

Procesos de ramificación



Antonio Martínez Esteban

Trabajo de fin del grado en Matemáticas

Universidad de Zaragoza

Summary

Branching processes deal with the growth and decay of systems whose components reproduce themselves following some stochastic laws.

We are going to study the most classical model in *Branching Process* history, the one that takes his name from his main developers, the Bienaymé-Galton-Watson process. This model describes the evolution of a population in which each individual gives rise, independently of the others and with a common reproduction law, to a random number of offspring. In this model, the considered population has just one kind of individuals and we consider that the time is discrete. So, after reproducing, each individual of the previous generation does not longer exist in this model.

Let $\{X_{n,j} : n = 0, 1, \dots; j = 0, 1, \dots\}$ be non-negative integer valued and identically distributed random variables with probability distribution $\{p_k\}$. The BGW process is a stochastic process $\{Z_n\}$ that can be defined as follows:

$$Z_0 = N \in \mathbb{N}, \quad Z_{n+1} = \sum_{j=1}^{Z_n} X_{n,j}, \quad n \geq 1.$$

$X_{n,j}$ represents the number of offspring produced by the j -th individual in the n -th generation.

We shall make repeated use of the *probability generating function*

$$f(s) = \sum_{k=0}^{\infty} s^k p_k, \quad |s| \leq 1.$$

Thanks to the iterates of the generating function we can prove that the generating function of Z_n is the n -th iterate $f_n(s)$, being

$$f_n(s) = f(f_{n-1}(s)).$$

We now introduce one of the main results of the first chapter of this thesis.

Theorem 1. *If $m = E[Z_1] \leq 1$, the extinction probability q is 1. If $m > 1$, the extinction probability is the unique non-negative solution less than 1 of the equation*

$$s = f(s).$$

By *extinction* we mean the event that the random sequence $\{Z_n\}$ consists of zeros for all but a finite number of values of n .

The other main result is the one that proves that the sequence $\{Z_n\}$ either goes to ∞ or goes to 0; it does not remain positive and bounded, even in case $m = 1$, as the next result follows.

Theorem 2. *No matter what is the finite value of $m = E[Z_1]$, we have $\lim_{n \rightarrow \infty} P(Z_n = k) = 0$, $k = 1, 2, \dots$. Moreover $Z_n \rightarrow \infty$ with probability $1 - q$ and $Z_n \rightarrow 0$ with probability q .*

As a consequence of the previous results, we should study separately the cases where $m < 1$, $m = 1$ and $m > 1$. They receive the name of subcritical, critical and supercritical case respectively.

Branching processes have many applications in fields such as Biology, Epidemiology, Genetics, Cell Kinetics, Computer Algorithms and Economics, and, of course, Population Dynamics.

In chapter 2 we describe one variation of the BGW process introduced by Daley [D], the *bisexual BGW process*. Since Daley's work, the interest on *bisexual branching processes* increased and it is nowadays an active research area of both theoretical interest and applicability to the above mentioned fields.

In Daley's bisexual process, the reproduction is accomplished only through couples. Each couple is formed by one individual (same generation) from each of the two disjoint classes the population consists on. We can define the process as follows:

$$(H_{n+1}, M_{n+1}) = \sum_{i=1}^{Z_n} (h_{n,i}, m_{n,i}), \quad Z_{n+1} = L(H_{n+1}, M_{n+1}), \quad n \in \mathbb{Z}^+. \quad (1)$$

where:

1. (H_{n+1}, M_{n+1}) represents the number of females and males in the $(n+1)$ -th generation. These females and males form $Z_{n+1} = L(H_{n+1}, M_{n+1})$ couples where L is the *mating function*.
2. $(h_{n,i}, m_{n,i})$ represents the number of females and males descending from the i -th couple of the n -th generation.

It is not difficult to guess that the choice of the mating function is very important to get some results about the extinction of the process. In Daley's initial work the extinction problem was investigated for the following two intuitive mating functions:

1. $L(x, y) = x \min\{1, y\}$. It was called the *completely promiscuous mating* and assumes that a single male in each generation will mate with every female of the generation. By using some techniques based in analytic iteration of functions it was proved that:

$$q_j = 1, \quad j \geq 1 \iff \alpha m \leq 1$$

where $m = \sum_{k=0}^{\infty} k p_k$ and where it is assumed that an individual is female with probability α .

2. $L(x, y) = \min\{x, dy\}$, $d \in \mathbb{Z}$. It was called the *polygamous with perfect fidelity*. The females practice perfect fidelity while the males practice polygamy. A male may have up to d wives if enough wives are available. Daley proved in [D] that:

$$q_j = 1, \quad j \geq 1 \iff \min\{\alpha m, d(1 - \alpha)m\} \leq 1.$$

The first attempt to use mating functions other than Daley's two mating functions was made by Hull in [HD]. He proved that $E[Z_1 \mid Z_0 = 1] \leq 1$ was a necessary condition for $q_j = 1$, $j \geq 1$, where q_j

is the extinction probability when initially there are $j \geq 1$ couples in the population and the mating function is superadditive. He also showed that it was not a sufficient condition.

In order to describe the probabilistic evolution of more complicated populations than Daley's bisexual population, several classes of discrete time bisexual branching processes have been introduced. They could be grouped in the general cases: processes with immigration, processes in varying or in random environments, processes depending on the number of couples in the population, processes with control on the number of progenitor couples and other processes.

Introducción

Los procesos de ramificación son una parte de las matemáticas que trata de explicar el crecimiento o decrecimiento de sistemas cuyos componentes se reproducen siguiendo leyes estocásticas. El término *proceso de ramificación* fue utilizado por primera vez por A. N. Kolmogorov y N. A. Dimitrev en 1947, pero el interés en este tema venía ya de mucho antes, más de siglo y medio atrás en el tiempo. La idea de este tipo de procesos surge en primer lugar por querer dar una explicación a la extinción de ciertos nombres de familia de la aristocracia europea.

Tradicionalmente se ha considerado que la teoría moderna de los procesos de ramificación fue iniciada en Inglaterra por F. Galton en 1873 cuando publicó en *Educational Times* su famoso problema:

Sea N el número de hombres adultos de una gran población que coloniza una zona. Cada uno de ellos tiene un apellido diferente. Su ley de distribución de la población es tal que, en cada generación, el a_0 por ciento de los hombres adultos no tiene descendencia masculina que llegue a la vida adulta; el a_1 por ciento tiene un hijo varón que llega a adulto; el a_2 por ciento tiene dos, y así sucesivamente hasta a_5 . Encontrar (1) la proporción de apellidos que se habrán extinguido transcurridas r generaciones; y (2) el número de apellidos que en ese momento llevarán exactamente m individuos.

No obstante, en 1977 se demostró que en Francia, los científicos L. F. Benoiston de Châteauneuf e I. J. Bienaymé ya habían considerado el problema de la extinción de familias nobles con anterioridad a la publicación de F. Galton. De hecho, se cree que I. J. Bienaymé no solo fue el primero en formular el problema en términos matemáticos sino que además ya conocía la solución en 1845, aunque la publicación original nunca se ha encontrado.

Volviendo al problema enunciado, Galton convenció a H. W. Watson para buscar una solución. Watson propuso una solución usando funciones generatrices e iteraciones de funciones, sin embargo, entre los dos llegaron a la conclusión errónea de que toda familia estaba condenada a la extinción. Tuvieron que pasar más de 50 años hasta que J. F. Steffensen corrigió el error especificando que la extinción de las familias como decían Galton y Watson solo se producía si el número medio de descendientes de cada individuo de la población era menor o igual a uno.

A lo largo de los años, el modelo original introducido por Bienaymé, Galton y Watson, ha sido tratado e investigado de muchas maneras debido a la gran cantidad de campos en los que se podrían aplicar sus resultados tales como la biología, epidemiología, genética, cinética celular, algoritmos informáticos y económicos, y por supuesto, dinámica de poblaciones.

Habiendo dado una idea general de la investigación de los *procesos de ramificación* a lo largo de los años, el objetivo de este trabajo es introducir el proceso estándar de Bienaymé-Galton-Watson, enunciar y demostrar los resultados más importantes prestando especial atención al problema principal que motivó el estudio: la probabilidad de extinción del proceso. El capítulo 1 está dedicado al estudio del proceso de Bienaymé-Galton-Watson, mientras que en el capítulo 2 presentaremos una variante del modelo original, el *proceso Bisexual*, en la que también se tiene en cuenta en el proceso la formación de parejas hembra-macho. Esto nos proporcionará un estudio más acertado de la población aunque dificultará un poco la obtención de resultados.

Una primera toma de contacto con estos procesos puede verse en [GP], donde González y del Puerto dan una visión general de varios tipos de procesos de ramificación entre los que se incluyen los que presentamos en este trabajo.

En bastantes casos, especialmente en el caso del *proceso Bisexual*, las técnicas de demostración de los resultados utilizan herramientas de procesos estocásticos que quedan fuera del alcance del trabajo. En particular, se requieren técnicas de martingalas, de condicionamiento, especialmente de esperanza condicional y de teoría no elemental de cadenas de Markov. Este tipo de herramientas no se ven durante el grado por lo que ha sido necesario consultar en bibliografía específica algunas cuestiones sobre ellas. En aquellos casos en los que el uso de este tipo de herramientas es esencial, se facilita bibliografía donde encontrar las propiedades más importantes que se utilizan a lo largo del trabajo y se han obviado los detalles específicos, si bien, en algunos casos se comentan también los pasos principales de sus demostraciones.

Índice general

Summary	III
Introducción	VII
1. Proceso de Bienaymé-Galton-Watson	1
1.1. Función generatriz	2
1.2. Momentos de Z_n	3
1.3. Probabilidad de extinción	4
1.3.1. Caso subcrítico	8
1.3.2. Caso crítico	8
1.3.3. Caso supercrítico	10
1.4. Breve introducción a los procesos de ramificación en tiempo continuo	11
1.5. Un ejemplo de aplicación	12
2. Proceso Bisexual	15
2.1. Introducción	15
2.2. Modelo Bisexual de Daley	15
2.2.1. Algunas funciones de emparejamiento y probabilidad de extinción	17
2.3. Otros procesos Bisexuales en tiempo discreto	24
2.3.1. Proceso Bisexual con inmigración	24
Bibliografía	27

Capítulo 1

Proceso de Bienaymé-Galton-Watson

El modelo más antiguo y simple de procesos de ramificación en tiempo discreto es el modelo de Bienaymé-Galton-Watson (BGW), a veces llamado también *proceso de ramificación simple*. Este proceso modela la evolución de una población en la que cada individuo tiene descendencia de manera independiente siguiendo la misma ley de probabilidad. Las poblaciones estudiadas en el proceso de BGW sólo tienen un tipo de individuo, y el tiempo se mide de manera discreta en generaciones. En este modelo, en cada generación se considera que los individuos anteriores o bien han muerto o simplemente se les deja de tener en cuenta en futuros cálculos.

