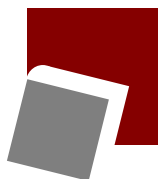


وزارت علوم، تحقیقات و فناوری
دانشگاه تحصیلات تکمیلی علوم پایه
گاوزنگ - زنجان



بررسی سیستم های دینامیکی ژنتیک جمعیت در حضور فرآیند بازترکیبی

پایان نامه کارشناسی ارشد

عالیه اسمعیل زاده نوغانی

استاد راهنما: دکتر مجید سلامت

دی ۱۳۹۲

بِسْمِ اللَّهِ الرَّحْمَنِ الرَّحِيمِ

تقدیم بہ

خدائی کہ آفرید
جهان را، انسان را، عقل را،
علم را، معرفت را، عشق را
و کسانی که عشقشان را در وجودم دمید.

شکر و قدردانی

در این جا از پدر و مادر عزیزتر از جانم که بودنشان تاج افتخاری است بر سرم و نامشان دلیلی است بر بودنم، چراکه این دو وجود، پس از پروردگار، مایه هستی ام بوده‌اند، دستم را گرفتند تا من به جایگاهی که اکنون در آن ایستاده‌ام، برسم، سپاس‌گزاری می‌کنم. هم‌چنین از استادگرامی‌ام، که در کمال سعه صدر، با حسن خلق و فروتنی، از هیچ کمکی در این عرصه بر من دریغ ننمودند و زحمت راهنمایی این رساله را بر عهده گرفتند و از همه‌ی دوستانم که با همکاری بی‌دریغشان بنده را در جهت پیشبرد این پایان‌نامه صمیمانه یاری کردند، تشکر می‌کنم.

چکیده

مدل موران^۱، یکی از اساسی‌ترین مدل‌های ژنتیک جمعیت می‌باشد که برای مطالعه فرآیند ادغام و جهش ژنتیکی در زمان پیوسته مورد مطالعه قرار می‌گیرد. در این پایان‌نامه، مدل موران تعمیم یافته مورد مطالعه قرار می‌گیرد. در این مدل فرض می‌شود که در هر لحظه از زمان تنها یک پیشامد بازترکیبی می‌تواند به وقوع بپیوندد. با در نظر گرفتن این فرض، دستگاهی شامل تعداد متناهی معادله‌ی دیفرانسیل به دست می‌آید. هدف این پایان‌نامه، مطالعه روش‌های مختلف حل چنین دستگاهی است.

واژه‌های کلیدی: فرآیند بازترکیبی، جهش ژنتیکی، بازنمونه‌گیری

^۱ Moran Model

فهرست

پنج	چکیده
۱	پیش‌گفتار
۳	۱ تعاریف و مفاهیم مقدماتی
۴	۱.۱ مدل‌های ریاضی در ژنتیک
۷	۲.۱ مفاهیم مقدماتی ریاضی
۱۶	۲ بازترکیبی
۱۷	۱.۲ بازترکیبی روی اندازه‌ها
۲۵	۲.۲ معادله حد جمعیت نامتناهی (IPL) و جواب‌های آن
۴۵	۳ مدل موران و بازترکیبی
۴۶	۱.۳ مدل موران و بازترکیبی
۵۳	۲.۳ فرآیند بازترکیبی محض
۵۷	۱.۲.۳ فرمولبندی فرآیند بازترکیبی محض
۶۰	۲.۲.۳ تجزیه و تحلیلی از امید ریاضی
۶۸	۳.۳ مقایسه فرآیند بازترکیبی با دینامیک تعیینی
۷۲	۴.۳ گشتاور دلخواه برای دو مکان

۷۴	۵.۳	بازترکیبی و جهش ژنتیکی
۷۶	۶.۳	بازترکیبی و بازنمونه‌گیری
۷۸			آ
۷۸	۱.آ	تعاریف ژنتیکی
۸۰			ب
۸۴		مراجع
۸۶		واژه‌نامه فارسی به انگلیسی

