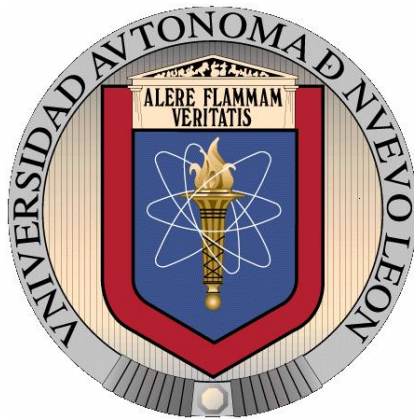


UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NUEVO LEÓN

FACULTAD DE INGENIERÍA MECÁNICA Y ELÉCTRICA

DIVISIÓN DE ESTUDIOS DE POSGRADO



ESTUDIO DE LA CONVERGENCIA DE UNA
CADENA DE MARKOV Y SU APLICACIÓN A LA
GESTIÓN DEL GANADO PORCINO

POR

FELIPE ADRIÁN LOZANO MARTÍNEZ

EN OPCIÓN AL GRADO DE

MAESTRÍA EN CIENCIAS

EN INGENIERÍA DE SISTEMAS

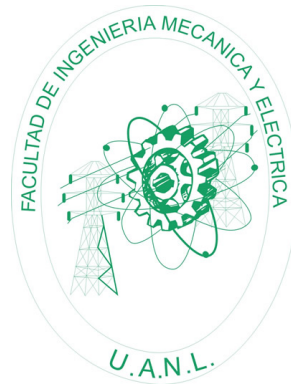
SAN NICOLÁS DE LOS GARZA, NUEVO LEÓN

MAYO 2012

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NUEVO LEÓN

FACULTAD DE INGENIERÍA MECÁNICA Y ELÉCTRICA

DIVISIÓN DE ESTUDIOS DE POSGRADO



ESTUDIO DE LA CONVERGENCIA DE UNA
CADENA DE MARKOV Y SU APLICACIÓN A LA
GESTIÓN DEL GANADO PORCINO

POR

FELIPE ADRIÁN LOZANO MARTÍNEZ

EN OPCIÓN AL GRADO DE

MAESTRÍA EN CIENCIAS

EN INGENIERÍA DE SISTEMAS

SAN NICOLÁS DE LOS GARZA, NUEVO LEÓN

MAYO 2012

Universidad Autónoma de Nuevo León
Facultad de Ingeniería Mecánica y Eléctrica
División de Estudios de Posgrado

Los miembros del Comité de Tesis recomendamos que la Tesis «Estudio de la convergencia de una cadena de Markov y su aplicación a la gestión del ganado porcino», realizada por el alumno Felipe Adrián Lozano Martínez, con número de matrícula 1252151, sea aceptada para su defensa como opción al grado de Maestría en Ciencias en Ingeniería de Sistemas.

El Comité de Tesis

Dr. César Emilio Villarreal Rodríguez

Asesor

Dra. Sara Verónica Rodríguez Sánchez

Revisor

Dr. Lluís Miquel Pla Aragonés

Revisor

Vo. Bo.

Dr. Moisés Hinojosa Rivera

División de Estudios de Posgrado

San Nicolás de los Garza, Nuevo León, mayo 2012

Este trabajo está dedicado a:

Mis padres, por todo lo que han hecho por mi
Mi hermana Jesica, por darme ánimos durante mi maestría
Mi novia Mary por estar ahí cuando la necesité

ÍNDICE GENERAL

Índice de figuras	VIII
Índice de tablas	x
Agradecimientos	XII
Resumen	XIII
1. Introducción	1
2. Cadenas de Markov finitas	3
2.1. Matriz de transición	5
2.1.1. Distribución inicial	5
2.1.2. Clasificación de los estados	6
2.1.3. Clasificación de las cadenas de Markov	7
2.2. Problema del reemplazamiento	8
3. Convergencia	10
3.1. χ^2 como una medida de distancia	11

4. Procesos semi-markovianos	13
4.1. Cadenas de Markov en tiempo continuo	13
4.2. Cadena de Markov Embebida	15
5. El sistema productivo de una granja reproductora porcina	16
5.1. Descripción del sistema real	16
5.2. Modelado del sistema	17
5.2.1. Sistema simplificado: Cadena de Markov	17
5.2.2. Sistema complejo: Cadena Embebida	19
6. Datos disponibles	22
6.1. Formato V.S.I.	22
6.1.1. Altas	23
6.1.2. Reproductivos	24
7. Metodología	26
7.1. Distribución en equilibrio (II)	31
7.1.1. II en el sistema simplificado	32
7.1.2. II en el sistema complejo	38
7.2. Cálculo de la convergencia	41
7.2.1. Sistema simplificado	42
7.2.2. Sistema complejo	48
8. Resultados y discusión	54

8.1. Conclusiones	64
9. Bibliografía	65
A. Apéndices	66
A.1. Vectores de estado estable	66
A.2. Código en R	67
A.2.1. Definición de variables iniciales y llamado de archivos (Forma- to V.S.I.)	67
A.2.2. Población de cerdas por año	68
A.2.3. Manejo de fechas	70
A.2.4. Cálculo de número de abortos y partos por año	71
A.2.5. Tasa de abortos	72
A.2.6. Número de repeticiones por año y ciclo	73
A.2.7. Tasas de concepción	75
A.2.8. Bajas por ciclo y año	75
A.2.9. Tasa baja	78
A.2.10. Altas por año	78
A.2.11. Cálculo analítico sistema simplificado	79
A.2.12. Cálculo analítico sistema complejo	83

ÍNDICE DE FIGURAS

5.1. Diagrama que representa la matriz de transición de 3 ciclos del sistema simplificado	18
5.2. Diagrama que representa la matriz de transición del sistema complejo en 1 ciclo	20
6.1. Muestra de algunos registros del formato V.S.I.	25
7.1. Caso para 3 ciclos del sistema simplificado	32
7.2. Caso para 4 ciclos del sistema simplificado	34
7.3. Caso para 5 ciclos del sistema simplificado	35
7.4. Caso para n ciclos del sistema simplificado	37
7.5. Caso para n ciclos del sistema complejo	40
7.6. Carga de datos y generación de valores	43
7.7. Reinicio del array de los estados del sistema al inicio en cada ciclo nuevo	44
7.8. Almacenamiento de los estados del sistema	44
7.9. Inicio de un ciclo reproductivo de una cerda	45
7.10. Manejo de atributos, probabilidades de transición y cálculo de la χ^2 .	46
7.11. Suministro de los reemplazos	46

7.12. Modelo de simulación para el sistema simplificado	47
7.13. Manejo de probabilidades en el sistema complejo	50
7.14. Modelo de simulación del sistema complejo	51
8.1. Estado del sistema al converger en las simulaciones y cálculos para el sistema simplificado	58
8.2. Estados del sistema al converger en las simulaciones y cálculos para el sistema complejo	61
8.3. Casos adicionales planteados	63
8.4. Resultado de los casos adicionales, demostrando ergodicidad	63

ÍNDICE DE TABLAS

5.1. Matriz de transición de 3 ciclos del sistema simplificado	17
5.2. Matriz de transición de 8 ciclos del sistema simplificado	18
5.3. Matriz de transición de 1 ciclo del sistema complejo	20
7.1. Cerdas totales inseminadas en las repeticiones de cada ciclo	27
7.2. Partos logrados en las repeticiones de cada ciclo	28
7.3. Tasas de concepción por ciclo y repeticiones	28
7.4. Cantidad de bajas por año	29
7.5. Población de cerdas por año	29
7.6. Tasas de baja por año	30
7.7. Abortos por año	30
7.8. Tasa de aborto por año	31
7.9. Matriz de transición para el caso de 3 ciclos del sistema simplificado .	32
7.10. Matriz de transición para el caso de 4 ciclos del sistema simplificado .	33
7.11. Matriz de transición para el caso de 5 ciclos del sistema simplificado .	35
7.12. Matriz de transición para el caso de n ciclos del sistema simplificado .	36

7.13. Matriz de transición para el caso de n ciclos del sistema complejo . . .	39
8.1. Matriz de transición del sistema simplificado con las probabilidades aplicadas	54
8.2. Resultados del cálculo analítico del sistema simplificado	56
8.3. Valores de χ^2 resultantes del cálculo analítico del sistema simplificado	57
8.4. Comparación de tiempos de convergencia analítico y simulado del sistema simplificado	58
8.5. Resultados del cálculo analítico del sistema complejo	59
8.6. Valores de χ^2 resultantes del cálculo analítico del sistema complejo . .	60
8.7. Comparación de tiempos de convergencia analítico y simulado del sistema complejo	62

AGRADECIMIENTOS

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por el apoyo económico otorgado, sin el cual la realización de esta meta hubiera sido imposible.

Al Programa de Posgrado en Ingeniería de Sistemas (PISIS) por ayudarme a crecer tanto intelectualmente como persona.

A la Universidad Autónoma de Nuevo León y a la Facultad de Ingeniería Mecánica y Eléctrica por todo el apoyo otorgado todo este tiempo.

A todos los profesores del PISIS por la motivación y apoyo que me ofrecieron, en especial al Dr. César Emilio Villarreal y a la Dra. Sara Verónica Rodríguez por tenerme paciencia y ofrecerme la oportunidad de hacer una estancia en España.

Al Dr. Moisés Hinojosa Rivera y al MC. José Alejandro Cázares Yeverino por brindarme el apoyo que hizo posible mi estancia académica.

Al Dr. Luis Miguel Pla por recibirme en Lleida España y darme la oportunidad de trabajar con usted.

A los alumnos del PISIS por ayudarme cada vez que necesité alguna ayuda.

A mi familia, tios, abuela y mi novia por su apoyo y motivación durante toda la maestría, en especial la estancia.

RESUMEN

Felipe Adrián Lozano Martínez.

Candidato para el grado de Maestría en Ingeniería
con especialidad en Ingeniería de Sistemas.

Universidad Autónoma de Nuevo León.

Facultad de Ingeniería Mecánica y Eléctrica.

Título del estudio:

ESTUDIO DE LA CONVERGENCIA DE UNA CADENA DE MARKOV Y SU APLICACIÓN A LA GESTIÓN DEL GANADO PORCINO

Número de páginas: 90.

OBJETIVOS Y MÉTODOLOGÍA: Las cadenas de Markov son un tipo especial de procesos estocásticos. Este tipo de sistemas guardan la característica de que la probabilidad de que ocurra un evento depende únicamente del estado actual. Diversas aplicaciones pueden ser encontradas en el mundo real. Una de las aplicaciones más importantes en Agronomía se refiere a la utilización de una cadena markoviana para la representación del comportamiento de una granja reproductora porcina. A partir de ello, diversos modelos de decisión han sido propuestos y todos ellos consideran la estabilidad de la manada. Sin embargo, muchas granjas no están en estabilidad.

Así pues, el objetivo principal de este trabajo es estudiar el tiempo de convergencia de una cadena de Markov. La cadena markoviana utilizada simula la dinámica de una granja reproductora porcina. Para el logro del objetivo se ha utilizado como herramienta el cálculo analítico y la simulación.

CONTRIBUCIONES Y CONCLUSIONES: La contribución científica de esta tesis fue el desarrollo de dos modelos matemáticos que permiten estimar el tiempo de convergencia hacia el estado estable. El primer modelo se desarrolló empleando el software estadístico R. El segundo modelo utiliza el software de Extendsim8. Cada modelo manejó dos tipos de instancias: uno simplificado que maneja algunas condiciones ideales y tiempos iguales para cada estado de la cadena de Markov y uno más complejo que maneja diversas tasas y tiempos diferentes pero constantes para cada estado. Aunque los modelos de simulación y códigos en R están diseñados para casos específicos, es posible adaptarlos a diversas situaciones.

El resultado del análisis sobre el tiempo de convergencia muestra que la velocidad de convergencia depende en gran medida del estado inicial.

Así pues, existen sistemas que toman un tiempo considerable para converger, por ejemplo más de 12 años. En este tipo de sistemas se requieren modelos de decisión que incorporen la etapa transitoria del modelo más que aplicar un modelo de estado estable en el que se supone que el sistema esta en equilibrio.

Firma del asesor: _____

Dr. César Emilio Villarreal Rodríguez

CAPÍTULO 1

INTRODUCCIÓN

Los procesos estocásticos en la teoría de la probabilidad son un concepto matemático que sirve para caracterizar una sucesión de variables aleatorias que evolucionan en función de alguna otra variable, normalmente el tiempo [7]. Las cadenas de Markov son un tipo especial de estos procesos, que sirven para analizar el comportamiento de un sistema, donde la probabilidad de que ocurra un evento en un tiempo futuro depende únicamente del último resultado observado. Tal característica puede ser aplicada en diversos aspectos, como por ejemplo en la Física, Meteorología, así como los Juegos de Azar y las Finanzas. Otro punto importante en una cadena de Markov es el tema de la convergencia, esto se refiere cuando el sistema llega a una distribución en equilibrio. Para una empresa estar en un estado estable le ofrecen muchos beneficios, como el de tener un estimado estable de la materia prima a utilizar, al igual que la producción estable resultante de ésta.

Así como es importante saber si un sistema es capaz de estabilizarse, también es necesario saber cuanto tiempo requerirá para ello, por eso en esta tesis se realizará un estudio a fondo sobre los temas de:

- Velocidad de convergencia.
- Aplicaciones donde se muestre utilidad a los métodos desarrollados.

En general, la investigación en el desarrollo de modelos para apoyar la toma de decisión de granjas porcinas están basados en la hipótesis de estado estable . Esto es recomendable por ejemplo en la evaluación y comparación de diferentes políticas productivas. Sin embargo este enfoque puede encontrar problemas para ser usados en condiciones de campo si las hipótesis del modelo cambian. El ganado está sujeto a gran variabilidad y esto puede afectar como llegar al estado estable o mantenerlo en casos reales. Por lo tanto, las etapas transitorias no pueden ser descuidadas dada la importancia de estas condiciones prácticas de campo, ya que la naturaleza entera del sistema hace que el equilibrio sea oscilante alrededor de la distribución estacionaria y que se vea perturbada por pequeños efectos temporales, en el peor de los casos la distribución estacionaria puede también cambiar.

La justificación de este estudio sobre el contexto de la producción porcina se debe a la necesidad de precisar la rapidez de convergencia de las políticas derivadas de un proceso estocástico de Markov, ya que si la convergencia fuera lenta, la implementación de dichas políticas en la práctica serían poco útiles debido a los cambios productivos esperables durante esa convergencia y que pudieran afectar a la optimalidad de dicha solución, por ejemplo el conflicto entre la solución óptima, su convergencia y su robustez en el tiempo.

Los objetivos de este trabajo comprenderán el estudio de una granja reproductora porcina donde se explicará a detalle su funcionamiento, trabajando con datos reales de una granja que ayudarán a obtener resultados más exactos. Gracias a esta información se podrá obtener la distribución en equilibrio de la granja porcina y se calculará el tiempo de convergencia, a través de la programación y simulación.

CAPÍTULO 2

CADENAS DE MARKOV FINITAS

Una cadena de Markov $(X_n)_{n=1}^{\infty}$, se define como un proceso estocástico cuyo espacio de estados es un conjunto discreto que cumple con la propiedad de Markov, es decir, si se conoce la historia del sistema hasta su instante actual, su estado presente resume toda la información relevante para describir en probabilidad su estado futuro. [10]

Esto sirve para representar un sistema que va modificando su estado conforme avanza en el tiempo, cada modificación en el sistema se le da el nombre de transición. Esto es cada vez que la matriz de transición es multiplicada por si misma.

Por ser un sistema estocástico, no se conocerá exactamente el estado del sistema en un instante determinado, sino por la probabilidad asociada a cada uno de los estados. Esto puede ser expresado en términos de probabilidad condicional:

$$P(X_t = j | X_t = i, X_{t-2} = s_{t-2}, X_{t-3} = s_{t-3}, \dots, X_0 = s_0) \quad (2.1)$$

Para el caso de una cadena de Markov de primer orden, se tiene la propiedad markoviana que se define a continuación:

$$P(X_t = j | X_t = i, X_{t-2} = s_{t-2}, X_{t-3} = s_{t-3}, \dots, X_0 = s_0) = P(X_t = j | X_{t-1} = i) = p_{ij}t \quad (2.2)$$

$p_{ij}t$ es la probabilidad de transición del estado i al estado j en una etapa t . Al ser una cadena de Markov de primer orden, las probabilidades de transición de i a j solo dependen del estado presente de i .

Donde i, j, s_t pertenecen al conjunto S de posibles estados del sistema. Se le llama cadena de Markov homogénea cuando las probabilidades de transición se mantienen en el tiempo de forma constante, es decir:

$$p_t(X_t = j | X_{t-1} = i) = P_{ij} \quad \forall t \in T \quad (2.3)$$

Los estados son una caracterización de la situación en que se halla el sistema en un instante dado, dicha caracterización puede ser tanto cuantitativa como cualitativa. Desde un punto de vista práctico probablemente, la mejor definición de qué debe entenderse por estado es la respuesta que se daría a la pregunta: “¿cómo están las cosas?”.

Se le llama cadena de Markov finita cuando existe un número finito k de estados posibles s_1, \dots, s_k y en cualquier instante de tiempo la cadena está en uno de estos k estados.

Una cadena de Markov está compuesta de 2 elementos, un vector de probabilidades inicial y su matriz de transición, las cuales se explicarán más a detalle.

2.1 MATRIZ DE TRANSICIÓN

Para el problema a plantear, solo se manejarán cadenas de Markov finitas, estas son representadas por medio de una matriz de probabilidades de transición que llamaremos P , que tiene las siguientes propiedades :

- La matriz debe ser cuadrada.
- Es una matriz estocástica.
- Si P y Q son matrices estocásticas, su producto también lo será.

Los elementos de la matriz estocástica consistirán en probabilidades de transición, para este trabajo dichos valores serán obtenidos a través del uso de datos reales de una granja porcina.