Definimos las variables aleatorias $\{X_{n,j} : n = 0, 1, \dots; j = 0, 1, \dots\}$ independientes e idénticamente distribuidas (v.a.i.i.d.) con valores enteros no negativos y con distribución $\{p_k\}_{k \geq 0}$. Estas variables representan el número de descendientes que tiene el individuo j en la generación n . Por ejemplo, la probabilidad de que en la generación 3 el individuo 1 tenga k descendientes es:

$$P(X_{3,1} = k) = p_k, \quad p_0 < 1.$$

El proceso BGW es un proceso estocástico $\{Z_n\}_{n \geq 0}$ que se define de manera recursiva como:

$$Z_0 = N \in \mathbb{N}, \quad Z_{n+1} = \sum_{j=1}^{Z_n} X_{n,j}, \quad n \geq 1. \quad (1.1)$$

Para simplificar la notación podemos llamar X_j al número de descendientes que tiene un individuo j cualquiera y así el proceso nos quedaría:

$$Z_{n+1} = \sum_{j=1}^{Z_n} X_j. \quad (1.2)$$

Es fácil ver que si el tamaño de la generación n es conocido, la ley de probabilidad por la que se registrarán las siguientes generaciones no dependerá de los tamaños de las generaciones anteriores a la n . Por lo tanto el proceso BGW es una cadena de Markov con un estado absorbente¹, que se alcanza cuando una generación entera no tiene descendencia. Además, debido a que la ley de probabilidad de los descendientes es común y no cambia en las sucesivas generaciones, esta cadena de Markov tiene probabilidad de transición estacionaria, es decir, que no cambia a lo largo del tiempo

¹Un estado k se dice absorbente si cada vez que la cadena llega al estado k , permanece ahí para siempre.

Hemos definido anteriormente en (1.1) $Z_0 = N \in \mathbb{N}$, pero debido al comportamiento independiente de los individuos a la hora de tener descendencia, en realidad podríamos haber definido $Z_0 = 1$. Así, a partir de ahora lo daremos por hecho, ya que el proceso BGW que parte de una generación con N individuos se comporta como la suma de N procesos BGW independientes cada uno de ellos compuesto por una generación Z_0 de un individuo.

1.1. Función generatriz

La función generatriz de probabilidades de la variable Z_1 viene dada por:

$$f(s) = \sum_{k=0}^{\infty} s^k p_k, \quad |s| \leq 1. \quad (1.3)$$

Dicha función es continua, estrictamente creciente y convexa en $0 \leq s \leq 1$ y además $f(0) = P(Z_1 = 0)$ y $f(1) = 1$.

De manera natural, las iteraciones de la función generatriz de probabilidad $f(s)$ quedarán definidas por:

$$f_0(s) = s, \quad f_1(s) = f(s), \quad (1.4)$$

$$f_{n+1}(s) = f[f_n(s)], \quad n = 1, 2, \dots \quad (1.5)$$

Como consecuencia de (1.4) y (1.5), tenemos la siguiente relación:

$$f_{m+n}(s) = f_m[f_n(s)], \quad m, n = 1, 2, \dots \quad (1.6)$$

Y en particular,

$$f_{n+1}(s) = f_n[f(s)]. \quad (1.7)$$

Teorema 1.1.1. *La función generatriz de Z_n es la n -ésima iteración $f_n(s)$.*

Demostración. Definimos $f_{(n)}(s)$ como la función generatriz de Z_n , $n = 0, 1, \dots$. Notemos que $f_{(0)}(s) = s$. Vamos a ver cuál es la función generatriz de la distribución de Z_{n+1} , bajo la condición de que $Z_n = k$. En ese caso, como $Z_{n+1} = \sum_{j=1}^{Z_n} X_j$, la función generatriz buscada será:

$$E(s^{Z_{n+1}}) = E(s^{X_1 + X_2 + \dots + X_k}). \quad (1.8)$$

Y por ser X_j , $j = 1, \dots, k$, variables aleatorias independientes idénticamente distribuidas, tenemos que:

$$E(s^{X_1 + X_2 + \dots + X_k}) = \prod_{j=1}^k f(s) = [f(s)]^k. \quad (1.9)$$

Ahora calculamos $f_{(n+1)}(s)$. Para ello usaremos propiedades de esperanzas condicionadas.

$$\begin{aligned} f_{(n+1)} &= E[s^{Z_{n+1}}] = E[E[s^{Z_{n+1}} | Z_n = k]] = \\ &= \sum_{k=0}^{\infty} P(Z_n = k) E[s^{\sum_{j=1}^k X_j} | Z_n = k] = \sum_{k=0}^{\infty} P(Z_n = k) [f(s)]^k. \end{aligned}$$

Y por lo tanto,

$$f_{(n+1)}(s) = \sum_{k=0}^{\infty} P(Z_n = k) [f(s)]^k = f_{(n)}[f(s)], \quad n = 0, 1, \dots \quad (1.10)$$

Además, por las definiciones de f_0 y $f_{(0)}$, vemos que son iguales. Usando (1.7) y (1.10), vemos por inducción que $f_{(n)}(s) = f_n(s)$, $n = 1, 2, \dots$. □

1.2. Momentos de Z_n

La esperanza y la varianza de la ley de ramificación quedan definidas por:

$$m = E[Z_1] = \sum_{k=1}^{\infty} k p_k, \quad \sigma^2 = \text{Var}[Z_1] = E[Z_1^2] - m^2.$$

Nótese que $m = f'(1)$ y $\sigma^2 = f''(1) + m - m^2$

Teorema 1.2.1. *Momentos de Z_n :*

1) La esperanza de Z_n es m^n , $n = 0, 1, \dots$

2) Si $\sigma^2 = \text{Var}[Z_1] < \infty$, entonces el valor de la varianza de Z_n , $n \geq 1$, viene dado por:

$$\sigma_n^2 = \text{Var}[Z_n] = E[Z_n^2] - E[Z_n]^2 = \begin{cases} m^{n-1} \sigma^2 \frac{1-m^n}{1-m}, & m \neq 1, \\ n\sigma^2, & m = 1. \end{cases} \quad (1.11)$$

Demostración. Derivando $f_n(s)$ y teniendo en cuenta (1.7), obtenemos:

$$f'_n(s) = f'_{n-1}(f(s))f'(s),$$

de donde,

$$f'_n(1) = f'_{n-1}(f(1))f'(1) = f'_{n-1}(1)f'(1) = m f'_{n-1}(1).$$

Ahora, iterando,

$$\begin{aligned} f'_n(1) &= m^2 f'_{n-2}(1) = \dots \\ &\vdots \\ &= m^{n-1} f'(1) = m^n. \end{aligned}$$

Por lo tanto,

$$E[Z_n] = f'_n(1) = m^n.$$

Ahora veamos la varianza. Derivando dos veces $f_n(s)$ y teniendo en cuenta (1.7), obtenemos:

$$f_n''(s) = f_{n-1}''(f(s))[f'(s)]^2 + f''(s)f_{n-1}'(f(s)). \quad (1.12)$$

Además, como $\sigma_n^2 = f_n''(1) + E[Z_n] - E[Z_n]^2$, $f(1) = 1$, $f'(1) = m$, $f''(1) = \sigma^2 - m + m^2$, tenemos que:

$$f_n''(1) = \sigma_n^2 - m^n + m^{2n},$$

y por lo tanto,

$$f_{n-1}''(1) = \sigma_{n-1}^2 - m^{n-1} + m^{2n-2}.$$

De (1.12) tenemos que:

$$\begin{aligned} f_n''(1) &= f_{n-1}''(1)[f'(1)]^2 + f''(1)f_{n-1}'(1) \\ \sigma_n^2 - m^n + m^{2n} &= (\sigma_{n-1}^2 - m^{n-1} + m^{2n-2})m^2 + m^{n-1}(\sigma^2 - m + m^2) \\ \Rightarrow \sigma_n^2 &= m^2\sigma_{n-1}^2 + m^{n-1}\sigma^2. \end{aligned}$$

E iterando,

$$\sigma_n^2 = m^{n-1}\sigma^2(1 + m + m^2 + \dots + m^{n-1}),$$

con lo cual,

$$\sigma_n^2 = \begin{cases} m^{n-1}\sigma^2 \frac{1-m^n}{1-m}, & m \neq 1, \\ n\sigma^2, & m = 1. \end{cases} \quad (1.13)$$

□

1.3. Probabilidad de extinción

Ahora consideraremos el problema original propuesto por Galton: encontrar la probabilidad de extinción de un apellido.

Definición 1.3.1. Un proceso $\{Z_n\}$ se dice que se extingue si la sucesión $\{Z_n\}$ que define el proceso está compuesta por ceros $\forall n \in \mathbb{N}$ excepto para un número finito de valores de n .

Como Z_n toma valores enteros no negativos, la extinción también será el suceso $Q \equiv \{Z_n \rightarrow 0\}$. Además, como $P(Z_{n+1} = 0 | Z_n = 0) = 1$, tenemos la siguiente igualdad:

$$\begin{aligned} P(Z_n \rightarrow 0) &= P(Z_n = 0 \text{ para algún } n) = P[(Z_1 = 0) \cup (Z_2 = 0) \dots] \\ &= \lim_{n \rightarrow \infty} P[(Z_1 = 0) \cup \dots \cup (Z_n = 0)] = \lim_{n \rightarrow \infty} P(Z_n = 0) = \lim_{n \rightarrow \infty} f_n(0). \end{aligned}$$

Definición 1.3.2. Llamaremos q a la probabilidad de extinción del proceso:

$$q = P(Z_n \rightarrow 0) = \lim_{n \rightarrow \infty} f_n(0). \quad (1.14)$$

Teorema 1.3.3. Si $m \leq 1$, la probabilidad de extinción q es 1. Si $m > 1$, la probabilidad de extinción es la única solución no negativa menor que 1 de la ecuación:

$$s = f(s). \quad (1.15)$$

Demostración. Sea $q_n = P(Z_n = 0)$, es decir, q_n es la probabilidad de que el proceso se haya extinguido antes o al llegar a la generación n . Claramente $q_n = f_n(0)$, $q_1 = f_1(0) = f(0) = p_0$. Y por (1.5):

$$q_n = f(f_{n-1}(0)) = f(q_{n-1}). \quad (1.16)$$

Si $p_0 = 0$, entonces $q_1 = 0$, $q_2 = 0, \dots$, es decir, si la probabilidad de que no haya descendencia es nula, la extinción nunca llegará. Por el contrario si $p_0 = 1$ entonces $q_1 = 1$, $q_2 = 1, \dots$, es decir, si la probabilidad de que no haya descendencia es uno, entonces la extinción llegará justo después de la generación 0. Por ello vamos a considerar el caso $0 < p_0 < 1$.

