Блок-схема

1. Создание и инициализация переменных:

starttime = time.time()

chars = ['A', 'C', 'G', 'T']

msalle = [0b1, 0b10, 0b100, 0b1000]

**nSteps**,

**sampleSize**,

**nDNAMute**,

**nMSMute**.

2. Определение функции mkName для создания случайного имени из четырех символов.

3. Определение функции sampleDNA для формирования выборки последовательностей ДНК.

4. Определение функции sampleMSAT для формирования выборки микросателлитных локусов.

5. Определение функции newGad для формирования новой популяции гадов.

6. Определение функции cloneGad для копирования популяции гадов.

7. Определение функции mutateDNA для мутации последовательности ДНК.

8. Определение функции mutate\_ms для мутации микросателлитов.

9. Выполнение кода для создания начальной популяции гадов.

10. Циклический процесс, повторяющийся **nSteps** раз:

a. Изменение **nDNAMute** оснований из выбранной популяции гадов.

b. Изменение **nMSMute** микросателлитных локусов из выбранной популяции гадов.

c. Выборка sampleSize гадов из популяции для дальнейшего анализа.

11. Вывод результатов.

1. Схема работы модели: Вначале программа создает и инициализирует переменные. Переменная msalle указывает на 4 возможных состояния у локуса [0b1, 0b10, 0b100, 0b1000]. Всего локусов 4 [a, b, c, d], а переменная chars указвает на 4 возможных нуклеотида ['A', 'C', 'G', 'T'].

**nSteps- обозначает количество шагов (10к в нашем случае).**

**nDNAMute -это число оснований, которые надо поменять в данном поколении (500)**

**nMSMute - это число микросателлитных локусов, которые надо поменять в данном поколении (10)**

sampleSize создает выборку из состояний организмов из популяции

Далее определяются функции для формирования выборки. Программа создает начальную популяцию организмов.

Внутри цикла происходит изменение: **nDNAMute** оснований из выбранной популяции и **nMSMute** микросателлитных локусов из выбранной популяции гадов.

При мутации (m), одно состояние локуса может поменяться на другое. Цикл продолжается **nSteps** раз. На протяжении моделирования в отдельные файлы записываются матрицы состояний всех организмов в популяции.

1. Схема модели бесполого размножения. Генотип потомства такой же как и у родительских особей.
2. Схема модели полового размножения. Образуются гаметы, они сливаются при оплодотворении и новый организм получает новую комбинацию генетической информации.
3. Схема работы модели: вначале программа создает и инициализирует переменные. Переменная "msalle" указывает на 4 возможных состояния у локуса [0b1, 0b10, 0b100, 0b1000]. Всего локусов 4 [a, b, c, d], а переменная "chars" указывает на 4 возможных нуклеотида ['A', 'C', 'G', 'T'].

"nSteps" обозначает количество шагов (10 тыс. в нашем случае).

"nDNAMute" - это число оснований, которые надо поменять в данном поколении (500).

"nMSMute" - это число микросателлитных локусов, которые надо поменять в данном поколении (10).

"sampleSize" создает выборку из состояний организмов из популяции.

Далее определяются функции для формирования выборки. Программа создает начальную популяцию организмов.

Внутри цикла происходит изменение: nDNAMute оснований из выбранной популяции и nMSMute микросателлитных локусов из выбранной популяции гадов.

При мутации (m) одно состояние локуса может поменяться на другое. Цикл продолжается "nSteps" раз. На протяжении моделирования в отдельные файлы записываются матрицы состояний всех организмов в популяции.

1. Схема модели бесполого размножения. Генотип потомства такой же, как и у родительских особей.
2. Схема модели полового размножения. Образуются гаметы, они сливаются при оплодотворении, и новый организм получает новую комбинацию генетической информации.