

Propriedades estatísticas do modelo contínuo de Ohta-Kimura

Maria Augusta C. A. de Oliveira¹

UFSJ, Ouro Branco, MG

Telles Timoteo da Silva²

DEFIM/UFSJ, Ouro Branco, MG

A genética é a ciência dos genes, da hereditariedade e da variação dos organismos. Estuda a forma como se transmitem as características biológicas de geração para geração. A genética de populações se utiliza de modelos matemáticos para tentar explicar e prever a forma como se dá a evolução dos genes [2].

Dentre os modelos matemáticos utilizados, se destaca o modelo contínuo de Ohta-Kimura [1, 3, 4]. A dinâmica dos genes na população, segundo este modelo, pode ser aproximada por uma equação de difusão com constante de difusão D (equação do calor). O conjunto \mathbb{R} (conjunto dos números reais) passa a ser o conjunto dos tipos gênicos.

Neste trabalho estudamos a densidade média dos tipos diferindo de ξ , $\Psi_1(\xi; t)$. A equação para $\Psi_1(\xi; t)$, deduzida em [1, 3], pode ser descrita da seguinte forma:

$$\frac{\partial}{\partial t} \Psi_1(\xi; t) = 2D \frac{\partial^2}{\partial \xi^2} \Psi_1(\xi; t) - \gamma \Psi_1(\xi; t) + \gamma \delta(\xi), \quad (1)$$

com condição inicial arbitrária $\Psi_1(\xi; 0) = h(\xi)$, onde a variável ξ mede a distância entre dois tipos gênicos, γ é a taxa de amostragem dos genes para a reprodução, $\delta(\xi)$ representa a “função delta de Dirac” e $h(\xi)$ é uma função densidade de probabilidade.

Resolvemos a equação utilizando a transformada de Fourier, definida da seguinte forma:

$$\widehat{\Psi}_1(k; t) = \int_{-\infty}^{\infty} \Psi_1(\xi; t) e^{\xi k i} d\xi \quad (2)$$

e obtemos

$$\frac{d\widehat{\Psi}_1}{dt} = -(2D\omega^2 + \gamma)\widehat{\Psi}_1 + \gamma, \quad (3)$$

cujas soluções são, no espaço da transformada,

$$\widehat{\Psi}_1(k; t) = e^{-2Dk^2t - \gamma t} \left[\widehat{\Psi}_1(k; 0) + \int_0^t e^{2Dk^2s + \gamma s} \gamma ds \right]. \quad (4)$$

Considere a variável aleatória Ξ_t cuja densidade é $\Psi_1(\xi; t)$. Então a função $\widehat{\Psi}_1(k; t)$ é a função característica de Ξ_t e pode ser usada para obter algumas propriedades estatísticas da diferença genética Ξ . A média de Ξ_t é dada por

$$\mathbf{E}[\Xi_t] = -i \lim_{k \rightarrow 0} \frac{\partial}{\partial k} \widehat{\Psi}_1(k; t) = -ie^{-\gamma t} \lim_{k \rightarrow 0} \frac{\partial}{\partial k} \widehat{\Psi}_1(k; 0) = e^{-\gamma t} \mathbf{E}[\Xi_0], \quad (5)$$

¹magulourenco50698@gmail.com.

²timoteo@ufs.br

a qual vemos que decai exponencialmente a uma taxa γ , independente da condição inicial $\Psi_1(\xi; 0)$. Assim a média das diferenças genéticas tende a se concentrar em torno de 0 para um tempo longo. O segundo momento é dado por

$$\mathbf{E}[\Xi_t^2] = -\lim_{k \rightarrow 0} \frac{\partial^2}{\partial k^2} \widehat{\Psi}_1(k; t) = \frac{4D}{\gamma}(1 - e^{-\gamma t}) - e^{-\gamma t} \lim_{k \rightarrow 0} \frac{\partial^2}{\partial k^2} \widehat{\Psi}_1(k; 0). \quad (6)$$

Com (5) e (6) podemos calcular a variância de Ξ_t :

$$\begin{aligned} \mathbf{VAR}(\Xi_t) &= \mathbf{E}[\Xi_t^2] - (\mathbf{E}[\Xi_t])^2 \\ &= \frac{4D}{\gamma}(1 - e^{-\gamma t}) - e^{-\gamma t} \left\{ \lim_{k \rightarrow 0} \frac{\partial^2}{\partial k^2} \widehat{\Psi}_1(k; 0) \right\} + e^{-2\gamma t} \left[\lim_{k \rightarrow 0} \frac{\partial}{\partial k} \widehat{\Psi}_1(k; 0) \right]^2. \\ &= \frac{4D}{\gamma}(1 - e^{-\gamma t}) + e^{-\gamma t} \mathbf{VAR}(\Xi_0) + e^{-\gamma t}(1 - e^{-\gamma t}) (\mathbf{E}[\Xi_0])^2. \end{aligned}$$

Aqui, em particular, vemos que quando $\Psi(\xi; 0) = \delta(\xi)$ obtemos a expressão para a variância encontrada em [1].

Referências

- [1] Da Silva, T. T. and Fragozo, M. D. The Interplay between Population Genetics and Diffusion with Stochastic Resetting, *J. Phys. A: Math. Theor.*, **51**: 505002, 2018.
- [2] Edwards, A. W. F. The fundamental theorem of natural selection, *Theoretical Population Biology*, **61**: 335–337, 2002.
- [3] Fleming, W. and Viot, M. Some measure-valued Markov processes in population genetics theory, *Indiana Univ. Math. J.*, **28**: 817–43, 1979.
- [4] Ohta, Tomoko and Kimura, Motoo. A model of mutation appropriate to estimate the number of electrophoretically detectable alleles in a infinite population, *Genet. Res. Cam*, **22**: 201–204, 1973.