n \geq 0}$ de variables aleatorias consiste en ceros para toda $n \geq n^*$, esto para algún n^* finito.

Para facilitar el estudio de la extinción del proceso definimos la siguiente sucesión de conjuntos

$$A_n = \{\omega \in \Omega \mid Z_n(\omega) = 0\}$$

al ser el 0 el único estado absorbente, se tiene una sucesión monotóna $A_n \subseteq A_{n+1}$. De esta forma

$$\lim_{n \rightarrow \infty} A_n = \bigcup_{n=1}^{\infty} A_n = A \quad (1.31)$$

Donde $A = \{\omega \in \Omega \mid Z_n(\omega) = 0 \text{ para alguna } n \geq 1\}$.

Como Z_n toma valores en $\mathbb{N} \cup \{0\}$ la Definición 1.18 se puede traducir en el evento

$$\{Z_n \rightarrow 0\} \quad \text{es decir} \quad \left\{ \lim_{n \rightarrow \infty} Z_n = 0 \right\}$$

Para el evento anterior tenemos las siguientes expresiones para el cálculo de su probabilidad:

$$\begin{aligned} \mathbb{P}(Z_n \rightarrow 0) &= \mathbb{P}(Z_n = 0 \text{ para alguna } n \geq 1) \\ &:= \mathbb{P}(A) \\ &= \mathbb{P}\left(\bigcup_{n=1}^{\infty} A_n\right) \end{aligned}$$

Por el teorema de continuidad de la probabilidad se sigue que

$$\mathbb{P}(Z_n \rightarrow 0) = \lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{P}(A_n) \quad (1.32)$$

Por último daremos la notación que se usará para referirnos a la probabilidad de extinción

Notación 1.19 Tomaremos como η a la probabilidad de extinción de una familia, es decir

$$\eta = \mathbb{P}(\{\omega \in \Omega \mid Z_n(\omega) = 0 \text{ para alguna } n \geq 1\}) = \mathbb{P}(A) \quad (1.33)$$

El siguiente teorema nos da una forma explícita de conocer el comportamiento de la población en un tiempo lejano en función de la tasa de reproducción del proceso. Para este teorema se tomaron como referencias a [CRUV04] y [PM00]

Teorema 1.20 *Si $(Z_n)_{n \geq 0}$ es un proceso de BGW no degenerado. Entonces*

$$\begin{aligned} \lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{P}(Z_n = 0) &= \mathbb{P}(\{\text{extinción en un tiempo finito}\}) \\ &= \eta \end{aligned} \quad (1.34)$$

Donde η es la raíz no negativa más pequeña de la ecuación $f_1(s) = s$. Además

- $\eta = 1$, si $\mu \leq 1$ (casos crítico y subcrítico)
- $\eta < 1$ si $\mu > 1$ (caso supercrítico).

Es decir, en los casos crítico y subcrítico la población se extingue casi seguramente y para el caso supercrítico la población sobrevive con probabilidad positiva.

Demostración. Definimos $\mathbb{P}(A_n) = \eta_n$ la probabilidad de extinción de la familia al tiempo n . De acuerdo a (1.32) y (1.33)

$$\eta = \mathbb{P}(A) = \lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{P}(A_n) = \lim_{n \rightarrow \infty} \eta_n$$

de esta forma la sucesión monótona de probabilidades η_n converge

$$\eta = \lim_{n \rightarrow \infty} \eta_n \quad (1.35)$$

Por otro lado, se tiene una relación entre la función generadora de probabilidades valuada en cero y la sucesión de probabilidades de extinción

$$f_n(0) = \mathbb{P}(Z_n = 0) = \mathbb{P}(A_n) = \eta_n \quad (1.36)$$

Si aplicamos límite cuando $n \rightarrow \infty$

$$\lim_{n \rightarrow \infty} f_n(0) = \lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{P}(Z_n = 0) = \lim_{n \rightarrow \infty} \eta_n$$

Empleamos el Teorema 1.10, recursión y obtenemos

$$\eta_n = f_n(0) = f_1(f_{n-1}(0)) = f_1(\eta_{n-1})$$

finalmente con (1.35) y al hacer n tender a infinito

$$\eta = \lim_{n \rightarrow \infty} \eta_n = \lim_{n \rightarrow \infty} f_1(\eta_{n-1}) = \lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{E}[(\eta_{n-1})^{Z_1}]$$

ya que la sucesión $(\eta_n)_{n=1}^{\infty}$ es monótona y converge podemos aplicar el Teorema de Convergencia Dominada

$$= \mathbb{E}\left[\lim_{n \rightarrow \infty} (\eta_{n-1})^{Z_1}\right] = \mathbb{E}(\eta^{Z_1}) = f_1(\eta)$$

por lo tanto $\eta = f_1(\eta)$. Entonces η es solución de la ecuación $f_1(s) = s$. Ahora mostraremos que η es la raíz más pequeña que satisface esta solución. Para esto sea $\lambda > 0$ otra solución de $f_1(s) = s$, como $f_1(s)$ es una función no decreciente para $s \in [0, 1]$ por (1.7)

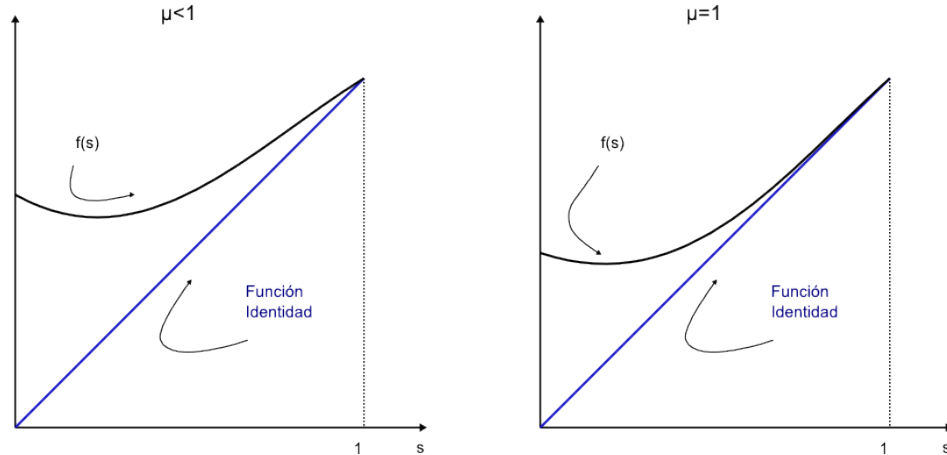
$$\eta_1 = f_1(\eta_0) = f_1(0) < f_1(\lambda) = \lambda$$

la segunda igualdad se sigue de que $\eta_0 = \mathbb{P}(Z_0 = 0) = 0$. Si utilizamos iteraciones y al ser $\eta_1 < \lambda$

$$\eta_2 = f_1(\eta_1) < f_1(\lambda) = \lambda$$

Al realizar este procedimiento varias veces tenemos que para toda $n \in \mathbb{N}$, $\eta_n < \lambda$, concluimos que $\eta \leq \lambda$. Por lo tanto η es la raíz más pequeña de la ecuación $f_1(s) = s$. Para la prueba del último resultado distinguimos tres casos: $\mu < 1$, $\mu = 1$ y $\mu > 1$, los primeros dos se pueden resumir en uno solo.

Caso I) $\mu \leq 1$. Mostraremos que la ecuación $f_1(s) = s$ no tiene raíces en el intervalo $[0, 1)$. Para ello definimos $g : [0, 1) \mapsto \mathbb{R}$ como $g(s) = f_1(s) - s$, se sigue que g cumple con $g(0) = f_1(0)$ y $g(1) = 0$ y con ser estrictamente decreciente ya que su derivada $g'(s) = (f_1(s))' - 1 < 0$ lo cual es consecuencia del hecho de que $\mu \leq 1$ y $f_1'(s)$ es estrictamente creciente en el intervalo $[0, 1)$ por (1.7).



Entonces $g(s) > 0$ para todo su dominio y no puede suceder que exista una raíz debido a que la función no sería estrictamente decreciente y continua en el intervalo $[0, 1)$. Así $f_1(s) > s$ en $[0, 1)$ y no hay solución a la ecuación $f_1(s) = s$

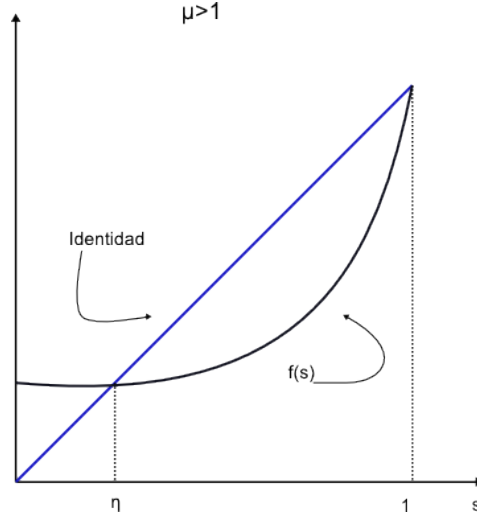
Caso II). $\mu \geq 1$ Lo que mostraremos es que la función $s \mapsto (f_1(s) - s)'$ toma valores negativos y después positivos lo que lleva a afirmar que existe una raíz en el intervalo $[0, 1]$. Para este caso se tiene

$$\lim_{s \rightarrow 1^-} f_1'(s) = \mu > 1 \quad (1.37)$$

Al ser la función $f_1(s)$ continua existe una vecindad donde se cumple (1.37), esto es existe un $s_0 \in (0, 1)$ tal que para toda $y \in (s_0, 1)$, $f'_1(y) > 1$ y por el teorema del valor medio se puede expresar como

$$\frac{f_1(1) - f_1(s_0)}{1 - s_0} = f'_1(y) > 1$$

como $f_1(1) = 1$ lo anterior se reduce a $\frac{1 - f_1(s_0)}{1 - s_0} > 1$ entonces $f_1(s_0) < s_0$



Al ser $f_1(s) - s$ continua en s y no negativa en $s = 0$, entonces por el teorema del valor intermedio (véase Apéndice existe una $\eta \in [0, s_0)$ tal que $f_1(\eta) - \eta = 0$

Por último nos gustaría aclarar un caso que surge cuando $\mu = 1$ y que está relacionado con la varianza σ^2 . Si sucede que $\sigma^2 = 0$ entonces por (1.15) se sigue que $f_1(s) = s$ y así la raíz más pequeña de $f_1(s) - s = 0$ es $\eta = 0$. Por otra parte si $\sigma^2 > 0$ entonces $f_1(s) > s$ para $s \in [0, 1)$ y por lo tanto $\eta = 1$ \square

1.6.1. Cálculo de la probabilidad de extinción

El propósito del primer ejemplo que presentamos es mostrar la dificultad que se presenta en el cálculo de la probabilidad de extinción si no se contempla el Teorema 1.20 y en su lugar partimos de (1.33). Para ello empleamos una ley de reproducción bastante recurrida en la literatura de los procesos de ramificación.

Ejemplo 1.21 *A la ley de reproducción $r_i = qp^i$, $i \geq 0$ con $p \in (0, 1)$ se le conoce como la reproducción geométrica, para esta ley obtengamos la generadora de probabilidades para Z_1 y Z_n*

Tenemos por definición que

$$f_1(s) = \sum_{n=0}^{\infty} s^n \mathbb{P}(Z_1 = n) = \sum_{n=0}^{\infty} qs^n p^n = q \sum_{n=0}^{\infty} (sp)^n$$

Debido a que tanto s como p son menores a 1 tenemos una serie geométrica y sabemos que converge a

$$f_1(s) = q \left(\frac{1}{1-sp} \right) \quad \text{para } |s| < \frac{1}{p}$$

Si derivamos con respecto a s y evaluamos en uno; establecemos que la media de la distribución geométrica es

$$(f_1(s))' = \left(\frac{q}{1-sp} \right)' = \frac{qp}{(1-sp)^2} \Rightarrow (f_1(1))' = \frac{qp}{(1-p)^2} = \frac{p}{q}$$

Demostremos por inducción que la función generadora de Z_n es

$$f_n(s) = \begin{cases} \frac{n - (n-1)s}{n+1-ns} & \text{si } p = 1/2 = q \\ \frac{q[p^n - q^n - ps(p^{n-1} - q^{n-1})]}{p^{n+1} - q^{n+1} - ps(p^n - q^n)} & \text{si } p \neq q \end{cases}$$

Caso I) $p = q = \frac{1}{2}$. Para $n = 1$ $f_1(s) = \frac{1}{2-s}$, que es la misma expresión que en el primer cálculo:

$$f_1(s) = \frac{1}{2} \left(\frac{1}{1-\frac{s}{2}} \right) = \frac{1}{2} \left(\frac{1}{\frac{2-s}{2}} \right) = \frac{1}{2} \left(\frac{2}{2-s} \right)$$

Al suponer para n se sigue

$$f_{n+1}(s) = f_1(f_n(s)) = f_1 \left(\frac{n - (n-1)s}{n+1-ns} \right) = \sum_{n=0}^{\infty} \frac{1}{2} \left(\frac{w}{2} \right)^n$$

Donde $w = \frac{n-(n-1)s}{n+1-ns}$, identificamos nuevamente una serie geométrica

$$\begin{aligned} &= \frac{1}{2} \frac{1}{1-w/2} = \frac{1}{2-w} = \frac{1}{2 - \frac{n-(n-1)s}{n+1-ns}} = \frac{n+1-ns}{2n+2-2ns-n+ns-s} \\ &= \frac{n+1-ns}{n+2-(n+1)s} \end{aligned}$$

Caso II) $p \neq q$. Para el caso $n = 1$ se tiene que $f_1(s)$

$$f_1(s) = \frac{q(p-q)}{p^2 - q^2 - ps(p-q)} = \frac{q(p-q)}{(q-p)(q+p) - ps(q-p)} = \frac{q}{p+q-ps} = \frac{q}{p+1-p-ps}$$

Al cumplirse la igualdad para este caso y al suponer su validez para n , establecemos para $n + 1$

$$f_{n+1}(s) = f_1(f_n(s)) = f_1\left(\frac{q[p^n - q^n - ps(p^{n-1} - q^{n-1})]}{p^{n+1} - q^{n+1} - ps(p^n - q^n)}\right)$$

$$\sum_{k=0}^{\infty} q(wp)^k = \frac{q}{1 - wp}$$

donde $w = \frac{q[p^n - q^n - ps(p^{n-1} - q^{n-1})]}{p^{n+1} - q^{n+1} - ps(p^n - q^n)}$, sólo resta sustituir el valor en la convergencia de la serie.

$$= \frac{q}{1 - \frac{qp(p^n - q^n - ps(p^{n-1} - q^{n-1}))}{p^{n+1} - q^{n+1} - ps(p^n - q^n)}}$$

$$= \frac{q}{\frac{p^{n+1} - q^{n+1} - ps(p^n - q^n) - qp(p^n - q^n - ps(p^{n-1} - q^{n-1}))}{p^{n+1} - q^{n+1} - ps(p^n - q^n)}}$$

$$= \frac{q(p^{n+1} - q^{n+1} - ps(p^n - q^n))}{p^{n+1} - q^{n+1} - ps[p^n - q^n - qp(p^{n-1} - q^{n-1})] - qp^{n+1} + q^{n+1}p}$$

Fijandonos en el denominador al simplificarlo verificamos

$$p^{n+1}(1 - q) - q^{n+1}(1 - p) - ps(p^n - q^n - qp^n + q^n p)$$

Ya que $p = 1 - q$ se sigue $p^{n+2} - q^{n+2} - ps(p^n(1 - q) - q^n(1 - p)) = p^{n+2} - q^{n+2} - ps(p^{n+1} - q^{n+1})$. Finalmente se llega al resultado deseado

$$f_{n+1}(s) = \frac{q(p^{n+1} - q^{n+1} - ps(p^n - q^n))}{p^{n+2} - q^{n+2} - ps(p^{n+1} - q^{n+1})}$$

Podemos considerar el comportamiento asintótico de la población después de varias generaciones esto es, conocer si la población se extingue o no. Para resolver estas inquietudes evaluamos $f_n(s)$, en $s = 0$:

$$f_n(0) = \begin{cases} \frac{n}{n+1} & \text{si } p = q = \frac{1}{2} \\ \frac{q(p^n - q^n)}{p^{n+1} - q^{n+1}} & \text{si } p \neq q \end{cases}$$

Por lo que si $n \rightarrow \infty$

$$\lim_{n \rightarrow \infty} \frac{q(p^n - q^n)}{p^{n+1} - q^{n+1}} = \lim_{n \rightarrow \infty} \frac{q[\frac{p^n}{p^{n+1}} - \frac{q^n}{q^{n+1}}]}{1 - (\frac{q}{p})^{n+1}} = \lim_{n \rightarrow \infty} q \left[\frac{\frac{1}{p} - \frac{1}{q}(\frac{q}{p})^{n+1}}{1 - (\frac{q}{p})^{n+1}} \right]$$

si $\frac{q}{p} < 1$

$$\lim_{n \rightarrow \infty} q \left[\frac{\frac{1}{p} - \frac{1}{q} \left(\frac{q}{p}\right)^{n+1}}{1 - \left(\frac{q}{p}\right)^{n+1}} \right] = \frac{q}{p}$$

si sucediera que $\frac{q}{p} > 1$ al reescribir la expresión de $f_n(0)$ para el caso $p \neq q$

$$\lim_{n \rightarrow \infty} \frac{qp^n - q^{n+1}}{p^{n+1} - q^{n+1}}$$

si dividimos entre q^{n+1}

$$\lim_{n \rightarrow \infty} \frac{\left(\frac{p}{q}\right)^n - 1}{\left(\frac{p}{q}\right)^{n+1} - 1} = 1$$

Para el caso en que $q = p = \frac{1}{2}$ es fácil ver el límite también es uno. En resumen

$$\lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{P}(Z_n = 0) = \begin{cases} 1 & \text{si } p \leq q \\ \frac{q}{p} & \text{si } p > q \end{cases}$$

Tenemos que

$$\begin{aligned} \mathbb{P}(\text{Extinción en un tiempo finito}) &= \lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{P}(\text{Extinción antes del instante } n) \\ &= \lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{P}(Z_n = 0) \\ &= \begin{cases} 1 & \text{si } p \leq q \\ \frac{q}{p} & \text{si } p > q \end{cases} \end{aligned}$$

Por lo que la extinción ocurre casi seguramente en el caso en que $\frac{p}{q} = \mu = \mathbb{E}(Z_1) \leq 1$, es decir cuando en promedio cada individuo tiene un hijo o menos. Este resultado concuerda con el Teorema 1.20 donde se representa el caso subcrítico. Por otro lado el caso supercrítico es, de acuerdo a lo desarrollado, cuando $p > q$.

Los subsecuentes ejemplos harán uso del Teorema 1.20.

Ejemplo 1.22 Distribución Fraccional lineal. Supongamos que las probabilidades p_1, p_2, \dots forman una serie geométrica esto es $p_k = bp^{k-1}$ para $k = 1, 2, \dots$ con $b > 0$ y $b \leq 1 - p$. Los siguientes cálculos tienen como propósito obtener la función generadora de probabilidades y la probabilidad de extinción

De la definición de la distribución se tiene que

$$p_0 = 1 - \sum_{k=1}^{\infty} p_k = 1 - \frac{b}{1-p} = \frac{1-b-p}{1-p}$$

y así la función generadora es

$$f_1(s) = \frac{1-b-p}{1-p} + \sum_{k=1}^{\infty} s^k b p^{k-1} = 1 - \frac{1-b}{1-p} + s \left(\frac{b}{1-sp} \right) \quad (1.38)$$

al derivar esta expresión y evaluar en $s = 1$ se tiene que la media de reproducción μ es

$$f_1'(1) = \frac{(1-sp)b - bs(-p)}{(1-sp)^2} \Big|_{s=1} = \frac{b}{(1-p^2)}$$

Recordemos que, de acuerdo al Teorema 1.20 la probabilidad de extinción es $\lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{P}(Z_n = 0) = \eta$ donde η es la raíz más pequeña de la ecuación $f_1(s) = s$ sobre el intervalo $(0, 1)$. Los siguientes cálculos nos dan el valor de η

$$\begin{aligned} f_1(s) - s &= 1 - \frac{b}{1-p} + \frac{bs}{1-ps} - s \\ &= \frac{(1-p)(1-ps) - b(1-ps) + bs(1-p) - s(1-p)(1-ps)}{(1-p)(1-ps)} \\ &= \frac{1-ps-p+p^2-b+bps+bs-bps-s+ps^2+ps-p^2s}{(1-p)(1-ps)} \\ &= s^2 + s \frac{b+p^2-1}{p(1-p)} + \frac{1-b-p}{p(1-p)} = 0 \end{aligned}$$

ya que $s = 1$ siempre es raíz de la ecuación $f_1(s) = s$, la expresión anterior la podemos factorizar como $(s-1)(s - \frac{1-b-p}{p(1-p)})$, por lo que

$$\eta = \frac{1-b-p}{p(1-p)} \quad (1.39)$$

Observemos que $\eta < 1$ si $\mu > 1$ y que en el caso en que $\mu < 1$ no hay raíz sobre el intervalo $[0, 1)$, resultados que ya conocíamos gracias al Teorema 1.20.

A.J. Lotka entre los años 1931-1939 utilizó las ideas del BGW para calcular la probabilidad de extinción de los varones estadounidenses en base a los datos de fertilidad del censo de 1920. Él modeló esta probabilidad con la distribución fraccional lineal y encontró los siguientes valores

$$b = 0.2126 \quad p = 0.5893 \quad \text{y} \quad p_0 = 0.4825$$

Por lo que su probabilidad de extinción estaba dada por (Véase [Har63]).

$$\eta = \frac{1 - 0.2126 - .5893}{0.5893(1 - 0.5893)} = 0.819$$

Ejemplo 1.23

Un ejemplo muy sencillo sobre el cálculo de la probabilidad de extinción lo proporciona la ley binaria ya que dicha probabilidad será la raíz de la ecuación $f_1(s) = s$, la cual se traduce en

$$r_0 + s^2 r_2 - s = 0$$

que tiene por soluciones a

$$\frac{1 + / - \sqrt{1 - 4(r_0)(r_2)}}{2r_2}$$

del hecho de que $r_0 + r_2 = 1$

$$\begin{aligned} &= \frac{1 + / - \sqrt{1 - 4(r_0)(1 - r_0)}}{2r_2} = \frac{1 + / - \sqrt{1 - 4r_0 + 4r_0^2}}{2r_2} = \frac{1 + / - \sqrt{(1 - 2r_0)^2}}{2r_2} \\ &= \frac{1 + / - |1 - 2r_0|}{2r_2} \end{aligned}$$

en ambos casos se observa que una de las soluciones son uno y

$$\eta = \frac{r_0}{r_2} = \frac{r_0}{1 - r_0}$$

1.7. Propiedades Adicionales y Ejemplos

Ejemplo 1.24 Consideremos nuevamente el proceso de Bienaymé-Galton-Watson $(Z_n)_{n \geq 0}$ donde X_i con v.a.i.i.d con media μ y varianza σ^2 . Sea $\mathcal{F}_n = \sigma(X_i^1, \dots, X_i^n, i \geq 1)$. Veremos que

$$\mathbb{E}(Z_{n+1}^2 | \mathcal{F}_n) = \mu^2 X_n^2 + \sigma^2 X_n$$

Prueba:

$$\mathbb{E}(Z_{n+1}^2 | \mathcal{F}_n) = \mathbb{E}\left(\left(\sum_{j=1}^{Z_n} X_j\right)^2 | \mathcal{F}_n\right) = \sum_{k=0}^{\infty} \mathbb{E}\left[\left(\sum_{j=1}^k X_j\right)^2 1_{(Z_n=k)} | \mathcal{F}_n\right]$$

Debido a la independencia del número de hijos del individuo j con tamaño de la generación al tiempo n el sumando es igual a

$$\begin{aligned} &\mathbb{E}\left(\sum_{j=1}^k X_j^2 + \sum_{i \neq j} X_i X_j\right) = \sum_{i=1}^k \mathbb{E}(X_i^2) + \sum_{i \neq j} \mathbb{E}(X_i) \mathbb{E}(X_j) \\ &= \sum_{j=1}^k (\text{Var}(X_j) + \mu^2) + \sum_{i \neq j} \mu^2 \\ &= k\sigma^2 + \sum_{j=1}^k \sum_{i=1}^k \mu^2 = k\sigma^2 + k^2 \mu^2 \end{aligned}$$

Esto para todos los valores de k , sustituimos este valor

$$\sum_{k=1}^{\infty} (k\sigma^2 + k^2\mu^2)1_{(Z_n=k)} = \mu^2 X_n^2 + \sigma^2 X_n$$

Ejemplo 1.25 Sea $\{Z_n, n \geq 1\}$ un proceso de ramificación tal que la ley del tamaño de la familia típica tiene función generadora G dada por: $G(s) = g^{-1}(H(g(s)))$ donde $g : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ es una función biyectiva tal que $g(1) = 1$ y g^{-1} su inversa, y H es la función generadora de alguna ley de probabilidad. En estas condiciones podemos expresar a G_n en términos de g, g^{-1} y H .

Prueba:

Ya que

$$G_2(s) = G(G(s)) = G(g^{-1}(H(g(s)))) = g^{-1}(H(g(g^{-1}(H(g(s)))))$$

Debido a que su inversa de g es g^{-1}

$$= g^{-1}(H(H(g(s)))) = g^{-1}(H^{(2)}(g(s)))$$

Si $G_{n-1}(s) = g^{-1}(H^{(n-1)}(g(s)))$, entonces para n

$$\begin{aligned} G_n(s) &= G(G_{n-1}(s)) = G(g^{-1}(H^{(n-1)}(g(s)))) = g^{-1}(H^{(n-1)}(g(g^{-1}H(g(s)))) \\ &g^{-1}(H^{(n-1)}(H(g(s)))) = g^{-1}(H^{(n)}(g(s))) \end{aligned}$$

$$\therefore G_n(s) = g^{-1}(H^{(n)}(g(s))) \quad (1.40)$$

En el caso particular de que $g(s) = s^m$, y $H(s)$ este dada por:

$$H(s) = \frac{s}{\gamma - (\gamma - 1)s} \text{ para algún } \gamma > 1$$

para establecer (1.40) calculamos $H^{(n)}(s)$:

$$\begin{aligned} H^{(2)}(s) &= H\left(\frac{s}{\gamma - (\gamma - 1)s}\right) \\ &= \left(\frac{\frac{s}{\gamma - (\gamma - 1)s}}{\gamma - (\gamma - 1)\frac{s}{\gamma - (\gamma - 1)s}}\right) = \frac{\frac{s}{\gamma - (\gamma - 1)s}}{\frac{\gamma(\gamma - (\gamma - 1)s) - s(\gamma - 1)}{\gamma - (\gamma - 1)s}} = \frac{s}{\gamma^2 - s(\gamma - 1)(\gamma + 1)} \\ &= \frac{s}{\gamma^2 - s(\gamma^2 - 1)} \end{aligned}$$

Si es válido para $n - 1$, $H^{(n-1)}(s) = \frac{s}{\gamma^{n-1} - s(\gamma^{n-1} - 1)}$ y por ser H una función generadora de alguna probabilidad $H^{(n)}(s) = H(H^{(n-1)}(s))$

$$\begin{aligned}
H^{(n)}(s) &= H\left(\frac{s}{\gamma^{n-1} - s(\gamma^{n-1} - 1)}\right) \\
&= \frac{\frac{s}{\gamma^{n-1} - s(\gamma^{n-1} - 1)}}{\gamma - (\gamma - 1)\frac{s}{\gamma^{n-1} - s(\gamma^{n-1} - 1)}} \\
&= \frac{\frac{s}{\gamma^{n-1} - s(\gamma^{n-1} - 1)}}{\gamma(\gamma^{n-1} - s(\gamma^{n-1} - 1)) - s(\gamma - 1)} \\
&= \frac{s}{\gamma^n - (s\gamma^n - s\gamma) - s\gamma + s} = \frac{s}{\gamma^n - s\gamma^n + s\gamma - s\gamma + s} \\
&= \frac{s}{\gamma^n - s(\gamma^n - 1)}
\end{aligned}$$

$$\therefore H^{(n)}(s) = \frac{s}{\gamma^n - s(\gamma^n - 1)}$$

Ya que $g(s) = s^m$ entonces $g^{-1}(s) = \sqrt[m]{s}$, tenemos que calcular

$$\begin{aligned}
G_n(s) &= g^{-1}(H^{(n)}(g(s))) = g^{-1}(H^{(n)}(s^m)) = g^{-1}\left(\frac{s^m}{\gamma^n - s^m(\gamma^n - 1)}\right) \\
&= \sqrt[m]{\frac{s^m}{\gamma^n - s^m(\gamma^n - 1)}}
\end{aligned}$$

Podemos extrapolar nuestro ejemplo y preguntarnos cuando la variable H es la función generadora de una ley geométrica con parámetro $q \in (0, 1)$.

$$H(s) = \left(\frac{q}{1 - sp}\right)$$

que converge para $|s| < \frac{1}{p}$ y deacuerdo a lo desarrollado con anterioridad

$$H^{(n)}(s) = \begin{cases} \frac{n - (n - 1)s}{n + 1 - ns} & \text{si } p = 1/2 = q \\ \frac{q[p^n - q^n - ps(p^{n-1} - q^{n-1})]}{p^{n+1} - q^{n+1} - ps(p^n - q^n)} & \text{si } p \neq q \end{cases}$$

Por lo que ya tenemos los elementos necesarios para calcular $G_n(s)$ con $g(s) = s^m$ y $g^{-1}(s) = \sqrt[m]{s}$

$$G_n(s) = g^{-1}(H^{(n)}(g(s))) = g^{-1}(H^{(n)}(s^m)) =$$

$$\begin{cases} \sqrt[n]{\frac{n - (n-1)s^m}{n+1 - ns^m}} & \text{si } p = 1/2 = q \\ \sqrt[n]{\frac{q[p^n - q^n - ps(p^{n-1} - q^{n-1})]}{p^{n+1} - q^{n+1} - ps(p^n - q^n)}} & \text{si } p \neq q \end{cases}$$

Ejemplo 1.26 *Se puede hablar de una ley de reproducción bernoulli en donde la reproducción de los individuos contempla dos casos: o tienen un sólo hijo o ninguno con probabilidades r_0 y r_1 respectivamente. Se asume que $r_0 + r_1 = 1$ y $r_j = 0$ para $j \neq \{0, 1\}$. Para esta ley obtendremos su función generadora para la n -ésima generación.*

Prueba:

$$f_1(s) = \sum_{k=0}^{\infty} s^k \mathbb{P}(Z_1 = k) = s^0 \mathbb{P}(Z_1 = 0) + s \mathbb{P}(Z_1 = 1) = r_0 + sr_1.$$

Para Z_n empezaremos por calcular $f_1^{(2)}(s)$ para tratar de encontrar un patrón

$$f_1^{(2)}(s) = f_1(r_0 + sr_1) = r_0 + (r_0 + sr_1)r_1 = r_0 + r_0r_1 + sr_1^2$$

Suponemos que se vale que $f^{(n)} = r_0 + r_0r_1 + \dots + r_0r_1^{n-1} + sr_1^n$, se sigue que

$$\begin{aligned} f^{(n+1)}(s) &= f_1(f^{(n)}(s)) = f_1(r_0 + r_0r_1 + \dots + r_0r_1^{n-1} + sr_1^n) \\ &= r_0 + (r_0r_1 + r_0r_1^2 + \dots + r_0r_1^{n-1} + sr_1^n)r_1 \\ &= r_0 + r_0r_1^2 + r_0r_1^3 + \dots + r_0r_1^n + sr_1^{n+1} \\ &\therefore f^{(n+1)}(s) = r_0 \sum_{j=0}^n r_1^{n-j} + sr_1^{n+1} \end{aligned}$$

1.8. Algunas consideraciones sobre distribuciones estacionarias

Para concluir este capítulo dedicaremos esta última sección al estudio de las distribuciones estacionarias de una cadena de Markov. Recordaremos brevemente las condiciones que se deben cumplir para que exista dicha distribución y daremos dos ejemplos ilustrativos de tales distribuciones. Mencionemos la definición de distribución estacionaria

Definición 1.27 *Un vector de probabilidad $\pi = (\pi_i)_{i \in E}$ es una distribución estacionaria de una Cadena de Markov $\{X_n\}_{n \geq 0}$ si al tener matriz de transición P cumple que*

- $\pi_i > 0$ para toda $i \in E$
- $\sum_{i=0}^{\infty} \pi_i = 1$
- $\pi P = \pi$

Sea $\{X_n\}_{n \geq 0}$ una cadena de Markov con espacio de estados E y matriz de transición P .

