



Universidad Nacional Autónoma de México

Facultad de Ciencias

Procesos evolutivos torneo-valorados

T E S I S

Que para obtener el título de

Matemática Aplicada

P R E S E N T A

Argelia Ximena Hernández Recio

D I R E C T O R D E T E S I S

Dr. Adrián González Casanova Soberón

C O D I R E C T O R A D E T E S I S

Dra. María Clara Fittipaldi

Ciudad Universitaria, CDMX, 2021



Universidad Nacional
Autónoma de México



UNAM – Dirección General de Bibliotecas
Tesis Digitales
Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS ©
PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

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

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

DATOS DEL ALUMNO

Hernández
Recio
Argelia Ximena
Universidad Nacional Autónoma de México
Facultad de Ciencias
Matemáticas Aplicadas
313201855

DATOS DEL TUTOR

Dr.
Adrián
González Casanova
Soberón

DATOS DEL COTUTOR

Dra.
María Clara
Fittipaldi

DATOS DEL SINODAL 1

Dra.
Laura Clementina
Eslava
Fernández

DATOS DEL SINODAL 2

Dra.
Ayari
Fuentes
Hernández

DATOS DEL SINODAL 3

Dr.
José Luis Ángel
Pérez
Garmendia

DATOS DEL TRABAJO ESCRITO

Procesos evolutivos torneo-valuados
94 pp.
2021

PROCESOS EVOLUTIVOS TORNEO-VALUADOS



ARGELIA X. H. RECIO

AGRADECIMIENTOS

Agradezco a mi Mommy y a mi Oscarín por brindarme todo el amor y apoyo que me han traído hasta este punto en mi vida y sin el cual no sería quien soy ahora.

A mi Ale, por creer en mí y estar a mi lado, por la infinidad de cosas que he aprendido junto a él y por todo lo que aún nos espera.

A Julio N. por compartir conmigo este camino y ser un enorme apoyo.

A Paco y a Luis porque los primeros años sin ellos hubieran sido un infierno y por obsequiarme su amistad repleta de carcajadas.

A Laurita, a Julio S., a Fer Azul, a Gaby, a Diego y a Martín, por darme tan bonitos momentos en la facultad y fuera de ella.

A Javier Páez, por todos los consejos y por darnos a todos el cubo, un espacio dedicado a la camaradería y el aprendizaje.

A Adrián y a Clara por enseñarme tanto, por su tiempo, dedicación y paciencia, y por permitirme hacer de este trabajo algo muy mío.

A mis sinodales por leer este trabajo, especialmente a Laura por sus sugerencias que enriquecieron esta tesis.

AGCS agradece el apoyo del Conacyt por medio de CONACYT CIENCIA BASICA A1-S-14615.

ÍNDICE

RESUMEN	1	03	
INTRODUCCIÓN	3	R-PROCESO EVOLUTIVO TORNEO-VALUADO	44
01		2.1 r -proceso evolutivo torneo-valuado	
PRELIMINARES	7	2.2 r -proceso torneo-valuado	
1.1 Modelo de Wright-Fisher		04	
1.2 Modelo de Wright-Fisher con selección		PROCESO EVOLUTIVO TORNEO-VALUADO CON MUTACIÓN	54
1.3 Teoría de torneos		CONCLUSIONES	62
1.4 Trabajos relacionados		CÓDIGOS	64
1.5 Generalidades del modelo		BIBLIOGRAFÍA	94
02			
PROCESO EVOLUTIVO TORNEO-VALUADO SIMPLE	26		



RESUMEN

En una población donde sólo el más apto sobrevive, la competencia no jerárquica puede ser la clave para la diversidad. La mayor contribución de este trabajo consiste en definir un nuevo proceso estocástico inspirado en este tipo de interacciones biológicas. Estudiamos algunas de sus propiedades a través de simulaciones computacionales y planteamos conjeturas que con suerte inspirarán futuras investigaciones.

Un torneo es una representación mediante una gráfica dirigida donde los vértices son los tipos en la población y las flechas entre vértices indican la relación competitiva entre dos tipos, de tal manera que para cada par de ellos podemos escoger un ganador. Para poder estudiar las propiedades de los torneos que producen una población más diversa por la mayor cantidad de generaciones, simulamos mediante el modelo de Wright-Fisher poblaciones con dinámicas de competencia generadas por torneos. Esto nos permitió observar que la estructura de un torneo en cuanto al equilibrio de victorias y derrotas por cada vértice resulta un elemento relevante, además de ser una característica cuantificable mediante un coeficiente que ilustre la relación entre la diversidad y la estructura del torneo.

Ya que conocemos la singular estructura de algunos torneos, nos importa saber qué tan accesible es la construcción de esa gráfica a partir de otros torneos, así como la magnitud temporal vista en generaciones de cuánto tiempo se está pasando en este tipo de estructuras. Este estudio lo realizamos mediante un proceso que mantiene constante la cantidad de tipos en la población.

Finalmente, con el objetivo de hacer el modelo un poco más realista, en lugar de estudiar relaciones de competencia previamente designadas, nos aventuramos a generar relaciones aleatorias con nuevos tipos provenientes de mutaciones. Los torneos que generen relaciones más equilibradas permanecerán por más tiempo, mientras que el resto se extinguirán rápidamente.



ABSTRACT

In a population where only the fittest survives, nonhierarchical competition can be the key to diversity. The major contribution from this work is providing a definition to a new stochastic process inspired in this kind of biological interactions. We study some of its properties through simulations and pose some conjectures that will bring future investigations.

A tournament is a representation through a directed graph where the vertices depict the types within a population and the arrows between vertices indicate the competitive relationship between two types, such that for every pair we can appoint a winner. In order to study the tournament properties that lead to a more diverse population for a larger amount of generations, we simulate a population related to a tournament via the Wright-Fisher model. This allowed us to observe that the tournament's structure in regard to the equilibrium of victories and defeats is a relevant feature which is also quantifiable through a coefficient that illustrates the relationship between diversity and the structure of the tournament.

Now that we know the peculiar structure of some tournaments, it is important to know how accessible is their construction from other tournaments, as well as the time magnitude measured in generations of how much time is spent in that kind of structures. This study was conducted through a process that maintains the amount of types in the population constant.

Finally, with the objective of proposing a more realistic model, instead of studying competitive relationships previously assigned, we ventured into generating random relationships with new types coming from mutations. Those tournaments that give rise to more balanced relationships will be the ones staying longer, meanwhile the rest will be rapidly extinguished.



INTRODUCCIÓN

La selección natural nos dice que la evolución hará que el organismo más apto sea el sobreviviente y quien heredará sus características a su descendencia, mientras que los organismos que posean características menos propicias para su hábitat desaparecerán con el tiempo. Dejando de lado este mecanismo por un momento, imaginemos una población en la que tenemos tres tipos distintos de lagartijas macho: naranjas, los cuales son muy dominantes y agresivos, mantienen territorios muy grandes y se aparean con todas las hembras de su territorio; azules, que prefieren mantener territorios pequeños y aparearse con una sola hembra; y finalmente, amarillos, quienes en lugar de establecerse en un solo territorio, optan por recorrer territorios de otros machos y aparearse con sus hembras cuando no las están vigilando. Si ahora nos preguntamos en este caso cuál será el tipo más apto y cuyas características dominarán en la población, una respuesta natural podría ser que el naranja, ya que tiene muchas hembras y por tanto es probable que deje más descendencia, o podría ser el amarillo, cuya táctica es evasiva y evita la confrontación. Cualquiera de estas respuestas está completamente errada, pues los tres coexisten en la población indefinidamente.

Las lagartijas de las cuales estamos hablando no son imaginarias, pertenecen a la especie *Uta stansburiana*, y en efecto presentan el polimorfismo y comportamiento que mencionamos antes. Naturalmente nos preguntamos ¿cómo es que sucede esto?, y la clave está en no mirar a cada uno de los tipos por separado sino la relación que hay entre ellos. Al ser dominantes y agresivos, los machos naranjas les quitan hembras y territorio a los machos azules, pero al tener tantas hembras y terrenos tan grandes no les es posible controlar todo, situación de la cual se aprovechan los amarillos para escabullirse en sus territorios y aparearse con sus hembras. No obstante, los azules, monógamos y con territorios pequeños, no permiten a los amarillos en sus tierras e incluso trabajan en equipo para echarlos. Además, para favorecer aún más el equilibrio, las hembras prefieren a los machos cuyo fenotipo sea escaso en la población. Esta dinámica, carente de jerarquía, es similar al juego de niños que conocemos como piedra, papel o tijera, y la responsable de perpetuar la diversidad en la población.

Este particular ejemplo de la naturaleza es la motivación que dio fruto al siguiente trabajo, ya que nuestro objetivo es estudiar poblaciones con distintos tipos de individuos donde la única interacción entre ellos sea la competencia, y que aun así puede alcanzar una población diversa y equilibrada durante periodos largos de tiempo. Es decir, queremos modelar poblaciones conformadas por varios tipos que tengan una distribución en promedio equitativa entre los distintos tipos a lo largo de varias generaciones.

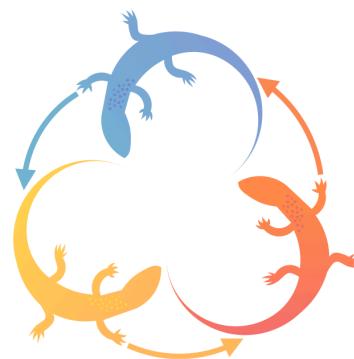


Figura A: Dinámica del comportamiento reproductivo de la *Uta stansburiana*.

Debido a la novedad del tema, para obtener información sobre las estructuras que más se acercan a arrojar poblaciones con las características que buscamos, modelamos poblaciones por medio de simulaciones en R utilizando el modelo de Wright-Fisher con selección. De esta manera, ganamos intuición en cuanto a cuáles son las propiedades que nos interesan de las estructuras, y qué parámetros son los que nos resultan convenientes.

A partir de estas simulaciones surgen los *procesos evolutivos torneo valuados (eTV)*, una nueva familia de procesos estocásticos que toman valores en los torneos generados por las interacciones entre los distintos tipos de una población. En términos sencillos, un torneo es una gráfica dirigida tal que para cualesquiera dos vértices existe una flecha que los conecta en un solo sentido. En este contexto, cada vértice representa un tipo en la población y cada flecha la relación de competencia entre dos tipos, de modo que si $u \rightarrow v$, entonces diremos que u vence a v .

Comenzaremos entonces por un torneo que dicta las relaciones preexistentes en la población, incluyendo al torneo trivial que consta únicamente de un vértice y ningún arco. Con el paso de las generaciones algunos tipos alcanzarán la frecuencia cero, es decir, que ya no queda

ningún individuo en la población perteneciente a ese tipo; cuando esto ocurre el vértice correspondiente será eliminado del torneo junto con todos sus arcos, induciendo un nuevo torneo. Otra posibilidad es que a la población llegue un nuevo tipo, supongamos que por una mutación, y en ese caso se agregará un nuevo vértice al torneo y se definirán nuevas relaciones con el resto de los vértices de forma aleatoria.

Una vez que contemos con estas bases descritas en el capítulo de preliminares, podemos avanzar al primer capítulo donde introduciremos el *proceso eTV simple* y discutiremos algunas de sus propiedades. Realizamos varias simulaciones con los distintos torneos no isomorfos del mismo orden y con la misma generación inicial. Cada vez que en la población el proceso de frecuencia de un tipo toma el valor cero, ese tipo ya no regresa a la población, por lo que, al no haber mutación ni migración, eventualmente quedará un único tipo en la población que diremos que se ha fijado. Los torneos correspondientes a las simulaciones en las que tome más generaciones en desaparecer alguno de los tipos y en fijarse algún tipo serán aquellos que proporcionen a las poblaciones más estables. El proceso eTV simple es entonces el proceso generado por la secuencia de subgráficas inducidas con la pérdida de cada tipo, que converge al torneo trivial de un sólo vértice y ninguna arista.

En el capítulo 2 analizamos el *r-proceso eTV*, donde a diferencia del proceso eTV simple cada vez que un tipo desaparece de la población aparece de nuevo con un único individuo y nuevas aristas dirigidas uniformemente al azar, provocando que este nuevo proceso tome valores exclusivamente en los torneos de orden r . A través de este modelo pretendemos estudiar la accesibilidad que se tiene para llegar a los distintos torneos, es decir, una vez que se está en cierta configuración, ¿qué probabilidad hay de llegar otra?

Finalmente, en el capítulo 3, con el propósito de conseguir un modelo más cercano a la realidad trabajamos con el *proceso eTV con mutación*, en el cual comenzamos con una población en la que sólo existe un tipo pero a cierta tasa llega un nuevo individuo con un tipo distinto y una relación aleatoria con cada uno de los n tipos presentes en la población.



CAPÍTULO 01

PRELIMINARES

El objetivo de este capítulo es presentarle al lector modelos previos, resultados y conceptos que serán la base sobre la cual se fundamentará este trabajo.

1.1 Modelo de Wright-Fisher

En genética de poblaciones el *modelo de Wright-Fisher* es utilizado para describir la evolución de la frecuencia de los alelos que caracterizan a una población discreta a lo largo de las generaciones por medio de la heredabilidad de los individuos. La construcción de este modelo comienza con una población que consta de N individuos con k alelos distintos, el tamaño de la población permanece constante con el paso de las generaciones. En cada generación, todos los individuos serán descendientes directos de los individuos de la generación anterior, provocando que las generaciones no se traslapen entre sí. Los individuos heredan el tipo de su madre, y cada individuo escoge a su madre mediante un muestreo aleatorio con reemplazo de los N individuos de la generación anterior. Para simplificar la notación, seguiremos la evolución de un único alelo (A) y a todos los alelos distintos los agrupamos como uno solo (a), entonces si en una generación tenemos $x \in [N]$ individuos que presentan el alelo A , la probabilidad de que en la siguiente generación $y \in [N]$ individuos presenten ese mismo alelo es

$$P_{xy} = \binom{N}{y} \left(\frac{x}{N}\right)^y \left(\frac{1-x}{N}\right)^{N-y} \quad 0 \leq x, y \leq N$$

Estas probabilidades de transición nos permiten definir una cadena de Markov Y_g a tiempo discreto con distribución binomial en N ensayos y probabilidad de éxito igual a la frecuencia del alelo A en la generación anterior. Además, podemos calcular la cantidad esperada de individuos con el alelo A en la generación $g + 1$, dado que en la generación anterior hubo x individuos con ese alelo

$$\mathbb{E}(Y_{g+1} | Y_g = x) = N \frac{x}{N} = x$$

Una visualización de este proceso la obtenemos en la *gráfica de Wright-Fisher* (figura 1.1), en la cual representamos a cada individuo como un vértice que acomodamos por columnas dependiendo de la generación a la que pertenezca; de esta forma, definimos al conjunto de vértices como $V = [N] \times \mathbb{Z}$ (donde $[N] = \{1, 2, \dots, N\}$). La relación entre madres e hijos la ilustramos a través de una arista, por lo que el individuo i en la generación $g + 1$ tendrá asociada una variable aleatoria con distribución uniforme que le permita escoger a su madre de entre los N individuos de la generación g , es decir, el conjunto de aristas será definido como $E = \{((i, g + 1), (U_{(i, g + 1)}, g)) : i, U_{(i, g + 1)} \in [N], g \in \mathbb{Z}, \}$, donde $\{U_v\}_{v \in V}$ es una colección de variables aleatorias iid uniformes en $[N]$.

Los distintos alelos en la población tendrán como efecto que haya distintos tipos de individuos, por lo que, si relacionamos cada tipo con un color y en la generación inicial coloreamos a los vértices en concordancia con su tipo, podemos continuar coloreando el resto de la gráfica inductivamente mediante una simple regla de coloración.

Sea $C \subset \mathbb{N}$ el conjunto finito de colores en la población y $\xi : V \mapsto C$ la función que manda a cada vértice en su tipo. Para cualquier vértice $(i, g + 1) \in V$, sabemos que existe un vértice en la generación anterior que representa a su madre, supongamos (j, g) . Este parentesco lo ilustramos mediante una arista, por lo que existe $e \in E$ tal que $e = ((i, g + 1), (j, g))$. Así, debido a la existencia de esta arista, tenemos que $\xi((j, g)) = \xi((i, g + 1))$ en otras palabras, si dos vértices están conectados por una arista, entonces tendrán el mismo color.

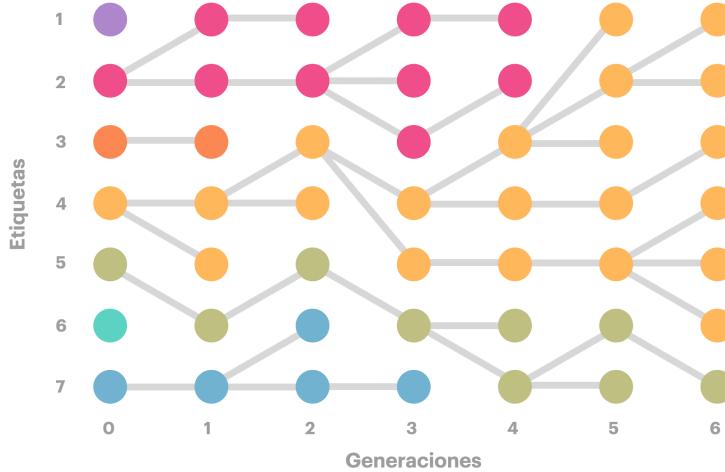


Figura 1.1: Gráfica de Wright-Fisher.

Si ahora nos interesara seguir el comportamiento de un solo color, lo podemos hacer a partir del *proceso de frecuencias* $\{X_g^{(k)}\}$. El proceso se construye contando la cantidad de individuos de color k en la generación g .

$$X_g^{(k)} = \frac{\sum_{i=1}^N 1_{\{\xi(i,g)=k\}}}{N}$$

Es así que $\{\bar{X}_g\}_{g \in \mathbb{N}} = \{(X_g^{(k)} : k \in [|C|])\}_{g \in \mathbb{N}}$ es una cadena de Markov por lo que las frecuencias de cada generación dependerán únicamente de las frecuencias en la generación previa, así que nos permite conocer las frecuencias relativas de todos los tipos en diferentes generaciones.

Bajo las hipótesis de este modelo, en las cuales no consideramos migración ni mutación, al fijarnos en la evolución de un tipo existen dos momentos particularmente relevantes en su

genealogía relativos a la frecuencia. Estos son cuando su frecuencia alcanza cero, lo cual indicará que se ha extinguido porque ya no hay ningún individuo que sea de ese tipo y por tanto no podrá reaparecer en la población; y el segundo caso es cuando su frecuencia alcanza uno, es decir, todos los individuos en la población pertenecen a ese tipo, por lo que éste se habrá fijado. Estos dos escenarios representarán estados absorbentes de la cadena de Markov.

Para expresar estos momentos con rigor matemático hacemos uso de una variable aleatoria τ a la cual llamaremos *tiempo de fijación* y la definiremos como

$$\tau = \min\{g : X_g^{(k)} = 1 \text{ para alguna } k \in C\}$$

es decir, el primer momento en el cual todos los individuos son del tipo k , para cualquier $k \in C$. Tenemos entonces el siguiente resultado.

Teorema. Sea Y_g la cantidad de individuos de tipo k al tiempo g . En el modelo de Wright-Fisher neutral, la probabilidad de fijación del tipo k y la extinción de los otros tipos, empezando en la generación 0 con x individuos del tipo k es

$$\mathbb{P}(Y_\tau = N \mid Y_0 = y) = \frac{y}{N}$$

Demostración. Comencemos por notar que la cantidad esperada de individuos del tipo k en la generación g , dado que iniciamos en la generación 0 con y individuos, la podemos separar en dos escenarios, previo a que ocurra la fijación y posterior a ello. Es decir,

$$\mathbb{E}_y(Y_g) = \mathbb{E}_y(Y_g \mathbf{1}_{\{g < \tau\}}) + \mathbb{E}_y(Y_g \mathbf{1}_{\{g \geq \tau\}}) \tag{1.1}$$

donde $\mathbb{E}_y(Y_g)$ lo utilizamos para denotar $\mathbb{E}(Y_g \mid Y_0 = y)$ y $\mathbb{E}(Y \mathbf{1}_A)$ lo utilizamos para expresar la cantidad esperada de Y en el conjunto A .

Dado que el tamaño de la población es finito, siempre será posible que en algún momento todos los individuos sean del mismo tipo, dicho de otra manera, la fijación es alcanzable y por tanto para alguna generación suficientemente grande, habremos pasado a τ casi seguramente. Por esta razón, si hacemos $g \rightarrow \infty$, el primer sumando de (1.1) tenderá a cero. Además, como el escenario en el segundo sumando es $g \geq \tau$, la fijación ya ha ocurrido por lo que $Y_g = Y_\tau$, y como Y_τ no depende de g , entonces el segundo sumando tenderá a $\mathbb{E}_y(Y_\tau)$.