فهرست تصاویر

۶	بازترکیبی	۱.۱
۴۶	پیشامد بازترکیبی متناظر با مجموعه G (دایره‌های مشخص شده)	۱.۳
۴۷	مدل موران در حضور فرآیند بازترکیبی	۲.۳

پیش‌گفتار

ژنتیک جمعیت بر پایه‌ی مطالعات مستقل هاردی^۱ در انگلستان و وینبرگ^۲ در آلمان در سال ۱۹۰۸ شکل گرفت. این دانشمندان، مطالعه نحوه رفتار ژن‌ها و تغییرات فراوانی آن‌ها در جمعیت و نقش آن‌ها در تکامل موجودات زنده را دنبال و مهمترین قانون هاردی-وینبرگ مرتبط با ژنتیک جمعیت را در اوایل این قرن پیشنهاد کردند [۱۱].

ساده‌ترین مدل از ژنتیک جمعیت توسط فیشر^۳ در سال ۱۹۳۰ و رایت^۴ در سال ۱۹۳۱ مطرح شد که به توصیفی از دینامیک در زمان گسسته پرداختند. پاتریک موران^۳ در سال (۱۹۵۸) یک مدل متناوبی به مدل رایت-فیشر^۴ پیشنهاد کرد. فرض بر این است که در مدل موران در مقایسه با مدل رایت-فیشر، در هر نسل فقط یکی از ژن‌ها، تولید ژن کرده و ژن دیگر از بین می‌رود. در سال ۱۹۸۲ با همکاری کینگمن^۵، فرآیند ادغام برای مدل‌های رایت-فیشر و موران مطرح شد [۷].

در سال‌های اخیر مسائل احتمالاتی ژنتیک جمعیت در شرایطی که تحت تأثیر فرآیندهای تکاملی مثل جهش ژنتیکی، انتخاب، بازترکیبی، مهاجرت و رانش ژنتیکی هستند، مطرح شده است. به عبارتی دینامیک حد در بی‌نهایت اندازه‌ی جمعیت با توجه به قانون اعداد بزرگ منجر به یک تعریف تعیینی (بر حسب سیستم‌های دینامیک گسسته یا معادلات دیفرانسیل) می‌شود اما اگر جمعیت متناهی باشد به ویژه بین افراد رابطه‌هایی مثل انتخاب یا بازترکیبی وجود داشته باشد، بیشتر بحث شده است. بنابراین

^۱ Hardy

^۲ Weinberg

^۳ Patrick Moran

^۴ Wright - Fisher

^۵ Kingman

روشی برای ساختن ساختارهای خطی در سیستم‌های تصادفی در مدل موران در حضور فرآیند بازترکیبی مطرح شده است [۵].

در این پایان‌نامه، مدل موران مورد مطالعه قرار می‌گیرد. در ابتدا مدل‌های ریاضی در ژنتیک بیان و در ادامه مفاهیم ریاضی معرفی می‌شود. سپس مدل موران، فرآیند ادغام و فرآیند بازترکیبی ارائه می‌شود و مدل موران در حضور فرآیند بازترکیبی مورد مطالعه قرار می‌گیرد.

فصل اول این پایان‌نامه، با بیان مدل‌های ریاضی در ژنتیک و تعاریف ریاضی آغاز می‌شود. در ادامه این فصل قضیه تبدیل معکوس موبیوس را بیان می‌کنیم.

در فصل دوم، فرآیند بازترکیبی، عملگر آن و ویژگی‌های آن را ارائه خواهیم داد. در ادامه این فصل، معادله حد جمعیت نامتناهی و روش‌هایی برای جواب‌های آن را بیان می‌کنیم.