Afirmación 1.28 *La existencia de un vector de probabilidad estacionario permite que la cadena mantenga esta distribución, si la distribución inicial es precisamente el vector de probabilidad invariante*

Si X_0 tiene a π como su distribución estacionaria inicial entonces si $y \in E$

$$\begin{aligned} \pi(y) &= \mathbb{P}(X_0 = y) = \sum_{x \in E} \mathbb{P}(X_1 = x, X_0 = y) = \sum_{x \in E} \mathbb{P}(X_1 = x | X_0 = y) \mathbb{P}(X_0 = y) \\ &= \mathbb{P}(X_1 = y) \end{aligned}$$

al suponer válido para $n - 1$ esto es $\pi(y) = \mathbb{P}(X_{n-1} = y)$ se tiene que para n

$$\pi(y) = \mathbb{P}(X_{n-1} = y) = \sum_{x \in E} \mathbb{P}(X_n = x | X_{n-1} = y) \mathbb{P}(X_{n-1} = y) = \mathbb{P}(X_n = y)$$

de donde se concluye que la distribución de X_n es independiente de n . Supongamos que ocurre lo contrario, esto es, que la distribución de X_n es independiente de n . Entonces la ley inicial π_0 es tal que

$$\pi_0 = \mathbb{P}(X_0 = y) = \mathbb{P}(X_1 = y) = \sum_{x \in E} \pi_0 P(x, y) \quad (1.41)$$

Es significa que π es un vector estacionario. Por lo tanto, X_n es independiente de n si y sólo si la distribución inicial es estacionaria.

Sea $A \subset E$. Definimos el tiempo de entrada a A como la variable aleatoria

$$T_A = \begin{cases} \inf\{n > 0 : X_n \in A\} & \text{si } \{n \geq 1 : X_n \in A\} \neq \emptyset \\ +\infty & \text{si } \{n \geq 1 : X_n \in A\} = \emptyset \end{cases}$$

Esto es T_A denota la primera vez que la cadena entra al conjunto de estados A . El siguiente teorema nos proporciona las requerimientos que tiene que tener una cadena de Markov para que posea una distribución estacionaria.

Teorema 1.29 *Una cadena de Markov irreducible recurrente positiva tiene una única distribución estacionaria π dada por*

$$\pi(j) = \frac{1}{m_j} \quad \text{para toda } j \in E$$

donde $m_j = \mathbb{E}(T_j | X_0 = x)$

Una detallada demostración de este teorema se puede consultar en [CRUV04] (Teorema 3.2.2). El objetivo de estudiar estas distribuciones es facilitar el cálculo de las matrices de transición P^n para $n > 1$, en particular para valores grandes de n gracias a que el comportamiento de la cadena en tiempos grandes se determina con las herramientas desarrolladas con anterioridad.

Ejemplo de Distribución Estacionaria: Cadena de Nacimiento y Muerte

A modo de ejemplo consideremos $(X_n)_{n \geq 0}$ la Cadena de Nacimiento y Muerte en \mathbb{N} de donde si un individuo esta en el estado x la transición a otro estado se da bajo estas condiciones:

- Se da *nacimiento* a un individuo cuando la cadena avanza a $x + 1$
- La transición del estado x a $x - 1$ corresponde a la *muerte* del individuo.
- Si no sucede ninguno de los eventos mencionados, el individuo permanece en el estado x

De esta forma las transiciones se pueden resumir como

$$P(x, y) = \mathbb{P}(X_1 = y | X_0 = x) = \begin{cases} q_x & \text{si } y = x - 1 \\ r_x & \text{si } y = x \\ p_x & \text{si } y = x + 1 \end{cases}$$

donde $q_x + r_x + p_x = 1$ para toda $x \in \mathbb{N}$, supondremos además que p_x y q_x son positivas para toda $x \in \mathbb{N}$

$$\begin{pmatrix} r_0 & p_0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \dots \\ q_1 & r_1 & p_1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \dots \\ 0 & q_2 & r_2 & p_2 & 0 & 0 & 0 & 0 & \dots \\ 0 & 0 & q_3 & r_3 & p_3 & 0 & 0 & 0 & \dots \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \dots \end{pmatrix}$$

Cuadro 1.1: Matriz de transición de la Cadena de Nacimiento y Muerte

Ésta cadena tiene amplias aplicaciones si interpretamos cada estado de transición como la *población* de un sistema, un ejemplo puede ser la evolución de genes o cáncer. Por otro lado, puede ser una herramienta para la construcción de otros modelos de crecimiento poblacional diferentes al de BGW como lo son los modelos de Moran y el de Wright Fisher ⁵. Cabe destacar que esta cadena en tiempo continuo tiene una amplia aplicación en la teoría de colas.

⁵<http://bib.oxfordjournals.org/content/7/1/70.full>

Encontraremos la distribución estacionaria π de esta cadena. Dicho vector debe cumplir con el siguiente sistema de ecuaciones

$$\pi_y = \sum_{x=1}^{\infty} \pi_x P(x, y) \quad (1.42)$$

$r_0 + p_0 = 1$ Si $y = 0$ tenemos

$$\pi_0 = P(0, 0)\pi_0 + P(0, 1)\pi_1 = r_0\pi_0 + q_1\pi_1$$

por lo cual

$$(1 - r_0)\pi_0 = q_1\pi_1$$

y como $r_0 + p_0 = 1$

$$\begin{aligned} (p_0 + r_0 - r_0)\pi_0 &= q_1\pi_1 & p_1 \neq 0 \\ \Rightarrow \pi_1 &= \frac{p_0}{q_1}\pi_0 \end{aligned}$$

y para $y \geq 1$

$$\begin{aligned} \pi_y &= p_{y-1}\pi_{y-1} + r_y\pi_y + q_{y+1}\pi_{y+1} \\ (q_y + r_y + p_y)\pi_y &= p_{y-1}\pi_{y-1} + r_y\pi_y + q_{y+1}\pi_{y+1} \end{aligned}$$

por lo que obtenemos la siguiente relación recursiva

$$p_{y-1}\pi_{y-1} + q_{y+1}\pi_{y+1} = q_y\pi_y + p_y\pi_y$$

veamos el caso $y = 1$

$$p_0\pi_0 + q_2\pi_2 = q_1\pi_1 + p_1\pi_1 = \frac{q_1 p_0}{q_1}\pi_0 + \frac{p_1 p_0}{q_1}\pi_0$$

de esta forma

$$\pi_2 = \frac{p_1 p_0}{q_1 q_2}\pi_0 \quad q_1 q_2 \neq 0$$

supondremos que se cumple para $k + 1 \in \mathbb{N}$ y demostraremos para $k + 2$

$$\begin{aligned} p_k\pi_k + q_{k+2}\pi_{k+2} &= q_{k+1}\pi_{k+1} + p_{y+1}\pi_{k+1} \\ &= q_{k+1} \frac{p_0 p_1 \cdots p_k}{q_1 \cdots q_{k+1}} \pi_0 + \frac{p_0 \cdots p_k p_{k+1}}{q_1 \cdots q_{k+1}} \pi_0 \end{aligned}$$

gracias a la hipótesis de inducción, por lo que

$$p_k \frac{p_0 p_1 \cdots p_{k-1}}{q_1 \cdots q_k} \pi_0 + q_{k+2}\pi_{k+2} = \frac{p_0 p_1 \cdots p_k}{q_1 \cdots q_k} \pi_0 + \frac{p_0 \cdots p_{k+1}}{q_1 \cdots q_{k+1}} \pi_0$$

se sigue que

$$\pi_{k+2} = \frac{p_0 \cdots p_{k+1}}{q_1 \cdots q_{k+2}} \pi_0 \quad q_1 \cdots q_{k+2} \neq 0$$

Este vector tiene sus entradas no negativas. Definimos al vector $\bar{\pi}$ como

$$\bar{\pi}_j = \begin{cases} 1 & \text{si } j = 0 \\ \frac{p_0 \cdots p_j}{q_1 \cdots q_{j+1}} & \text{si } j \geq 1 \end{cases}$$

De esta forma para toda $j \in \mathbb{N}$ $\pi_j = \pi_0 \bar{\pi}_j$. Para encontrar la distribución estacionaria necesitamos dar condiciones de existencia y unicidad sobre ésta cadena. En [PHS81] se demuestra que la cadena es recurrente si y sólo si $\sum_{j=1}^{\infty} \frac{p_0 \cdots p_j}{q_1 \cdots q_{j+1}} < \infty$, la cual es una de las condiciones para que exista la distribución estacionaria (Teorema 1.29). Por lo que para aseverar que es la distribución estacionaria de la cadena nos falta demostrar que $\sum_{n=0}^{\infty} \pi_n = 1$, para esto supongamos que $\sum_{n=0}^{\infty} \frac{p_0 \cdots p_n}{q_1 \cdots q_{n+1}} < \infty$,

se sigue que

$$1 = \sum_{n=0}^{\infty} \pi_n = \sum_{n=0}^{\infty} \frac{p_0 \cdots p_n}{q_1 \cdots q_{n+1}} \pi_0$$

$$\pi_0 = \frac{1}{\left(\sum_{n=0}^{\infty} \frac{p_0 \cdots p_n}{q_1 \cdots q_{n+1}} \right)}$$

Por lo que el comportamiento de la cadena lo podemos conocer por medio de la distribución estacionaria

$$\pi_{n+1} = \frac{p_0 \cdots p_n}{q_1 \cdots q_{n+1}} \frac{1}{\left(\sum_{n=0}^{\infty} \frac{p_0 \cdots p_n}{q_1 \cdots q_{n+1}} \right)} \quad \text{para toda } n \in \mathbb{N}$$

Observación 1.30 Si sucede el caso en que $\sum_{j=1}^{\infty} \frac{p_0 \cdots p_j}{q_1 \cdots q_{j+1}} = \infty$ entonces ya que expresamos a la distribución invariante como $\pi_j = \bar{\pi}_j \pi_0$ concluimos que no existe la distribución estacionaria π

Cuando existe la distribución estacionaria de una cadena, no necesariamente es única como lo muestra el siguiente ejemplo

Ejemplo de Distribución estacionaria que no es única: Urna de Ehrenfest T. Ehrenfest propuso este modelo para estudiar el intercambio de calor o de gases entre dos cuerpos aislados. Supongamos que tenemos dos cajas C_1 y C_2 , en ellas están distribuidas d bolas numeradas. En cada paso la dinámica es la siguiente: se elige un número al azar entre $\{0, \dots, d\}$, (la probabilidad de escoger cada número es $\frac{1}{d}$) se observa en cual cual urna esta la bola con el número elegido y se cambia de urna. Sea X_n el número de bolas al tiempo n en la caja C_1 . Es fácil ver que $\{X_n\}_{n \geq 0}$ es una cadena de Markov. Para calcular su matriz de transición supongamos que hay x bolas en la caja C_1 al tiempo n . Entonces con probabilidad $\frac{x}{d}$ la bola será escogida en el $n + 1$ -ésimo ensayo, por lo que habrá $x - 1$ bolas al

tiempo $n + 1$ en C_1 . De manera análoga con probabilidad $\frac{x-d}{d}$ la bola elegida en la $n + 1$ -ésima prueba de trasladará de C_2 a C_1 , con un total de $x + 1$ bolas al tiempo $n + 1$. Por lo tanto

$$P(x, y) = \begin{cases} \frac{x}{d} & \text{si } y = x - 1 \\ 1 - \frac{x}{d} & \text{si } y = x + 1 \\ 0 & \text{e.o.c.} \end{cases}$$

$$\begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \frac{1}{d} & 0 & \frac{d-1}{d} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \frac{2}{d} & 0 & \frac{d-2}{d} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \end{pmatrix}$$

Cuadro 1.2: Matriz de transición de la Urna de Ehrenfest

Veamos que la distribución estacionaria en este caso no es única. Para esto calculemos el vector invariante π para $d = 3$

$$\begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 & 0 \\ \frac{1}{3} & 0 & \frac{2}{3} & 0 \\ 0 & \frac{2}{3} & 0 & \frac{1}{3} \\ 0 & 0 & 1 & 0 \end{pmatrix}$$

Cuadro 1.3: Matriz de transición cuando $d = 3$

Observamos que es una cadena de nacimiento y muerte con $q_x = \frac{1}{3}$ y $p_x = \frac{2}{3}$ y $r_x = 0$ para $x = 1, 2$ con $\pi_0 = 1$ por lo desarrollado con anterioridad los valores $\bar{\pi}$ son

$$\bar{\pi}_1 = \frac{1}{\frac{1}{3}} = 3 \quad \bar{\pi}_2 = \frac{1 \cdot \frac{2}{3}}{\frac{1}{3} \cdot \frac{2}{3}} = 3$$

y

$$\bar{\pi}_3 = \frac{1 \cdot \frac{2}{3} \cdot \frac{1}{3}}{\frac{1}{3} \cdot \frac{2}{3} \cdot 1} = 1$$

al ser la suma $\sum_{n=0}^3 \frac{p_0 p_1 p_2 p_3}{q_1 q_2 q_3 q_4} = \frac{1}{8}$, los valores del vector π son

$$\pi_0 = \frac{1}{8} \quad \pi_1 = \frac{3}{8} \quad \pi_2 = \frac{3}{8} \quad \pi_3 = \frac{1}{8}$$

Observemos lo siguiente. Al iniciar en el estado cero en un número par de pasos se puede estar en los estados 0 y 2 y en un número impar en el 1 y 3. Observemos

que en este caso $P(x, x) = 0$ para x impar y se puede demostrar que $P^n(x, x) = 0$ para n impar. Por lo que

$$\lim_{n \rightarrow \infty} P^n(x, x) = 0 = \pi_x$$

Por lo anterior el límite $\lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{P}(X_n = y | X_0 = x)$ no existe y esto implica que no hay una única distribución estacionaria para este ejemplo.

Debido a que el proceso de ramificación de BGW no es una cadena recurrente positiva por tener un estado absorbente y los demás transitorios, es evidente que no tendrá distribución estacionaria como lo vemos en la siguiente proposición

Proposición 1.31 *El proceso de BGW tiene como distribución estacionaria la que asigna uno al cero (en ocasiones denominada distribución de Dirac en cero) $\pi_0 = 1$ y $\pi_i = 0$ si $i \geq 1$:*

Demostración. La prueba se hará por reducción al absurdo. Supongamos que π es una distribución estacionaria del BGW. Por lo desarrollado anteriormente, esta es una ley que es invariante sobre la dinámica de reproducción i.e. sobre las generaciones. Lo que implica que si la ley de Z_0 es π , entonces para cada tiempo n la ley de Z_n se queda igual a π ; en particular

$$\begin{aligned} \pi_0 &= \mathbb{P}(Z_1 = 0) = \mathbb{P}(Z_1 = 0, \Omega) = \sum_{i=0}^{\infty} \mathbb{P}(Z_1 = 0, Z_0 = i) \\ &= \sum_{i=0}^{\infty} \mathbb{P}(Z_1 = 0 | Z_0 = i) \mathbb{P}(Z_0 = i) = \sum_{i=0}^{\infty} (\mathbf{r}^{*i})(0) \pi_i \\ &= \sum_{i=0}^{\infty} (r_0)^i \pi_i > \pi_0 \end{aligned}$$

la quinta igualdad se debe al uso de la propiedad de ramificación, por otra parte, recordemos que el valor $(\mathbf{r}^{*i})(0)$ denota la i -ésima convolución del vector \mathbf{r} valuado en cero, la cual es por definición $\sum_{k_1 + \dots + k_i = 0} r_{k_1} \cdots r_{k_i}$, de aquí se deduce que todos

los índices k_l son cero para $l = 1, \dots, i$ y se concluye que dicha convolución no es más que $\underbrace{r_0 \cdot r_0 \cdots r_0}_{i\text{-veces}} = (r_0)^i$ y así llegamos a la última igualdad. Como consecuencia

de los supuestos que hicimos en la Observación (1.1) se obtiene una contradicción, por lo que concluimos que $\pi_i = 0$ para toda $i \neq 0$ y al ser π un vector de probabilidad, tenemos $\pi_0 = 1$. \square

Por lo que para conocer el comportamiento del proceso para una n grande no se puede obtener por medio de esta teoría. Ésta problemática será tema de nuestro interés en el siguiente capítulo.

CAPÍTULO 2

Distribuciones Cuasi-estacionarias y Q-procesos

Nuestro propósito en este capítulo es estudiar el comportamiento asintótico de la población a lo largo del tiempo en base al proceso de ramificación de Bienaymé-Galton-Watson, para este fin nos enfocaremos en poblaciones que tienen una tasa de reproducción $\mu < 1$ (*caso subcrítico*) y que no presentan inmigración, bajo estos supuestos la competencia por los recursos limitados lleva a que la población esté predestinada a extinguirse, conclusión que se conoce de antemano gracias a la teoría del capítulo anterior. De esta manera en tiempo finito se tendrán 0 individuos en alguna generación y al ser éste el único estado absorbente, todo el proceso de ramificación muere.

Sin embargo, el tiempo de extinción puede ser considerablemente grande para el tiempo de escala de los seres humanos y esto provoca que al momento de estudiar la dinámica de algunas poblaciones, éstas oscilen sobre ciertos valores por un tiempo considerable antes de su inminente extinción.

La primera herramienta con la que podríamos estudiar éste fenómeno es por medio de la distribución estacionaria del BGW y analizar su comportamiento a lo largo del tiempo, sin embargo recordemos que en el capítulo anterior se verificó que la única distribución estacionaria π del proceso de BGW es la distribución de Dirac en cero. Debido a que esta distribución aporta nula información sobre la dinámica de la población, tendremos que desarrollar más teoría para responder a preguntas como:

1. Dada una ley de reproducción r . ¿Cuál es la probabilidad de que la población sobreviva a un tiempo n ?
2. Una vez establecida dicha probabilidad, ¿Cómo se distribuye?

3. ¿Existen trayectorias que nunca alcancen el estado absorbente?, y de llegar a existir ¿Cuál es su ley?

Lo que puedan arrojar estas respuestas pueden reflejar ciertos comportamientos en la naturaleza; ya que se conoce de algunas especies que se encuentran en peligro de extinción y logran estabilizar algunos rasgos biológicos como sucede con la serpiente de cascabel de canto-olfateo del Sur de Arizona *Crotalius Willardi Willardi* [Mél09].

2.1. Distribuciones cuasi-estacionarias y Límite de Yaglom

Para dar respuesta a la primera pregunta, haremos uso de las denominadas *distribuciones cuasi-estacionarias* que no es más que la probabilidad condicional de tener i individuos al tiempo n dada la no extinción del proceso. También tienen la propiedad de ser distribuciones estacionarias sobre los estados transitorios.

Definición 2.1 Decimos que una ley de probabilidad $\hat{r} = (\hat{r}_j)_{j \geq 1}$ es **cuasi-estacionaria** para una Cadena de Markov $(X_n)_{n \geq 0}$ si al tener X_0 ley \hat{r} entonces para toda $n \geq 1$

$$\mathbb{P}(X_n = j | X_n > 0) = \hat{r}_j \quad j \in \{1, 2, 3, \dots\} \quad (2.1)$$

Por otro lado se puede estudiar la probabilidad condicionada a la no extinción conforme n crece. De existir dicho límite se conoce como *límite de Yaglom*¹ y se define como sigue

Definición 2.2 Sea $(X_n)_{n \geq 0}$ una cadena de Markov, definimos el límite de Yaglom como una distribución de probabilidad ν la cual para cada $j \in \{1, 2, \dots\}$ cumple con

$$\nu_j = \lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{P}(X_n = j | X_n > 0) \quad (2.2)$$

Observación 2.3 Si partimos de una Cadena de Markov X que tiene una distribución \hat{r} que es cuasi-estacionaria, entonces el correspondiente límite de Yaglom existe y es igual a \hat{r} .

Relacionaremos estos conceptos con el proceso de BGW a través del siguiente teorema que nos da las condiciones necesarias sobre el proceso para que exista dicha ley, así como la existencia del límite de Yaglom, que es la distribución cuasiestacionaria asociada al proceso.

Teorema 2.4 Si $(Z_n)_{n \geq 0}$ es un proceso de BGW subcrítico y no degenerado, con ley de reproducción $r = (r_i)_{i \geq 0}$ y generadora de probabilidades f_1 . Entonces existe el límite de Yaglom \hat{r} definido en (2.2) el cual es una distribución cuasiestacionaria

¹Akiva Moiseevich Yaglom (1921-2007). Matemático ruso quien fue el primero en estudiar éste tipo de límite.

para el proceso. Además, si \hat{f} es la función generadora de la ley $\hat{r} = (\hat{r}_i)_{i \geq 1}$ se tiene que

$$\hat{f}_n(s) = 1 - \frac{1 - f_n(s)}{1 - f_n(0)} \quad (2.3)$$

$$\text{y para toda } s \in [0, 1], \quad 1 - \hat{f} \circ f_1(s) = \mu(1 - \hat{f}(s)). \quad (2.4)$$

Demostración. La demostración del teorema tendrá cinco etapas:

- 1) Construcción de la ley \hat{r} a través de una sucesión de generadoras de probabilidades condicionadas
- 2) Probar que dicha sucesión es no decreciente y acotada en el intervalo $[0, 1]$, por lo que el límite \hat{f} existe.
- 3) Obtener la ecuación (2.4)
- 4) Justificar que $\hat{f}(s)$ es la función generadora de la distribución de Yaglom
- 5) Verificar que la distribución $\hat{r} = (\hat{r}_i)_{i=1}^{\infty}$ es cuasi-estacionaria.

1) Definimos

$$\hat{f}_n(s) := \mathbb{E}(s^{Z_n} | Z_n > 0) \quad (2.5)$$

Demostraremos que el límite de esta sucesión existe. De acuerdo a (2.5)

$$\mathbb{E}(s^{Z_n} | Z_n > 0) = \frac{\mathbb{E}(s^{Z_n} 1_{\{Z_n > 0\}})}{\mathbb{P}(Z_n > 0)}$$

Si se obtienen complementos

$$\begin{aligned} &= \frac{\mathbb{E}(s^{Z_n} (1 - 1_{\{Z_n=0\}}))}{1 - \mathbb{P}(Z_n = 0)} \\ &= \frac{\mathbb{E}(s^{Z_n}) - \mathbb{E}(s^{Z_n} 1_{\{Z_n=0\}})}{1 - \mathbb{P}(Z_n = 0)} \end{aligned}$$

Observese que

$$\mathbb{E}(s^{Z_n} 1_{\{Z_n=0\}}) = \mathbb{E}(s^0 1_{\{Z_n=0\}}) = \mathbb{E}(1_{\{Z_n=0\}}) = \mathbb{P}(Z_n = 0) = f_n(0)$$

Por lo que nuestra sucesión de esperanzas condicionales puede estar descrita en términos de la generadora de probabilidades de Z_n , es decir

$$\hat{f}_n(s) = \frac{f_n(s) - f_n(0)}{1 - f_n(0)} = \frac{1 - f_n(0) - 1 + f_n(s)}{1 - f_n(0)} = 1 - \frac{1 - f_n(s)}{1 - f_n(0)}$$

2) Veremos que esta sucesión de funciones $(\hat{f}_n)_{n=1}^{\infty}$ es acotada para s en el intervalo $[0, 1]$. Ya que la generadora $f_n(s)$ es una función no decreciente por (1.6)

$$\begin{aligned} f_n(0) &\leq f_n(s) \\ 1 - f_n(s) &\leq 1 - f_n(0) \\ 1 - \hat{f}_n(s) &= \frac{1 - f_n(s)}{1 - f_n(0)} \leq 1 \end{aligned}$$

se sigue que $1 - \hat{f}_n(s) \leq 1$, es decir $\hat{f}_n(s) \geq 0$. Para encontrar la cota superior veamos que al ser $0 \leq f_n(s) \leq 1$ para $s \in [0, 1]$ se sigue que $0 \leq 1 - f_n(s)$ y de esta forma concluimos que

$$\hat{f}_n(s) = 1 - \frac{1 - f_n(s)}{1 - f_n(0)} \leq 1.$$

Mostraremos que $(1 - \hat{f}_n(s))_{n=1}^{\infty}$ cumple con ser una sucesión monótona creciente para toda $s \in [0, 1]$

$$\begin{aligned} 1 - \hat{f}_{n+1}(s) &= \frac{1 - f_{n+1}(s)}{1 - f_{n+1}(0)} \left(\frac{1 - f_n(s)}{1 - f_n(0)} \right) \left(\frac{1 - f_n(0)}{1 - f_n(s)} \right) \\ &= \frac{1 - f_{n+1}(s)}{1 - f_n(s)} \left(\frac{1 - f_n(0)}{1 - f_{n+1}(0)} \right) \left(\frac{1 - f_n(s)}{1 - f_n(0)} \right) \\ &\geq \frac{1 - f_{n+1}(0)}{1 - f_n(0)} \left(\frac{1 - f_n(0)}{1 - f_{n+1}(0)} \right) \left(\frac{1 - f_n(s)}{1 - f_n(0)} \right) \\ &= \frac{1 - f_n(s)}{1 - f_n(0)} = 1 - \hat{f}_n(s) \end{aligned}$$

para la cuarta desigualdad anterior se utilizó que la función $h : [0, 1] \rightarrow \mathbb{R}$ definida como $h(u) = \frac{1-f(u)}{1-u}$ es creciente lo cual es consecuencia de la Observación 1.9 del Capítulo 1. Esta propiedad nos permite afirmar que $h(f_n(s)) \geq h(f_n(0))$, es decir

$$\frac{1 - f_{n+1}(s)}{1 - f_n(s)} \geq \frac{1 - f_{n+1}(0)}{1 - f_n(0)}$$

y eso da la cuarta desigualdad. Hemos probado que $1 \geq G_{n+1}(s) \geq G_n(s)$ con $G_n(s) = \frac{1-f_n(s)}{1-f_n(0)}$ y esto para toda $n \in \mathbb{N}$. Luego $\lim_{n \rightarrow \infty} G_n(s)$ existe y es menor o igual a uno.

$$\therefore \lim_{n \rightarrow \infty} \hat{f}_n(s) = 1 - \lim_{n \rightarrow \infty} \frac{1 - f_n(s)}{1 - f_n(0)}$$

Denotamos a su límite como

$$\hat{f}(s) := \lim_{n \rightarrow \infty} \hat{f}_n(s)$$

3) Para mostrar la ecuación (2.4)

$$\begin{aligned}
1 - \hat{f}(s) &= \lim_{n \rightarrow \infty} \frac{1 - f_{n+1}(s)}{1 - f_{n+1}(0)} \\
&= \lim_{n \rightarrow \infty} \left(\frac{1 - f_n(f(s))}{1 - f_n(0)} \frac{1 - f_n(0)}{1 - f_n(f(0))} \right) \\
&= \lim_{n \rightarrow \infty} \left(\frac{G_n(f(s))}{G_n(f(0))} \right) \\
&= \frac{\lim_{n \rightarrow \infty} G_n(f(s))}{\lim_{n \rightarrow \infty} G_n(f(0))} \\
&= \lim_{n \rightarrow \infty} \frac{1 - f_n(f(s))}{1 - f_n(0)} \lim_{n \rightarrow \infty} \frac{1 - f_n(0)}{1 - f_n(f(0))}
\end{aligned}$$

Escrito de esta forma reconocemos el primer límite como la composición $1 - \hat{f} \circ f(s)$ y en el segundo hacemos uso de que el proceso es subcrítico y se cumple $\lim_{n \rightarrow \infty} f_n(0) = \lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{P}(Z_n = 0) = 1$, podemos realizar un cambio de variable

$$\lim_{n \rightarrow \infty} \frac{1 - f_n(0)}{1 - f_1(f_n(0))} = \lim_{u \rightarrow 1} \frac{1 - u}{1 - f_1(u)}$$

Este límite es la inversa de la derivada de f_1 valuada en 1, si llamamos a la media μ

$$1 - \hat{f}(s) = \frac{1}{\mu} (1 - \hat{f} \circ f_1(s))$$

Al Despejar obtenemos la ecuación deseada.