Por otra parte, como la distribución de Y_g es $Bin(N, \frac{y}{N})$, entonces

$$\mathbb{E}(Y_{g+1} | Y_g = y) = N \frac{y}{N} = y = Y_g$$

así que, al tomar la esperanza por ambos lados de la ecuación, obtenemos que $\mathbb{E}(Y_{g+1}) = \mathbb{E}(Y_g)$, es decir, que la cantidad esperada de individuos de cada tipo permanece constante con respecto del tiempo. Esto quiere decir que

$$\begin{aligned} \mathbb{E}_y(Y_\tau) &= y = N \mathbb{P}(Y_\tau = N | Y_0 = y) \\ \implies \mathbb{P}(Y_\tau = N | Y_0 = y) &= \frac{y}{N} \end{aligned}$$

□

Lo que este resultado nos quiere transmitir es que sin importar cómo sea la estructura de la población, siempre que no haya migración o mutaciones, en alguna generación todos los individuos serán del mismo tipo. Más aún, la probabilidad de que ocurra la fijación depende únicamente de la cantidad inicial de individuos del tipo A que deseamos observar y del tamaño de la población.

1.2 Modelo de Wright-Fisher con selección natural

La naturaleza es un mundo salvaje y peligroso donde no cualquiera logra sobrevivir, solamente aquellos que poseen las características que mejor le permiten adaptarse a su entorno son quienes prevalecerán y conseguirán heredar sus ventajosas cualidades a su descendencia. Con el fin de que este modelo sea más parecido a la realidad, podemos agregar la selección natural como un factor, el cual provoca que algunos individuos sean más aptos que otros y por tanto tengan mayores posibilidades de transmitir sus genes a la siguiente generación, de modo que, si un individuo tiene dos madres potenciales, elegirá a la más apta.

La forma en que introducimos selección al modelo de Wright-Fisher será mediante un conjunto de madres potenciales. Esto se refiere a que ahora no todos los individuos de una nueva generación escogerán a su madre uniformemente al azar de entre los individuos de la generación anterior, sino que con cierta probabilidad algunos individuos realizarán un muestreo al azar con reemplazo de m individuos en la generación pasada, los cuales competirán por ser la madre real del individuo y aquel que sea más apto será la madre real.

La gráfica de Wright-Fisher con selección difiere únicamente de la del modelo neutral en el conjunto de aristas, ya que el conjunto de vértices sigue siendo $V = [N] \times \mathbb{Z}$. Al conjunto E lo construimos con la siguiente herramienta:

- (i) Para todo $v \in V$, M_v es el número aleatorio de madres potenciales del vértice v .
- (ii) Para todo $m \in [M_v]$ y $v \in V$, $U_v^m \in [N]$ es la etiqueta de la m -ésima madre potencial de v .
- (iii) $\{M_v\}_{v \in V}$ es iid, $\{U_v^m\}_{v \in V, m \in [M_v]}$ es iid y, $\{M_v\}_{v \in V}$ y $\{U_v^m\}_{v \in V, m \in [M_v]}$ son independientes.

Entonces, el conjunto de aristas queda definido como

$$E = \{((U_v^m, g - 1), v) : v = (i, g) \in V, m \in [M_v], i \in [N]\}.$$

Por tanto, cada vértice (i, g) tendrá asociado un conjunto de madres potenciales, el cual será un conjunto de vértices cuya segunda coordenada sea $g - 1$ y sean adyacentes a (i, g) . Con el objetivo de poder establecer una relación de superioridad clara entre los tipos, trabajamos bajo la condición de $M_v \in \{1, 2\}$, lo cual significa que cada individuo tendrá una o dos madres potenciales. Bajo esta suposición, la distribución de M_v esta determinada por $\mathbb{P}(M_v = 2) = p$. Automáticamente esto tendrá un efecto en la coloración de la gráfica, dado el conjunto de colores $C \subset \mathbb{N}$ finito, la función $c : C^2 \mapsto C$ será la regla de coloración que le asigna el color a cada vértice dependiendo del color de sus madres. De esta forma, $c(v, v) = \xi(v)$ y $c(v, u) = c(u, v) \in \{\xi(v), \xi(u)\}$, una interpretación que le podemos dar a esto es que si las dos madres son del mismo tipo es indiferente cuál sea la madre real, por lo que será como tener una sola madre potencial. Si las madres son de distinto tipo, entonces el individuo será del color de la madre con superioridad selectiva.

Al asignarle colores a la generación inicial y determinar una regla de coloración nos es posible colorear inductivamente toda la gráfica:

- (i) Si v tiene una sola madre potencial, su color será el mismo que su madre.
- (ii) Si v tiene dos madres potenciales con colores distintos $\xi(u) \in C$ and $\xi(w) \in C$, el color de v será $c(u, w)$.

Regla de coloración

	1	2	3	4	5	6	7
1	0	1	1	1	0	0	0
2	0	0	1	0	1	1	0
3	0	0	0	1	1	0	1
4	0	1	0	0	0	1	1
5	1	0	0	1	0	1	0
6	1	0	1	0	0	0	1
7	1	1	0	0	1	0	0

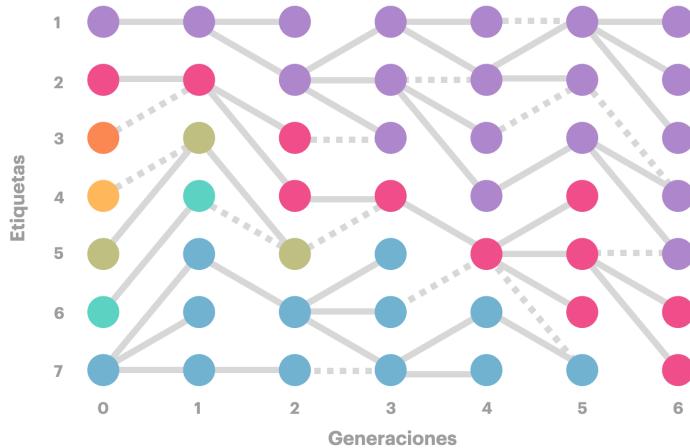


Figura 1.2: Gráfica de Wright-Fisher con selección.

La regla de coloración se entiende como que si la entrada ij vale 1 entonces el color i predominará sobre el j , como ocurre en el caso de los colores morado y magenta. En el gráfico, las aristas punteadas representan las aristas de las madres potenciales del vértice que no fueron los reales, mientras que las aristas continuas las utilizamos para marcar quien fue la verdadera madre.

1.3 Modelo de Wright-Fisher con mutación

Dentro de una misma población los individuos difieren en sus apariencias y en sus comportamientos, incluso entre aquellos que tienen un parentesco cercano; estas diferencias provienen de mutaciones genéticas aleatorias. En ocasiones, estas diferencias le aportan al individuo características que le impiden tener descendencia o resulten perjudiciales para su supervivencia, pero también se presentan los casos en que estas mutaciones son favorables y le otorgan al individuo una ventaja sobre el resto.

En términos de este modelo, consideraremos que una mutación se presenta cuando un individuo no es del mismo tipo que su madre. Como hicimos previamente, para simplificar la notación, únicamente consideramos la evolución de dos tipos (A y a). Por ende, para que un individuo de cualquier generación sea del tipo A , dado que en la generación anterior había x individuos de este tipo debe ocurrir alguno de los siguientes dos escenarios:

- Que la madre sea del tipo A y el individuo no sea un mutante.
- Que el tipo de la madre sea a , pero que el individuo mute al tipo A .

Por tanto, la probabilidad de que un individuo sea del tipo A dado que en la generación anterior hay x , se calcula como

$$p_A = \frac{(1 - \mu)x}{N} + \frac{\eta(1 - x)}{N}$$

donde μ corresponde a la probabilidad de mutar del tipo A al tipo a , y η es la probabilidad de mutar del tipo a al tipo A . Como efecto tenemos un cambio en las probabilidades de transición de la cadena de Markov, donde ahora pasar de $x \in [N]$ individuos de tipo A en la generación g a $y \in [N]$ en la generación $g + 1$ ocurre con probabilidad

$$\begin{aligned} P_{xy}^M &= \binom{N}{y} (p_k)^y (1 - p_k)^{N-y} \\ &= \binom{N}{y} \left(\frac{(1 - \mu)x}{N} + \frac{\eta(1 - x)}{N} \right)^y \left(1 - \left(\frac{(1 - \mu)x}{N} + \frac{\eta(1 - x)}{N} \right) \right)^{N-y} \\ &= \binom{N}{y} \left(\frac{(1 - \mu)x}{N} + \frac{\eta(1 - x)}{N} \right)^y \left(\frac{\mu x}{N} + \frac{(1 - \eta)(1 - x)}{N} \right)^{N-y} \end{aligned}$$

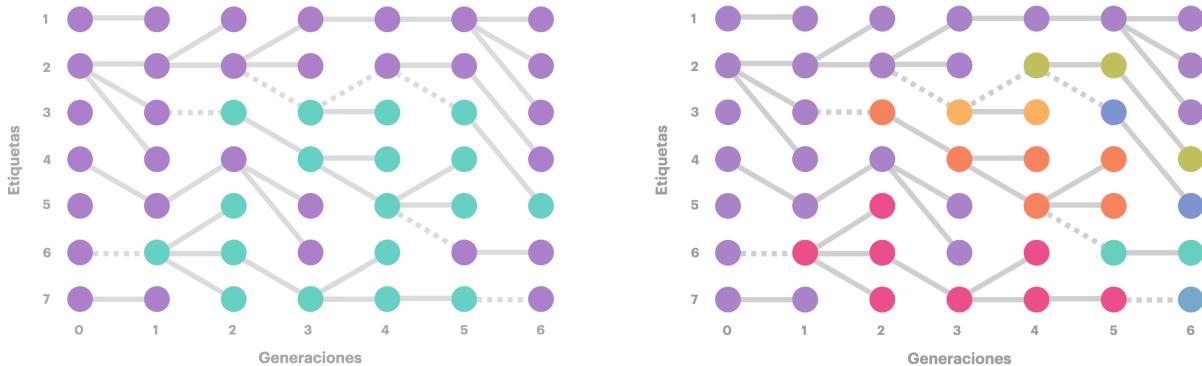


Figura 1.3: Gráfica de Wright-Fisher con mutación con dos tipos en a izquierda y su interpretación si cada mutación genera un nuevo tipo.

En nuestro modelo nos interesa observar la llegada de nuevos tipos a la población por lo que en lugar de considerar que un individuo puede mutar con cierta probabilidad a otro tipo, lo que hacemos es trabajar con una variable cuya distribución sea $Geométrica(1/M)$, la cual nos indicará si en una generación aparece un mutante o no, el cual será de un tipo nuevo.

1.4 Teoría de torneos

Las estructuras que nos permitirán establecer relaciones de competencia provienen de la Teoría de Gráficas, por lo que en esta sección revisamos algunos conceptos y propiedades que nos serán de utilidad a lo largo de este trabajo.

Una *gráfica dirigida* (o simplemente *digráfica*) es un par ordenado $G = (V(G), E(G))$, donde $V(G)$ es un conjunto finito y no vacío, cuyos elementos son llamados vértices; $E(G)$ es el conjunto de pares ordenados de vértices llamados arcos dirigidos o flechas. Dada una digráfica G , si $i, j \in V(G)$ y $(i, j) \in E(G)$, decimos que i domina a j y lo denotamos por $i \rightarrow j$.

La cardinalidad del conjunto de vértices de una digráfica ($|V(G)|$) es conocida como el *orden* de G mientras que el *tamaño* de una digráfica es la cardinalidad de su conjunto de arcos, es decir, $|E(G)|$. La digráfica compuesta por un único vértice y ninguna arista la conocemos como la gráfica trivial. Dada una gráfica G y S un subconjunto de $V(G)$, la subgráfica inducida por S es aquella cuyo conjunto de vértices es S y conjunto de arcos es $\{(u, v) : u, v \in S, (u, v) \in E(G)\}$.

Los siguientes conjuntos $i^+ = \{j \in V(G) : (i, j) \in E(G)\}$ y $i^- = \{j \in V(G) : (j, i) \in E(G)\}$ representan la *vecindad exterior* y la *vecindad interior* de $i \in V(G)$ respectivamente. Los elementos de i^+ son llamados *vecinos exteriores* de i y son los vértices dominados por i . Análogamente, los elementos de i^- son llamados *vecinos interiores* de i y son los vértices que dominan a i . En una digráfica G definimos el *grado exterior* de $i \in V(G)$ como $\delta^+(i) = |i^+|$ y su *grado interior* como $\delta^-(i) = |i^-|$. Si en lugar de fijarnos en un solo vértice consideramos a los vértices $i, j \in V(G)$, el *grado exterior* en común de i y j es $\delta_\cap^+(i, j) = |i^+ \cap j^+|$. Para obtener un análisis global de la gráfica, obtenemos $\delta_{\cap G}^+$ que es un vector donde cada entrada corresponde al grado exterior en común para cada par de vértices sin repeticiones, es decir, si el orden de G es 3, entonces $\delta_{\cap G}^+ = (\delta_\cap^+(1,2), \delta_\cap^+(1,3), \delta_\cap^+(1,4), \delta_\cap^+(2,3), \delta_\cap^+(2,4), \delta_\cap^+(3,4))$.

La representación más visual de las digráficas es a través de su proyección en el plano con vértices y flechas, pero también le podemos asociar una matriz que nos arroje la misma información. Dada G una digráfica de orden n , su *matriz de adyacencia* es la matriz $A(G)$ de $n \times n$, donde la entrada $[i, j]$ está dada por

$$A_{ij} = \begin{cases} 1 & \text{si } i \rightarrow j \\ 0 & \text{en otro caso} \end{cases}$$

Así mismo, también le podemos asociar la *matriz de grados exteriores* ($\Delta^+(G)$) definida como sigue:

$$\Delta_{ij}^+ = \begin{cases} \delta_\cap^+(i, j) & \text{si } i \neq j \\ \delta^+(i) & \text{si } i = j \end{cases}$$

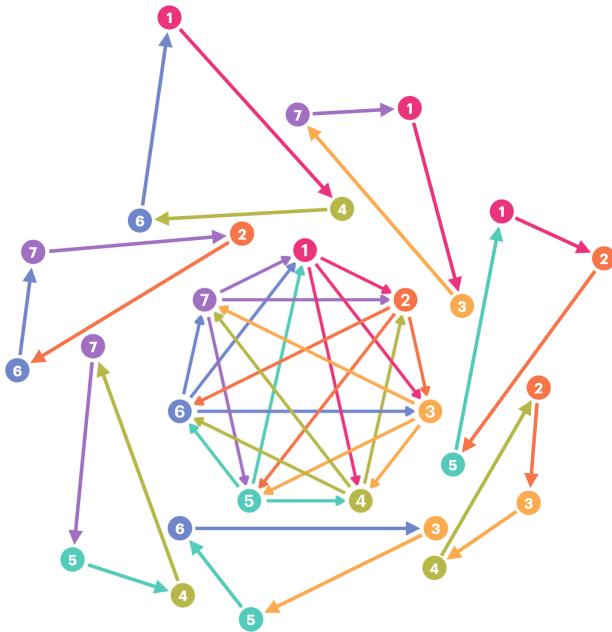


Figura 1.4: Torneo de orden 7 doblemente regular.

Un tipo particular de digráfica es el *torneo*, que corresponde a una digráfica completa y asimétrica, es decir, que para cualesquiera dos vértices i y j , la flecha (i, j) o (j, i) existe en la gráfica, pero no ambas. Diremos que un torneo T de orden n es *regular* si n es impar y además para cada $u \in V(T)$, $\delta^+(u) = \frac{n-1}{2}$. En el caso en que n es par, entonces el torneo será *semi-regular* cuando para cada $u \in V(T)$, $\delta^+(u) = \frac{n}{2} - 1$ o $\delta^+(u) = \frac{n}{2}$. Un torneo T de orden n es *doblemente regular* si es regular y $\delta_{\cap}^+(u, v) = \frac{n-3}{4}$ para cada par de vértices $u, v \in V(T)$. En otras palabras, un torneo es doblemente regular si es regular y para cada vértice $u \in V(T)$ sus vecinos exteriores generan un torneo regular. En la figura 1.4 observamos un torneo de orden siete al cual podemos descomponer en subtorneos regulares de orden tres.

A partir de la matriz de adyacencia A de un torneo T , podemos construir a su *matriz de dominancia* como $D = A + A^2$. Utilizando la matriz de dominancia generamos un número que manifiesta la influencia directa e indirecta de un vértice sobre el resto llamado el *puntaje de dominancia* de cada vértice $i \in V(T)$ dado por

$$dom(i) = \sum_{j=1}^n D_{ij}.$$

1.5 Trabajos relacionados

A continuación presentamos las ideas generales que sentaron las bases para la construcción del modelo que trata esta tesis.

1.5.1 A competitive network theory of species diversity [1]

En este artículo, Stefano Allesina y Jonathan Levine presentan una teoría que permite explicar la diversidad de especies que coexisten en equilibrio en un mismo entrono con recursos limitados. Tomando como base a la competencia no jerárquica, construyen un modelo de redes competitivas que les permite relacionar cada par de especies de forma que siempre hay una superior y una inferior.

El principio de exclusión competitiva nos dice que, si dos especies comparten el mismo nicho ecológico, entonces aquella cuyas habilidades competitivas sean inferiores tenderá a la extinción, sin embargo, al considerar varias especies y varios factores limitantes, es posible generar una red de competencia que no sea transitiva, y por tanto alcanzar un equilibrio que permita la coexistencia. Se entiende como equilibrio a algo similar a una distribución estacionaria en la que la densidad promedio de las especies compitiendo alcanza una de dos situaciones: permanece constante en un valor o se encuentra en un ciclo de período finito.

La competencia transitiva se presenta cuando existen un competidor superior y otro inferior a todos, por ejemplo, el caso con tres especies, donde la especie 1 vence a todos, la especie 2 vence a todos excepto a la especie 1, y la especie 3 pierde contra todos. En esta situación la especie 1 será la prevaleciente en la población mientras que el resto se extinguirá. Si las especies son representadas como vértices, se pueden ilustrar las relaciones de competencia por medio de una flecha que va de la especie superior a la inferior, y ya que cada par de especies está conectado por alguna flecha, entonces el objeto con el que se está trabajando es en realidad un torneo.

No obstante, el comportamiento transitivo no suele ser el usual, ya que al fijarse en lo que sucede en la naturaleza, son muchos factores los que determinan las interacciones entre las especies, por lo que, si algún par de especies está compitiendo por algún recurso distinto de los otros pares, es posible observar un comportamiento intransitivo, como es el caso del piedra, papel o tijera cuando se consideran las interacciones entre tres especies.

El camino para poder determinar cuál es la especie superior se puede ejemplificar mediante el siguiente escenario: supongamos que hay 5 especies distintas y cuya jerarquía en la habilidad competitiva para tres factores limitantes distintos está dada al azar. De esta forma, existen dos casos que definen las relaciones entre cada par de especies; el primer caso es que una de las especies sea superior en los tres factores, por lo cual ganará los enfrentamientos con probabilidad 1, y el segundo caso es que alguna de las especies sea superior en dos de los tres factores, por lo que ganará los enfrentamientos con probabilidad $\frac{2}{3}$. El primer caso se verá reflejado en el torneo como una flecha en color sólido, mientras que el caso dos corresponderá a las flechas punteadas.

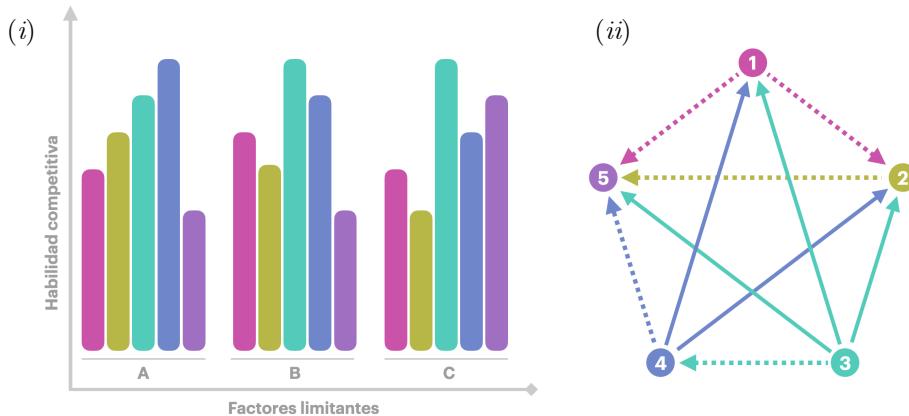


Figura 1.5: (i) Habilidades competitivas de los tipos 1-5 en los factores limitantes A, B, C.

(ii) Posibles escenarios de las relaciones entre los tipos: el competidor inferior está por debajo del otro competidor en los tres factores (2 contra 3) o está por debajo en sólo dos de los tres factores (1 contra 2).

De manera general, la construcción de cada torneo está dada por la probabilidad de la posición de cada una de las flechas, por lo que la flecha $i \rightarrow j$ aparecerá con probabilidad $\frac{N_{ij}}{f}$, donde N_{ij} es la cantidad de factores en los que la especie i es mejor que la especie j y f es el número total de factores. Así, como se muestra en la figura 1.5, la flecha $3 \rightarrow 1$ siempre formará parte de cualquier torneo construido con estas especies y estos factores, pero en alguno podrá aparecer $3 \rightarrow 4$ o $4 \rightarrow 3$.