Como $f(s)$ es una función estrictamente creciente de s , $q_2 = f(q_1) = f(p_0) > f(0) = q_1$. Vamos a aplicar inducción. Para ello suponemos que $q_n > q_{n-1}$, entonces $q_{n+1} = f(q_n) > f(q_{n-1}) = q_n$ y por inducción $q_1 < q_2 < q_3 \dots$. La sucesión monótona creciente $\{q_n\}$ está acotada superiormente por 1. Por lo tanto q_n tiene que tener un límite $q = \lim_{n \rightarrow \infty} q_n$, $0 \leq q \leq 1$; q es la probabilidad de extinción definitiva.

Por (1.16) y la continuidad de $f(\cdot)$ vemos que q satisface la ecuación $q = f(q)$, es decir, q es raíz de la ecuación (1.15),

$$s = f(s).$$

Ahora vamos a investigar un poco más acerca de dicha raíz. Primero vamos a ver que q es la raíz positiva más pequeña de la ecuación (1.15). Sea s_0 una raíz arbitraria positiva de dicha ecuación. Entonces $q_1 = f_1(0) = f(0) < f(s_0) = s_0$. Suponiendo que $q_m < s_0$, tenemos que $q_{m+1} = f(q_m) < f(s_0) = s_0$, y por inducción $q_n < s_0 \forall n \in \mathbb{N}$. De este modo, $q = \lim_{m \rightarrow \infty} q_n \leq s_0$ es la raíz positiva más pequeña de (1.15).

Consideramos la gráfica $y = f(s)$ en $0 \leq s \leq 1$. Dicha gráfica empieza en el punto $(0, p_0)$ y termina en el $(1, 1)$. Recordar que la curva en el primer cuadrante es convexa y creciente. Por ello la curva $y = f(s)$ podrá cortar a la recta $y = s$ como máximo en dos puntos, uno de ellos el $(1, 1)$. Es decir, la ecuación (1.15) tendrá como máximo dos raíces, una de ellas la unidad. Ahora debemos considerar dos casos (ver figura 1.1):

i) Caso I.

La curva $y = f(s)$ permanece siempre por encima de la recta $y = s$. En este caso, el punto $(1, 1)$ es el único punto de intersección, es decir, 1 es la única raíz de $s = f(s)$, y por lo tanto $q = \lim_{n \rightarrow \infty} q_n = 1$. Entonces:

$$f(1) - f(s) = 1 - f(s) \leq 1 - s,$$

por lo tanto,

$$\lim_{s \rightarrow 0} \frac{f(1) - f(s)}{1 - s} \leq 1, \text{ es decir } f'(1) \leq 1.$$

De este modo,

$$f'(1) = m \leq 1, \text{ cuando } \lim_{n \rightarrow \infty} q_n = 1.$$

ii) Caso II.

La curva $y = f(s)$ corta a la recta $y = s$ en otro punto $(\delta, f(\delta))$ tal que $\delta = f(\delta)$, $\delta < 1$. Como la

curva $y = f(s)$ es convexa, se mantiene por encima de la recta $y = s$ en el intervalo $(0, \delta)$ y por debajo en el intervalo $(\delta, 1)$. Es decir, $f(s) < s$ en $\delta < s < 1$ y $f(s) > s$ en $0 < s < \delta$. Entonces $q_1 = f(0) < f(\delta) = \delta$ y suponiendo que $q_m < \delta$, tenemos que $q_{m+1} = f(q_m) < f(\delta) = \delta$. Y por inducción $q_n < \delta \forall n \in \mathbb{N}$. Por ello $\lim_{n \rightarrow \infty} q_n = q = \delta < 1$.

Ahora aplicando el teorema del valor medio al intervalo $[\delta, 1]$, vemos que existe $\xi \in [\delta, 1]$ tal que:

$$f'(\xi) = \frac{f(1) - f(\delta)}{1 - \delta} = 1,$$

y como su derivada es monótona, $f'(1) > 1$. De este modo hemos probado que si q es la raíz menor que la unidad de la ecuación (1.15) entonces $m = f'(1) > 1$.

Y así queda probado el teorema.

□

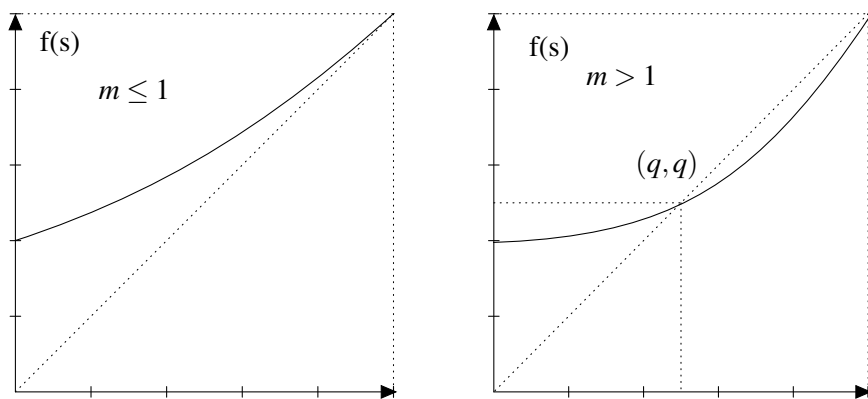


Figura 1.1: Función generatriz de probabilidad y su probabilidad de extinción.

Acabamos de ver cómo se extingue el proceso dependiendo de m . Pues bien, es interesante ver que la sucesión Z_n no permanece positiva y acotada: o bien tiende a 0 o a ∞ , incluso en el caso $m = 1$, como muestra el siguiente teorema. Es decir, que la población o se extingue, o crece indefinidamente.

Teorema 1.3.4. *Sea cual sea el valor finito de m , tenemos que $\lim_{n \rightarrow \infty} P(Z_n = k) = 0$, $k = 1, 2, \dots$. Además $Z_n \rightarrow 0$ con probabilidad q y $Z_n \rightarrow \infty$ con probabilidad $1-q$.*

Demostración. Primero vamos a demostrar que $\lim_{n \rightarrow \infty} f_n(s) = q$ para todo $s < 1$, y a partir de ahí obtenemos la conclusión del teorema.

Consideramos el caso $m \leq 1$. Hemos visto en el teorema anterior que en este caso, la función $s = f(s)$ solo tiene la raíz $q = 1$.

En general, si $0 \leq s \leq q$, $f(s) \leq f(q) = q$, y $f_2(s) \leq f_2(q) = f_1(f(q)) = f_1(q) = f(q) = q$. Suponiendo que $f_m(s) \leq q$, obtenemos que $f_{m+1}(s) \leq q$ y por inducción $f_n(s) \leq q$ para todo n . Al ser función creciente, $f_n(s) \geq f_n(0) = q_n$, por lo que tenemos que $q_n \leq f_n(s) \leq q$.

Por tanto, recordando que en este caso $q = 1$:

$$\lim_{n \rightarrow \infty} f_n(s) = 1 = q, \quad 0 \leq s \leq 1.$$

Consideramos ahora el caso $m > 1$. También hemos visto en el teorema anterior que, en este caso, q es la raíz menor que 1 de $f(s) = s$. En el intervalo $q < s < 1$, la curva $y = f(s)$ se mantiene por debajo de la recta $y = s$, y $q < f(s) < s < 1$. De manera similar, $f_2(s) = f(f_1(s)) = f(f(s)) > f(q) = q$. Suponiendo que $f_m(s) > q$, vemos que $f_{m+1}(s) > q$, y podemos ver por inducción que $f_n(s) > q$ para todo n . También vemos que $f_2(s) = f_1(f(s)) < f_1(s)$ y suponiendo que $f_m(s) < f_{m-1}(s)$, tenemos que $f_n(s) < f_{n-1}(s)$ para todo n .

Por consiguiente, en $q < s < 1$, tenemos que:

$$q < f_n(s) < f_{n-1}(s) < \dots,$$

y por lo tanto,

$$\lim_{n \rightarrow \infty} f_n(s) \geq q.$$

Supongamos que $\lim_{n \rightarrow \infty} f_n(s) = \alpha > q$. Entonces $f(\alpha) < \alpha$, y $\lim_{n \rightarrow \infty} f_{n+1}(s) = \lim_{n \rightarrow \infty} f(f_n(s)) = f(\alpha) < \alpha$, y llegamos a una contradicción debido a nuestra suposición inicial de que $\alpha > q$. Por consiguiente,

$$\lim_{n \rightarrow \infty} f_n(s) = q.$$

Recapitulando, hemos probado que sea cual sea el valor de $E[Z_1] = m$, $\lim_{n \rightarrow \infty} f_n(s) = q$ no depende del valor de s para todo $s < 1$. En otras palabras:

$$\lim_{n \rightarrow \infty} \sum_{k=0}^{\infty} P(Z_n = k) s^k = q, \quad s < 1.$$

Esto implica que los coeficientes de s^k para $k \geq 1$ tienden a 0, mientras que el término constante ($k = 0$) tiende a q .

Es decir, cuando $n \rightarrow \infty$,

$$P(Z_n = k) \rightarrow 0,$$

para valores positivos enteros de k , y,

$$P(Z_n = 0) \rightarrow q.$$

Y como $f_n(1) = 1$, se tendrá que,

$$P(Z_n \rightarrow \infty) \rightarrow 1 - q.$$

□

Nota 1.3.5. El resultado anterior también puede demostrarse usando la teoría general de cadenas de Markov aplicada a la cadena Z_n , en la que cada uno de los estados $k = 1, 2, 3, \dots$ es transitorio² mientras que el estado 0 es absorbente.

²Un estado k se dice transitorio, si y solo si, comenzando desde el estado k , hay una probabilidad positiva de que el proceso no vuelva a k .

Esta propiedad es conocida como la propiedad de dualidad extinción-explosión:

$$P(Z_n \rightarrow 0) + P(Z_n \rightarrow \infty) = 1. \quad (1.17)$$

Como consecuencia de este resultado, llamamos a los procesos BGW con $m < 1$, $m = 1$ y $m > 1$ subcríticos, críticos y supercríticos respectivamente.

Los dos teoremas anteriores son los resultados básicos sobre el proceso BGW y pueden encontrarse en cualquier texto que estudie dicho proceso, como, por ejemplo, [AN], [H], [HJV] y [M].