4) Ahora veamos que $\hat{f}(s)$ es la función generadora de la distribución de Yaglom definida en (2.2)

$$\begin{aligned}
\hat{f}(s) &= \lim_{n \rightarrow \infty} \frac{f_n(s) - f_n(0)}{1 - f_n(0)} \\
&= \lim_{n \rightarrow \infty} \sum_{i=0}^{\infty} \frac{s^i (\mathbb{P}(Z_n = i)) - \mathbb{P}(Z_n = 0)}{1 - \mathbb{P}(Z_n = 0)} \\
&= \lim_{n \rightarrow \infty} \sum_{i=1}^{\infty} \frac{s^i \mathbb{P}(Z_n = i, Z_n > 0)}{\mathbb{P}(Z_n > 0)} \\
&= \lim_{n \rightarrow \infty} \sum_{i=1}^{\infty} s^i \mathbb{P}(Z_n = i | Z_n > 0)
\end{aligned}$$

la tercera igualdad es resultado del valor para $i = 0$, i.e.

$$\frac{s^0 (\mathbb{P}(Z_n = 0) - \mathbb{P}(Z_n = 0))}{\mathbb{P}(Z_n > 0)} = 0$$

y al hecho de que para $i \geq 1$, $\{Z_n = i\} \subseteq \{Z_n > 0\}$ lo que implica que $\{Z_n > 0, Z_n = i\} = \{Z_n = i\}$. Se sigue de la definición de probabilidad condicional la última igualdad. Ahora bien, por ser la expresión anterior una serie de potencias sabemos que converge uniformemente sobre $s \in [-1, 1]$, entonces podemos intercambiar el límite y la suma

$$\begin{aligned} &= \sum_{i=1}^{\infty} s^i \lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{P}(Z_n = i | Z_n > 0) \\ \text{así } \hat{f}(s) &= \sum_{i \geq 1} s^i \hat{r}_i \end{aligned}$$

5) Sólo nos resta probar que la distribución $\hat{r} = (\hat{r}_i)_{i=1}^{\infty}$ es cuasi-estacionaria. Para esto, usaremos la notación $\mathbb{P}_{\hat{r}}$ para hablar de la ley $\mathbb{P}(\cdot | Z_0 \sim \hat{r})$, es decir $\mathbb{P}_{\hat{r}}(A) = \sum_{i=0}^{\infty} \mathbb{P}(A | Z_0 = i) \hat{r}_i$ y la propiedad de ramificación para obtener la función generadora del proceso cuando se inicia con i individuos, es decir

$$\begin{aligned} \mathbb{P}_{\hat{r}}(Z_1 = 0) &= \mathbb{P}(Z_1 = 0 | Z_0 \sim \hat{r}) \\ &= \sum_{i \geq 1} \mathbb{P}(Z_1 = 0 | Z_0 = i) \mathbb{P}(Z_0 = i) \\ &= \sum_{i \geq 1} \mathbb{P}(Z_1 = 0 | Z_0 = i) \hat{r}_i \\ &= \sum_{i \geq 1} (r_0)^i \hat{r}_i \\ \mathbb{P}_{\hat{r}}(Z_1 = 0) &= \hat{f}(r_0) \end{aligned}$$

en la tercera igualdad se utilizó que $\mathbb{P}(Z_1 = 0 | Z_0 = i)$ es la probabilidad de que i individuos no tengan descendencia y conocemos su valor que es $\mathbb{P}(Z_1 = 0 | Z_0 = i) = (\hat{r}^{*i})(0)$, pero por lo demostrado en la Proposición 1.31 sabemos que dicha convolución es $(r_0)^i$ por lo que se sigue que dicha serie es la generadora de probabilidades \hat{f} calculada en dicho valor $\mathbb{P}_{\hat{r}}(Z_1 = 0) = \hat{f}(r_0)$. Ahora calculemos la generadora de Z_1 bajo $\mathbb{P}_{\hat{r}}$

$$\begin{aligned} \mathbb{E}_{\hat{r}}(s^{Z_1}) &= \mathbb{E}(\mathbb{E}(s^{Z_1} | Z_0 > 0)) \\ &= \sum_{n=0}^{\infty} s^n \left(\sum_{i \geq 1} \mathbb{P}(Z_1 = n | Z_0 = i) \hat{r}_i \right) \\ &= \sum_{i \geq 1} \left(\sum_{n=0}^{\infty} s^n \mathbb{P}(Z_1 = n | Z_0 = i) \right) \hat{r}_i \\ &= \sum_{i \geq 1} (f_1(s))^i \hat{r}_i \\ &= \hat{f}(f_1(s)) \end{aligned}$$

el intercambio de la sumas se justifica por el teorema de Fubini. La propiedad de ramificación se usa en la expresión en paréntesis de la tercera igualdad para así obtener la generadora de probabilidades de la variable Z_1 . Ahora

$$\begin{aligned}
\mathbb{E}_{\hat{\mathbf{r}}}(s^{Z_1} | Z_1 > 0) &= \frac{\mathbb{E}_{\hat{\mathbf{r}}}(1_{\{Z_1 > 0\}} s^{Z_1})}{\mathbb{P}_{\hat{\mathbf{r}}}(Z_1 > 0)} \\
&= \frac{\mathbb{E}_{\hat{\mathbf{r}}}(s^{Z_1} (1 - 1_{\{Z_1=0\}}))}{1 - \mathbb{P}_{\hat{\mathbf{r}}}(Z_1 = 0)} \\
&= \frac{\mathbb{E}_{\hat{\mathbf{r}}}(s^{Z_1}) - \mathbb{E}_{\hat{\mathbf{r}}}(s^0 1_{\{Z_1=0\}})}{1 - \mathbb{P}_{\hat{\mathbf{r}}}(Z_1 = 0)} \\
&= \frac{\hat{f}(f_1(s)) - \hat{f}(r_0)}{1 - \hat{f}(r_0)} \tag{2.6}
\end{aligned}$$

en la segunda igualdad se obtienen los complementos de la primera expresión de esta esperanza condicional. Por otra parte al aplicar (2.4) y el hecho que $f_1(0) = r_0$

$$\begin{aligned}
1 - \hat{f}(f_1(0)) &= \mu(1 - \hat{f}(0)) \\
1 - \hat{f}(r_0) &= \mu(1 - 0) \quad \text{porque } \hat{r}_0 = \hat{f}(0) = \lim_{n \rightarrow \infty} \frac{1 - f_n(0)}{1 - f_n(0)} = 0 \\
\text{i.e. } \hat{f}(r_0) &= 1 - \mu
\end{aligned}$$

se sustituye este valor en (2.6) para obtener que

$$\begin{aligned}
\mathbb{E}_{\hat{\mathbf{r}}}(s^{Z_1} | Z_1 > 0) &= \frac{\hat{f}(f_1(s)) - (1 - \mu)}{1 - (1 - \mu)} = \frac{\mu - (1 - \hat{f}(f_1(s)))}{\mu} \\
&= 1 - \frac{1 - \hat{f}(f_1(s))}{\mu} = \hat{f}(s) \tag{2.7}
\end{aligned}$$

La última igualdad hace uso de la ecuación (2.4):

$$\begin{aligned}
1 - \hat{f} \circ f_1(s) &= \mu(1 - \hat{f}(s)) \\
1 - \frac{1 - \hat{f} \circ f_1(s)}{\mu} &= \hat{f}(s)
\end{aligned}$$

Con (2.7) vimos que para $i \in \{1, 2, \dots\}$ sucede que $\mathbb{P}(Z_1 = i | Z_1 > 0, Z_0 \sim \hat{\mathbf{r}}) = \hat{r}_i$ y por ser el BGW una Cadena de Markov $\mathbb{P}(Z_1 = i | Z_1 > 0) = \hat{r}_i$. La demostración para Z_n con $n > 1$ es semejante. \square

Observación 2.5 *Este teorema nos indica que en el proceso de BGW subcrítico, el límite de Yaglom existe y es igual a la distribución cuasi-estacionaria. En general el límite de Yaglom es una distribución cuasi-estacionaria pero el recíproco no siempre se cumple (véase [Mél09])*

2.1.1. Ejemplos

En esta sección haremos el cálculo de dos distribuciones cuasiestacionarias, en los cuales se puede obtener explícitamente la n -ésima función generadora

1. Distribución geométrica(q). Si X tiene ésta distribución se calculó en el capítulo anterior la función generadora para Z_n es

$$f_n(s) = \begin{cases} \frac{n - (n-1)s}{n+1 - ns} & \text{si } p = 1/2 = q \\ \frac{q[p^n - q^n - ps(p^{n-1} - q^{n-1})]}{p^{n+1} - q^{n+1} - ps(p^n - q^n)} & \text{si } p \neq q \end{cases}$$

El caso subcrítico se presenta cuando $\frac{q}{p} < 1$ esto es si $p > \frac{1}{2}$. Haremos el cálculo de la función generadora \hat{f} en este caso y para esto reescribimos a la expresión anterior de la siguiente manera (se divide numerador y denominador entre q^{n+1})

$$\begin{aligned} &= \frac{\left(\frac{p}{q}\right)^n - \left(\frac{p}{q}\right)^n s + \frac{p}{q} s - 1}{\left(\frac{p}{q}\right)^{n+1} - \left(\frac{p}{q}\right)^{n+1} s + \frac{p}{q} s - 1} \\ &= \frac{\left(\frac{p}{q}\right)^n (1-s) + \frac{p}{q} s - 1}{\left(\frac{p}{q}\right)^{n+1} (1-s) + \frac{p}{q} s - 1} \end{aligned}$$

para facilitar la notación escribiremos $c := \frac{p}{q}$

$$f_n(s) = \frac{c^n(1-s) + cs - 1}{c^{n+1}(1-s) + cs - 1}$$

Así al evaluar en cero $f_n(0) = \frac{c^n - 1}{c^{n+1} - 1}$ y de acuerdo a (2.3)

$$\begin{aligned} \hat{f}_n(s) &= \frac{f_n(s) - f_n(0)}{1 - f_n(0)} = \frac{\frac{c^n(1-s) + cs - 1}{c^{n+1}(1-s) + cs - 1} - \frac{c^n - 1}{c^{n+1} - 1}}{1 - \frac{c^n - 1}{c^{n+1} - 1}} \\ &= \frac{(c^{n+1} - 1)[(c^{n+1} - 1)(c^n(1-s) + cs - 1) - (c^n - 1)(c^{n+1}(1-s) + cs - 1)]}{(c^{n+1} - 1)c^n(c-1)(c^{n+1}(1-s) + cs - 1)} \\ &= \frac{c^n s(c^2 + 1 - 2c)}{c^n [cs(c - c^{n+1} + c^n - 1) + c(c^{n+1} - c^n - 1) + 1]} \end{aligned}$$

y al factorizar se termina con

$$\hat{f}_n(s) = \frac{s(1-c)^2}{cs[c^n(1-c) - (1-c)] - c[c^n(1-c) + 1] + 1}$$

sabemos que si aplicamos límite cuando n tiende a infinito, se tiene la generadora \hat{f}

$$\hat{f}(s) = \lim_{n \rightarrow \infty} \left(\frac{s(1-c)^2}{cs[c^n(1-c) - (1-c)] - c(c^n(1-c) + 1) + 1} \right)$$

Por encontrarnos en el caso subcrítico $\lim_{n \rightarrow \infty} c^n = \lim_{n \rightarrow \infty} \left(\frac{p}{q}\right)^n = 0$, concluimos que

$$\hat{f}(s) = \frac{s(1-c)}{1-cs}$$

que es la función generadora de una distribución geométrica de parámetro $1-c = 1 - \frac{p}{q}$, de esta manera la distribución cuasiestacionaria \hat{r} esta dada por

$$\hat{r}_i = (1-c)(c)^{i-1} = \left(1 - \frac{p}{q}\right)\left(\frac{p}{q}\right)^{i-1} \text{ para } i \geq 1$$

2. Distribución fraccional lineal. Se elaboró en el capítulo 1 la generadora de probabilidades de esta distribución y la probabilidad de extinción. En esta sección obtendremos la función generadora para la n -ésima generación para después calcular el límite de Yaglom. De la generadora de probabilidades de esta distribución (ecuación (1.38)) se sigue que si $u \in [-1, 1]$

$$\begin{aligned} f(s) - f(u) &= 1 - \frac{1-b}{1-p} + \frac{sb}{1-ps} - 1 + \frac{1-b}{1-p} - \frac{ub}{1-up} \\ &= \frac{sb(1-up) - (ub)(1-sp)}{(1-sp)(1-up)} = \frac{b(s-u)}{(1-sp)(1-up)} \end{aligned}$$

de manera análoga si $v \in [-1, 1]$ $f(s) - f(v) = \frac{b(s-v)}{(1-sp)(1-vp)}$ y resultado de hacer el cociente

$$\frac{f(s) - f(u)}{f(s) - f(v)} = \frac{\frac{b(s-u)}{(1-sp)(1-up)}}{\frac{b(s-v)}{(1-sp)(1-vp)}} = \frac{(s-u)(1-vp)}{(s-v)(1-up)} \quad (2.8)$$

si recordamos que $\eta = \frac{1-b-p}{p(1-p)}$ es la probabilidad de extinción en este caso y tomamos $u = \eta$ y $v = 1$ se tiene para $\mu \neq 1$ en (2.8)

$$\begin{aligned} \frac{f(s) - \eta}{f(s) - 1} &= \frac{(s-\eta)(1-p)}{(s-1)(1-\eta p)} \quad (2.9) \\ \text{luego } \frac{1-p}{1-p\eta} &= \frac{f(s) - \eta}{f(s) - 1} \cdot \frac{s-1}{s-\eta} = \frac{f(s) - \eta}{s-\eta} \left(\frac{f(s) - 1}{s-1} \right)^{-1} \end{aligned}$$

al aplicar el límite cuando s tiende a 1 se tiene por la existencia del límite del producto

$$\frac{1-p}{1-p\eta} = \left(\lim_{s \rightarrow 1} \frac{f(s) - \eta}{s - \eta} \right) \left(\lim_{s \rightarrow 1} \frac{f(s) - 1}{s - 1} \right)^{-1} = 1 \cdot \frac{1}{\mu}$$

por lo que al sustituir en (2.9) $\frac{f(s)-\eta}{f(s)-1} = \frac{1-p}{\mu(1-p\eta)}$. Afirmamos que

$$\frac{f_n(s) - \eta}{f_n(s) - 1} = \frac{1}{\mu} \frac{1-p}{1-p\eta} \quad (2.10)$$

la cual probaremos por inducción, al suponer válido para n

$$\frac{f_{n+1}(s) - \eta}{f_{n+1}(s) - 1} = \frac{f_n(f(s)) - \eta}{f_n(f(s)) - s} = \frac{1}{\mu^n} \cdot \frac{f(s) - \eta}{f(s) - 1} = \frac{1}{\mu^{n+1}} \cdot \frac{s - \eta}{s - 1}$$

al despejar de (2.10) se obtiene

$$f_n(s) = \frac{\mu^n \eta (s-1) - (s-\eta)}{\mu^n (s-1) - (s-\eta)} \quad (2.11)$$

se puede manipular (2.11) para tener la expresión que se encuentra en [Har63]

$$\begin{aligned} f_n(s) &= \frac{\mu^n \eta (s-1) - (s-\eta)}{\mu^n (s-1) - (s-\eta)} = \frac{\eta - \frac{(s-\eta)}{\mu^n (s-1)}}{1 - \frac{(s-\eta)}{\mu^n (s-1)}} \\ &= \frac{1 - \frac{(s-\eta)}{\mu^n (s-1)} + \eta - 1}{1 - \frac{(s-\eta)}{\mu^n (s-1)}} = 1 - \frac{1-\eta}{1 - \frac{(s-\eta)}{\mu^n (s-1)}} \\ &= 1 - \frac{\mu^n (1-\eta)(s-1)}{s(\mu^n - 1) + \eta - \mu^n} = 1 + \frac{\mu^n (1-\eta)(s-1)}{\mu^n - \eta - s(\mu^n - 1)} \\ &= 1 + \frac{\mu^n - \eta}{\mu^n - \eta} \cdot \frac{\mu^n (1-\eta)(s-1)}{\mu^n - \eta - s(\mu^n - 1)} \\ &= 1 + \frac{\mu^n (1-\eta)}{\mu^n - \eta} \cdot \frac{(\mu^n - \eta)(s-1)}{\mu^n - \eta - s(\mu^n - 1)} \\ &= 1 + \frac{\mu^n (1-\eta)}{\mu^n - \eta} \cdot \frac{\mu^n (s-1) - \eta(s-1) + s - s}{\mu^n - \eta - s(\mu^n - 1)} \\ &= 1 + \frac{\mu^n (1-\eta)}{\mu^n - \eta} \cdot \frac{(1-\eta)s - (\mu^n - \mu^n s - \eta + s)}{\mu^n - \eta - s(\mu^n - 1)} \\ &= 1 + \frac{\frac{\mu^n s(1-\eta)^2}{\mu^n - \eta} - \mu^n (1-\eta) \frac{\mu^n - \mu^n s - \eta + s}{\mu^n - \eta}}{\mu^n - \eta - s(\mu^n - 1)} \end{aligned}$$

por lo tanto $f_n(s) = 1 - \frac{\mu^n (1-\eta)}{\mu^n - \eta} + \frac{\mu^n s \left(\frac{1-\eta}{\mu^n - \eta} \right)^2}{1 - s \frac{\mu^n - 1}{\mu^n - \eta}}$

Finalmente para calcular la distribución estacionaria sólo resta calcular

$$\begin{aligned} \hat{f}_n(s) &= \frac{f_n(s) - f_n(0)}{1 - f_n(s)} = \frac{1 - \frac{\mu^n (1-\eta)}{\mu^n - \eta} + \frac{\mu^n s \left(\frac{1-\eta}{\mu^n - \eta} \right)^2}{1 - s \frac{\mu^n - 1}{\mu^n - \eta}} - 1 + \frac{\mu^n (1-\eta)}{\mu^n - \eta}}{1 - \left(1 - \frac{\mu^n (1-\eta)}{\mu^n - \eta} \right)} \\ &= \frac{\frac{\mu^n s \left(\frac{1-\eta}{\mu^n - \eta} \right)^2}{1 - s \left(\frac{\mu^n - 1}{\mu^n - \eta} \right)}}{\frac{\mu^n (1-\eta)}{\mu^n - \eta}} = \frac{\mu^n s (\mu^n - \eta) \left(\frac{1-\eta}{\mu^n - \eta} \right)^2}{\mu^n (1-\eta) \left[1 - s \left(\frac{\mu^n - 1}{\mu^n - \eta} \right) \right]} = \frac{s \left(\frac{1-\eta}{\mu^n - \eta} \right)}{1 - s \left(\frac{\mu^n - 1}{\mu^n - \eta} \right)} \end{aligned}$$

al aplicar el límite cuando n crece y al estar en el caso subcrítico $\hat{f}(s) = \frac{s(1-\frac{1}{\eta})}{1-s\frac{1}{\eta}}$, que es la función generadora de una distribución geométrica con parámetro $\frac{\eta-1}{\eta}$, por lo tanto en el caso fraccional lineal

$$\hat{r}_i = \left(1 - \frac{1}{\eta}\right) \left(\frac{1}{\eta}\right)^{i-1} \quad \text{para } i \geq 1$$

2.2. Q-procesos

Para responder a la pregunta sobre la existencia de trayectorias que nunca lleguen al estado absorbente, que se traduce en calcular la probabilidad conforme k crece de

$$\mathbb{P}(X_n = \cdot | X_{n+k} > 0) \quad (2.12)$$

tomamos como referencias a [Mél09] y [Roe] donde se menciona que ésta probabilidad converge a una medida de probabilidad que de aquí en adelante denotaremos \mathbb{P}^\dagger en el sentido de las distribuciones finito dimensionales: si fijamos una j, n en los naturales el vector de probabilidad $(\mathbb{P}(X_n = 1 | X_{n+k} > 0), \dots, \mathbb{P}(X_n = j | X_{n+k} > 0))$ nos permite conocer como se comporta todo el proceso si k crece y este es igual en distribución al vector $(\mathbb{P}^\dagger(X_n = 1), \dots, \mathbb{P}^\dagger(X_n = j))$. A este nuevo proceso se conoce en la literatura como *Q-proceso* que definimos como sigue

Definición 2.6 *Sea $X := (X_n)_{n \geq 0}$ una cadena de Markov con espacio de estados sobre los enteros positivos, con el 0 como estado absorbente. El proceso condicionado a la no extinción en (2.12) converge cuando $k \rightarrow \infty$ a un límite \mathbb{P}^\dagger que llamaremos **Q-proceso** el cual es una medida de probabilidad definida como*

$$\mathbb{P}^\dagger(X_n = j) = \lim_{k \rightarrow \infty} \mathbb{P}(X_n = j | X_{n+k} > 0) \quad (2.13)$$

Otra forma de definir a este proceso lo encontramos en [Mél09], que utiliza la variable aleatoria del tiempo de extinción.

$$T_0 = \inf\{n > 0 : Z_n = 0\}$$

Así, la definición de un Q-proceso se puede estudiar como

$$\mathbb{P}^\dagger(X_n = j) = \lim_{k \rightarrow \infty} \mathbb{P}(X_n = j | T_0 > k) \quad (2.14)$$

Para la relación del Q-proceso con el BGW necesitaremos un lema² el cual está relacionado con la estimación que dió Kolmogorov (véase [Roe]) sobre el comportamiento asintótico de la población.³

²La referencia que tomamos para la demostración de este lema fue V.A. Vatutin. *Branching Processes and their Applications, Notas, 2005, Cf. <http://ismi.math.uni-frankfurt.de/vatutin/BranchingProcIndex.shtml>*

³Se utilizará la notación habitual de que una función real g es $o(h)$ si $\lim_{h \rightarrow 0} \frac{g(h)}{h} = 0$.

Lema 2.7 Sea $H(s) = \sum_{k=0}^{\infty} h_k s^k$ una generadora de probabilidades y $\delta \in (0, 1)$

entonces $\int_1^{\infty} (1 - H(1 - \delta)) dx < \infty$ si y sólo si $\sum_{k=1}^{\infty} h_k \log k < \infty$

Demostración. Sea $\delta = e^{-\alpha}$ con $\alpha > 0$, es claro que cumple con estar entre cero y uno. Entonces

$$\begin{aligned} \int_1^{\infty} (1 - H(1 - e^{-\alpha x})) dx &= \frac{1}{\alpha} \int_{1-\delta}^1 \frac{1 - H(y)}{1 - y} dy = \\ &= \frac{1}{\alpha} \left(\int_0^1 \frac{1 - H(y)}{1 - y} dy - \int_0^{1-\delta} \frac{1 - H(y)}{1 - y} dy \right) \end{aligned}$$

Luego

$$\int_0^{1-\delta} \frac{1 - H(y)}{1 - y} dy \leq \int_0^{1-\delta} \frac{dy}{1 - y} \leq \frac{1}{\delta} \int_0^{1-\delta} dy = \frac{1 - \delta}{\delta} < \infty$$

La primera igualdad surge del cambio de variable $y = 1 - \delta^x$. Si nos enfocamos en $\int_0^{1-\delta} \frac{1 - H(y)}{1 - y} dy$ al ser H no decreciente entonces se sigue que $H(y) \geq 0$ y $1 - H(y) \leq 1$. La penúltima desigualdad se obtiene de que la función $g(y) : [0, 1 - \delta] \rightarrow \mathbb{R}$ definida como $g(y) = \frac{1}{1-y}$ es no decreciente con $\frac{1}{\delta}$ como valor máximo en el intervalo $[0, 1 - \delta]$. Nos interesa saber bajo que condiciones $\int_0^1 \frac{1 - H(y)}{1 - y} dy < \infty$, para esto al integrando lo podemos ver como una nueva generadora de probabilidades y de esta forma tener una serie geométrica

$$\begin{aligned} \frac{1 - H(y)}{1 - y} &= \frac{\sum_{k=0}^{\infty} h_k - \sum_{k=0}^{\infty} y^k h_k}{1 - y} = \sum_{k=0}^{\infty} \frac{(1 - y^k) h_k}{1 - y} = \sum_{k=1}^{\infty} h_k \frac{1 - y^k}{1 - y} \\ &= \sum_{k=1}^{\infty} h_k \sum_{j=0}^{k-1} y^j \end{aligned}$$

finalmente al integrar con respecto a y , gracias al teorema de convergencia dominada debido a que los sumandos están acotados

$$\int_0^1 \frac{1 - H(y)}{1 - y} dy = \sum_{k=1}^{\infty} h_k \sum_{j=0}^{k-1} \left(\frac{y^{j+1}}{j+1} \right) \Big|_0^1 = \sum_{k=1}^{\infty} h_k \sum_{j=0}^{k-1} \frac{1}{j+1}$$

Si tomamos a $x \in [j+1, j+2]$, $\frac{1}{j+2} \leq \frac{1}{x} \leq \frac{1}{j+1}$ y al sumar sobre $j = 1, \dots, k$

$$= \sum_{j=1}^k \frac{1}{j+2} \leq \int_1^k \frac{1}{x} = \log k \leq \sum_{j=1}^k \frac{1}{j+1}$$

Así concluimos que concluimos que $\sum_{k=1}^{\infty} h_k \sum_{j=1}^k \frac{1}{j+1} \approx \sum_{k=1}^{\infty} h_k \log k$ lo cual prueba que la integral es finita si y sólo si $\sum_{k=1}^{\infty} h_k \log k < \infty$ \square

Corolario 2.8 *Bajo las hipótesis del Lema 2.7 $\sum_{n=0}^{\infty} [1 - H(1 - \delta^n)] < \infty$ si y sólo*

si $\sum_{k=1}^{\infty} h_k \log k < \infty$

Demostración. Tomemos $x \in [n, n+1]$, si $\delta \in (0, 1)$ esto implica que $\delta^{n+1} \leq \delta^x \leq \delta^n$ y como H es no decreciente para valores entre cero y uno es fácil ver que $1 - H(1 - \delta^{n+1}) \leq 1 - H(1 - \delta^x) \leq 1 - H(1 - \delta^n)$

al integrar sobre el intervalo $[n, n+1]$

$$1 - H(1 - \delta^{n+1}) \leq \int_n^{n+1} 1 - H(1 - \delta^x) dx \leq 1 - H(1 - \delta^n)$$

si ahora sumamos de $n = 1$ a infinito se tiene que

$$\begin{aligned} \sum_{n=1}^{\infty} (1 - H(1 - \delta^{n+1})) &\leq \sum_{n=1}^{\infty} \int_n^{n+1} [1 - H(1 - \delta^x)] dx \leq \sum_{n=1}^{\infty} (1 - H(1 - \delta^n)) \\ \sum_{n=1}^{\infty} (1 - H(1 - \delta^{n+1})) &\leq \int_1^{\infty} [1 - H(1 - \delta^x)] dx \leq \sum_{n=1}^{\infty} (1 - H(1 - \delta^n)) \end{aligned}$$

En consecuencia

$$\sum_{n=1}^{\infty} (1 - H(1 - \delta^n)) - \int_1^{\infty} 1 - H(1 - \delta^x) dx \leq \sum_{n=1}^{\infty} [1 - H(1 - \delta^n) - 1 + H(1 - \delta^{n+1})]$$

Ahora bien, por el Lema (2.7) sabemos que dicha integral es finita si y sólo si $\sum_{k=1}^{\infty} h_k \log k$ converge. Por lo que al asumir que se cumple dicha condición multiplicamos por (-1) la segunda desigualdad anterior y sumamos $\sum_{n=1}^{\infty} (1 - H(1 - \delta^n))$ en ambos lados de la desigualdad para obtener la tercera desigualdad. Observemos que el último término de la desigualdad al ser una suma telescópica es igual a $-H(1 - \delta) < 1 - H(1 - \delta)$. En consecuencia

$$0 \leq \sum_{n=1}^{\infty} [1 - H(1 - \delta^n)] < 1 - H(1 - \delta) + \int_1^{\infty} [1 - H(1 - \delta^x)] dx$$

por lo que $\sum_{n=1}^{\infty} [1 - H(1 - \delta^n)] < \infty$ si y sólo si $\sum_{k=1}^{\infty} h_k \log k < \infty$. Una vez establecida esta convergencia ya que sólo estamos sumando un término más la serie que inicia con $n = 0$ converge. Concluimos que $\sum_{n=0}^{\infty} [1 - H(1 - \delta^n)] < \infty$ \square

Para una sucesión de números reales se da la convergencia de un producto infinito si el límite existe y no es cero, trabajaremos con la siguiente proposición cuya demostración se puede consultar en [Bré91] pág. 422

Proposición 2.9 *Sea $\{a_n\}_{n \geq 1}$ una sucesión de números reales sobre el intervalo $[0, 1)$*

- *Si $\sum_{n=0}^{\infty} a_n < \infty$ entonces $\lim_{n \rightarrow \infty} \prod_{k=1}^n (1 - a_k) > 0$*
- *Si $\sum_{n=0}^{\infty} a_n = \infty$ entonces $\lim_{n \rightarrow \infty} \prod_{k=1}^n (1 - a_k) = 0$*

Teorema 2.10 *Sea $Z = (Z_n)_{n \geq 0}$ un proceso de BGW con media $\mu < 1$ y función generadora f_1 entonces son equivalentes*

1. *existe $c > 0$ tal que*

$$Q_n = \mathbb{P}(Z_n > 0) \sim c\mu^n(1 + o(1)) \quad (2.15)$$

- 2.

$$\mathbb{E}(X_1^1 \log^+ X_1^1) = \mathbb{E}(Z_1 \log^+ Z_1) = \sum_{j=1}^{\infty} p_j j \log j < \infty.^4$$

Demostración. Sea $H(s) = \frac{1-f_1(s)}{\mu(1-s)}$, donde f_1 es la generadora de probabilidades de Z_1 entonces

$$\begin{aligned} H(s) &= \frac{1-f(s)}{\mu(1-s)} = \frac{\sum_{j=0}^{\infty} r_j - \sum_{j=0}^{\infty} s^j r_j}{\mu(1-s)} \\ &= \frac{1}{\mu} \sum_{j=1}^{\infty} r_j \frac{1-s^j}{1-s} = \frac{1}{\mu} \sum_{j=1}^{\infty} r_j \sum_{k=0}^{j-1} s^k \\ &= \frac{1}{\mu} \sum_{k=0}^{\infty} s^k \sum_{j=k+1}^{\infty} r_j \end{aligned} \quad (2.16)$$

La última igualdad se debe al uso del teorema de Fubini. Si definimos a $h_k = \frac{\sum_{j=k+1}^{\infty} r_j}{\mu}$ se sigue que

$$0 \leq h_k = \frac{\sum_{j=k+1}^{\infty} r_j}{\mu} = \frac{\mathbb{P}(X_1^1 > k)}{\mathbb{E}(X_1^1)} = \frac{\mathbb{P}(X_1^1 > k)}{\sum_{k=0}^{\infty} \mathbb{P}(X_1^1 > k)} \leq 1 \quad (2.17)$$

En consecuencia $\sum_{k=0}^{\infty} h_k s^k \leq \sum_{k=0}^{\infty} s^k \leq 1$ para $s \in [0, 1]$. Es decir $H(s)$ es una función generadora de probabilidades. Además

$$1 - f_{n+1}(s) = \mu(1 - f_n(s)) \frac{1 - f_{n+1}(s)}{\mu(1 - f_n(s))} = \mu(1 - f_n(s)) H(f_n(s))$$

⁴Denotamos por $\log^+(x) = \max(0, \log(x))$

donde $f_n(s)$ es la generadora de probabilidades de Z_n . Al evaluar en $s = 0$, $1 - f_{n+1}(0) = \mu(1 - f_n(0))H(f_n(0))$, de esta forma al usar $Q_{n+1} := 1 - f_{n+1}(0)$ tenemos la siguiente expresión

$$Q_{n+1} = \mu Q_n H(f_n(0))$$

y al dividir entre μ^{n+1} y definir $c_n = \frac{Q_n}{\mu^n}$

$$\frac{Q_{n+1}}{\mu^{n+1}} = \frac{Q_n}{\mu^n} H(f_n(0)) \Rightarrow c_{n+1} = c_n H(f_n(0))$$