در فصل سوم، مدل موران و بازترکیبی را ارائه می‌دهیم. در این فصل فرآیند بازترکیبی محض و فرمولبندی آن را را مورد بررسی قرار خواهیم داد. در ادامه با استفاده از این فرمولبندی تجزیه و تحلیلی از امید ریاضی مطرح می‌شود و مقایسه‌ی فرآیند بازترکیبی با دینامیک تعیینی، گشتاور دلخواه برای دو مکان را ارائه خواهیم داد. در بخش‌های انتهایی این فصل، فرآیند بازترکیبی را در حضور دو فرآیند جهش ژنتیکی و باز نمونه‌گیری بررسی خواهیم کرد.

فصل اول

تعاریف و مفاهیم مقدماتی

علم ژنتیک شامل بررسی اساس وراثت، ماهیت مولکولی ماده‌ی ژنتیکی، نحوه‌ی تنظیم متابولیسم ژن‌ها^۱، سازماندهی ژن‌ها در هسته‌ی سلول و چگونگی توزیع و رفتار ژن‌ها در جمعیت‌ها می‌باشد [۱۱]. در این زمینه توسط محققین و پزشکان علم ژنتیک و زیست‌شناسی مدل‌هایی به کار گرفته شده است که در این فصل مدل‌های ریاضی در ژنتیک از جمله مدل موران، فرآیند ادغام^۲ و فرآیند بازترکیبی^۳ مورد بررسی قرار گرفته است [۷].

در ادامه هم‌چنین یک سری از مفاهیم مقدماتی ریاضی که شامل فضای موضعاً فشرده و هاسدورف X ، مجموعه تمام اندازه روی $(\mathcal{M}(X))$ ، فضای باناخ $(\mathcal{M}(X), \|\cdot\|)$ ، مجموعه تمام اندازه‌های مثبت $\mathcal{M}_+^m(X)$ به‌طوری‌که اندازه روی کل فضا برابر m است و هم‌چنین بررسی ویژگی‌های زیرمجموعه‌های $\mathcal{M}_+^m(X)$ مطرح می‌شود و نیز قضیه‌ی کلاس

^۱ Genes

^۲ Coalescent Process

^۳ Recombination

یکنوایی^۱ [۸]، σ -جبر بئر^۲ [۱۰]، سادک^۳ [۸]، مجموعه مکان^۴ [۳]، فضای پایه^۵ [۳] و قضیه تبدیل معکوس موبیوس^۶ [۱] در این فصل مورد بحث قرار گرفته است.

تعاریف کوتاهی از ژن، آلل^۷، لکوس ژنی^۸، ژنتیک جمعیت^۹، بازترکیبی، کراسینگ اور^{۱۰}، کروموزوم همتا (همولوگ)^{۱۱}، جهش ژنتیکی^{۱۲}، نوکلئوتید^{۱۳} و دی ان ای^{۱۴} در پیوست آ ارائه شده است.

۱.۱ مدل‌های ریاضی در ژنتیک

۱. مدل موران: مدل موران یکی از اساسی‌ترین مدل‌های تکثیر جمعیت می‌باشد که رابطه‌ی میان ژن‌ها را بیان می‌کند و دینامیکی از تکامل یک جمعیت ایده‌آل و انتقال ژن‌ها را از یک نسل به

Monotone Class	^۱
Baire	^۲
Simplex	^۳
The Set of Sites	^۴
State Space	^۵
Möbius Inversion Transition	^۶
Allele	^۷
Locus	^۸
Population Genetics	^۹
Crossover	^{۱۰}
Homologous Chromosome	^{۱۱}
Mutation Genetics	^{۱۲}
Nucleotide	^{۱۳}
Deoxyribonucleic Acid (DNA)	^{۱۴}

نسل دیگر توصیف می کند. در این مدل شرایط زیر را در نظر می گیریم:

(الف) جمعیت از اندازه ی ثابت N است.

(ب) نسل ها گسسته در نظر گرفته می شوند.

(ج) در هر نسل فقط یکی از زن ها، تولید زن کرده و زن دیگر از بین می رود.

(د) ارجحیت ژنتیکی وجود ندارد.

(ه) جهش ژنتیکی وجود ندارد.