Bajo las suposiciones de que para que una especie gane otra tiene que perder y que la tasa de interacción entre las especies es proporcional a la densidad de cada una de ellas, uno de los resultados más relevantes del artículo es que dada una red de competencia, luego de una etapa donde predomine el comportamiento transitivo y se extinguen algunas de las especies, es posible alcanzar un equilibrio con n especies donde sus densidades tengan un comportamiento cíclico. Incluso, si alguna de las especies sufre una perturbación que provoque que disminuya su densidad, habrá cambios en el resto de las especies de tal forma que se promueva el incremento en su densidad.

Utilizando programación lineal, los autores determinan para cualquier torneo la densidad promedio de cada una de las especies, lo cual también permite conocer el torneo inducido por las especies que sobreviven a la etapa transitiva, es decir, aquellos que pertenecen a ciclos intransitivos.

Para poder observar el efecto que tiene la cantidad de factores limitantes sobre la cantidad de especies que pueden coexistir, se toma un mayor número de especies y se varía el número de factores. Esto muestra que a mayor cantidad de factores limitantes habrá una mayor diversidad de especies, y esto se debe a la intransitividad del conjunto de las relaciones, en contrapuesta a las relaciones que sólo consideran parejas de especies. Más aún, cuando la cantidad de factores limitantes se lleva al infinito, dado un torneo aleatorio con n especies, la probabilidad de observar k especies coexistiendo en equilibrio, está dado por:

$$P_n(k) = \begin{cases} 0 & \text{si } k \text{ es par} \\ \binom{n}{k} 2^{-(n-1)} & \text{si } k \text{ es impar} \end{cases}$$

Un dato interesante que esto arroja es que no es posible observar una cantidad par de especies coexistiendo, de modo que en cualquier torneo con una cantidad par de vértices es posible encontrar un subtorneo con una cantidad impar que en conjunto tienen más victorias que pérdidas contra el resto de los vértices, provocando su eventual extinción. Este resultado es consistente con el principio de exclusión competitiva, ya que, en el caso de contar únicamente con dos especies, una de ellas se extinguirá. A partir de estas probabilidades, es fácil ver que la cantidad esperada de especies coexistiendo en equilibrio de un torneo que inicia con n especies, será la mitad de ellas, es decir $\frac{n}{2}$.

1.5.2 Un modelo de selección que incluye competencia por redes ecológicas [9]

Tomando como inspiración lo que ocurre con la especie de lagartijas *Uta stansburiana*, en esta tesis Sofía Rozanes estudia por medio de simulaciones la evolución del perfil genético de una población caracterizada por redes ecológicas determinadas por reglas de selección entre los distintos tipos alélicos dentro de la población.

El objetivo de dicho trabajo de tesis es evaluar la estabilidad de cuatro distintas formas de interacción selectiva por medio del modelo de Wright-Fisher con selección. En este contexto, mayor estabilidad se entiende como un mayor tiempo de fijación de cualquier tipo, de modo que entre más generaciones pasen en las que la población esté compuesta por más de un solo tipo se dirá que la interacción selectiva con la que se trabaja es más estable.

Para la mayor parte de las interacciones selectivas, la forma más sencilla de representarlas es a través de una gráfica dirigida, en la cual los distintos tipos alélicos son vértices conectados por flechas, y el sentido de la flecha determinará la superioridad de un tipo sobre otro, siendo

que si $i \rightarrow j$, diremos que i vence a j . La noción de la supervivencia del más fuerte es la que conduce a la primer regla de interacción selectiva dada por la gráfica transitiva. Como ejemplo se tiene la figura 1.6, en la cual podemos ver que el tipo 6 vence al resto de los tipos, el tipo 5 vence a todos los tipos excepto al 6, y así sucesivamente hasta llegar al tipo 1 el cual pierde contra todos. Este tipo de interacción es claramente muy inestable ya que el tipo uno se extingue rápidamente, y la misma estructura se preserva con el resto de los tipos, haciendo que la fijación se produzca rápidamente.

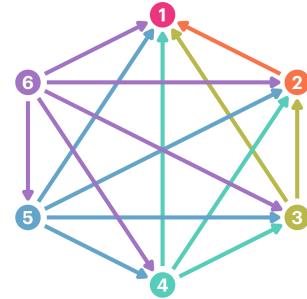


Figura 1.6: Gráfica transitiva.

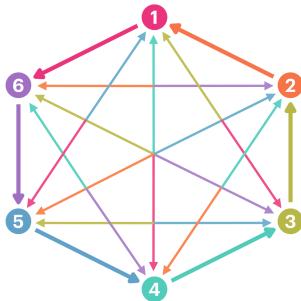


Figura 1.7: Gráfica de órbita.

La siguiente interacción selectiva que estudia Rozanes (ilustrada en la figura 1.7) es denominada órbita debido a la estructura principal que genera su gráfica. En contraste con el caso anterior, se tiene que para cada evento de competencia no existe un vencedor determinado, sino que será definido mediante una probabilidad. Dados n tipos alélicos distintos, la probabilidad de que el tipo 1 venza al tipo n o que cualquier tipo $i > 1$ venza al tipo $i - 1$ es 1; las probabilidades interorbitales para cualquier j distinto de $i - 1$ (y de n en el caso de 1) será de 0.5, por lo que las flechas entre estos vértices se ilustrarán mas tenues y en ambos sentidos. Esta

interacción selectiva arroja más estabilidad que la transitiva ya que, en las situaciones donde la victoria es determinista (interacciones orbitales), no existe un vértice que sea superior ante todos los demás. No obstante, es importante observar que en el momento en que algún tipo se extingue, la cadena de poder se rompe induciendo una variante de la gráfica transitiva.

La interacción selectiva estudiada a continuación es muy similar a la órbita. Rozanes aclara que es producto de un error de programación, sin embargo, muestra resultados interesantes. Dados n vértices, si $i, j > 1$, la probabilidad entre los vértices es igual que en el caso anterior, es decir, $i \rightarrow j$ con probabilidad 1 si $j = i - 1$ y 0.5 en otro caso. Si $i = 1$ entonces con probabilidad 1, $1 \rightarrow 2$ y $1 \rightarrow n$, y 0.5 con el resto de los vértices. El comportamiento generado por esta gráfica es un punto intermedio entre el de órbita y el transitivo, ya que el vértice dos es claramente el más débil ya que existen otros dos vértices contra los que siempre pierde, porque lo que su extinción de la población ocurre en pocas generaciones, induciendo una variante un poco menos agresiva de la interacción transitiva, esto porque elimina la selección para los competidores que no sean consecutivos entre sí.

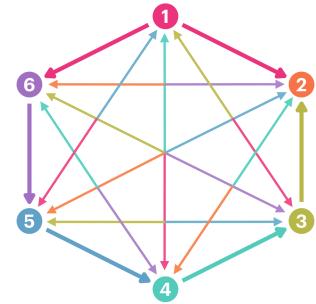


Figura 1.8: Gráfica de órbita transitiva.

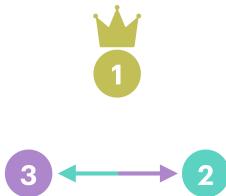


Figura 1.9: Dinámica "el sabio".

Finalmente, el último tipo de interacción selectiva presentado en esta tesis se da únicamente cuando se tienen 3 tipos alélicos distintos, ni uno más, ni uno menos; además no es posible representarlo como una gráfica tradicional. Dado que al elegir a sus madres potenciales el individuo sólo puede elegir entre otros dos individuos, forzosamente hay por lo menos un tipo que no participa en la competencia, y contrario a la intuición ese será el tipo vencedor. Esta configuración resulta ser la más estable de todas las interacciones, la razón de esto es que cuando alguno de los tipos

es muy dominante en la población, la probabilidad de que sea elegido por los individuos de la siguiente generación es muy grande, por lo cual estará presente en la mayor parte de las competencias lo que provoca que disminuya su probabilidad de heredar sus características a la siguiente generación.



CAPÍTULO 02

**PROCESO EVOLUTIVO
TORNEO-VALUADO
SIMPLE**

La pregunta principal que motiva este trabajo es qué tipo de interacciones competitivas son aquellas que llevan a una mayor diversidad en la población por el mayor tiempo posible. Dado que este planteamiento lo realizamos a través de un modelo de población que incluye selección, es importante que para cada par de tipos distintos podamos elegir al más apto entre los dos. Si queremos trasladar esta interacción a una gráfica donde cada vértice represente un tipo, la estructura que estamos buscando es la de un torneo.

El proceso evolutivo torneo valuado simple es una construcción derivada de la sucesión de torneos generada a partir del comportamiento de una población utilizando el modelo de Wright-Fisher con selección y su correspondiente proceso de frecuencias $\{\bar{X}_g\}_{g \in \mathbb{N}}$. Comenzamos con una generación inicial que determinará el tamaño de la población, la cantidad de tipos dentro de ella y la cantidad de individuos de cada tipo. Además, contamos con una regla de interacción competitiva entre los tipos dada por un torneo T . Si la frecuencia del tipo j llega a cero, éste desaparece de la población, por lo que la nueva regla de interacción competitiva estará dada por la subgráfica inducida por $V(T) \setminus \{j\}$, y así sucesivamente con la desaparición de cada tipo hasta que sólo quede uno, evento al cual llamaremos fijación.

Con la finalidad de poder observar el comportamiento de las poblaciones y ganar un poco de intuición en cuanto a cuáles son las características que buscamos, simulamos una población por medio del modelo de Wright-Fisher con selección en poblaciones cuyas interacciones estén dadas por los torneos no isomorfos de 4 y 5 vértices. La elección para el orden de los torneos está relacionada con la cantidad de gráficas no isomorfas para cada grupo, ya que podemos realizar pruebas explícitas con 4 gráficas de 4 vértices y 12 gráficas de 5 vértices, los cuales son números suficientemente grandes para poder identificar patrones, pero no demasiado para que su comparación resulte abrumadora.

Para las siguientes simulaciones consideramos una generación inicial de 100 individuos de cada tipo, una probabilidad 0.5 de que un individuo tenga dos madres y la simulación finaliza cuando todos los individuos pertenecen a un solo tipo.

Comencemos por las de orden 4:

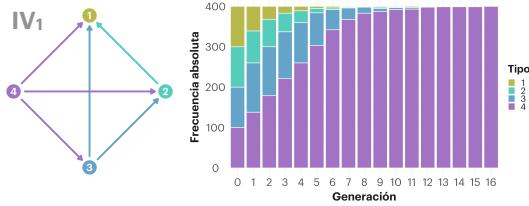


Figura 2.1: Simulación con la gráfica IV_1 , $N=400$, $p=0.5$.

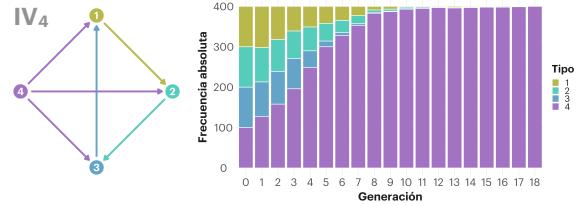


Figura 2.2: Simulación con la gráfica IV_4 , $N=400$, $p=0.5$.

Analicemos primero el comportamiento que presentan los torneos IV_1 y IV_4 . En ambos casos podemos apreciar que la fijación del tipo 4 se da en unas cuantas generaciones y si buscamos un patrón para explicar este comportamiento, la característica en común es que en ambos torneos el tipo 4 no pierde contra ningún otro tipo, de modo que no hay nada que lo debilite. En particular, la gráfica IV_1 representa el caso transitivo, 4 vence a todos, 3 vence a todos excepto a 4, 2 vence a 1 y 1 pierde contra todos. En el torneo IV_4 vemos un comportamiento muy similar donde la diferencia radica en que 4 le sigue ganando a todos, pero el resto forma una dinámica de piedra, papel o tijera, lo cual hace que sea una competencia un poco más equilibrada.

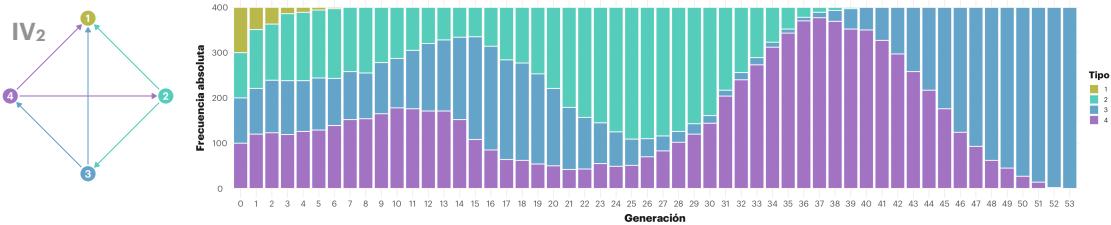


Figura 2.3: Simulación con la gráfica IV_2 , $N=400$, $p=0.5$.

Ahora corresponde analizar el comportamiento generado por el torneo IV_2 . Este parece ser el torneo ideal puesto que su tiempo de fijación es el más largo de los cuatro disponibles, sin embargo, no hay que dejarnos engañar, a partir de la generación 3 ya no queda ningún individuo de tipo 1 en la población, por lo que los únicos que están en juego son 2, 3 y 4 que forman un piedra, papel o tijera. De modo que, aunque el resultado parece favorable, no es lo que estamos buscando, ya que perdemos diversidad rápidamente. De este comportamiento podemos deducir que otra característica que nos interesa es el primer tiempo de pérdida de un tipo. Con esta consideración, se tiene que en todas las generaciones previas a que perdamos un tipo la interacción se dará con la cantidad original de tipos y podremos ver claramente los efectos que tiene el torneo.

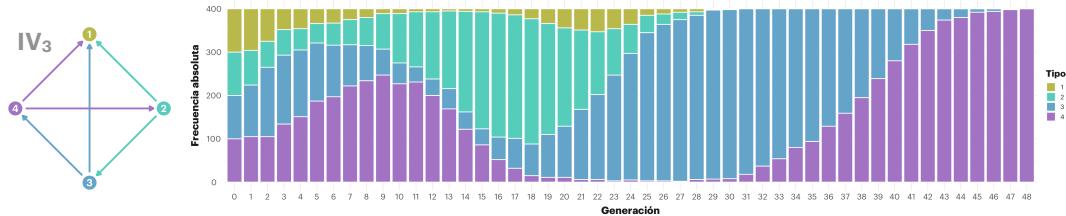


Figura 2.4: Simulación con la gráfica IV_3 , $N=400$, $p=0.5$.

Tomando en cuenta lo anterior la gráfica IV_3 es la que tiene un comportamiento más apropiado en cuanto a las cualidades que buscamos. Primero tenemos que durante un largo período los cuatro tipos están interactuando, y además la fijación ocurre luego de varias generaciones. Entonces, ¿qué es lo que tiene de especial este torneo que genera un comportamiento tan singular? Lo que ocurre es que las victorias y derrotas están bastante bien equilibradas entre los vértices, pues sólo ocurren dos escenarios, (a) el vértice i vence a otros dos vértices y pierde contra uno, o (b) el vértice i vence otro vértice y pierde contra dos, en otras palabras, es un torneo semi-regular. Más aún, en la simulación en la figura 2.4 podemos observar que el tipo 2 es el ganador a pesar de estar en el caso (b), y esto ocurre porque a pesar de ser un vértice “débil” en comparación con 3 y 4, cuando la población de individuos de tipo 4 aumenta, el tipo 2 puede remontar.

Ahora podemos ser más ambiciosos y atacar los 12 torneos que corresponden a las gráficas no isomorfas de orden 5, pero veremos que eso no es necesario.

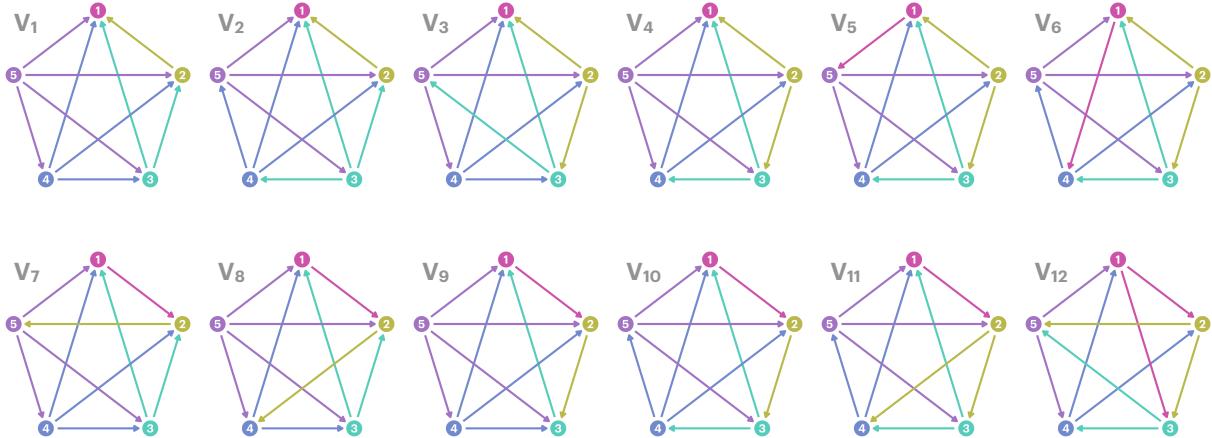
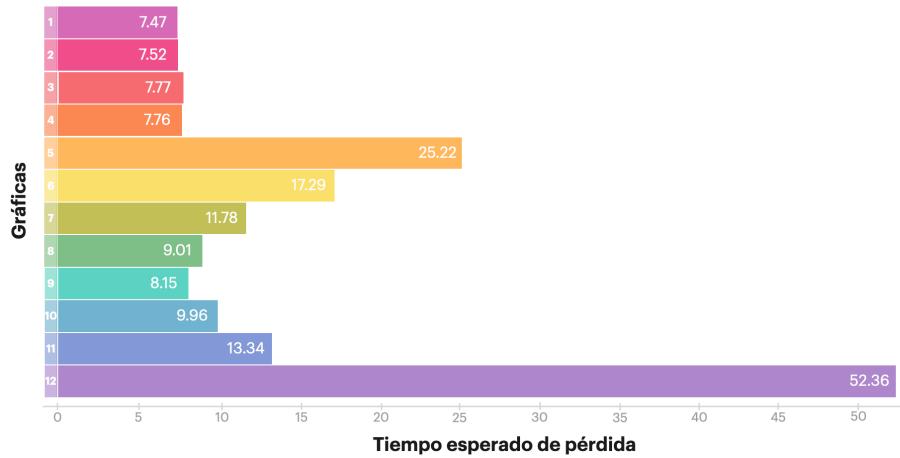


Figura 2.5: Gráficas no isomorfas de orden 5.

Analizar de forma individual el comportamiento de cada uno de estos torneos nos tomaría demasiadas páginas; en cambio, resulta más provechoso hacer una síntesis de las propiedades observadas para varias simulaciones y así obtener un panorama del comportamiento general.

Como vimos con los torneos de orden 4, hay dos propiedades que nos permiten caracterizar el comportamiento de una población dada una interacción selectiva, y son el tiempo hasta la primera pérdida de un tipo, y el tiempo de fijación. Con el fin de poder obtener datos más concretos sobre lo que ocurre con estas variables en estos torneos, se ejecutaron 100 simulaciones de una población con cada torneo para encontrar un valor aproximado para el tiempo de fijación esperado y el tiempo de pérdida esperado. Los resultados los podemos apreciar en los dos gráficos en la figura 2.6.

(i)



(ii)

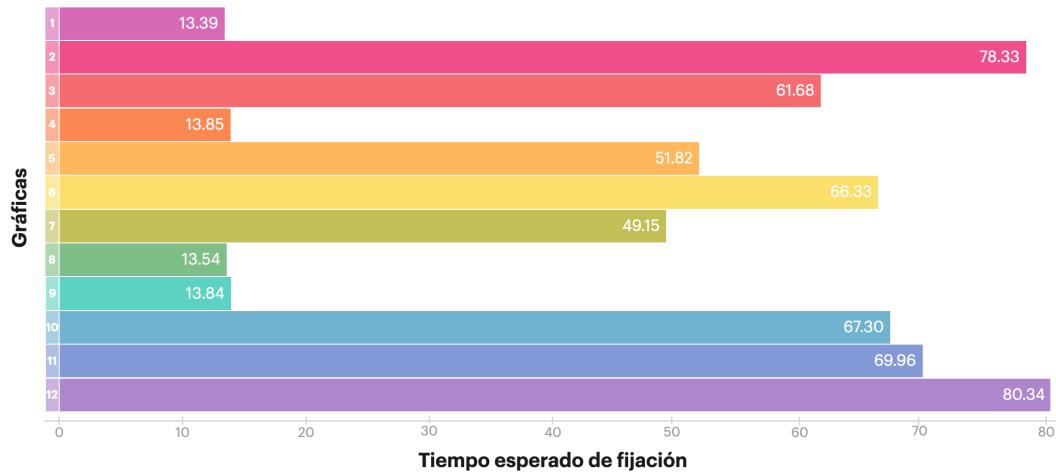


Figura 2.6: (i) Tiempo esperado de pérdida de cada isomorfismo de las gráficas de orden 5, (ii) Tiempo esperado de fijación de cada isomorfismo de las gráficas de orden 5.