Así establecemos una relación recursiva. En consecuencia c_n se puede determinar como $c_n = \prod_{l=1}^{n-1} H(f_l(0))$. Lo que nos ocupa es determinar cuando $c := \lim_{n \rightarrow \infty} c_n$ existe, para esto si llamamos a $u_l = H(f_l(0))$. De acuerdo a la Definición 2.9 si

$$\sum_{l=1}^{\infty} v_l = \sum_{l=1}^{\infty} [1 - H(f_l(0))] < \infty \quad \text{entonces} \quad \prod_{l=1}^{\infty} (u_l) \quad \text{converge} \quad (2.18)$$

para todo subintervalo de $[-1, 1]$. Para esto acotamos el término $1 - f_l(0)$ para toda $l \in \{0, \dots, n-1\}$ como sigue

$$1 - f_l(0) = \mathbb{P}(Z_l > 0) \leq \mathbb{E}(Z_l) := \delta_l^l$$

por otro lado, apoyándonos en que el proceso es no degenerado $r_1 > 0$ por lo que

$$1 - f_l(0) = \mathbb{P}(Z_l > 0) \geq \mathbb{P}(Z_1 = 1, Z_2 = 1, \dots, Z_l = 1)$$

de donde si $Z_{k-1} = 1$ entonces $Z_k = \sum_{i=1}^{Z_{k-1}} X_i^k = X_1^k$ para $k = 1, 2, \dots, l$, se concluye que

$$\mathbb{P}(Z_1 = 1, Z_2 = 1, \dots, Z_l = 1) = \mathbb{P}\left(\prod_{i=1}^l X_1^i = 1\right) = \prod_{i=1}^l \mathbb{P}(X_1^i = 1) = (1 - f_1(0))^l := \delta_2^l$$

se sigue que $\delta_2 \leq 1 - f_l(0) \leq \delta_1$, y por la monotonía de $H(s)$

$$\sum_{l=0}^{\infty} [1 - H(1 - \delta_2^l)] \leq \sum_{l=0}^{\infty} [1 - H(f_l(0))] \leq \sum_{l=0}^{\infty} [1 - H(1 - \delta_1^l)]$$

de la cual para demostrar que la expresión de en medio converge basta demostrar que $\sum_{l=0}^{\infty} [1 - H(1 - \delta_1^l)] < \infty$. Deacuerdo al Colorario 2.8 esto sucede si y sólo si $\sum_{k=1}^{\infty} h_k \log k < \infty$, además

$$\begin{aligned} \sum_{k=1}^{\infty} h_k \log k &= \frac{1}{\mu} \sum_{k=1}^{\infty} \sum_{j=k+1}^{\infty} r_j \log k = \frac{1}{\mu} \sum_{j=1}^{\infty} r_j \sum_{k=1}^{j-1} \log k \\ &\leq \sum_{j=1}^{\infty} p_j j \log j < \infty \end{aligned}$$

en la primera igualdad se uso de la ecuación (2.17) y en la segunda se hizo un cambio en la suma. Debido a que $\sum_{k=1}^{j-1} \log k$ es una suma finita y la función logaritmo es no decreciente podemos acotar la suma por $j \log j$, finalmente se definió $p_j = \frac{r_j}{\mu}$ la cual es menor a uno ya que $\mu = \sum_{j=1}^{\infty} j \mathbb{P}(X_1^1 = j) = \sum_{j=1}^{\infty} j r_j$. Por lo que asegurar la convergencia de $\sum_{l=1}^{\infty} [1 - H(f_l(0))]$ se da si y sólo si $\sum_{j=1}^{\infty} p_j j \log j < \infty$. Se sigue que si $\sum_{j=1}^{\infty} p_j j \log j < \infty$, entonces por la ecuación (2.18) el producto $\prod_{l=1}^{\infty} (u_l)$ converge y nos lleva a afirmar que el límite de c existe. Por lo tanto existe una $c > 0$ tal que

$$c = \lim_{n \rightarrow \infty} \frac{Q_n}{m^n} = \lim_{n \rightarrow \infty} \frac{\mathbb{P}(Z_n > 0)}{\mu^n}$$

□

Las aproximaciones arrojadas de los lemas anteriores se emplearán en la demostración del siguiente teorema que asocia al Q-proceso con el BGW a través de la medida probabilidad \mathbb{P} pero asociada a una nueva cadena de Markov la cual se define como sigue

Teorema 2.11 *Sea $(Z_n)_{n \geq 0}$ un proceso de BGW subcrítico y no degenerado, con función generadora f_1 donde se cumple $\sum_{j=1}^{\infty} (j \log j) r_j < \infty$. Existe una cadena de Markov $Z^\uparrow := (Z_n^\uparrow)_{n \geq 0}$ homogénea con espacio de estados $E = \{1, 2, \dots\}$ y la matriz de transición de n pasos verifica*

$$(P_{i,j}^\uparrow)^{(n)} := \mathbb{P}(Z_n^\uparrow = j | Z_0^\uparrow = i) = \frac{j}{i \mu^n} P_{i,j}^n \quad (2.19)$$

Donde $P_{i,j}^{(n)}$ esta dada por (1.1)

Demostración.

$$\mathbb{P}(Z_n = j | Z_0 = i, Z_{n+k} > 0) = \frac{\mathbb{P}(Z_n = j, Z_0 = i, Z_{n+k} > 0)}{\mathbb{P}(Z_0 = i, Z_{n+k} > 0)}$$

por la regla de Bayes

$$= \frac{\mathbb{P}(Z_{n+k} > 0 | Z_n = j, Z_0 = i) \mathbb{P}(Z_n = j | Z_0 = i) \mathbb{P}(Z_0 = i)}{\mathbb{P}(Z_{n+k} > 0 | Z_0 = i) \mathbb{P}(Z_0 = i)}$$

por la Proposición 1.4

$$\mathbb{P}(Z_n = j | Z_{n+k} > 0) = \frac{\mathbb{P}(Z_k > 0 | Z_0 = j) \mathbb{P}(Z_n = j | Z_0 = i)}{1 - (f_{n+k}(0))^i} \quad (2.20)$$

de esta forma

$$\mathbb{P}(Z_n = j | Z_0 = i, Z_{n+k} > 0) = \frac{[1 - (f_k(0))^j] P_{i,j}^{(n)}}{1 - (f_{n+k}(0))^i}$$

Encontraremos una expresión para la expresión anterior y así justificar la existencia de su límite cuando k crece. A partir del Teorema 2.10 podemos encontrar una aproximación en función de k

$$\frac{1 - (f_k(0))^j}{1 - (f_{n+k}(0))^i} \approx \frac{1 - (1 - c\mu^k)^j}{1 - (1 - c\mu^{n+k})^i}$$

Notemos lo siguiente

$$(1 - c\mu^k)^j = \sum_{l=0}^j \binom{j}{l} (-1)^{j-l} (c\mu^k)^l = 1 - jc\mu^k + \sum_{l=2}^j \binom{j}{l} (-1)^{j-l} (c\mu^k)^l$$

como la media μ es menor a 1, la suma la podemos hacer arbitrariamente pequeña. Afirmamos que $(c\mu^k)^j$ es $o(h)$ para $j = 2, 3, \dots$ porque $\lim_{h \rightarrow 0} \frac{(ch^k)^j}{h} = c^j \lim_{h \rightarrow 0} h^{j(k-1)} = 0$ y como la suma de funciones $o(h)$ es también $o(h)$ se tiene que $(1 - c\mu^k)^j = 1 - jc\mu^k + o(h)$. De la misma manera $(1 - c\mu^{n+k})^i = 1 - ic\mu^{n+k} + o(h)$ por lo que

$$\frac{1 - (f_k(0))^j}{1 - (f_{n+k}(0))^i} = \frac{1 - (1 - jc\mu^k + o(h))}{1 - (1 - ic\mu^{n+k} + o(h))} = \frac{jc\mu^k + o(h)}{ic\mu^{n+k} + o(h)}$$

si aplicamos límite cuando h tiende a cero concluimos que

$$\frac{1 - (f_k(0))^j}{1 - (f_{n+k}(0))^i} = \frac{j}{i\mu^n}$$

Por lo tanto el Q-proceso existe y de hecho conocemos su valor que es

$$\begin{aligned} \lim_{k \rightarrow \infty} \mathbb{P}(Z_n = j | Z_0 = i, Z_{n+k} > 0) &:= \mathbb{P}(Z_n^\uparrow = j | Z_0^\uparrow = i) \\ &= P_{i,j}^{(n)} \lim_{k \rightarrow \infty} \frac{1 - (f_k(0))^j}{1 - (f_{n+k}(0))^i} \\ &= \frac{j}{im^n} P_{i,j}^{(n)} \end{aligned}$$

Por último nos queda demostrar que Z^\uparrow es una cadena de Markov

$$\mathbb{P}(Z_{n+l} = j | Z_l = i, \dots, Z_0 = i_0) = \frac{\mathbb{P}(Z_{n+l} = j, Z_l = i, \dots, Z_0 = i_0)}{\mathbb{P}(Z_l = i, \dots, Z_0 = i_0)}$$

Debido a que $\{Z_{n+l} > 0\} \subseteq \{Z_{n+l+k} > 0\}$

$$\begin{aligned} &= \frac{\mathbb{P}(Z_{n+l} = j, Z_l = i, \dots, Z_0 = i_0, Z_{n+l+k} > 0)}{\mathbb{P}(Z_l = i, \dots, Z_0 = i_0, Z_{n+l+k} > 0)} \quad \text{entonces} \\ \mathbb{P}(Z_{n+l} = j | Z_l = i, \dots, Z_0 = i_0) &= \mathbb{P}(Z_{n+l} = j | Z_l = i, \dots, Z_0 = i_0, Z_{n+l+k} > 0) \end{aligned}$$

de la regla de Bayes se sigue que

$$= \frac{\mathbb{P}(Z_{n+l+k} > 0 | Z_{n+l} = j, Z_l = i, \dots, Z_0 = i_0) \mathbb{P}(Z_{n+l} = j, Z_{n+k-1} = i, \dots, Z_0 = i_0)}{\mathbb{P}(Z_{n+l+k} > 0 | Z_l = i, \dots, Z_0 = i_0) \mathbb{P}(Z_l = i, \dots, Z_0 = i_0)}$$

como el BGW es una Cadena de Markov homogénea

$$\begin{aligned} &= \frac{\mathbb{P}(Z_{n+l+k} > 0 | Z_{n+l} = j) \mathbb{P}(Z_{n+l} = j | Z_l = i, \dots, Z_0 = i_0) \mathbb{P}(Z_l = i, \dots, Z_0 = i_0)}{\mathbb{P}(Z_{n+l+k} > 0 | Z_l = i) \mathbb{P}(Z_l = i, \dots, Z_0 = i_0)} \\ &= \frac{\mathbb{P}(Z_{n+k} > 0 | Z_n = i) \mathbb{P}(Z_n = j | Z_0 = i)}{\mathbb{P}(Z_{n+k} > 0 | Z_0 = i)} \end{aligned}$$

lo que al tener la misma expresión que en (2.20) concluimos a que

$$\mathbb{P}(Z_{n+l} = j | Z_l = i, \dots, Z_0 = i_0, Z_{n+l+k} > 0) = \frac{[1 - (f_k(0))^j] P_{i,j}^{(n)}}{1 - (f_{n+k}(0))^i}$$

para finalizar la proposición aplicamos límite cuando $k \rightarrow \infty$, entonces

$$\begin{aligned} \mathbb{P}(Z_{n+l}^\uparrow = j | Z_l^\uparrow = i, \dots, Z_0^\uparrow = i_0) &= \lim_{k \rightarrow \infty} \mathbb{P}(Z_{n+l} = j | Z_l = i, \dots, Z_0 = i_0) \\ &= \frac{j}{im^n} P_{i,j}^{(n)} \\ &= \mathbb{P}(Z_n^\uparrow = j | Z_0^\uparrow = i) \end{aligned}$$

De esta forma se tiene que el nuevo proceso que llamamos *Q-proceso* es una cadena de Markov \square

2.3. Relación entre las distribuciones cuasi-estacionarias, límite de Yaglom y Q-procesos

Una vez presentadas éstas leyes de probabilidad que se basan en la idea de condicionar a la supervivencia de la población bajo diferentes enfoques, nos interesa las relaciones que hay entre ellas. Lo primero que observamos es que si partimos de una distribución cuasi-estacionaria tenemos el límite de Yaglom (Observación 2.3). A su vez hemos hecho hincapié (Observación 2.5) que en el BGW subcrítico sucede

que el límite de Yaglom es a su vez la distribución cuasi-estacionaria asociada al proceso. Ahora bien la relación que existe entre el límite de Yaglom y el Q-proceso es la siguiente. Si tenemos al menos un individuo en la generación n nos garantiza que se da la contención $\{Z_n > 0\} \supseteq \{Z_{n+k} > 0\}$ y así $\mathbb{P}(Z_n > 0) \geq \mathbb{P}(Z_{n+k} > 0)$ de un simple cálculo obtenemos

$$\begin{aligned} \frac{\mathbb{P}(Z_n = j, Z_n > 0)}{\mathbb{P}(Z_{n+k} > 0)} &\geq \frac{\mathbb{P}(Z_n = j, Z_n > 0)}{\mathbb{P}(Z_n > 0)} \\ \frac{\mathbb{P}(\{Z_n = j, Z_n > 0\}, Z_{n+k} > 0)}{\mathbb{P}(Z_{n+k} > 0)} &\geq \mathbb{P}(Z_n = j | Z_n > 0) \\ \frac{\mathbb{P}(Z_n = j, Z_{n+k} > 0)}{\mathbb{P}(Z_{n+k} > 0)} &\geq \mathbb{P}(Z_n = j | Z_n > 0) \end{aligned}$$

así

$$\mathbb{P}(Z_n = j | Z_{n+k} > 0) \geq \mathbb{P}(Z_n = j | Z_n > 0) \quad (2.21)$$

Bajo una hipótesis adicional, establecemos la siguiente proposición

Proposición 2.12 *Sea $(Z_n)_{n \geq 0}$ un BGW subcrítico y no degenerado donde se cumple que $\sum_{j=1}^{\infty} j \log jr_j < \infty$. Si existe el límite de Yaglom \hat{r} y el Q- proceso converge en distribución⁵ a una variable aleatoria Z_{∞}^{\uparrow} entonces*

$$\mathbb{P}(Z_{\infty}^{\uparrow} = j) \geq \hat{r}_j$$

Demostración. Al ser válida (2.21) para toda $n, k, j \in \mathbb{N}$, entonces si k crece

$$\begin{aligned} \lim_{k \rightarrow \infty} \mathbb{P}(Z_n = j | Z_{n+k} > 0) &\geq \lim_{k \rightarrow \infty} \mathbb{P}(Z_n = j | Z_n > 0) = \mathbb{P}(Z_n = j | Z_n > 0) \\ \mathbb{P}(Z_n^{\uparrow} = j) &\geq \mathbb{P}(Z_n = j | Z_n > 0) \end{aligned}$$

debido a que el Q-proceso existe. Si ahora hacemos crecer n obtenemos

$$\begin{aligned} \lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{P}(Z^{\uparrow} = j) &\geq \lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{P}(Z_n = j | Z_n > 0) \\ \mathbb{P}(Z_{\infty}^{\uparrow} = j) &\geq \hat{r}_j \end{aligned}$$

La cuarta igualdad usamos que el Q-proceso converge en distribución y que el límite de Yaglom existe.

Demostramos que $\lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{P}(Z_n^{\uparrow} = j) \geq \lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{P}(Z_n = j | Z_n > 0)$ ⁶ \square

De esta relación se tiene que el Q- proceso posee un límite de Yaglom y del Teorema 2.4 dicho límite será cuasi-estacionario.

⁵Una sucesión de variables aleatorias X_1, \dots, X_n, \dots converge en distribución a una variable aleatoria X si $\lim_{n \rightarrow \infty} F_{X_n}(x) = F_X(x)$ para todos los puntos donde $F_X(x)$ es continua

⁶El lector interesado en la convergencia en distribución del Q-proceso puede consultar Lambert, A. (2008) *Population Dynamics and Random Genealogies. Stoch. Models 24 45–163.*

Proposición 2.13 *Si $(Z_n)_{n \geq 1}$ es una Cadena de Markov subcrítico y no degenerado con función generadora de probabilidades f_1 y $\sum_{j=1}^{\infty} j \log j < \infty$. Existe una distribución estacionaria $(r^*) = (r_i^*)_{i \geq 1}$ para el Q-proceso $(Z^\dagger)_{n \geq 1}$ igual a la distribución de Yaglom sesgada, esto es*

$$r_j^* = cj\hat{r}_j \quad (2.22)$$

Demostración. Sea $j \geq 1$, la probabilidad condicional de tener j individuos en el tiempo n dada la no extinción del proceso se puede expresar en términos de la matriz de transición (1.1)

$$\begin{aligned} \mathbb{P}(Z_n = j | Z_n > 0) &= \frac{\mathbb{P}(Z_n = j, Z_n > 0)}{\mathbb{P}(Z_n > 0)} = \frac{\mathbb{P}(Z_n = j)}{1 - \mathbb{P}(Z_n = 0)} = \frac{\mathbb{P}(Z_n = j | Z_0 = 1)}{1 - f_n(0)} \\ &= \frac{(P_{1,j})^n}{1 - f_n(0)} \end{aligned} \quad (2.23)$$

la tercera igualdad hace uso de que empezamos el proceso con un individuo entonces $\mathbb{P}(Z_0 = 1) = 1$. Al aplicar límite conforme n crece tenemos

$$\begin{aligned} \hat{r}_i &= \lim_{n \rightarrow \infty} \frac{(P_{1,j})^n}{1 - f_n(0)} = \frac{(P_{1,j})^n}{1 - (1 - c\mu^n)} = \frac{1}{c} \lim_{n \rightarrow \infty} \frac{(P_{1,j})^n}{\mu^n} \\ \hat{r}_i c &= \lim_{n \rightarrow \infty} \frac{(P_{1,j})^n}{\mu^n} \end{aligned} \quad (2.24)$$

La segunda igualdad hace uso de la aproximación de la supervivencia dada en el Teorema 2.10. Si usamos la ecuación (2.19) cuando $i = 1$ se sigue que

$$\begin{aligned} \lim_{n \rightarrow \infty} (P_{1,j}^\dagger)^{(n)} &= \lim_{n \rightarrow \infty} \frac{j}{i\mu^n} P_{1,j}^n \\ &= cj\hat{r}_i \end{aligned} \quad (2.25)$$

La última ecuación fue resultado de la ecuacion (2.24) \square

CAPÍTULO 3

Proceso de Bienaymé-Galton-Watson Sexual

Uno de los supuestos que nos permitió construir el BGW fue que la progenie de los individuos fuera indistinguible, por lo que seres como células y bacterias son apropiados para las aplicaciones. Esto nos sugiere que en la población no hay cambios ya sea en el fenotipo o genotipo conforme se desarrollan las generaciones. Así concluimos que la reproducción se da de manera asexual.

Nuestro propósito en éste Capítulo es extender el modelo de reproducción a más especies. Una forma sería incorporar el sexo de los individuos, y conservar en cuanto sea posible las ideas que originaron el BGW. La primera propuesta la encontramos en [DHT86] el cual argumenta que en ciertas especies podemos estudiar sólo a las hembras. Pero es inevitable pensar que habrá cambios en el genotipo de los descendientes que nos llevaría a realizar nuevos supuestos alejados del BGW original, por lo que no sería viable desarrollar esta idea.

Es por esto que crearemos un nuevo proceso para poder incorporar el sexo y la manera en que se agrupan al reproducirse nuestros individuos de estudio, para esto nos basaremos en [DHT86], [AR96] y [Bar06] donde se describe el proceso que nombraremos *Proceso de Bienaymé-Galton-Watson Sexual* (BGWS)¹. Para la reproducción sexual se requiere que los individuos se agrupen en parejas; es por esto que en vez de contar al número de individuos en una generación ahora nos enfocaremos en el *número de parejas* que están presentes al tiempo n que denotaremos como Z_n .

¹ Este proceso aparece por primera vez en un artículo de Daley, D.J.: Extinction conditions for certain bisexual Galton-Watson branching processes. *Wahrscheinlichkeitstheorie* 9, 315–322 (1968)

3.1. Descripción del Modelo

El proceso inicia en el tiempo 0 con Z_0 parejas las cuales están formadas por un número aleatorio de individuos que se distinguen por su sexo, esto es la i -ésima pareja consta de (ξ_i^0, η_i^0) vástagos en la cual ξ_i^0 es el número de hembras de la i -ésima pareja de la generación 0 y η_i^0 será el número de machos correspondiente. Cada una de las parejas que forman la generación Z_0 se reproducen (si lo hacen) y mueren en una unidad de tiempo. Se modela la reproducción y el apareamiento de manera recursiva como sigue: definimos a F_1 y M_1 al número de hembras y machos que hay en toda la población al tiempo uno, expresaremos dicha cantidad a través de un vector de probabilidad bivariado

$$(F_1, M_1) = \sum_{i=1}^{Z_0} (\xi_i^0, \eta_i^0)$$

Así para la generación $n + 1$ el número de hembras y machos estará dado por

$$(F_{n+1}, M_{n+1}) = \sum_{i=1}^{Z_n} (\xi_i^n, \eta_i^n) \quad (3.1)$$

Supondremos que las variables aleatorias $(\xi_i^n, \eta_i^n)_{i,n=0}^\infty$ son independientes e idénticamente distribuidas, las cuales nos indican el número de hembras y machos de la i -ésima pareja de la generación n . Con esto queremos decir que la progenie de cada pareja es indistinguible de otra y que no se interfiere en su reproducción debido a su independencia. Finalmente la formación de las parejas para la generación $n + 1$ será

$$Z_{n+1} = \zeta(F_{n+1}, M_{n+1}) = \zeta\left(\sum_{i=1}^{Z_n} (\xi_i^n, \eta_i^n)\right) \quad (3.2)$$

donde $\zeta(x, y)$ se conoce en la literatura como *función de apareamiento* y que definimos como sigue

Definición 3.1 *La función de apareamiento $\zeta(\cdot, \cdot) : [0, \infty) \times [0, \infty) \rightarrow [0, \infty)$ es una función determinista que toma valores en los naturales para argumentos naturales y con la cual se establece el número de parejas que se tendrán con x hembras y y machos.*

3.1.1. Propiedades de la función ζ

De acuerdo a [AR96] y [DHT86] las funciones de apareamiento ζ que se acercan más a la realidad son las que cumplen las siguientes propiedades:

1. Si x o y son cero entonces $\zeta(x, y) = 0$ ya que necesitamos de ambos sexos para el apareamiento.
2. $\zeta(x, y) \leq xy$ la cual nos asegura que la cantidad de parejas que se obtengan con ζ no será mayor a todas las parejas posibles.

3. Es necesario que cumpla la condición de *superaditividad*: si $x, x', y, y' \in [0, \infty)$ entonces

$$\zeta(x + x', y + y') \geq \zeta(x, y) + \zeta(x', y') \quad (3.3)$$

la interpretación de la última propiedad es que si la población la dividimos en 2 subgrupos ($\{x, y\}$ y $\{x', y'\}$) y éstos se aparean, el número de parejas resultantes no puede ser mayor a la cantidad de parejas de la población original.² Con las propiedades mencionadas afirmamos que ζ es una función no negativa

$$\zeta(x, y) \geq \zeta(x, 0) + \zeta(0, y) = 0$$

y que es monótona en cada entrada: si $x \geq x'$ entonces

$$\zeta(x, y) = \zeta(x - x' + x', y) \geq \zeta(x - x', y) + \zeta(x', y) \geq \zeta(x', y)$$

Análogamente $\zeta(x, y) \geq \zeta(x, y')$ si $y \geq y'$

Ejemplos

Las funciones de apareamiento más usadas son:

- $\zeta(x, y) = \text{mín}(x, y)$ para $x, y \geq 0$

se relaciona con el apareamiento monógamo ya que garantizamos que cada macho tendrá una sola hembra. Es claro que se cumplen las propiedades (1) y (2), por lo que si $x, x', y, y' \in [0, \infty)$ se sigue de las propiedades del mínimo que:

$$\begin{aligned} \zeta(x + x', y + y') &= \text{mín}(x + x', y + y') \geq \text{mín}(x, y + y') + \text{mín}(x', y + y') \\ &\geq \text{mín}(x, y) + \text{mín}(x, y') + \text{mín}(x', y) + \text{mín}(x', y') \\ &\geq \zeta(x, y) + \zeta(x', y') \end{aligned}$$

- $\zeta(x, y) = \text{mín}(x, dy)$. Al aumentar d -veces el número de machos entonces cada uno de ellos se puede aparear a lo más con d hembras. Esta función está asociada a la poligamia. Ilustraremos numericamente el uso de esta función: supongamos que en la generación 3 hay en la población 5 hembras y 4 machos; al tomar $d = 2$ implica que en la generación 4 habrá $\zeta(5, 4) = \text{mín}(5, 4(2)) = 5$ parejas.
- $\zeta(x, y) = x \text{mín}(1, y)$ es la función asociada a la promiscuidad ya que se necesita al menos un macho para generar a todas las parejas de determinada generación. Este ejemplo será de gran importancia ya que estudiaremos a detalle su probabilidad de extinción al final del capítulo.
- $\zeta(x, y) = x$. Con esta función confirmamos que el proceso de BGW lo podemos conseguir a través del BGWS.

²El lector interesado del porqué esta condición puede consultar el artículo de David M. Hull *A necessary condition for extinction in those bisexual Galton-Watson branching processes with superadditive mating functions* J. Appl. Probab. **19** 847-850

Para los anteriores ejemplos es sencillo comprobar las propiedades (1), (2) y (3). Una vez tratados los pormenores del BGWS veremos las propiedades que posee. La primera de ellas es que cumple la condición de Markov:

Proposición 3.2 *El BGWS $(Z_n)_{n \geq 0}$ es una Cadena de Markov.*

Demostración. Dados $i, j, i_0, \dots, i_{n-1} \in \mathbb{N}$ al calcular la probabilidad condicional

$$\begin{aligned} & \mathbb{P}(Z_{n+1} = j | Z_n = i, \dots, Z_0 = i_0) \\ &= \mathbb{P}\left(\zeta\left(\sum_{k=1}^{Z_n} \xi_k^n, \sum_{k=1}^{Z_n} \eta_k^n\right) = j \mid Z_n = i, \dots, Z_0 = i_0\right) \\ &= \mathbb{P}\left(\zeta\left(\sum_{k=1}^i \xi_k^n, \sum_{k=1}^i \eta_k^n\right) = j \mid Z_n = i, \dots, Z_0 = i_0\right) \\ &= \frac{\mathbb{P}\left(\zeta\left(\sum_{k=1}^i \xi_k^n, \sum_{k=1}^i \eta_k^n\right) = j, Z_n = i, \dots, Z_0 = i_0\right)}{\mathbb{P}(Z_n = i, \dots, Z_0 = i_0)} \end{aligned}$$

al estar Z_l en términos del número de parejas (ξ_k^l, η_k^l) las cuales son independientes en cualquier generación l aún cuando se aplique la función ζ

$$\frac{\mathbb{P}\left(\zeta\left(\sum_{k=1}^i \xi_k^n, \sum_{k=1}^i \eta_k^n\right) = j\right) \mathbb{P}(Z_n = i, \dots, Z_0 = i_0)}{\mathbb{P}(Z_n = i, \dots, Z_0 = i_0)}$$

se sigue que

$$\mathbb{P}(Z_{n+1} = j | Z_n = i, \dots, Z_0 = i_0) = \mathbb{P}\left(\zeta\left(\sum_{k=1}^i \xi_k^n, \sum_{k=1}^i \eta_k^n\right) = j\right)$$

$$\therefore \mathbb{P}(Z_{n+1} = j | Z_n = i, \dots, Z_0 = i_0) = \mathbb{P}(Z_{n+1} = j | Z_n = i) \quad \square$$

Esta Cadena de Markov es homogénea:

$$\begin{aligned} \mathbb{P}(Z_{n+1} = j | Z_n = i) &= \mathbb{P}\left(\zeta\left(\sum_{k=1}^{Z_n} (\xi_k^n, \eta_k^n)\right) = j \mid Z_n = i\right) \\ \frac{\mathbb{P}\left(\zeta\left(\sum_{k=1}^i (\xi_k^n, \eta_k^n)\right) = j, Z_n = i\right)}{\mathbb{P}(Z_n = i)} &= \frac{\mathbb{P}\left(\zeta\left(\sum_{k=1}^i (\xi_k^n, \eta_k^n)\right) = j\right) \mathbb{P}(Z_n = i)}{\mathbb{P}(Z_n = i)} \end{aligned}$$

al tener el vector bivariado de los hijos la misma distribución para cualquier generación entonces lo anterior es igual a

$$= \mathbb{P}\left(\zeta\left(\sum_{k=1}^i (\xi_k^0, \eta_k^0)\right) = j\right) = \frac{\mathbb{P}\left(\zeta\left(\sum_{k=1}^i (\xi_k^0, \eta_k^0)\right) = j\right) \mathbb{P}(Z_0 = i)}{\mathbb{P}(Z_0 = i)}$$

para concluir, utilizamos la independencia del número de parejas en el tiempo uno con respecto al número de parejas de la generación anterior tal como lo hicimos previamente

$$\therefore \mathbb{P}(Z_{n+1} = j | Z_n = i) = \mathbb{P}(Z_1 = j | Z_0 = i)$$

Observación 3.3 *El cero es un estado absorbente. Si $Z_n = 0$, $n \in \mathbb{N}$ entonces para la siguiente generación*

$$\mathbb{P}(Z_{n+1} = 0 | Z_n = 0) = \mathbb{P}\left(\zeta\left(\sum_{i=1}^{Z_n} (\xi_i^n, \eta_i^n)\right) = 0 | Z_n = 0\right) = 1 \quad (3.4)$$

y así para cualquier $m > n$ $\mathbb{P}(Z_m = 0 | Z_n = 0) = 1$

3.1.2. Propiedades de Monotonía y Subprocesos del BGWS

En esta sección haremos uso de la siguiente definición dada por Daley ³:

Definición 3.4 *Sea $\{X_n\}_{n \geq 0}$ una Cadena de Markov con espacios de estados E . Decimos que X_n es estocásticamente monótona si la probabilidad de transición a un paso cumple que para todos $x, y \in E$ es no-creciente en x para una y fija esto es*

$$\mathbb{P}(X_{n+1} \leq y | X_n = x) \geq \mathbb{P}(X_{n+1} \leq y | X_n = x + 1) \quad (3.5)$$

Afirmación 3.5 *Es fácil ver que el BGWS cumple (3.5) si $k, j \in \mathbb{N}$:*

$$\begin{aligned} \mathbb{P}(Z_1 \leq k | Z_0 = j) &= \mathbb{P}\left(\zeta\left(\sum_{i=1}^{Z_0} \xi_i^0, \sum_{i=1}^{Z_0} \eta_i^0\right) \leq k | Z_0 = j\right) \\ &= \frac{\mathbb{P}\left(\zeta\left(\sum_{i=1}^j \xi_i^0, \sum_{i=1}^j \eta_i^0\right) \leq k, Z_0 = j\right)}{\mathbb{P}(Z_0 = j)} \end{aligned}$$

Debido a la independencia de los pares $(\xi_i^0, \eta_i^0)_{i=1}^j$ de Z_0

$$\frac{\mathbb{P}\left(\zeta\left(\sum_{i=1}^j \xi_i^0, \sum_{i=1}^j \eta_i^0\right) \leq k\right) \mathbb{P}(Z_0 = j)}{\mathbb{P}(Z_0 = j)} = \mathbb{P}\left(\zeta\left(\sum_{i=1}^j \xi_i^0, \sum_{i=1}^j \eta_i^0\right) \leq k\right)$$

Ahora consideramos que al ser las variables $(\xi_i^0, \eta_i^0)_{i=1}^{j+1}$ no negativas y ζ monótona

$\zeta\left(\sum_{i=1}^j \xi_i^0, \sum_{i=1}^j \eta_i^0\right) \leq \zeta\left(\sum_{i=1}^{j+1} \xi_i^0, \sum_{i=1}^{j+1} \eta_i^0\right)$ c.s. Lo anterior implica que

$$\mathbb{P}\left(\zeta\left(\sum_{i=1}^j \xi_i^0, \sum_{i=1}^j \eta_i^0\right) \leq k\right) \leq \frac{\mathbb{P}\left(\zeta\left(\sum_{i=1}^{j+1} \xi_i^0, \sum_{i=1}^{j+1} \eta_i^0\right) \leq k\right) \mathbb{P}(Z_0 = j + 1)}{\mathbb{P}(Z_0 = j + 1)}$$

y al aplicar nuevamente argumentos de independencia

$$\mathbb{P}(Z_1 \leq k | Z_0 = j) \geq \mathbb{P}(Z_1 \leq k | Z_0 = j + 1)$$

³Daley, D.J. Stochastically Monotone Markov Chains. Z. Wahrscheinlichkeitstheorie verw. Geb., 10,305–317, (1968)

Así que la probabilidad de que la población sea menor de k parejas forma una sucesión decreciente en función de la población inicial. Esta condición es válida para cualquier $n \in \mathbb{N}$ ya que (ξ_i^0, η_i^0) tiene la misma distribución para toda $i, n \in \mathbb{N}$ (que es lo mismo que decir que la cadena es homogénea) y si realizamos el mismo cálculo que en la proposición (3.2) se cumple para la generación n que

$$\mathbb{P}(Z_n \leq k | Z_0 = j) \geq \mathbb{P}(Z_n \leq k | Z_0 = j + 1)$$

Sean $(Z'_n)_{n \geq 0}$ y $(Z''_n)_{n \geq 0}$ dos procesos de BGWS con la misma función de apareamiento ζ y vector bivariado $(\xi_i^n, \eta_i^n)_{i,n=0}^\infty$ pero que difieren en la población inicial digamos $Z'_0 = i + 1$ y $Z''_0 = i$; así Z''_0 es un subproceso de Z'_0 y

$$\mathbb{P}(Z'_0 \leq j) \leq \mathbb{P}(Z''_0 \leq j)$$

Entonces Z'_0 es estocásticamente menor que Z''_0 (denotado como $Z'_0 \leq^d Z''_0$), fácilmente al aplicar la propiedad (3.5) se tiene que $Z'_n \leq^d Z''_n$:

$$\mathbb{P}(Z'_n \leq j) = \mathbb{P}(Z'_n \leq j | Z'_0 = i + 1) \mathbb{P}(Z'_0 = i + 1)$$

porque al iniciar $(Z'_n)_{n \geq 0}$ con $i + 1$ parejas $\mathbb{P}(Z'_0 = i + 1) = 1$. De igual manera $\mathbb{P}(Z''_0 = i) = 1$, finalmente

$$\begin{aligned} \mathbb{P}(Z'_n \leq j) &= \mathbb{P}(Z'_n \leq j | Z'_0 = i + 1) \mathbb{P}(Z'_0 = i + 1) \\ &\leq \mathbb{P}(Z''_n \leq j | Z''_0 = i) \mathbb{P}(Z''_0 = i) = \mathbb{P}(Z''_n \leq j) \end{aligned}$$

Por lo que queda demostrado que $Z'_n \leq^d Z''_n$. También se puede obtener esta relación intuitivamente al asumir que si $(Z'_n)_{n \geq 0}$ tiene más parejas en un inicio hay una mayor probabilidad de que se incremente el número de parejas para la siguiente generación. Veremos la relevancia de estos conceptos en el Teorema (refsexextin)

3.2. Ley de Reproducción

En lo que refiere a la ley de reproducción o ramificación usaremos la notación

$$\mathbb{P}((\xi_l^n, \eta_l^n) = (i, j)) = r_{i,j} \quad (3.6)$$

para referirnos a la probabilidad de que una pareja tenga i hembras y j machos. Para que sea una probabilidad como tal deberá cumplir que $r_{i,j} \geq 0$, para toda i, j y $\sum_{i,j \geq 0} r_{i,j} = 1$. Asumiremos que la distribución de los descendientes y la función ζ son no degeneradas

$$0 < \mathbb{P}(Z_{n+1} = j | Z_n = j) < 1 \quad j = 1, 2, \dots \forall n, l \in \mathbb{N} \quad (3.7)$$

Esto nos indica que hay probabilidad positiva de que los integrantes de la generación $n + 1$ no formen alguna pareja con lo que el tamaño de la población permanece constante. Con frecuencia se han dado las siguientes distribuciones a la ley r :

1. $r_{ij} = r_i^F r_j^M$. El cual supone independencia entre machos y hembras; por lo que el vector bivariado tiene entradas independientes:

$$\mathbb{P}((\xi_k^n, \eta_k^n) = (i, j)) = \mathbb{P}(\xi_k^n = i)\mathbb{P}(\eta_k^n = j) = r_i^F r_j^M$$

2. BINOMIAL MODIFICADA $r_{ij} = \binom{i+j}{i} \alpha^i (1-\alpha)^j \bar{r}_{i+j}$. Aquí \bar{r}_{i+j} indica la probabilidad de que los descendientes sumen $i+j$ individuos, al condicionar sobre el número total de descendientes el sexo de los individuos se determina como si “lanzaramos volados independientes” esto es, habrá i hembras con probabilidad α^i y con probabilidad $(1-\alpha)^j$ serán machos. Por lo que es una forma de distribución binomial modificada. Esta ley es más común en los mamíferos y de hecho en los humanos el valor de $\alpha = \frac{1}{2}$. Por otra parte el primer ejemplo que supone independencia entre hembras y machos esta relacionado con cualquier distribución que cumpla esa condición aunque comunmente se eligen distribuciones geométrica, Poisson, etc. . . .