2.1.1 DISTRIBUCIÓN INICIAL

Para hacer el cálculo a la siguiente etapa del sistema, también es requerido tener una distribución inicial que representará la proporción de cada estado en el sistema, este cuenta con las siguientes propiedades:

- Debe tener el mismo número de componentes que el orden de la matriz de transición.
- Es un vector de probabilidad, entonces la suma de todos sus elementos debe ser igual a 1.
- Si llamamos X_n la distribución en la etapa n , entonces $X_n = P.X_{n-1} = \dots = P^n X_0$

2.1.2 CLASIFICACIÓN DE LOS ESTADOS

Si se desea clasificar una cadena de Markov, esto es en función del comportamiento o naturaleza de sus estados que se refiere a la comunicación de un estado con los demás, esto tiene el nombre de relación de equivalencia. Si un estado i tiene una probabilidad diferente de 0 de llegar a un estado j entonces se dice que j es accesible desde i y se representa de la siguiente forma: $i \rightarrow j$. Si los estados $i \rightarrow j$ y $j \rightarrow i$ significará que se comunican entre si y se denotará como: $i \leftrightarrow j$.

Otro concepto importante es el de un ciclo, que esto se puede definir como un camino cualquiera que conecta al estado i consigo mismo.

Con las definiciones anteriores dadas, la existencia de un circuito implica que todos los estados que lo forman estan comunicados. Es conveniente que todo estado este comunicado consigo mismo, ya que se puede acceder a él en cero transiciones, a esto se le llama circuito de longitud cero. Además de que existan otros circuitos de longitud mayor. Así como la relación de un estado con otro se le llama “relación de equivalencia”, a un conjunto de estados comunicados entre sí se le conoce como una clase de equivalencia. De esta manera, podemos clasificar en diversas clases los estados de una cadena de Markov.

A su vez, podemos definir la propiedad de clase siguiente para las clases de equivalencia que se hayan establecido:

- Una clase de equivalencia será recurrente si cuando el proceso llega a uno de los estados de clase, en las transiciones siguientes el proceso evoluciona siempre dentro de los estados de clase.
- Las clases de equivalencia que no sean recurrentes se les llamarán transitorias.

Estas clases no tienen gran interés en el estudio de las cadenas de Markov.

Para una clase recurrente se puede obtener el *periodo* de una clase que se calculará como el máximo común divisor de las longitudes finales de los ciclos que pueden encontrarse en esa clase. Tendremos entonces 2 tipos de clases recurrentes:

- *Clases cíclicas o periódicas*: aquellas que tengan un periodo de valor $p > 1$.
- *Clases acíclicas o aperiódicas*: aquellas que tengan un periodo de valor $p = 1$.

Si en alguna cadena de Markov se cuenta con mínimo un estado que pueda comunicarse consigo mismo en una longitud de 1, entonces la cadena siempre será aperiódica.

2.1.3 CLASIFICACIÓN DE LAS CADENAS DE MARKOV

A partir de la clasificación de los estados es posible clasificar las cadenas Markov en función de las clases de equivalencia que contengan:

1. *Cadenas sin estados transitorios*: si estas cadenas poseen más de una clase recurrente significa que hay más de una cadena yuxtapuesta, pero que no se interrelaciona unas con otras; por lo que se podrá estudiar de manera individual. De acuerdo con la existencia de periodos, las cadenas se pueden clasificar en:

- *Regulares*: cuando la clase es recurrente y acíclica.
- *Periódicas*: cuando la clase es recurrente y cíclica.

2. *Cadenas con estados transitorios*: en estas cadenas el proceso evoluciona hasta que queda atrapado en una clase recurrente, de las cuales existen:

- *Absorbentes*: cuando todas las clases recurrentes contienen un único elemento denominado estado absorbente, del cual una vez entrado a el no se podrá salir.
- *Semiregulares*: cuando coexiste más de una clase recurrente.
- *Policíclica*: cuando todas las clases recurrentes son periódicas.
- *Mixta*: cuando coexisten las clases recurrentes periódicas y aperiódicas.

2.2 PROBLEMA DEL REEMPLAZAMIENTO

En cualquier granja reproductora los animales que ahí se manejen no siempre darán su máxima productividad ya que su desempeño va siendo afectado conforme transcurra el tiempo y llegará el momento en el que tendrán que ser reemplazados, el problema consiste en saber cuando hacerlo, de ahí se origina el problema del reemplazamiento. Este tema es muy extenso y abarca también a nivel industrial pero en el caso de las granjas reproductoras tienen 3 puntos importantes que difieren de la industria [4]:

- *Uniformidad*: Se trata de un problema en el que los rasgos de un animal son difíciles de definir y medir. Además, la varianza de cada rasgo es relativamente grande.
- *Ciclo reproductivo*: La producción de un animal es cíclica y se necesita decidir en que ciclo reemplazar así como saber en que etapa del ciclo.

- *Disponibilidad:* Por lo general, hay una cantidad limitada de reemplazos. Esto es particularmente el caso cuando el agricultor sólo utiliza animales criados en la granja, pero también se pueden comprar en el mercado.

Hasta ahora ningún modelo de reemplazamiento ha incorporado información en lo que respecta al estado de salud de las cerdas. Esto es probablemente dado a las dificultades en observar y registrar variables representando el estado de salud, tales como signos clínicos y anomalías físicas y de comportamiento, en una sistemática y operacional manera. Sin embargo, la incorporación de indicadores de salud en modelos de reemplazamiento de cerdas parecen ser cruciales desde que un pobre estado de salud (definido como la ocurrencia de signos clínicos y/o la presencia de anomalías físicas o de comportamiento) tienen un gran impacto en la producción de granjas de cerdas jugando así un rol importante en la viabilidad económica de las granjas de cerdas. Por otra parte, un estado de salud pobre puede ocasionar un fracaso al momento de concebir, aborto y un incremento en la mortalidad de las cerdas los cuales aumentan los costos de producción y por lo tanto reduce el margen de ganancia. Un estado de salud pobre es no solo considerado como un problema económico, sino también como un significativo problema del bienestar animal. Del año 2000 al 2007 la mortalidad promedio anual de cerdas en Dinamarca se incrementaron del 11 % al 15 %. Lidiando con el aumento de mortalidad entre las cerdas, por lo tanto dando gran prioridad en la investigación Danesa de ganado. Por otra parte, políticas de reemplazamiento óptimas incorporando aspectos de salud en animales ser están convirtiendo cada vez más importantes en la producción moderna de cerdas.

CAPÍTULO 3

CONVERGENCIA

Otro aspecto interesante en las cadenas de Markov es que después de varias transiciones, para ciertos problemas, las probabilidades de entrar a algún estado convergen a valores particulares.

Existen tipos de cadenas de Markov que tienen relación con el comportamiento a largo plazo del sistema, los cuales son los siguientes:

1. *Cadenas ergódicas*: en ellas todos los estados se dan a largo plazo y las probabilidades estables de los diferentes estados son independientes de la distribución inicial.
2. *Cadenas no ergódicas*: en este tipo el comportamiento a largo plazo del sistema depende de la situación inicial, de igual manera las probabilidades estacionarias.
3. *Cadenas semi-ergódicas*: en este tipo de cadenas habrá estados transitorios que a largo plazo desaparecerán y, por tanto, sólo aparecerán mientras el sistema no haya alcanzado su régimen permanente. Cuando se haya logrado esto último, el comportamiento de la cadena no varía del caso ergódico.

Un método para determinar las condiciones de una cadena de Markov después de un largo lapso de tiempo, es por medio de la *simulación* que es el proceso de

diseñar un modelo de un sistema real y llevar a término experiencias con él, con la finalidad de comprender el comportamiento del sistema o evaluar nuevas estrategias (dentro de los límites impuestos por un cierto criterio o conjunto de ellos) para el funcionamiento del sistema. Esto será de gran ayuda para el desarrollo de este trabajo.

3.1 χ^2 COMO UNA MEDIDA DE DISTANCIA

Cuando nuestra matriz de transición haya pasado por un número t de transiciones, querremos medir que tan lejos este de la distribución en equilibrio, una forma de verificarlo es utilizando una distancia de chi cuadrada (χ^2) que mide la distancia entre dos frecuencias. En nuestro caso las frecuencias serán los valores de la distribución en la etapa t y la distribución en equilibrio.

El cálculo de la chi cuadrada se hace de la siguiente manera:

$$\frac{(\text{Distribución en la etapa } t - \text{Distribución en equilibrio})^2}{\text{Distribución en equilibrio}} \quad (3.1)$$

Esto se hará para cada etapa t en cada elemento de los vectores, y al final se sumarán. La fórmula quedaría de la siguiente forma:

$$\chi^2 = \sum_{i=1}^n (X_i - \pi_i)^2 / \pi_i \quad (3.2)$$

donde X_i es el componente i de la distribución en una etapa t y π_i es el componente i de la distribución en equilibrio.

Propiedades de las distancias:

- Son sumas de n números no negativos.
- Cuanto más cerca estén entre sí ambos valores a más pequeño será el numerador, y viceversa.

Las ideas anteriores sugieren que, cuanto menor sean el valor, como con cualquier distancia χ^2 , más próximas serán las observaciones obtenidas con los valores en equilibrio. Por el contrario, valores grandes de este χ^2 indicarán alejamiento entre las frecuencias. Esta medida de distancia podrá ser usada para medir la convergencia para el cálculo analítico así como el simulado de la convergencia de este trabajo.

CAPÍTULO 4

PROCESOS SEMI-MARKOVIANOS

Un proceso semi-markoviano, es un proceso estocástico con espacio de estados discreto, cuyas transiciones entre estados forman una cadena de Markov embebida, con la diferencia de que los tiempos entre transiciones son variables aleatorias.[3]

4.1 CADENAS DE MARKOV EN TIEMPO CONTINUO

Son un proceso estocástico $\{X(t) : t \geq 0\}$ que satisface la propiedad markoviana y toma valores de un conjunto llamado espacio de estados, esta la versión continua de una cadena de Markov.

La diferencia entre una cadena de Markov, es que en lugar de transicionar de un estado a otro cada cierto tiempo, el sistema permanecerá en el estado actual durante un tiempo de forma aleatoria (generalmente con distribución exponencial de media $1/\nu_i$) y entonces pasa a un estado diferente. El proceso esta caracterizado por sus tasas de transición q_{ij} entre los estados i y j . Donde:

$$q_{ij} = \nu_i p_{ij} \quad \text{para } j \neq i \tag{4.1}$$

Nótese que q_{ij} únicamente determina la tasa del tiempo de permanencia ν_i y

las probabilidades de transición de un paso p_{ij} por $\nu_i = \sum_{j \neq i} q_{ij}$ y $p_{ij} = q_{ij}/\nu_i$.

Dejemos que $X(t)$ ser una variable aleatoria describiendo el estado del proceso a un tiempo t , y asuma que el proceso esta en un estado i al tiempo t . q_{ij} para $i \neq j$ mide que tan rápido $i \rightarrow j$. Precisamente, despues de una pequeña cantidad de tiempo Δt , la probabilidad de que el estado sea ahora j es dado por:

$$Pr(X(t + \Delta t) = j | X(t) = i) = q_{ij}\Delta t + o(\Delta t), \quad i \neq j, \quad (4.2)$$

donde $o(\Delta t)$ representa una cantidad que tiende a cero, más rápido que Δt tiende a cero. Por lo tanto, es un intervalo de tiempo suficientemente pequeño, la probabilidad de una transición particular entre diferentes estados es aproximadamente proporcional a la duración de ese intervalo. Se le dicen a q_{ij} tasas de transición porque si tenemos un conjunto grande de n sistemas en el estado i , cambiará al estado j a una tasa promedio de nq_{ij} hasta que n se reduzca.

Las tasas de transición q_{ij} son dadas por el ij -ésimo elemento de la matriz Q , conocida como la *matriz de intensidad*. Mientras esa matriz contenga tasas, la tasa de ir de un estado y llegar a otro debe ser positiva, y la tasa de que un sistema permanezca en el mismo estado debe ser negativo. Las tasas para un determinado estado deben sumar cero, con los elementos diagonales siendo:

$$q_{ii} = - \sum_{j \neq i} q_{ij} \quad (4.3)$$

Con esta notación y haciendo $p_t = Pr(X(t) = j)$, la evolución de una cadena de Markov de tiempo continuo es dado por la ecuación diferencial de primer orden:

$$\frac{\partial}{\partial t} p_t = p_t Q \quad (4.4)$$

La probabilidad de que no ocurran transiciones en un tiempo r es:

$$Pr(X(s) = i \forall s \in (t, t + r) | X(t) = i) = e^{q_{ii}r} \quad (4.5)$$

Esto es, la distribución de probabilidad del tiempo de espera hasta la primera transición es una distribución exponencial con una tasa de parámetro $-q_{ii}$, los procesos de Markov de tiempo continuo son así procesos sin memoria.

4.2 CADENA DE MARKOV EMBEBIDA

La duración de las etapas pueden ser divididas en 2 categorías, una es usando aleatorias como se explicó en la sección anterior, y con constantes.

Dada una cadena de Markov de tiempo continuo, donde el proceso deja el estado i después de un tiempo exponencialmente distribuido con media $1/\nu_i$ y luego pasa a otro estado j ($j \neq i$) con probabilidad p_{ij} . Dejando que X_n denote el estado del proceso justo después de la n -ésima transición, el proceso estocástico $\{X_n\}$ es una cadena de Markov embebida de transición de un paso con probabilidad p_{ij} .

CAPÍTULO 5

EL SISTEMA PRODUCTIVO DE UNA GRANJA REPRODUCTORA PORCINA

5.1 DESCRIPCIÓN DEL SISTEMA REAL

En la granja reproductora porcina a analizar, existen 3 tipos de cerdos: los lechones, verracos y las cerdas reproductoras; donde estas ultimas son las que determinan el producción de los lechones de la granja y será el objetivo a estudiar. Las cerdas reproductoras pasan por diferentes etapas en su ciclo de vida en la granja, que son las siguientes:

Inseminación: Como lo dice el nombre, esta es la etapa donde se insemina artificialmente a las cerdas indica el inicio del ciclo. Esta etapa tiene una duración de 1 semana. Las granjas con 100% de inseminación no precisan verracos.

Gestación: En esta etapa es donde se desarrollan las crias en el vientre de la cerda, pasando la semana de inseminación se le hace un chequeo para saber si realmente quedó preñada, de no ser así se le dará una segunda repetición en la inseminación en el cual se esperarán 3 semanas, de no pasar se le dará una tercer y ultima inseminación de igual duración en el cual si falla la cerda será remplazada, las probabilidades de estar preñada en los 3 intentos va variando conforme la cerda

va repitiendo ciclos. Al tener éxito en cualquiera de los 3 intentos le seguirán otras 16 semanas de gestación. En esta etapa se tomará en cuenta una probabilidad de aborto. Si llega a ocurrir un aborto se hará un reemplazo.

Lactación: En este periodo es donde las crías nacen y están al cuidado de su madre durante 4 semanas, en esta etapa existe una probabilidad de que la cerda muera, si llega a ocurrir eso la cerda se reemplaza también.

Para esta granja las cerdas durarán como un máximo de 8 ciclos reproductivos, una vez cumplidos se reemplazarán. Cabe destacar que los reemplazos serán obtenidos de una fuente externa, por lo cual siempre existirá la misma cantidad de cerdas en el sistema, la única diferencia será su distribución a través del mismo.

5.2 MODELADO DEL SISTEMA

5.2.1 SISTEMA SIMPLIFICADO: CADENA DE MARKOV

Para este ejemplo de granja reproductora porcina en la que se realizará este estudio se englobarán todas las etapas de cada ciclo reproductivo de la cerda de la granja en un solo estado, estados de los cuales se realizará una matriz de transición que lo represente, primero se definirá la matriz de transición de una forma simple tomando solo 3 ciclos:

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

Tabla 5.1: Matriz de transición de 3 ciclos del sistema simplificado

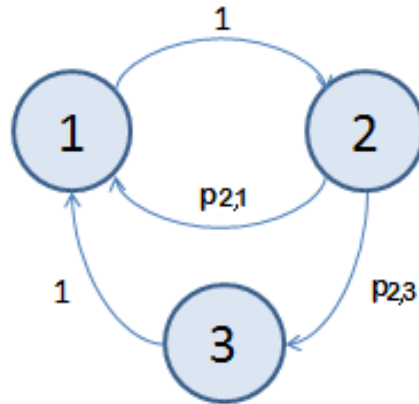


Figura 5.1: Diagrama que representa la matriz de transición de 3 ciclos del sistema simplificado

Donde p_{23} representa la probabilidad de pasar del estado n al estado $n + 1$, en este caso, del estado 2 al 3. Las cerdas que no pasen al siguiente ciclo serán reemplazadas por otras. En este ejemplo la matriz de transición tiene una dimensión de $n = 3$ que quiere decir que cuenta con 3 ciclos, pero como para nuestro sistema se manejarán 8 ciclos, obtendríamos lo siguiente:

$$\begin{pmatrix}
 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\
 p_{2,1} & 0 & p_{2,3} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\
 p_{3,1} & 0 & 0 & p_{3,4} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\
 p_{4,1} & 0 & 0 & 0 & p_{4,5} & 0 & 0 & 0 & 0 \\
 p_{5,1} & 0 & 0 & 0 & 0 & p_{5,6} & 0 & 0 & 0 \\
 p_{6,1} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & p_{6,7} & 0 & 0 \\
 p_{7,1} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & p_{7,8} \\
 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0
 \end{pmatrix}$$

Tabla 5.2: Matriz de transición de 8 ciclos del sistema simplificado

Se puede apreciar que si una cerda al llegar a su ultimo estado, al cumplir con todos sus ciclos será inmediatamente remplazada. Previamente para pasar de ciclo a ciclo se han considerado la posibilidad de que parte de los animales causen baja y no prosigan su vida productiva dentro del sistema y también sean remplazados. También cabe destacar que para este modelo se desprecia tanto la tasa de concepción así como la de aborto, solo será tomada en cuenta cuando la cerda sea de baja por otros factores, englobado como la tasa de baja.

Para el estudio de este sistema, se utilizarán diversas distribuciones iniciales, las cuales son las que se muestran a continuación:

u_1 : Cuando todas las cerdas están distribuidas en el ciclo 1.

u_2 : Cuando todas las cerdas están distribuidas entre los ciclos 1 y 2.

u_3 : Cuando todas las cerdas están distribuidas entre los ciclos 1, 2 y 3.

u_4 : Cuando todas las cerdas están distribuidas entre los ciclos 1, 2, 3 y 4.

u_5 : Cuando todas las cerdas están distribuidas entre los ciclos 1, 2, 3, 4 y 5.

u_6 : Cuando todas las cerdas están distribuidas entre los ciclos 1, 2, 3, 4, 5 y 6.

u_7 : Cuando todas las cerdas están distribuidas entre los ciclos 1, 2, 3, 4, 5, 6 y 7.

u_8 : Cuando todas las cerdas están distribuidas entre los ciclos 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 y 8.