Lo primero que podemos observar en la figura 2.6 es que no es posible establecer una relación clara entre el tiempo de fijación y el tiempo de pérdida; podemos tomar como ejemplo los correspondientes a los torneos V_3 y V_4 , pues a pesar de que el tiempo de pérdida únicamente varía por una centésima, el tiempo de fijación dista en más de 48 generaciones. Por este motivo, es necesario realizar dos análisis distintos para poder comprender los diversos efectos que puede tener la estructura de la gráfica en cada una de estas propiedades. Para el tiempo de pérdida basta con que nos concentremos en la estructura global del torneo, pero en el caso del tiempo de fijación habrá que ver la secuencia de torneos generados cada vez que desaparece un tipo de la población.

Veamos el ejemplo de la gráfica V_2 , su tiempo de pérdida es el segundo más corto luego del torneo V_1 que representa el caso transitivo, sin embargo, su tiempo de fijación es el segundo más largo. Consideremos la siguiente simulación y su sucesión de torneos:

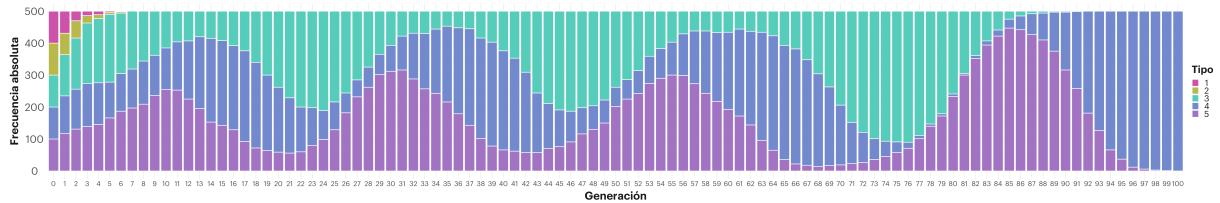


Figura 2.7: Simulación del torneo V_2 , $N=500$, $p=0.5$

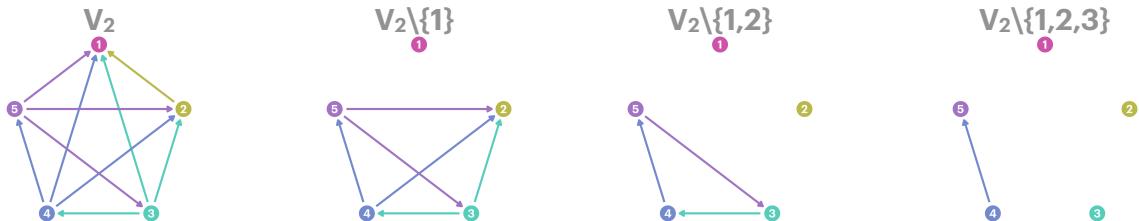


Figura 2.8: Secuencia de gráficas generada de la simulación en la figura 2.7.

El vértice 1 pierde siempre ante los demás, por lo cual es el primero en desaparecer, ya que la única forma de que su tipo pase a la siguiente generación es que al menos un individuo tenga una única madre de tipo 1 o que sus dos madres sean tipo 1, ocasionando que su tiempo de pérdida sea en unas cuantas generaciones. Por otra parte, aún quedan 4 competidores, pero podemos ver que de nuevo no estamos ante un escenario justo, dado que el tipo 2 se encuentra en las mismas circunstancias en las que estaba el tipo 1, y por tanto también desaparecerá pronto. Es en este punto cuando empieza lo interesante, porque la relación entre los tipos restantes es una de piedra, papel o tijera, y es esto lo que permite que la población tenga un tiempo de fijación prolongado.

Trabajemos ahora con el torneo V_5 , tenemos que su tiempo de pérdida es el segundo más largo, no obstante, el tiempo de fijación no parece extenderse mucho más allá de eso.

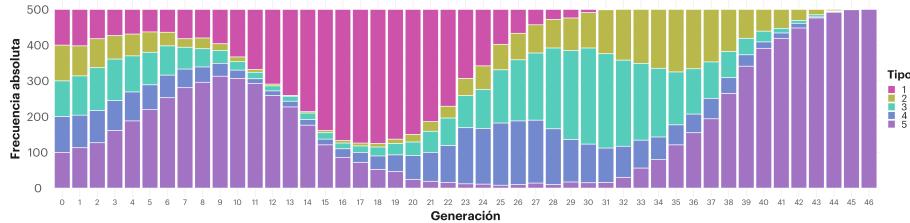


Figura 2.9: Simulación del torneo V_5 , $N=500$, $p=0.5$

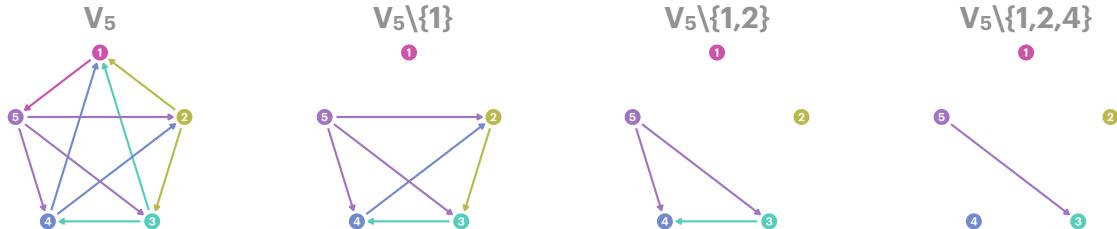


Figura 2.10: Secuencia de gráficas generada de la simulación en la figura 2.9.

Si bien el tipo 1 parece enfrentarse a una situación bastante desequilibrada al tener solamente una victoria contra tres pérdidas, la realidad es que esta victoria contra el tipo 5 no es nada despreciable. En vista de que el tipo 5 vence a todos los tipos excepto al 1, es altamente probable que en pocas generaciones una gran parte de la población pertenezca al tipo 5. El tipo 1, al ser victorioso contra el tipo 5, acrecienta indirectamente sus posibilidades de heredar su tipo ya que la probabilidad de que un individuo de la siguiente generación tenga dos madres, una de tipo 1 y una de tipo 5, aumenta. De lo anterior, resulta que luego de que el tipo 5 alcanza un pico, la cantidad de individuos del tipo 1 comienza a incrementarse rápidamente.

A pesar de todo, el tiempo de fijación es breve, ya que al haber tantos individuos del tipo 1, los tipos 2, 3 y 4 se ven fortalecidos por una situación análoga a la que había ente 1 y 5, provocando la acelerada desaparición del tipo 1. Bajo esta circunstancia, al ser el tipo 5 victorioso sobre los vértices restantes, los otros tipos se extinguen rápidamente, teniendo como efecto la fijación del 5.

Analicemos finalmente el último ejemplo que nos permitirá responder la pregunta ¿qué hace que el torneo V_{12} tenga tan buen desempeño en las categorías de pérdida y fijación?

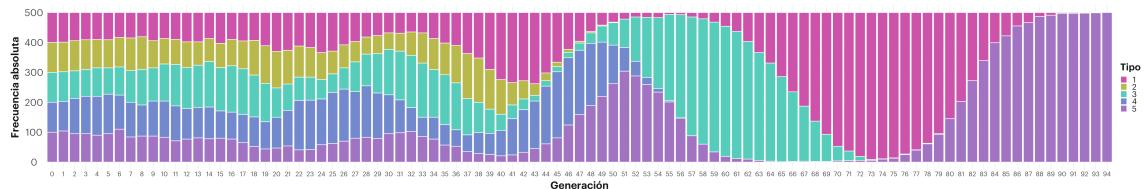


Figura 2.11: Simulación del torneo V_{12} , $N=500$, $p=0.5$

Tan sólo con ver las simulaciones podemos intuir un poco en lo que está ocurriendo, puesto que, durante las primeras generaciones, la población no parece manifestar cambios bruscos.

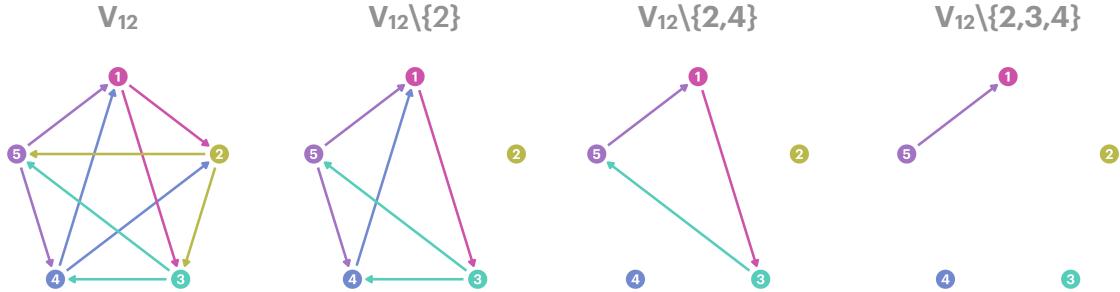


Figura 2.12: Secuencia de gráficas generada de la simulación en la figura 2.11.

La razón por la que el comportamiento al inicio se mantiene tan estable se debe a que ninguno de los vértices tiene más poder que otro, todos cuentan la misma cantidad de victorias como de fracasos, dicho en otras palabras, no existe ningún vértice dominante. Más aún, incluso tras la pérdida de algunos tipos, el equilibrio se mantiene como consecuencia de la regularidad de las gráficas inducidas de orden 4 y de orden 3.

El análisis cualitativo que hemos realizado, nos permite visualizar un camino desde el cual estudiar los distintos comportamientos de forma cuantitativa. Consideremos ahora las matrices de grados exteriores de los torneos V_2 , V_5 y V_{12} y analicémoslas en dos partes: la diagonal que corresponde al grado exterior de cada vértice, y las entradas del triángulo superior, que corresponden a los grados exteriores comunes entre dos vértices.

$$\Delta^{(V_2)} = \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 3 & 2 & 2 \\ 0 & 1 & 2 & 3 & 2 \\ 0 & 1 & 2 & 2 & 3 \end{pmatrix} \quad \Delta^{(V_5)} = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 2 & 1 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 2 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 1 & 2 & 1 \\ 0 & 1 & 1 & 1 & 3 \end{pmatrix} \quad \Delta^{(V_{12})} = \begin{pmatrix} 2 & 1 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 2 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 2 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 0 & 2 & 1 \\ 0 & 0 & 1 & 1 & 2 \end{pmatrix}$$

Lo primero que llama nuestra atención es que todas las entradas de la diagonal de la matriz de V_{12} valen 2, a diferencia de las diagonales de las otras matrices, en las que podemos percibir mucha mayor variabilidad.

$$\delta_{V_2}^+ = (0,1,3,3,3) \quad \delta_{V_5}^+ = (1,2,2,2,3) \quad \delta_{V_{12}}^+ = (2,2,2,2,2)$$

A simple vista pareciera no haber gran diferencia entre los tres conjuntos, pero si observamos con detenimiento nos podemos percatar de lo significativas que pueden ser estas distinciones. Comencemos por notar que el promedio de los tres conjuntos es 2, por lo que parece el punto central del cual partir; si nos fijamos en la distancia de cada número a 2 tomando el valor absoluto, y tomamos el promedio de estas distancias los valores que nos arrojan son 1.2 para $\delta_{V_2}^+$, 0.4 para $\delta_{V_5}^+$ y 0 para $\delta_{V_{12}}^+$.

Replicando este análisis para los grados exteriores en común

$$\delta_{\cap V_2}^+ = (0,0,0,0,1,1,1,2,2,2) \quad \delta_{\cap V_5}^+ = (0,0,0,0,1,1,1,1,1,1) \quad \delta_{\cap V_{12}}^+ = (1,0,1,0,1,0,0,0,1,1)$$

obtenemos el cálculo de su variación a los valores 0.72 para $\delta_{\cap V_2}^+$, 0.48 para $\delta_{\cap V_5}^+$ y 0.5 $\delta_{\cap V_{12}}^+$. Si sumamos ambos datos para cada gráfica, el valor más chico corresponde a la gráfica regular, mientras que el más grande se relaciona con la diversidad se pierde muy rápidamente.

Debido a estos resultados, nos parece pertinente afirmar que la variabilidad en las entradas de la matriz de grados exteriores puede ser una herramienta que nos permita caracterizar el comportamiento de los procesos torneo-valorados. Para formalizar la intuición anterior resulta conveniente definir el concepto a continuación:

Definición 2.1 *Coefficiente de regularidad*

Sea T un torneo de orden n , δ_i^+ el grado exterior del vértice i y δ_{ij}^+ el grado exterior en común para cualesquiera $i, j \in V(T)$. El **coeficiente de regularidad** de T está dado por

$$r(T) = \frac{\sum_{i=1}^n |\delta_i^+ - \bar{\delta}^+|}{n} + \frac{\sum_{i \neq j} |\delta_{ij}^+ - \bar{\delta}_{\cap}^+|}{2n}$$

donde $\bar{\delta}^+$ es el promedio de los grados exteriores de todos los vértices en T y $\bar{\delta}_{\cap}^+$ es el promedio de los grados exteriores en común de los vértices en T .

El coeficiente de regularidad se puede interpretar como que nos permite asociar un número a la regularidad de un torneo, siendo que entre más cercano sea el coeficiente a cero, más cercano estará el torneo de ser regular. Esto nos puede ayudar a observar la relación que hay entre la regularidad del torneo con los tiempos de fijación y de pérdida que presenta la población.

De forma concreta, podemos estudiar la relación para los torneos no isomorfos de orden 6 y 7 graficando los valores esperados de los tiempos de fijación y de pérdida en el eje Y y el valor del coeficiente de regularidad del correspondiente torneo en el eje X . Adicionalmente, realizamos un análisis de regresión local, lo cual genera una curva suave y una banda de confianza del 95% que muestran la tendencia en el comportamiento de los datos. Los tiempos esperados de fijación y de pérdida son calculados realizando 100 simulaciones de cada torneo y obteniendo el promedio de los valores obtenidos en cada simulación.

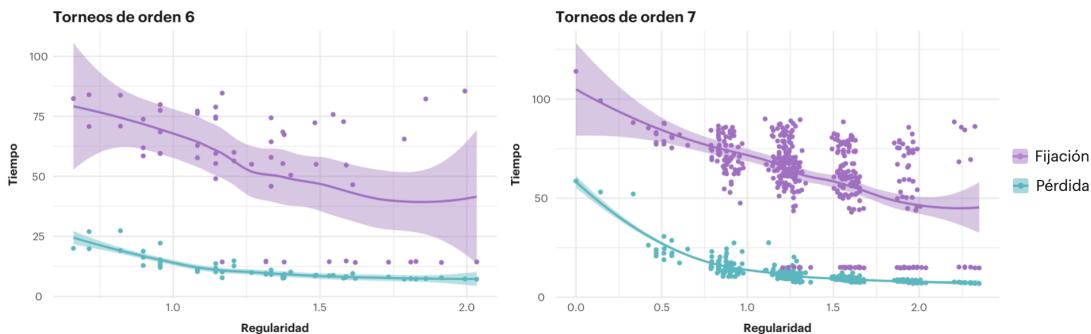


Figura 2.13: Tiempos de fijación y pérdida esperados graficados en función del coeficiente de regularidad para los torneo de orden 6 y 7.

De entrada, podemos observar que mayor regularidad parece implicar tiempos de fijación y de pérdida más largos, lo cual resulta alinearse bastante bien a nuestras conjeturas. No obstante, en la gráfica de torneos de orden 7 resulta evidente el agrupamiento de los datos alrededor de ciertos coeficientes, y esto podría estar ocasionando que perdamos algo de información.

Anteriormente mencionamos que algunos vértices eran más dominantes que otros cuando vencían a más vértices que otros, pero en realidad la dominancia es mucho más que eso, pues esto únicamente es la influencia directa de cada vértice, mientras que la dominancia nos permite cuantificar la influencia a todos los niveles que nos interese. Los primeros dos niveles de interacción son los que nos aportan más información, pues no sólo nos permite observar el poder que tiene cada vértice en términos de sus victorias, sino también consideramos las victorias que tienen aquellos a quienes les ganaron. Así como la regularidad, entre más uniforme sean los puntajes de dominancia de los vértices de un torneo, más equilibrado será el comportamiento de la población. Esto da pie a una nueva definición:

Definición 2.2 *Coefficiente de dominancia*

Sea T un torneo de orden n , $dom(i)$ el puntaje de dominancia del vértice $i \in V(T)$. El **coeficiente de dominancia** de T está dado por

$$d(T) = \frac{\sum_{i=1}^n |dom(i) - \overline{dom(T)}|}{n}$$

donde $\overline{dom(T)}$ es el promedio de los puntajes de dominancia de todos los vértices en T .

El análisis para los torneos de orden 6 y 7 que realizamos con el coeficiente de regularidad también los podemos realizar con el coeficiente de dominancia.

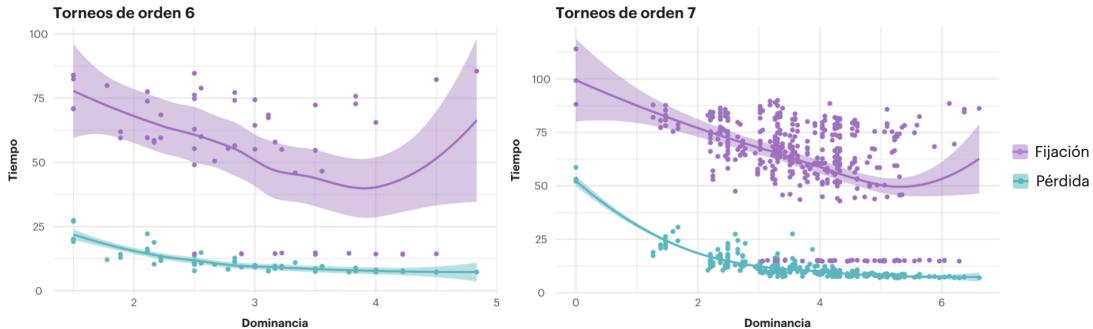


Figura 2.14: Tiempos de fijación y pérdida esperados graficados en función del coeficiente de dominancia para los torneo de orden 6 y 7.

En aspectos generales, el comportamiento es muy similar en ambos coeficientes, sin embargo, perdemos algo de información en cuanto a la regularidad, pues, como podemos ver en los torneos de orden 7, el coeficiente de dominancia es 0 tanto para gráficas regulares, como para la doblemente regular.

El coeficiente de regularidad y el de dominancia parecen coincidir bastante de forma general, no obstante, cada uno de ellos aporta información distinta. El coeficiente de regularidad se compone de dos elementos: el grado exterior, el cual nos dice a quiénes vence cada vértice, en la figura 2.15 el vértice 3 vence a los vértices 1 y 7; el grado exterior en común, que al tomar dos vértices nos dice a qué vértices vencen ambos, por ejemplo, si escogemos los vértices 2 y 4, ambos apuntan al vértice 3. El coeficiente de dominancia se relaciona mucho con el grado exterior, pero difiere en que además de mostrar las victorias de cada vértice también muestra a quienes vence indirectamente a través de las victorias de los vértices a los cuales vence. En el ejemplo de la figura 2.15, el vértice 3 vence a los vértices 1 y 7, que a su vez vencen al vértice 2 y a los vértices 1,2,4,5,6, respectivamente.

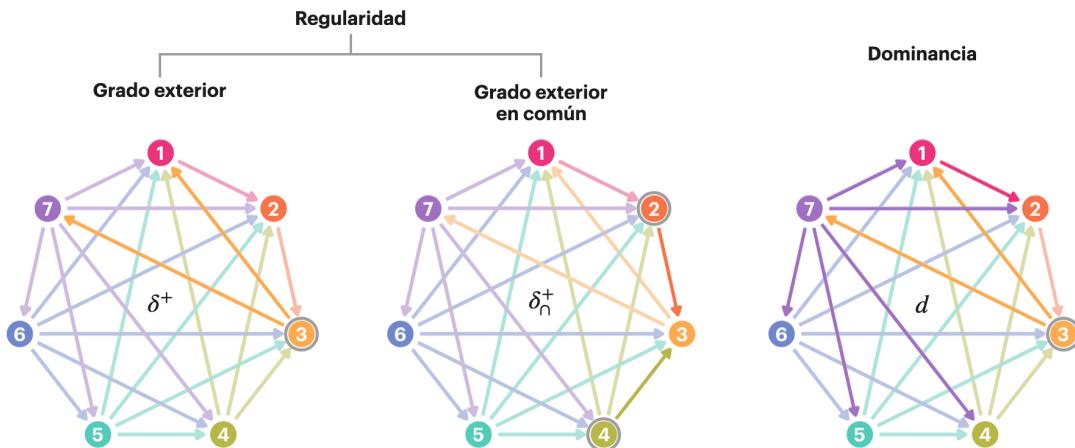


Figura 2.15: Representación visual de la información que aporta cada coeficiente.

En vista de esto, considerar un coeficiente dado por la suma de los coeficientes de regularidad y dominancia pudiera resultar una herramienta provechosa ya que en un sólo número tendríamos la información de ambos. Con esta suma, el comportamiento de los torneos de orden 6 y 7 en relación a sus tiempos de fijación y de pérdida es como se observa en la figura 2.16.