3.3. Media de la Reproducción

Al igual que en el BGW la media de reproducción será la herramienta para establecer la probabilidad de extinción, se define como:

Definición 3.6 Para un proceso BGWS $(Z_n)_{n \geq 0}$ la media de reproducción la definimos para toda $j > 0$

$$m_j = \frac{\mathbb{E}(Z_1 | Z_0 = j)}{j} \quad (3.8)$$

Cuando $j = 1$ usaremos simplemente m . Ilustraremos este concepto a través de los siguientes

3.3.1. Ejemplos

1. Consideremos una población pequeña de cisnes los cuales se conoce que tienen un comportamiento monógamo. Podemos usar la función de apareamiento $\zeta(x, y) = \min(x, y)$, imaginemos que cada pareja tiene oportunidad de no tener hijos con probabilidad $1 - q$ y tener 3 hijos con probabilidad q . Si la pareja de cisnes tiene hijos, las hembras se distribuirán como una variable aleatoria $Bin(3, p)$ con $p = \frac{1}{2}$. De esta forma para $j \geq 1$

$$\mathbb{E}(Z_1 | Z_0 = j) = \mathbb{E}(\zeta(F_1, M_1) | Z_0 = j) = \sum_{k=1}^{\infty} \mathbb{P}(\zeta(F_1, M_1) \geq k | Z_0 = j)$$

donde usamos que si X es una v.a. positiva $\mathbb{E}(X) = \sum_{k=1}^{\infty} \mathbb{P}(X \geq k)$, y al tener cada hembra 3 cisnes el número de parejas que se pueden formar se triplica

$$\begin{aligned} \sum_{k=1}^{3j} \mathbb{P}(\min(\sum_{i=1}^j \xi_i^0, \sum_{i=1}^j \eta_i^0) \geq k | Z_0 = j) &= \sum_{k=1}^{3j} \frac{\mathbb{P}(\min(\sum_{i=1}^j \xi_i^0, \sum_{i=1}^j \eta_i^0) \geq k, Z_0 = j)}{\mathbb{P}(Z_0 = j)} \\ &= \sum_{k=1}^{3j} \mathbb{P}(\min(\sum_{i=1}^j \xi_i^0, \sum_{i=1}^j \eta_i^0) \geq k) \end{aligned}$$

esto por la independencia de los vástagos de la generación 1 con las parejas al tiempo cero. Si usamos que para cualesquiera $x, y \in \mathbb{R}^+$ $\min(x, y) \geq k \implies x, y \geq k$

$$\sum_{k=1}^{3j} \mathbb{P}\left(\sum_{i=1}^j \xi_i^0 \geq k, \sum_{i=1}^j \eta_i^0 \geq k\right) = \sum_{k=1}^{3j} \sum_{l=k}^j \sum_{m=k}^j \mathbb{P}(\sum_{i=1}^j \xi_i^0 = l, \sum_{i=1}^j \eta_i^0 = m)$$

si utilizamos la notación $r_{lm} = \mathbb{P}((\xi_i^0, \eta_i^0) = (l, m))$ al ser las variables ξ_i^0, η_i^0 v.a.i.i.d para $i = 1, \dots, k$ lo anterior lo podemos sustituir por

$$= \sum_{k=1}^{3j} \sum_{l=k}^j \sum_{m=k}^j r_{lm}^*(j)$$

donde $r_{lm}^*(j)$ es la j -ésima convolución de las variables ξ_i^0, η_i^0 , esto es

$$r_{lm}^*(j) = \sum_{\substack{u_1 + \dots + u_j = l \\ v_1 + \dots + v_j = m}} \prod_{p=1}^j r_{u_p, v_p} = \sum_{\substack{u_1 + \dots + u_j = l \\ v_1 + \dots + v_j = m}} \prod_{p=1}^j \binom{u_p + v_p}{u_p} \left(\frac{1}{2}\right)^{u_p + v_p} \bar{r}_{u_p + v_p}$$

ya que de acuerdo al planteamiento del ejemplo se trata de una binomial modificada la cual sólo asigna valores positivos a \bar{r}_0 y \bar{r}_3 que son $1 - q$ y q respectivamente

2. Es fácil verificar que la función dada por:

$$\zeta(x, y) = \begin{cases} x + y - 1 & \text{si } x > 0 \text{ y } y > 0 \\ 0 & \text{en otro caso} \end{cases} \quad (3.9)$$

es de apareamiento. Si x o y son cero entonces $\zeta(x, y) = 0$ por definición, además esta función esta acotada por xy , por lo que resta ver la propiedad de superaditividad:

$$\begin{aligned} \zeta(x + x', y + y') &= (x + x' + y + y' - 1)1_{\{x+x' > 0, y+y' > 0\}} \\ &\geq (x + y - 1)1_{\{x+x' > 0, y+y' > 0\}} + (x' + y' - 1)1_{\{x+x' > 0, y+y' > 0\}} \end{aligned}$$

la superaditividad se concluye de observar que $\{x, y \in \mathbb{R} : x + y > 0\} \supseteq \{x, y \in \mathbb{R} : x \text{ ó } y > 0\}$ y de hecho se cumple la otra contención ya que para que la suma de dos números reales sea positiva al menos uno tiene que ser positivo, entonces $\{x, y \in \mathbb{R} : x + y > 0\} = \{x, y \in \mathbb{R} : x \text{ ó } y > 0\}$ y así

$$\begin{aligned} \zeta(x + x', y + y') &= (x + y - 1)1_{\{x>0\} \cup \{x'>0\} \cap (\{y>0\} \cup \{y'>0\})} \\ &\quad + (x' + y' - 1)1_{\{x>0\} \cup \{x'>0\} \cap (\{y>0\} \cup \{y'>0\})} \end{aligned}$$

por la propiedad de distributividad

$$\begin{aligned} &= (x + y - 1)1_{\{x>0, y>0\} \cup \{x>0, y'>0\} \cup (\{x'>0, y>0\} \cup \{x'>0, y'>0\})} \\ &\quad + (x' + y' - 1)1_{\{x>0, y>0\} \cup \{x>0, y'>0\} \cup (\{x'>0, y>0\} \cup \{x'>0, y'>0\})} \end{aligned}$$

al cumplirse para cualesquiera conjuntos A, B se cumple $A \cup B \supseteq A \implies 1_{A \cup B} \geq 1_A$

$$\geq (x + y - 1)1_{\{x>0, y>0\}} + (x' + y' - 1)1_{\{x'>0, y'>0\}}$$

y con esto concluimos la demostración

$$\therefore \zeta(x + x', y + y') \geq \zeta(x, y) + \zeta(x', y')$$

Al asumir que la ley de reproducción en este ejemplo es de una binomial modificada con $\bar{r}_3 = 1$ y $\alpha \in (0, 1)$ calcularemos la media de reproducción m cuando el proceso inicia con 1 pareja

$$\begin{aligned} m &= \mathbb{E}(Z_1 | Z_0 = 1) = \mathbb{E}(\zeta(F_0, M_0) | Z_0 = 1) \\ &= \sum_{i, j \geq 0} \zeta((\xi_1^0, \eta_1^0) = (i, j)) r_{ij} = \sum_{i, j \geq 0} (i + j - 1) \binom{i + j}{i} \alpha^i (1 - \alpha)^j \bar{r}_{i+j} \end{aligned}$$

lo anterior es resultado de sustituir la expresión de la función ζ y del vector r_{ij} . El único valor donde \bar{r}_{i+j} asigna un valor positivo es a $\bar{r}_3 = 1$ por lo que lo anterior es igual a

$$\begin{aligned} &= (2 + 1 - 1) \binom{3}{2} \alpha^2 (1 - \alpha) \bar{r}_3 + (1 + 2 - 1) \binom{3}{1} \alpha (1 - \alpha)^2 \bar{r}_3 \\ &= 2 \cdot 3 \alpha^2 (1 - \alpha) + 2 \cdot 3 \alpha (1 - \alpha)^2 \\ &= 6 \alpha (1 - \alpha) \end{aligned}$$

Retomaremos este ejemplo más adelante para hacer el cálculo de la probabilidad de extinción que es lo que empezaremos a desarrollar.

3.4. Crecimiento Poblacional: Extinción o Explosión

En esta sección haremos un análisis sobre el crecimiento de una población que servirá para todos los procesos de Ramificación que se estudiarán en este trabajo,

nos basaremos en [DHT86] para explicar porqué sólo se dan estas dos condiciones. La frase “el tamaño de la población tiende a infinito” la relacionamos con el hecho de que al no haber carencia de recursos o de espacio en la población de estudio ésta puede crecer sin control, en otras palabras explota. Si sucede el caso contrario, esto es si el tamaño de la población no consume todos los recursos a su disposición (y por ende no se extingue) debe existir un valor asociado al tamaño de la población el cual se alcanza en repetidas ocasiones. Por lo que al estudiar el crecimiento poblacional pueden ocurrir 3 cosas:

- La población se extingue.
- La población crece sin control (explota).
- Existen números $a, b \in \mathbb{R}$ con $0 < a < b$ tales que el tamaño de la población está entre estos valores para cualquier generación.

El siguiente argumento muestra que la última opción es inviable. Si hubiera por lo menos una variación en la reproducción de al menos un individuo llevaría a que el tamaño de toda la población no estuviera entre estos valores para todas las generaciones, pero esto siempre sucede ya que el modelo de reproducción no es determinista sino estocástico y la reproducción de todos los individuos es incierta. Para ser más precisos; si la población está acotada entre dos valores el tamaño de la población puede incrementarse o disminuir. Si sucede lo último indicaría que se contempla la posibilidad de que los individuos no tengan descendientes y a su vez conlleva a que haya un riesgo (aunque sea pequeño) que nadie de los b posibles individuos en la población tenga hijos y por lo tanto se extinga.

Es por esta razón que en nuestros modelos que consideraremos sólo puede ocurrir la explosión o la extinción de la población cuando aumenta el número de generaciones. Este análisis [DHT86] lo resume en una suposición que estará presente en todo momento del trabajo:

Considere un individuo vivo. Cualquiera que sea su historia o situación actual y cualquiera que sea el destino de la progenie de todos los individuos vivos existe un número $\pi > 0$ tal que la probabilidad de que la población se extinga a partir de este individuo es mayor que π

3.5. Probabilidad de Extinción

Para el BGWS esta probabilidad estará definida de la misma manera que en la definición (1.34) pero con la siguiente notación

$$\begin{aligned} q_j &= \mathbb{P}(\text{extinción definitiva cuando se inicia con } j \text{ parejas}) \\ &= \mathbb{P}(Z_n \rightarrow 0 | Z_0 = j) \quad j = 1, 2, \dots \end{aligned} \tag{3.10}$$

asi expresaremos la probabilidad de extinción iniciando el proceso con j parejas. Queremos dar condiciones sobre (3.10) para saber cuando $q_j = 1$ o $q_j < 1$, para $j \in \mathbb{N}$. Primero recordemos que para conocer esta cantidad se vio a detalle las

propiedades de la función generadora de probabilidades, sin embargo como lo podemos ver en el siguiente ejemplo no es viable este camino ya que tanto la notación como la expresión se vuelven complicados.

Ejemplo 3.7

Tomemos la función de apareamiento vinculada con la promiscuidad $\zeta(x, y) = x \min(1, y)$ y la función generadora de probabilidades de Z_n condicionada a iniciar el proceso con k individuos:

$$h_{k,n}(s) := \mathbb{E}_k(s^{Z_n}) = \mathbb{E}(s^{Z_n} | Z_0 = k) \quad k \geq 1 \quad n > 0 \quad \text{y } s \in [-1, 1]$$

llamaremos a $f_1(s) = \sum_{n=0}^{\infty} s^n \mathbb{P}(\xi_i = n) = \sum_{n=0}^{\infty} s^n (r_n^F)$ la función generadora de las hembras.

También definimos $f^{(0)}(s) = f_1(s)$ y $f^{(1)}(s) = r_0^M f_1(s)$ donde $r_0^M = \mathbb{P}(\eta_i = 0)$. Mostraremos que para el caso $n = 1$ se tiene

$$h_{k,1}(s) = 1 + (f^{(0)}(s))^k - (f^{(0)}(1))^k - 1((f^{(1)}(s))^k - (f^{(1)}(1))^k)$$

$$\begin{aligned} h_{k,1}(s) &= \mathbb{E}_k(s^{\zeta(\sum_{i=1}^k \xi_i^0, \sum_{i=1}^k \eta_i^0)}) = \mathbb{E}_k(s^{\zeta(\sum_{i=1}^k \xi_i^0, \sum_{i=1}^k \eta_i^0)} | \sum_{i=1}^k \eta_i^0 = 0) \mathbb{P}(\sum_{i=1}^k \eta_i^0 = 0) \\ &+ \mathbb{E}_k(s^{\zeta(\sum_{i=1}^k \xi_i^0, \sum_{i=1}^k \eta_i^0)} | \sum_{i=1}^k \eta_i^0 > 0) \mathbb{P}(\sum_{i=1}^k \eta_i^0 > 0) \end{aligned}$$

al tomar la función de promiscuidad y al ser las variables aleatorias η_i^0 enteros no negativos (pues cuentan individuos) $\mathbb{P}(\sum_{i=1}^k \eta_i^0 = 0) = (\mathbb{P}(\eta_i^0 = 0))^k = (r_0^M)^k$

$$\begin{aligned} &\mathbb{E}_k(s^{\sum_{i=1}^k \xi_i^0 \min(1, \sum_{i=1}^k \eta_i^0)} | \sum_{i=1}^k \eta_i^0 = 0) (r_0^M)^k \\ &+ \mathbb{E}_k(s^{\sum_{i=1}^k \xi_i^0 \min(1, \sum_{i=1}^k \eta_i^0)} | \sum_{i=1}^k \eta_i^0 > 0) (1 - (r_0^M)^k) \end{aligned} \quad (3.11)$$

del primer sumando de (3.11) notamos que si $\sum_{i=1}^k \eta_i^0 = 0$ entonces $\min(1, \sum_{i=1}^k \eta_i^0) = 0$ y por otro lado en el segundo sumando el valor $\min(1, \sum_{i=1}^k \eta_i^0) = 1$ y de esta forma

$$\begin{aligned} &\mathbb{E}(s^{\sum_{i=1}^k \xi_i^0 \cdot 0} | Z_0 = k, \sum_{i=1}^k \eta_i^0 = 0) (r_0^M)^k + \mathbb{E}(s^{\sum_{i=1}^k \xi_i^0} | Z_0 = k, \sum_{i=1}^k \eta_i^0 > 0) (1 - (r_0^M)^k) \\ &= \mathbb{E}(1 | Z_0 = k, \sum_{i=1}^k \eta_i^0 = 0) (r_0^M)^k + \mathbb{E}(s^{\sum_{i=1}^k \xi_i^0} | Z_0 = k, \sum_{i=1}^k \eta_i^0 > 0) (1 - (r_0^M)^k) \end{aligned}$$

ya que estamos en el modelo de promiscuidad $\{Z_0 \neq 0\} = \{\sum_{i=1}^k \eta_i^0 > 0\}$, se sigue que la expresión anterior es igual a

$$= (r_0^M)^k + \mathbb{E}(s^{\sum_{i=1}^k \xi_i^0} | Z_0 = k)(1 - (r_0^M)^k) = (r_0^M)^k + (\mathbb{E}(s^{\xi_i} | Z_0 = 1))^k (1 - (r_0^M)^k) \quad (3.12)$$

la última igualdad se obtiene al recordar que al contemplar sólo a las mujeres, tenemos el BGW usual y en el cual utilizamos la propiedad de ramificación. Finalmente $(r_0^M)^k + (f_1(s))^k - (f_1(s)r_0^M)^k = f^{(1)}(1) + (f^{(0)}(s))^k + (f^{(1)}(s))^k$. De acuerdo a nuestra notación. La función generadora queda demostrada al usar que $f^{(0)}(1) = 1$

$$\begin{aligned} h_{k,1} &= (r_0^M)^k + (f_1(s))^k - (f_1(s)r_0^M)^k \\ &= (f^{(1)}(1))^k + (f^{(0)}(s))^k - (f^{(1)}(s))^k + 1 - (f^{(0)}(1))^k \\ &= 1 + (f^{(0)}(s))^k - (f^{(0)}(1))^k - 1((f^{(1)}(s))^k - (f^{(1)}(1))^k) \end{aligned}$$

Para la n -ésima generación se puede probar que la función generadora del ejemplo de promiscuidad toma la forma de:

$$h_{k,n}(s) = 1 + \sum_{\pi \in \{0,1\}^n} (-1)^{|\pi|} ((f^{(\pi_1)} \circ \dots \circ f^{(\pi_n)})^k(s) - (f^{(\pi_1)} \circ \dots \circ f^{(\pi_n)})^k(1))$$

para todo $k, n \geq 1$ donde $\pi = (\pi_1, \dots, \pi_n)$ y $|\pi| = \sum_{j=1}^n \pi_j$.

Observación 3.8 *Debido a la dificultad de la expresión anterior que sólo es un ejemplo particular de una función de apareamiento las distribuciones cuasi-estacionarias y sus procesos límites no serán desarrollados para el BGWS.*

Al descartar el uso de la función generadora de probabilidades, haremos uso de otras herramientas como lo son las siguientes definiciones:

Definición 3.9 *Sea $(\Omega, \mathcal{F}, \mu)$ un espacio de medida y sea $\{A_n\}_{n=0}^\infty$ una sucesión de subconjuntos de Ω . Definimos el límite superior la sucesión A_n como:*

$$\limsup_{n \rightarrow \infty} A_n := \bigcap_{n=1}^{\infty} \bigcup_{k=n}^{\infty} A_k \quad (3.13)$$

Observación 3.10 $\omega \in \limsup_{n \rightarrow \infty} A_n$ si y sólo si $\omega \in A_n$ para una infinidad de n

Si $x \in \limsup_{n \rightarrow \infty} A_n$ implica que $x \in \bigcap_{n=1}^{\infty} \bigcup_{k=n}^{\infty} A_n$ luego $x \in \bigcup_{k=n}^{\infty} A_n$ para toda $n \geq 1$ de esta forma podemos reescribir el límite superior como

$$\limsup_{n \rightarrow \infty} A_n : \{x \in \Omega : x \in A_i \text{ para algún } i \geq n \ \forall n \geq 1\} \quad (3.14)$$

Por otro lado si definimos a $B_n := \bigcup_{k=n}^{\infty} A_k$ se forma una sucesión

$$B_n \supseteq B_{n+1} \supseteq \dots$$

la cual es decreciente y por lo tanto converge a la intersección de todos los conjuntos B_n y se tiene que

$$x \in B_n \Rightarrow x \in \bigcap_{n=1}^{\infty} \bigcup_{k=n}^{\infty} A_n \Rightarrow x \in \limsup_{n \rightarrow \infty} A_n$$

Con esta definición podemos hacer cálculos de probabilidades a través del siguiente

Lema 3.11 (Borel-Cantelli) *Sea $(\Omega, \mathcal{F}, \mathbb{P})$ un espacio de probabilidad y $\{A_n\}_{n=1}^{\infty} \in \mathcal{F}$ una sucesión de eventos*

1. Si $\sum_{n=1}^{\infty} \mathbb{P}(A_n) < \infty \Rightarrow \mathbb{P}(\limsup_{n \rightarrow \infty} A_n) = 0$
2. Si la sucesión $\{A_n\}_{n=1}^{\infty}$ es independiente y $\sum_{n=1}^{\infty} \mathbb{P}(A_n) = \infty$ entonces $\mathbb{P}(\limsup_{n \rightarrow \infty} A_n) = 1$

La demostración la podemos encontrar en el Apéndice A. Gracias a la explicación dada del BGWS podemos establecer una condición *necesaria y suficiente* para que el proceso se extinga la cual considera que si en alguna generación n las parejas ya no se forman es consecuencia de que los descendientes sean del mismo sexo lo cual es un evento posible:

$$\mathbb{P}(Z_{n+1} = 0 | Z_n = j) = \mathbb{P}(\zeta(\sum_{i=1}^{Z_n} (\xi_i^n, \eta_i^n)) = 0 | Z_n = j)$$

como para una $n \in \mathbb{N}$ fija $\{\xi_i = 0, \text{ para toda } i \leq Z_n\} \subseteq \{\zeta(\sum_{i=1}^{Z_n} (\xi_i^n, \eta_i^n)) = 0\}$ se tiene

$$\mathbb{P}(\zeta(\sum_{i=1}^{Z_n} (\xi_i^n, \eta_i^n)) = 0 | Z_n = j) \geq \mathbb{P}(\xi_i = 0 \text{ para toda } i \leq Z_n)$$

si empleamos el supuesto (3.7) sabemos que hay probabilidad positiva de no generar parejas en la generación subsecuente que puede ser consecuencia de que al momento de reproducirse, los individuos sólo generaron un sólo sexo, con esto concluimos que $\mathbb{P}(\xi_i = 0 \text{ para toda } i \leq Z_n) > 0$. Este evento se puede reescribir si sumamos todas las columnas del renglón 0, y por independencia de los hijos de cada pareja

$$\mathbb{P}(Z_{n+1} = 0 | Z_n = j) \geq \left(\sum_{j \geq 0} r_{0,j} \right)^{Z_n} > 0 \quad (3.15)$$

Lo primero que mostraremos con respecto a la extinción del proceso sexual será que

Proposición 3.12 *Si el BGWS $(Z_n)_{n \geq 0}$ esta acotado, entonces se extingue casi seguramente.*

Demostración. Por hipótesis existe una $M > 0$ tal que $Z_n \leq M$ casi seguramente. Para demostrar la extinción basta ver que la población femenina se extinga para eso definimos la sucesión de v.a.i.i.d $(\xi_i^n)_{1 \leq i \leq M, n \geq 0}$, consideremos las siguientes variables:

Retomemos el ejercicio con función dada por (3.9) para calcular la probabilidad de extinción. Por la Definición 1.33:

$$1 - \eta = \mathbb{P}(\text{el proceso nunca se extinga}) = \mathbb{P}(Z_n \geq 1, \text{ para toda } n) = \mathbb{P}\left(\bigcap_{n=0}^{\infty} Z_n \geq 1\right)$$

como se genera una sucesión decreciente $\{Z_{n+1} \geq 1\} \subseteq \{Z_n \geq 1\}$, por el Teorema de continuidad de la probabilidad $1 - \eta = \lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{P}(Z_n \geq 1)$, la probabilidad anterior la podemos expresar a través del teorema de Bayes

$$\begin{aligned} & \mathbb{P}(Z_n \geq 1 | Z_{n-1} > 0) \mathbb{P}(Z_{n-1} > 0) = \\ & = \mathbb{P}(Z_n \geq 1 | Z_{n-1} > 0) \mathbb{P}(Z_{n-1} > 0 | Z_{n-2} > 0) \mathbb{P}(Z_{n-2} > 0) = \prod_{i=1}^n \mathbb{P}(Z_i \geq 1 | Z_{i-1} > 0) \end{aligned}$$

si vemos el complemento de dicha probabilidad es igual a $\prod_{i=1}^n (1 - \mathbb{P}(Z_i = 0 | Z_{i-1} > 0))$. Así $1 - \eta = \lim_{n \rightarrow \infty} \prod_{i=1}^n (1 - \mathbb{P}(Z_i = 0 | Z_{i-1} > 0))$, para probar la convergencia utilizaremos la Proposición 2.9, para esto notemos lo siguiente: si $Z_n > 0$ es porque al menos hay una pareja y para la siguiente generación $Z_{n+1} = \zeta(F_{n+1}, M_{n+1}) = F_{n+1} + M_{n+1} - 1$, ahora como cada pareja al reproducirse (si lo hace) tendrá 3 hijos entonces habrá el triple de individuos para constituir las parejas con respecto a la generación anterior, de esta forma $Z_{n+1} = 3Z_n - 1$ la cual la podemos expresar como $Z_n = \frac{1}{2}(3^n + 1)$. Para $n = 0$ es claro que se cumple y al suponer válido para n

$$\begin{aligned} Z_{n+1} = 3Z_n - 1 &= 3\left(\frac{1}{2}(3^n + 1)\right) - 1 = \frac{3^{n+1}}{2} + \frac{3}{2} - 1 \\ &= \frac{(3^{n+1} + 1)}{2} \end{aligned}$$

así $\mathbb{P}(Z_{i+1} = 0 | Z_i > 0) = \mathbb{P}(\text{ todos los individuos sean del mismo sexo})$

$$= \mathbb{P}\left(\sum_{k=1}^{Z_i} \xi_k^i = 0 | Z_i > 0\right) + \mathbb{P}\left(\sum_{k=1}^{Z_i} \eta_k^i = 0 | Z_i > 0\right)$$

al disponer de la expresión alternativa para Z_i y de la independencia

$$= \prod_{k=1}^{\frac{1}{2}(3^i + 1)} \mathbb{P}(\xi_k^i = 0) + \prod_{k=1}^{\frac{1}{2}(3^i + 1)} \mathbb{P}(\eta_k^i = 0)$$

como se obtiene una hembra con probabilidad α y un macho con probabilidad $1 - \alpha$

$$= \binom{3}{3} \alpha^{3^{\frac{1}{2}(3^i+1)}} + \binom{3}{3} (1 - \alpha)^{3^{\frac{1}{2}(3^i+1)}}$$

conforme a la Proposición 2.9 verifiquemos que la serie asociada converge

$$\begin{aligned} &= \sum_{n=0}^{\infty} a_n = \sum_{n=0}^{\infty} \mathbb{P}(Z_{n+1} = 0 | Z_n > 0) = \sum_{n=0}^{\infty} \alpha^{3^{\frac{1}{2}(3^n+1)}} + (1 - \alpha)^{3^{\frac{1}{2}(3^n+1)}} \\ &= \sum_{n=0}^{\infty} \alpha^{3^{\frac{1}{2}(3^n+1)}} + \sum_{n=0}^{\infty} (1 - \alpha)^{3^{\frac{1}{2}(3^n+1)}} < \infty \end{aligned}$$

ya que $0 < \alpha < 1$ y el exponente claramente es mayor a uno. Por lo que el producto converge a un valor diferente de cero y de este modo hay probabilidad positiva de **no** extinguirse. Lo interesante del ejemplo es que esta condición de supervivencia es válida en particular para $\alpha = 0.8$, el cual arroja una media de reproducción $m = 6(0.8)(0.2) = .96 < 1$, por lo que el criterio de la media no es suficiente para conocer si el proceso muere. Es por esta razón por lo que incorporamos otra hipótesis como lo veremos en el teorema de extinción.

La media de reproducción de cada sexo es

$$m_F = \mathbb{E}(\xi) = \sum_{i=1}^{\infty} \left(i \sum_{j=0}^{\infty} p_{ij} \right) \quad m_M = \mathbb{E}(\eta) = \sum_{j=1}^{\infty} \left(j \sum_{i=0}^{\infty} p_{ij} \right) \quad (3.16)$$

El siguiente lema nos indica que podemos aplicar la ley fuerte de los grandes números a funciones superaditivas.