5.2.2 SISTEMA COMPLEJO: CADENA EMBEBIDA

Ahora, para lograr que el sistema se vuelva mas completo y exacto los ciclos deben ser divididos en las etapas que los conforman y por consiguiente la matriz de transición aumentará su tamaño. Como se mencionó anteriormente, el ciclo reproductivo de una cerda reproductora consta de 3 etapas básicas que son inseminación, gestación y lactación que representarían un estado cada una, mas aparte se agregarán 2 estados más de inseminación representando 2 repeticiones extras que se harán en

caso de no preñarse dando un total de 5 estados por ciclo.

$$\begin{pmatrix} 0 & p_{1,2} & 0 & p_{1,4} & 0 \\ 0 & 0 & p_{2,3} & p_{2,4} & 0 \\ p_{3,1} & 0 & 0 & p_{3,4} & 0 \\ p_{4,1} & 0 & 0 & 0 & p_{4,5} \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}$$

Tabla 5.3: Matriz de transición de 1 ciclo del sistema complejo

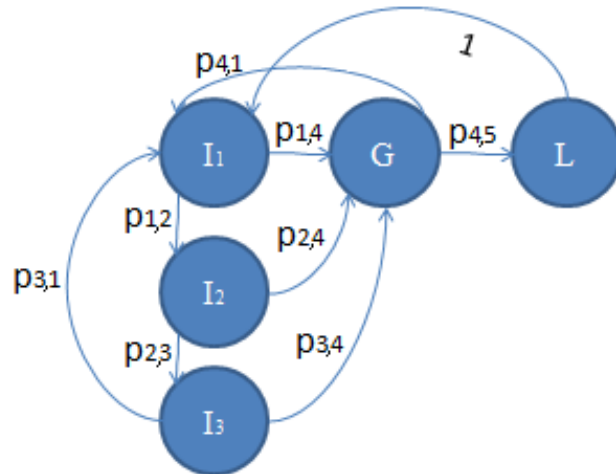


Figura 5.2: Diagrama que representa la matriz de transición del sistema complejo en 1 ciclo

Otro punto importante en este sistema es que el tiempo de transición no permanecerá homogéneo entre cada estado de modo que se trata de un proceso semi-markoviano y esta matriz de transición sera la cadena embebida a la cual se le agregarán los tiempos más tarde.

Así como en el sistema simplificado, se manejarán distintas distribuciones ini-

ciales:

U_0 : Cuando todas las cerdas están distribuidas en el primer estado. (inseminación)

U_1 : Cuando todas las cerdas están distribuidas entre los estados del ciclo 1.

U_2 : Cuando todas las cerdas están distribuidas entre los estados del ciclo 1 y 2.

U_3 : Cuando todas las cerdas están distribuidas entre los estados del ciclo 1, 2 y 3.

U_4 : Cuando todas las cerdas están distribuidas entre los estados del ciclo 1, 2, 3 y 4.

U_5 : Cuando todas las cerdas están distribuidas entre los estados del ciclo 1, 2, 3, 4 y 5.

U_6 : Cuando todas las cerdas están distribuidas entre los estados del ciclo 1, 2, 3, 4, 5 y 6.

U_7 : Cuando todas las cerdas están distribuidas entre los estados del ciclo 1, 2, 3, 4, 5, 6 y 7.

U_8 : Cuando todas las cerdas están distribuidas entre los estados del ciclo 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 y 8.

CAPÍTULO 6

DATOS DISPONIBLES

6.1 FORMATO V.S.I.

Para determinar en ambos sistemas las probabilidades de transición a cada estado se necesita la información de un granja real, que incluya los datos necesarios para calcular estas 3 tasas de interés:

- *Tasa de concepción.*
- *Tasa de aborto.*
- *Tasa de baja.*

El formato del Vector Estandar de Información (o V.S.I. de sus siglas en inglés) fue diseñado para obtener la información técnica esencial de las granjas reproductoras, así como para intercambiar la información entre diferentes sistemas de información. Estas granjas utilizan diversos softwares comerciales, cada uno con su propio sistema para obtener los datos.

La antigüedad de este formato es de más de 20 años atrás y proviene de una granja porcina española perteneciente al BDporc el cual es un servicio destinado al sector porcino de España, el cual uno de sus objetivos fundamentales es proporcionar información de referencia a las empresas de producción porcina como elemento de ayuda en la toma de decisiones.

Tal formato está compuesto de una serie de números de forma ordenada y cada uno con su respectivo significado; consta de 2 tipos de registro, uno es su registro de alta y su registro reproductivo. Un cerdo siempre constará de solo un registro de alta y entre cero y diez registros reproductivos, cada uno de ellos representando un ciclo reproductivo en la granja. Se explicará más a detalle los componentes de cada registro:

6.1.1 ALTAS

Número de granja: Este campo abarca 5 dígitos.

Animal: Es un campo de 6 dígitos, distribuidos en:

- **Número del animal:** Compuesto de 4 dígitos.
- **Año:** Última cifra del año de la fecha de nacimiento (1 dígito)
- **Orden:** En el caso de que un número de animal se repitiera el número de orden sería diferente, sino se pondría el 0 (1 dígito).

Número de ciclo: Indica en que ciclo reproductivo se encuentra el animal en el momento de alta, normalmente es 00 (2 dígitos) por estar ingresando al sistema.

Sexo del animal: Número compuesto de 1 dígito, 1 si es hembra y 2 si es macho.

Raza: Campo de 2 dígitos que indica la raza del padre y la madre del reproductor en ese orden, este dato no tiene relevancia para este estudio.

Fecha de nacimiento: Campo de 6 dígitos para la fecha de nacimiento en formato (DDMMAA).

Origen: Campo de 5 dígitos alfanuméricos para indicar la granja de origen del animal.

Fecha de entrada en la explotación: Son 6 dígitos numéricos para la fecha de entrada en la explotación.

Baja: Este campo tiene de 1 dígito indica cuando el animal esta de baja con 1 y activo con 0.

Fecha de baja: Este campo de 6 dígitos numéricos indica la fecha de baja (DD-MMAA).

Razón de baja: Este campo numérico de 2 dígitos indica el motivo de la baja, para este estudio no afecta que motivo tenga la baja.

6.1.2 REPRODUCTIVOS

Número de granja: Este campo abarca 5 dígitos.

Animal: Es un campo de 6 dígitos, distribuidos de la misma forma que en los registros de altas.

Número de ciclo: Indica en que ciclo reproductivo se encuentra el animal en el momento de alta, consta de 2 dígitos.

Número de repeticiones: Son las repeticiones que se han realizado en un mismo ciclo, es un campo de 1 dígito, donde puede haber de 1 a 5 repeticiones.

Fecha de cubrición: Son 5 campos numéricos donde abarca las fechas de las posibles 5 cubriciones, cada campo con una longitud de 6 dígitos en el mismo formato DDMMAA.

Número de macho: Son 5 campos alfanuméricos para la identificación del macho y cada uno corresponde con la fecha de cubrición, cada campo es de 6 dígitos.

Tipo de cubrición: Consiste de 5 campos de 1 dígito cada uno donde se marca el tipo de cubrición, el tipo de cubrición empleado no tiene relevancia para este estudio.

Fecha de parto: Es un campo de 6 dígitos numéricos que contiene la fecha de parto

(DDMMAA).

Tipo de parto: Campo de 1 dígito donde 0 indica parto normal y 1 indica aborto.

Número de lechones nacidos vivos: Este campo consta de 2 dígitos numéricos.

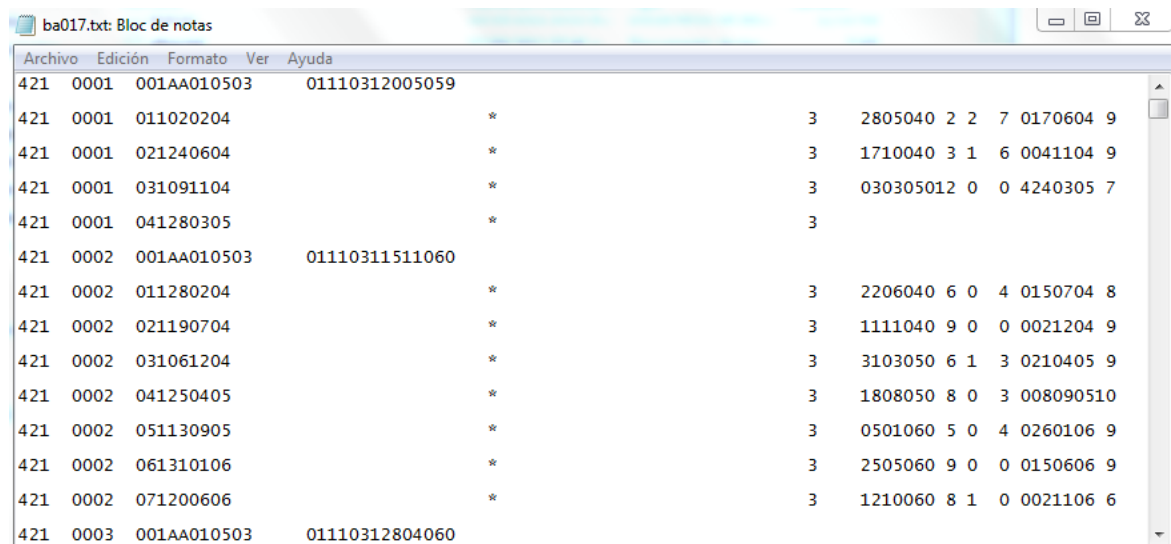
Número de lechones nacidos muertos: Este campo consta de 2 dígitos numéricos.

Número de lechones adoptados: Este campo consta de 2 dígitos numéricos.

Número de lechones retirados: Este campo consta de 2 dígitos numéricos.

Fecha del destete: Campo de 6 dígitos numéricos de formato DDMMAA.

Número de lechones destetados: Este campo consta de 2 dígitos numéricos.



The screenshot shows a Notepad window titled 'ba017.txt: Bloc de notas'. The window contains a list of records, each with a unique identifier and various numerical fields. The records are as follows:

Line	Code	Format	Value	Star	Count	Field 1	Field 2	Field 3	Field 4	Field 5	Field 6
421	0001	001AA010503	01110312005059								
421	0001	011020204		*	3	2805040	2	2	7	0170604	9
421	0001	021240604		*	3	1710040	3	1	6	0041104	9
421	0001	031091104		*	3	030305012	0	0	0	4240305	7
421	0001	041280305		*	3						
421	0002	001AA010503	01110311511060								
421	0002	011280204		*	3	2206040	6	0	4	0150704	8
421	0002	021190704		*	3	1111040	9	0	0	0021204	9
421	0002	031061204		*	3	3103050	6	1	3	0210405	9
421	0002	041250405		*	3	1808050	8	0	3	008090510	
421	0002	051130905		*	3	0501060	5	0	4	0260106	9
421	0002	061310106		*	3	2505060	9	0	0	0150606	9
421	0002	071200606		*	3	1210060	8	1	0	0021106	6
421	0003	001AA010503	01110312804060								

Figura 6.1: Muestra de algunos registros del formato V.S.I.

CAPÍTULO 7

METODOLOGÍA

Para poner en práctica los modelos previamente explicados hacen falta definir las probabilidades de transición de un estado a otro, esta información es obtenida a través de los registros del formato V.S.I. previamente explicados. Estas probabilidades de transición son las tasas de concepción, baja y aborto. Dichas tasas se obtienen de las siguientes fórmulas:

$$Tasa\ de\ Concepción = \frac{Número\ de\ partos}{Total\ de\ cerdas\ inseminadas} \quad (7.1)$$

$$Tasa\ de\ Baja = \frac{Número\ de\ bajas}{Población} \quad (7.2)$$

$$Tasa\ de\ Aborto = \frac{Número\ de\ abortos}{Número\ de\ abortos + Número\ de\ partos} \quad (7.3)$$

El código desarrollado se escribió en el lenguaje de programación R [9] el cual es un software libre, con un entorno de programación para el análisis estadístico y gráfico, dicho software es de los más utilizados por la comunidad estadística. La información de los registros se extrajo mediante este código y así poder calcular las fórmulas, cabe mencionar que en el formato V.S.I. no se tomaron en cuenta los registros de cerdos machos ya que este estudio es en base unicamente de las cerdas reproductoras.

Empezando con el cálculo de la tasa de concepción, se separaron las cantidades según el ciclo que se encontraban y la cantidad de cerdas inseminadas en las repeticiones que se realizaron en cada ciclo ya que la concepción va variando conforme la cerda vaya avanzando ciclos reproductivos y se vayan aplicando repeticiones, también se tomaron en cuenta solamente los registros del año 2000 al 2007 para evitar pérdidas de información en los primeros y últimos registros.

Ciclo	Repeticiones		
	1	2	3
1	8812	1399	224
2	7362	807	112
3	6534	417	47
4	6064	372	35
5	5850	330	31
6	5271	277	17
7	4073	159	12
8	1271	51	0
9	212	3	0
10	0	0	0

Tabla 7.1: Cerdas totales inseminadas en las repeticiones de cada ciclo

Ciclo	Repeticiones		
	1	2	3
1	6859	856	116
2	6212	545	62
3	5934	286	25
4	5742	289	20
5	5375	226	13
6	4828	189	10
7	3543	98	4
8	1072	32	0
9	178	0	0
10	0	0	0

Tabla 7.2: Partos logrados en las repeticiones de cada ciclo

Ya aplicando la fórmula se obtienen las tasas de concepción:

Ciclo	Repeticiones		
	1	2	3
1	0.778	0.611	0.517
2	0.843	0.675	0.553
3	0.908	0.685	0.531
4	0.946	0.776	0.571
5	0.918	0.684	0.419
6	0.915	0.682	0.588
7	0.869	0.616	0.333
8	0.843	0.627	0
9	0.839	0	0

Tabla 7.3: Tasas de concepción por ciclo y repeticiones

Para obtener las tasas de baja y aborto no es necesario hacerlas por ciclos o repeticiones, así que se calcularán primero por año y después se promediarán.

Primero con la tasa de baja:

Para las bajas se excluyeron las cerdas que entraron al sistema y no tuvieron ningún ciclo reproductivo dentro de la granja, ya que esto podría afectar la precisión de los cálculos.

Año	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007
Bajas	930	1272	1252	1100	1210	976	864	1181

Tabla 7.4: Cantidad de bajas por año

Para la población, se tomó en cuenta la proporción de cada cerda durante cada año (*Número de días/365*) basándose desde la fecha de ingreso a la explotación hasta la fecha de baja.

Año	Población
2000	4866
2001	4956
2002	5090
2003	5025
2004	4886
2005	4900
2006	4914
2007	4274

Tabla 7.5: Población de cerdas por año

Ya con eso se calculan las tasas de baja en cada año:

Año	Tasas baja
2000	0.191
2001	0.256
2002	0.245
2003	0.218
2004	0.247
2005	0.199
2006	0.175
2007	0.276

Tabla 7.6: Tasas de baja por año

Tasa de baja promedio = 0.225

Ahora para la tasa de abortos los únicos datos que faltan para hacer el cálculo son la cantidad de abortos por año:

Año	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007
Abortos	11	25	10	35	40	34	21	60

Tabla 7.7: Abortos por año

Aplicando la fórmula se obtienen las tasas por año:

Años	Tasa Aborto
2000	0.015
2001	0.024
2002	0.007
2003	0.036
2004	0.039
2005	0.032
2006	0.024
2007	0.056

Tabla 7.8: Tasa de aborto por año

Tasa de aborto promedio = 0.029

7.1 DISTRIBUCIÓN EN EQUILIBRIO (II)

Cada vez que una matriz de transición es elevada a la n -ésima potencia se definen las probabilidades en n transiciones y de esa forma empírica es posible hacer una aproximación al estudio de las probabilidades estacionarias a la espera de lo que ocurre si se calculan potencias elevadas de algunas matrices P . En algunos casos el comportamiento del sistema quizás se estabilice, en el sentido de que el sistema pasará por cada uno de los estados con una frecuencia regular, esto es, independiente del número de transiciones transcurridas; estas probabilidades determinan la distribución en equilibrio y se entiende como el comportamiento de una cadena de Markov a largo plazo. Con la propiedad de que:

$$\Pi.P = \Pi \tag{7.4}$$

Donde Π es la distribución en equilibrio; para este estudio, más que una pro-

babilidad, este vector también representa la población de cerdas en cada estado del sistema y al llegar a un equilibrio, la proporción de la población no cambiará.