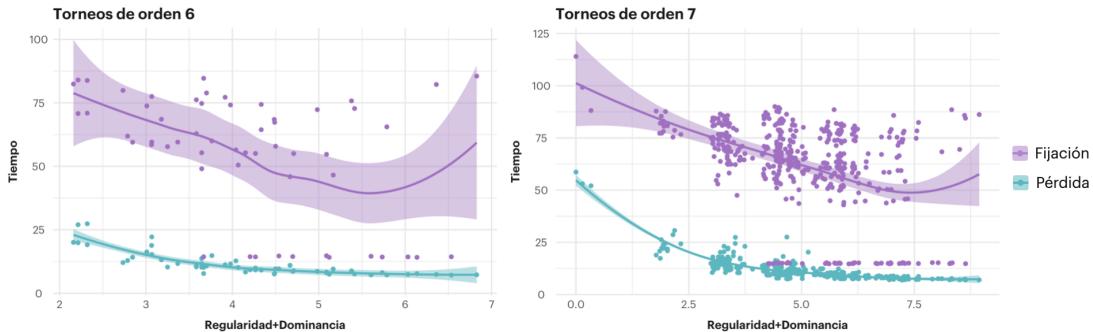


Figura 2.16: Tiempos de fijación y pérdida esperados graficados en función de la suma de los coeficientes de regularidad y de dominancia para los torneos de orden 6 y 7.

En todos los gráficos podemos apreciar que los datos correspondientes al tiempo de pérdida se ajustan bastante bien a una curva, en cambio, los datos para el tiempo de fijación representan mayores complicaciones. Esto, muy seguramente, se debe a que para hallar un parámetro que ilustre una clara relación entre la estructura de la gráfica y el tiempo de fijación es necesario construir un coeficiente secuencial utilizando la sucesión de gráficas inducidas por la pérdida de los tipos. La razón de esto proviene de que el tiempo de fijación es en esencia la suma de la secuencia de los tiempos de pérdida de cada una de las gráficas inducidas. Aunque esto parece ser una buena solución a nuestro problema, nos enfrentamos a que por la aleatoriedad del modelo, la sucesión de torneos inducidos depende en gran parte del comportamiento particular de la población. A pesar de que se realicen distintas

simulaciones con los mismos parámetros, es bastante factible que el resultado tenga drásticas diferencias en la disposición obtenida por la desaparición de los tipos.

En cada simulación podemos obtener el coeficiente secuencial con el siguiente procedimiento: primero comenzamos por obtener la sucesión de torneos inducida por la pérdida de tipos; para cada una de estas gráficas calculamos la suma sus coeficientes de regularidad y de dominancia; finalmente, el **coeficiente secuencial** queda definido como la suma de los coeficientes de toda la sucesión de gráficas.

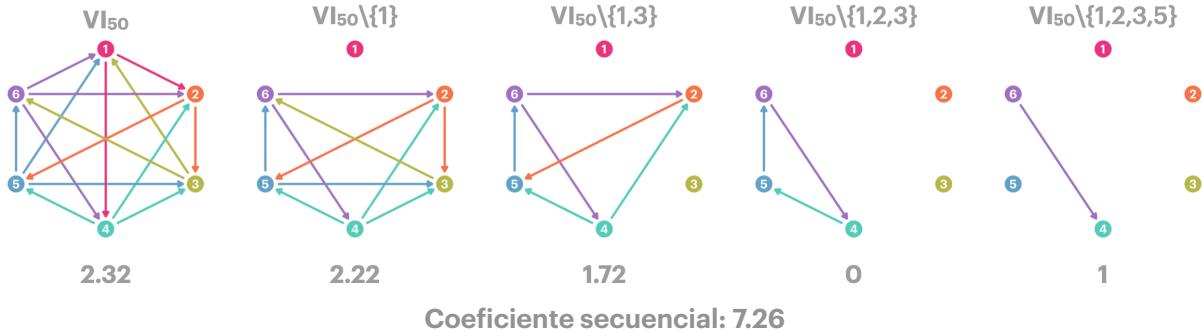


Figura 2.17: Ejemplo de composición del coeficiente secuencial.

Recordemos que el tiempo de fijación es calculado realizando un promedio de valores obtenidos a partir de simulaciones, debido a que el coeficiente secuencial no siempre es el mismo para cada torneo sino que depende del desarrollo de la población (lo cual lleva a muy variados resultados), es forzoso obtener un coeficiente secuencial esperado a partir de ejecutar varias simulaciones.

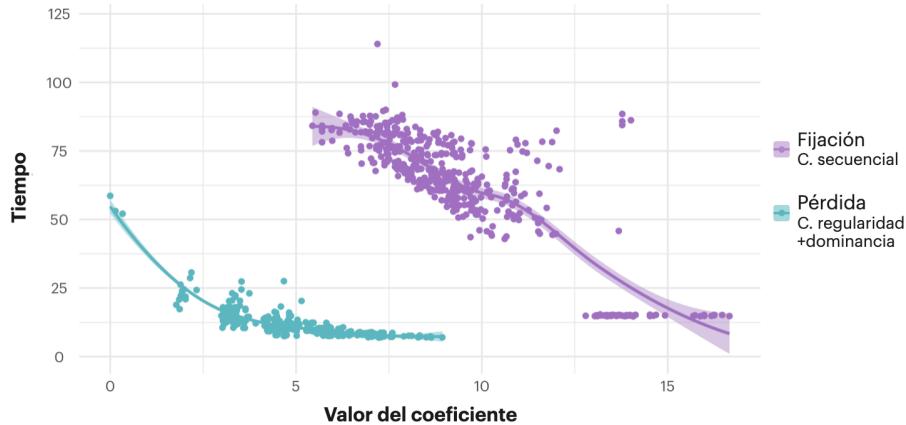


Figura 2.18: Tiempos de pérdida esperados graficados en función de la suma de los coeficientes de regularidad y de dominancia, y tiempos de fijación graficados en función del coeficiente secuencial esperado para los torneos de orden 7.

Los resultados presentan atributos positivos en comparación con los análisis previos, podemos observar que hay una tendencia decreciente mucho más marcada, es decir, que entre mayor sea el coeficiente secuencial menor suele ser el tiempo de fijación; adicionalmente, los datos parecen estar mejor ordenados y se ajustan mucho mejor a una curva. No obstante, el principal problema que hallamos con este coeficiente es lo complicado e inestable que es su cálculo, tenemos que el hecho de que no tenga un comportamiento tan bonito como en el caso de la suma de los coeficientes de regularidad y dominancia no es más que un reflejo de lo complejo que es el comportamiento global de la población que está directamente relacionado con el tiempo de fijación.

En todo lo planteado hasta ahora únicamente nos hemos preocupado por los torneos y su estructura, sin embargo, no hay que dejar de lado el efecto que pueden tener los demás parámetros en el desarrollo de la población. En los casos anteriores hemos tomado el tamaño de la población proporcional a la cantidad de tipos que presentes, si el tamaño de la población es muy pequeño y hay demasiados tipos, entonces para cada tipo hay menos

individuos por lo que las extinciones ocurrirán más rápido y por tanto habrá un tiempo de fijación más corto, naturalmente sucede lo opuesto si el tamaño de la población es muy grande.

La probabilidad de tener dos madres (p) está directamente relacionada con la selección natural, si la probabilidad es muy pequeña, la mayoría de los individuos sólo tendrán que escoger algún individuo de la generación anterior para que sea su madre, por lo que cualquiera de los tipos tiene la misma probabilidad de heredar su alelo; el cambio, cuando la mayoría de los individuos escogen entre dos madres, la madre definitiva será el más apto, por lo que los tipos que sean muy débiles tendrán menor probabilidad de heredar su alelo. Los efectos que tiene modificar este parámetro sobre la población se presentan en los tiempos de pérdida y de fijación.

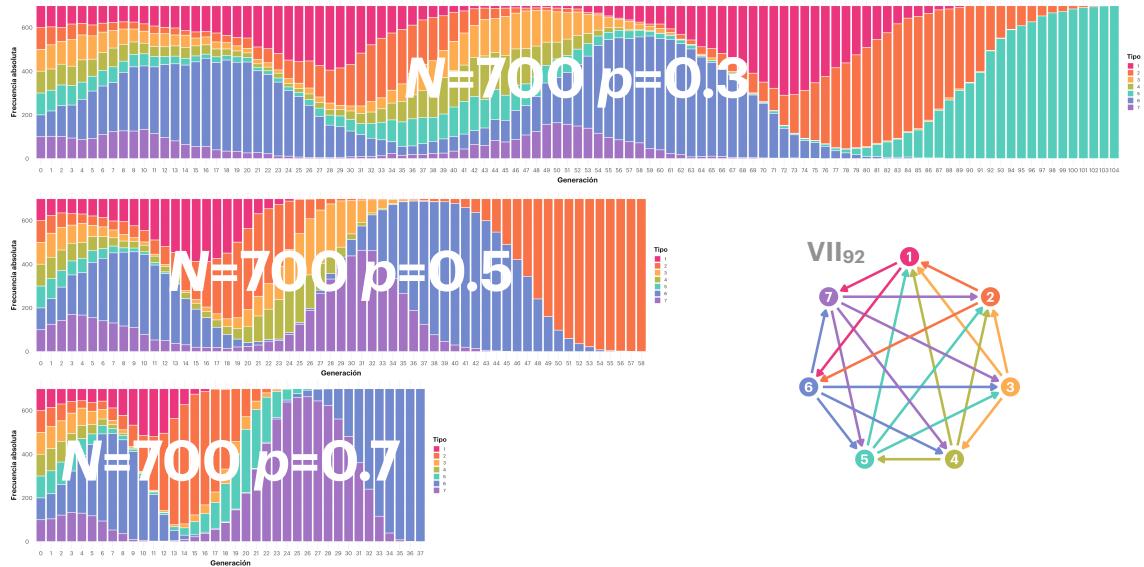


Figura 2.19: Simulaciones variando la probabilidad de que un individuo tenga dos padres potenciales.



CAPÍTULO 03

R-PROCESO EVOLUTIVO TORNEO-VALUADO

2.1 r -proceso evolutivo torneo-valorado

En el capítulo anterior, al estudiar la relación entre el torneo que designa la dinámica inicial entre los tipos y el desarrollo de la población nos percatamos que las gráficas con mayor regularidad le otorgaban a la población un comportamiento más estable, en el cual la extinción de los tipos tomaba más generaciones al igual que la fijación. Dado que sin importar el orden del torneo siempre se tienen gráficas regulares o semi-regulares, es natural que nos preguntemos que dada cualquier configuración de orden menor, qué tan sencillo (o incluso factible) es llegar a una configuración regular o semi-regular solamente agregando nuevos vértices y relaciones al azar con el resto de los vértices.

Una forma de responder esta pregunta es a través de la definición del **r -proceso eTV**. En este nuevo modelo comenzamos con una población inicial con r tipos y N individuos distribuidos equitativamente entre los distintos tipos, dejando que evolucione normalmente como en un modelo de Wright-Fisher con selección hasta que alguno de los tipos alcance frecuencia cero. Una vez que algún tipo se haya extinguido de la población, en la siguiente generación reintroduciremos un individuo de este mismo tipo, sólo que ahora sus relaciones con el resto de los tipos serán al azar. Como efecto se tiene que el r -proceso eTV toma valores únicamente en el conjunto de torneos de orden r .

Es importante notar que la cantidad de torneos no isomorfos aumenta exponencialmente conforme crece el orden de los torneos, sin embargo, la cantidad de gráficas regulares o semi-regulares no crece de manera proporcional, particularmente en los torneos regulares. Por esta razón consideramos únicamente los torneos de orden 3 y orden 4 para ejemplificar este modelo.

En la figura 3.1 podemos observar como funciona este modelo. Comenzamos con una población compuesta por 40 individuos y cuatro tipos que constan de 10 individuos cada uno. En algunas generaciones aparece una línea punteada blanca que nos indicará la extinción de algún tipo, por ejemplo, la línea punteada en la generación 10 nos indica que

el tipo 1 ha alcanzado la frecuencia cero, por lo que en la generación 11 resurge con un único individuo y nuevas interacciones con el resto de los tipos, originando un nuevo torneo.

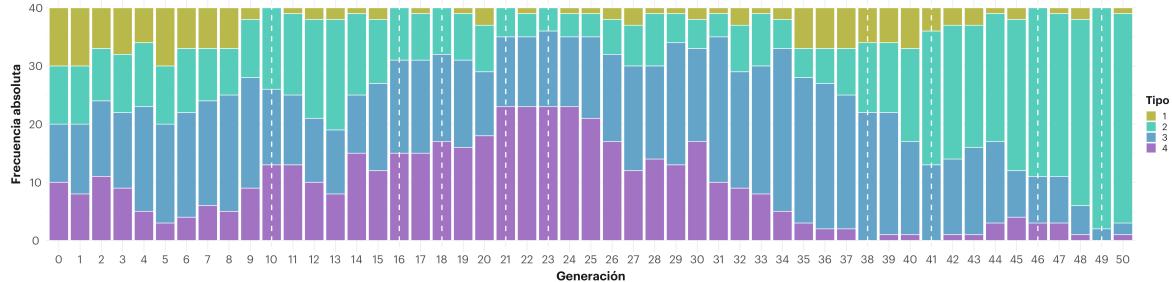


Figura 3.1: Simulación de un 4-proceso eTV, $N=40$, $p=0.5$.

La sucesión de torneos que genera la población de la figura 3.1 hasta la generación 49 está dada por las gráficas en la figura 3.2. El primer torneo es la dinámica con la que comienza la población, tras perder al primer tipo y reintroducirlo se genera el segundo torneo, y como podemos ver, los únicos cambios se producen en las relaciones con el vértice 1. Para poder identificar fácilmente cuáles fueron los vértices que sufrieron cambios de un torneo a otro, estos están marcados con un círculo magenta.

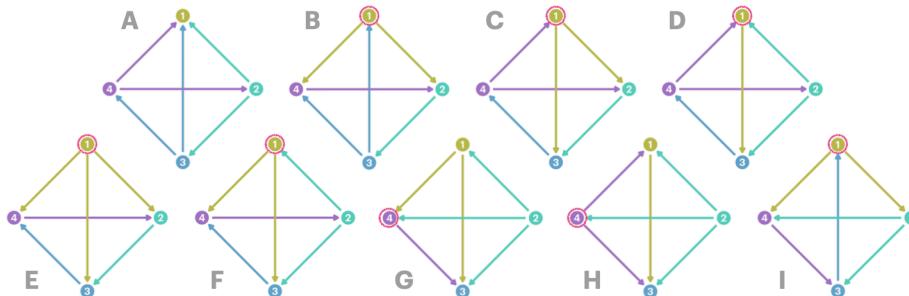


Figura 3.2: Secuencia de torneos generados por la simulación en la figura 3.1.

La medida de qué tan accesible es una configuración de un torneo la obtendremos contando la cantidad de ocasiones en las que se llega a él (o a alguna gráfica isomorfa a él) y calculando su proporción con respecto al total de torneos. Para poder realizar esto nos apoyamos de los coeficientes de regularidad y dominancia, puesto que identifican a la gráfica semi-regular de forma única con el valor 1.72. Es así que podemos resumir la información que necesitamos de la población en el gráfico de barras de la figura 3.3.

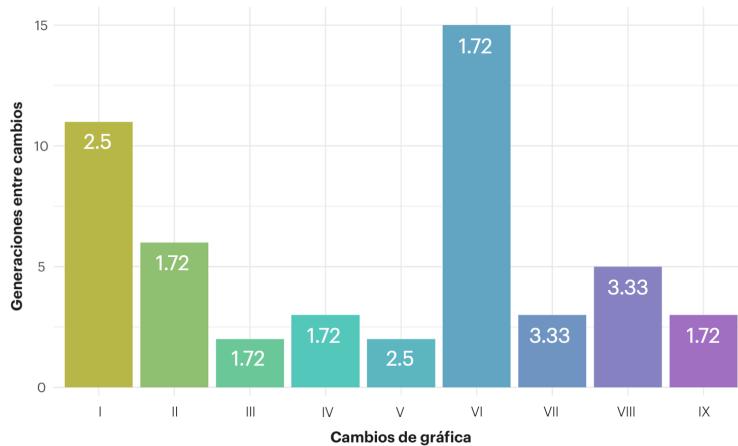


Figura 3.3: Cantidad de generaciones pasadas en cada gráfica.

En la figura 3.3 cada uno de los torneos generados por la extinción y reintroducción de un tipo es representado por una barra, donde su altura está dada por la cantidad de generaciones entre la extinción de un tipo y otro, es decir, el tiempo de pérdida del correspondiente torneo en esta simulación. Estos resultados parecieran contradictorios a los obtenidos en el capítulo pasado, en donde habíamos visto que mayor regularidad en las gráficas tendía a arrojar tiempos de pérdida muy largos, pero en este ejemplo tenemos el caso del torneo III que a pesar de ser semi-regular pierde al tipo 1 en tan solo dos generaciones.

Sin embargo, no existe tal contradicción puesto que en el capítulo anterior el tiempo de pérdida es estudiado bajo la condición de una generación inicial equitativamente distribuida, y aquí es una propiedad con la que no contamos pues alguno de los tipos consta únicamente de un individuo. No obstante, cabe recalcar que incluso bajo estas circunstancias la regularidad de los torneos sigue siendo un factor muy importante puesto que, como es el caso del torneo VI (semi-regular), su tiempo de pérdida es claramente superior al del resto.

Por lo mencionado anteriormente, parece no ser suficiente sólo fijarnos en qué tan probable es arribar a una configuración regular, sino que también nos importa la cantidad de generaciones que estamos pasando en este tipo de gráficas con respecto del total. Es así como surgen dos medidas que nos pueden arrojar información interesante: la *accesibilidad* y la *proporción de tiempo en el torneo regular* (PTTR).

Definición 3.1 *Accesibilidad y proporción de tiempo en un torneo*

*Dada una simulación de una población con cantidad de tipos constante, definimos la **accesibilidad** de un torneo T como la cantidad de veces en la que T (o algún isomorfismo de T) es la regla de interacción competitiva entre el total de torneos en el período estudiado.*

*La **proporción de tiempo en un torneo T** se calcula como la cantidad de generaciones en las que la regla de interacción está dada por T (o algún isomorfismo de T) entre la cantidad de generaciones en el período estudiado.*

A diferencia de los coeficientes de regularidad y de dominancia, que son medidas que dependen únicamente del torneo, la accesibilidad y la PTTR están estrechamente relacionadas con los parámetros de la población. El primer punto a notar es que como el proceso puede continuar indefinidamente, es necesario especificar una cantidad de generaciones en la simulación de forma que sean suficientes para tener una verdadera imagen del comportamiento, pero no demasiadas como para que agotemos la capacidad computacional. Resulta que $N \times N$ es la cantidad adecuada, donde N es el tamaño de la población.

Claramente el tamaño de la población es un parámetro de gran relevancia, por lo que para ver el efecto que tiene tomar distintos valores de N realizamos dos familias de simulaciones de 3-procesos eTV. Para la primera tomamos una generación inicial con 10 individuos de cada tipo, dando un total de 30 individuos, y para la segunda tenemos 150 individuos en total siendo divididos entre los tres tipos. Además, variamos la probabilidad de tener dos madres potenciales de 0 a 1.

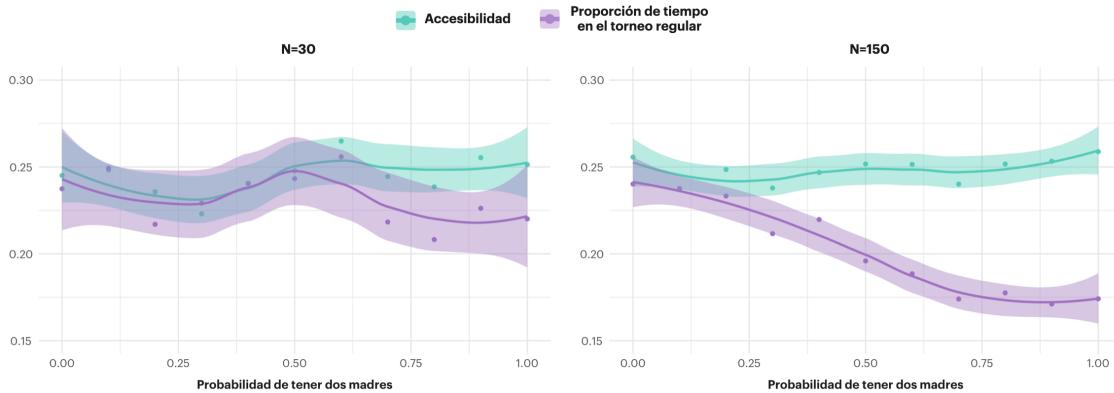


Figura 3.4: Comportamiento de accesibilidad y PTTR variando el tamaño de la población.

A pesar de que son dos parámetros los que marcan la diferencia en los comportamientos entre ambos gráficos, la realidad es que la diferencia se la podemos achacar a un único factor: la selección natural. El comportamiento esperado corresponde a las simulaciones con mayor tamaño de la población, y esto se debe a que cuando la población es más pequeña la selección natural es menos efectiva. Asimismo, el reducir el tamaño de la población provoca que se esté observando en una ventana más corta de tiempo, por lo que los sucesos poco usuales tienen mayor peso generando un sesgo en los datos.

