

3A Erilaisia Markov-ketjuja

Tuntitehtävät

3A1 *Lepakoiden rengastaja (tai kuponkien keräilijä)*. Lepakkoluolassa on N lepakkoa, joista jokainen lentää luolasta ulos joka yö palaten kuitenkin aamuksi takaisin. Lepakkotutkija pyydystää joka yö sattumanvaraisesti yhden ulos tulevista lepakoista, rengastaa sen ellei sitä ole vielä rengastettu, ja päästää sen sitten jälleen aamuksi palaamaan tovereidensa kanssa luolaan.

- (a) Olkoon X_t on t :nnen yön jälkeen rengastettujen lepakkojen lukumäärä. Osoita, että prosessi $X = (X_t)_{t \in \mathbb{Z}_+}$ on Markov-ketju joukolla $S = \{0, 1, 2, \dots, N-1, N\}$, ja laske sen siirtymätodennäköisyydet.
- (b) Oletetaan, että erään yön jälkeen tutkija on rengastanut kaikki paitsi j lepakkoa. Osoita, että odotusarvoisesti tutkijalla kestää vielä $N \times (1 + \frac{1}{2} + \frac{1}{3} + \dots + \frac{1}{j})$ yötä kunnes jokainen lepakko on rengastettu.
- (c) Osoita (esimerkiksi integraalia $\int \frac{1}{u} du$ tarkastelemalla), että mille tahansa $N \geq 1$ pätee

$$\log(N+1) \leq 1 + \frac{1}{2} + \frac{1}{3} + \dots + \frac{1}{N} \leq \log(N) + 1.$$

Mitä tämä lasku kertoo ajasta, joka lepakkotutkijalla kokonaisuudessaan kuluu kunnes kaikki lepakot on rengastettu?

3A2 *Uusiutumisketju*. Olkoon $q = (q(0), q(1), q(2), \dots)$ jokin tila-avaruuden $\mathbb{Z}_+ = \{0, 1, 2, \dots\}$ todennäköisyysjakauma. Jakaumaa q vastaava uusiutumisketju on äärettömän tilajoukon \mathbb{Z}_+ Markov-ketju, jonka siirtymämatriisille pätee $p_{k,k-1} = 1$ kaikilla $k > 0$ ja $p_{0,k} = q(k)$ kaikilla $k \geq 0$.

- (a) Luonnostelee kuva ketjun siirtymäkaaviosta.
- (b) Millainen jakauma q tuottaa yhtenäisen uusiutumisketjun?
- (c) Todista, että tila 0 on palautuva.
- (d) Ilmaise jakauman q avulla tilan 0 odotettu paluuaika $\mathbb{E}_0[T_0^+]$, missä merkitään $T_0^+ = \min\{t \geq 1 : X_t = 0\}$.
- (e) Etsi tai googlaa esimerkki todennäköisyysjakaumasta, jota vastaavalle uusiutumisketjulle pätee $\mathbb{E}_0[T_0^+] = \infty$.

Kotitehtävät

3A3 *Verkon satunnaiskulku.* Olkoon G solmujoukon $V = \{1, \dots, n\}$ suuntaamaton verkko, jossa kunkin solmun x asteluku $\deg(x)$ eli naapureiden lukumäärä on vähintään 1. Verkon G satunnaiskulku etenee siirtymällä jokaisella askeleella tasaisen satunnaisesti johonkin naapurisolmuun, jolloin $p_{x,y} = \frac{1}{\deg(x)}$ kun $x \leftrightarrow y$, ja $p_{x,y} = 0$ muuten.

- Todista, että verkon satunnaiskulku on kääntyvä jakauman $\pi(x) = c \deg(x)$ suhteen, kun vakio c valitaan sopivasti.
- Laske a)-kohdan tulosta käyttämällä tasapainojakauma tyhjällä shakkilaudalla satunnaisesti kulkevalle kuninkaalle (ks. harjoitus 2A4).
- Laske a)-kohdan tulosta käyttämällä tasapainojakauma tyhjällä shakkilaudalla satunnaisesti kulkevalle ratsulle (ks. harjoitus 2A4).

3A4 *Wright-Fisher malli.* Neutraali kahden alleelin Wright-Fisher malli on yksinkertaistettu geneettisen evoluution malli, jossa huomioidaan geenien perinnöllisyys mutta ei mutaatioita¹. Tarkasteltavan populaation kussakin sukupolvessa ajatellaan olevan sama kokonaisuus N yksilöitä, joista kukin edustaa joko genotyyppiä a tai A . Sukupolven t genotyyppiä A edustavien yksilöiden lukumäärää merkitään X_t , ja prosessi $X = (X_t)_{t \in \mathbb{Z}_+}$ on Markov-ketju siirtymätodennäköisyyksin

$$p_{x,y} = \frac{N!}{y!(N-y)!} \left(\frac{x}{N}\right)^y \left(\frac{N-x}{N}\right)^{N-y}$$

- Tarkista, että ylläoleva kaava on Markov-ketjun siirtymätodennäköisyyksiksi kelpaava.
- Osoita, että ketjulla on täsmälleen kaksi absorboivaa tilaa, eli sellaista tilaa x , joille pätee $p_{x,x} = 1$. Kuvaile näitä tiloja vastaavat populaation geenipoolit, ja selitä absorboivuus perinnöllisyyden näkökulmasta.
- Alkutilasta $X_0 = x$ lähtien, laske todennäköisyydet, joilla populaatio ennen pitkää päättyy edellisessä kohdassa tarkasteltuihin absorboiviin tiloihin.

Vihje: Voit arvata oikean vastauksen esimerkiksi uhkapelurin vararikkokaavasta, ja sitten tarkistaa, että arvauksesi toteuttaa tarvittavat yhtälöt.

¹Vaikka malli ei mutaatioita huomioikaan, mallilla voidaan esimerkiksi perustella se, miksi mutaatioiden tahti yksilötasolla liittyy läheisesti koko populaation genotyyppien vaihtelutahtiin neutraalissa evoluutiossa.