7.1.1 Π EN EL SISTEMA SIMPLIFICADO

$$P = \begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 \\ p_{2,1} & 0 & p_{2,3} \\ 1 & 0 & 0 \end{pmatrix}$$

Tabla 7.9: Matriz de transición para el caso de 3 ciclos del sistema simplificado

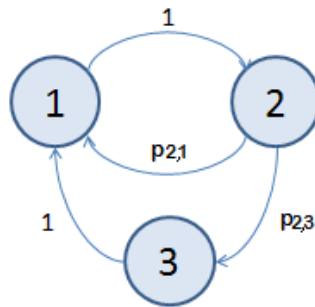


Figura 7.1: Caso para 3 ciclos del sistema simplificado

Considerando X_i como el número de cerdas en el estado i , se establece el siguiente sistema de ecuaciones lineales que representa la dinámica de la población, es decir, el paso de cerdas de un estado a otro tomando en cuenta la ecuación de equilibrio $P\Pi = \Pi$:

$$X_2 = X_1$$

$$X_3 = p_{2,3}X_2$$

$$X_1 = p_{2,1}X_2 + X_3$$

Método inductivo

Ahora tomando en cuenta la propiedad de que la suma de los componentes de Π es igual a 1 ($\sum_{i=1}^n \pi_i = 1$); con base al sistema de ecuaciones previamente mostrado se obtiene que:

$$\pi_1 = \pi_2 = \frac{X_2}{X_1+X_2+X_3} \quad , \quad \pi_3 = \frac{X_3}{X_1+X_2+X_3}$$

Haciendo algunas sustituciones se obtiene que...

$$\pi_1 = \pi_2 = \frac{X_2}{X_2+X_2+p_{2,3}X_2} = \frac{\cancel{X_2}}{\cancel{X_2}(1+1+p_{2,3})} = \frac{1}{p_{2,3}+2}$$

$$\pi_3 = \frac{X_3}{X_1+X_2+X_3} = \frac{p_{2,3}X_2}{X_2+X_2+p_{2,3}X_2} = \frac{\cancel{p_{2,3}X_2}}{\cancel{X_2}(1+1+p_{2,3})} = \frac{p_{2,3}}{p_{2,3}+2}$$

$$\Pi = \left(\frac{1}{p_{2,3}+2} , \frac{1}{p_{2,3}+2} , \frac{p_{2,3}}{p_{2,3}+2} \right)$$

Ahora basandose en lo anterior, se definen los valores de la distribución en equilibrio para una matriz de $n = 4$

$$P = \begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 & 0 \\ p_{2,1} & 0 & p_{2,3} & 0 \\ p_{3,1} & 0 & 0 & p_{3,4} \\ 1 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}$$

Tabla 7.10: Matriz de transición para el caso de 4 ciclos del sistema simplificado

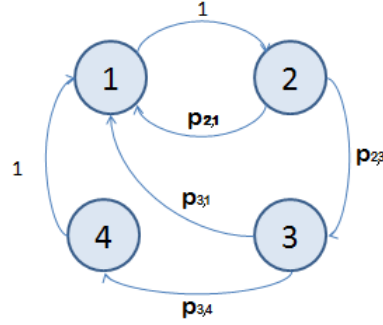


Figura 7.2: Caso para 4 ciclos del sistema simplificado

$$X_2 = X_1$$

$$X_3 = p_{2,3}X_2$$

$$X_4 = p_{3,4}X_3$$

$$X_1 = p_{2,1}X_2 + p_{3,1}X_3 + X_4$$

$$\begin{aligned} \pi_1 = \pi_2 &= \frac{X_2}{X_1 + X_2 + X_3 + X_4} = \frac{X_2}{X_2 + X_2 + p_{2,3}X_2 + p_{3,4}X_3} = \frac{X_2}{X_2 + X_2 + p_{2,3}X_2 + p_{3,4}p_{2,3}X_2} \\ &= \frac{\cancel{X_2}(1+1+p_{2,3}+p_{2,3}p_{3,4})}{\cancel{X_2}(1+1+p_{2,3}+p_{2,3}p_{3,4})} = \frac{1}{p_{2,3}+p_{2,3}p_{3,4}+2} \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \pi_3 &= \frac{X_3}{X_1 + X_2 + X_3 + X_4} = \frac{p_{2,3}X_2}{X_2 + X_2 + p_{2,3}X_2 + p_{3,4}X_3} = \frac{p_{2,3}X_2}{X_2 + X_2 + p_{2,3}X_2 + p_{3,4}p_{2,3}X_2} \\ &= \frac{p_{2,3}\cancel{X_2}}{\cancel{X_2}(1+1+p_{2,3}+p_{2,3}p_{3,4})} = \frac{p_{2,3}}{p_{2,3}+p_{2,3}p_{3,4}+2} \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \pi_4 &= \frac{X_4}{X_1 + X_2 + X_3 + X_4} = \frac{p_{3,4}X_3}{X_2 + X_2 + p_{2,3}X_2 + p_{3,4}X_3} = \frac{p_{3,4}p_{2,3}X_2}{X_2 + X_2 + p_{2,3}X_2 + p_{3,4}p_{2,3}X_2} \\ &= \frac{p_{2,3}p_{3,4}\cancel{X_2}}{\cancel{X_2}(1+1+p_{2,3}+p_{2,3}p_{3,4})} = \frac{p_{2,3}p_{3,4}}{p_{2,3}+p_{2,3}p_{3,4}+2} \end{aligned}$$

$$\Pi = \left(\frac{1}{p_{2,3}+p_{2,3}p_{3,4}+2}, \frac{1}{p_{2,3}+p_{2,3}p_{3,4}+2}, \frac{p_{2,3}}{p_{2,3}+p_{2,3}p_{3,4}+2}, \frac{p_{2,3}p_{3,4}}{p_{2,3}+p_{2,3}p_{3,4}+2} \right)$$

Ahora para $n = 5$:

$$P = \begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ p_{2,1} & 0 & p_{2,3} & 0 & 0 \\ p_{3,1} & 0 & 0 & p_{3,4} & 0 \\ p_{4,1} & 0 & 0 & 0 & p_{4,5} \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}$$

Tabla 7.11: Matriz de transición para el caso de 5 ciclos del sistema simplificado

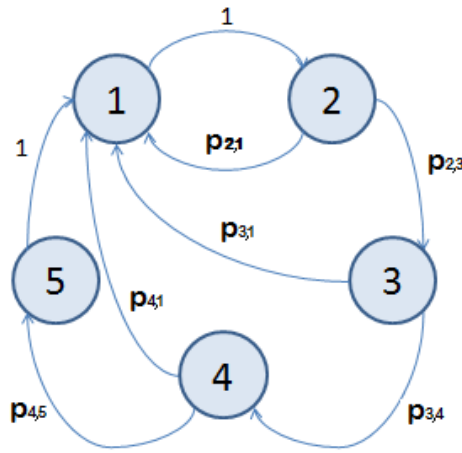


Figura 7.3: Caso para 5 ciclos del sistema simplificado

$$X_2 = X_1$$

$$X_3 = p_{2,3}X_2$$

$$X_4 = p_{3,4}X_3$$

$$X_5 = p_{4,5}X_4$$

$$X_1 = p_{2,1}X_2 + p_{3,1}X_3 + p_{4,1}X_4 + X_5$$

$$\begin{aligned} \pi_1 = \pi_2 &= \frac{X_2}{X_1 + X_2 + X_3 + X_4 + X_5} = \frac{X_2}{X_2 + X_2 + p_{2,3}X_2 + p_{3,4}X_3 + p_{4,5}X_4} = \frac{X_2}{X_2 + X_2 + p_{2,3}X_2 + p_{3,4}p_{2,3}X_2 + p_{4,5}p_{3,4}X_3} \\ &= \frac{X_2}{X_2 + X_2 + p_{2,3}X_2 + p_{3,4}p_{2,3}X_2 + p_{4,5}p_{3,4}p_{2,3}X_2} = \frac{X_2}{X_2(1 + 1 + p_{2,3} + p_{2,3}p_{3,4} + p_{2,3}p_{3,4}p_{4,5})} = \frac{1}{p_{2,3} + p_{2,3}p_{3,4} + p_{2,3}p_{3,4}p_{4,5} + 2} \end{aligned}$$

$$\pi_3 = \frac{X_3}{X_1 + X_2 + X_3 + X_4 + X_5} = \frac{p_{2,3}X_2}{X_2 + X_2 + p_{2,3}X_2 + p_{3,4}X_3 + p_{4,5}X_4} = \frac{p_{2,3}X_2}{X_2 + X_2 + p_{2,3}X_2 + p_{3,4}p_{2,3}X_2 + p_{4,5}p_{3,4}X_3}$$

$$= \frac{p_{2,3}X_2}{X_2+X_2+p_{2,3}X_2+p_{3,4}p_{2,3}X_2+p_{4,5}p_{3,4}p_{2,3}X_2} = \frac{p_{2,3}\cancel{X_2}}{\cancel{X_2}(1+1+p_{2,3}+p_{2,3}p_{3,4}+p_{2,3}p_{3,4}p_{4,5})} = \frac{p_{2,3}}{p_{2,3}+p_{2,3}p_{3,4}+p_{2,3}p_{3,4}p_{4,5}+2}$$

$$\begin{aligned} \pi_4 &= \frac{X_4}{X_1+X_2+X_3+X_4+X_5} = \frac{p_{3,4}X_3}{X_2+X_2+p_{2,3}X_2+p_{3,4}X_3+p_{4,5}X_4} = \frac{p_{3,4}p_{2,3}X_2}{X_2+X_2+p_{2,3}X_2+p_{3,4}p_{2,3}X_2+p_{4,5}p_{3,4}X_3} \\ &= \frac{p_{2,3}p_{3,4}X_2}{X_2+X_2+p_{2,3}X_2+p_{3,4}p_{2,3}X_2+p_{4,5}p_{3,4}p_{2,3}X_2} = \frac{p_{2,3}p_{3,4}\cancel{X_2}}{\cancel{X_2}(1+1+p_{2,3}+p_{2,3}p_{3,4}+p_{2,3}p_{3,4}p_{4,5})} = \frac{p_{2,3}p_{3,4}}{p_{2,3}+p_{2,3}p_{3,4}+p_{2,3}p_{3,4}p_{4,5}+2} \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \pi_5 &= \frac{X_5}{X_1+X_2+X_3+X_4+X_5} = \frac{p_{4,5}X_4}{X_2+X_2+p_{2,3}X_2+p_{3,4}X_3+p_{4,5}X_4} = \frac{p_{4,5}p_{3,4}X_3}{X_2+X_2+p_{2,3}X_2+p_{3,4}p_{2,3}X_2+p_{4,5}p_{3,4}X_3} \\ &= \frac{p_{4,5}p_{3,4}p_{2,3}p_{3,4}X_2}{X_2+X_2+p_{2,3}X_2+p_{3,4}p_{2,3}X_2+p_{4,5}p_{3,4}p_{2,3}X_2} = \frac{p_{2,3}p_{3,4}p_{4,5}\cancel{X_2}}{\cancel{X_2}(1+1+p_{2,3}+p_{2,3}p_{3,4}+p_{2,3}p_{3,4}p_{4,5})} = \frac{p_{2,3}p_{3,4}p_{4,5}}{p_{2,3}+p_{2,3}p_{3,4}+p_{2,3}p_{3,4}p_{4,5}+2} \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \Pi &= \left(\frac{1}{p_{2,3}+p_{2,3}p_{3,4}+p_{2,3}p_{3,4}p_{4,5}+2}, \frac{1}{p_{2,3}+p_{2,3}p_{3,4}+p_{2,3}p_{3,4}p_{4,5}+2}, \frac{p_{2,3}}{p_{2,3}+p_{2,3}p_{3,4}+p_{2,3}p_{3,4}p_{4,5}+2}, \right. \\ &\quad \left. \frac{p_{2,3}p_{3,4}}{p_{2,3}+p_{2,3}p_{3,4}+p_{2,3}p_{3,4}p_{4,5}+2}, \frac{p_{2,3}p_{3,4}p_{4,5}}{p_{2,3}+p_{2,3}p_{3,4}+p_{2,3}p_{3,4}p_{4,5}+2} \right) \end{aligned}$$

Como se podrá observar, los valores de Π conforme va aumentando la n está mostrando cierto patrón, de modo que puede emplearse una fórmula general para $n = n$:

$$P = \begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 & 0 & \dots & 0 & 0 \\ p_{2,1} & 0 & p_{2,3} & 0 & \dots & 0 & 0 \\ p_{3,1} & 0 & 0 & p_{3,4} & \dots & 0 & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & & \vdots & \vdots \\ p_{(n-2),1} & 0 & 0 & 0 & \dots & p_{(n-2),(n-1)} & 0 \\ p_{(n-1),1} & 0 & 0 & 0 & \dots & 0 & p_{(n-1),n} \\ 1 & 0 & 0 & 0 & \dots & 0 & 0 \end{pmatrix}$$

Tabla 7.12: Matriz de transición para el caso de n ciclos del sistema simplificado

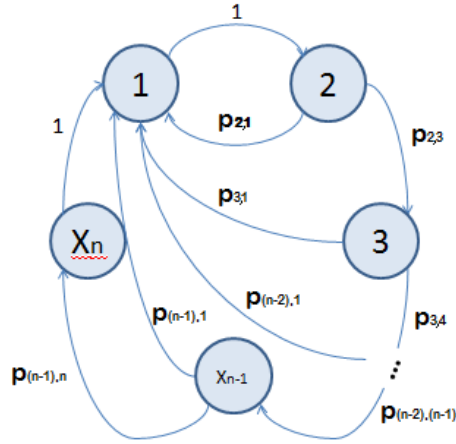


Figura 7.4: Caso para n ciclos del sistema simplificado

Se tomó primero en el caso de que $p_{ij} = p$

$$\Pi = \pi_1, \pi_2, \pi_3, \dots, \pi_n$$

$$n \geq 3$$

$$\pi_1 = \pi_2 = \frac{1}{\left(\sum_{k=1}^{n-2} p^k\right) + 2}, \quad \pi_3 = \frac{p}{\left(\sum_{k=1}^{n-2} p^k\right) + 2}, \quad \pi_4 = \frac{p^2}{\left(\sum_{k=1}^{n-2} p^k\right) + 2}, \quad \dots,$$

$$\pi_m = \frac{p^{m-2}}{\left(\sum_{k=1}^{n-2} p^k\right) + 2}$$

(7.5)

Ahora la fórmula suponiendo que las p son diferentes:

$$\Pi = \pi_1, \pi_2, \pi_3, \dots, \pi_n$$

$$n \geq 3$$

$$\begin{aligned}
\pi_1 = \pi_2 = \frac{1}{\sum_{k=2}^{n-1} \left(\prod_{j=2}^k p_{j,j+1} \right) + 2}, \quad \pi_3 = \frac{\prod_{k=2}^2 p_{k,k+1}}{\sum_{k=2}^{n-1} \left(\prod_{j=2}^k p_{j,j+1} \right) + 2}, \\
\pi_4 = \frac{\prod_{k=2}^3 p_{k,k+1}}{\sum_{k=2}^{n-1} \left(\prod_{j=2}^k p_{j,j+1} \right) + 2}, \quad \dots, \quad \pi_m = \frac{\prod_{k=2}^{m-1} p_{k,k+1}}{\sum_{k=2}^{n-1} \left(\prod_{j=2}^k p_{j,j+1} \right) + 2}
\end{aligned} \tag{7.6}$$

7.1.2 Π EN EL SISTEMA COMPLEJO

De igual manera, se puede seguir el mismo procedimiento para obtener una fórmula general para obtener los valores de Π en el sistema complejo para n ciclos en nuestra cadena de Markov embebida:

$$P = \begin{pmatrix}
 0 & 0 & p_{1,2} & 0 & p_{1,4} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \dots & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\
 0 & 0 & p_{2,3} & 0 & p_{2,4} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \dots & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\
 p_{3,1} & 0 & 0 & p_{3,4} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \dots & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\
 p_{4,1} & 0 & 0 & 0 & p_{4,5} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \dots & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\
 p_{5,1} & 0 & 0 & 0 & 0 & p_{5,6} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \dots & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\
 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & p_{6,7} & 0 & p_{6,9} & 0 & 0 & 0 & \dots & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\
 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & p_{7,8} & p_{7,9} & 0 & 0 & 0 & \dots & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\
 p_{8,1} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & p_{8,9} & 0 & 0 & 0 & \dots & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\
 p_{9,1} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & p_{9,10} & 0 & 0 & \dots & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\
 p_{10,1} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & p_{10,11} & \dots & \dots & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\
 \vdots & \vdots \\
 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \dots & p_{(m-4),(m-3)} & 0 & 0 & p_{(m-4),(m-1)} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\
 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \dots & 0 & p_{(m-3),(m-2)} & 0 & p_{(m-3),(m-1)} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\
 P^{(m-2),1} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \dots & 0 & 0 & 0 & p_{(m-2),(m-1)} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\
 P^{(m-1),1} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \dots & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\
 \mathbf{1} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \dots & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0
 \end{pmatrix}$$

Tabla 7.13: Matriz de transición para el caso de n ciclos del sistema complejo

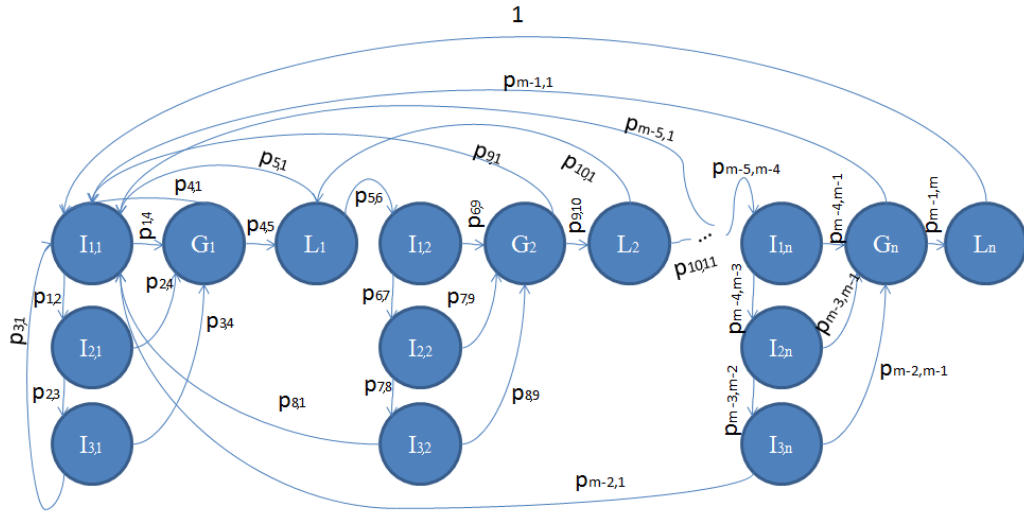


Figura 7.5: Caso para n ciclos del sistema complejo

$$\Pi^* = \{\pi_1^*, \pi_2^*, \pi_3^*, \dots, \pi_m^*\} \quad \text{donde: } m = (5 \times n)$$

$$\pi_1^* = \frac{1}{\sum_{k=0}^{n-1} [2 + p_{1+5k,2+5k} + p_{4+5k,5+5k} + p_{1+5k,2+5k}p_{2+5k,3+5k} - p_{1+5k,2+5k}p_{2+5k,3+5k}p_{3+5k,1+5k}(1 + p_{4+5k,5+5k})] A}$$

Donde $A = \prod_{j=0}^{k-1} (p_{4+5j,5+5j}p_{5+5j,6+5j})(1 - p_{1+5j,2+5j}p_{2+5j,3+5j}p_{3+5j,1+5j})$

$$\pi_2^* = \pi_1^* p_{1,2} \quad , \quad \pi_3^* = \pi_2^* p_{2,3} \quad , \quad \pi_4^* = \pi_1^* p_{1,4} \pi_2^* p_{2,4} \pi_3^* p_{3,4} \quad ,$$

$$\pi_5^* = \pi_4^* p_{4,5} \quad , \quad \pi_6^* = \pi_5^* p_{5,6} \quad , \quad \pi_7^* = \pi_6^* p_{6,7} \quad , \quad \pi_8^* = \pi_7^* p_{7,8} \quad ,$$

$$\pi_9^* = \pi_6^* p_{6,9} \pi_7^* p_{7,9} \pi_8^* p_{8,9} \quad , \quad \pi_{10}^* = \pi_9^* p_{9,10} \quad , \dots \quad , \quad \pi_{m-5}^* = \pi_{m-6}^* p_{(m-6),(m-5)} \quad ,$$

$$\pi_{m-4}^* = \pi_{m-5}^* p_{(m-5),(m-4)} \quad , \quad \pi_{m-3}^* = \pi_{m-4}^* p_{(m-4),(m-3)} \quad , \quad \pi_{m-2}^* = \pi_{m-3}^* p_{(m-3),(m-2)} \quad ,$$

$$\pi_{m-1}^* = \pi_{m-4}^* p_{(m-4),(m-1)} \pi_{m-3}^* p_{(m-3),(m-1)} \pi_{m-2}^* p_{(m-2),(m-1)} \quad , \quad \pi_m^* = \pi_{m-1}^* p_{(m-1),m}$$

Hay que aclarar que estos valores de Π^* no representan la distribución en equilibrio del sistema complejo ya que falta tomar en cuenta la variable del tiempo, ya

que esta no es constante de entre estados. Teniendo los valores de Π^* aplicamos la siguiente fórmula:

$$\pi_m = \frac{\pi_m^* \tau_m}{\sum_{j=1}^N \pi_j^* \tau_j} \quad (7.7)$$

Existe una propiedad interesante para facilitar el cálculo de otras distribuciones en equilibrio, si $\Pi = (\pi_1, \pi_2, \dots, \pi_s, \pi_{s+1}, \dots, \pi_r)$ es el vector de la distribución en equilibrio para la matriz P . Entonces $\Pi_s = (\pi_1, \pi_2, \dots, \pi_s)$, normalizado para que su suma sea 1, es el vector de la distribución en equilibrio de la matriz P_s . Esto quiere decir que si se calcula la distribución en equilibrio de una matriz con las fórmulas anteriores, es posible sacar la distribución en equilibrio de matrices más pequeñas, siempre y cuando no se alteren las probabilidades de transición y se mantenga la misma estructura de la matriz.

