

# Roteiro para simulações de seleção, deriva, e seleção com deriva.

## CM T27, 2018

### 1. Simulações determinísticas de seleção natural.

Usando uma linguagem de programação de sua escolha (pode até ser uma planilha, como demonstrei em sala), realize simulações que permitam abordar alguns conceitos fundamentais, listados a seguir.

- (a) Mostre como a intensidade da seleção (definido pelo parâmetro “ $s$ ”) impacta a trajetória do alelo favorecido.
- (b) Mostre como o padrão de dominância influencia a trajetória da mutação vantajosa. Isso envolve comparar a trajetória de um alelo vantajoso dominante em relação a um que é recessivo. Ofereça uma explicação para eventuais diferenças entre essas trajetórias.
- (c) Faça uma simulação para o caso em que há vantagem do genótipo heterozigoto. Discuta o seu achado e contraste com os casos anteriores.

### 2. Simulações de deriva genética.

Produza um código para simular o processo de deriva genética de acordo com o modelo Wright-Fisher, para um locus bialélico, sem mutação, sem seleção, sem migração ou mutação, e com cruzamentos ocorrendo ao acaso. Use a linguagem de programação que preferir.

Use suas simulações para responder às seguintes questões. Para muitas das questões a seguir o ideal é realizar um grande número de simulações (10, 20 ou 100, ou mais) para as mesmas condições (frequência alélica inicial, tamanho populacional, número de gerações) para então analisar o resultado desse conjunto.

- (a) Vimos em sala que há uma previsão teórica sobre como se dá o declínio da taxa de heterozigose ( $H$ ) ao longo do tempo. Teste esse resultado teórico para um conjunto grande de simulações, avaliando se a redução da  $H$  observado para um conjunto grande de simulações se aproxima da expectativa teórica. Faça isso para uma população grande e uma pequena, para melhor visualizar o efeito de  $N$  sobre a perda de diversidade genética.
- (b) Uma previsão teórica que mostrei em sala é que a frequência inicial de um alelo define sua probabilidade de fixação. Faça simulações para testar se isso de fato se observa, e discuta os achados.
- (c) Na página 309 do texto de Hedrick, ele afirma que “If there are enough replicate populations, then there is no expected change in the mean allele frequency from genetic

drift". A ideia dele de "expected change" é a média para um conjunto grande de réplica dos processo de deriva. Use suas simulações para testar essa ideia.

- (d) Nos exercícios acima examinamos os efeitos da deriva sobre H, sobre a probabilidade de um alelo se fixar, e sobre a frequência alélica média. Vamos agora considerar o efeito da deriva sobre a diferenciação entre populações. Para isso, faça um conjunto de simulações em que todas as populações começam com as frequências dos alelos "A" e "a" no mesmo valor, de 0,5. Para cada geração, calcule duas estatísticas: a frequência alélica média para o conjunto de populações, e a variância entre as frequências alélicas para o conjunto de populações. Lembre que a variância é uma medida dos desvios das frequências alélicas das simulações em relação à média do conjunto, para cada geração. A ideia é que no final vocês possam discutir como a variância entre as diferentes réplicas muda ao longo do tempo.

### 3. Simulações de deriva com seleção.

Discutimos em sala formas de simular deriva com seleção conjuntamente. Vou colocar um algoritmo possível para essa simulação no site. Implemente uma simulação para uma população simultaneamente sobre os efeitos de deriva e seleção para explorar os seguintes conceitos.

- (a) Primeiro explore a força relativa de seleção e deriva. Partindo de uma frequência alélica inicial de  $p=0,1$ , compare as trajetórias de alelos selecionados em populações nas quais: (i) a deriva é muito fraca; (ii) a deriva é muito forte. Deixo ao encargo de vocês encontrar valores de "s" e "N" que ilustrem bem o contraste entre esses cenários.
- (b) A seguir, explore os efeitos da frequência alélica inicial sobre as trajetórias do alelo favorecido sob seleção. Para fazer isso, compare a frequência com que uma mutação vantajosa se fixa (ou atinge uma frequência alta, próxima à fixação), dependendo da frequência inicial com a qual ela ocorre. Um valor importante para ser explorado é aquele em que a mutação ocorre em frequência de  $1/2N$  (ou seja, está presente em uma única cópia, pois acabou de ocorrer). As chances dessa mutação se fixar diferem muito do que seria esperado sob um modelo determinístico?