(و) پدیده ی جغرافیایی خاصی مدنظر نیست (محیط را ایده آل در نظر بگیرید).

بنابر این در هر نسل یک زن یا از بین می رود و با تعداد تصادفی زن، ν_i ، جایگزین می شود یا به حیات خود ادامه می دهد، به طوری که تعداد افراد زاده شده در نسل بعدی از اندازه ی ثابت N می باشد.

۲. فرآیند ادغام: نمونه ای از N زن را در نظر بگیرید. احتمال این که در گذشته، دو زن در نسل ماقبل جد مشترک^۱ خود را پیدا کنند، $\frac{1}{N}$ و احتمال این که در نسل گذشته، دو زن جد غیر مشترکی داشته باشند $(1 - \frac{1}{N})$ ، می باشد. از آن جایی که نسل ها مستقل از هم می باشند و احتمال این که این دو زن در برگشت زمان در j نسل قبل، جد مشترک خود را پیدا کند، $(1 - \frac{1}{N})^{j-1} \frac{1}{N}$ می باشد. بنابراین توزیع زمان ادغام دو زن، T_2 (اولین زمانی که دو زن، جد مشترک خود را پیدا می کنند)، به شرح زیر است:

$$\mathbb{P}(T_2 = j) = (1 - \frac{1}{N})^{j-1} \frac{1}{N} \quad (j \in \mathbb{N}).$$

احتمال این که k زن که، $2 \leq k \leq n$ ، در نسل قبل دارای k جد متمایز باشند، برابر است با:

$$\frac{N-1}{N} \frac{N-2}{N} \dots \frac{N-k+1}{N} = 1 - \binom{k}{2} \frac{1}{N} + O\left(\frac{1}{N^2}\right).$$

بنابراین وقتی n خیلی کوچکتر از N باشد احتمال این که پیشامد ادغام رخ ندهد، برابر

$1 - \binom{k}{2} \frac{1}{N}$ می باشد و احتمال این که پیشامد ادغام در نسل داده شده رخ دهد برابر است

با $\binom{k}{2} \frac{1}{N}$. پس توزیع زمان ادغام دو ژن از یک نمونه اندازه k ، $k \geq 2$ ، به طوری که در

j نسل قبل، جد مشترک خود را پیدا کنند، T_k ، برابر است با:

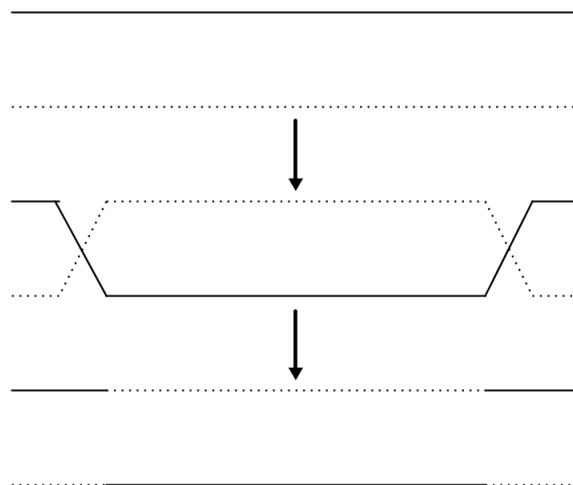
$$\mathbb{P}(T_k = j) \simeq \left(1 - \binom{k}{2} \frac{1}{N}\right)^{j-1} \binom{k}{2} \frac{1}{N}, (j = 1, 2, \dots).$$

۳. فرآیند بازترکیبی: عبارت است از باز چینش مواد ژنتیکی در باز تولید جنس جمعیت که این

فرآیند در هنگام تقسیم میوز (به وجود آمدن گامت‌ها که از سلول‌های تخم یا اسپرم هستند)

می تواند روی دهد. کروموزوم‌های همتا، می توانند در برخی نقاط، کراس اور انجام دهند و مواد

ژنتیکی را با یکدیگر ردوبدل کنند (شکل (۱.۱) را ببینید).