7.2 CÁLCULO DE LA CONVERGENCIA

El método que se empleará para determinar la convergencia del sistema de la granja tanto para el sistema simplificado como para el complejo, será a través del cálculo de analítico y de la simulación de modo que sea posible representar el comportamiento de la granja conforme transcurre el tiempo en 8 ciclos reproductivos. Para lograr esto se requiere tener la siguiente información presente:

- *Las probabilidades de transición.*
- *La distribución en equilibrio.*
- *La duración de cada estado (solo para el sistema complejo).*

Las probabilidades de transición son las tasas de concepción, aborto y baja, y la distribución en equilibrio puede ser calculada con las fórmulas previamente definidas. La convergencia será determinada haciendo el cálculo de la χ^2 tomando como datos la distribución en equilibrio como la frecuencia esperada y el estado del sistema en la transición n como la frecuencia observada. El modelo de simulación del sistema simplificado y complejo fueron desarrollados con el software de Extendsim8 [1], el cual es un programa de simulación para modelado de eventos tanto discretos como continuos. Sus modelos son creados arrastrando bloques de una librería hacia la hoja de trabajo del modelo, dichos bloques son conectados juntos para crear un flujo lógico del modelo. Los datos del modelo residen en los parámetros de los bloques y en una base de datos propia. Se pueden crear nuevos bloques ya sea combinando bloques existentes en el software o programando los propios desde cero en un lenguaje de programación basado en C, llamado ModL.

7.2.1 SISTEMA SIMPLIFICADO

La idea general del modelado en ambos sistemas consiste en múltiples items que representarán a las cerdas reproductoras, transitando en un circuito formado por bloques en el software Extendsim8 con diversos caminos donde la decisión de cual tomar está definida por las probabilidades de transición. En el sistema simplificado solo hay 2 caminos: pasar al siguiente estado (que en este sistema representa un ciclo) o no pasar, que implicaría reemplazo. Estas probabilidades son la tasa de baja.

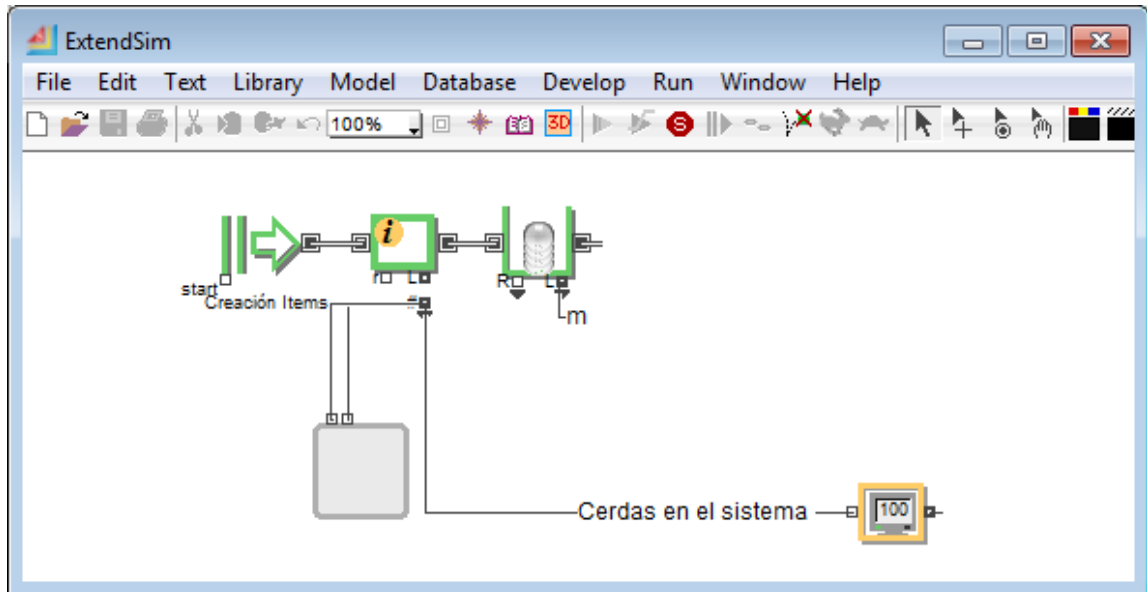


Figura 7.6: Carga de datos y generación de valores

En esta primera parte del modelo mostrado es donde se empiezan a generar los items y se cargan los datos necesarios para iniciar la corrida. En este software de Extendsim 8 los bloques verdes son los por los que los items (o cerdas) transitan y las líneas dobles representan el recorrido que siguen, de igual manera los bloques amarillos y líneas normales son para enviar valores a los bloques de items para asignarles parámetros. En el bloque de creación de items es donde se van a generar la cantidad de cerdas que se pondrán a transitar por el modelo, así como también definir en que estado iniciarán en el sistema, esto se hace definiendo en cada ítem los siguientes atributos:

- *ciclo*: representa el ciclo en que se encuentra actualmente la cerda/ítem con numeración del 0 al 7.
- *num*: un contador con un valor de 1, con el fin de tener un control de cuando todas las cerdas del sistema hayan dado una vuelta al circuito.

El siguiente bloque al que está conectado tiene como objetivo de registrar el

número de cerdas que pasan a través de ahí con el fin de que el modelo sepa cuantas fueron creadas, dato que se utilizará para otros bloques y a su vez manda una señal al bloque jerárquico que tiene conectado (el de color gris) que se encarga de cargar las probabilidades de transición y el vector de estado estable previamente calculados en R (el código se encuentra en el apéndice de este documento)

El siguiente bloque es un bloque de cola donde las cerdas esperarán a ser intruducidas en el sistema, con un tiempo de espera de 0 para no afectar el modelo, también tiene la tarea de mandar una señal a un bloque de ecuación que se encarga de resetear el array donde se almacenan los estados del sistema generados por el modelo. Estos bloques estan conectados a través de m .

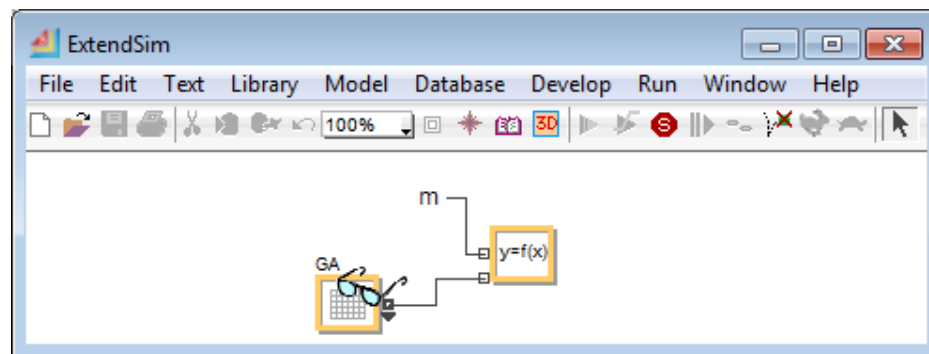


Figura 7.7: Reinicio del array de los estados del sistema al inicio en cada ciclo nuevo

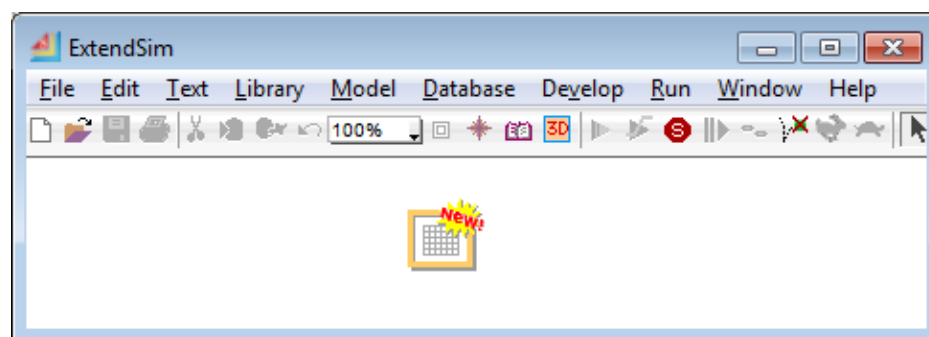


Figura 7.8: Almacenamiento de los estados del sistema

Después de que las cerdas pasen por el bloque de cola pasarán por un bloque que lo que hace es unir diferentes conexiones hacia una misma dirección, la conexión

de arriba es para las cerdas que van a volver a recorrer el circuito para pasar por otro ciclo reproductivo, la conexión del centro es donde está conectado el bloque de cola que como se mencionó anteriormente es donde se inicia el modelo; y la tercer conexión es para las cerdas que se usarán como reemplazo de las cerdas que salgan del sistema. El bloque al que estas 3 conexiones se dirigen es a el bloque de estación de trabajo donde se simulará el tiempo transcurrido de un ciclo reproductivo de la cerda, este tiempo será el mismo para todas las cerdas en todos los ciclos para este modelo.

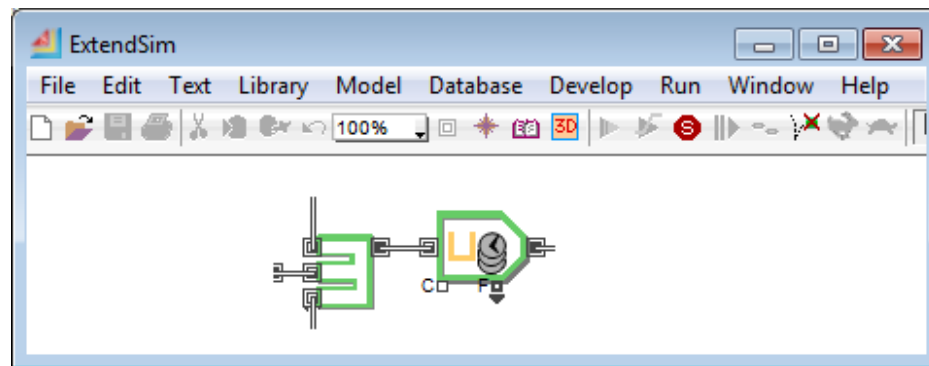


Figura 7.9: Inicio de un ciclo reproductivo de una cerda

Los siguientes 2 bloques conectados enseguida de la estación de trabajo se encargan de detectar los atributos *num* y *ciclo* cada uno, solo que con distintos propósitos. El primero de esos bloques usa los atributos para llenar el array que determina el estado del sistema y también normaliza el vector a través del bloque jerárquico que se encuentra debajo, usa el atributo *ciclo* para saber en que columna va registrando la cerda y *num* que es usado como un contador, sirve para saber cuando cambiar de fila. El segundo bloque utiliza los mismos atributos para diferentes usos, *num* para identificar el más reciente estado del sistema una vez que todas las cerdas hayan terminado su ciclo reproductivo y así con el vector de estado estable calculado en R llamado con anterioridad en bloques pasados poder calcular la χ^2 . El atributo *ciclo* se utiliza para seleccionar la probabilidad de transición correspondiente a su ciclo actual mediante el bloque *p.transición*, valor que se usará como una

probabilidad de distribución binomial para decidir si la cerda avanza a su siguiente ciclo o se dirigirá al bloque de salida y mandará una señal para mandar un reemplazo de una cerda en ciclo 1.

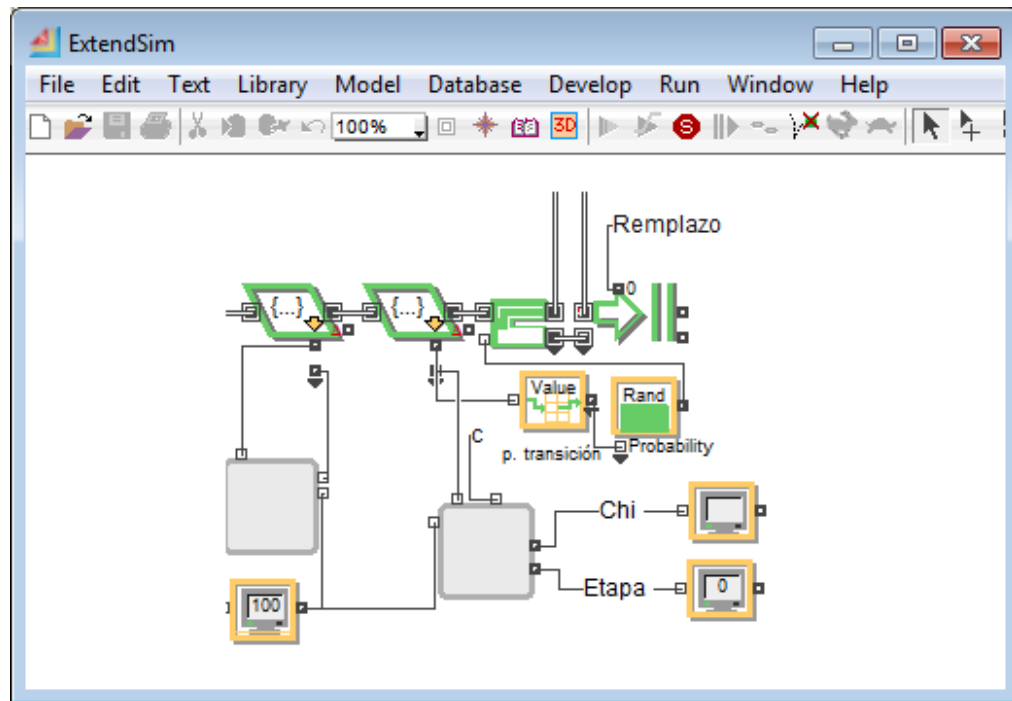


Figura 7.10: Manejo de atributos, probabilidades de transición y cálculo de la χ^2

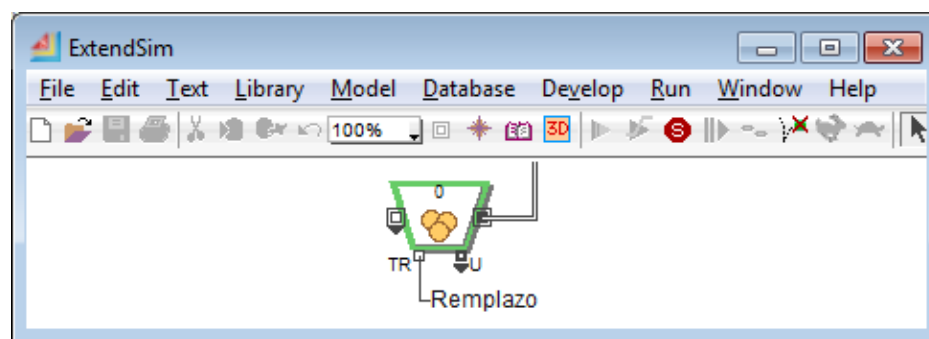


Figura 7.11: Suministro de los reemplazos

Ya después que la cerda pasa con éxito a través de su primer ciclo, los bloques restantes tienen como objetivo incrementar en 1 el valor del atributo del objeto

para representar a la cerda que avanza a su siguiente ciclo reproductivo recorriendo nuevamente los bloques que determinan el estado del sistema y la χ^2 . Una vez que una cerda haya completado su ciclo reproductivo 8 satisfactoriamente, saldrá del sistema y se le asignará un reemplazo. Cuando se hace el cálculo de la χ^2 en cada transición si llega a obtener un error del menor a 1% se dirá que el sistema ha convergido deteniendo la simulación, mostrando en que transición ocurrió y con que valor de χ^2 .