2.2 r -proceso torneo-valuado

El r -proceso eTV no es necesariamente markoviano puesto que requerimos la información de la evolución de toda la población para su construcción. Sin embargo, es la inspiración para construir un proceso que sí cumple con esta propiedad. Primero que nada, para mantener la relación con el r -proceso eTV, haremos que el espacio de estados se limite al conjunto de los torneos de orden $r \in \mathbb{N}$. Tomando en cuenta esta observación, podemos construir la cadena de Markov tomando $r = 3$ y haciendo distinción entre las gráficas de acuerdo al etiquetado de los vértices, obteniendo de esta forma 8 torneos distintos.

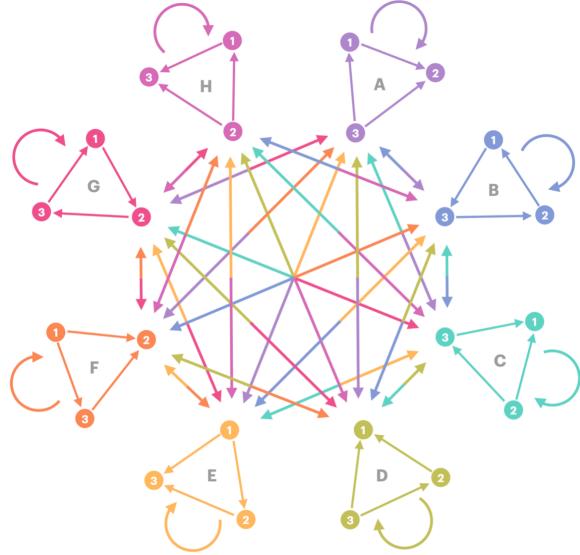


Figura 3.5: 3-proceso TV con extinción a 0 pasos.

El planteamiento en este proceso es similar al del r -proceso eTV, donde para movernos de un torneo a otro es necesario que alguno de los tipos se extinga y resurja en la población con nuevas interacciones con el resto de los tipos. Sin embargo, como ya no nos interesa depender de una población, la extinción será determinada por una caminata aleatoria sobre cada torneo T dentro del proceso ($\{W_m^{T_i}\}_{m \in \mathbb{N}}$).

Cada vez que algún tipo alcanza frecuencia cero, la caminata aleatoria será reiniciada, escogiendo el punto sobre el cual iniciamos la caminata uniformemente al azar de todos los vértices de T . Así, podemos imaginar un caminante que recorre el torneo T , donde cada paso que dé deberá ser en el sentido de las flechas adyacentes al vértice sobre el cual está parado,

de modo que a cada paso únicamente podrá llegar (con la misma probabilidad) a los vecinos exteriores del vértice sobre el cual está parado; en caso de no tener vecinos exteriores, habremos llegado a un vértice absorbente, por lo que, sin importar la cantidad de pasos que demos, siempre permaneceremos en el mismo punto. La “extinción” de un vértice se dará con la eliminación del vértice sobre el cual el caminante estará parado luego de $k \in \mathbb{N}_0$ pasos. De este modo, para poder definir las transiciones del proceso la clave está en fijarnos en la estructura del torneo en el que estamos y la del torneo que queremos alcanzar.

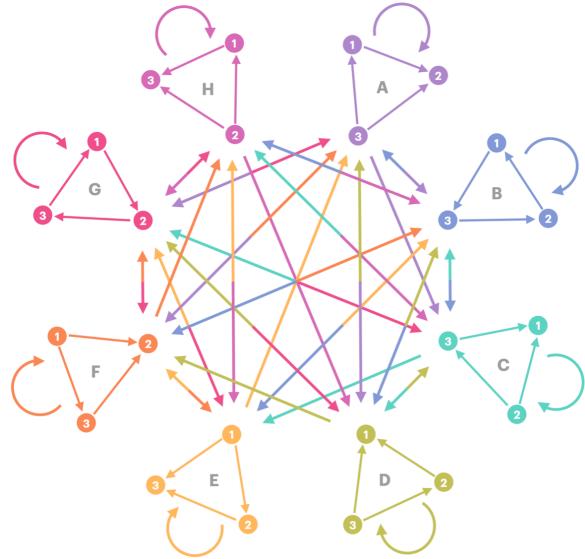


Figura 3.6: 3-proceso TV con extinción a 1 paso.

El caso de la caminata aleatoria degenerada en la cual se dan 0 pasos en realidad sólo consiste en escoger un vértice al azar dentro del torneo para eliminar, por lo que nos permite llegar a todos los vértices del torneo sin importar que no tengan ningún vecino interior.

Por otro lado, imaginemos un caminante que provoca un evento de extinción en un solo paso y veamos qué ocurre si estamos en el torneo A y nos interesa cambiar al torneo B. Para concretar esta transición, es necesario que el tipo que se extinga sea el 1 ya que ninguna de las flechas de este vértice es compatible con las que tiene en el torneo B, debido a esto es necesario que el caminante inicie desde el vértice 3 ya que es el único a partir del cual podemos alcanzar al vértice 1 en un solo paso. Teniendo toda esta información en cuenta, este evento tiene probabilidad $\frac{1}{3} \cdot \frac{1}{2} = \frac{1}{6}$ de ocurrir dada por la disposición de las flechas del

tipo 1 o el tipo 2 por igual. Para poder eliminar al tipo 1 es necesario comenzar desde el tipo 3, mientras que el tipo 2 lo podemos alcanzar desde cualquiera de los tres tipos, de modo que la probabilidad únicamente depende del acomodo de las flechas, y dado que el posicionamiento de las flechas es completamente análogo, la probabilidad de transición es $\frac{1}{4}$.

Cuando ocurre la extinción a los dos pasos del caminante es el caso más sencillo de observar. Para esto en realidad basta enfocarnos en los dos isomorfismos realmente distintos; los torneos B y G son isomorfos a la gráfica de piedra, papel o tijera, y el resto de los torneos son isomorfos a la gráfica transitiva. La probabilidad de extinción de cualquier vértice en las gráficas del primer grupo es la misma para cada vértice, en cambio, en el segundo grupo el vértice que no tiene vecinos exteriores se extinguirá con probabilidad 1 sin importar desde qué vértice se empiece la caminata por ser un estado absorbente.

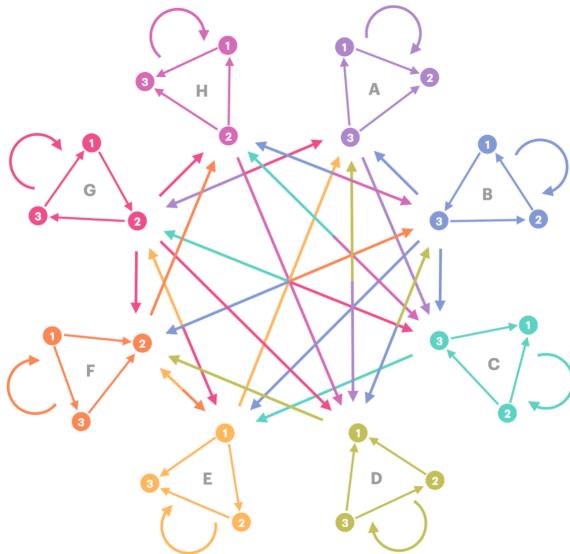


Figura 3.8: 3-proceso TV con extinción a 2 pasos.

Una conjetura que podemos hacer a partir de la información anterior es que el 3-proceso TV es caracterizado completamente por las caminatas aleatorias que producen extinción a k pasos con $k \in \{0,1,2\}$, ya que para $k \geq 2$ el comportamiento de la gráfica transitiva es el mismo pues es absorbida en un vértice, y en el caso del torneo de piedra, papel o tijera sin importar la cantidad de pasos que se tomen es como escoger cualquier vértice uniformemente al azar y eliminarlo. Una conjetura más atrevida es la de que cualquier r -proceso TV puede ser completamente caracterizado por caminatas aleatorias que producen extinción a k pasos con $k \in \{0,1,\dots,r-1\}$.



CAPÍTULO 04

**PROCESO EVOLUTIVO
TORNEO-VALUADO
CON MUTACIÓN**

El proceso eTV simple y el r -proceso eTV son de utilidad gracias a la información que nos proporcionan acerca del comportamiento de los torneos y su relación con las poblaciones. No obstante, desde el punto de vista biológico no parecen ser lo suficientemente realistas, pues en ambos casos partimos de forzar una estructura que determine las relaciones de competencia entre los tipos. En el proceso eTV con mutación comenzamos con una población conformada únicamente por un tipo y en generaciones posteriores aparecerán individuos mutantes, que poseen características distintas a los tipos ya presentes. Estas características podrían otorgarles, por comparación, una ventaja o desventaja selectiva, estableciendo así una relación de competencia entre ellos.

El planteamiento de este modelo es muy similar al de los procesos anteriores, donde la genealogía se construye de acuerdo al modelo de Wright-Fisher con selección. Sin embargo, la mayor diferencia radica en que tanto en el proceso eTV simple como en el r -proceso eTV el orden de los torneos no crece, mientras que en el proceso eTV con mutación la cantidad de tipos en la población puede aumentar en caso de una mutación o disminuir si alguno de los tipos presentes alcanza la frecuencia cero.

Una limitación operacional que se tiene que tomar en cuenta respecto a las simulaciones de este modelo es que la máxima cantidad de tipos ya está predeterminada; lo que trae como consecuencia que los tipos puedan “reaparecer” tras haberse extinguido previamente, o que durante varias generaciones no se presente una mutación a pesar de que en cuestión de tiempo sí se espera que ocurra. El primer escenario sucede porque el programa se encarga de buscar lugares disponibles dónde colocar al tipo de la mutación más reciente, esto significa que tomará el lugar de cualquier tipo cuya frecuencia sea cero, sin importar que ya haya estado presente anteriormente en la población. El segundo escenario se produce cuando la frecuencia de todos los tipos es mayor que cero, es decir, que estemos en la capacidad máxima de tipos. Si se presenta el segundo caso, en las siguientes generaciones la evolución de la

población será como en el proceso eTV simple hasta que la frecuencia de alguno de los tipos llegue a cero, liberando un espacio para que llegue un nuevo tipo.

En primera instancia, para tener mayor control sobre la influencia de los distintos parámetros en el modelo, un individuo mutante llegará a la población cada M generaciones de forma constante y le serán asignados un nuevo tipo y sus respectivas interacciones de competencia con el resto de los tipos en la población uniformemente al azar.

Para ilustrar esto, tomemos como ejemplo la siguiente simulación en donde la primer generación consta de 50 individuos del primer tipo. Aquí la probabilidad de tener dos madres potenciales es de 0.5, cada 2 generaciones aparece un individuo mutante, y queremos observar qué es lo que ocurre hasta la generación 25.

		Generaciones																									
		0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25
Tipos	1	50	50	49	49	48	48	47	40	40	33	33	28	27	25	21	19	16	13	11	7	3	2	4	6	9	11
	2	0	0	1	1	1	2	2	6	6	12	12	15	15	17	19	18	17	20	20	18	18	9	3	4	4	2
	3	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	2	3	3	4	5	6	4	8	14	21	19	19	21
	4	0	0	0	0	0	0	1	4	3	3	2	3	3	4	5	9	12	11	11	18	17	24	21	18	14	12
	5	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	2	4	4	2	2	1	1	1	2	3	4	1	1	3	4	4

Figura 4.1: Composición de una población simulada con mutación constante y parámetros $N=50$, $p=0.5$, $M=2$.

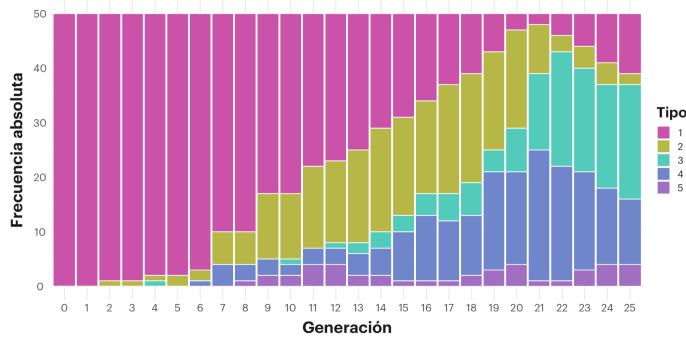


Figura 4.2: Simulación de la población con mutación mostrada en la figura 4.1.

La construcción del proceso eTV asociado a una población con mutación siempre comienza con el torneo trivial que consiste del vértice que representa al tipo 1. Con las mutaciones que llegan eventualmente a la población se agregan los vértices que corresponden a los nuevos tipos y con ellos las flechas que determinan las interacciones con los tipos restantes en la población. Además, al igual que en el proceso eTV simple, cada vez que un tipo alcanza frecuencia cero, su correspondiente vértice es eliminado del torneo, así como las flechas que indican como está relacionado.

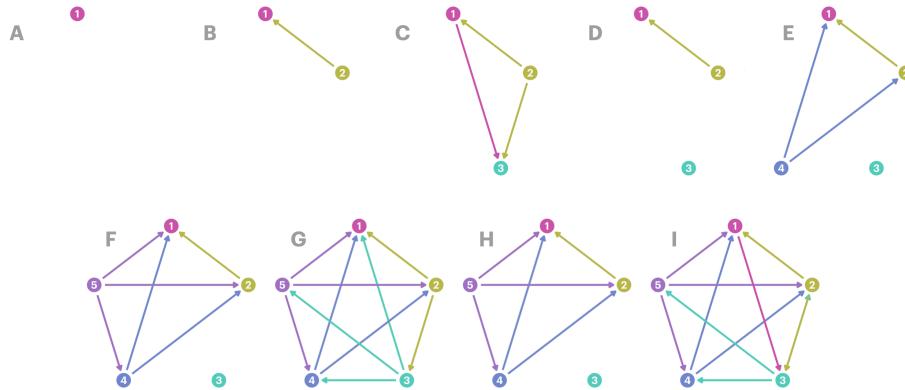


Figura 4.3: Secuencia de torneos generados por la simulación en la figura 4.2.

En la naturaleza, las mutaciones dependen de las características de los genes y de factores ambientales, provocando que bajo ciertas alteraciones la frecuencia de aparición de estas mutaciones aumente o disminuya. Es así que, al observar la evolución de una población podríamos considerar a cada generación como un experimento cuyos resultados pueden ser un éxito (ocurre una mutación) o un fracaso (no ocurre una mutación). Si asumimos además que las generaciones son independientes entre sí, es decir, que la aparición de una mutación no provoca que haya más o menos mutaciones en las próximas generaciones, y que la probabilidad de que aparezca una mutación en una generación es la misma para cualquier generación, entonces lo que estamos buscando para agregarle aleatoriedad al modelo es una variable con distribución geométrica de parámetro $\frac{1}{M}$ que nos indique cada cuantas generaciones aparecerá una mutación.

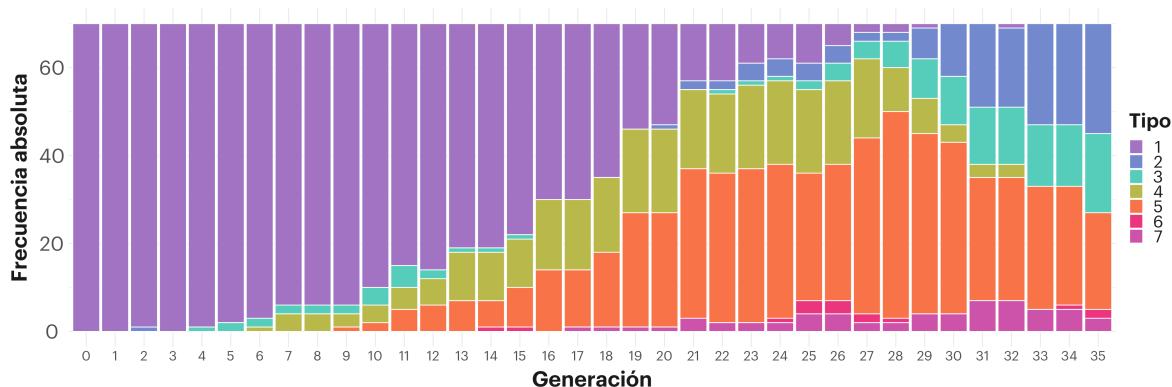


Figura 4.4: Composición de una población simulada con mutación geométrica y parámetros $N=50$, $p=0.5$, $M=2$.

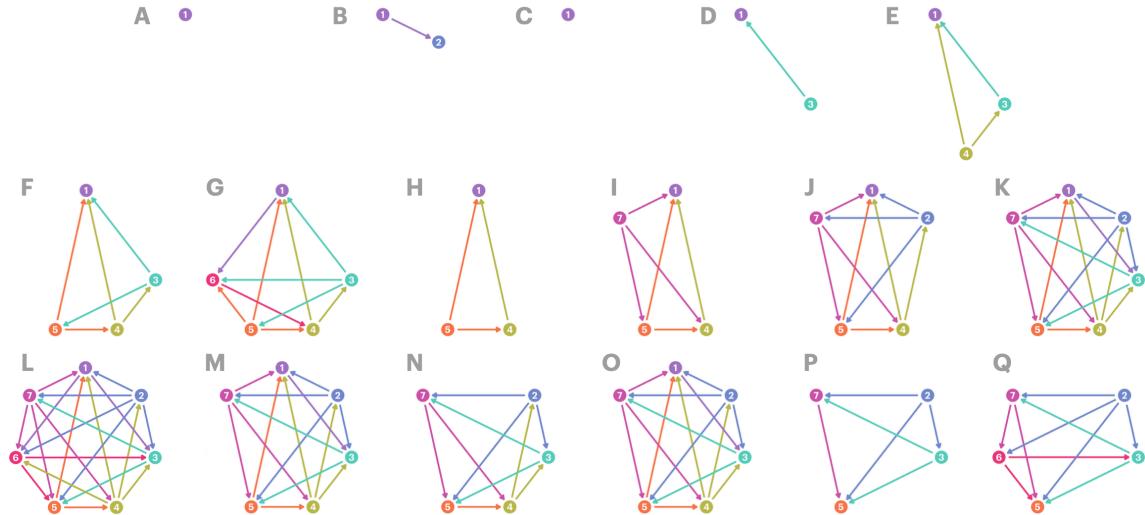


Figura 4.5: Secuencia de torneos generados por la simulación en la figura 4.4.

Parte de nuestro objetivo es alcanzar una dinámica lo suficientemente estable para que se prolongue por varias generaciones y en donde interactúen la mayor cantidad posible de tipos. Esto presenta varias dificultades, ya que a diferencia del proceso eTV simple, en este caso la distribución de los individuos entre los distintos tipos no es equilibrada. De hecho, por el análisis realizado en el r -proceso eTV, sabemos que, aunque el torneo que se forme sea regular, es posible que se pase poco tiempo en esa configuración, ya que, si algún tipo consta únicamente de un individuo, las probabilidades de que herede su tipo en la siguiente generación son bajas.

Dado que la diversidad es una característica de interés en este trabajo, es natural que nos preguntemos qué parámetros afectan la cantidad de tipos promedio presentes simultáneamente en una población. Por el análisis en el caso sin mutación, sabemos que una

probabilidad alta de tener dos madres potenciales implica mayor selección, provocando que haya mayor pérdida de tipos. Ahora, el nuevo parámetro a considerar es la cantidad de generaciones entre las cuales ocurre una mutación y otra, y como las mutaciones siguen apareciendo siempre y cuando haya espacio para recibir un nuevo tipo, también debemos considerar la cantidad de generaciones durante las que vemos la evolución de la población.

El parámetro M indica la cantidad de generaciones esperada entre mutaciones, y para estudiar sus efectos realizamos 50 simulaciones variando M de 1 a 5 por 1000 generaciones, con el resto de los parámetros dados por $N = 500$, $p = 0.5$ y cupo máximo 20 tipos. Así, para cada M tenemos como resultado una simulación promedio en la que en cada generación tenemos el valor generado de promediar la cantidad de tipos en esa generación en las 50 simulaciones. Visualizamos esos resultados mediante gráficas de densidad en la figura 4.6:

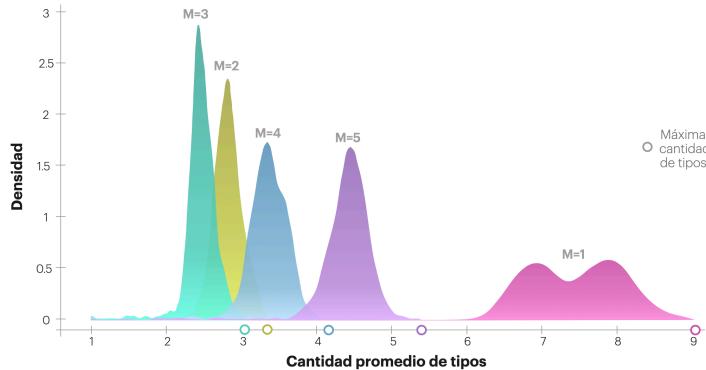


Figura 4.6: Gráficos de densidad de la cantidad de tipos variando el parámetro M .

