

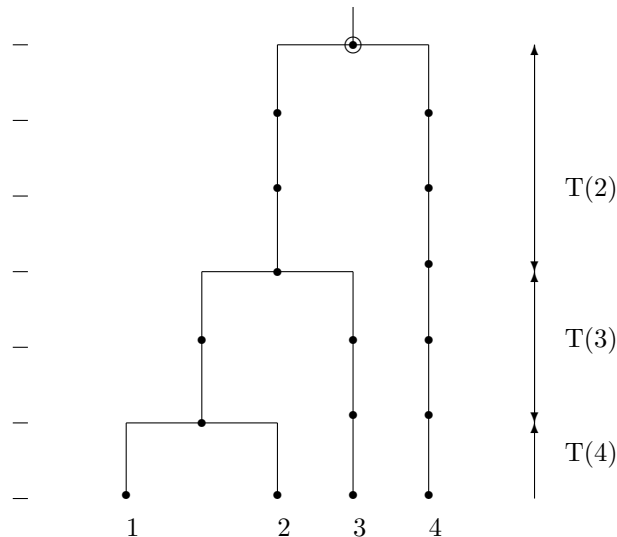
1. *La evolución y las ruletas de Ashby.* El siguiente problema fue propuesto por W.R. Ashby para enfatizar el papel de los mecanismos de retención parcial de éxitos en el proceso evolutivo. Ashby propone considerar un conjunto de mil ruletas que sólo indican los colores rojo y negro (con igual probabilidad). Supongamos que al principio están todas las ruletas en negro, y que nuestro objetivo es, luego de cierto número de tiradas (vamos a suponer que cada tirada insume un tiempo de 1 segundo) dejar todas las ruletas en rojo; Ashby llama a dicho evento *el magno acierto*. Para alcanzar ese magno acierto se consideran tres estrategias:
 - i. Se tiran todas las ruletas a un tiempo, se observa el resultado, si no están todas las ruletas en rojo, se vuelven a tirar todas, y se repite el proceso hasta el magno acierto.
 - ii. Se tira la primera ruleta hasta dejarla en rojo, luego se hace lo mismo con la segunda, luego con la tercera, y así sucesivamente hasta el magno acierto.
 - iii. Se tiran todas las ruletas a un tiempo, se observa el resultado, se vuelven a tirar sólo las ruletas que están en negro, y así hasta el magno acierto

Sean T_i ; $i = 1, 2, 3$ las variables aleatorias que indican el tiempo necesario hasta el magno acierto con las estrategias 1, 2 y 3 respectivamente. Calcular el valor esperado de las variables T_1 y T_2 .

Fuera del contexto abstracto de este problema, la contrapartida biológica del mismo podría referirse tanto a la acumulación de estructuras a nivel molecular, fisiológico, e incluso cultural, como a la acumulación de habilidades, como al perfeccionamiento de los mecanismos de control en los seres vivos. La implicancia fundamental de este tipo de consideraciones es que, en el proceso evolutivo de la vida en la tierra, situaciones que en una primera instancia podrían ser consideradas improbables, son realizables en tiempos asombrosamente pequeños de la escala evolutiva, en presencia de los mecanismos de retención y control adecuados.

(este ejemplo fue tomado de 'El segundo secreto de la vida', de Eduardo Mizraji)

2. *El Coalescente (el regreso).* En el proceso coalescente (definido en el práctico 3),
 - a. Calcular los valores esperados de los tiempos de espera hasta la primera coalescencia, partiendo de i alelos (T_i).
 - b. Calcular el tiempo de espera hasta el Ancestro Común Más Cercano (ACMC), partiendo de una muestra de n alelos.
 - c. Calcular el valor esperado del tiempo que va desde la penúltima hasta la última coalescencia en dicho proceso.
 - d. Comparar b y c.
3. En el análisis de una secuencia de ADN de una muestra de individuos, el número de sitios polimórficos es una rica fuente de información filogenética. Supongamos que el estudio retrospectivo de una muestra de alelos responde al proceso Coalescente. En ese caso, cada nueva mutación en las ramas del árbol filogenético resulta en un nuevo alelo. Si las mutaciones ocurren en forma uniforme en el tiempo a una tasa μ por sitio, por generación, entonces el valor esperado de la proporción de sitios polimórficos será $E(S) = \mu E(R)$ donde R es la variable aleatoria que indica la longitud total de las ramas del árbol filogenético (por ejemplo, en el árbol de la figura, $R = 4 + 3 \times 2 + 2 \times 3 = 16$). Calcular $E(S)$ para una muestra de n alelos.



4. Se realizan análisis de sangre a 1.500 personas, para detectar cierta afección. La probabilidad de que el test de positivo es 0,002.
- Usar la aproximación Poisson a la binomial para calcular la probabilidad de que, de esos 1.500 análisis, 5 den positivo.
 - Calcular la probabilidad de que el primer análisis positivo, sea el número 500.

Como el análisis es muy costoso, se decide implementar un nuevo método, con el objetivo de minimizar el número de ensayos de laboratorio. El método consiste en hacer grupos de 30 personas y mezclar las muestras de sangre en cada grupo. Se realizan entonces 50 análisis, uno para cada grupo. Si el análisis de un grupo da negativo, ninguna de las personas de ese grupo está afectada. En caso contrario, es decir, si el análisis del grupo da positivo, se analiza separadamente a las 30 personas del grupo (o sea, se hacen 30 análisis, uno para cada uno).

- Consideremos uno cualquiera de esos 50 grupos, por ejemplo el i -ésimo. Sea X_i la variable aleatoria que indica el número de análisis que hay que hacer en total dentro de ese grupo. ¿Qué valores puede tomar la variable X_i y con qué probabilidades? ¿Cuál es el valor esperado de X_i ? ¿Cuál es el valor esperado del número de análisis necesarios para esas 1.500 personas?
 - Si en **c** se consideran r grupos de k personas ($rk = 1500$) en lugar de 50 grupos de 30 personas ¿cuál es el valor esperado (en función de k) del número de análisis necesarios para esas 1.500 personas?
 - ¿Conviene hacer grupos de 20 o de 30 personas?
5. *La distribución Gamma.* Un caso particular de esta distribución resulta de la suma de variables exponenciales independientes. Si X_1, X_2, \dots, X_n son variables independientes con distribución exponencial de parámetro λ , entonces $X = X_1 + X_2 + \dots + X_n$ tiene distribución gamma de parámetros (λ, n) y su densidad viene dada por:

$$f(x) = \frac{1}{(n-1)!} \lambda^n x^{n-1} e^{-\lambda x}.$$

para $x \in [0, +\infty)$. Esta distribución puede servir para modelar tiempos de espera continuos hasta el n -ésimo éxito.

Calcular el valor esperado de X en función de λ y n . (es posible una definición más general de la distribución Gamma, en este caso particular también se le llama distribución de Erlang)