A continuación estudiaremos algunas características del proceso Z_n en las diferentes situaciones: subcrítica, crítica y supercrítica.

1.3.1. Caso subcrítico

Recordemos que, en el caso subcrítico ($m < 1$), el proceso muere con probabilidad 1, $P(Z_n \rightarrow 0) = 1$. Por ello la distribución límite de Z_n no es interesante.

Por tanto, para estudiar el comportamiento asintótico de Z_n no trivial, debemos introducir la condición de que aún no se haya alcanzado la extinción, es decir, $Z_n > 0$. El siguiente resultado, obtenido por primera vez por A.M. Yaglom en 1947, nos proporciona el comportamiento límite de su probabilidad condicionada. Se trata de un resultado muy técnico cuya demostración requiere técnicas que quedan fuera del alcance del trabajo y que pueden verse en [H].

Teorema 1.3.6. *Suponiendo que $m < 1$ y $E[Z_1]^2 < \infty$, entonces $\forall k \in \mathbb{N}$,*

$$\lim_{n \rightarrow \infty} P(Z_n = k \mid Z_n > 0) = b_k, \quad (1.18)$$

con $\sum_{k=1}^{\infty} b_k = 1$.

1.3.2. Caso crítico

Notemos que ahora, de acuerdo al teorema (1.2.1): $E[Z_n] = m = 1 \forall n \in \mathbb{N}$, $\text{Var}[Z_n] \rightarrow \infty$ cuando $n \rightarrow \infty$ y que $P(Z_n \rightarrow 0) = 1$ (Teorema (1.3.3)). En estas condiciones, si pudiéramos calcular los b_k de la ecuación (1.18) se obtendría que éstos son nulos. Sin embargo, una normalización de Z_n a través de n sí que converge. Así se tiene el siguiente resultado, que fue obtenido por A.M. Yaglom en 1947.

Teorema 1.3.7. *Si $\sigma^2 < \infty$, entonces $\forall z \in \mathbb{N}$,*

$$\lim_{n \rightarrow \infty} P\left(\frac{Z_n}{n} < z \mid Z_n > 0\right) = \Gamma_{a,b}(z), \quad (1.19)$$

siendo $\Gamma_{a,b}$ la función de distribución gamma con parámetros $a = 1$ y $b = \sigma^2/2$.

Demostración. La demostración de este teorema se basa en determinar la Transformada de Laplace de Z_n/n y relacionarla con la función $f(s)$. Los detalles de los cálculos pueden verse en [M].

□

Lo que nos indica el teorema anterior, es que si el proceso no se ha extinguido para un n grande, entonces el proceso tiene un crecimiento lineal y la distribución de Z_n/n es casi exponencial.

El siguiente resultado de un proceso crítico cuando n es grande fue probado por Kolmogorov en 1938, pero para poder demostrarlo necesitaremos el siguiente lema:

Lema 1.3.8. Sea un proceso BGW con $m = 1$ y $\sigma^2 < \infty$, entonces:

$$\lim_{n \rightarrow \infty} \frac{1}{n} \left\{ \frac{1}{1 - f_n(s)} - \frac{1}{1 - s} \right\} \rightarrow \frac{\sigma^2}{2}, \quad (1.20)$$

uniformemente en $0 \leq s < 1$.

Demostración. Sea $0 \leq s < 1$ y $f'''(1) < \infty$. Usando el desarrollo de Taylor de $f(s)$ en un entorno del 1, obtenemos:

$$f(s) = s + \frac{\sigma^2}{2}(1-s)^2 + r(s)(1-s)^2,$$

donde $r(s) \rightarrow 0$ cuando $s \rightarrow 1$.

Si ahora desarrollamos la expresión $\frac{1}{1-f(s)} - \frac{1}{1-s}$ obtenemos:

$$\frac{1}{1-f(s)} - \frac{1}{1-s} = \frac{f(s) - s}{(1-f(s))(1-s)} \quad (1.21)$$

Por el desarrollo de Taylor de anterior se tiene que:

$$\frac{\sigma^2}{2} + r(s) = \frac{f(s) - s}{(1-s)^2}$$

Por lo tanto,

$$\frac{f(s) - s}{(1-f(s))(1-s)} = \left[\frac{\sigma^2}{2} + r(s) \right] \left[\frac{1-s}{1-f(s)} \right] = \left[\frac{\sigma^2}{2} + r(s) \right] \left[1 - (1-s) \left[\frac{\sigma^2}{2} + r(s) \right] \right]^{-1}.$$

Y finalmente:

$$\frac{1}{1-f(s)} - \frac{1}{1-s} = \frac{\sigma^2}{2} + R(s), \quad (1.22)$$

donde $R(s)$, que procede del desarrollo de Taylor, está acotada y $R(s) \rightarrow 0$ cuando $s \rightarrow 1$.

De la misma manera:

$$f_2(s) = f(f(s)) = f(s) + \frac{\sigma^2}{2}(1-f(s))^2 + r(f(s))(1-f(s))^2$$

Y llegamos a:

$$\frac{1}{1-f_2(s)} - \frac{1}{1-f(s)} = \frac{\sigma^2}{2} + R(f(s)) \quad (1.23)$$

Sumando las ecuaciones (1.22) y (1.23) y dividiendo por 2, obtenemos:

$$\frac{1}{2} \left[\frac{1}{1-f_2(s)} - \frac{1}{1-s} \right] = \frac{\sigma^2}{2} + \frac{1}{2} [R(s) + R(f(s))]$$

E iterando,

$$\frac{1}{n} \left[\frac{1}{1-f_n(s)} - \frac{1}{1-s} \right] = \frac{\sigma^2}{2} + \frac{1}{n} \sum_{k=0}^{n-1} R(f_k(s))$$

Como $f_n(0) \leq f_n(s) \leq 1$ y $f_n(0) \rightarrow 1$, entonces la convergencia de $f_n(s) \rightarrow 1$ es uniforme. Así queda probado el lema. \square

Una vez visto el lema anterior, ya podemos probar el siguiente teorema.

Teorema 1.3.9. *Sea $m=1$ y $\sigma^2 < \infty$, entonces*

$$\lim_{n \rightarrow \infty} nP(Z_n > 0) = \frac{2}{\sigma^2}. \quad (1.24)$$

Demostración. Primero vemos que:

$$nP(Z_n > 0) = n[1 - f_n(0)] = \left[\frac{1}{n} \left(\frac{1}{1 - f_n(0)} - 1 \right) + \frac{1}{n} \right]^{-1}.$$

Y ahora aplicando el lema anterior en $s = 0$, obtenemos el resultado:

$$\lim_{n \rightarrow \infty} nP(Z_n > 0) = \lim_{n \rightarrow \infty} \left[\frac{\sigma^2}{2} + \frac{1}{n} \right]^{-1} = \frac{2}{\sigma^2}$$

□

1.3.3. Caso supercrítico

Hemos visto que cuando $E[Z_1] = m > 1$, el proceso de BGW tiene una probabilidad positiva de supervivencia para n grande. En el caso de sobrevivir, sabemos por el Teorema (1.3.4) que el tamaño de la población aumenta indefinidamente. Por ello efectuamos una normalización de Z_n con el fin de estudiar su comportamiento.

Así, definimos una nueva sucesión de variables W_n a partir de Z_n :

$$W_n = \frac{Z_n}{m^n}, \quad n = 0, 1, \dots \quad (1.25)$$

Teorema 1.3.10. *Si $m > 1$ y $E[Z_n^2] < \infty$, entonces la sucesión de variables aleatorias W_n convergen con probabilidad 1 a una variable aleatoria W . Además:*

$$E[W] = 1, \quad \text{Var}[W] = \frac{\text{Var}[Z_1]}{m^2 - m} > 0. \quad (1.26)$$

Demostración. Comenzamos calculando la esperanza y la varianza de W_n , para lo cual usaremos algunas propiedades de la esperanza condicional (ver [RP]).

En primer lugar, dado que Z_{n+1} puede escribirse como $Z_{n+1} = \sum_{j=1}^{Z_n} X_j$, se tiene que, para $n = 0, 1, 2, \dots$:

$$E[Z_{n+1} | Z_n] = E \left[\sum_{j=1}^{Z_n} X_j | Z_n \right] = Z_n m$$

Aplicando esta propiedad de manera iterativa y teniendo en cuenta las propiedades de la esperanza condicional y la naturaleza markoviana de Z_n :

$$\begin{aligned} E[Z_{n+k} | Z_n] &= E[E[Z_{n+k} | (Z_{n+k-1}, \dots, Z_n)] | Z_n] = E[E[Z_{n+k} | Z_{n+k-1}] | Z_n] = \\ &= E[mZ_{n+k-1} | Z_n] = \dots = m^k Z_n, \quad \forall n, k = 0, 1, 2, \dots \end{aligned}$$

Por tanto, $W_n = Z_n/m^n$ es una martingala no negativa y converge casi seguramente a una variable aleatoria no negativa W [RP]:

$$\lim_{n \rightarrow \infty} W_n = W \quad (c.s.).$$

Además aplicando el teorema (1.2.1), se tiene que

$$E[W_n = 1]$$

y que:

$$Var[W_n] = \frac{1}{m^{2n}} Var[Z_n] = \frac{1}{m^{2n}} m^{n-1} \sigma^2 \frac{1-m^n}{1-m} = \frac{1}{m^{n+1}} \sigma^2 \frac{1-m^n}{1-m},$$

y se puede comprobar tomando límites que :

$$E[W] = 1, \\ Var[W] = \sigma^2 \frac{1}{m(m-1)}.$$

□

Vamos a prestar particular atención al proceso $\{m^{-n}Z_n\}$. Escogemos este proceso ya que es una martingala y por tanto le podremos aplicar varios resultados (ver [RP]) que de otra manera no podríamos. Para $0 < m < \infty$, $m^{-n}Z_n \rightarrow W$ c.s cuando $n \rightarrow \infty$. Sabemos que $P(W = 0) = 1$ para $m \leq 1$. Sin embargo para $m > 1$ K. Kesten y B.P. Stigum (ver [KS]) probaron el siguiente teorema.

Teorema 1.3.11. Sea W definida como antes y $m > 1$,

$$P(W > 0) > 0 \iff \sum_{k=1}^{\infty} k p_k \log k < \infty, \quad (1.27)$$

y

$$P(W > 0) = P(Z_n \rightarrow \infty) = 1 - q. \quad (1.28)$$

Demostración. La demostración se basa en el hecho de que Z^n/m^n es una martingala y por tanto se pueden usar los resultados de convergencia para martingalas (ver [RP]). Los detalles pueden verse en [KS] y quedan fuera del alcance del trabajo. □

El teorema anterior implica que, en condiciones de no extinción, $Z_n \sim m^n W$.