شکل ۱.۱: بازترکیبی

۲.۱ مفاهیم مقدماتی ریاضی

فرض کنید X یک فضای موضعاً فشرده (و هاسدورف) باشد و مجموعه‌ی $\mathcal{M}_+(X)$ مجموعه‌ای از همه‌ی اندازه‌های برل، حقیقی مقدار، متناهی، مثبت و منتظم روی X باشد به طوری که $\circ \in \mathcal{M}_+(X)$ است.

به طور مشابه، فضای $\mathcal{M}(X)$ ، یک فضای برداری از اندازه‌های برل، حقیقی مقدار، متناهی و منتظم (نه لزوماً مثبت) است که تحت نرم $\|\omega\| = |\omega|(X)$ با $\|\omega\| = |\omega|(X)$ اندازه‌ی تغییر کل^۱ می‌باشد، یک فضای باناخ است، زیرا فضای برداری $\mathcal{M}(X)$ روی \mathbb{R} با نرم زیر یک فضای باناخ است:

$$\|\cdot\|: \mathcal{M}(X) \rightarrow [0, \infty).$$

باید ثابت کنیم هر دنباله‌ی کوشی از اعضای $\mathcal{M}(X)$ با متر القایی از نرم بالا، به عضوی از $\mathcal{M}(X)$ همگراست. متر القایی از نرم به شکل زیر تعریف می‌شود:

$$d(.,.) : \mathcal{M}(X) \times \mathcal{M}(X) \rightarrow [0, \infty),$$

$$(\omega, \omega') \mapsto \|\omega - \omega'\|,$$

بنابراین داریم:

$$\forall \omega, \omega' \in \mathcal{M}(X) : d(\omega, \omega') = \|\omega - \omega'\| = |(\omega - \omega')(X)| = |\omega(X) - \omega'(X)|.$$

فرض کنید $\{\omega_n\}_{n=1}^{\infty}$ یک دنباله‌ی کوشی دلخواه در $\mathcal{M}(X)$ باشد. بنا به تعریف کوشی بودن داریم:

$$\forall \varepsilon > 0, \exists N \in \mathbb{N} \text{ s.t. } \forall n, m \geq N \quad d(\omega_n, \omega_m) < \varepsilon$$

$$\equiv \forall \varepsilon > 0, \exists N \in \mathbb{N} \text{ s.t. } \forall n, m \geq N \quad |\omega_n(X) - \omega_m(X)| < \varepsilon.$$

^۱ Total Variation Measure

در نتیجه دنباله‌ی $\{\omega_n\}_{n=1}^{\infty}$ ، دنباله‌ای کوشی از اعداد مختلط (با در نظر گرفتن متر اقلیدسی روی \mathbb{R}) است. اما می‌دانیم که \mathbb{R} با متر اقلیدسی، فضای متریک تام است، پس این دنباله باید به عدد حقیقی در \mathbb{R} مانند λ همگرا باشد. یک اندازه‌ی احتمال دلخواه در $\mathcal{M}(X)$ مانند ν اختیار می‌کنیم و تعریف می‌کنیم $\omega := \lambda\nu$. چون $\mathcal{M}(X)$ یک فضای برداری روی \mathbb{R} است و $\nu \in \mathcal{M}(X)$ و $\lambda \in \mathbb{R}$ بنابراین $\omega = \lambda\nu \in \mathcal{M}(X)$ دیدیم که $\lim_{n \rightarrow \infty} \omega_n(X) = \lambda$ به صورت زیر تعریف می‌شود:

$$\forall \varepsilon > 0, \exists N \in \mathbb{N} \text{ s.t. } \forall n \geq N \quad |\omega_n(X) - \lambda| < \varepsilon. \quad (1.1)$$

ولی از طرفی داریم:

$$\omega(X) = (\lambda\nu)(X) = \lambda(\nu(X)) = \lambda(1) = \lambda. \quad (2.1)$$