Lema 3.13 *Para una sucesión $\{(\xi_i, \eta_i)\}_{i=1,2,\dots}$ de v.a. bivariadas independientes e idénticamente distribuidas, con medias finitas dadas por (3.16) y función de apareamiento ζ se cumple que*

$$\frac{1}{j} \zeta \left(\sum_{i=1}^j \xi_i, \sum_{i=1}^j \eta_i \right) \xrightarrow{c.s.} \lim_{j \rightarrow \infty} \frac{1}{j} \zeta(jm_F, jm_M) \quad (3.17)$$

para simplificar la notación escribiremos $\mu(m_F, m_M) = \lim_{j \rightarrow \infty} \frac{1}{j} \zeta(jm_F, jm_M)$

Demostración. Recordemos que la función de apareamiento esta valuada sobre los reales positivos así que $\zeta(jm_F, jm_M)$ esta bien definido para toda j . Observemos que la función definida por $g : j \mapsto \zeta(jm_F, jm_M)$ es superaditiva ya que ζ lo es y gracias a [DHT86] sabemos que en estas funciones existe el límite y esta dado por $\lim_{j \rightarrow \infty} \frac{g(j)}{j} = \sup_j \frac{g(j)}{j}$. Por otro lado cada entrada del vector (ξ_i, η_i) cumple las hipótesis de la ley fuerte de los grandes números (las esperanzas las suponemos finitas), de esta forma

$$\mathbb{P} \left(\lim_{n \rightarrow \infty} \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \xi_i = m_F \right) = 1 \quad \text{y} \quad \mathbb{P} \left(\lim_{n \rightarrow \infty} \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \eta_i = m_M \right) = 1$$

por lo que con probabilidad 1 existe $N_0 \in \mathbb{N}$ tal que para toda $N \geq N_0$

$$\left| \frac{\sum_{i=1}^N \xi_i}{N} - m_F \right| < \epsilon \quad \text{que sucede si y sólo si} \quad (3.18)$$

$$N(m_F - \epsilon) < \sum_{i=1}^N \xi_i < N(\epsilon + m_F)$$

de igual manera $N(m_M - \epsilon) < \sum_{i=1}^N \eta_i < N(m_M + \epsilon)$ casi seguramente. Debido a que la superaditividad implica que ζ es monótona en cada entrada se sigue que para $N \geq N_0$ con probabilidad 1

$$\zeta(N(m_F - \epsilon), N(m_M - \epsilon)) \leq \zeta\left(\sum_{i=1}^N \xi_i, \sum_{i=1}^N \eta_i\right) \leq \zeta(N(m_F + \epsilon), N(m_M + \epsilon)) \quad (3.19)$$

al momento de dividir (3.19) por N el lado derecho se puede acotar por $\delta = \frac{\epsilon}{\min(m_F, m_M)}$ y por la monotonía de ζ

$$\begin{aligned} \frac{1}{N} \zeta(N(m_F + \epsilon), N(m_M + \epsilon)) &= \frac{1}{N} \zeta\left(N\left(1 + \frac{\epsilon}{m_F}\right)m_F, N\left(1 + \frac{\epsilon}{m_M}\right)m_M\right) \\ &\leq \frac{(1 + \delta)}{N(1 + \delta)} \zeta(N(1 + \delta)m_F, N(1 + \delta)m_M) \end{aligned} \quad (3.20)$$

y por lo tanto al aplicar límite conforme N crece

$$\begin{aligned} &\lim_{N \rightarrow \infty} \frac{1}{N} \zeta(N(m_F + \epsilon), N(m_M + \epsilon)) \\ &\leq \lim_{N \rightarrow \infty} (1 + \delta) \frac{1}{N(1 + \delta)} \zeta(N(1 + \delta)m_F, N(1 + \delta)m_M) \end{aligned}$$

lo que implica que

$$\mu(m_F + \epsilon, m_M + \epsilon) \leq (1 + \delta)\mu(m_F, m_M) \quad (3.21)$$

De forma análoga el lado izquierdo de (3.19) esta acotado por

$$\begin{aligned} \frac{1}{N} \zeta(N(m_F - \epsilon), N(m_M - \epsilon)) &= \frac{1}{N} \zeta\left(N\left(1 - \frac{\epsilon}{m_F}\right)m_F, N\left(1 - \frac{\epsilon}{m_M}\right)m_M\right) \\ &\geq \frac{(1 - \delta)}{N(1 - \delta)} \zeta(N(1 - \delta)m_F, N(1 - \delta)m_M) \end{aligned}$$

lo que implica que

$$\lim_{N \rightarrow \infty} \frac{1}{N} \zeta(N(m_F - \epsilon), N(m_M - \epsilon)) \geq \lim_{N \rightarrow \infty} \frac{(1 - \delta)}{N(1 - \delta)} \zeta(N(1 - \delta)m_F, N(1 - \delta)m_M)$$

y por lo tanto

$$\mu(m_F - \epsilon, m_M - \epsilon) \geq (1 - \delta)\mu(m_F, m_M) \quad (3.22)$$

Distinguimos dos casos:

- Si el límite $\mu(m_F, m_M) < \infty$ de (3.21), (3.22) y (3.19) concluimos que

3.5.1. Ejemplos

Aunque el término $\mu(m_F, m_M)$ no es fácil de calcular en general, para los ejemplos con los que hemos trabajado si lo es ya que en todos los usamos que si $c > 0$ se cumple que $\min(cA, cB) = c \min(A, B)$

1. para la monogamia $\zeta(x, y) = \min(x, y)$ se tiene

$$\begin{aligned} \mu(m_F, m_M) &= \lim_{j \rightarrow \infty} \frac{1}{j} \min(jm_F, jm_M) \\ &= \lim_{j \rightarrow \infty} \frac{1}{j} j \min(m_F, m_M) = \min(m_F, m_M) \end{aligned}$$

2. para la poligamia $\zeta(x, y) = \min(x, dy)$

$$\begin{aligned} \mu(m_F, m_M) &= \lim_{j \rightarrow \infty} \frac{1}{j} \min(jm_F, jdm_M) \\ &= \lim_{j \rightarrow \infty} \frac{1}{j} j \min(m_F, dm_M) = \min(m_F, dm_M) \end{aligned}$$

3. para la promiscuidad $\zeta(x, y) = x \min(1, y)$

$$\mu(m_F, m_M) = \lim_{j \rightarrow \infty} \frac{1}{j} jm_F \min(1, jm_M)$$

si m_M no es cero entonces el límite sería la media de las hembras así que

$$\mu(m_F, m_M) = m_F 1_{\{m_M \neq 0\}}$$

4. para el BGW $\zeta(x, y) = x$

$$\mu(m_F, m_M) = \lim_{j \rightarrow \infty} \frac{1}{j} jm_F = m_F$$

5. para la función (3.9)

$$\begin{aligned} \mu(m_F, m_M) &= \lim_{j \rightarrow \infty} \frac{1}{j} (jm_F + jm_M - 1) 1_{\{m_F, m_M > 0\}} \\ &= m_F + m_M 1_{\{m_F, m_M > 0\}} \end{aligned}$$

Una vez desarrollado gran parte de la teoría este nuevo proceso veamos ahora la demostración del Teorema de extinción.

Teorema 3.14 *Para un BGWS $(Z_n)_{n \geq 0}$ con función de apareamiento ζ y $(\xi_i, \eta_i)_{i=1}^{\infty}$ sucesión de v.a.i.i.d con media de reproducción de $\mathbb{E}(\xi) := m_F, \mathbb{E}(\eta) := m_M$ tal que $\text{Var}(\xi), \text{Var}(\eta) < \infty$. Entonces la sucesión de la media de reproducción $(m_j)_{j > 0}$ converge a $\mu = \sup_{j \geq 0} m_j$ y*

$$\mu \leq 1 \quad \text{si y sólo si } \forall j \quad q_j = 1 \quad (3.23)$$

Si sucede que $\mu > 1$

$$\text{existe } i_0 \quad 1 > q_{i_0} > q_{i_0+1} > \dots \quad (3.24)$$

Demostración. La demostración del teorema tendrá 3 partes:

- 1) Ver que la sucesión $(m_j)_{j \geq 0}$ converge
- 2) Estudiar el caso $m < 1$
- 3) Obtener para el caso $m > 1$ la sucesión dada en (3.24)

1). Definimos a $a(j) = jm_j$ afirmamos que es superaditiva:

$$\begin{aligned} a(j+l) &= \mathbb{E}(Z_1 | Z_0 = j+l) = \mathbb{E}(\zeta(\sum_{i=1}^{j+l} (\xi_i^0, \eta_i^0))) \\ &= \mathbb{E}(\zeta(\sum_{i=1}^j (\xi_i^0, \eta_i^0) + \sum_{i=j+1}^{j+l} (\xi_i^0, \eta_i^0))) \end{aligned}$$

ya que ζ es superaditiva y la esperanza es monótona

$$a(j+l) \geq \mathbb{E}(\zeta(\sum_{i=1}^j (\xi_i^0, \eta_i^0))) + \mathbb{E}(\zeta(\sum_{i=j+1}^{j+l} (\xi_i^0, \eta_i^0)))$$

al ser las variables (ξ_i, η_i) i.i.d el segundo sumando lo podemos reescribir por el número de variables que se suman en realidad $\mathbb{E}(\zeta(\sum_{i=1}^l (\xi_i^0, \eta_i^0)))$ y con esto $a(j+l) \geq a(j) + a(l)$ para toda $l, j > 0$. Por el mismo argumento que en la demostración del lema anterior el límite de esta función existe

$$\therefore \text{ existe } \lim_{j \rightarrow \infty} \frac{a(j)}{j} = \sup_j m_j := \mu \quad (3.25)$$

Mostraremos que $(q_j)_{j \geq 0}$ es una sucesión decreciente, por el teorema de continuidad de probabilidad

$$1 - q_i = \mathbb{P}(\text{ para toda } n \quad Z_n \geq 1 | Z_0 = i) = \lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{P}(Z_n \geq 1 | Z_0 = i)$$

y ahora usamos que el proceso es estocásticamente monotónico para ver que $1 - q_i = \lim_{n \rightarrow \infty} (Z_n \geq 1 | Z_0 = i) \leq \lim_{n \rightarrow \infty} (Z_n \geq 1 | Z_0 = i + 1) = 1 - q_{i+1}$ y así concluimos que $q_{i+1} \leq q_i$.

2) Probemos ahora que si $\mu \leq 1$ entonces el proceso muere. Para este caso una vez demostrado que el límite existe para toda $j \geq 0$ calculemos su esperanza condicional

$$\begin{aligned}
\mathbb{E}(Z_{n+1} | Z_n) &= \mathbb{E}\left(\sum_{j=0}^{\infty} 1_{\{Z_n=j\}} \zeta\left(\sum_{i=1}^j \xi_i^n, \sum_{i=1}^j \eta_i^n\right) | Z_n = j\right) \\
&= \sum_{j=0}^{\infty} 1_{\{Z_n=j\}} \mathbb{E}\left(\sum_{i=1}^j \xi_i^n, \sum_{i=1}^j \eta_i^n\right) \\
&= \sum_{j=0}^{\infty} 1_{\{Z_n=j\}} \mathbb{E}\left(\zeta\left(\sum_{i=1}^j \xi_i^0, \sum_{i=1}^j \eta_i^0\right)\right) \\
&= \sum_{j=0}^{\infty} 1_{\{Z_n=j\}} \mathbb{E}\left(\zeta\left(\sum_{i=1}^j \xi_i^0, \sum_{i=1}^j \eta_i^0\right) | Z_0 = j\right) \\
&= \sum_{j=0}^{\infty} 1_{\{Z_n=j\}} j m_j
\end{aligned} \tag{3.26}$$

en la segunda igualdad aplicamos propiedades de independencia y de esperanza condicional, la tercera igualdad hace uso de que las variables (ξ_i^n, η_i^n) son idénticamente distribuidas para toda n , finalmente al estar la media de reproducción m_j acotada por su supremo μ obtenemos que (3.26) es igual a

$$\mathbb{E}(Z_{n+1} | Z_n) \leq \mu \sum_{j=0}^{\infty} 1_{\{Z_n=j\}} j = \mu Z_n \tag{3.27}$$

Así $(Z_n)_{n \geq 0}$ es una supermartingala positiva la cual converge casi seguramente a una variable finita por el Teorema de Convergencia de Martingalas (véase Observación 1.6)

$$\therefore \lim_{n \rightarrow \infty} Z_n = Z_{\infty} \tag{3.28}$$

el cual no depende de la población inicial. Pero por lo manifestado en la sección (3.4) el único valor al que puede converger es a cero.

$$\therefore \mathbb{P}(Z_n \rightarrow 0) = 1 \tag{3.29}$$

y $q_j = 1 \forall j$. De esta forma si $\mu \leq 1$, el proceso muere con probabilidad 1.

3) El otro caso es más técnico, si $\mu > 1$ por el Lema 3.17

$$\lim_{N \rightarrow \infty} \frac{1}{N} \zeta(Nm_F, Nm_M) = \mu$$

esto es, dada $\epsilon > 0$ (s.p.g $\epsilon < \mu - 1$) y $N_0 \in \mathbb{N}$ tal que si $N \geq N_0$

$$\left| \frac{1}{N} \zeta(Nm_F, Nm_M) - \mu \right| < \epsilon \text{ que implica } \frac{1}{N} \zeta(Nm_F, Nm_M) > \mu - \epsilon \quad (3.30)$$

Sean $\epsilon_1, \epsilon_2 > 0$, definimos los BGW asociados a cada sexo

$$F_{n+1} = \sum_{i=1}^{Z_n} \xi_i \text{ y } M_{n+1} = \sum_{i=1}^{Z_n} \eta_i \quad (3.31)$$

y los siguientes conjuntos

$$A := \left\{ \frac{Z_{n+1}}{Z_n} \leq \mu - \epsilon \right\} \quad F := \left\{ \frac{F_{n+1}}{Z_n} \leq m_F - \epsilon_1 \right\} \quad M := \left\{ \frac{M_{n+1}}{Z_n} \leq m_M - \epsilon_2 \right\} \quad (3.32)$$

en los cuales pedimos que la razón ya sea entre el número de parejas o del número de individuos de cada sexo comparado con el número de parejas de la generación n sea arbitrariamente más pequeño al número esperado de parejas o del promedio de individuos de cada sexo y de hecho como se eligio ϵ hace que en el conjunto A la razón sea estrictamente menor a uno. Al ser válido de manera general que $A \subset F \cup M \cup (A \cap (F \cup M)^c)$ al tomar una $N \in \mathbb{N}$ que cumple $N \geq N_0$

$$\begin{aligned} \mathbb{P}\left(\frac{Z_{n+1}}{Z_n} \leq \mu - \epsilon \mid Z_n = N\right) &\leq \mathbb{P}\left(\frac{F_{n+1}}{Z_n} \leq m_F - \epsilon_1 \mid Z_n = N\right) \\ &\quad + \mathbb{P}\left(\frac{M_{n+1}}{Z_n} \leq m_M - \epsilon_2 \mid Z_n = N\right) \\ + \mathbb{P}\left(\frac{Z_{n+1}}{Z_n} \leq \mu - \epsilon, \frac{F_{n+1}}{Z_n} > m_F - \epsilon_1, \frac{M_{n+1}}{Z_n} > m_M - \epsilon_2 \mid Z_n = N\right) &\quad (3.33) \end{aligned}$$

Afirmamos que la última probabilidad es cero casi seguramente, para esto tomemos $\omega \in \Omega$ arbitraria. Si $\omega \in \bar{F} \cap \bar{M} \cap \{Z_n = N\}$ entonces

$$\begin{aligned} \frac{F_{n+1}(\omega)}{N} > m_F - \epsilon_1 \text{ y } \frac{M_{n+1}(\omega)}{N} > m_M - \epsilon_2 \quad (3.34) \\ F_{n+1}(\omega) > N(m_F - \epsilon_1) \text{ y } M_{n+1}(\omega) > N(m_M - \epsilon_2) \end{aligned}$$

Al tomar $\epsilon' = \max(\epsilon_1, \epsilon_2)$ y por la monotonía de ζ en cada argumento

$$\begin{aligned} \frac{Z_{n+1}(\omega)}{N} &:= \frac{1}{N} \zeta(F_{n+1}(\omega), M_{n+1}(\omega)) \geq \frac{1}{N} \zeta(N(m_F - \epsilon_1), N(m_M - \epsilon_2)) \\ &\geq \frac{1}{N} \zeta(N(m_F - \epsilon'), N(m_M - \epsilon')) \xrightarrow{N \rightarrow \infty} \mu(m_F - \epsilon', m_M - \epsilon') \end{aligned}$$

al usar (3.22) tenemos que lo anterior es mayor a $(1 - \delta)\mu(m_F, m_M)$, donde $\delta = \frac{\epsilon'}{\min(m_F, m_M)}$. Afirmamos que

$$\mu(m_F - \epsilon', m_M - \epsilon') \geq (1 - \delta)\mu(m_F, m_M) = \mu(m_F, m_M) - \delta\mu(m_F, m_M) > \mu - \epsilon \quad (3.35)$$

la cual se cumple al tomar $\epsilon' < \epsilon$ es una cantidad suficientemente pequeña. Al expresar al $\epsilon' < \min(m_F, m_M) \cdot \frac{\epsilon}{\mu}$ por (3.30) y de esta forma

$$\begin{aligned} \epsilon' < \min(m_F, m_M) \cdot \frac{\epsilon}{\mu} \text{ si y sólo si } -\epsilon' > -\min(m_F, m_M) \frac{\epsilon}{\mu} \\ \text{si y sólo si } -\delta > -\frac{\epsilon}{\mu} \text{ si y sólo si } -\delta\mu > -\epsilon \end{aligned}$$

al sumar en la última desigualdad μ se obtiene (3.35). Así se tiene que para toda $N \geq N_0$ y $\omega \in \bar{F} \cap \bar{M} \cap \{Z_n = N\}$ $\frac{Z_{n+1}(\omega)}{N} > \mu - \epsilon$ esto significa que

$$\mathbb{P}\left(\frac{Z_{n+1}}{Z_n} \leq \mu - \epsilon, \frac{F_{n+1}}{Z_n} > m_F - \epsilon_1, \frac{M_{n+1}}{Z_n} > m_M - \epsilon_2 \mid Z_n = N\right) = 0$$

por lo que resta acotar las otras probabilidades de (3.33)

$$\mathbb{P}\left(\frac{Z_{n+1}}{Z_n} \leq \mu - \epsilon \mid Z_n = N\right) \leq \mathbb{P}\left(\frac{F_{n+1}}{Z_n} \leq m_F - \epsilon_1 \mid Z_n = N\right) + \mathbb{P}\left(\frac{M_{n+1}}{Z_n} \leq m_M - \epsilon_2 \mid Z_n = N\right)$$

que es igual a

$$= \mathbb{P}(F_{n+1} - m_F Z_n \leq -\epsilon_1 Z_n \mid Z_n = N) + \mathbb{P}(M_{n+1} - m_M Z_n \leq -\epsilon_2 Z_n \mid Z_n = N)$$

$$= \mathbb{P}(|F_{n+1} - m_F Z_n| \geq \epsilon_1 Z_n \mid Z_n = N) + \mathbb{P}(|M_{n+1} - m_M Z_n| \geq \epsilon_2 Z_n \mid Z_n = N)$$

que por la desigualdad de Chebyshev la podemos acotar por la varianza de las variables

$$\leq \frac{\text{Var}(F_{n+1})}{\epsilon_1^2 N^2} + \frac{\text{Var}(M_{n+1})}{\epsilon_2^2 N^2}$$

ya que estas variables estan determinadas por (3.31) donde las ξ_i y η_i son v.a.i.i.d y al condicionar sobre el número de parejas

$$\leq \frac{N\text{Var}(\xi_i)}{\epsilon_1^2 N^2} + \frac{N\text{Var}(\eta_i)}{\epsilon_2^2 N^2} = \frac{\text{Var}(\xi_i)}{\epsilon_1^2 N} + \frac{\text{Var}(\eta_i)}{\epsilon_2^2 N}$$

Al sumar sobre todos los valores N mayores a N_0 y desarrollar

$$\begin{aligned} \sum_{N \geq N_0} \mathbb{P}\left(\frac{Z_{n+1}}{Z_n} \leq \mu - \epsilon \mid Z_n = N\right) 1_{\{Z_n = N\}} &\leq \sum_{N \geq N_0} \left(\frac{\text{Var}(\xi_i)}{\epsilon_1^2} + \frac{\text{Var}(\eta_i)}{\epsilon_2^2}\right) \frac{1}{N} 1_{\{Z_n = N\}} \\ &\leq \left(\frac{\text{Var}(\xi_i)}{\epsilon_1^2} + \frac{\text{Var}(\eta_i)}{\epsilon_2^2}\right) \sum_{N=0}^{\infty} \frac{1}{N} 1_{\{Z_n = N\}} = \left(\frac{\text{Var}(\xi_i)}{\epsilon_1^2} + \frac{\text{Var}(\eta_i)}{\epsilon_2^2}\right) Z_n^{-1} \\ \implies \mathbb{P}\left(\frac{Z_{n+1}}{Z_n} \leq \mu - \epsilon \mid Z_n \geq N_0\right) &\leq \left(\frac{\text{Var}(\xi_i)}{\epsilon_1^2} + \frac{\text{Var}(\eta_i)}{\epsilon_2^2}\right) Z_n^{-1} \end{aligned}$$

y así lo último lo podemos reescribir como

$$\mathbb{P}\left(\frac{Z_{n+1}}{Z_n} \leq \mu - \epsilon \mid Z_n \geq N_0\right) \leq \prod_{i=0}^{n-1} \left(\frac{Z_{i+1}}{Z_i}\right)^{-1} Z_0^{-1} \left(\frac{\text{Var}(\xi_i)}{\epsilon_1^2} + \frac{\text{Var}(\eta_i)}{\epsilon_2^2}\right) \quad (3.36)$$

esta expresión la utilizaremos más adelante. Ahora bien si $\frac{Z_{j+1}}{Z_j} > \mu - \epsilon$ para $0 \leq j \leq n-1$ y $Z_0 \geq N_0$ entonces para Z_1

$$Z_1 = \zeta\left(\sum_{i=1}^{Z_0} \xi_i^0, \sum_{i=1}^{Z_0} \eta_i^0\right) \geq \sum_{i=1}^{Z_0} \zeta(\xi_i^0, \eta_i^0)$$

y en general $Z_n \geq N_0$:

$$\frac{Z_{j+1}}{Z_j} > (\mu - \epsilon) \implies Z_{j+1} > Z_j(\mu - \epsilon) \quad \forall j = 0, \dots, n-1$$

y de forma recursiva obtenemos

$$Z_n > Z_0(\mu - \epsilon)^n > Z_0 \geq N_0 \quad (3.37)$$

la última desigualdad se obtiene de que por hipótesis $\mu - \epsilon > 1$. A continuación probaremos que se cumple

$$\begin{aligned} \mathbb{P}\left(\frac{Z_{n+1}}{Z_n} \leq \mu - \epsilon \mid \frac{Z_{j+1}}{Z_j} > \mu - \epsilon \forall 0 \leq j \leq n-1, Z_0 \geq N_0\right) \\ \leq N_0^{-1} (\mu - \epsilon)^{-n} \left(\frac{\text{Var}(\xi_i)}{\epsilon_1^2} + \frac{\text{Var}(\eta_i)}{\epsilon_2^2}\right) \end{aligned} \quad (3.38)$$

para simplificar la notación definimos $B := \{\frac{Z_{j+1}}{Z_j} > \mu - \epsilon \forall 0 \leq j \leq n-1, Z_0 \geq N_0\}$ y $C := \frac{\text{Var}(\xi_i)}{\epsilon_1^2} + \frac{\text{Var}(\eta_i)}{\epsilon_2^2}$. Para iniciar la demostración vemos que por la definición de B

$$\begin{aligned} \sum_{N \geq 0} \mathbb{P}\left(\frac{Z_{n+1}}{Z_n} \leq \mu - \epsilon \mid Z_n = N\right) 1_{\{Z_n = N\}} 1_B &= \sum_{N \geq N_0} \mathbb{P}\left(\frac{Z_{n+1}}{Z_n} \leq \mu - \epsilon \mid Z_n = N\right) 1_{\{Z_n = N\}} 1_B \\ &\leq C \prod_{i=0}^{n-1} \left(\frac{Z_{i+1}}{Z_i}\right)^{-1} Z_0^{-1} 1_B \end{aligned}$$

Por definición de esperanza condicional $1_B \sum_{N \geq 0} \mathbb{P}(\frac{Z_{n+1}}{Z_n} \leq \mu - \epsilon | Z_n = N) 1_{\{Z_n=N\}} = 1_B \mathbb{E}(1_{\{\frac{Z_{n+1}}{Z_n} \leq \mu - \epsilon\}} | Z_n)$ y al aplicar esperanza nuevamente

$$\mathbb{E}(1_B \mathbb{E}(1_{\{\frac{Z_{n+1}}{Z_n} \leq \mu - \epsilon\}} | Z_n)) \leq C \mathbb{E}(\prod_{i=0}^{n-1} (\frac{Z_{i+1}}{Z_i})^{-1} Z_0^{-1} 1_B)$$

como el BGWS es una Cadena de Markov $Z_n = \mathcal{F}_n = \sigma(Z_0, \dots, Z_n)$ y con esto 1_B es medible con respecto a esta filtración y por la condición de que $\frac{Z_{j+1}}{Z_j} > \mu - \epsilon \forall 0 \leq j \leq n-1$

$$\begin{aligned} \mathbb{E}(\mathbb{E}(1_B 1_{\{\frac{Z_{n+1}}{Z_n} \leq \mu - \epsilon\}} | \mathcal{F}_n)) &\leq \mathbb{E}((\mu - \epsilon)^{-n} N_0^{-1} C 1_B) \\ \implies \mathbb{E}(1_B 1_{\{\frac{Z_{n+1}}{Z_n} \leq \mu - \epsilon\}}) &\leq (\mu - \epsilon)^{-n} N_0^{-1} C \mathbb{P}(B) \end{aligned}$$

y al ser el producto de las indicatoras la indicadora del producto se obtiene (3.38), la utilidad de esta ecuación es que por medio de ella probaremos que hay probabilidad positiva de que la población crezca sin control (i.e. que explote). Si definimos $A_n := \{\frac{Z_{n+1}}{Z_n} \leq \mu - \epsilon\}$ al usar la definición de probabilidad condicional

$$\begin{aligned} \mathbb{P}(\prod_{n=0}^{\infty} A_n | Z_0 \geq N_0) &= \lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{P}(\prod_{k=0}^n A_k | Z_0 \geq N_0) \\ &= \lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{P}(A_n | \prod_{k=0}^{n-1} A_k, Z_0 \geq N_0) \mathbb{P}(\prod_{k=0}^{n-1} A_k, Z_0 \geq N_0) \\ &= \lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{P}(A_n | \prod_{k=0}^{n-1} A_k, Z_0 \geq N_0) \mathbb{P}(A_{n-1} | \prod_{k=0}^{n-2} A_k, Z_0 \geq N_0) \mathbb{P}(\prod_{k=0}^{n-2} A_k, Z_0 \geq N_0) \\ &\vdots \\ &= \prod_{n=0}^{\infty} \mathbb{P}(A_n | \prod_{k=0}^{n-1} A_k, Z_0 \geq N_0) = \prod_{n=0}^{\infty} (1 - \mathbb{P}(\bar{A}_n | \prod_{k=0}^{n-1} A_k, Z_0 \geq N_0)) \end{aligned}$$

que por (3.38) $\mathbb{P}(\prod_{n=0}^{\infty} A_n | Z_0 \geq N_0) \geq \prod_{n=0}^{\infty} (1 - N_0^{-1} (\mu - \epsilon)^{-n} \frac{\text{Var}(\xi_i)}{\epsilon_1^2} + \frac{\text{Var}(\eta_i)}{\epsilon_2^2}) > 0$ i.e. el producto converge ya que al ser $0 < \epsilon < \mu - 1 \implies y N_0^{-1} C \sum_{n=0}^{\infty} (\mu - \epsilon)^{-n} < \infty$. De esta forma si $\omega \in \bigcap_{n=0}^{\infty} \{\frac{Z_{n+1}}{Z_n} > \mu - \epsilon\}$ entonces

$$\begin{aligned} Z_{n+1}(\omega) &> (\mu - \epsilon) Z_n(\omega) \text{ para toda } n \in \mathbb{N} \\ &> (\mu - \epsilon)^2 Z_{n-1} > \dots > (\mu - \epsilon)^n Z_0 \xrightarrow{N \rightarrow \infty} \infty \end{aligned} \quad (3.39)$$

Finalmente

$$\begin{aligned} 1 - q_{N_0} &= \mathbb{P}(Z_n \rightarrow \infty | Z_0 = N_0) = \mathbb{P}(Z_n \geq 1 \forall n | Z_0 = N_0) \\ &= \mathbb{P}(\prod_{n=0}^{\infty} \frac{Z_{n+1}}{Z_n} > \mu - \epsilon | Z_0 = N_0) > 0 \\ \therefore 1 &> q_{N_0} > q_{N_1} \dots \square \end{aligned}$$

3.6. Matriz de transición del BGWS

Para el estudio de la matriz de transición \mathbf{P} asociada al proceso $(Z_n)_{n \geq 0}$ definimos

- $p_0(i) = \mathbb{P}(Z_1 = 0 | Z_0 = i)$ que es la probabilidad de extinción en un paso.
- $u_{ij} = \mathbb{P}(Z_1 = j | Z_0 = i)$ $i, j \neq 0$ la cual es la probabilidad de tener j parejas al tiempo 1 partiendo de i parejas.