1.4. Breve introducción a los procesos de ramificación en tiempo continuo

Aunque en el resto del trabajo nos centraremos sólo en los procesos de ramificación en tiempo discreto, vamos a introducir brevemente los procesos en tiempo continuo.

Matemáticamente estos procesos son mucho más complejos que los que tienen tiempo discreto. Se puede discutir la necesidad de su estudio argumentando que los datos nunca son recogidos de manera continua, sino que son recogidos en intervalos de tiempo (regulares o irregulares). La necesidad es más bien conceptual, ya que el ser humano concibe el tiempo como un parámetro continuo. Como las matemáticas pretenden imitar conceptos reales, parece lógico pensar que los modelos deberían formularse en tiempo continuo.

El precio a pagar por estos modelos es un incremento en la dificultad de las matemáticas requeridas para la construcción de los espacios de probabilidad y de los procesos. Por otro lado, ganamos un modelo mucho más parecido a poblaciones reales como a una población de humanos o animales en condiciones estables.

En el proceso de BGW, el tiempo de vida de cada individuo era una unidad de tiempo. Una manera natural de generalizar el sistema es permitir que los tiempos de vida de los individuos sean variables aleatorias. En vez de la cadena de Markov en tiempo discreto $\{Z_n; n = 0, 1, 2, \dots\}$ de los apartados anteriores, debemos considerar un proceso $\{Z(t); t \geq 0\}$, donde $Z(t)$ es el número de individuos vivos en el momento t . En general este tipo de procesos no será Markoviano, a menos que los tiempos de vida de cada individuo sean variables aleatorias independientes de distribución exponencial.

Definición 1.4.1. Llamamos proceso de ramificación unidimensional de Markov en tiempo continuo al proceso estocástico $\{Z(t, \omega); t \geq 0\}$ en el espacio de probabilidad (Ω, F, P) si cumple:

- i) Su espacio de estados es un conjunto de números enteros no negativos.
- ii) Es una cadena de Markov estacionaria con respecto a la filtración $F_t = \sigma\{Z(s, \omega); s \leq t\}$
- iii) Las probabilidades de transición $P_{i,j}(t)$ satisfacen:

$$\sum_{j=0}^{\infty} P_{i,j}(t) s^j = \left[\sum_{j=0}^{\infty} P_{1,j}(t) s^j \right]^i \quad (1.29)$$

para todo $i \geq 0$ y $|s| \leq 1$.

Para más detalle sobre el proceso de BGW en tiempo continuo pueden consultarse las referencias [AN], [HJV] y [M].

1.5. Un ejemplo de aplicación

En esta última sección del capítulo vamos a presentar sin entrar en mucho detalle un caso en el que los procesos de ramificación se pueden aplicar para ayudarnos a resolver algún problema. En la introducción del trabajo ya hemos nombrado varios campos de investigación en los que dichos procesos pueden ser útiles, siendo seguramente el campo de la biología en el que más aplicaciones se pueden encontrar.

Modelo del ciclo celular con muerte y quiescencia

El paso fundamental en la expansión de una población de células es la división de una de ellas en dos células. Al completar su ciclo de vida, cada célula dobla más o menos su tamaño y se divide en dos células de aproximadamente igual tamaño. El conjunto de la descendencia de cada célula recibe el nombre de colonia. Se ha observado experimentalmente que células de características similares no tienen por qué crear colonias del mismo tamaño en la misma cantidad de tiempo. Esto puede deberse a varios factores, como la aleatoriedad de la muerte celular o la quiescencia.

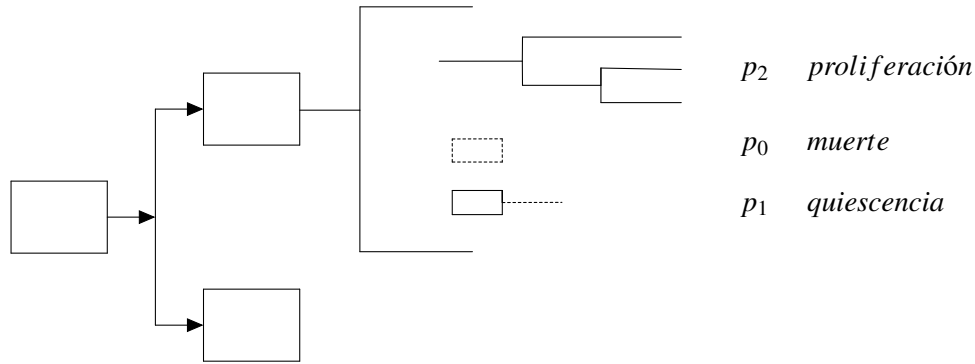


Figura 1.2: Representación esquemática del modelo del ciclo celular.

El modelo matemático

Consideramos un proceso BGW. Vamos a empezar suponiendo que existe una única célula y que esta se divide en dos como muestra la Figura (1.2).

Entonces, cada una de las células descendientes de la célula inicial, independientemente la una de la otra, puede:

1. Proliferar con probabilidad p_2 .
2. Morir con probabilidad p_0 .
3. Entrar en un estado de quiescencia con probabilidad p_1 .

Las células quiescentes son aquellas que continúan existiendo sin proliferar ni morir. Después de mucho tiempo, podrían volver a un estado de proliferación o morir, pero en este modelo no tendremos en cuenta esta posibilidad. Suponemos que $p_0 + p_1 + p_2 = 1$. Denotando como Z_n al número de células proliferantes de la generación n y Q_n al número de células quiescentes, tenemos planteado un modelo BGW al que podemos aplicar los resultados obtenidos en el capítulo 1. Así por ejemplo, podemos ver que si $p_1 + 2p_2 \leq 1$ la población de células desaparecerá. Detalles adicionales de este caso pueden verse en [KA].

En el capítulo siguiente hablaremos de una variante del proceso de BGW, el proceso Bisexual. Dicho proceso se ajustará bastante más a la realidad ya que tendremos en cuenta la formación de parejas para tener descendencia, no como en este capítulo, en el que solo hablábamos de individuos.

Capítulo 2

Proceso Bisexual

2.1. Introducción

Hasta ahora hemos trabajado con procesos de BGW sin tener en cuenta el sexo de cada individuo ni su capacidad para tener descendencia. Además, tampoco hemos considerado que el tipo de reproducción pueda ser diferente dependiendo de la población que estudiemos. Por ejemplo, en una población polígama (un macho puede estar con varias hembras), si el número de machos es lo suficientemente grande, el número de hembras de una generación será determinante a la hora de estimar el tamaño de la población en el futuro.

En este capítulo estudiaremos los procesos de BGW en el que los individuos se definen como hembras o machos y la reproducción se produce por la formación de parejas hembra-macho. Esto complicará bastante los cálculos matemáticos por lo que los resultados serán más limitados.

De hecho, en el simposio celebrado en el Winstar Institute (Philadelphia) en abril de 1966, el matemático S. M. Ulam hizo la siguiente observación [HD3]:

"Hay una bonita técnica para describir procesos que comienzan con un único objeto, que posteriormente puede dar lugar a 0, 2, 3 o más descendientes. Es la teoría de procesos de ramificación. Estudia la reproducción asexual y permite estudiar diversas características del proceso. Me gustaría destacar que la teoría análoga para procesos de ramificación con sexo, donde los individuos se juntan, por ejemplo aleatoriamente, para generar descendientes. Es decir, una combinación de un proceso binario de emparejamiento y reproducción, es matemáticamente mucho más difícil y todavía no hay una teoría exacta."

Si bien se ha avanzado considerablemente desde el momento en que Ulam hizo tal afirmación, no es menos cierto que el desarrollo de los procesos de ramificación “sexuales” es bastante más limitado del que podría ser esperable.

2.2. Modelo Bisexual de Daley

El modelo Bisexual fue introducido por Daley (1968) [D]. En dicho modelo, la población está formada por dos clases de individuos, los machos y las hembras. La reproducción se lleva a cabo

a través de la formación de parejas macho-hembra de la misma generación. Por ello, resultará más conveniente dar el tamaño de la población mediante el número de parejas que dar solo el número de individuos como hacíamos anteriormente. De nuevo, el tiempo ahora será discreto.

Análogamente a lo visto en el capítulo 1, cada pareja tendrá descendencia de manera independiente a las demás parejas siguiendo una distribución de probabilidad $\{p_k\}_{k \geq 0}$ siendo p_k la probabilidad de que una pareja tenga k descendientes. Llamaremos α a la probabilidad de que un individuo sea hembra, $\alpha \in (0, 1)$, con lo que un individuo será macho con probabilidad $1 - \alpha$. Una manera alternativa de estudiar el modelo Bisexual sería considerar una descendencia con distribución de probabilidad $\{p_{i,j}\}$ donde $p_{i,j}$ es la probabilidad de que una pareja tenga i descendientes hembras y j machos. Aquí estudiaremos este proceso siguiendo el primer esquema a través del uso de funciones de emparejamiento.

Antes de definir el modelo, necesitamos introducir la notación que utilizaremos.

Definición 2.2.1. Definimos la función de emparejamiento L como una función definida en $R^+ \times R^+$ que toma valores en R^+ , siendo R^+ el conjunto de números reales no negativos. A dicha función la llamaremos función de emparejamiento. Además, $L(x, 0) = L(0, y) = 0$, $x, y \in R^+$.

La función de emparejamiento L , a través del número de hembras y machos de una generación, define como se forman las parejas de esa generación.

Vamos a representar el número de hembras (H) y machos (M) en la generación $n + 1$ mediante el par (H_{n+1}, M_{n+1}) , gracias al cual, después de aplicarle la función L , tendremos el número de parejas de la generación $n + 1$ que denotaremos como $\{Z_{n+1}\}$. Dichas parejas se reproducirán de manera independiente y con la misma distribución de probabilidad. En la generación inicial, la población constará de un número positivo de parejas N_0 , i.e. $Z_0 = N_0$.

Por último el número de machos y hembras que descenden de la pareja i en la generación n quedará determinado por el vector $(h_{n,i}, m_{n,i})$ con $n \in Z^+$, $i = 1, \dots, Z_n$, siendo estos vectores independientes, no negativos y estando idénticamente distribuidos.