در نتیجه با جایگذاری رابطه (2.1) در رابطه (1.1) داریم:

$$\begin{aligned} \forall \varepsilon > 0, \exists N \in \mathbb{N} \text{ s.t. } \forall n \geq N \quad |\omega_n(X) - \omega(X)| < \varepsilon \\ \equiv \forall \varepsilon > 0, \exists N \in \mathbb{N} \text{ s.t. } \forall n \geq N \quad d(\omega_n, \omega) < \varepsilon \equiv \lim_{n \rightarrow \infty} \omega_n = \omega. \end{aligned}$$

نتیجه می‌گیریم که این دنباله‌ی کوشی به $\omega \in \mathcal{M}(X)$ همگراست. پس نشان دادیم که $(\mathcal{M}(X), \|\cdot\|)$ فضای باناخ است.

طبق قضیه‌ی نمایش ریس - مارکوف^۱، $\mathcal{M}(X)$ دوگان فضای $C_{\infty}(X, \mathbb{R})$ می‌باشد که در آن فضای شامل توابع پیوسته از فضای باناخ X به اعداد حقیقی می‌باشد که در بی‌نهایت صفر می‌شوند.

زیر مجموعه‌های $\mathcal{M}_+^m(X) := \{\omega \in \mathcal{M}_+(X) | \omega(X) = m\}$ دارای دو ویژگی زیر می‌باشند:

^۱ به مرجع [۱۰] مراجعه شود.

(۱) محدبند، زیرا:

$$\forall \omega, \nu \in \mathcal{M}_+^m(X), 0 < t < 1, \omega(X) = m, \nu(X) = m,$$

بنابراین

$$\gamma_t(X) = ((1-t)\omega + t\nu)(X) = (1-t)m + tm = m \Rightarrow \gamma_t \in \mathcal{M}_+^m(X),$$

و چون ترکیب خطی از اندازه‌های متناهی و برل، متناهی و برل‌اند، در نتیجه γ_t اندازه متناهی و برل است. همچنین برای خاصیت منتظم خارجی داریم:

$$\nu(A) = \inf\{\nu(U) | U \text{ باز}, A \subset U\} \text{ و } \omega(A) = \inf\{\omega(U) | U \text{ باز}, A \subset U\}$$

بنابراین داریم:

$$((1-t)\omega + t\nu)(A) = \inf\{((1-t)\omega + t\nu)(U) | U \text{ باز}, A \subset U\}.$$

برای منتظم داخلی:

$$\nu(A) = \sup\{\nu(U) | U \text{ فشرده}, U \subset A\} \text{ و } \omega(A) = \sup\{\omega(U) | U \text{ فشرده}, U \subset A\}$$

در نتیجه داریم:

$$((1-t)\omega + t\nu)(A) = \sup\{((1-t)\omega + t\nu)(U) | U \text{ فشرده}, U \subset A\}.$$

پس $\gamma_t \in \mathcal{M}_+^m(X)$.

(۲) بسته‌اند:

از آنجایی که $\|\cdot\| : \mathcal{M}_+(X) \rightarrow \mathbb{R}^{\geq 0}$ پیوسته است، وارون هر مجموعه‌ی بسته‌ای در برد

$\|\cdot\|$ ، مجموعه‌ای بسته در $\mathcal{M}_+(X)$ می‌شود. اکنون چون $\{m\}$ در $\mathbb{R}^{\geq 0}$ بسته است پس

$$\mathcal{M}_+^m(X) = (\|\cdot\|)^{-1}(\{m\}), \text{ در } \mathcal{M}_+^m(X) \text{ بسته است.}$$

یکی از زیر مجموعه‌های $\mathcal{M}_+^m(X)$ شامل $\mathcal{M}_+^1(X) = \mathcal{P}(X)$ می‌باشد که مجموعه‌ای از

اندازه‌های احتمال روی X ، محدب و بسته می‌باشد. برای اندازه‌های مثبت ω ، داریم:

$$\|\omega\| = \omega(X).$$

ملاحظه ۱.۲.۱. قضیه‌ی کلاس یکنوایی بیان می‌کند که اگر σ -جبر برل X به وسیله‌ی خانواده‌ای از مجموعه‌ها مانند C که تحت اشتراک متناهی بسته‌است، تولید شود، آن‌گاه یک اندازه‌ی برل منتظم روی X به طور یکتا با مقادیرش روی C ، مشخص می‌شود.