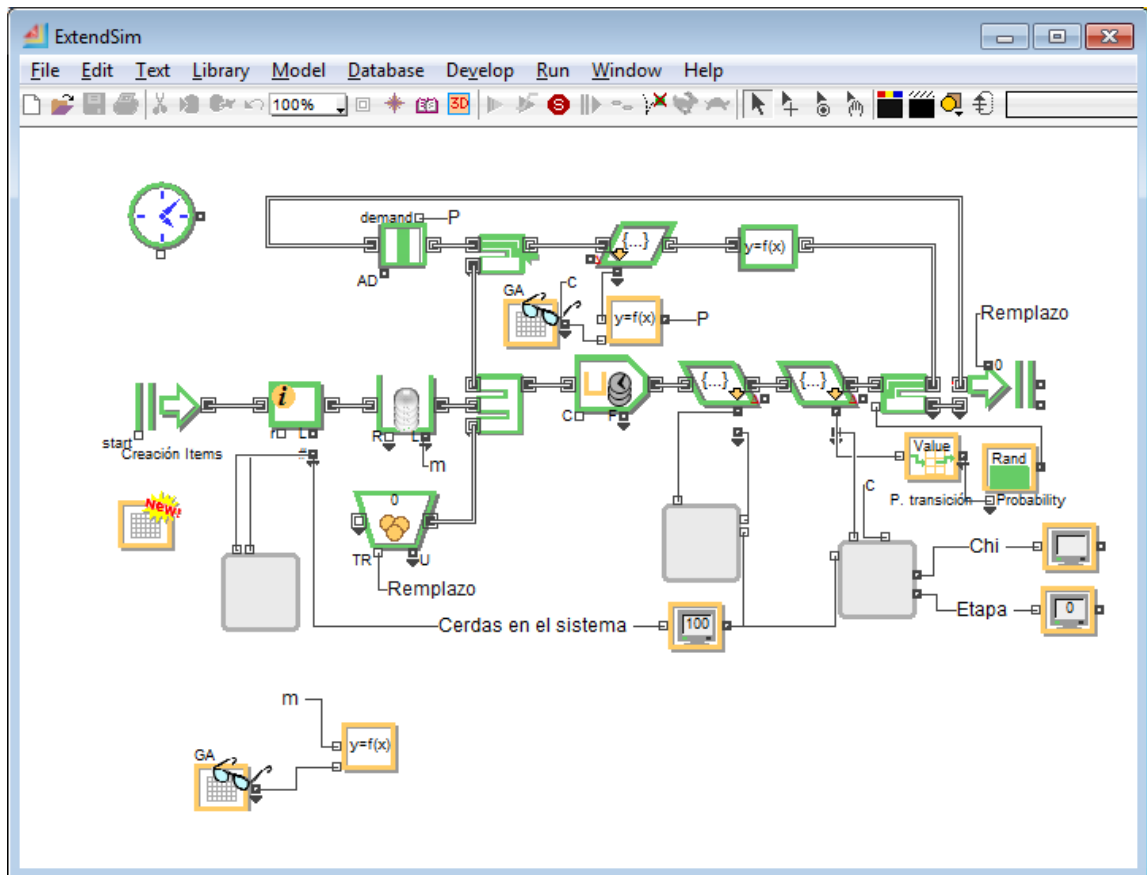


Figura 7.12: Modelo de simulación para el sistema simplificado

Algoritmo de un Ítem para una transición

1. *contador* \leftarrow 0
2. *Generar Ítem*

3. **if** *Ítem avanza al siguiente estado*
4. *ciclo = ciclo + 1*
5. **else**
6. *Item sale del sistema, generar un nuevo Ítem con atributo ciclo = 0 y volver al paso 3*
7. **end if**
8. **if** *ciclo = 8*
9. *Ítem sale del sistema, generar un nuevo Ítem con atributo ciclo = 0 y volver al paso 3*
10. **end if**
11. *contador = contador + num*
12. **if** *contador = total de items en el sistema*
13. *Cálculo de χ^2*
14. *contador = 0*
15. **if** $\chi^2 \leq 0.01$
16. *Fin de simulación*
17. **end if**
18. **end if**

7.2.2 SISTEMA COMPLEJO

Este modelo de simulación está basado en el modelo del sistema simplificado en cuanto a la lógica de los bloques y como transita un ítem a través de ellos, sin

embargo tiene cambios muy importantes que hay que destacar:

- Cada ciclo representando un estado del sistema anterior fue dividido en 5 estados más, cada una con diferente duración en semanas haciendo que el sistema en lugar de manejar 8 estados ahora serán 40.
 - *Inseminación 1*: 1 semana.
 - *Inseminación 2*: 3 semanas.
 - *Inseminación 3*: 3 semanas.
 - *Gestación*: 16 semanas.
 - *Lactación*: 4 semanas.
- Debido a lo anterior se agregó un nuevo atributo además de *ciclo* llamado *estado* (con valores de 0 a 4) que permitirá acomodar apropiadamente a cada cerda en su columna correspondiente del array. Por ejemplo una cerda que tenga un atributo *ciclo* 0 y *estado* 0 significa que está en el estado de inseminación 1 del primer ciclo y se registrará en la primer columna del array, de igual manera si una cerda tiene un atributo *ciclo* 7 y *estado* 4 que quiere decir que se encuentra en el estado de lactación del ciclo 8 se hará el registro en la última columna .
- Las probabilidades de transición para los estados de inseminación 1,2 y 3 serán valores serán diferentes en cada ciclo pero seguirán siendo valores fijos.
- La forma en la cual el modelo decidía si la cerda avanzaba al siguiente estado o no cambió completamente y está representado en el modelo como el bloque jerárquico *probabilidades* el cual tiene la siguiente estructura:

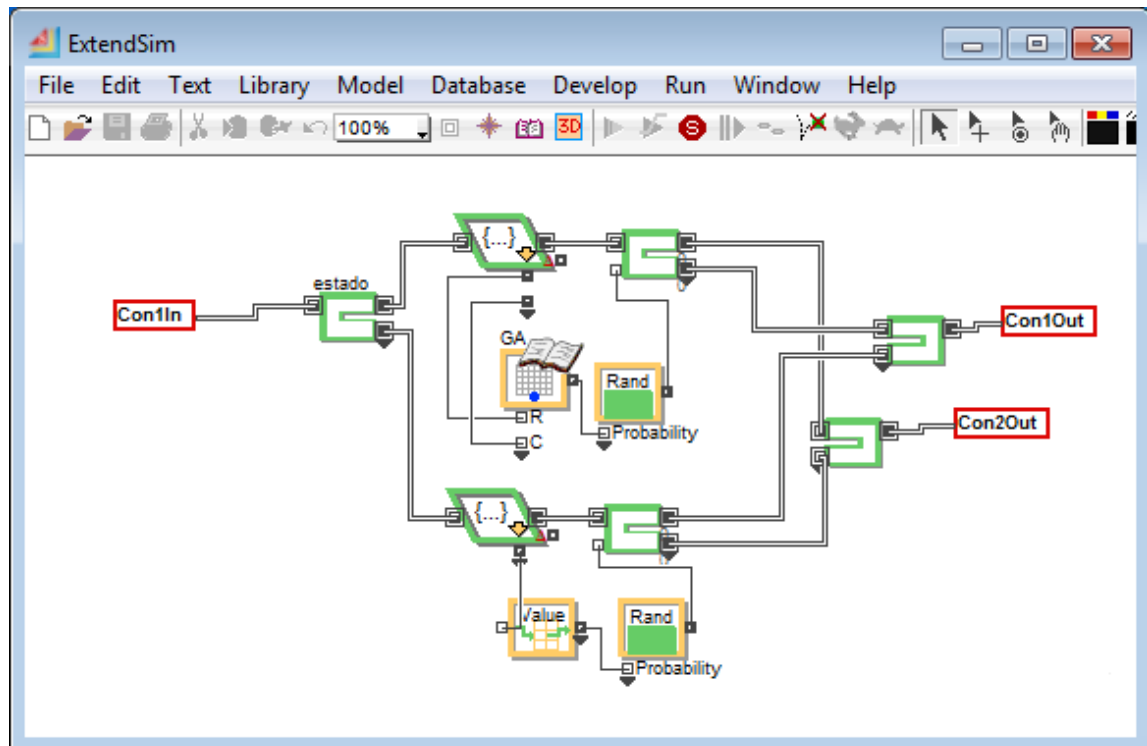


Figura 7.13: Manejo de probabilidades en el sistema complejo

Donde el primer bloque de decisión basandose en el atributo *estado* elegirá que ruta tomará la cerda, donde la de arriba es para cuando se está en un estado de inseminación 1,2 o 3 y se seleccionará la probabilidad de transición de una matriz según su ciclo y número de inseminación. En la ruta de abajo es para cuando la cerda se encuentra ya sea en gestación o lactación elige la probabilidad de transición de una tabla según su atributo. Igual que en el modelo anterior la probabilidad elegida en cualquiera de las rutas ese valor se usará como una probabilidad de distribución binomial para decidir si la cerda avanza de estado o se dirigirá al bloque de salida.

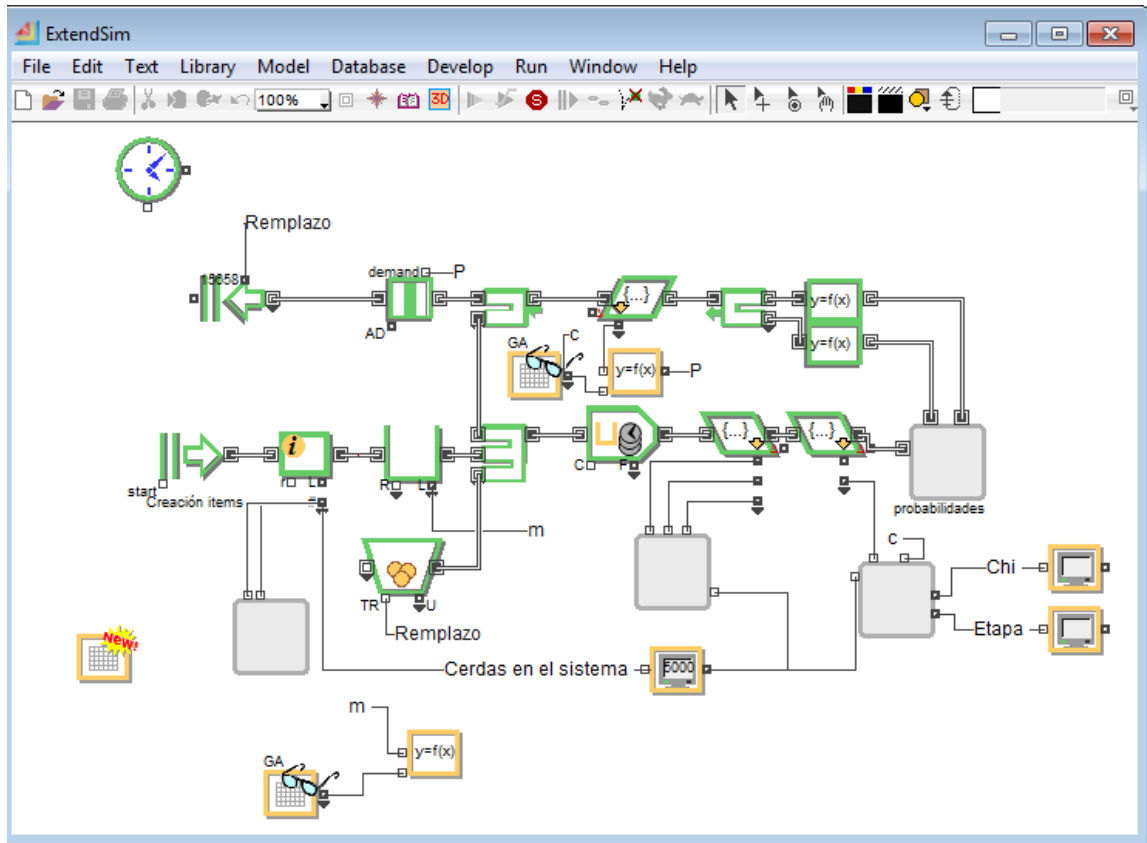


Figura 7.14: Modelo de simulación del sistema complejo

- La forma en la cual el modelo hace el cálculo de la χ^2 sigue siendo la misma y la única diferencia es que el vector a tratar es de mayor tamaño al igual que el vector de estado estable calculado en R, solo que en este vector los tiempos ya han sido aplicados y el obtenido por la simulación no, por lo que antes de que se hagan los cálculos se aplica la siguiente fórmula al vector de estado del sistema:

$$\pi_i = \frac{\pi_i^* \tau_i}{\sum_{j=1}^N \pi_j^* \tau_j} \tag{7.8}$$

Donde π_i^* representa el elemento i del vector de estado sin los tiempos aplicados o embebido y τ el tiempo que dura un estado. Con esta modificación ya se puede obtener la χ^2 de manera apropiada y así calcular la convergencia en el modelo.

Ya que ahora los ciclos estan divididos en estas cinco partes, cada una tiene una probabilidad diferente de avanzar hacia el siguiente y su duración en el tiempo tampoco sería igual, por esto se vuelve un sistema semi markoviano.

La duración de cada estado es la misma sin importar su ciclo y este es su valor en semanas:

Algoritmo de un Ítem para una transición

1. *contador* \leftarrow 0
2. *Generar Ítem*
3. **if** *Ítem avanza al siguiente estado*
4. **if** *estado = 4*
5. *estado = 0*
6. *ciclo = ciclo + 1*
7. **else**
8. **if** *estado \leq 2*
9. *estado = 3*
10. **else**
11. *estado = 4*
12. **end if**
13. **end if**
14. **else**
15. **if** *estado \geq 2*

-
16. *Item sale del sistema, generar un nuevo Ítem con atributo ciclo = 0 y estado = 0. Volver al paso 3*
 17. **else**
 18. *estado = estado + 1*
 19. **if** *ciclo = 8*
 20. *Ítem sale del sistema, generar un nuevo Ítem con atributo ciclo = 0 y estado = 0. Volver al paso 3*
 21. **end if**
 22. *contador = contador + num*
 23. **if** *contador = total de items en el sistema*
 24. *Cálculo de χ^2*
 25. *contador = 0*
 26. **if** $\chi^2 \leq 0.01$
 27. *Fin de simulación*
 28. **end if**
 29. **end if**

CAPÍTULO 8

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Con el uso de la fórmula general desarrollada anteriormente en el capítulo 9.1 de esta tesis se calculará la distribución en equilibrio para este caso particular de matrices para así obtener la velocidad de convergencia de la granja a estudiar de forma analítica y simulada. Tomando en cuenta que son 8 ciclos y como cada ciclo reproductivo esta englobado en un estado, se usará solo la tasa de baja como la probabilidad de reemplazo ($1 - p$)

$$P = \begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0.225 & 0 & 0.775 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0.225 & 0 & 0 & 0.775 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0.225 & 0 & 0 & 0 & 0.775 & 0 & 0 & 0 \\ 0.225 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0.775 & 0 & 0 \\ 0.225 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0.775 & 0 \\ 0.225 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0.775 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}$$

Tabla 8.1: Matriz de transición del sistema simplificado con las probabilidades aplicadas

Dado que las probabilidades de transición son iguales aplicaremos la primer fórmula que fue implementada en un código de R:

$$\begin{aligned}
\pi_1 = \pi_2 &= \frac{1}{\left(\sum_{k=1}^6 .775^k\right) + 2}, \quad \pi_3 = \frac{.775}{\left(\sum_{k=1}^6 .775^k\right) + 2}, \\
\pi_4 &= \frac{.775^2}{\left(\sum_{k=1}^6 .775^k\right) + 2}, \quad \pi_5 = \frac{.775^3}{\left(\sum_{k=1}^6 .775^k\right) + 2}, \\
\pi_6 &= \frac{.775^4}{\left(\sum_{k=1}^6 .775^k\right) + 2}, \quad \pi_7 = \frac{.775^5}{\left(\sum_{k=1}^6 .775^k\right) + 2}, \\
\pi_8 &= \frac{.775^6}{\left(\sum_{k=1}^6 .775^k\right) + 2}
\end{aligned} \tag{8.1}$$

$$\Pi = (0.212, 0.212, 0.164, 0.127, 0.099, 0.076, 0.059, 0.046)$$

Entonces, el vector Π resultante será la distribución en equilibrio en el sistema simplificado para 8 ciclos.

Para el método analítico que se programó en R multiplica la matriz de transición P consigo misma hasta que se aproxime al vector de estado estable calculado por la fórmula y usando la χ^2 como criterio de parada indicando cuantas veces tuvo que multiplicarse la matriz de transición. Una vez obtenido los resultados tomando en cuenta que cada transición ciclo reproductivo tiene una duración de 27 semanas se hizo la conversión a años, todo esto se realizó para las 8 distribuciones iniciales definidas con anterioridad:

Distribución	Transiciones	Tiempo de convergencia en años
u1	16	9
u2	13	7.31
u3	11	6.18
u4	9	5.06
u5	8	4.5
u6	8	4.5
u7	8	4.5
u8	8	4.5

Tabla 8.2: Resultados del cálculo analítico del sistema simplificado

Y estos son los resultados de como fue reduciendo la χ^2 :

Transiciones	u1	u2	u3	u4	u5	u6	u7	u8
1	3.698	1.144	0.554	0.327	0.229	0.193	0.196	0.187
2	2.878	0.862	0.400	0.223	0.146	0.119	0.096	0.110
3	2.202	0.637	0.279	0.142	0.082	0.055	0.052	0.073
4	1.676	0.463	0.185	0.079	0.036	0.029	0.034	0.055
5	1.268	0.328	0.113	0.037	0.019	0.020	0.026	0.042
6	0.952	0.223	0.060	0.021	0.013	0.015	0.020	0.031
7	0.706	0.123	0.037	0.015	0.010	0.010	0.012	0.019
8	0.150	0.039	0.019	0.011	0.008	0.006	0.006	0.009
9	0.122	0.027	0.013	0.007				
10	0.100	0.021	0.010					
11	0.077	0.016	0.007					
12	0.059	0.011						
13	0.045	0.008						
14	0.034							
15	0.026							
16	0.008							

Tabla 8.3: Valores de χ^2 resultantes del cálculo analítico del sistema simplificado

Después se hicieron corridas en el modelo de simulación con 10,000 cerdas recorriendo el sistema y se promediaron. Esto se realizó con todas las distribuciones iniciales y se comparó con el vector de estado estable calculado con R.