Con todo lo anterior, ya podemos definir el proceso Bisexual de Daley o proceso Bisexual de Galton-Watson (H_{n+1}, M_{n+1}) como:

$$(H_{n+1}, M_{n+1}) = \sum_{i=1}^{Z_n} (h_{n,i}, m_{n,i}), \quad Z_{n+1} = L(H_{n+1}, M_{n+1}), \quad n \in Z^+. \quad (2.1)$$

Es fácil de ver que en el proceso Bisexual de Daley al igual que en el de BGW visto en el Capítulo 1, $\{Z_n\}_{n \geq 0}$ es una cadena de Markov cuyos estados son números enteros no negativos. Además, el estado 0 será un estado absorbente mientras que los demás estados k serán estados transitorios.

Antes de entrar en detalle sobre la determinación de la probabilidad de extinción conviene introducir la función generatriz del proceso distinguiendo entre hembras y machos. Independientemente de la generación en que nos encontremos e independientemente del resto de parejas, cada pareja tendrá h

descendientes hembras y m machos. Así la función generatriz de probabilidad de las variables H y M es :

$$f(s_1, s_2) = E[s_1^H s_2^M], \quad |s_1|, |s_2| \leq 1.$$

Además,

$$E[s_1^{H_{n+1}} s_2^{M_{n+1}} | Z_n = j] = [f(s_1, s_2)]^j$$

debido a la independencia.

Por otra parte si se denota por $J = H + M$ el número total de descendientes, cuya función generatriz de probabilidad es $f(s) = \sum_j s^j p_j$, y cada descendiente es hembra con probabilidad α y macho con probabilidad $1 - \alpha$, independientemente del resto de descendientes, se tiene que (ver [D]):

$$f(s_1, s_2) = f(\alpha s_1 + (1 - \alpha)s_2).$$

2.2.1. Algunas funciones de emparejamiento y probabilidad de extinción

Es claro que el estudio del proceso Bisexual dependerá en gran medida de la función de emparejamiento L . Cuando Daley formuló el proceso [D], decidió estudiar dos tipos de funciones diferentes. Antes de introducirlas, vamos a definir la probabilidad de extinción en un proceso Bisexual de Daley.

Definición 2.2.2. Llamaremos q_j a la probabilidad de extinción del proceso $\{Z_n\}_{n \geq 0}$ cuando la población inicial constaba de j parejas, $j \geq 0$.

$$q_j = P(Z_n \rightarrow 0 | Z_0 = j). \quad (2.2)$$

La primera función de emparejamiento que consideró fue:

$$L(x, y) = x \min\{1, y\} \quad (2.3)$$

A esta función se le llamó *función de emparejamiento completamente promiscuo*. Este sistema de reproducción asume que en cada generación habrá un solo macho (variable y) que se emparejará con todas las hembras (variable x) de dicha generación. Todos los machos restantes quedarán excluidos del proceso. Esto es lo que ocurre en algunos grupos de animales tales como las manadas de leones.

Para esta función se tiene el resultado siguiente sobre la probabilidad de extinción. Es interesante observar que la condición que caracteriza la extinción es la que aparece en el proceso usual de BGW pero ponderada por la probabilidad α de que un descendiente sea hembra, lo que pone de relieve que en esta función de emparejamiento el papel esencial lo desempeña el número de hembras.

Teorema 2.2.3. Sea $L(x, y) = x \min\{1, y\}$ la función de emparejamiento de un proceso Bisexual de Daley, y sea $Q = \lim_{n \rightarrow \infty} P(Z_n = 0 | Z_0 > 0)$, entonces:

$$Q = 1, j \geq 1 \iff \alpha m \leq 1 \quad (2.4)$$

donde $m = \sum_{k=0}^{\infty} k p_k$.

Demostración. Para probar la suficiencia del teorema, el punto clave es demostrar que por ser Z_n una cadena de Markov con probabilidad de transición estacionaria la función generatriz verifica que:

$$\begin{aligned} E[s^{Z_{n+1}} | Z_n = j] &= \sum_{k=0}^{\infty} p_{j,k} s^k = \sum_{k=0}^{\infty} s^k P(Z_{n+1} = k | Z_n = j) = \\ &= [f(\alpha s + 1 - \alpha)]^j - [f(\alpha s)]^j + [f(\alpha)]^j. \end{aligned}$$

Suponemos ahora que $Z_0 > 0$, para $|s| \leq 1$ tenemos que:

$$f_n(s) = E[s^{Z_n}] = \sum_{j=0}^{\infty} s^j P(Z_n = j)$$

notando que $f_n(1) = f_0(1) = 1$. Entonces:

$$\begin{aligned} f_{n+1}(s) &= \sum_{k=0}^{\infty} P(Z_{n+1} = k) s^k = \sum_{k=0}^{\infty} \sum_{j=0}^{\infty} P(Z_{n+1} = k | Z_n = j) P(Z_n = j) s^k = \\ &= \sum_{j=0}^{\infty} P(Z_n = j) \sum_{k=0}^{\infty} P(Z_{n+1} = k | Z_n = j) s^k = \\ &= \sum_{j=0}^{\infty} P(Z_n = j) ([f(\alpha s + 1 - \alpha)]^j - [f(\alpha s)]^j + [f(\alpha)]^j), \\ &= f_n(g(s)) - f_n(f(\alpha s)) + f_n(f(\alpha)) \end{aligned}$$

donde se ha usado la igualdad anterior.

Sea ahora $g(s) = f(\alpha s + 1 - \alpha)$. Denotando a las iteraciones de esa función generatriz de probabilidad por $g_0(s) = s$ y $g_n(s) = g(g_{n-1}(s))$ para $n = 1, 2, \dots$ tenemos que:

$$f_{n+1}(s) = f_0(g_{n+1}(s)) + \sum_{r=0}^n [f_r(f(\alpha)) - f_r(f(\alpha g_{n-r}(s)))],$$

donde los términos de esa suma son no negativos para $0 \leq s \leq 1$ por ser las funciones f_r crecientes. Luego para $0 \leq s \leq 1$,

$$f_{n+1}(s) \geq f_0(g_{n+1}(s)).$$

Ahora bien, por la teoría de procesos BGW vistos en el capítulo 1, cuando $g'(1) = \alpha f'(1) \leq 1$, $g_n(s) \rightarrow 1$ cuando $n \rightarrow \infty \forall s \in [0, 1]$. Por consiguiente, ya que $f_0(s)$ es una función continua, vemos que:

$$\begin{aligned} 1 \geq q &= \lim_{n \rightarrow \infty} f_n(0) \geq \lim_{n \rightarrow \infty} f_0(g_n(0)) \\ &= f_0(\lim_{n \rightarrow \infty} g_n(0)) = f_0(1) = 1 \end{aligned}$$

Y así queda probada la suficiencia del teorema.

La demostración de la necesidad utiliza técnicas y herramientas que quedan fuera del alcance del trabajo, por lo que presentaremos solamente un esquema de los pasos de más interés.

En primer lugar, para la necesidad, se usa el hecho de que $\{Z_n\}$ es una cadena de Markov en la que el estado $\{0\}$ es absorbente y los demás estados $\{1, 2, \dots\}$ son estados transitorios que comunican entre sí, para demostrar que

$$Q_j = \lim_{n \rightarrow \infty} P(Z_n = 0 | Z_0 = j)$$

es la solución positiva minimal de la ecuación

$$Q_j = p_{j,0} + \sum_{k=1}^{\infty} p_{j,k} Q_k, \quad j = 1, 2, \dots$$

donde $p_{j,k}$ son las probabilidades de transición de esa cadena, es decir, $p_{j,k} = P(Z_{n+1} = k | Z_n = j)$.

Posteriormente, a partir de la desigualdad,

$$P(Z_n \geq j+n | Z_0 = j) \geq P(Z_1 \geq j+1, Z_2 \geq j+2, \dots, Z_n \geq j+n | Z_0 = j),$$

usando la propiedad de Markov y aplicando la fórmula integral de Cauchy para calcular $P(Z_{m+1} \leq j | Z_m = j)$, que toma la expresión

$$P(Z_{m+1} \leq j | Z_m = j) = \frac{1}{2\pi i} \int_{\Gamma} \frac{[g(z)]^j - [f(\alpha z)]^j + [f(\alpha)]^j}{z^{j+1}(1-z)} dz$$

se puede, tras una serie de cálculos técnicos, probar la necesidad.

Los detalles completos pueden verse en [D]. □

La segunda función de emparejamiento que consideró Daley fue:

$$L(x, y) = \min\{x, dy\}, \quad d \in \mathbb{Z}^+ \quad (2.5)$$

Esta función es conocida por el nombre de *función de emparejamiento poligámico con perfecta fidelidad*. En este sistema las hembras, la variable x , son siempre fieles y se les permite emparejarse como mucho con un macho. Los machos (al menos algunos) practican la poligamia, un macho puede llegar a emparejarse hasta con d hembras si hubiera hembras suficientes. En el caso particular en el que $d = 1$ tendríamos la función de perfecta fidelidad en la que tanto machos como hembras son siempre fieles.

Teorema 2.2.4. Sea $L(x, y) = \min\{x, dy\}$, $d \in \mathbb{Z}^+$, la función de emparejamiento de un proceso Bisexual de Daley, entonces:

$$q_j = 1, \quad j \geq 1 \iff \min\{\alpha m, d(1-\alpha)m\} \leq 1 \quad (2.6)$$

donde $m = \sum_{k=0}^{\infty} k p_k$.

Demostración. Al igual que en la demostración anterior vamos a empezar probando la suficiencia del teorema. Continuaremos escribiendo $g(s) = f(\alpha s + 1 - \alpha)$, con $g_n(s)$ denotando sus iteraciones, y para $|s| \leq 1$,

$$f_n(s) = E[s^{Z_n}].$$

Entonces, como:

$$\begin{aligned} P(Z_{n+1} \leq k | Z_n = j) &= P(\min(H_{n+1}, dM_{n+1}) \leq k | Z_n = j) \\ &\geq P(H_{n+1} \leq k | Z_n = j), \end{aligned}$$

para $0 \leq s < 1$ se tiene que:

$$\frac{E(s^{Z_{n+1}} | Z_n = j)}{1-s} \geq \frac{E(s^{H_{n+1}} | Z_n = j)}{1-s} = \frac{[g(s)]^j}{1-s},$$

donde la última igualdad se sigue del hecho de que $E[s^{H_{n+1}} | Z_n = j] = [f(s, 1)]^j = [f(\alpha s + 1 - \alpha)]^j$.