تعریف ۲.۲.۱. σ -جبر بئر، فضایی مانند X به صورت زیر تعریف می‌گردد:

$$\mathfrak{B} = \langle \{f^{-1}(U) \mid U \subseteq \mathbb{R}, f \in C_c(X)\} \rangle.$$

لم ۳.۲.۱. فرض کنید X_1 و X_2 دو فضای توپولوژیک باشند که فضای حاصل ضربی آن‌ها ($X = X_1 \times X_2$) زمانی که با توپولوژی حاصل ضربی مجهز شود، فضایی موضعاً فشرده و هاسدورف باشد. از طرفی ν و ν' دو اندازه‌ی برل منتظم بر روی X باشند، در این صورت داریم:

$$E := \{E_1 \times E_2 \mid E_1 \in \mathcal{B}_1, E_2 \in \mathcal{B}_2\},$$

که در آن \mathcal{B}_1 و \mathcal{B}_2 به ترتیب σ -جبر برل‌های تولید شده توسط X_1 و X_2 هستند. اگر ν و ν' روی اعضای E مقدار یکسان داشته باشند ($\nu(E_1 \times E_2) = \nu'(E_1 \times E_2)$)، آن‌گاه روی تمام برل‌های X مقدار یکسانی خواهد داشت.

اثبات. چون ν و ν' روی E برابرند و ν و ν' اندازه‌های برل‌اند و اعضای E همگی خود نیز برل هستند، پس ν و ν' روی σ -جبر تولید شده به وسیله‌ی E (با توجه به ملاحظه ۱.۲.۱) باهم برابرند.

اگر مجموعه برل‌ها با σ -جبر تولید شده توسط E برابر باشند ($\mathcal{B} = \langle E \rangle$)، آن‌گاه حکم برقرار است، ولی در حالتی که $\mathcal{B} \neq \langle E \rangle$ باشد، آن‌گاه $\langle E \rangle$ یک σ -جبر است که شامل

$$\{f^{-1}(U) \mid U \subseteq \mathbb{R}, f \in C_c(X)\},$$

است و از آن جا که σ -جبر تولید شده معادل با کوچک‌ترین σ -جبر عبارت فوق است پس باید داشته

باشیم:

$$\langle \{f^{-1}(U) | U \subseteq \mathbb{R}, f \in C_c(X)\} \rangle \subseteq \langle E \rangle,$$

در نتیجه $\mathcal{B} \subseteq \langle E \rangle$ و چون ν و ν' روی $\langle E \rangle$ با هم برابرند پس روی \mathcal{B} نیز برابر می‌باشند. بنابراین ν و ν' دو اندازه‌ی برل و در نتیجه بئر منتظم‌اند که روی تمام بئرهای X با هم برابرند. پس با توجه به این که هر اندازه‌ی بئر منتظم روی یک فضای موضعاً فشرده و هاسدورف، یک توسیع یکتا به برل‌های آن فضا خواهد داشت و از طرفی چون $\nu|_B = \nu'|_B$ می‌باشد، بنابراین داریم:

$$\nu = \nu'.$$

□

مثال‌های استاندارد فضاهای موضعاً فشرده عبارت‌اند از فضاهای فشرده که خود شامل مجموعه‌های متناهی، بازه‌ی بسته‌ی $[0, 1]$ ، فضاهای \mathbb{R}^k و \mathbb{Z}^l ها که $k, l \geq 0$ می‌باشد که هر ترکیب دلخواهی از دو مورد آخر موضعاً فشرده می‌باشد. تمام موارد ذکر شده به طور قطع کل فضاهای پارامترهای معنی‌دار مورد انتظار در کاربردهای زیستی (زیست‌شناسی) را می‌پوشانند.