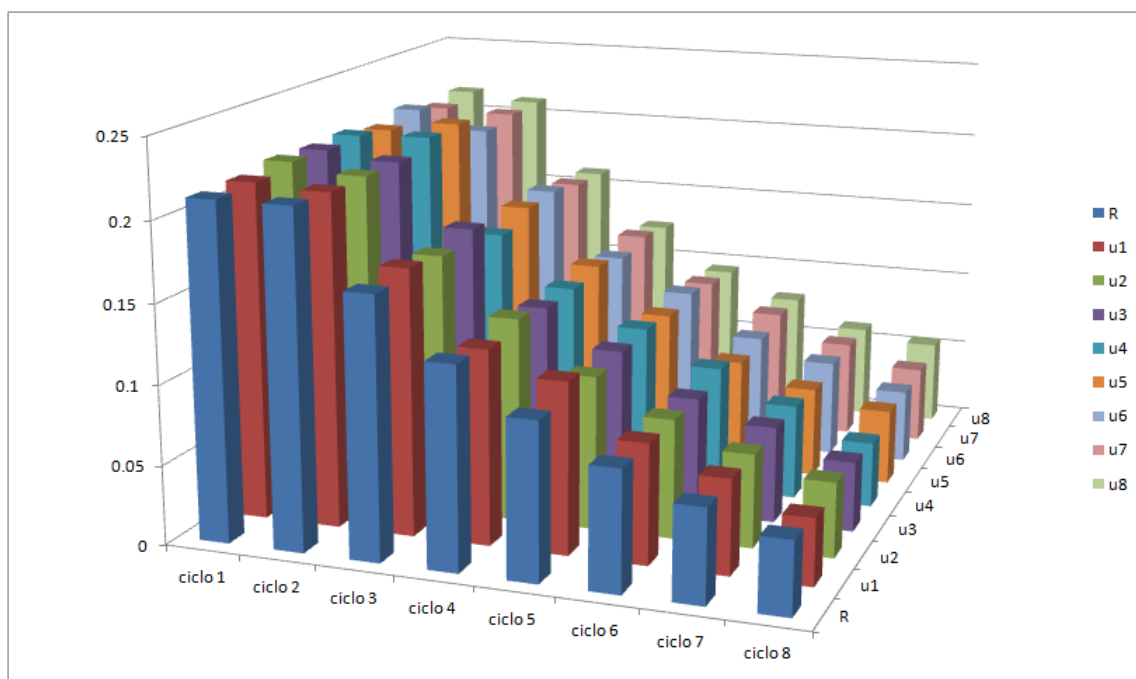


Figura 8.1: Estado del sistema al converger en las simulaciones y cálculos para el sistema simplificado

Distribución	Convergencia analítica en años	Convergencia simulada promedio en años
u1	9	9
u2	7.31	7.31
u3	6.18	6.18
u4	5.06	5.06
u5	4.5	4.5
u6	4.5	4.5
u7	4.5	4.5
u8	4.5	4.5

Tabla 8.4: Comparación de tiempos de convergencia analítico y simulado del sistema simplificado

Gracias al enfoque tanto analítico como simulado se logra demostrar el comportamiento de una granja porcina con este sistema simplificado donde se desprecian las tasas

de concepción de las cerdas. Las probabilidades de que una cerda avance a su siguiente ciclo se va reduciendo conforme va progresando en el sistema, también se puede ver que el tiempo requerido para converger se va reduciendo conforme más distribuidas estén en el vector inicial solo hasta los primeros 4 ciclos, con una distribución u_5 en adelante se obtiene la misma velocidad de convergencia para estos casos específicos.

Ahora también se realiza el mismo procedimiento para el sistema complejo:

Distribución	Transiciones	Tiempo de convergencia en años
U0	36	20.25
U1	28	15.75
U2	26	14.625
U3	23	12.9375
U4	21	11.8125
U5	21	11.8125
U6	21	11.8125
U7	24	13.5
U8	24	13.5

Tabla 8.5: Resultados del cálculo analítico del sistema complejo

Transiciones	U0	U1	U2	U3	U4	U5	U6	U7	U8
1	7.133	8.106	4.715	3.774	3.409	3.327	3.345	3.535	3.993
2	3.492	2.630	1.225	0.833	0.718	0.632	0.659	0.662	0.677
3	6.232	1.394	0.704	0.454	0.362	0.308	0.317	0.329	0.388
4	7.649	1.251	0.611	0.390	0.300	0.262	0.267	0.296	0.347
5	2.460	1.702	0.787	0.501	0.404	0.331	0.340	0.337	0.289
6	3.033	0.978	0.484	0.298	0.224	0.181	0.187	0.203	0.212
7	2.941	0.825	0.402	0.244	0.176	0.148	0.152	0.159	0.202
8	1.824	1.179	0.552	0.344	0.270	0.213	0.215	0.168	0.158
9	1.858	0.691	0.331	0.190	0.133	0.100	0.119	0.103	0.119
10	1.585	0.559	0.260	0.145	0.096	0.077	0.085	0.093	0.129
11	1.396	0.834	0.380	0.225	0.167	0.126	0.090	0.080	0.089
12	1.233	0.489	0.221	0.114	0.071	0.063	0.050	0.052	0.070
13	0.947	0.374	0.161	0.078	0.043	0.044	0.048	0.059	0.086
14	1.026	0.578	0.250	0.135	0.092	0.054	0.045	0.048	0.061
15	0.830	0.342	0.141	0.061	0.045	0.027	0.026	0.031	0.045
16	0.589	0.245	0.093	0.033	0.025	0.024	0.031	0.040	0.058
17	0.719	0.386	0.151	0.070	0.030	0.022	0.026	0.032	0.045
18	0.550	0.231	0.083	0.040	0.015	0.011	0.015	0.020	0.029
19	0.371	0.152	0.046	0.020	0.013	0.015	0.020	0.026	0.037
20	0.460	0.242	0.081	0.022	0.011	0.013	0.018	0.023	0.032
21	0.359	0.149	0.057	0.014	0.006	0.006	0.009	0.012	0.017
22	0.235	0.089	0.029	0.010				0.014	0.020
23	0.272	0.141	0.024	0.008				0.014	0.019
24	0.229	0.104	0.020					0.005	0.007
25	0.129	0.047	0.014						
26	0.048	0.019	0.008						
27	0.027	0.011							
28	0.030	0.009							
29	0.023								
30	0.016								
31	0.021								
32	0.016								
33	0.010								
34	0.014								
35	0.011								
36	0.007								

Tabla 8.6: Valores de χ^2 resultantes del cálculo analítico del sistema complejo

Después se hicieron corridas con el modelo de simulación del sistema complejo para ver su comportamiento en el sistema con 10,000 cerdas usando las 9 distribuciones iniciales

para este sistema, y se promediaron:

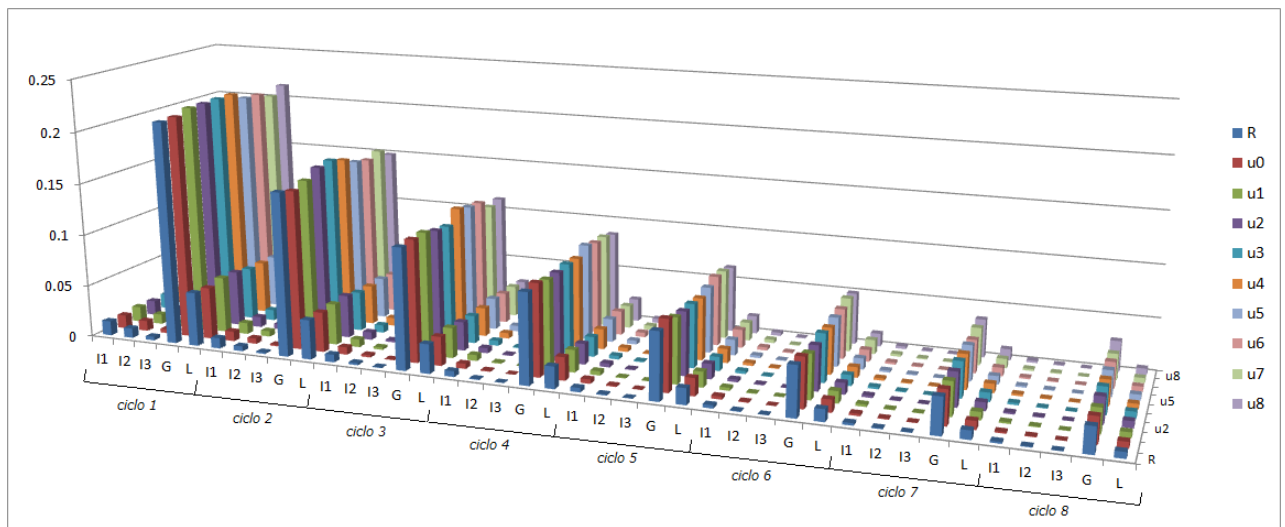


Figura 8.2: Estados del sistema al converger en las simulaciones y cálculos para el sistema complejo

De igual manera se comparan los tiempos de convergencia analíticos contra los tiempos de convergencia simulados, esta vez mostrando un ligero cambio:

Distribución	Convergencia analítica en años	Convergencia simulada promedio en años
U0	20.25	20.25
U1	15.75	15.75
U1	14.63	14.63
U3	12.94	12.94
U4	11.81	11.81
U5	11.81	11.81
U6	11.81	12.38
U7	13.50	12.94
U8	13.50	13.50

Tabla 8.7: Comparación de tiempos de convergencia analítico y simulado del sistema complejo

En los resultados de las simulaciones y cálculos realizados para el sistema complejo se pudo observar, que al igual que en los resultados del sistema sencillo la cantidad de cerdas es menor entre más ciclos reproductivos hayan conseguido vivir en la granja y gracias a la adición de tiempos diferentes por estado y a la inclusión de las tasas de concepción se pudo ver que en el tiempo que requiere para converger va reduciéndose a partir de la distribución inicial U_0 hasta la U_4 y U_5 que tienen la misma duración y desde la distribución U_6 hasta la U_8 va en aumento. Estos tiempos son mayores a los del sistema simple pero es normal que pase ya que el sistema anterior maneja condiciones mucho más óptimas pero a la vez más alejadas de la realidad.

En los resultados de ambos modelos se puede apreciar que para estos sistemas siempre se converge al mismo estado estable sin importar la distribución inicial, lo que hace a estas cadenas de Markov ergódicas. Para reafirmar esto se hicieron unas corridas adicionales en el modelo del sistema complejo donde se presentaron 3 casos no posibles en la vida real donde la población de cerdas reproductoras se encuentran concentradas en puntos específicos del sistema.

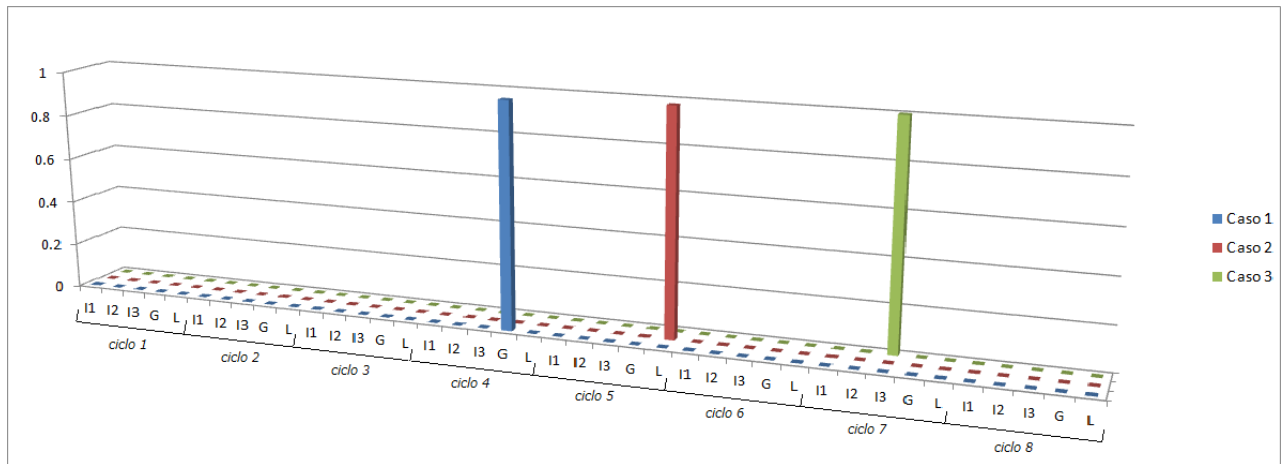


Figura 8.3: Casos adicionales planteados

Y este es resultado de las simulaciones demostrando la ergodicidad del sistema:

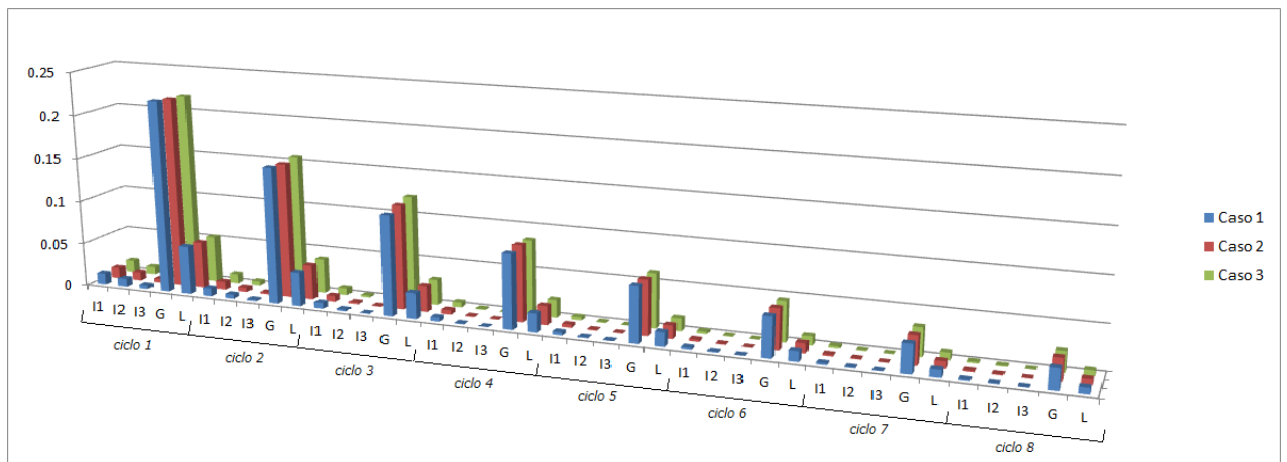


Figura 8.4: Resultado de los casos adicionales, demostrando ergodicidad

8.1 CONCLUSIONES

En general, la investigación referente al desarrollo de modelos para apoyar la toma de decisiones de granjas porcinas están basados en la hipótesis de estabilidad de la granja. Sin embargo en la práctica son pocas las granjas que presentan esta característica. En la presente tesis se estudiaron diversos casos de granjas con datos reales. El tiempo de convergencia depende en gran medida de la distribución inicial. Y en la mayor parte de estos casos oscilaban en más de 12 a/ nos. Esta lentitud para converger conduce a una implementación poco útil de las políticas de gestión, debido a los cambios productivos esperables durante el tiempo de convergencia. Estos cambios esperables pueden afectar la optimalidad de la solución. Es decir, existe un conflicto entre la solución óptima, la convergencia y la robustez en el tiempo. Lo cual nos lleva a concluir que los modelos de decisión bajo la hipótesis de estado estable (en donde la distribución inicial no es importante) son muy recomendables en el caso de que se pretenda realizar una evaluación y comparación de diferentes políticas productivas, pero puede encontrar problemas para ser usados en condiciones de campo, dado precisamente el gran tiempo de convergencia requerido por dichos sistemas. Otra conclusión importante derivada de este trabajo es el hecho de que etapas transitorias no pueden ser descuidadas dada la importancia de estas condiciones en la práctica.

Gran parte de los modelos de decisión publicados en granjas porcinas enfrentan el problema de reemplazamiento del animal utilizando modelos de decisión en estado estable. El resultado del presente trabajo conlleva la motivación para abordar el problema bajo una etapa transitoria.

CAPÍTULO 9

BIBLIOGRAFÍA

- [1] CARLA SACKETT, K. H., PAT DIAMOND, «Extendsim8 Developer Reference», , 2010.
- [2] GARETH O. ROBERTS, J. S. R., «General state space Markov chains and MCMC algorithms», *Probability Surveys*, **1**(1), págs. 20–71, 2004.
- [3] K. B. ATHREYA, P. N., D. McDONALD, «Limit theorems for semi-markov processes and renewal theory for Markov chains», *The Annals of Probability*, **6**(5), págs. 788–797, 1978.
- [4] KRISTENSEN, A. R., *Markov decision programming techniques applied to the animal replacement problem*, Tesis Doctoral, The Royal Veterinary and Agricultural University, 1993.
- [5] LLUÍS M. PLA, D. B., *Dimensionamiento de alojamientos: utilización de modelos matemáticos y de simulación*, primera edición, Servet, 2009.
- [6] MATA, M., «Bibliografía en L^AT_EX: Una guía concisa de BIB_TE_X», (versión 0.3), recurso libre, disponible en <http://logistica.fime.uanl.mx/miguel/docs/BibTeX.pdf>, 2011.
- [7] PAUL G. HOEL, C. J. S., SIDNEY C. PORT, *Introduction to Stochastic Processes*, primera edición, Waveland, 1972.
- [8] PERSI DIACONIS, D. S., «Geometric bounds for eigenvalues of Markov chains», *The Annals of Applied Probability*, **1**(1), págs. 36–61, 1991.
- [9] SPECTOR, P., *Data Manipulation with R*, primera edición, Springer, 2008.
- [10] STEWART, W. J., *Probability, Markov Chains, Queues, and Simulation: The Mathematical Basis of Performance Modeling*, primera edición, Springer, 2011.