En consecuencia, para $0 \leq s < 1$,

$$\begin{aligned} f_{n+1}(s) &= \sum_{k=0}^{\infty} \sum_{j=0}^{\infty} P(Z_{n+1} = k | Z_n = j) P(Z_n = j) s^k \\ &= \sum_{j=0}^{\infty} E[s^{Z_{n+1}} | Z_n = j] P(Z_n = j) \\ &\geq \sum_{j=0}^{\infty} [g(s)]^j P(Z_n = j) \\ &= f_n(g(s)). \end{aligned}$$

Luego, para $n = 1, 2, \dots$

$$f_n(s) \geq f_0(g_n(s)), \quad 0 \leq s \leq 1$$

Si $g'(1) = \alpha f'(1) \leq 1$, entonces $g_n(0) \rightarrow 1$ ($n \rightarrow \infty$) y por la continuidad de $f_0(s)$,

$$\begin{aligned} 1 \geq q &= \lim_{n \rightarrow \infty} f_n(0) \geq \lim_{n \rightarrow \infty} f_0(g_n(0)) \\ &= f_0(\lim_{n \rightarrow \infty} g_n(0)) = f_0(1) = 1. \end{aligned}$$

De manera similar,

$$E[s^{Z_{n+1}} | Z_n = j] \geq [G(s)]^j$$

donde $G(s) = f(\alpha + (1 - \alpha)s^d)$, y para $0 \leq s \leq 1$, $f_n(s) \geq f_0(G(s))$, así cuando $G'(1) = (1 - \alpha)d f'(1) \leq 1$, $q = 1$ como antes. Así queda probada la suficiencia del teorema.

De nuevo la necesidad requiere de herramientas fuera de nuestro alcance y es relativamente similar a la del teorema (2.2.3) (véase [D]). \square

Aparte de las ya mencionadas, se han estudiado otras funciones de emparejamiento a lo largo de la historia. D.M. Hull consideró funciones superaditivas:

$$L(x_1 + x_2, y_1 + y_2) \geq L(x_1, y_1) + L(x_2, y_2), \quad x_i, y_i \in \mathbb{R}^+, \quad i = 1, 2. \quad (2.7)$$

Este tipo de funciones expresan la idea intuitiva de que $x_1 + x_2$ hembras coexistiendo con $y_1 + y_2$ machos formarán un número de parejas al menos tan grande como el número total de parejas que formarían x_1 hembras e y_1 machos, y x_2 hembras e y_2 machos viviendo separados. D. M. Hull probó que bajo estas circunstancias, $E[Z_1 | Z_0 = 1] \leq 1$ era una condición necesaria pero no suficiente para que $q_j = 1$, $j \geq 1$. Si bien el resultado fue probado por primera vez por D. M. Hull [HD], aquí presentamos una demostración alternativa que sigue una aproximación debida a González y Molina [GM]. Para demostrar este resultado necesitaremos ver antes este otro teorema:

Teorema 2.2.5. Sea Z_n , $n = 0, 1, 2, \dots$ el número de parejas en las sucesivas generaciones de un proceso Bisexual con función de emparejamiento superaditiva y con $Z_0 = 1$. Entonces, para $s \in [0, 1]$ tenemos que:

$$f_n(s) \leq f_{n-1}(f_1(s)), \quad n = 1, 2, \dots \quad (2.8)$$

donde $f_n(s)$ es la función generadora de probabilidad de Z_n .

Demostración. Evidentemente $f_0(s) = s$. Para $n = 1, 2, \dots$ tenemos que:

$$\begin{aligned} f_n(s) &= E[s^{Z_n}] = E[E[s^{Z_n} \mid Z_{n-1}]] = \\ &= E[E[s^{L(\sum_{i=1}^{Z_n} (h_{n,i}, m_{n,i}))} \mid Z_{n-1}]] = E[s^{L(\sum_{i=1}^{Z_n} (h_{n,i}, m_{n,i}))}]P(Z_{n-1} = k), \end{aligned}$$

para $0 \leq s \leq 1$. Por ser L una función superaditiva, sabemos que cumple (2.7). Y a partir de esa ecuación no es difícil comprobar por inducción que:

$$L\left(\sum_{i=1}^k x_i, \sum_{i=1}^k y_i\right) \geq \sum_{i=1}^k L(x_i, y_i), \quad x_i, y_i \in \mathbb{R}^+, \quad i = 1, \dots, k.$$

Y por lo tanto:

$$E[s^{L(\sum_{i=1}^k h_{n,i}, \sum_{i=1}^k m_{n,i})}] \leq E[s^{\sum_{i=1}^k L(h_{n,i}, m_{n,i})}], \quad 0 \leq s \leq 1.$$

Entonces,

$$f_n(s) \leq \sum_{k=0}^{\infty} E[s^{\sum_{i=1}^k L(h_{n,i}, m_{n,i})}]P(Z_{n-1} = k),$$

y teniendo en cuenta que $(h_{n,i}, m_{n,i})$ son vectores aleatorios i.i.d podemos deducir que:

$$\begin{aligned} f_n(s) &\leq \sum_{k=0}^{\infty} E\left[\prod_{i=1}^k s^{L(h_{n,i}, m_{n,i})}\right]P(Z_{n-1} = k) = \\ &= \sum_{k=0}^{\infty} [E[s^{Z_1}]]^k P(Z_{n-1} = k) = f_{n-1}(f_1(s)), \end{aligned}$$

lo que completa la demostración del teorema. □

Con este resultado, ya somos capaces de probar el teorema antes mencionado.

Teorema 2.2.6. Sea $q := \lim_{n \rightarrow \infty} P(Z_n = 0)$. Si $q = 1$, entonces $m = E[Z_1 \mid Z_0 = 1] \leq 1$.

Demostración. Denotamos Z_n^* a un proceso Bisexual BGW con función de emparejamiento superaditiva con $Z_0^* = 1$, y con una distribución de su descendencia idéntica a la distribución de Z_1 . Tenemos que:

$$f_n^*(s) \equiv E[s^{Z_n^*}] = (f_1 \circ \dots \circ f_1)(s) \quad (2.9)$$

y

$$\begin{aligned} q^* &\equiv \lim_{n \rightarrow \infty} P(Z_n^* = 0) = \lim_{n \rightarrow \infty} f_n^*(0) = 1 \iff \\ m &= E[Z_1^* \mid Z_0^* = 1] = E[Z_1 \mid Z_0 = 1] \leq 1. \end{aligned}$$

Así pues, por (2.8) y (2.9) deducimos que $q^* = \lim_{n \rightarrow \infty} f_n^*(0) = \lim_{n \rightarrow \infty} (f_1 \circ \dots \circ f_1)(0) \geq \lim_{n \rightarrow \infty} f_n(0) = q$. Por consiguiente, si $q = 1$ tenemos que $q^* = 1$ y $m \leq 1$. □

Con el objetivo de obtener condiciones suficientes para la extinción de una población, F. T. Bruss introdujo en [B] el concepto de *tasa media de crecimiento por pareja*.

Definición 2.2.7. La tasa media de crecimiento por pareja, r_j , queda definida por:

$$r_j = \frac{1}{j} E[Z_1 | Z_0 = j], \quad j \geq 1. \quad (2.10)$$

F. T. Bruss demostró que para un j suficientemente grande, $r_j \leq 1$ es una condición suficiente para que el proceso Bisexual se extinga casi seguramente.

Teorema 2.2.8. Existe límite de la sucesión $\{r_j\}_{j \geq 1}$. Dicho límite r es denominado tasa de crecimiento asintótico. Además:

$$r = \sup_{j \geq 1} r_j. \quad (2.11)$$

Demostración. La demostración se consigue aplicando resultados estándares de funciones superaditivas a $\{jr_j\}$. Queda fuera del contexto del trabajo ya que no usa argumentos probabilísticos y la omitimos. Se puede consultar en [DHT]. \square

En el caso concreto de proceso Bisexual con una función de emparejamiento superaditiva tenemos el siguiente resultado de extinción.

Teorema 2.2.9. Sea $\{Z_n\}$ un proceso de ramificación Bisexual con una función de emparejamiento superaditiva (2.7), entonces:

$$q_j = 1, \quad j \geq 1 \iff r \leq 1 \quad (2.12)$$

Demostración. La demostración se basa en el hecho de que para $r \leq 1$ el proceso $\{Z_n\}$ es una supermartingala no negativa, así que la probabilidad de que $\{Z_n\}$ diverja al infinito es nula y la probabilidad de extinción es 1. Los detalles completos pueden verse en [DHT] y quedan fuera del alcance del trabajo. \square

En los resultados inmediatamente anteriores, hemos visto condiciones que garantizan la extinción del proceso para todos los valores posibles de Z_0 . Por ello la pregunta más natural que surge a partir de este punto sería ver cómo afecta el tamaño de Z_0 a la extinción del proceso si las condiciones antes fijadas no se cumplieran.

El primer intento de responder a esta pregunta se lo debemos a Hull, que ya hemos visto que estudió funciones superaditivas. Para probar su resultado principal debemos antes introducir el siguiente lema.

Lema 2.2.10. Sea N_ξ el entero no negativo más grande tal que $q_{N_\xi} = 1$, entonces:

- a) $P(Z_{n+1} > N_\xi | Z_n = N_\xi) = 0$.
- b) Si $t > N_\xi$, $P(Z_{n+1} > t | Z_n = t) > 0$.

Demostración.

- a) Si suponemos que cuando $Z_n = N_\xi$, Z_{n+1} tiene una probabilidad positiva de tomar un valor superior a N_ξ , entonces tendríamos que $q_{N_\xi} < 1$, lo que contradice la definición de N_ξ .
- b) Supongamos que $P(Z_{n+1} > t | Z_n = t) = 0$, donde $t > N_\xi$. Como $\{Z_n\}$ es una cadena de Markov estocásticamente monótona ([D2]), $P(Z_{n+1} > t | Z_n = j) = 0$ para todo $j = 0, 1, 2, \dots, t$. Además, la teoría de cadenas de Markov nos permite asegurar que o bien con el tiempo $Z_n = 0$ o bien $Z_n \rightarrow \infty$ cuando $n \rightarrow \infty$. La segunda posibilidad queda descartada al igualar a 0 la probabilidad condicional de arriba. Por lo tanto solo nos queda la opción de que ocurra la extinción y entonces $q_t = 1$ lo que contradice la definición de N_ξ .

□

Una vez visto este lema, ya somos capaces de probar el teorema que desarrolló Hull en 1993 [HD2].

Teorema 2.2.11. *Sea un proceso Bisexual de Daley con una función de emparejamiento superaditiva tal que $L(1, 1) = 1$ y $L(x, y) \leq \min\{xy, x + y\}$, si $r > 1$, entonces:*

$$q_j < 1 \iff P(Z_{n+1} > j \mid Z_n = j) > 0. \quad (2.13)$$

Demostración. \Rightarrow) Por hipótesis se tiene que $q_j < 1$. Entonces, $j > N_\xi$ por definición de N_ξ . Luego, por el Lema (2.2.10), se tiene la tesis, es decir que

$$P(Z_{n+1} > j \mid Z_n = j) > 0.$$

\Leftarrow) Ahora se asume que $P(Z_{n+1} > j \mid Z_n = j) > 0$.