برای مجموعه‌ی اندازه‌های احتمال روی X متناهی داریم:

$$\mathcal{P}(X) = \left\{ \omega \mid \omega = \sum_{i=1}^M a_i e_i, e_i(\{j\}) = \delta_{ij}, a_1 + \dots + a_M = 1, a_i \geq 0 \right\},$$

رابطه‌ی فوق یک سادک نامیده می‌شود. اگر عدد اصلی X ، M باشد، بعد سادک $(M-1)$ است، یعنی هر اندازه احتمال یک ترکیب خطی محدب یکتا از اندازه‌های خارجی، M است که ترکیبی از رئوس سادک می‌باشد.

مجموعه محل‌هایی که خاصیت‌های ژنتیکی دارند و بر روی کروموزوم‌ها قرار می‌گیرند، مجموعه

^۱ جهت اثبات کامل‌تر به پیوست (ب) مراجعه شود.

مکان می‌گیریم که با $S = \{0, 1, \dots, n\}$ نمایش داده می‌شود. برای مکان i -ام فضای موضعاً فشرده‌ی X_i را در نظر می‌گیریم. بنابراین مجموعه X (یا فضای پایه) دارای ساختار ضربی می‌باشد، که روی پایه‌ی مکان‌ها توصیف شده است. به عبارت دیگر داریم:

$$X = X_0 \times X_1 \times \dots \times X_n, \quad (3.1)$$

که این یک فضای موضعاً فشرده می‌باشد.

فضای باناخ X از اندازه‌ها را با نرم متناظرش $\|\cdot\|$ در نظر می‌گیریم. توجه کنید که $\mathcal{M}(X)$ شامل فضای حاصل ضربی تانسوری (جبری) $\mathcal{M}^\otimes := \otimes_{i=0}^n \mathcal{M}(X_i)$ می‌باشد و نقاط حدی آن‌ها (در این جا، بستار با $\|\cdot\|$ -نرم $\mathcal{M}(X)$ مدنظر می‌باشد) $\bar{\mathcal{M}}^\otimes \subseteq \mathcal{M}(X)$ است. بنابراین \mathcal{M}^\otimes شامل اندازه‌های ضربی $\omega = \omega_0 \otimes \dots \otimes \omega_n$ است که در آن $\omega_i \in \mathcal{M}(X_i)$ می‌باشد. همچنین همه‌ی ترکیبات خطی (متناهی) از اندازه‌ها از این نوع هستند.

برای $0 \leq i \leq n$ قرار می‌دهیم $X_i = \{1, \dots, M_i\}$ ، در این صورت X یک مجموعه متناهی با M عضو که $M = \prod_{i=0}^n M_i$ می‌باشد و $\mathcal{M}(X) = \mathcal{M}^\otimes$ یک فضای برداری حقیقی با بعد M است. در حالتی که X گسسته باشد، آن‌گاه داریم $\mathcal{M}(X) = \mathcal{M}^\otimes$.

در این جا X را متناهی و X_i ها را فضای پایه (همانند \mathbb{R}) یا یک زیر مجموعه‌ی فشرده در نظر می‌گیریم. بنابراین \mathcal{M}^\otimes یک زیر فضای سره^۱ از $\mathcal{M}(X)$ است.

افزاده‌ی مرتب^۲ که از مجموعه مکان‌های S به‌طور یکتا توسط یک مجموعه از برش‌ها^۳ یا کراس اورها^۴ مشخص می‌شوند را در نظر بگیرید. فرض می‌کنیم امکان برش موقعیت‌ها در مکان‌هایی

^۱ True Subspace

^۲ Ordered Partitions

^۳ Cuts

^۴ Crossovers