

## Prática 3 - Processos combinados: Seleção, Deriva e Migração

Neste roteiro de aula prática iremos analisar o efeito de processos combinados, tal como o efeito da interação entre seleção e deriva e também o efeito da migração entre populações evoluindo sob deriva genética.

### PARTE 1 - Seleção e Deriva

Como vimos anteriormente, a seleção é um processo determinístico, no qual a trajetória das frequências alélicas é determinada pelos coeficientes seletivos e pela frequência inicial. A deriva genética, por outro lado, é um processo estocástico no qual a trajetória das frequências alélicas em uma população não pode ser previsto. Cada um destes processos, deriva e seleção, quebra um dos pressupostos do teorema de Hardy-Weinberg. Agora faremos algo radical e quebraremos dois pressupostos ao mesmo tempo: vamos analisar o efeito da interação entre seleção e deriva.

Já que faremos algo tão radical, achamos que seria interessante compilar os resultados de toda a sala e analisar os padrões gerais observados. Para cada um dos cenários abaixo cada dupla deve rodar 20 simulações e registrar se o alelo A foi fixado, perdido ou se o polimorfismo se manteve. Para rodar mais simulações, aperte o botão “view”. Além disso para as duas primeiras simulações de cada cenário as duplas devem registrar a frequência final (aproximada) do alelo A.

1. Inicie o programa *Populus*
2. Acesse “Model” → “Mendelian Genetics” → “Drift and Selection”.
3. Note que o programa possui alguns parâmetros a serem preenchidos

- *Population size (N)* - é o tamanho populacional
- *Initial allelic frequency (p)* - é a frequência do alelo A
- *Runtime (generations)* - é o numero de gerações que iremos simular
- $W_{AA}$ ,  $W_{Aa}$  e  $W_{aa}$  - correspondem à aptidão dos genótipo AA, Aa e aa, respectivamente.

Estamos interessados no efeito da dominância e da intensidade de seleção sobre a trajetória da frequência alélica  $p$ .

#### Caso 1. População pequena e seleção fraca

Utilize os seguintes parâmetros: tamanho populacional de 10 indivíduos, frequência inicial igual a 0.1,  $W_{AA}$  e  $W_{Aa}$  iguais a 1 e  $W_{aa}$  igual a 0.90 e 100 gerações.

Insira os dados nas Planilhas abaixo:

[DIURNO](#)  
[NOTURNO](#)

- 1) Anote as frequências de A aproximadas após a 1a. e 2a. simulações. Insira valores entre 0 e 1 e use vírgula para separar as casas decimais.

2) Anote o estado final de cada uma das 20 simulações. Siga as regras abaixo:

- Digite **1** para quando o alelo A tiver se **fixado** após 100 gerações
- Digite **2** para quando o alelo A tiver sido **perdido** após 100 gerações
- Digite **3** para quando o estado final for **polimórfico** após 100 gerações

### Caso 2. População pequena e seleção forte

Utilize os mesmos parâmetros da simulação anterior, mas reduzindo  $W_{aa}$  para 0.5.

Da mesma forma como no caso 1, anote os valores de frequências de A aproximadas após a 1a. e 2a. simulações e também o estado final após cada uma das 20 simulações na planilha on line. Siga as mesmas regras do caso anterior para preencher a planilha.

### Caso 3. População maior com seleção fraca

Repita o caso 1 porém com uma população de 100 indivíduos.

Da mesma forma como nos casos anteriores, anote os valores de frequências de A aproximadas após a 1a. e 2a. simulações e também o estado final após cada uma das 20 simulações na planilha on line.

### Caso 4. População maior com seleção forte

Repita o caso 3 reduzindo o valor de  $W_{aa}$  para 0.5

Da mesma forma como nos casos anteriores, anote os valores de frequências de A aproximadas após a 1a. e 2a. simulações e também o estado final após cada uma das 20 simulações na planilha on line.