Así

$$\mathbb{P}(Z_1 = j | Z_0 = i) = \begin{cases} 1 & \text{si } i = 0 \text{ y } j = 0 \\ 0 & \text{si } i = 0 \text{ y } j > 1 \\ p_0(i) & \text{si } j = 0 \\ u_{ij} & \text{en otro caso} \end{cases}$$

Así la matriz \mathbf{P} tendrá la forma

$$\begin{pmatrix} 1 & 0 & \dots & 0 \dots \\ p_0(1) & u_{11} & \dots & u_{1,j} \dots \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \dots \\ p_0(i) & u_{i1} & \dots & u_{i,j} \dots \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \dots \end{pmatrix}$$

La cual se puede ver como

$$P = \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ p_0 & U \end{pmatrix} \quad (3.40)$$

Ejemplo 3.15

Calcularemos la matriz de transición para el caso monógamo. El vector de extinción esta dado por

$$p_0(i) = \mathbb{P}(Z_1 = 0 | Z_0 = i) = \mathbb{P}(\zeta(\sum_{k=1}^i \xi_k^0, \sum_{k=1}^i \eta_k^0) = 0)$$

por los argumentos de independencia que hemos usado a lo largo del capítulo. Porque ζ es función de apareamiento lo anterior implica que $\mathbb{P}(\sum_{k=1}^i \xi_k^0 = 0 \text{ ó } \sum_{k=1}^i \eta_k^0 = 0)$ y así

$$\begin{aligned} \mathbb{P}(\sum_{k=1}^i \xi_k^0 = 0) + \mathbb{P}(\sum_{k=1}^i \eta_k^0 = 0) - \mathbb{P}(\sum_{k=1}^i \xi_k^0 = 0 \text{ y } \sum_{k=1}^i \eta_k^0 = 0) \\ = (p_0^F)^i + (p_0^M)^i - (p_{0,0})^i \end{aligned}$$

que si se expresa en términos de los renglones de la matrices relacionadas con el BGW de cada sexo $p_0^F = \mathbb{P}(\xi = 0) = \sum_{k \geq 0} p_{0k}$ y $p_0^M = \mathbb{P}(\eta = 0) = \sum_{k \geq 0} p_{k0}$ y finalmente

$$p_0(i) = \left(\sum_{k \geq 0} p_{0k} \right)^i + \left(\sum_{k \geq 0} p_{k0} \right)^i - (p_{0,0})^i$$

Para la submatriz U recordamos que la convolución de dos v.a. f, g valuada en i es similar cuando se valua $(f * g)(i) = \sum_{j+k=i} f(j)g(k)$ por lo que para toda $i, j \geq 0$

$$u_{i,j} = \mathbb{P}(Z_1 = j | Z_0 = i) = \mathbb{P}(\zeta(\sum_{k=1}^i \xi_k^0, \sum_{k=1}^i \eta_k^0) = j)$$

si recordamos que la función de apareamiento es el mínimo entre dos cantidades,

$$\mathbb{P}(\sum_{k=1}^i \eta_k^0 = j, \sum_{k=1}^i \xi_k^0 \geq j) + \mathbb{P}(\sum_{k=1}^i \eta_k^0 \geq j, \sum_{k=1}^i \xi_k^0 = j) - \mathbb{P}(\sum_{k=1}^i \eta_k^0 = j \text{ y } \sum_{k=1}^i \xi_k^0 = j)$$

que se puede reinterpretar como

$$\begin{aligned} & \sum_{l=j}^{\infty} \mathbb{P}(\sum_{k=1}^i \xi_k^0 = j \text{ y } \sum_{k=1}^i \eta_k^0 = l) + \sum_{l=j}^{\infty} \mathbb{P}(\sum_{k=1}^i \xi_k^0 = l \text{ y } \sum_{k=1}^i \eta_k^0 = j) \\ & - \mathbb{P}(\sum_{k=1}^i \xi_k^0 = j \text{ y } \sum_{k=1}^i \eta_k^0 = j) \end{aligned}$$

de la misma forma que en el ejemplo de los cisnes, si $r_{lm} = \mathbb{P}((\xi, \eta) = (l, m))$ se sigue

$$u_{ij} = \sum_{l=j}^{\infty} r^{*i}(j, l) + \sum_{l=j}^{\infty} r^{*i}(l, j) - r^{*i}(j, j) = \sum_{l=j}^{\infty} (r^{*i}(j, l) + r^{*i}(l, j)) - r^{*i}(j, j)$$

donde la $r^{*i}(j, l)$ es la i -ésima convolución de las hembras y los machos

$$r^{*i}(j, l) = \sum_{\substack{m_1 + \dots + m_i = j \\ n_1 + \dots + n_i = l}} \prod_{p=1}^i r(m_p, n_p)$$

Ejemplo 3.16

En el caso de $\zeta(x, y) = x \min(1, y)$ podemos ver el proceso $(Z_n)_{n \geq 0}$ como el proceso sólo de las mujeres $(F_n)_{n \geq 0}$ que se muere en 0. Si $F_n = j$, el proceso de BGWS

muere i.e. $Z_n = 0$ con probabilidad $\kappa(j)$ que corresponde a probabilidad de tener sólo a hembras i.e. esta relacionada con pedir $\mathbb{P}(\eta = 0) = p_0^M$, por lo que

$$\kappa(j) = (p_0^M)^j = \kappa^j$$

Por ende si designamos a \mathbf{U}' la matriz de transición de las hembras $(F_n)_{n \geq 0}$ y \mathbf{P} la matriz de $(Z_n)_{n \geq 0}$ entonces para toda $i, j \geq 0$ por los cálculos que se han realizado en todo el capítulo

$$p_{ij} = \mathbb{P}(Z_1 = j | Z_0 = i) = \mathbb{P}(\zeta(\sum_{k=1}^i \xi_k^0, \sum_{k=1}^i \eta_k^0) = i) = \mathbb{P}(\sum_{k=1}^i \xi_k^0 \min(1, \sum_{k=1}^i \eta_k^0) = j)$$

por el teorema de Bayes al condicionar sobre el número de machos al tiempo cero

$$\begin{aligned} &= \mathbb{P}(\sum_{k=1}^i \xi_k^0 \min(1, \sum_{k=1}^i \eta_k^0) = j | \sum_{k=1}^i \eta_k^0 > 0) \mathbb{P}(\sum_{k=1}^i \eta_k^0 > 0) + \\ &\quad \mathbb{P}(\sum_{k=1}^i \xi_k^0 \min(1, \sum_{k=1}^i \eta_k^0) = j | \sum_{k=1}^i \eta_k^0 = 0) \mathbb{P}(\sum_{k=1}^i \eta_k^0 = 0) \end{aligned}$$

con los mismos argumentos empleados en el cálculo de la función generadora de este ejemplo

$$\mathbb{P}(\sum_{k=1}^i \xi_k^0 = j)(1 - (r_0^M)^i) + \mathbb{P}(\sum_{k=1}^i \xi_k^0 \min(1, 0) = j | \sum_{k=1}^i \eta_k^0 = 0)(r_0^M)^i$$

del segundo sumando si sumamos sobre todo el valor de $j \in E = \{0, 1, \dots\}$

$$\sum_{j \in E} \mathbb{P}(\sum_{k=1}^i \xi_k^0 \min(1, 0) = j | \sum_{k=1}^i \eta_k^0 = 0) 1_{\{j \in E\}} \kappa(i)$$

el único valor que tiene sentido calcular dicha probailidad es cuando $j = 0$, finalmente

$$p_{ij} = (1 - \kappa(i))u'_{ij} + 1_{\{j=0\}}(\kappa(i)) \quad (3.41)$$

con este resultado obtenemos la forma de toda la matriz de transición, al hacer $j = 0$,

$$p_0(i) = \kappa^i + (1 - \kappa^i)u'_{i,0} \quad \text{y} \quad u_{ij} = (1 - \kappa^i)u'_{ij} \quad (3.42)$$

La cual tiene una expresión más factible de desarrollar que el ejemplo anterior. Concluimos el capítulo con la siguiente observación.

Observación 3.17 *La función de apareamiento ζ impide que el BGWS tenga la propiedad de ramificación*

El lector puede observar que en la demostración del Teorema 3.24 nunca se utilizó que $q_i = (q_1)^i$, esto es no se utilizó la propiedad de ramificación. Y los ejemplos anteriores demuestran que el cálculo de ésta probabilidad no es sencillo para cualquier función de apareamiento que se tome. Por lo que de manera rigurosa el BGWS no es proceso de ramificación como tal.

CAPÍTULO 4

Aplicaciones

Para concluir este trabajo mencionaremos algunas aplicaciones de la teoría desarrollada en los capítulos anteriores en campos como la genética, la biología molecular, el ciclo celular y a enfermedades como el cáncer. Con el propósito de que el lector que no esté familiarizado con el comportamiento de los genes, ADN o reproducción celular pueda comprender las descripciones biológicas, daremos una breve explicación de los conceptos que se utilizarán, apoyándonos en [KA02] y [BBDLJRR⁺02].

El genoma, ADN (ácido desoxirribonucleico) y los genes intervienen en las funciones principales de los seres vivos referentes al almacenamiento, expresión y difusión de la información que se heredará al momento de la reproducción, expliquemos cada uno. La molécula que posee la totalidad de la información genética que tiene un organismo se llama *genoma* y guarda todo lo relativo a las proteínas que un organismo puede sintetizar. El **ADN** es una macromolécula la cual contiene el material genético esencial en el genoma de todas las células y tiene la labor de almacenar y heredar la información genética a la progenie. El ADN lo podemos definir desde el punto de vista químico como un polímero que consiste en dos largas cadenas complementarias donde cada una ésta formada por un *nucleótido* el cual se compone por tres elementos como lo podemos ver en la figura (4.1)

Para especificar la secuencia del ADN basta con nombrar sólo a sus bases -adenina (**A**), timina (**T**), guanina (**G**) y citosina(**C**)- y la disposición de éstas en la cadena es la que codifica la información genética, en el caso de los organismos vivos, el ADN se presenta como una doble cadena de nucleótidos, en la que las dos hebras están unidas entre si por unas conexiones denominadas puentes de hidrógeno y donde la base **A** sólo se puede unir con una base **T** en la otra hebra y de la misma

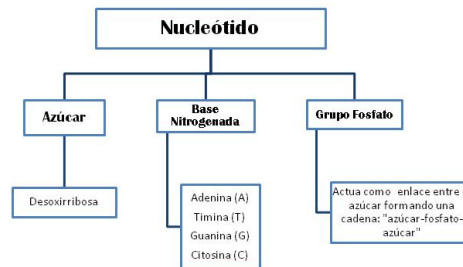


Figura 4.1: Composición de un nucleótido

forma una base **G** con una **C** como lo vemos en la figura (4.2)

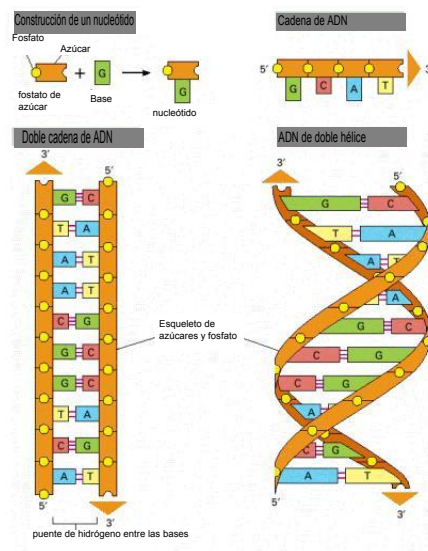


Figura 4.2: Estructura de ADN

Por otro lado las proteínas son macromoléculas que realizan la mayoría de las funciones en la célula de las que destacamos la formación de enzimas que catalizan todas las reacciones químicas, y la regulación de la expresión de los genes. A grandes rasgos las propiedades y funciones que una célula pueda hacer son determinadas casi en su totalidad por las proteínas. La relación de las proteínas con los genes es que la secuencia de las cuatro bases de nucleótidos en un gen deben de alguna forma codificar la secuencia de los aminoácidos (subunidades de proteínas). Esta tarea se logra al transcribir dicha secuencia de ADN en una secuencia de bases

Los **genes** son una subsecuencia específica del ADN y son la unidad física y funcional de la herencia. Su trabajo es copiar de manera exacta la información biológica que contienen para que al momento en que la célula se divide se pueda transmitir -más adelante- dicha información a las células hijas producto de dicha división. Cabe destacar que los genes se presentan en contadas ocasiones en el genoma.

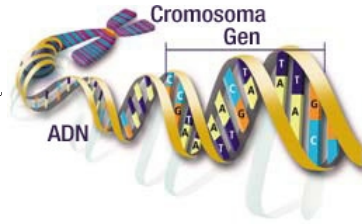
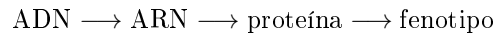


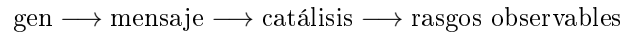
Figura 4.3: Gen

de una molécula relacionada que lleva el nombre de **ARN** (ácido ribonucleico) cuyo código se transforma a su vez en una secuencia de aminoácidos.

En resumen, la información genética que se realiza en un gen es ¹:



cuya heurística es



El genoma humano divide el ADN en pequeñas piezas de diversas longitudes que contienen una considerable cantidad de diversos genes para así protegerlos y hacer una correcta transmisión a la siguiente generación. Cada pieza de ADN se compacta y asociada con las proteínas que sintetiza el ARN forman un **cromosoma**. Los telómeros se encuentran en los extremos del cromosoma y se especializan en la replicación del ADN que permite a una célula dar origen a dos células hijas en un proceso llamado *mitosis*. Cabe destacar que estos componentes son altamente repetitivos y se ha encontrado que están vinculados con ciertos tipos de cáncer.

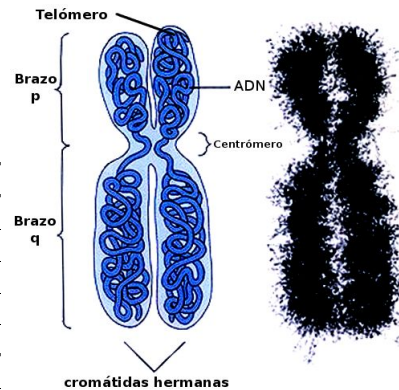


Figura 4.4: Fotografía que muestra los componentes de un cromosoma

Por otra parte los *centrómeros* son necesarios para segregar los cromosomas después de la replicación de su ADN y enviar sólo un par del cromosoma duplicado a cada una de las dos células hijas. Es muy importante que cada cromosoma tenga un centrómero ya que:

¹El genoma de cada célula de un mamífero es de aproximadamente 3×10^9 bases y 30,000 genes. En un ser humano cada célula contiene 2 metros de ADN y 23 pares de cromosomas, mientras que la secuencia total de nucleótidos equivaldría a escribir cerca de mil libros de alrededor de 4000 hojas cada uno

- en su ausencia el cromosoma se segrega de manera aleatoria a las dos células hijas con la posibilidad de que ambos pares de cromosomas vayan a una sólo de ellas.
- si hay dos o mas centrómeros al momento de la replicación usualmente el cromosoma se rompe.

Se sabe que entre el 5-10 % del ADN está encargado de codificar proteínas, sin embargo del resto de la cadena no se conoce su función por completo. Este es el caso de los centrómeros de los cuales se tiene conocimiento de su importante papel en la segregación del ADN de la progenie celular aunque se desconoce la secuencia completa de material genético. Si sucediera que algunos fragmentos del ADN no tuvieran centrómeros, tendría como consecuencia que las células se dividieran sin control.

Finalmente concluimos este marco biológico con el último elemento que estudiaremos que es la **re-*plicación del ADN*** el cual esta presente aunque de manera subjetiva en todas las aplicaciones que mostraremos y del que hemos hablado sin abundar mucho en detalles. En dicho proceso el ADN se duplica y de manera formal sintetiza una copia idéntica de él mismo. La forma en la que se consigue es a través del mecanismo auto-conservador con el cual las dos cadenas complementarias del ADN original, al separarse, sirven de molde cada una para la síntesis de una nueva cadena complementaria de forma que cada nueva doble hélice contiene una de las cadenas del ADN original. Gracias a la integración única que se da entre las cuatro bases que forman la secuencia de cada una de las cadenas, el ADN tiene la importante pro-

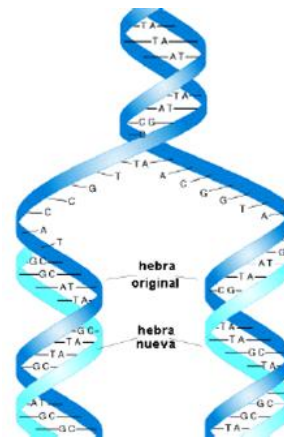


Figura 4.5: Replicación Semiconservativa del ADN

permite que la información genética se transmita completa de una célula madre a las células hijas. En otras palabras, de una molécula de ADN única, se obtienen dos o más “clones”. de la primera.

Las tan anunciadas aplicaciones tienen su origen en aspectos particulares de los temas que hemos desarrollado previamente y de hecho algunas de ellas forman parte de lo que se conoce como una mutación. Una *mutación* es la alteración en la secuencia de las bases del ADN la cual puede ser desde un ligero cambio en una única base, hasta un rearrreglo de todo el ADN en un cromosoma, este cambio puede provocar que la habilidad de la célula para absorber proteínas se vea comprometido. Las consecuencias que puede traer son la incapacidad de controlar el crecimiento y división celular lo que conlleva a desarrollar tumores malignos y la nueva capacidad de éstas células de crecer aún en la presencia de un medicamento

que mataría células “normales”. Un ejemplo de este suceso lo constituye la **amplificación génica** en el cual algunas regiones del ADN pueden incrementarse o amplificarse. Si la región en cuestión contiene codificado un gen puede tener como consecuencia que exista un auge o declive en la cantidad de proteínas necesarias para el correcto funcionamiento de la célula. Dilucidemos estas ideas con el siguiente cuadro

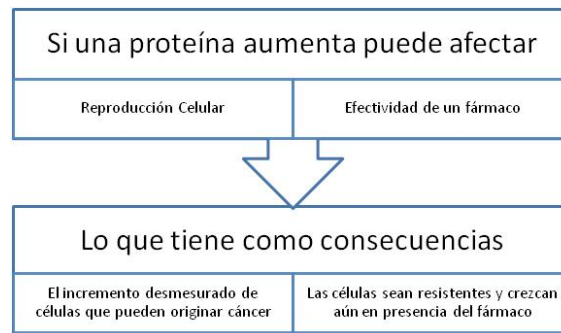


Figura 4.6: Consecuencias de la amplificación de un gen en una proteína

4.1. Aplicación a la Amplificación Génica

De acuerdo a un estudio realizado por Kimmel y Axelrod ² se encontró una relación entre la enzima dihidrofolato reductasa (DHFR) y la resistencia celular a la droga metotrexato (MTX) que se administra para combatir enfermedades autoinmunes y en especial a diversos tipos de cáncer como lo son el cáncer de seno, cabeza y cuello etc. . . la enzima DHFR esta codificada en los humanos por el gen DHFR.

Explicemos cómo se diferencia una célula resistente a un fármaco de una que no lo es. Cuando se da la amplificación de un gen a veces existen tantas copias de la región amplificada que éstas pueden formar sus propios pseudo-cromosomas llamados *dobles minutos* los cuales pueden aumentar o disminuir en cada división celular debido a que éstos elementos no tienen centrómeros (en ocasiones llamados acéntricos) los cuales son indispensables para proporcionar un cromosoma a cada célula producto de la mitosis. Así las células que tienen por lo menos un doble minuto que contiene el gen DFHR las llamaremos *resistentes* y a su contraparte *sensibles*.

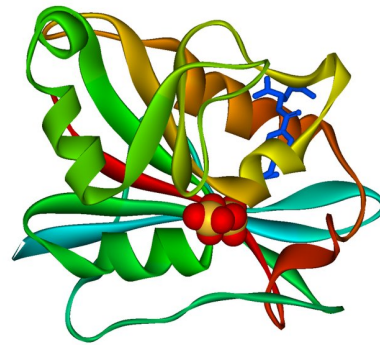


Figura 4.7: Estructura tridimensional de la enzima DFHR

²Este estudio se publicó en *Mathematical Models of gene amplification with applications to cellular drug resistance and tumorigenicity*. *Genetics* 125: 633-644

El aumento de los dobles minutos en las células resistentes, que a su vez incrementa el número de copias del gen DFHR se forman cuando una población sensible crece en presencia de la droga MTX. Cabe destacar que el proceso en el cual una célula se vuelve resistente es reversible: basta con transferir estas células a un medio libre de medicamentos y así las células perderán el exceso de los dobles minutos.

Para una descripción matemática del modelo que cuente el número de dobles minutos en el organismo se hará una selección aleatoria de las células como sigue: primero tomaremos una célula, después una de su progenie, luego otra célula de la progenie de la progenie y así sucesivamente. Así, la n -ésima célula producto de ésta elección contendrá Z_n dobles minutos que tienen el gen amplificado. Cuando se hace la replicación del ADN cada par de dobles minutos puede replicarse con probabilidad (c.p.) a o no replicarse con probabilidad $1 - a$. Al momento de segregarse en las células se pueden presentar los siguientes casos:

- Si el doble minuto no se replica, se asigna a la progenie con una probabilidad de $\frac{1}{2}$.
- Si se replica
 - ambas copias se van a cualquier célula c.p. $\frac{\alpha}{2}$ para la célula 1 y $\frac{\alpha}{2}$ para la célula 2.
 - cada copia se va a una célula c.p. $1 - \alpha$

Interpretemos los valores que puede tomar α . Si $\alpha = \frac{1}{2}$ entonces es el único caso en que los dobles minutos se segregan independientemente a la progenie. Si $\alpha > \frac{1}{2}$ de un pequeño cálculo $1 - \alpha < \frac{1}{2}$ lo que quiere decir que hay una preferencia de irse a la misma célula y finalmente, si sucede el caso contrario $\alpha < \frac{1}{2}$ se irá a diferentes células con mayor probabilidad.

Si escogemos una célula resultado del proceso descrito anteriormente, de acuerdo a la figura (4.8) puede suceder que la célula que elegimos

- No tenga replicas del original doble minuto c.p.

$$\underbrace{\frac{1-a}{2}}_{\text{no se replica}} + \underbrace{\frac{a\alpha}{2}}_{\text{ambas copias fueron a la otra célula}}$$
- Tenga una replica del doble minuto

$$\underbrace{\frac{1-a}{2}}_{\text{no se replica}} + \underbrace{\frac{a(1-\alpha)}{2}}_{\text{una copia se quedo en esta célula}}$$
- Encontrar ambas replicas c.p. $\frac{a\alpha}{2}$

Por lo que el BGW asociado al número de dobles minutos toma valores en los números pares únicamente, el cual Kimmel define formalmente como

$$\bar{Z}_n = \begin{cases} 1 + \log_2 Z_n & \text{si } Z_n \neq 0 \\ 0 & \text{si } Z_n = 0 \end{cases}$$

Con este preámbulo, conoceremos el comportamiento del proceso a través de la función generadora de probabilidades $f_1(s)$, la cual toma valores hasta $n = 2$

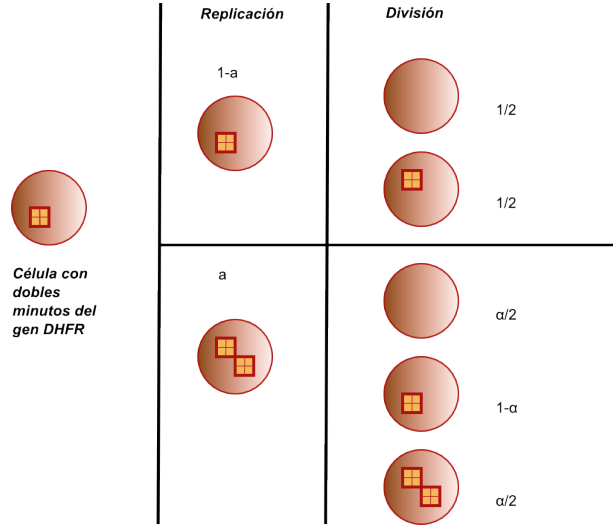


Figura 4.8: Ilustración del modelo de amplificación génica

debido a que en cada periodo de reproducción a lo más puede suceder que los dos pares de dobles minutos se encuentren en una sólo célula.

$$\begin{aligned} f_1(s) &= \mathbb{P}(X_1^1 = 0) + s\mathbb{P}(X_1^1 = 1) + s^2\mathbb{P}(X_1^1 = 2) \\ &= \frac{1-a}{2} + \frac{a\alpha}{2} + s \left(\frac{1-a}{2} + a(1-\alpha) \right) + \frac{a\alpha s^2}{2} \end{aligned}$$

que se puede expresar como

$$f_1(s) = d + s(1-b-d) + bs^2 \quad (4.1)$$

con $b = \frac{a\alpha}{2}$ $d = \frac{(1-a)}{2} + \frac{a\alpha}{2}$ ya que

$$1-d-b = 1 - \frac{1+a(\alpha-1)}{2} - \frac{a\alpha}{2} = \frac{2-1-a(\alpha-1)-a\alpha}{2}$$

que es lo mismo que el coeficiente lineal en (4.1). Ya que los dobles minutos eventualmente desaparecen de la población en la ausencia de la selección descrita por el modelo, se asume que el proceso contrario a la amplificación que es la reducción génica es mayor al de la amplificación por lo que nuestro modelo presentado es *subcrítico*, esto significa que debe cumplir con

$$f'(1) = 1-b-d-2bs|_{s=1} = 1+b-d < 1 \quad (4.2)$$

por lo que en este caso debe cumplirse que $b < d$.

4.1.1. Inmunidad a los fármacos

Cuando se hace esta selección de células en un laboratorio, después de N generaciones que se desarrollan bajo la presencia de la droga MTX todas las células de la

población tienen por lo menos una copia del gen DHFR, en otras palabras $Z_N > 0$. De esta forma el número de copias del gen se distribuyen como $\{Z_N | Z_N > 0\}$. Cuando N crece al cumplirse las hipótesis del Teorema de Yaglom su comportamiento será de acuerdo a (2.2). Por lo que con la notación dada por la ecuación anterior, la función generadora \hat{f} satisface

$$1 - \hat{f} \circ f_1(s) = \mu(1 - \hat{f}(s))$$

con $\mu = 1 + b - d$ y $f_1(s)$ expresada como (4.1)

$$= 1 - \hat{f}(d + s(1 - b - d) + bs^2) = (1 + b - d)(1 - \hat{f}(s))$$

La cual no podemos expresar de manera mas específica ya que si revisamos la construcción de la generadora \hat{f} encontramos que está en términos de la n -ésima función generadora de f_1 la cual en este caso implica una dificultad en su expresión ya que para $n = 2$ tiene la forma de $d + s(d + s(1 - b - d) + bs^2) + b(d + s(1 - b - d) + bs^2)^2$. Lo que sí podemos usar es la cota que dió Kolmogorov para el valor de la no extinción

$$\mathbb{P}(Z_n > 0) \sim c\mu^n(1 + o(1))$$

A partir del hecho de que las células resistentes en el ambiente dado por el experimento se duplican, $c = 2$ y así el ritmo de crecimiento promedio para cada generación es de 2μ . La descripción del procedimiento del laboratorio concluye de la siguiente forma: después de tener las N generaciones con al menos un gen DFHR amplificado se traslada a la población a una región libre del fármaco, donde las células sensibles en cada generación se duplican (i.e. su factor de crecimiento es 2), mientras que las resistentes seguirán a su ritmo de $2\mu < 2$ por generación. Bajo esta circunstancia si definimos a $R(n)$ como el número de células resistentes al tiempo n y de manera análoga a $S(n)$ como el número de células sensibles entonces el cociente de células resistentes será $r(n) = \frac{R(n)}{R(n)+S(n)}$ con

$$R(n) = (2\mu)^n R(0) \quad \text{y} \quad S(n) + R(n) = 2^n(S(0) + R(0))$$

por lo tanto

$$\frac{r(n)}{r(0)} = \frac{\frac{(2\mu)^n R(0)}{2^n(R(0)+S(0))}}{\frac{R(0)}{R(0)+S(0)}} = \mu^n$$

Ya que el proceso es subcrítico vemos que la proporción de células resistentes decrece geoméricamente a razón μ^n . Esto consistente con los resultados del artículo de Brown, P.C., Beverly, S.M. and R.T. Schimke ³ donde se trabajó en la relación de los genes amplificados del gen DFHR con los dobles minutos del linaje de células fibroblásticas inestables de ratones ⁴. Dichas conclusiones se resumen en la figura (4.9). Dos resultados causan interés. El primero de ellos que no desconcierta

³1981. Relationship of amplified dihydrofolate reductase genes to double minute chromosomes in unstably resistant mouse fibroblasts cell lines. *Molecular and Cellular Biology* 1:1077-1083.

⁴El fibroblasto es una célula del tejido conectivo

es que la proporción de células con el gen amplificado disminuye al transcurso del tiempo. La segunda consecuencia la cual era menos predecible nos indica que la distribución del número de copias del gen en la subpoblación de células resistentes conservan su forma mientras la resistencia se pierde.

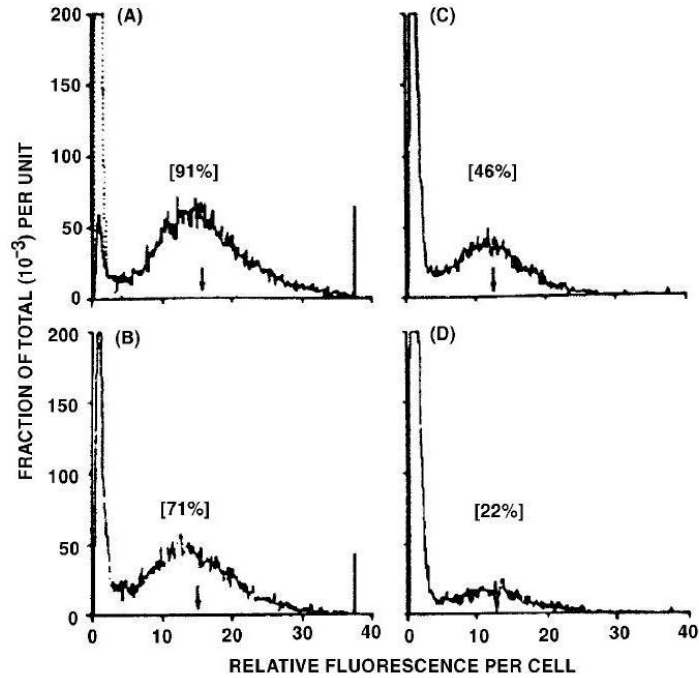


Figura 4.9: Gráfica que indica la pérdida de las copias amplificadas del gen DFHR en un ambiente libre de la droga MTX. En el estudio mencionado se trabajó con células resistentes al MTX que crecieron en diversas unidades de tiempo. El término *fluorescence per cell* indica que el crecimiento celular fue proporcional al número de copias del gen por cada célula. Los porcentajes que se encuentran entre corchetes son las células que presentaron un número de copias del gen mayor que en las células sensibles. En (A) la línea punteada y en negritas representan las células sensibles y resistentes respectivamente. En (B) hay 17 generaciones de células que crecieron en un ambiente libre de MTX, en (C) y (D) el tiempo de espera es respectivamente de 34 y 47 generaciones.

Finalmente damos a conocer los valores estimados de b y d que se encuentran en [KA02] que son: $b = 0.47$ y $d = 0.50$ por lo que, resultado de poner los valores de b y d en términos de a y α se tiene que $a = 1 - 2(b - d) = 0.94$ y $\alpha = \frac{2b}{a} = 1$. La interpretación a estos valores es que aunque la replicación de los dobles minutos

que esta dada por a es una probabilidad muy grande, todas las copias se van a una sola célula casi seguramente.

4.2. Aplicación a la replicación de biomoléculas

Veamos el uso del BGW a la reproducción de este tipo de moléculas las cuales sabemos que están compuestas por 6 elementos: carbono (C), hidrógeno (H), oxígeno (O), nitrógeno (N), fósforo (P) y azufre (S) y que constituyen del 95 al 99 % de los tejidos de todos los seres vivos. Éstas moléculas tienen la habilidad de que al momento de replicarse (por medio de sus nucleótidos de ADN) lo hacen sin error, esto es, la molécula que surge es idéntica a su predecesora.

