Es decir que, en promedio, H_1 es igual a H_0 menos una quita proporcional a H_0, en concreto el producto de H_0 y el inverso del número de alelos $(2N)$ de la población.

Si tengo un gran número de loci, todos con el mismo valor H_0, cada uno puede tener un valor H_1 igual, mayor o menor que H_0 luego de una generación, pero el valor promedio (en el límite, si el número de loci tiende a infinito) tiende a la esperanza, que es menor que el valor inicial. De manera equivalente, si tomo un único locus y repito el proceso desde el mismo punto de partida un gran número de vedces, el comportamiento promedio de H en esas distintas realizaciones del proceso tiende a la esperanza.

Naturalmente, si pasamos ahora de t1 a t2:

$$E(H_2) = H_1(1 - 1/2N)$$

Remplazando H_1 por $E(H_1)$, cuyo valor obtuvimos más arriba:

$$E(H_2) = H_0(1 - 1/2N)^2$$

Generalizando, luego de t generaciones

$$E(H_t) = H_0(1 - 1/2N)^t$$

```
#  curve(  3*x^2 + x, from=0, to=100, n=300, xlab="xvalue", ylab="yvalue",
#             col="blue", lwd=2, main="Plot of (3x^2 + x)"  )
#  legend(1, 95, legend=c("Line 1", "Line 2"),
#      col=c("red", "blue"), lty=1:2, cex=0.8)

    Ho = 0.7
    N1  = 1000
  curve( Ho*((1 - (1/(2*N1)))^x) , from= 0, to=(2*N1), n=300, xlab="tiempo (generaciones)", ylab="E(H_t)",col="blue", main= "H_t en función del tiempo. Azul: N1; rojo: N2", N2, ylim = c(0, 1))

    N2 = 100
  curve( Ho*((1 - (1/(2*N2)))^x) , col="red", add = TRUE  )
```