1. Em que situações o alelo “a” se fixou? Como você explica a fixação do alelo com menor valor adaptativo?

--

2. Nas populações grandes, qual foi a diferença entre os resultados finais para os casos de seleção forte e fraca?

--

## PARTE 2 - Migração e Deriva

Na aula prática anterior (a prática com os feijões), observamos o efeito da deriva genética sobre as frequências alélicas de populações completamente isoladas. No entanto, frequentemente, o isolamento entre populações naturais não é completo. A existência de fluxo gênico entre populações afeta a trajetória das frequências alélicas. A transferência de alelos entre populações pode ocorrer pela troca de migrantes que contribuem com descendentes para a próxima geração.

### Simulações

Usaremos o software *Populus* para avaliar o efeito da migração sobre populações sofrendo deriva genética.

1. No programa *Populus*, acesse “Model” → “Mendelian Genetics” → “Population Structure”

2. Note que o programa requer a entrada de cinco parâmetros:

- *Deme Size* (N) - Tamanho do Deme
- *Migration Rate* - Taxa de Migração
- *Iteration Interval* - Intervalo de Iteração
- *Number of Demes* - Número de demes
- *Initial Frequency* - Frequência inicial

*Deme Size*: os demes podem ser vistos como as populações. Pensando nas populações que simulamos na aula anterior com feijões, cada copinho seria um deme, portanto utilizaremos o termo população para nos referirmos aos demes. Esse primeiro parâmetro define o número de indivíduos em cada uma das populações que iremos simular.

*Migration Rate*: refere-se à proporção de indivíduos que saem de sua população de origem para se reproduzir em outras populações (estabelecendo fluxo gênico). A taxa varia de 0 a 1, sendo que em 0 as populações estão totalmente isolados e em 1 existe um padrão de panmixia entre todas as populações. Uma taxa de 0.1, por exemplo, indica que 10% dos indivíduos migram antes de se reproduzir.

*Iteration Interval*: o termo iteração refere-se a repetição de um conjunto de ações. Nesse caso, representa o número de gerações que serão simuladas.

*Number of Demes*: refere-se ao número de populações independentes que serão simuladas por vez. O valor máximo permitido é 10.

*Initial Frequency*: refere-se à frequência alélica “p” inicial. Note que é possível definir frequências iniciais distintas para cada população, entretanto não iremos utilizar essa opção nos exercícios de hoje.

Além disso, a opção “Permit Selfing?” NÃO deve estar marcada.

Estamos interessados no efeito da taxa de migração. Por isso, os demais parâmetros serão fixados no seguintes valores:

- Tamanho do Deme: 4
- Intervalo de iteração: 100
- Número de demes: 10
- Frequência inicial: 0.5 - A opção “Set Frequencies Collectively” deve estar marcada

**Caso 1.** Tamanho do deme ( $N$ ) = 4 e taxa de migração = 0 (população isoladas)

Esse caso é equivalente a simulação com feijões realizada na Prática 1. Como a taxa de migração é igual a zero, as populações estão completamente isoladas. Aperte o botão “view” algumas vezes e observe os resultados das simulações. Cada linha do gráfico representa uma população. Como vimos nas aulas anteriores, a fixação do alelo ocorre rapidamente em populações tão pequenas. Observe o tempo que demora para que todas as populações tenham fixado um dos alelos. Repita a simulação algumas vezes.

1. Qual a proporção esperada de populações em que cada um dos alelos vai se fixar?

**Caso 2.** Mude a taxa de migração para 0.1. Repita a simulação algumas vezes.

2. Repetindo a simulação várias vezes, responda às seguintes questões. Como as frequências alélicas ( $p$ ) variam entre as demes após 100 gerações? Há casos em que todas as demes perdem a variação intrapopulacional completamente (isto é, se fixam)?

**Caso 3.** Mude a taxa de migração para 0.01

Observe a trajetória das frequências alélicas. Note que em algumas populações o alelo atinge a frequência 1 e depois volta a descer. Em outras, ele atinge a frequência 0 e volta a subir.

4. Observando a trajetória de populações (demes) ao longo do tempo, uma vez que o deme atingiu frequência 0 ou 1, esses demes se fixam? Por que isso ocorre?

**Caso 4.** Mude a taxa de migração para 1.0. Repita a simulação algumas vezes.

5. Qual a proporção de populações (demes) com alelos fixados ao final da simulação?

6. As populações parecem seguir trajetórias independentes ou todas seguem uma trajetória similar? Porque isso ocorre?