De los resultados anteriores vemos que el máximo de tipos es un parámetro descartable en este caso ya que nunca se alcanza, siendo nueve tipos presentes simultáneamente la cantidad máxima registrada. Además, como era esperado cuando $M = 1$ hay una mayor diversidad pues las mutaciones ocurren con mayor frecuencia, sin embargo, no por aumentar la cantidad

de generaciones esperadas entre mutaciones vemos que forzosamente disminuya la cantidad de tipos, ya que cuando $M = 3$ vemos que la mayor parte del tiempo hay entre 2 y 3 tipos, pero cuando $M = 5$ hay entre 4 y 5 tipos simultáneamente.

El último parámetro que nos queda por analizar es el tamaño de la población N ; para estudiar su relación con la cantidad de tipos fijamos el resto de los parámetros en $p = 0.5$, $M = 1$ (puesto que bajo esta condición es cuando se registra la mayor cantidad de tipos), cupo máximo 20 tipos y observamos la población por 500 generaciones. Probamos con los tamaños de población 100, 1000, 5000, 12500 y hasta 100000 con intervalos de 12500, y como hicimos con el parámetro de mutación, también realizamos 50 simulaciones para obtener una cantidad promedio de tipos por cada generación, la diferencia es que en lugar de fijarnos en todas las cantidades de tipos en la población, nos concentramos en el máximo registrado.

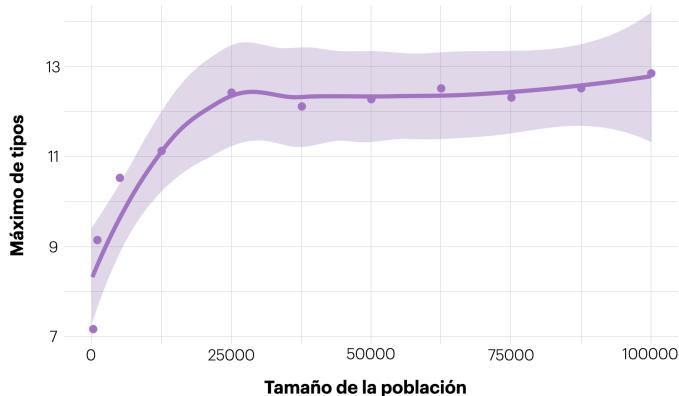


Figura 4.7: Máximo de tipos en función del parámetro N .

Podemos observar que el crecimiento del tamaño de la población conlleva un crecimiento logarítmico en la diversidad, esto se debe a que al trabajar con poblaciones muy pequeñas las oportunidades de transmitir los genes del individuo mutante que recién llega a la población son bastante escasas ya que hay menos individuos que lo pudieran escoger como padre potencial en la siguiente generación por lo que la extinción es un escenario más probable. Al aumentar el tamaño de la población, las probabilidades del mutante de transmitir sus genes aumentan, sin embargo, al haber mayor cantidad de tipos en simultáneo la competencia también se intensifica.



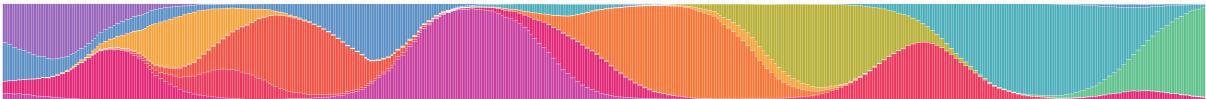
CONCLUSIONES

En esta tesis nos interesa hallar las características de una gráfica que representa la dinámica competitiva entre tipos de individuos que haga que una población sea mucho más diversa. El primer paso para esto fue definir la clase de estructura que necesitamos para que una gráfica en efecto represente una dinámica competitiva entre todos los tipos de la población, y la respuesta la obtuvimos en los torneos.

Posteriormente nos centramos en los atributos que consideramos que debe poseer una población diversa, estos son un tiempo de pérdida y un tiempo de fijación largos; en el análisis de estas propiedades descubrimos que las poblaciones con los tiempos más largos estaban asociadas a torneos regulares. Para confirmar este hallazgo, desarrollamos un coeficiente que nos permitiera medir la regularidad y la dominancia de una gráfica, y así compararlo con los tiempos de pérdida y de fijación. El planteamiento inicial dio resultados positivos en cuanto a los tiempos de pérdida ya que a mayor regularidad del torneo tomaba más generaciones en ocurrir la primera extinción, sin embargo, no ocurrió lo mismo con el tiempo de fijación debido a que esta propiedad no sólo depende de la estructura de la gráfica sino de más factores asociados a la simulación de la población, por lo cual se desarrolló un coeficiente secuencial que manifestara el comportamiento esperado y no determinista.

Dado que ya sabíamos de la relevancia de los torneos regulares, estudiamos los r -procesos eTV, que nos permiten definir la accesibilidad y la proporción de tiempo en la gráfica regular, herramientas que nos ayudan a identificar qué tan factible es construir una configuración regular a través de la llegada de un individuo de un nuevo tipo. Adicionalmente, nos permitió abstraer la esencia de los procesos eTV a los procesos torneo-valuados, los cuales son independientes de la simulación de una población y además tienen la propiedad de ser markovianos.

Finalmente, en el último capítulo buscamos construir un modelo más realista en cual la población está conformada por un único tipo y con el tiempo llegan mutantes a ella estableciendo nuevas interacciones competitivas con los tipos ya presentes. Los resultados de esta sección muestran lo complejo que es la formación de una población diversa en la que los tipos coexistan por un periodo extendido de tiempo ya que depende de múltiples factores. Entre los factores más destacados se encuentran la cantidad de generaciones durante las cuales se observa el desarrollo de la población y el tamaño de la población; en el primer factor tenemos que si el periodo es muy corto no se conseguirá llegar a una etapa estable donde varios tipos coexistan y estará estrechamente relacionado con el parámetro de mutación ya que dependerá de la frecuencia de las mutaciones, por otra parte, si el tamaño de la población es muy pequeño no habrá cupo suficiente para tener una gran diversidad de tipos.





CÓDIGOS

◆ Torneos	63
◆ Proceso eTV simple	67
◆ r -proceso eTV	74
◆ Proceso eTV con mutación	81
◆ Paleta de color	90

La ejecución de las siguientes funciones requiere que primero se carguen los siguientes paquetes: **ggplot2**, **GGally**, **ggnet**, **network**, **sna**, **purrr**, **reshape2**, **tidyverse**, **partitions**, **ggpubr**, **extrafont**, **pracma**, **DescTools**, **scales**, **expm**. Para realizar las gráficas como vienen aquí descritas es necesario primer correr la paleta de color.

◆ Torneos

Generación de torneos (**torneos**)

Descripción

Se construye una matriz cuadrada a partir de un vector que determina las entradas del triángulo superior de la matriz, y el resto se construye de tal forma que si la entrada ij es 1, entonces la ji es 0. Esta matriz representa a un torneo. Se utilizará el catálogo de Brendan McKay de gráficas dirigidas no isomorfas para obtener los vectores las gráficas de distinto orden; se puede encontrar en el siguiente enlace: <http://users.cecs.anu.edu.au/~bdm/data/digraphs.html>.

Argumentos

k - Número de columnas (orden del torneo).

v - Vector de entradas del triángulo superior.

Valor

torneo - Matriz cuadrada que representa un torneo.

Función

```
torneos <- function(k, v){
  torneo <- matrix(NA,k,k)
  j <- 2
  l <- 1
  for(i in 1:k){
    j=i+1
    while (j>i && j<=k && l<=(k*(k-1))/2){
      torneo[i,j] <- v[l]
      j = j+1
      l = l+1
    }
  }
}
```

```

}
for(i in 1:k){
  j=i+1
  while (j>i && j<=k){
    if(torneo[i,j]==0){torneo[j,i]=1}
    else{torneo[j,i]=0}
    j = j+1
  }
}
for(i in 1:k){
  torneo[i,i]=0
}
return(torneo)
}

```

Coeficiente de dominancia de un torneo (**c.dominancia**)

Descripción

Dada una matriz M esta función calcula $M + M^2$, de la matriz resultante se suman sus filas y a esos valores se les calcula la desviación absoluta promedio.

Argumentos

torneo - Matriz cuadrada asociada a un torneo.

Valor

s - Número con el valor de coeficiente de dominancia del torneo.

Función

```

c.dominancia <- function(torneo){
  domat <- torneo+(torneo**torneo)
  dom <- rowSums(domat)
  s <- MeanAD(dom)
  return(s)
}

```

Coeficiente de regularidad de un torneo (**c.regularidad**)

Descripción

Dada una matriz M que represente un torneo se calcula el grado de cada vértice v mediante la suma de su correspondiente fila; se calcula el grado común de v y w tomando la intersección de los vértices a los cuales apuntan. Se calcula la desviación absoluta promedio de los dos conjuntos de valores. El coeficiente de regularidad está dado por la suma de la mitad de la dap de los grados y la dap de los grados.

Argumentos

torneo - Matriz cuadrada asociada a un torneo.

Valor

r - Número con el valor de coeficiente de dominancia del torneo.

Función

```
c.regularidad <- function(torneo){
  vgrado <- rowSums(torneo)
  vwgrado <- c()
  vwvec <- c()
  m <- 0
  for(i in 1:(nrow(torneo)-1)){
    for(j in i:(nrow(torneo)-1)){
      m <- m+1
      vwvec <- intersect(which(torneo[i,]==1), which(torneo[j+1,]==1))
      vwgrado[m] <- length(vwvec )
    }
  }
  vw <- MeanAD(vwgrado)
  v <- MeanAD(vgrado)
  r <- 0.5*vw + v
  return(r)
}
```

Color de las aristas de un torneo (`col_aristas`)

Descripción

Colorear las aristas del mismo color que su vértice de origen.

Argumentos

`A` - matriz cuadrada asociada a un torneo

Valor

`entrada` - Vector con los índices de los vértices de los cuales salen las aristas.

Función

```
col_aristas <- function(A){  
  entrada <-c()  
  for(i in 1:ncol(A)){  
    for(j in 1:nrow(A)){  
      if(A[j,i]==1){  
        entrada <- cbind(entrada,j)  
      }  
    }  
  }  
  return(entrada)  
}
```

Graficar torneo (`graficar_torneo`)

Descripción

Graficar el torneo que representa las interacciones competitivas de los tipos en la población con los colores correspondientes de cada tipo.

Argumentos

`torneo` - Matriz cuadrada asociada a un torneo.

Valor

No regresa ningún valor, únicamente imprime la gráfica.

Función

```
graficar_torneo <- function(torneo){
  k <- ncol(torneo)
  if(k>=8){
    paleta <- "Minoes10"
  } else if(k<=3){paleta <- "Minoes3"}
  else if(k==4){paleta <- "Minoes4"}
  else if(k==5){paleta <- "Minoes5"}
  else if(k==6){paleta <- "Minoes6"}
  else if(k==7){paleta <- "Minoes7"}
  net <- network(torneo, directed = T)
  colores<-argeiris(paleta, k,type = "discrete")
  ggnet2(net, size=18, label = 1:k, label.color = "white",
    label.size = 10,
    mode = "circle", edge.size=2.5,
    arrow.size = 12, arrow.gap = 0.07,
    node.color = argeiris(paleta, k, type = "discrete"),
    edge.color = c(colores[col_aristas(torneo)]))
}
```

◆ Proceso eTV simple

Elección de madres de un individuo (**madres**)

Descripción

Se asignan madres potenciales de la generación pasada a cada individuo de la nueva generación.

Argumentos

G - Vector con la información de los tipos de los individuos de la generación anterior.

x - Probabilidad de tener 2 madres.

Valor

madre - Matriz de 2 columnas y N filas. Cada fila corresponde a un individuo y cada columna corresponde a una madre potencial de ese individuo. En la matriz cada madre está representada por el índice que le corresponde en su generación.

Función

```
madres <- function(G, x){
  N <- tail(which(G>0),1)
  madre <- matrix(0, N, 2)
  for(j in 1:N){
    madre[j,1] <- rdunif(1, N, 1)
    if(runif(1,min=0,max=1)<=x){
      madre[j,2] <- rdunif(1, N, 1)
    } else{ madre[j,2]=0}
  }
  return(madre)
}
```

Proceso de frecuencias (**frecuencias**)

Descripción

Contar cuántos individuos de cada tipo hay en la generación presente.

Argumentos

k - Cantidad de tipos en la población.

G - Vector que contiene la información del tipo de cada individuo.

Valor

gen - vector numérico donde cada entrada corresponde a la cantidad de individuos de cada tipo.

Función

```
frecuencias <- function(k,G){
  gen <- c(rep(0,k))
  N <- tail(which(G>0),1)
  for(i in 1:N){
```

```

    for(j in 1:k){
      if(G[i]==j){
        gen[j] <- gen[j]+1
      }
    }
  }
}
return(gen)
}

```

Asignación de tipos a la nueva generación (**tipos**)

Descripción

Se asigna un tipo a cada individuo de la nueva generación de acuerdo con las madres que tuvo y su relación competitiva.

Argumentos

G - Vector que contiene la información del tipo de cada individuo de la generación de madres.

madres - Matriz con las madres potenciales de cada individuo.

IS - Matriz asociada a un torneo que dicta las interacciones selectivas entre los distintos tipos.

Valor

Gs - Vector que contiene la información del tipo de cada individuo de la nueva generación.

Función

```

tipos <- function(G,madres,IS){
  N <- tail(which(G>0),1)
  Gs <- c()
  for(j in 1:N){
    if(madres[j,2]==0 || G[madres[j,1]]==G[madres[j,2]]){
      Gs[j] <- G[madres[j,1]]
    }else{
      if(runif(1)<=IS[G[madres[j,1]],G[madres[j,2]]]){
        Gs[j] <- G[madres[j,1]]
      } else{Gs[j] <- G[madres[j,2]]}
    }
  }
}

```

```

    }
  }
  return(Gs)
}

```

Simulación de una población simple (**poblacion**)

Descripción

Simular el comportamiento de una población a lo largo de varias generaciones tomando como parámetros el tamaño de la población, la cantidad de tipos y cómo están distribuidos los individuos entre ellos, la forma en que los tipos interactúan y la magnitud de la selección natural.

Argumentos

G0 - Generación inicial de la población. Vector con la información de los tipos de los individuos de la primera generación.

IS - Matriz que designa las relaciones de competencia entre los tipos de la población.

g - Cantidad de generaciones durante las cuales se desea observar el comportamiento.

x - Probabilidad de que cada individuo tenga dos madres potenciales.

Valor

gens - Matriz donde cada columna representa una generación y cada fila un tipo, por lo que la entrada ij de la matriz nos dice cuántos individuos hay del tipo i en la generación j .

Función

```

poblacion <- function(G0, IS, g, x) {
  N <- length(G0)
  k <- ncol(IS)
  G <- G0
  gens <- frecuencias(k,G0)
  nombres <- c("0")
  i = 1
  while(all(gens<N) && i<=g){
    madre <- madres(G,x)
    Gs <- tipos(G,madre,IS)
  }
}

```

```

    i = i+1
    gens1 <- frecuencias(k,Gs)
    gens <- cbind(gens,gens1)
    G <- Gs
  }
  colnames(gens) <- 0:(ncol(gens)-1)
  return(gens)
}

```

Graficar población simple (`graficar_pob`)

Descripción

Graficar el comportamiento de la población a través de un gráfico de barras apiladas, donde cada generación es ilustrada por una barra, los distintos colores de las barras representan los tipos de la población, y la longitud de cada color corresponde con frecuencia absoluta de cada tipo.

Argumentos

`poblacion` - Matriz donde cada columna representa una generación y cada fila un tipo, por lo que la entrada ij de la matriz nos dice cuántos individuos hay del tipo i en la generación j .

Valor

No regresa ningún valor, únicamente imprime la gráfica.

Función

```

graficar_pob <- function(poblacion){
  k <- nrow(poblacion)
  pop_long <- melt(poblacion, measure.vars = 2:ncol(poblacion))
  colnames(pop_long) <- c("tipo", "generacion", "frecuencia")
  if(k>=8){
    paleta <- "Minoes10"
  } else if(k==3){paleta <- "Minoes3"}
  else if(k==4){paleta <- "Minoes4"}
  else if(k==5){paleta <- "Minoes5"}
  else if(k==6){paleta <- "Minoes6"}
}

```

```

else if(k==7){paleta <- "Minoes7"}
ggplot(pop_long, aes(x = as.factor(generacion), y = frecuencia, fill =
as.factor(tipo)),width=1) +
  geom_bar(stat = "identity", color= "white", size=0.7) +
  theme_minimal() +
  labs(x="Generación", y="Frecuencia absoluta", fill="Tipo") +
  scale_fill_manual(values=argeiris(paleta, k,type = "discrete"))
}

```

Calcular tiempo de fijación (**tiempo_fijacion**)

Descripción

Calcular la cantidad esperada de generaciones que tarda una población con un torneo que dicta sus relaciones de competencia entre tipos y una distribución inicial de tipos en que se extingan todos los tipos excepto uno. Para obtener un valor estimado se realizan 100 simulaciones.

Argumentos

G - Vector donde cada entrada nos da el tipo de un individuo.

torneo - Torneo que designa las interacciones selectivas entre tipos.

Valor

TF - Cantidad esperada de generaciones que tarda en fijarse un tipo.

Función

```

tiempo_fijacion <- function(G, torneo){
  tiempos <- c()
  for(i in 1:100){
    pob <- poblacion(G,torneo,1000,0.5)
    tiempos[i] <- ncol(pob)-1
  }
  TF <- mean(tiempos)
  return(TF)
}

```

Calcular tiempo de pérdida (`tiempo_perdida`)

Descripción

Calcular la cantidad esperada de generaciones que tarda una población con un torneo que dicta sus relaciones de competencia entre tipos y una distribución inicial de tipos en que se extinga un tipo por primera vez. Para obtener un valor estimado se realizan 100 simulaciones.

Argumentos

`G` - Vector donde cada entrada nos da el tipo de un individuo.

`torneo` - Torneo que designa las interacciones selectivas entre tipos.

Valor

TP - Cantidad esperada de generaciones que tarda en ocurrir la primera extinción.

Función

```
tiempo_perdida <- function(G,torneo){
  cero <- c()
  for(i in 1:100){
    pob <- poblacion(G,torneo,500,0.5)
    cero[i] <- head(unique(col(pob)[which(pob == 0)]),1)-1
  }
  TP <- mean(cero)
  return(TP)
}
```

Obtener sucesión de gráficas (`sucesion`)

Descripción

Dado el torneo con el comienza la población, se obtiene la sucesión de gráficas inducidas por la extinción de tipos, es decir, la eliminación de vértices.

Argumentos

`pob` - Matriz con el comportamiento de la población. Cada columna representa una generación y cada fila un tipo.

torneo - Torneo que designa las interacciones selectivas entre tipos.

Valor

No regresa ningún valor, únicamente imprime la sucesión de gráficas de una población.

Función

```
sucesion <- function(pob, torneo){
  k <- ncol(torneo)
  cero <- unique(row(pob)[which(pob == 0)])
  print(graficar_torneo(torneo))

  for(i in head(cero,-1)){
    torneo[i,]<-rep(0,ncol(torneo))
    torneo[,i]<-rep(0,ncol(torneo))
    print(graficar_torneo(torneo))
  }

  return()
}
```

◆ r-proceso eTV

Torneo de orden constante (**torneo_r**)

Descripción

A partir de una matriz previa y una población en la que por lo menos un tipo se ha extinguido, se construye una nueva matriz que le dota a los extintos de nuevas relaciones competitivas aleatorias con el resto de los tipos.

Argumentos

gens - Matriz con los datos del comportamiento de la población.

IS - Matriz cuadrada asociada a un torneo

Valor

IS - La matriz original modificada aleatoriamente en las filas y columnas corespondientes a los tipos extintos.

Función

```
torneo_r <- function(gens,IS){
  cero <- head(which(gens[,ncol(gens)] == 0),1)
  v1 <- sample(c(0,1),ncol(IS), replace=T)
  v2 <- c()
  for(j in cero){
    for(i in 1:length(v1)){
      if(v1[i]==1 || i==j ){v2[i]=0}
      else{v2[i]=1}
    }
  }
  IS[cero,]<- v1
  IS[,cero]<- v2

  return(IS)
}
```

Muestreo (sampleFrom)

Descripción

Muestrear con repetición. La diferencia de esta función con la usual **sample** es que en caso de que el tamaño del muestreo de mayor al de los elementos disponibles igualmente arroja todos los elementos disponibles, en lugar de marcar error.

Argumentos

x - Conjunto del cual tomar la muestra.

size - Tamaño de la muestra

Valor

res - Vector compuesto por elementos de **x** de tamaño menor o igual.

Función

```
sampleFrom <- function(x, size=length(x)) {  
  n <- length(x)  
  if (n == 1L) {  
    res <- x  
  } else {  
    res <- sample(x, size=size)  
  }  
  return(res)  
}
```

Simulación de una población que termina con la pérdida de un tipo (`r_poblacion_1`)

Descripción

Simular una población que termina hasta la primera extinción de un tipo.

Argumentos

G0 - Generación inicial de la población. Vector con la información de los tipos de los individuos de la primera generación.

IS - Torneo que designa las relaciones de competencia entre los tipos de la población.

g - Cantidad de generaciones durante las cuales se desea observar el comportamiento.

x - Probabilidad de que cada individuo tenga dos madres potenciales.

Valor

gens - Matriz donde cada columna representa una generación y cada fila un tipo, por lo que la entrada ij de la matriz nos dice cuántos individuos hay del tipo i en la generación j .