Para iniciar la descripción del modelo consideremos una cadena de polímeros formada por ν nucleótidos, supondremos que hay un valor p , $p \in (0, 1)$ que indica la probabilidad de que un nucleótido se copie correctamente. Así p^ν es la probabilidad que la biomolécula tenga la secuencia correcta. El tiempo que dura la replicación del ADN es de una unidad de tiempo en el cual puede suceder que la biomolécula:

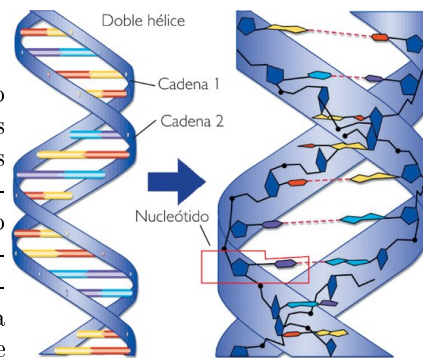


Figura 4.10: Nucleótido en el ADN

- sobreviva y se duplique de manera exacta con probabilidad w y p^ν respectivamente o
- muera con probabilidad $1 - w$

Finalmente cada molécula da lugar a dos, una, o ninguna biomolécula del mismo tipo con probabilidad wp^ν , $w(1 - p^\nu)$, $1 - w$ respectivamente. El modelo de BGW es adecuado para conocer la población de biomoléculas que se duplican sin error, por lo que su estudio será por medio del proceso $(Z_n)_{n \geq 0}$ el cual indicará el número de biomoléculas correctas presentes en la generación n con X_i^n el número de biomoléculas que dio origen la i -ésima biomolécula de la n -ésima generación. Los resultados de ésta aplicación lo haremos a través de la función generadora de probabilidades de la variable Z_1 . De acuerdo a la notación asumida en el capítulo

uno.

$$\begin{aligned}
 f_1(s) &= \sum_{n=0}^{\infty} s^n \mathbb{P}(X_1^1 = n) = s^0 \mathbb{P}(X_1^1 = 0) + s \mathbb{P}(X_1^1 = 1) + s^2 \mathbb{P}(X_1^1 = 2) \\
 &= \mathbb{P}(\text{no sobrevive}) + s \mathbb{P}(\text{sobrevive pero se duplica con error}) \\
 &\quad + s^2 \mathbb{P}(\text{sobrevive y se duplica correctamente}) \\
 &= (1 - w) + sw(1 - p^\nu) + s^2 wp^\nu
 \end{aligned}$$

esta biomolécula se preservará de manera indefinida con probabilidad positiva si la media de reproducción es supercrítica (Teorema 1.20). Por las propiedades de la función generadora, la media de reproducción la obtenemos al derivar ésta y evaluar en uno de esta forma $f_1'(s) = w(1 - p^\nu) + 2wsp^\nu$. Así $\mu = f_1'(1)$ es mayor a uno si

$$\begin{aligned}
 w(1 - p^\nu) + 2wp^\nu &> 1 \\
 w(1 + p^\nu) &> 1
 \end{aligned}$$

es decir cuando

$$p^\nu > \frac{1 - w}{w} \tag{4.3}$$

Ahora bien, para saber con que probabilidad sucede la no extinción de la biomolécula haremos primero el cálculo de su complemento. Sabemos que $q = \lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{P}(Z_n = 0)$ se consigue en el caso subcrítico al encontrar la única raíz de la ecuación $f_1(s) = s$ sobre el intervalo $[0, 1)$, de esta forma

$$f_1(s) - s = wp^\nu s^2 + s(w(1 - p^\nu) - 1) + 1 - w$$

por lo que $f_1(s) - s = 0$ si y sólo si

$$s^2 + s \left(\frac{w(1 - p^\nu)}{wp^\nu} - \frac{1}{wp^\nu} \right) + \frac{1 - w}{wp^\nu} = 0$$

que se puede reescribir como

$$\begin{aligned}
 &= s^2 + s \left(\frac{1}{p^\nu} - 1 - \frac{1}{wp^\nu} \right) + \frac{1 - w}{wp^\nu} \\
 &= s^2 + s \left(\frac{w - 1}{wp^\nu} - 1 \right) + \frac{1 - w}{wp^\nu} = 0
 \end{aligned}$$

la cual tiene por soluciones a

$$\begin{aligned} s_{1,2} &= \frac{-\left(\frac{w-1}{wp^\nu} - 1\right) + / - \sqrt{\left(\frac{w-1}{wp^\nu} - 1\right)^2 - 4\left(\frac{1-w}{p^\nu}\right)}}{2} \\ &= \frac{-\left(\frac{w-1}{wp^\nu} - 1\right) + / - \sqrt{\left(\frac{w-1}{wp^\nu}\right)^2 - 2\left(\frac{w-1}{wp^\nu}\right) + 1 + 4\left(\frac{w-1}{p^\nu}\right)}}{2} \\ &= \frac{-\left(\frac{w-1}{wp^\nu} - 1\right) + / - \sqrt{\left(\frac{w-1}{wp^\nu} + 1\right)^2}}{2} \end{aligned}$$

al ser w, p^ν probabilidades $\sqrt{\left(\frac{w-1}{wp^\nu} + 1\right)^2} = \frac{w-1}{wp^\nu} + 1$. Finalmente la raíz que representa la probabilidad de extinción (ya que la otra solución es 1 la cual no pertenece al intervalo) es

$$q = \frac{-\left(\frac{w-1}{wp^\nu} - 1\right) - \left(\frac{w-1}{wp^\nu} + 1\right)}{2} = \frac{2\left(\frac{1-w}{wp^\nu}\right) + 1 - 1}{2} = \frac{1-w}{wp^\nu}$$

la cual es menor que uno por (4.3). Por lo que la probabilidad de sobrevivir indefinidamente es

$$1 - q = \mathbb{P}(Z_n \geq 1 \text{ para toda } n \in \mathbb{N}) = 1 - \frac{1-w}{wp^\nu}$$

4.3. Aplicación al ciclo celular con muerte e inactividad

La reproducción de una célula se da cuando ésta se puede dividir y dar origen a dos células del mismo tamaño. Se ha observado que células similares no producen el mismo número de células de una colonia (denominación para la progenie de una célula) debido a varios factores entre ellos la aleatoriedad del deceso o la inactividad de la célula en el cual la célula esta viva pero ni se duplica ni muere.

4.3.1. Modelo matemático

Para esta situación podemos iniciar con el modelo de BGW para conocer el número de células al tiempo n . Sin embargo, para poder describir este modelo a través de su función generadora de probabilidades al tiempo n , haremos una construcción alternativa del proceso que llamaremos Bienaymé-Galton-Watson retrospectivo el cual se basa en la propiedad de ramificación con la cual aseguramos que todos los individuos que están en la población (salvo los que inician el proceso) son atribuibles a un ancestro en la primera generación. En otras palabras, el proceso se puede describir como la unión de subprocesos que inician con la primera generación de

hijos del ancestro que comienza el proceso. Para describir lo anterior matemáticamente, definimos a la variable aleatoria $Z_{1,n+1}^{(j)}$ como el número de individuos de la $n + 1$ -ésima generación del proceso iniciado por un antepasado que nació al tiempo uno, el superíndice es el número de copias independientes e idénticamente distribuidas del individuo uno. Entonces

$$Z_{n+1} = \begin{cases} Z_{1,n+1}^{(1)} + \dots + Z_{1,n+1}^{(j)} + \dots + Z_{1,n+1}^{(Z_1)} & \text{si } Z_1 > 0 \\ 0 & \text{si } Z_1 = 0 \end{cases}$$

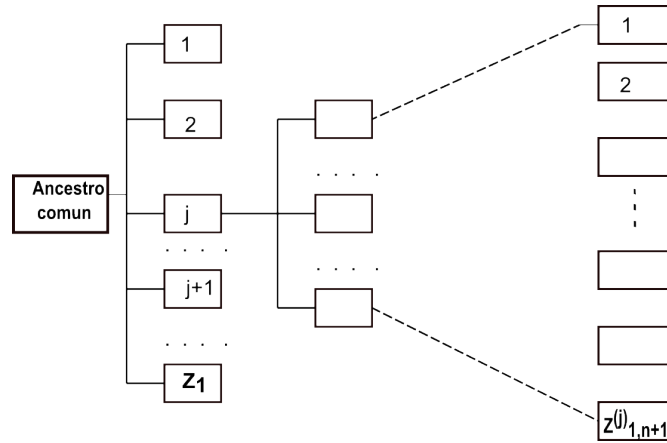


Figura 4.11: Representación del BGW retrospectivo, sumamos los bloques de la extrema derecha obtenemos Z_{n+1}

Una vez dada la descripción empecemos el modelo del crecimiento celular. Iniciaremos el proceso con una célula prolífica la cual se duplica y da lugar a dos células donde cada una presentará la siguiente tricotomía

- se reproducirá con probabilidad p_2
- quedará inactiva con p_1 de probabilidad⁵
- morirá sin haberse dividido con probabilidad p_0

claramente se debe de cumplir $p_0 + p_1 + p_2 = 1$. Este modelo esta construido de tal forma que podemos distinguir las células prolíficas de las que son inactivas, así nombramos a Z_n la cantidad de células prolíficas de la j -ésima célula al tiempo n y a Q_n a su contraparte de células sin actividad, de acuerdo a la nueva construcción del BGW

$$Z_{n+1} = \sum_{j=1}^{Z_1} Z_{1,n+1}^{(j)} \quad \text{y} \quad Q_{n+1} = \sum_{j=1}^{Q_1} Q_{1,n+1}^{(j)} \quad (4.4)$$

⁵En ocasiones se le conoce como estado quiescente o período Go del cual las células pueden salir y volver a tomar parte del ciclo celular si fuese necesario

donde $Z_{1,n+1}^{(j)}$ y $Q_{1,n+1}^{(j)}$ serán respectivamente el número de células prolíficas o inactivas de la j -ésima célula de la generación $n + 1$ en el proceso iniciado por un antepasado que nació al tiempo uno. Adicionalmente el número de células inactivas que habrá en cada generación será una, que es ella misma.

El estudio de su comportamiento será a través de la función generadora de probabilidades conjunta la cual esta definida como

$$f_n(s, w) = \mathbb{E}(s^{Z_{1,n}} s^{Q_{1,n}}) = \sum_{i,j \geq 0} s^i w^j \mathbb{P}(Z_{1,n} = i, Q_{1,n} = j) \quad \text{con } (s, w) \in [0, 1]^2 \quad (4.5)$$

donde habrá valores diferentes de cero para $i, j \leq 2$. De acuerdo a la propiedad de ramificación $Z_{1,n+1}^{(j)}$ y $Q_{1,n+1}^{(j)}$ tienen la misma distribución que Z_n, Q_n para toda $n \in \mathbb{N}$. Ahora bien, para obtener una recursión sobre (4.5) condicionamos (Z_{n+1}, Q_{n+1}) a los valores de (Z_1, Q_1) . En la tabla (4.1) obtenemos las posibilidades viables de (Z_1, Q_1) con su respectiva probabilidad e interpretación.

Cuadro 4.1: Casos posibles del modelo de reproducción celular

(Z_1, Q_1)	Probabilidad	Interpretación
(0,0)	p_0^2	ambas células mueren
(0,1)	$2p_0p_1$	una célula muere y la otra se vuelve inactiva
(0,2)	p_1^2	ambas células serán inactivas
(1,0)	$2p_2p_0$	una célula muere y la otra se replica
(1,1)	$2p_2p_1$	una célula se replica y otra queda inactiva
(2,0)	p_2^2	ambas células se replican

La interpretación en el BGW y su valor en la función generadora se da a través de la siguiente tabla donde los primeros tres valores es resultado de sustituir en la generadora de probabilidades

$$f_{n+1}(s, w) = \sum_{i,j=0}^2 s^i w^j \mathbb{P}(Z_n = i, Q_n = j)$$

Los 3 casos restantes los explicaremos a continuación. Cuando $Z_1 = 1$ se tiene que al momento que la célula se replique cada una de las dos células resultantes puede morir, replicarse o quedarse inactiva, es así que por la propiedad de ramificación se tiene el mismo proceso pero con la condición de que el ancestro estará en cualquiera de las n generaciones restantes. Si una célula es prolífica y la otra inactiva entonces se aplica el mismo argumento de ramificación con el detalle

Cuadro 4.2: Función generadora del modelo celular con inactividad

(Z_1, Q_1)	$(Z_{1,n+1}, Q_{1,n+1})$	$f_{n+1}(s, w)$
(0,0)	(0,0)	1
(0,1)	(0,1)	w
(0,2)	(0,2)	w^2
(1,0)	$(Z_{1,n+1}^{(1)}, Q_{1,n+1}^{(1)})$	$f_n(s, w)$
(1,1)	$(Z_{1,n+1}^{(1)}, Q_{1,n+1}^{(1)} + 1)$	$f_n(s, w)w$
(2,0)	$(Z_{1,n+1}^{(1)} + Z_{1,n+1}^{(2)}, Q_{1,n+1}^{(1)} + Q_{1,n+1}^{(2)})$	$(f_n(s, w))^2$

que al sumar 1 estamos se cuenta la célula inactiva Q_1 , por otra parte al tomar $f_n(s, w) = \mathbb{E}(s^{Z_{1,n}} w^{Q_{1,n}})$ se obtiene el resultado de la tabla (4.2). Para concluir, si las células son prolíficas se tendrán 2 subprocesos y al calcular su función generadora gracias a la independencia de cada subproceso

$$f_n(s, w) = \mathbb{E}(s^{Z_{1,n}^{(1)}} s^{Z_{1,n}^{(2)}} w^{Q_{1,n}^{(1)}} w^{Q_{1,n}^{(2)}}) = (\mathbb{E}(s^{Z_{1,n}} w^{Q_{1,n}}))^2$$

Como resultado de multiplicar las probabilidades de la tabla(4.1) con los valores de la generadora en (4.2) tenemos que

$$f_{n+1}(s, w) = (p_2 f_n(s, w) + p_1 w + p_0)^2 \quad (4.6)$$

Finalmente podemos conocer la función generadora para las células prolíficas o inactivas. De (4.5) al tomar $w = 1$ se obtiene la función generadora “marginal”

$$f_n(s, 1) = \sum_{i=0}^{\infty} \sum_{j=0}^{\infty} s^i \mathbb{P}(Z_{1,n} = i, Q_{1,n} = j) = \sum_{i=0}^{\infty} s^i \mathbb{P}(Z_{1,n} = i, \Omega) = f_n(s)$$

que al sustituir en (4.6), $f_n(s) = (p_2 f_n(s) + p_1 + p_0)^2$. De manera análoga se obtiene el resultado para las células inactivas al tomar $w = 1$.

Estas ideas son la base del modelo utilizado en [KA02] para establecer las diferencias en el crecimiento de las colonias de dos tipos de células fibroblásticas: Las células NIH y una versión modificada de ellas que lleva por nombre NIH(ras).

El primer tipo de célula se considera “normal ” para el estudio. Un oncogén es un gen anormal o activado que procede de una mutación de un gen llamado *proto-oncogén*. El término *ras* procede de “rats sarcoma” porque inicialmente se aisló de ratas que padecían sarcoma, bajo este preámbulo las células NIH(ras) se crearon al transferir el gen mutante *ras* oncogene en las células NIH, ya que dicha alteración del gen está relacionada con tumores malignos. Lo que arrojó el experimento fue

el tamaño de las colonias no varía mucho y que al tomar la función generadora de la suma de las variables $Z_n + Q_n$ reproduce de manera exacta la variabilidad de la colonias.⁶

⁶El lector que esté interesado en el procedimiento puede consultar [KA02] págs. 39-42

APÉNDICE \mathcal{A}

Apéndice

Definición A.1 (Cadena de Markov) Sea $(\Omega, \mathcal{F}, \mathbb{P})$ un espacio de Probabilidad, y \mathbf{E} un conjunto no vacío (finito o numerable). Una sucesión de variables aleatorias $\{X_n : \Omega \rightarrow \mathbf{E}, n = 0, 1, 2, \dots\}$ se llama Cadena de Markov homogénea con espacio de estados \mathbf{E} si se satisface la **Propiedad de Markov**, esto es, si para todo $n \geq 1$ y para cualesquiera $x_0, x_1, \dots, x_n, x, y \in \mathbf{E}$ se cumple.

$$\mathbb{P}(X_n = y | X_{n-1} = x, \dots, X_0 = x_0) = \mathbb{P}(X_n = y | X_{n-1} = x) \quad (\text{A.1})$$

Usualmente \mathbf{E} es un subconjunto de \mathbb{N}, \mathbb{Z} ó \mathbb{R}

A.1. Convolución de variables aleatorias

Sean X, Y variables aleatorias discretas, no negativas e independientes con distribuciones F_X, F_Y y funciones de densidades de masa p_X y p_Y respectivamente. A la distribución de probabilidad de $(X + Y)$ se le conoce como la **convolución** de X con Y (denotada como $F_X * F_Y$) y se define como sigue:

$$(F_X * F_Y)(s) = \sum_{k=0}^s F_X(s-k)p_Y(k) \quad (\text{A.2})$$

Veamos que de hecho (A.2) es la distribución de F_{X+Y} :

$$\begin{aligned}
 F_{X+Y}(s) &:= \mathbb{P}(X + Y \leq s) \\
 &= \sum_{y=0}^s \mathbb{P}(X + Y \leq s | Y = y) \mathbb{P}(Y = y) \\
 &= \sum_{y=0}^s \mathbb{P}(X \leq s - y | Y = y) p_Y \\
 &= \sum_{y=0}^s \mathbb{P}(X \leq s - y) p_Y = \sum_{y=0}^s F_X(s - y) p_Y
 \end{aligned}$$

La segunda igualdad usa la ley de probabilidad total ya que las variables aleatorias X y Y son no negativas. Finalmente al tener la independencia de dichas variables obtenemos la distribución de F_X y con esto concluimos la afirmación. Si derivamos (A.2) con respecto a s se sigue del hecho de que la suma es finita y del teorema fundamental del Cálculo que

$$f_{X+Y}(s) = \frac{d \left(\sum_{y=0}^s F_X(s - k) p_Y(k) \right)}{ds} = \sum_{y=0}^s f_X(s - k) p_Y(k)$$

Inductivamente se demuestra que si tenemos X_1, X_2, \dots, X_n variables aleatorias independientes e idénticamente distribuidas con distribución de probabilidad F entonces la suma de estas n variables aleatorias tienen función de distribución $\underbrace{F * \dots * F}_n$ que se denota simplemente F^{*n} , por lo que

$$\mathbb{P}(X_1 + \dots + X_n = j) = (F^{*n})(j) \tag{A.3}$$

La siguiente sección contempla el uso de la serie de potencias estudiadas en el capítulo 1. Se darán pruebas sobre los resultados que empleamos en dicho capítulo.

A.2. Series de Potencias

Definición A.2 Sea $\sum_{k=0}^{\infty} a_k$ una sucesión en \mathbb{R} y sea $x_0 \in \mathbb{R}$. La serie

$$\sum_{k=0}^{\infty} a_k (x - x_0)^k$$

de funciones reales de variable real se llama una **serie de potencias**. El radio de convergencia R de la serie anterior es

$$R = \sup \{ r \geq 0 \mid \sum_{k=0}^{\infty} a_k r^k \text{ converge} \}$$

Existe una fórmula que permite expresar el radio de convergencia de una serie de potencias en función de sus coeficientes. Si $\{a_k\}_{k=0}^{\infty}$ sucesión de coeficientes reales, en este caso el radio de convergencia es

$$\begin{cases} \frac{1}{\limsup_{k \rightarrow \infty} |a_k|^{1/k}} & \text{si } \limsup_{k \rightarrow \infty} |a_k|^{1/k} > 0 \\ \infty & \text{si } \limsup_{k \rightarrow \infty} |a_k|^{1/k} = 0 \end{cases}$$

aunque habitualmente se trabaja con los distintos valores de x para encontrar dicho radio de convergencia tal y como lo hicimos a lo largo del texto.

A.2.1. Propiedades de series de potencias

Sea Z un espacio métrico y V un espacio de Banach. $C_b^0(Z, V)$ será la notación para el espacio de funciones continuas y acotadas de Z a V y $\|f\|_{\infty} := \sup_{z \in Z} \|f(z)\|$ la norma uniforme. También se hará uso del criterio de Weierstrass para la convergencia de series¹

Proposición A.3 *Sea $(a_k)_{k \in \mathbb{N}}$ una sucesión en \mathbb{R} y $x_0 \in \mathbb{R}$. Las series de potencias*

$$\sum_{k=0}^{\infty} a_k (x - x_0)^k \quad \text{y} \quad \sum_{k=1}^{\infty} k a_k (x - x_0)^{k-1}$$

convergen uniformemente en $[x_0 - r, x_0 + r]$ para todo $r \in (0, R)$.

Demostración. Sea $r \in (0, R)$. Definimos $f_k \in C_{[x_0 - r, x_0 + r]}^0$ como

$$f_k = a_k (x - x_0)^k$$

Probaremos que la sucesión $(f_k)_{k \in \mathbb{N}}$ satisface el criterio de Weierstrass. De la definición de radio de convergencia se sigue que existe $\hat{r} \in (r, R)$ tal que $\sum_{k=0}^{\infty} a_k \hat{r}^k$ converge en \mathbb{R} . Por tanto, existe un $c \in \mathbb{R}$ tal que $|a_k \hat{r}^k| < c$ para todo $k \in \mathbb{N}$ en consecuencia para toda $k \in \mathbb{N}$ y para todo $x \in [x_0 - r, x_0 + r]$

$$|f_k(x)| = |a_k| |x - x_0|^k \leq |a_k| \hat{r}^k \theta^k \leq c \theta^k$$

donde $\theta := \frac{r}{\hat{r}}$. Se tiene entonces que

$$\|f_k\|_{\infty} \leq c \theta^k \quad \text{para toda } k \in \mathbb{N}$$

como consecuencia del criterio de Weierstrass $\sum_{k=0}^{\infty} a_k (x - x_0)^k$ converge uniformemente en $[x_0 - r, x_0 + r]$.

Por otra parte si definimos $g_k \in C^0[x_0 - r, x_0 + r]$ como $g_k(x) := k a_k (x - x_0)^{k-1}$, con $k \geq 1$ tenemos que

¹ Si Z es un espacio métrico, V un espacio de Banach y $(f_k)_{k \in \mathbb{N}}$ una sucesión en $C_b^0(Z, V)$. Si la serie de números reales $\sum_{k=0}^{\infty} \|f_k\|_{\infty}$ converge, entonces $\sum_{k=1}^{\infty} f_k$ converge uniformemente en Z a una función $f \in C_b^0(Z, V)$ que se denota por $f := \sum_{k=0}^{\infty} f_k$

$$|g_k(x)| = k|a_k||x-x_0|^{k-1} \leq \frac{C}{r} k\theta^{k-1} \quad \text{para toda } k \in \mathbb{N}, \text{ y para toda } x \in [x_0-r, x_0+r]$$

Por tanto $\|g_k\|_\infty \leq \frac{C}{r} k\theta^{k-1}$. Dado que la serie $\sum_{k=1}^{\infty} k\theta^{k-1}$ converge en \mathbb{R} (es una serie geométrica), de la misma forma que el caso anterior concluimos que

$$\sum_{k=1}^{\infty} k a_k (x-x_0)^{k-1}$$

converge uniformemente en $[x_0-r, x_0+r]$ \square

Proposición A.4 *Si $f_k : [a, b] \rightarrow \mathbb{R}$ es una sucesión de funciones continuamente diferenciables en $[a, b]$ tales que $(f_k)_{k \in \mathbb{N}}$ converge a f puntualmente en $[a, b]$ y $(f'_k)_{k \in \mathbb{N}}$ converge a g uniformemente en $[a, b]$ entonces f es continuamente diferenciable en $[a, b]$ y $f' = g$*

Demostración. Sea $x_0 \in (a, b)$. Al usar el teorema del valor medio a la función $f_j - f_k$ se tiene que, para cada $x \in (a, b)$ existe $\xi_x \in (a, b)$ tal que

$$f_j(x) - f_k(x) - (f_j(x_0) - f_k(x_0)) = (f'_j(\xi_x) - f'_k(\xi_x))(x - x_0)$$

en consecuencia, para toda $x \in (a, b)$

$$|f_j(x) - f_j(x_0) - f_k(x) + f_k(x_0)| \leq \|f'_j - f'_k\|_\infty |x - x_0|$$

como $(f'_k)_{k \in \mathbb{N}}$ converge en $C^0[a, b]$, dada $\epsilon > 0$ existe $k_0 \in \mathbb{N}$ tal que

$$|f_j(x) - f_j(x_0) - f_k(x) + f_k(x_0)| \leq \frac{\epsilon}{3} |x - x_0| \quad \text{para toda } x \in (a, b), k \geq k_0 \quad (\text{A.4})$$

por otra parte existe $k_1 \in \mathbb{N}$ tal que

$$|f'_k(x_0) - g(x_0)| \leq \frac{\epsilon}{3} \quad \text{para toda } k \geq k_1 \quad (\text{A.5})$$

sea $k_* := \max\{k_0, k_1\}$ y sea $\delta > 0$ tal que

$$\left| \frac{f_{k_*}(x) - f_{k_*}(x_0)}{x - x_0} - f'_{k_*}(x_0) \right| < \frac{\epsilon}{3} \quad \text{si } |x - x_0| < \delta \quad (\text{A.6})$$

de las desigualdades (A.4), (A.5), (A.6), se sigue que

$$\begin{aligned} \left| \frac{f(x) - f(x_0)}{x - x_0} - g(x_0) \right| &\leq \left| \frac{f(x) - f(x_0)}{x - x_0} - \frac{f_{k_*}(x) - f_{k_*}(x_0)}{x - x_0} \right| \\ &+ \left| \frac{f_{k_*}(x) - f_{k_*}(x_0)}{x - x_0} - f'_{k_*}(x_0) \right| + |f'_{k_*}(x_0) - g(x_0)| \\ &< \epsilon \quad \text{si } |x - x_0| < \delta \end{aligned} \quad (\text{A.7})$$

Es decir f es diferenciable en x_0 y $f'(x_0) = g(x_0)$. Finalmente como $f_k \in C^0[a, b]$, se tiene que $g \in C^0[a, b]$, es decir, f es continuamente diferenciable en $[a, b]$ \square

Corolario A.5 Sea $(a_k)_{k \in \mathbb{N}}$ una sucesión en \mathbb{R} y $x_0 \in \mathbb{R}$. La serie de potencias

$$\sum_{k=0}^{\infty} a_k (x - x_0)^k$$

es continuamente diferenciable en $(x_0 - R, x_0 + R)$, donde R es su radio de convergencia, y su derivada es la serie de potencias

$$\sum_{k=1}^{\infty} k a_k (x - x_0)^{k-1}$$

Demostración. Sea $x \in (x_0 - R, x_0 + R)$. Escogamos $r \in (|x - x_0|, R)$ y denotemos por

$$f_k := \sum_{j=0}^k a_j (x - x_0)^j, \quad f(x) := \sum_{j=0}^{\infty} a_j (x - x_0)^j, \quad g(x) := \sum_{j=1}^{\infty} j a_j (x - x_0)^{j-1}$$

Las funciones $(f_k)_{k \in \mathbb{N}}$ son continuamente diferenciables entonces converge uniformemente a f en $[x_0 - r, x_0 + r]$ y f'_k converge uniformemente a g en $[x_0 - r, x_0 + r]$. Por la proposición anterior sabemos que f es continuamente diferenciable en $[x_0 - r, x_0 + r]$ y que $f' = g$ en dicho intervalo. En particular, f , es diferenciable en x y $f'(x) = g(x)$ \square

A.3. Lema de Borel Cantelli

Veamos la demostración de este lema, para eso recordemos que éste lema menciona que si $(\Omega, \mathcal{F}, \mathbb{P})$ es un espacio de probabilidad y $\{A_k\}_{k=1}^{\infty} \in \mathcal{F}$ una sucesión de eventos

1. Si $\sum_{k=1}^{\infty} \mathbb{P}(A_k) < \infty \Rightarrow \mathbb{P}(\limsup_{k \rightarrow \infty} A_k) = 0$
2. Si la sucesión $\{A_k\}_{k=1}^{\infty}$ es independiente y $\sum_{k=1}^{\infty} \mathbb{P}(A_k) = \infty$ entonces $\mathbb{P}(\limsup_{k \rightarrow \infty} A_k) = 1$

Demostración. Ya que $\limsup_{k \rightarrow \infty} A_k = \bigcap_{k=1}^{\infty} \bigcup_{n=k}^{\infty} A_n$ entonces

$$\mathbb{P}(\limsup_{k \rightarrow \infty} A_k) \leq \mathbb{P}\left(\bigcup_{n=k}^{\infty} A_n\right) \leq \sum_{n=k}^{\infty} \mathbb{P}(A_n)$$

como el último término es la cola de la sucesión y estamos bajo la hipótesis de que dicha serie converge se sigue que dicha serie tiende a cero conforme $k \rightarrow \infty$. En el otro caso tenemos que $\sum_{k=1}^{\infty} \mathbb{P}(A_k)$ con $(A_k)_{k=1}^{\infty}$ una sucesión independiente, entonces podemos utilizar el primer caso, por lo que tenemos que demostrar que

$$\mathbb{P}((\limsup_{k \rightarrow \infty} A_k)^c) = \mathbb{P}\left(\bigcap_{k=1}^{\infty} \bigcup_{n=k}^{\infty} A_n^c\right) = 0$$

para esta condición simplemente basta con mostrar que $\mathbb{P}(\bigcup_{n=k}^{\infty} A_n) = 0$ para toda k . Al ser A_k^c una sucesión de eventos también independientes, al usar que $1 - t \leq e^{-t}$ para $t \in \mathbb{R}$

$$\mathbb{P}\left(\bigcup_{n=k}^K (A_n)^c\right) = \prod_{n=k}^K [1 - \mathbb{P}(A_n)] \leq \prod_{n=k}^K e^{-\mathbb{P}(A_n)} = \exp\left(-\sum_{n=k}^K \mathbb{P}(A_n)\right)$$

El último término de la expresión anterior converge a cero cuando $K \rightarrow \infty$ y con esto concluimos la demostración. \square

Bibliografía

- [AR96] Gerold Alsmeyer y Uwe Rosler. The bisexual galton-watson process with promiscuos mating: extinction probabilities in the supercritical case. *The Annals of Applied Probability* 6(3), 922–939 Agosto 1996.
- [Bar06] Florent Barret. Stage d’initiation à la recherche. . 2006.
- [BBDLJRR⁺02] Alberts B., M. Bray D. Lewis J. Raff, Roberts, K. y Watson J.D. *Molecular Biology of the Cell*. Garland Science, 4th edición 2002.
- [Bré91] Pierre Brémaud. *Markov Chains Gibbs Fields, Monte Carlo Simulation and Queues*. Springer 1991.
- [Cla09] Mónica Clapp. *Notas del Curso de Anlisis I y Análisis II*. 2008-2009.
- [CRUV04] María Emilia Caballero, V.M. Rivero, G. Uribe y C. Velarde. *Cadenas de Markov. Un enfoque elemental*. Número 29 en Aportaciones Matemáticas. Sociedad Matemática Mexicana, Mexico, segunda edición 2004.
- [DHT86] D. J. Daley, David M. Hull y James M. TaylorSource. Bise-xual galton-watson branching processes with superadditive mating functions. *Journal of Applied Probability*, 23(3), 585–600 1986.
- [Har63] Theodore E. Harris. *The Theory of Branching Process*. Springer-Verlang, New York 1963.
- [HJV05] P. Haccou, P. Jagers y V.A. Vatutin. *Branching Processes: Variation, Growth and Extinction of Probabilities*. Cambridge University Press 2005.

- [KA02] Marek Kimmel y David E. Axelrod. *Branching Process in Biology*. Número 19 en *Interdisciplinary Applied Mathematics*. Springer, USA 2002.
- [Mél09] Sylvie Méléard. Quasi-stationary distributions for population processes. En *VI Escuela De Probabilidad y Procesos Estocásticos 2009*.
- [PHS81] S.C. Port P.G. Hoel y C.J. Stone. *Introduction to Stochastic Processes*. Houghton Mifflin 1981.
- [PM00] Juan Carlos. Pardo Millan. Relación entre los Procesos de Ramificación y los Procesos de Lévy. Tesis de licenciatura, Universidad Nacional Autónoma de México 2000.
- [Roe] Sylvie Roelly. Ejemplos de procesos de markov: Los procesos de ramificación de Bienaymié-Galton-Watson.
- [Tud02] C. Tudor. *Procesos estocásticos*. Sociedad Matemática Mexicana 2002.