APÉNDICE A

APÉNDICES

A.1 VECTORES DE ESTADO ESTABLE

Sistema simplificado:

$$\Pi = \{0.212, 0.212, 0.164, 0.127, 0.099, 0.076, 0.059, 0.046\}$$

Sistema complejo:

$$\begin{aligned} \Pi = \{ & 0.01394, 0.00927, 0.00360, 0.21379, 0.05187, 0.01003, 0.00470, 0.00153, 0.15685, 0.03805, \\ & 0.00736, 0.00203, 0.00064, 0.11616, 0.02818, 0.00545, 0.00087, 0.00019, 0.08675, 0.02105, \\ & 0.00407, 0.00099, 0.00031, 0.06415, 0.01556, 0.00301, 0.00076, 0.00024, 0.04763, 0.01156, \\ & 0.00223, 0.00087, 0.00033, 0.03456, 0.00839, 0.00162, 0.00076, 0.00028, 0.02443, 0.00593\} \end{aligned}$$

A.2 CÓDIGO EN R

A.2.1 DEFINICIÓN DE VARIABLES INICIALES Y LLAMADO DE ARCHIVOS (FORMATO V.S.I.)

```
baja <- read.fwf(file = "C:/altaH.txt",
widths=c(5, 6, 1, 1, 2, 6, 5, 6, 1, 6, 2), colClasses = "character")
aborto = read.fwf(file = "C:/reproductivos.txt",
widths=c(5, 6, 1, 1, 6, 6, 6, 6, 6, 30, 5, 6, 1, 17), colClasses = "character")
FYC = read.fwf(file = "C:/ba017.txt",
widths=c(5, 6, 2, 1, 2, 6, 5, 6, 1, 6), colClasses = "character")
```

```
n = NROW(aborto)
m = NROW(baja)
q = NROW(FYC)
```

```
FECE = strptime(baja[,8],format="%d/%m/%y")
FECB = strptime(baja[,10],format="%d/%m/%y")
ABO = strptime(aborto[,12],format="%d/%m/%y")
FECB2 = strptime(FYC[,10],format="%d/%m/%y")
FECE2 = strptime(FYC[,8],format="%d/%m/%y")
```

```
r1 = strptime(aborto[,5],format="%d/%m/%y")
r2 = strptime(aborto[,6],format="%d/%m/%y")
r3 = strptime(aborto[,7],format="%d/%m/%y")
r4 = strptime(aborto[,8],format="%d/%m/%y")
```

```
r5 = strptime(aborto[,9],format="%d/%m/%y")

V = matrix(data = 0, nrow = m, ncol = 15)
W = vector(mode = "numeric", length = 15)
SV = vector(mode = "numeric", length = 15)
SW = vector(mode = "numeric", length = 15)

ciclo <- as.numeric(FYC[,3])
cicloR <- as.numeric(aborto[,3])
sexo <- as.numeric(FYC[,4])
sinciclos = vector(mode = "numeric", length = 16)
altas = vector(mode = "numeric", length = 15)

C <- c(1995,1996,1997,1998,1999,2000,2001,2002,2003,2004,2005,2006,2007,2008,2009)

A = c(ISOdate(1995,12,31),ISOdate(1996,12,31),ISOdate(1997,12,31),
ISOdate(1998,12,31),ISOdate(1999,12,31),ISOdate(2000,12,31),ISOdate(2001,12,31),
ISOdate(2002,12,31),ISOdate(2003,12,31),ISOdate(2004,12,31),ISOdate(2005,12,31),
ISOdate(2006,12,31),ISOdate(2007,12,31),ISOdate(2008,12,31),ISOdate(2009,12,31))
```

A.2.2 POBLACIÓN DE CERDAS POR AÑO

```
for (j in 1:15)
{
```

```
for (i in 1:m)
{
  if(is.na(FECB[i]))
  {
    if (A[j]-FECE[i] >= 0 && A[j]-FECE[i] <= 365)
    {
      W[j] = W[j] + 1
      V[i,j] = (A[j]-FECE[i])/365
    }
    else
    {
      W[j] = W[j] + 1
      V[i,j] = 1
    }
  }
  else
  {
    if(FECB[i]-A[j] <= 0)
    {
      if(FECB[i]-A[j] < -365)
      {
        V[i,j] = 0
      }
      else
      {
        V[i,j] = (FECB[i]-A[j] + 365)/365
        W[j] = W[j] + 1
      }
    }
    else
    {
      if (A[j]-FECE[i] <= 0)
```

```
        {
        V[i,j] = 0
        }
        else
        {
            if (A[j]-FECE[i] > 365)
            {
                V[i,j] = 1
                W[j] = W[j] + 1
            }
            else
            {
                V[i,j] = (A[j]-FECE[i])/365
                W[j] = W[j] + 1
            }
        }
    }
}

for (j in 1:15)
{
    SV[j] = sum(V[,j])
    SW[j] = sum(W[j])
}
```

A.2.3 MANEJO DE FECHAS

```
D <- as.numeric(format(FECE, "%Y"))
S <- as.numeric(format(FECE2, "%Y"))
B <- as.numeric(format(FECB, "%Y"))
P <- as.numeric(format(FECB2, "%Y"))
H <- as.numeric(format(ABO, "%Y"))

R1 <- as.numeric(format(r1, "%Y"))
R2 <- as.numeric(format(r2, "%Y"))
R3 <- as.numeric(format(r3, "%Y"))
R4 <- as.numeric(format(r4, "%Y"))
R5 <- as.numeric(format(r5, "%Y"))

X <- c("R1", "R2", "R3", "R4", "R5")

R = sapply(X, get)

numA = vector(mode = "numeric", length = 15)
numPxR = matrix(data = 0, nrow = 5, ncol = 10)

rep <- as.numeric(aborto[,4])
```

A.2.4 CÁLCULO DE NÚMERO DE ABORTOS Y PARTOS POR AÑO

```
for (j in 6:13)
{
  for (i in 1:n)
  {
    if(is.na(H[i]))
    {
    }
  }
}
```

```
    else
    {
        if (aborto[i,13] == 1)
        {
            if(H[i] == C[j])
            {
                numA[j] = numA[j] + 1
            }
        }
        else
        {
            if(H[i] == C[j])
            {
                numPxR[rep[i],cicloR[i]] = numPxR[rep[i],cicloR[i]] + 1
            }
        }
    }
}
}
```

A.2.5 TASA DE ABORTOS

```
tasasA <- vector(mode = "numeric", length = 15)

for (i in 6:13)
{
    tasasA[i] = numA[i] / (numA[i] + numP[i])
}
```

A.2.6 NÚMERO DE REPETICIONES POR AÑO Y CICLO

```
RCT = matrix(data = 0, nrow = 5, ncol = 10)
```

```
RC1=RC2=RC3=RC4=RC5=RC6=RC7=RC8=RC9 = matrix(data = 0, nrow = 5, ncol = 15)
```

```
k = 1
for (i in 1:n)
{
  for (k in 1:5)
  {
    for (j in 6:13)
    {
      if(is.na(R[i,k]))
      {
      }
      else
      {
        if(R[i,k] == C[j])
        {
          RCT[k,cicloR[i]] = RCT[k,cicloR[i]] + 1

          switch((cicloR[i]),
            (RC1[k,j] = RC1[k,j] + 1),
            (RC2[k,j] = RC2[k,j] + 1),
            (RC3[k,j] = RC3[k,j] + 1),
            (RC4[k,j] = RC4[k,j] + 1),
```

```
        (RC5[k,j] = RC5[k,j] + 1),  
        (RC6[k,j] = RC6[k,j] + 1),  
        (RC7[k,j] = RC7[k,j] + 1),  
        (RC8[k,j] = RC8[k,j] + 1),  
        (RC9[k,j] = RC9[k,j] + 1))  
    }  
  }  
}
```

```
TotalRepeticiones <- vector(mode = "numeric", length = 10)
```

```
for (i in 1:5)
```

```
{
```

```
  for (j in 1:10)
```

```
  {
```

```
    switch(j,
```

```
      (TotalRepeticiones[j] = TotalRepeticiones[j] + (sum(RC1[i,])*i)),
```

```
      (TotalRepeticiones[j] = TotalRepeticiones[j] + (sum(RC2[i,])*i)),
```

```
      (TotalRepeticiones[j] = TotalRepeticiones[j] + (sum(RC3[i,])*i)),
```

```
      (TotalRepeticiones[j] = TotalRepeticiones[j] + (sum(RC4[i,])*i)),
```

```
      (TotalRepeticiones[j] = TotalRepeticiones[j] + (sum(RC5[i,])*i)),
```

```
      (TotalRepeticiones[j] = TotalRepeticiones[j] + (sum(RC6[i,])*i)),
```

```
      (TotalRepeticiones[j] = TotalRepeticiones[j] + (sum(RC7[i,])*i)),
```

```
      (TotalRepeticiones[j] = TotalRepeticiones[j] + (sum(RC8[i,])*i)),
```

```
      (TotalRepeticiones[j] = TotalRepeticiones[j] + (sum(RC9[i,])*i)),
```

```
      (TotalRepeticiones[j] = TotalRepeticiones[j] + (sum(RC10[i,])*i)))
```



```
    }  
}
```

A.2.7 TASAS DE CONCEPCIÓN

```
TasaC2 = matrix(data = 0, nrow = 5, ncol = 10)  
  
for (i in 1:5)  
{  
  for (j in 1:10)  
  {  
    TasaC2[i,j] = numPxR[i,j] / RCT[i,j]  
  }  
}  
  
mask <- apply(TasaC2, 2, is.nan)  
TasaC <- TasaC2  
TasaC[mask] <- 0
```

A.2.8 BAJAS POR CICLO Y AÑO

```
BC = matrix(data = 0, nrow = 16, ncol = 10)  
sinciclos = vector(mode = "numeric", length = 16)  
  
k = 1
```

```
for (i in 1:q)
{
  if(sexo[i] == 1)
  {
    if(i >= 2)
    {
      if(ciclo[i] == 0)
      {
        if(k != 1)
        {

          if(is.na(P[i-k]))
          {
            BC[16,ciclo[i-1]] = BC[16,ciclo[i-1]] + 1
            k = 1
          }
          else
          {
            for(j in 1:15)
            {
              if(C[j] == P[i-k])
              {
                BC[j,ciclo[i-1]] = BC[j,ciclo[i-1]] + 1
              }
            }
            k = 1
          }
        }
      }
    }
  }
  else
  {
    if(is.na(P[i-k]))
    {
```

```
        sinciclos[16] = sinciclos[16] + 1
        k = 1
    }
    else
    {
        for(j in 1:15)
        {
            if(C[j] == P[i-k])
            {
                sinciclos[j] = sinciclos[j] + 1
            }
            k = 1
        }
    }
}
else
{
    k = k + 1
}
}
```

A.2.9 TASA BAJA

```
tasasB <- vector(mode = "numeric", length = 15)

for (i in 6:13)
{
#tasasB[i] =(sum(BC[i,]) + sum(sinciclos[i]))/SV[i]
tasasB[i] =(sum(BC[i,]))/SV[i]

}
```

A.2.10 ALTAS POR AÑO

```
for (i in 1:q)
{
  if(sexo[i] == 1 && ciclo[i] == 0)
  {
    for (j in 1:15)
    {
      if(C[j] == S[i])
      {
        altas[j] = altas[j] + 1
      }
    }
  }
}
```

A.2.11 CÁLCULO ANALÍTICO SISTEMA SIMPLIFICADO

```
#Ciclos
c = 8

#D. inicial
d = 8

Baja = 0.225

n = c

Tran <- c(1:20)

Mchi = vector(mode = "numeric", length = NROW(Tran))
MXn = matrix(data = 0, nrow = NROW(Tran), ncol = n)

for (z in 1:NROW(Tran))
{

A = matrix(data = 0, nrow = n, ncol = n)
V = vector(mode = "numeric", length = n)
X0 = matrix(data = 0, nrow = 1, ncol = n)

for (j in 1:d)
```

```
{
    if(d == 0)
    {
        X0[1] = 1
    }
    else
    {
        X0[j] = (1 / d)
    }
}

m = 1
for (i in 1:n)
{
    m = m + 1
    if (m <= n)
    {
        if (i >= 2)
        {
            A[i,m] = 1 - Baja
            A[i,1] = Baja
        }
        else
        {
            A[i,m] = 1
        }
    }
    else
    {
        A[i,1] = 1
    }
}
```

```
}

Ve <- vector(mode = "numeric", length = n)
diag <- vector(mode = "numeric", length = (n-2))
pro <- vector(mode = "numeric", length = (n-2))

for(j in 2:(n-1))
{
diag[j-1] = A[j,j+1]
}

for(k in 1:(n-2))
{
pro[k] = prod(diag[1:k])
}

for(m in 1:n)
{
  if (m == 1 || m == 2)
  {
Ve[m] = 1/(sum(pro)+2)
}
  else
  {
Ve[m] = prod(diag[1:(m-2)])/(sum(pro)+2)
}
}
```

```
k = I - 1

B = A

for (i in 1:Tran[z])
{
  B = A%*%B
}

Xn = X0%*%B

MXn[1,] = X0 %*% A

for (i in 1:n)
{
  MXn[z+1,i] = Xn[i]
}

chi <- vector(mode = "numeric", length = n)

for (i in 1:c)
{
  chi[i] = ((MXn[z,i]-Ve[i])^2)/Ve[i]
}

Mchi[z] = sum(chi)

if (Mchi[z] <= .01)
{
  print ("chi")
  print (Mchi[z])
}
```



```
    print ("iteracion")
    print (z)
    MXn[z+1,] = 0
    break
  }
}
```

A.2.12 CÁLCULO ANALÍTICO SISTEMA COMPLEJO

```
# Ciclos
c = 8

#D. inicial
d = 6

n = c * 5

TC = TasaC[1:3,1:8]

TA = 0.029572356

TB = 0.2264554

p <-vector(mode = "numeric", length = n)
t <-vector(mode = "numeric", length = n)
```

```
Tran <- c(1:40)

Mchi = vector(mode = "numeric", length = NROW(Tran))
MXn = matrix(data = 0, nrow = NROW(Tran), ncol = n)

for (z in 1:NROW(Tran))
{

for (i in 0:(c-1))
{
p[1+(5*i)] = (1-TC[1,i+1])
p[2+(5*i)] = (1-TC[2,i+1])
p[3+(5*i)] = (1-TC[3,i+1])
p[4+(5*i)] = (1-TA)
p[5+(5*i)] = (1-TB)
t[1+(5*i)] = 1
t[2+(5*i)] = 3
t[3+(5*i)] = 3
t[4+(5*i)] = 16
t[5+(5*i)] = 4
}

A = matrix(data = 0, nrow = n, ncol = n)
V = vector(mode = "numeric", length = n)
X0 = matrix(data = 0, nrow = 1, ncol = n)
Xnt = vector(mode = "numeric", length = n)
X0t = vector(mode = "numeric", length = n)

for (j in 1:(d*5))
```

```
{
    if(d == 0)
    {
        X0[1] = 1
    }
    else
    {
        X0[j] = (1 / (d*5))
    }
}

for (i in 0:(c-1))
{
    A[(1 + 5*i), (2 + 5*i)] = 1 - TC[1,i+1]
    A[(1 + 5*i), (4 + 5*i)] = TC[1,i+1]
    A[(2 + 5*i), (3 + 5*i)] = 1 - TC[2,i+1]
    A[(2 + 5*i), (4 + 5*i)] = TC[2,i+1]
    A[(3 + 5*i), 1] = 1 - TC[3,i+1]
    A[(3 + 5*i), (4 + 5*i)] = TC[3,i+1]

    A[(4 + 5*i), (5 + 5*i)] = 1 - TA
    A[(4 + 5*i), 1] = TA

    if (i == (c-1))
    {
        A[(5 + 5*i), 1] = 1
    }
    else
    {
```

```
A[(5 + 5*i),(6 + 5*i)] = 1 - TB
A[(5 + 5*i),1] = TB
}
}

B = A

for (i in 1:(Tran[z]-1))
{
  if((Tran[z]-1) == 0)
  {
    B = A
  }
  else
  {
    B = A%%B
  }
}

Xn = X0%%B

for (i in 1:n)
{
  Xnt[i] = (Xn[i]*t[i])/sum(Xn*t)
}

denA <- vector(mode = "numeric", length = c)
denB <- vector(mode = "numeric", length = c-1)
den<- vector(mode = "numeric", length = c)
```

```
for (i in 1:c)
{
denA[i]=(2+(1-TC[1,i])+(1-TA)+(1-TC[1,i])*(1-TC[2,i])-(1-TC[1,i])*(1-TC[2,i])*(1-TC[3,i]
    if (i >=2)
    {
denB[i-1]=((1-TA)*(1-TB))*(1-(1-TC[1,i-1])*(1-TC[2,i-1])*(1-TC[3,i-1]))
den[i] = denA[i] * prod(denB[1:i-1])
    }
    else
    {
den[i] = denA[i]
    }
}

Ve <- vector(mode = "numeric", length = n)
m = 0
k = 2

for (i in 1:n)
{
    if(k == 5)
    {
m = m + 1
Ve[i] = Ve[i-3]*TC[1,m] + Ve[i-2]*TC[2,m] + Ve[i-1]*TC[3,m]
k = 0
    }
    else
    {
        if(i == 1)
        {
Ve[i] = 1/sum(den)
        }
    }
}
```

```
    }
    else
    {
      Ve[i] = Ve[i-1] * p[i-1]
    }
  }
  k = k + 1
}
```

```
Vet <- vector(mode = "numeric", length = n)
```

```
for (i in 1:n)
{
  Vet[i] = (Ve[i]*t[i])/sum(Ve*t)
}
```

```
for (i in 1:n)
{
  Xnt[i] = (Xn[i]*t[i])/sum(Xn*t)
  X0t[i] = (X0[i]*t[i])/sum(X0*t)
}
```

```
MXn[1,] = X0t %*% A
```

```
for (i in 1:n)
{
```

```
MXn[z+1,i] = Xnt[i]
}

chi <- vector(mode = "numeric", length = n)

for (i in 1:n)
{
chi[i] = ((MXn[z,i]-Vet[i])^2)/Vet[i]
}

Mchi[z] = sum(chi)

  if (Mchi[z] <= .01)
  {
    print ("chi")
    print (Mchi[z])
    print ("iteracion")
    print (z)
    MXn[z+1,] = 0
    break
  }
}
```

FICHA AUTOBIOGRÁFICA

Felipe Adrián Lozano Martínez

Candidato para el grado de Maestro en Ciencias
con especialidad en Ingeniería de Sistemas

Universidad Autónoma de Nuevo León

Facultad de Ingeniería Mecánica y Eléctrica

Tesis:

ESTUDIO DE LA CONVERGENCIA DE UNA
CADENA DE MARKOV Y SU APLICACIÓN A LA
GESTIÓN DEL GANADO PORCINO

Nací en el municipio de Guadalupe, Nuevo León. Estudié en la Facultad de Ingeniería Mecánica y Eléctrica la carrera de Ingeniero Administrador de Sistemas en San Nicolás, Nuevo León. En el año 2010 entré al programa de Posgrado en Ingeniería de Sistemas (PISIS) en la misma facultad trabajando bajo la dirección del Dr. César Emilio Rodríguez Villarreal y la Dra. Sara Verónica Rodríguez Sánchez en la tesis titulada “Estudio de la convergencia de una cadena de Markov y su aplicación a la gestión del ganado porcino”. Realicé una estancia académica durante el ciclo escolar de agosto-diciembre del 2011 para complementar mi tesis en la ciudad de Lleida, España con la colaboración del Dr. Luis Miguel Pla Aragonés en la Universidad de Lleida, España.