Función

```
r_poblacion_1 <- function(G0, IS, g, x){  
  N <- length(G0)  
  k <- length(ftable(G0))  
  G <- G0  
  gens <- frecuencias(k,G0)  
  nombres <- c("G0")
```

```

i = 1
while(all(gens>0) && i<=g){
  Vs <- c()
  madre <- madres(G,x)
  Gs <- tipos(G,madre,IS)
  i = i+1
  gens1 <- frecuencias(k,Gs)
  gens <- cbind(gens,gens1)
  G <- Gs
}
return(gens)
}

```

Simulación de una población con r tipos (**r_poblacion**)

Descripción

Simular una población tal que cada vez que se extingue un tipo, éste resurge con nuevas relaciones competitivas con el resto de los tipos.

Argumentos

G0 - Generación inicial de la población. Vector con la información de los tipos de los individuos de la primera generación.

IS - Torneo que designa las relaciones de competencia entre los tipos de la población.

g - Cantidad de generaciones durante las cuales se desea observar el comportamiento.

x - Probabilidad de que cada individuo tenga dos madres potenciales.

Valor

pobtor - Matriz donde las columnas de 1 a la $g + 1$ corresponden a la simulación de la población y las columnas restantes son una concatenación de la sucesión de torneos generada por las extinciones y los reemplazos.

Función

```

r_poblacion <- function(G0, IS, g, x) {
  gens <- r_poblacion_1(G0, IS, g, x)

```

```

k <- nrow(IS)
gens1 <- gens
j= ncol(gens)
torneos <- IS
nombres <- c("0")
while(j<=g){
  IS <- torneo_r(gens1,IS)
  Fi <- gens1[,ncol(gens1)]
  o <- which(Fi == 0)
  v <- which(Fi>length(o))
  if(length(v)==1){
    s <- rep(v,length(o))
  }else{
    s <- sampleFrom(rep(v,times=1),length(o),T)
  }
  for(i in o){
    Fi[i] <- 1
  }
  for(i in s){
    Fi[i] <- Fi[i]-1
  }
  Gi <- rep(1:k, Fi)
  gens1 <- r_poblacion_1(Gi, IS, (g-ncol(gens)), x)
  gens <- cbind(gens,gens1)
  torneos <- cbind(torneos, IS)
  j = ncol(gens)
}
torneos <- cbind(torneos, IS)
nombres <- c()
for(i in 1:ncol(gens)-1){
  nombres[i+1] <- paste(i, sep = "")
}
colnames(gens) <- nombres

```

```

  pobtor <- cbind(gens,torneos)
  return(pobtor)
}

```

Graficar r población (`graficar_pobR`)

Descripción

Análogo a la población simple, con la variante de que la generación en la que ocurrió la extinción está marcada por una línea punteada blanca vertical.

Argumentos

i - Número que indica la generación desde la cual se quiere empezar a ver el comportamiento.

g - Número que indica la generación hasta la cual se quiere a ver el comportamiento.

poblacion - Matriz donde cada columna representa una generación y cada fila un tipo, por lo que la entrada ij de la matriz nos dice cuántos individuos hay del tipo i en la generación j .

Valor

No regresa ningún valor, únicamente imprime la gráfica.

Función

```

graficar_pobR <- function(i,g,poblacion){
  k <- nrow(poblacion)
  pop_long <- melt(poblacion[,i:g], measure.vars = i+1:g)
  colnames(pop_long) <- c("tipo", "generacion", "frecuencia")
  if(k>=8){
    paleta <- "Minoes10"
  } else if(k==3){paleta <- "Minoes3"}
  else if(k==4){paleta <- "Minoes4"}
  else if(k==5){paleta <- "Minoes5"}
  else if(k==6){paleta <- "Minoes6"}
}

```

```

else if(k==7){paleta <- "Minoes7"}

ggplot(pop_long, aes(x=as.factor(generacion), y=frecuencia,
fill=as.factor(tipo)), width=1) +
  geom_bar(stat = "identity", color= "white") +theme_minimal() +
  labs(x="Generación", y="Frecuencia absoluta", fill="Tipo") +
  scale_fill_manual(values=argeiris(paleta, k,type = "discrete")) +
  geom_vline(xintercept = unique(col(poblacion[,i:g] )
[which(poblacion[,i:g]==2)]), linetype="dashed", colour = "white", size=
1)
}

```

Accesibilidad y proporción de tiempo en la gráfica regular (`accesibilidad_tiempoRegular`)

Descripción

Calcular la probabilidad de acceder a la gráfica regular por medio de contabilizar todas las configuraciones que generadas en la simulación y ver cuáles de ellas son regulares. De igual forma, calcular la proporción de tiempo en la gráfica regular sumando las generaciones que se pasaron es esta gráfica de las generaciones totales.

Argumentos

G0 - Generación inicial de la población. Vector con la información de los tipos de los individuos de la primera generación.

IS - Torneo que designa las relaciones de competencia entre los tipos de la población.

g - Cantidad de generaciones durante las cuales se desea observar el comportamiento.

x - Probabilidad de que cada individuo tenga dos madres potenciales.

c - Número como resultado del valor de la suma de los coeficientes de regularidad y dominancia del torneo que se quiere contabilizar.

Valor

at - Vector de dos entradas donde la primera corresponde al cálculo de la accesibilidad y la segunda a la proporción de tiempo. Para obtener un valor promedio esto se aplica a 10 simulaciones.

Función

```
accesibilidad_tiempoRegular <- function(G0,IS,g,x,c){
  k <- nrow(IS)
  acc <- c()
  tr <- c()
  for(j in 1:10){
    coefs <- c()
    pop <- r_poblacion(G0,IS,g,x)
    mat <- pop[,1:(g+1)]
    mat2 <- pop[, (g+2):ncol(pop)]
    u <- c(0,unique(col(mat)[which(mat == 0)]))
    v <- c()
    for(i in 1:(length(u)-1)){
      v[i] <- u[i+1]-u[i]
    }
    for(l in 1:length(v)){
      M <- mat2[, (1+k*(l-1)):(k+k*(l-1))]
      coefs[l] <- round(c.regularidad(M)+c.dominancia(M),2)
    }
    acc[j] <- length(which(coefs==c))/(length(v))
    tr[j] <- sum(v[which(coefs==c)])/g
  }
  at <- c(mean(acc),mean(tr))
  return(at)
}
```

◆ Proceso eTV con mutación

Torneo para población con mutación (`torneo_mutante`)

Descripción

Construir un torneo para una población en la que llegan nuevos tipos de individuos. La cantidad de tipos queda predeterminada por el torneo que se maneja desde el inicio, por lo cual es finita. Un nuevo tipo ocupa el lugar de algún tipo que tenga frecuencia cero, para minimizar las repeticiones de tipo se utiliza un vector que lleve el registro de los tipos que han sido ocupados a pesar de que en la generación presente estén extintos. Al agregar un nuevo tipo se generan relaciones aleatorias con el resto de los tipos sin afectar las relaciones preexistentes.

Argumentos

`v` - Vector que mantiene el registro de los tipos que se han utilizado.

`IS` - Matriz inicial del torneo.

Valor

`IS` - Matriz modificada del torneo.

Función

```
torneo_mutante <- function(v, IS){  
  a <- which(v == 0)  
  cero <- head(a,1)  
  v1 <- sample(c(0,1),ncol(IS), replace=T)  
  v2 <- c()  
  for(i in 1:length(v1)){  
    if(v1[i]==1){v2[i]=0}  
    else{v2[i]=1}  
  }  
  for(l in a){  
    v1[l] <- 0  
    v2[l] <- 0  
  }  
  IS[cero,]<- v1  
  IS[,cero]<- v2
```

```
  return(IS)
}
```

Simulación de población con mutaciones a tasa constante (poblacion_mutante)

Descripción

Simular una población donde cada ciertas generaciones aparece un individuo de un nuevo tipo con relaciones aleatorias con el resto de los tipos.

Argumentos

G0 - Generación inicial de la población. Vector con la información de los tipos de los individuos de la primera generación.

IS - Torneo que designa las relaciones de competencia entre los tipos de la población.

g - Cantidad de generaciones durante las cuales se desea observar el comportamiento.

x - Probabilidad de que cada individuo tenga dos madres potenciales.

M - Cantidad de generaciones entre las cuales ocurre una mutación.

Valor

pob - Matriz donde las columnas de 1 a la **g + 1** corresponden a la simulación de la población y las columnas restantes son una concatenación de la sucesión de torneos generada por la llegada de los nuevos tipos y las extinciones.

Función

```
poblacion_mutante <- function(G0, IS, g, x, M) {
  gens <- poblacion(G0, IS, 1, x)
  k <- nrow(IS)
  k1 <- length(which(gens[,ncol(gens)]>0))
  gens1 <- gens
  j= ncol(gens)
  torneos <- IS
  nombres <- c("0")
  u <- rep(c(1,0), c(1,k-1))
  d <- 1
```

```

while(j<g){
  if(k1<k){
    if(sum(u)==k-1){
      for(n in 1:k){
        if (gens[n,ncol(gens)]>0){
          u[n] <- 1
        } else{u[n] <- 0}
      }
      d <- j
    }else{
      for(n in 1:k){
        if(any(gens[n,d:ncol(gens)]>0)){
          u[n] <- 1
        } else{u[n] <- 0}
      }
    }
    IS <- torneo_mutante(u,gens1,IS)
    Fi <- gens1[,ncol(gens1)]
    Fil <- Fi
    v <- which(Fi>1)
    o <- head(which(u == 0),1)
    if(length(v)==1){
      s <- v
    }else{
      s <- sample(v,1,T)
    }
    Fi[s]= Fi[s]-1
    Fi[o]= 1
    Gi <- rep(1:k, Fi)
    gens1 <- poblacion(Gi, IS, M, x)
    gens <- cbind(gens,gens1)
    torneos <- cbind(torneos, IS)
    j = ncol(gens)
  }
}

```

```

    k1 <- length(which(gens[,ncol(gens)]>0))
  } else{
    Fi <- gens[,ncol(gens)]
    Gi <- rep(1:k, Fi)
    gens1 <- poblacion2(Gi, IS, M, x)
    gens <- cbind(gens,gens1[,2:ncol(gens1)])
    j = ncol(gens)
    k1 <- length(which(gens[,ncol(gens)]>0))
    u <- rep(0,k)
    d <- j
  }
}
for(i in 1:ncol(gens)-1){
  nombres[i+1] <- paste(i, sep = "")
}
colnames(gens) <- nombres
pob <- cbind(gens,torneos)
return(pob)
}

```

Simulación de población con mutaciones con distribución geométrica (poblacion_mutante_geom)

Descripción

Simular una población donde cada cierta cantidad esperada de generaciones aparece un individuo de un nuevo tipo con relaciones aleatorias con el resto de los tipos. cada vez que ocurre una mutación se corre una variable con distribución geométrica que indica dentro de cuantas generaciones aparecerá el individuo mutante.

Argumentos

G0 - Generación inicial de la población. Vector con la información de los tipos de los individuos de la primera generación.

IS - Torneo que designa las relaciones de competencia entre los tipos de la población.
g - Cantidad de generaciones durante las cuales se desea observar el comportamiento.
x - Probabilidad de que cada individuo tenga dos madres potenciales.
M - Cantidad esperada de generaciones entre las cuales ocurre una mutación.

Valor

pob - Matriz donde las columnas de 1 a la $g + 1$ corresponden a la simulación de la población y las columnas restantes son una concatenación de la sucesión de torneos generada por la llegada de los nuevos tipos y las extinciones.

Función

```
poblacion_mutante_geom <- function(G0, IS, g, x, M) {
  gens <- poblacion(G0, IS, 1, x)
  k <- nrow(IS)
  k1 <- length(which(gens[,ncol(gens)]>0))
  gens1 <- gens
  j= ncol(gens)
  torneos <- IS
  nombres <- c("0")
  u <- rep(c(1,0), c(1,k-1))
  d <- 1
  p <- 1/M
  while(j<g){
    geo <- rgeom(1,p)+1
    if(k1<k){
      if(sum(u)==k-1){
        for(n in 1:k){
          if (gens[n,ncol(gens)]>0){
            u[n] <- 1
          } else{u[n] <- 0}
        }
      }
      d <- j
    }else{
      for(n in 1:k){
```

```

        if(any(gens[n,d:ncol(gens)]>0)){
            u[n] <- 1
        } else{u[n] <- 0}
    }
}
IS <- torneo_mutante(u,gens1,IS)
Fi <- gens1[,ncol(gens1)]
Fil <- Fi
v <- which(Fi>1)
o <- head(which(u == 0),1)
if(length(v)==1){
    s <- v
} else{
    s <- sample(v,1,T)
}
Fi[s]= Fi[s]-1
Fi[o]= 1
Gi <- rep(1:k, Fi)
gens1 <- poblacion2(Gi, IS, geo, x)
gens <- cbind(gens,gens1)
j = ncol(gens)
k1 <- length(which(gens[,ncol(gens)]>0))
} else{
    Fi <- gens[,ncol(gens)]
    Gi <- rep(1:k, Fi)
    gens1 <- poblacion2(Gi, IS, geo, x)
    gens <- cbind(gens,gens1[,2:ncol(gens1)])
    j = ncol(gens)
    k1 <- length(which(gens[,ncol(gens)]>0))
    u <- rep(0,k)
    d <- j
}
}

```

```

}
for(i in 1:ncol(gens)-1){
  nombres[i+1] <- paste(i, sep = "")
}
colnames(gens) <- nombres

pob <- cbind(gens,torneos)

return(pob)
}

```

Graficar población mutante (`graficar_pob_mutante`)

Descripción

Graficar el comportamiento de la población a través de un gráfico de barras apiladas, donde cada generación es ilustrada por una barra, los distintos colores de las barras representan los tipos de la población, y la longitud de cada color corresponde con frecuencia absoluta de cada tipo.

Argumentos

i - Número que indica la generación desde la cual se quiere empezar a ver el comportamiento.

g - Número que indica la generación hasta la cual se quiere a ver el comportamiento.

poblacion - Matriz donde cada columna representa una generación y cada fila un tipo, por lo que la entrada *ij* de la matriz nos dice cuántos individuos hay del tipo *i* en la generación *j*.

Valor

No regresa ningún valor, únicamente imprime la gráfica.

Función

```

graficar_pob_mutante <- function(i,g,poblacion){
  # Modificamos la estructura de los datos para graficarlos fácilmente
  k <- nrow(poblacion)
  pop_long <- melt(poblacion[,i:g], measure.vars = i+1:g)
  colnames(pop_long) <- c("tipo", "generacion", "frecuencia")
  if(k>=9){

```

```

    paleta <- "Minoes10"
  } else if(k==3){paleta <- "Minoes3"}
  else if(k==4){paleta <- "Minoes4"}
  else if(k==5){paleta <- "Minoes5"}
  else if(k==6){paleta <- "Minoes6"}
  else if(k==7){paleta <- "Minoes7"}
  else if(k==8){paleta <- "Minoes8"}
  # Graficamos
  ggplot(pop_long, aes(x = as.factor(generacion), y = frecuencia, fill =
as.factor(tipo),width=1)) +
    geom_bar(stat = "identity", color= "white") +
    theme_minimal() +
    labs(x="Generación", y="Frecuencia absoluta", fill="Tipo") +
    scale_fill_manual(values=argeiris(paleta, k,type = "discrete")) +
  }

```

Promedio de la cantidad de tipos (`num_tipos`)

Descripción

Calcular la cantidad de tipos esperada en función de la tasa de mutación. Para ello se simulan 50 poblaciones mutantes con los mismos parámetros y se obtiene una cantidad estimada de la cantidad de tipos de cada una generaciones.

Argumentos

`Gi` - Generación inicial de la población. Vector con la información de los tipos de los individuos de la primera generación.

`tor` - Torneo que designa las relaciones de competencia entre los tipos de la población.

`g` - Cantidad de generaciones durante las cuales se desea observar el comportamiento.

`x` - Probabilidad de que cada individuo tenga dos madres potenciales.

`M` - Cantidad esperada de generaciones entre las cuales ocurre una mutación.

Valor

`mn` - vector numérico con la cantidad de tipos promedio de tipos en cada generación bajo la tasa `M`.

Función

```
num_tipos <- function(Gi,tor,g,x,M){
  prom <- c()
  m <- c()
  for(i in 1:50){
    pop <- poblacion_mutante_geom(Gi,tor,g,x,M)
    for(j in 1:g){
      m[j] <- length(which(pop[,j]>0))
    }
    prom <- prom + m
  }
  mn <- prom*0.02
  return(mn)
}
```

◆ Paleta de color

Si bien esta función no es fundamental para las simulaciones, es recomendable utilizarla para una mejor visualización.

En primer lugar es necesario crear una lista compuesta de los vectores de cada paleta, donde las entradas son los colores en su código hexadecimal.

```
argeiris_palettes <- list(
  Minoes3= rev(c("#A97CC8", "#4DD0C0", "#BFBC46")),
  Minoes4= rev(c("#A97CC8", "#64ABCE", "#4DD0C0", "#BFBC46")),
  Minoes5= rev(c("#A97CC8", "#7591D3", "#4DD0C0", "#BFBC46", "#D45AB0")),
  Minoes6= rev(c("#A97CC8", "#64ABCE", "#4DD0C0", "#BFBC46", "#FC7B43",
"#F03D82")),
  Minoes7= (c("#A97CC8", "#7591D3", "#4DD0C0", "#BFBC46", "#FC7B43",
"#F03D82", "#D45AB0")),
  Minoes8= rev(c("#A97CC8", "#64ABCE", "#4DD0C0", "#BFBC46", "#FFB24D",
"#FC7B43", "#F03D82", "#D45AB0")),
  Minoes10= rev(c("#A97CC8", "#7591D3", "#64ABCE", "#4DD0C0", "#BFBC46",
"#FFB24D", "#FC7B43", "#F65C63", "#F03D82", "#D45AB0")))
```

Paleta de color (**argeiris**)

Descripción

Esta función construye una matriz cuadrada a partir de un vector que determina las entradas del triángulo superior de la matriz, y el resto se construye de tal forma que si la entrada ij es 1, entonces la ji es 0. Esta matriz representa a un torneo. Se utilizará el catálogo de Brendan McKay de gráficas dirigidas no isomorfas para obtener los vectores las gráficas de distinto orden; se puede encontrar en el siguiente enlace: <http://users.cecs.anu.edu.au/~bdm/data/digraphs.html>.

Argumentos

name - Nombre de la paleta que se desea utilizar.

n - Cantidad de colores que se requieren.

type - Discreto o continuo. En caso de elegir discreto la cantidad de colores debe ser menor a la cantidad de colores en la paleta, en caso contrario automáticamente se cambiará a continuo donde se utilizará los colores de toda un gradiente compuesto por todos los colores de la paleta.

Valor

Regresa un objeto tipo `palette`.

Función

```
argeiris <- function(name, n, type = c("discrete", "continuous")) {
  type <- match.arg(type)
  pal <- argeiris_palettes[[name]]
  if (is.null(pal))
    stop("Palette not found.")
  if (missing(n)) {
    n <- length(pal)
  }
  if (type == "discrete" && n > length(pal)) {
    type = "continuous"
  }
  out <- switch(type,
    continuous = grDevices::colorRampPalette(pal)(n),
    discrete = pal[1:n]
  )
  structure(out, class = "palette", name = name)
}
```

BIBLIOGRAFÍA

- [1] Allesina, S., & Levine, J. M. (2011). A competitive network theory of species diversity. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 108(14), 5638-5642. doi:10.1073/pnas.1014428108
- [2] Cordero, F., Hummel, S., & Schertzer, E. (2019, March 15). General selection models: Bernstein duality and minimal ancestral structures (Accepted Annals of Applied Probability). From <https://arxiv.org/abs/1903.06731>
- [3] Durrett, R. (2010). Probability models for DNA sequence evolution. New York: Springer. doi:10.1007/978-0-387-78168-6
- [4] Gonzalez Casanova, A., & Smadi, C. (2020, April 16). Multidimensional Λ -Wright-Fisher processes with general frequency-dependent selection (Accepted Journal of Applied Probability). From <https://arxiv.org/abs/1903.06406>
- [5] González Casanova, A., & Spanò, D. (2018). Duality and fixation in Ξ -Wright-Fisher processes with frequency-dependent selection. *The Annals of Applied Probability*, 28(1), 250-284. doi:10.1214/17-aap1305
- [6] Harris, J., Hirst, J. and Mossinghoff, M., 2008. Combinatorics And Graph Theory. New York: Springer.
- [7] Harary, F., & Moser, L. (1966). The Theory of Round Robin Tournaments. *The American Mathematical Monthly*, 73(3), 231. doi:10.2307/2315334
- [8] Muirhead, C., 2016. Genetic Drift, Models of Random. *Encyclopedia of Evolutionary Biology*, pp.136-143.
- [9] Rozanes, S.(2020). Un modelo de selección que incluye competencia por redes ecológicas. Tesis para obtener el título de Actuaría.
- [10] Sinervo, B., & Lively, C. M. (1996). The rock-paper-scissors game and the evolution of alternative male strategies. *Nature*, 380(6571), 240-243. doi:10.1038/380240a0

