

O Processo de Wright-Fisher com Flutuações Markovianas nas Taxas de Mutação

Marco Aurélio Cacheado¹

Universidade Federal de São João Del Rei, Campus Alto Paraopeba, Ouro Branco, MG

Telles Timóteo da Silva²

Departamento de Física e Matemática, UFSJ, Ouro Branco, MG

1 Resumo

A genética populacional estuda a evolução do conjunto de genes de uma população de indivíduos, quando sujeitos a forças que tendem a modificar o conteúdo genético desta população [1]. Modelos matemáticos são formulados com a finalidade de explicar e prever como se dá esta evolução. Os modelos estocásticos [3], em especial, permitem que se leve em conta flutuações aleatórias nas condições do ambiente onde a população se encontra [5]. Neste trabalho vamos desenvolver e analisar um modelo em que há flutuação aleatória da taxa de mutação atuando num locus genético.

O modelo de Wright-Fisher é um modelo estocástico aplicado a situações em que as gerações da população não se sobrepõem [1]. Segundo este modelo, as flutuações aleatórias nas frequências dos genes são consequência da amostragem dos gametas durante o processo de reprodução [2]. Vamos considerar que os indivíduos são diplóides e apenas um locus genético está sob análise, para o qual há dois possíveis alelos, A e a . A população possui tamanho fixo de indivíduos, N , em cada geração. Os genes dos indivíduos na geração atual são amostrados com reposição dos genes dos indivíduos presentes na geração anterior. Quando um gene é amostrado, pode ocorrer uma mutação: o gene A se transforma em a a uma taxa μ , o gene a se transforma em A a uma taxa ν .

Este trabalho está sendo desenvolvido seguindo o esquema de reprodução do modelo acima, mas objetivando tratar matematicamente a possibilidade de que as taxas de mutação μ e ν sejam flutuantes no tempo, segundo uma cadeia de Markov $\delta(t)$ com matriz de transição \mathbb{P} . Supondo que a cadeia $\delta(t)$ possa assumir valores dentre E estados diferentes, $1, 2, \dots, E$, se $\delta(t)$ encontra-se no estado k , $k \in \{1, \dots, E\}$, então $\mu(t) = \mu_k$ e $\nu(t) = \nu_k$.

Define-se $f(t)$ como sendo a frequência do gene A num instante de tempo t . Sob estas hipóteses, a probabilidade da frequência do gene A ser $j/2N$ num determinado tempo

¹maucacheado@hotmail.com

²timoteo@ufs.br

$t + 1$, dado que no instante anterior t era exatamente $i/2N$ e a cadeia $\delta(t)$ se encontrava no estado k , é dada por

$$P \left[f(t+1) = \frac{j}{2N} \mid f(t) = \frac{i}{2N}, \delta(t) = k \right] = \frac{(2N)!}{j!(2N-j)!} [p_i(t)]^j [1 - p_i(t)]^{2N-j} \quad (1)$$

em que $p_i(t)$ é

$$p_i(t) = \frac{i}{2N}(1 - \mu_k) + \nu_k \left(1 - \frac{i}{2N} \right). \quad (2)$$

Uma medida importante do comportamento do processo é a **heterozigidade** [4], que é a probabilidade de se selecionar dois genes distintos com reposição num determinado tempo, calculada por $H(t) = 2f(t)[1 - f(t)]$. Aplicando a definição às condições de estudo, conclui-se que o valor esperado da heterozigidade num instante de tempo $t + 1$ condicionada à frequência do gene A do instante de tempo anterior t e ao estado de transição das taxas de mutação do instante de tempo anterior $\delta(t)$ é dada pela Equação (3)

$$\begin{aligned} E \left[H(t+1) \mid f(t) = \frac{i}{2N}, \delta(t) = k \right] & \quad (3) \\ = \left(1 - \frac{1}{N} \right) \left\{ [1 - \mu_k - \nu_k]^2 H(t) + 2[\mu_k - \nu_k][1 - \mu_k - \nu_k] f(t) + 2\nu_k [1 - \nu_k] \right\}. \end{aligned}$$

Neste trabalho será apresentado o cálculo de $E[H(t)]$ para o caso em que $\delta(t)$ é uma cadeia de Markov estacionária, bem como será analisado o comportamento assintótico do processo por meio do cálculo do $\lim_{t \rightarrow \infty} E[H(t)]$. Serão estudados exemplos em que $\delta(t)$ tem 3 estados.

Agradecimentos

M.A.C agradece ao CNPq pelo financiamento de bolsa de iniciação científica.

Referências

- [1] R. Bürger, *The mathematical theory of selection, recombination and mutation*. John Wiley & Sons, Chichester, 1990.
- [2] T. T. Da Silva, *Introdução à Genética Matemática*. ERMAC Sociedade Brasileira de Matemática Aplicada e Computacional, São João del-Rei, 2010.
- [3] W. J. Ewens, *Mathematical Population Genetics: I. theoretical introduction*, 2nd. ed. Springer-Verlag, Berlin, 2004.
- [4] J. H. Gillespie, *Population genetics: a concise guide*, 2nd. ed. The Johns Hopkins University Press, Baltimore, London, 2004.
- [5] J. H. Hofbauer and K. Sigmund, *Evolutionary games and population dynamics*, Cambridge: Cambridge University Press, 1998.