Por lo tanto, existirá algún $k \geq 2$ tal que $p_k > 0$, donde $\{p_k\}$ es la distribución de probabilidad de la descendencia. En efecto, si no fuera así, se tendría que $p_0 + p_1 = 1$ y entonces, teniendo en cuenta la segunda condición de la función de emparejamiento, es decir que $L(x, y) \leq \min(x + y, xy)$, se tendría que $L(x, y) \leq j$, por lo que no podría ocurrir que

$$P(Z_{n+1} > j \mid Z_n = j) > 0$$

Luego, $p_k > 0$ para algún $k \geq 2$. Como además, $L(1, 1) = 1$, se verificará que

$$P(Z_{n+1} \geq 1 \mid Z_n = 1) > 0$$

(Al menos se podrá formar una pareja con probabilidad positiva).

Finalmente, combinando las tres cuestiones siguientes:

1. $P(Z_{n+1} \geq 1 \mid Z_n = 1) > 0$
2. $P(Z_{n+1} > j \mid Z_n = j) > 0$
3. La función de emparejamiento es superaditiva.

Se concluye que:

$$P(Z_{n+1} > j + i \mid Z_n = j + i) > 0, \forall i = 0, 1, 2, \dots$$

Entonces, de esta última desigualdad y la parte (a) del lema (2.2.10), se sigue que:

$$j + i \neq N_\xi, \quad \forall i = 0, 1, 2, \dots$$

Por tanto, $N_\xi < j$ y, por la definición de N_ξ ,

$$q_j < 1.$$

□

Siguiendo en esta línea, Alsmeyer y Rösler, ver [MM], estudiaron la sucesión de cocientes $\{q_j/q^j\}_{j \geq 1}$, en la que el numerador es la probabilidad de extinción de un proceso regido por una función de emparejamiento completamente promiscuo (2.3) y el denominador representa la probabilidad de extinción de un proceso donde la función de emparejamiento es $L(x, y) = x$ cuando $Z_0 = j$. Consiguieron acotar tanto inferior como superiormente la sucesión y además desarrollaron una ecuación que una vez resuelta determina la probabilidad de extinción de un proceso completamente promiscuo.

2.3. Otros procesos Bisexuales en tiempo discreto

Está claro que el modelo Bisexual general que hemos visto hasta ahora no es suficiente a la hora de estudiar poblaciones un poco más complicadas. Muchos estudios se han realizado con el objetivo de buscar modelos que se adapten mejor a la realidad, por ejemplo los procesos con inmigración, los procesos en ambientes aleatorios, procesos dependientes del número de parejas de la población o procesos con control en el número de parejas que pueden tener descendencia.

Vamos a introducir el proceso de ramificación Bisexual con inmigración para ver alguna de sus propiedades y ver las diferencias respecto al modelo Bisexual general que habíamos planteado antes.

2.3.1. Proceso Bisexual con inmigración

Vamos a definir el siguiente proceso Bisexual con inmigración de hombres y mujeres empezando con una población de N_0 parejas.

El proceso a estudiar sería el siguiente:

$$(H_{n+1}, M_{n+1}) = \sum_{i=1}^{Z_n} (h_{n,i}, m_{n,i}) + (H_{n+1}^I(h_{n*}), M_{n+1}^I(m_{n*})), \quad (2.14)$$

$$Z_{n+1} = L(H_{n+1}, M_{n+1}), \quad n \in \mathbb{Z}^+.$$

con $Z_0 = N_0$,

donde \mathbb{Z}^+ denota el conjunto de enteros no negativos. Al igual que en el modelo anterior, el vector $(h_{n,i}, m_{n,i})$ representa el número de hembras y machos descendientes de la pareja i en la generación n . Y $\{(h_{n,i}, m_{n,i}), i \geq 1; n \geq 0\}$ es una sucesión de vectores aleatorios independientes e idénticamente distribuidos. Por otro lado, $(H_{n+1}^I(h_{n*}), M_{n+1}^I(m_{n*}))$, con $h_{n*} = \sum_{i=1}^{Z_n} h_{n,i}$ y $m_{n*} = \sum_{i=1}^{Z_n} m_{n,i}$ representa el número de inmigrantes hembras y machos en la generación $n+1$. Asumiremos que dados $j, l \in \mathbb{Z}^+$, $\{(H_{n+1}^I(j), M_{n+1}^I(l))\}_{n=0}^{\infty}$ es una sucesión de vectores aleatorios independientes e idénticamente distribuidos. También vamos a introducir la notación para el vector de las medias de la distribución de la descendencia y para el vector de la media de inmigración que serán respectivamente (μ_h, μ_m) y $(\mu_h^{j,l}, \mu_m^{j,l}), j, l \in \mathbb{Z}^+$. Dichos vectores serán positivos y finitos. Además la función de emparejamiento L será superaditiva (2.7).

Para que algunos de los siguientes resultados teóricos sean válidos, necesitamos introducir la siguiente suposición:

- (A) Las sucesiones $\{H_1^I(j)\}_{j=0}^{\infty}$ y $\{M_1^I(l)\}_{l=0}^{\infty}$ son tales que, para $j, l \in \mathbb{Z}^+$, $E[g(H_1^I(j+1))] \leq E[g(H_1^I(j))]$ y $E[g(M_1^I(l+1))] \leq E[g(M_1^I(l))]$ siendo g una función no decreciente.

Nota 2.3.1. De la suposición (A) se deduce (ver [MM]) la existencia de variables aleatorias $F^I(j)$ y $F^I(j+1)$ definidas en el mismo espacio de probabilidad y teniendo las mismas distribuciones de probabilidad que $F_1^I(j)$ y $F_1^I(j+1)$ respectivamente. Análogamente se deduce la existencia de variables

aleatorias $M^I(l)$ y $M^I(l+1)$ definidas den el mismo espacio de probabilidad y teniendo las mismas distribuciones de probabilidad que $M_1^I(l)$ y $M_1^I(l+1)$ respectivamente.

Además podemos deducir que:

- (i) $\{H^I(j)\}_{j=0}^{\infty}$ (análogamente $\{M^I(l)\}_{l=0}^{\infty}$) es una sucesión monótona no creciente que converge casi seguramente a una variable aleatoria no negativa de valores enteros H^I (análogamente M^I)
- (ii) $\{E[g(H^I(j))]\}_{j=0}^{\infty}$ (análogamente $\{E[g(M^I(l))]\}_{l=0}^{\infty}$) es una sucesión monótona no creciente que converge a $E[g(H^I)]$ (análogamente $E[g(M^I)]$), para toda función g no decreciente.

El siguiente teorema establece unas condiciones que garantizan la existencia de la tasa de crecimiento asintótico, r .

Teorema 2.3.2. Sean r_j y r definidos como en (2.10) y (2.11) respectivamente. Si se cumple (A) y el proceso tiene una función de emparejamiento L tal que $L(x,y) \leq x+y$, con $x,y \in R^+$, entonces:

$$r = \lim_{k \rightarrow \infty} \frac{1}{k} L(k\mu_h, k\mu_m) \quad (2.15)$$

donde suponemos que μ_h y μ_m son valores finitos positivos.

Demostración. Se pueden consultar los detalles en [MX]. □

Bibliografía

- [AN] K. B. Athreya, P. E. Ney, *Branching Processes*, Springer-Verlag, Berlín-Heidelberg-New York, 1972.
- [B] F. T. Bruss, *A Note on Extinction Criteria for Bisexual Galton-Watson Processes*, Journal of Applied Probability, 21:915-919, 1984.
- [C] H. I. Calvete, *Apuntes de Optimización Estocástica*, 2013.
- [D] D. J. Daley, *Extinction conditions for bisexual Galton-Watson branching processes*, Z. Wahrscheinlichkeitsth. und Verw. Gebiete, 9:315-322, 1968.
- [D2] D. J. Daley, *Stochastically monotone Markov chains*, Z. Wahrscheinlichkeitsth. und Verw. Gebiete, 10:305-317, 1968.
- [DHT] D. J. Daley, D. M. Hull, J. M. Taylor, *Bisexual Galton-Watson Branching Processes with Superadditive Mating Functions*, Journal of Applied Probability, 23:585-600, 1986.
- [GM] M. González, M. Molina, *Some Theoretical Results for Bisexual Galton-Watson Branching Processes*, Extracta Mathematicae, 7:140-143, 1992.
- [GP] M. González, I. M. del Puerto, *Branching Processes: Genealogy and Evolution*, Boletín de Estadística e Investigación Operativa, 26:107-123, 2010.
- [H] T. E. Harris, *The theory of branching processes*, Springer-Verlag, Berlín-Heidelberg-New York, 1963.
- [HD] D. M. Hull, *A necessary condition of extinction in those bisexual Galton-Watson branching processes governed by superadditive mating functions*, Journal of Applied Probability, 19:847-850, 1982.
- [HD2] D. M. Hull, *How Many Mating Units Are Needed to Have a Positive Probability of Survival?*, Mathematics Magazine, 66:28-33, 1993.
- [HD3] D. M. Hull, *A Survey of the Literature Associated with the Bisexual Galton-Watson Branching Process*, Extracta Mathematicae, 18:321-343, 2003.
- [HJV] P. Haccou, P. Jagers, V. A. Vatutin, *Branching Processes: Variation, Growth and Extinction of Populations*, Cambridge University Press, Cambridge, 2005.
- [KA] M. Kimmel, D. E. Axelrod, *Branching Processes in Biology*, Springer, 2002.

- [KS] H. Kesten, B. P. Stigum, *A limit theorem for multidimensional Galton-Watson processes*, Ann. Math. Statist, 37:1211-1223, 1966.
- [M] J. Medhi, *Stochastic processes*, John Wiley & Sons, New Delhi, 1994.
- [MM] M. Molina, *Two sex branching process literature* in Workshop on Branching Processes and Their Applications, M. González, M. Molina, I. M. del Puerto, M. Mota, R. Martínez, A. Ramos, Springer-Verlag, Berlín-Heidelberg, 2010.
- [MX] S. Ma, Y. Xing, *Bisexual branching processes with immigration depending on the number of females and males* in Workshop on Branching Processes and Their Applications, M. González, M. Molina, I. M. del Puerto, M. Mota, R. Martínez, A. Ramos, Springer-Verlag, Berlín-Heidelberg, 2010.
- [RP] S. M. Ross, E. A. Peköz, *A Second Course in Probability*, www.ProbabilityBookstore.com, Boston, 2007.