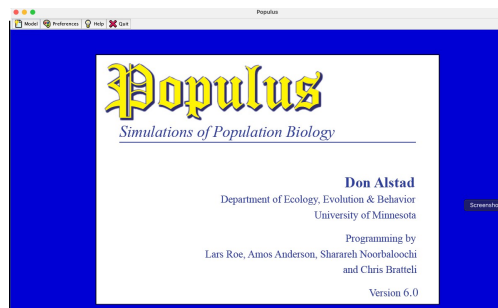


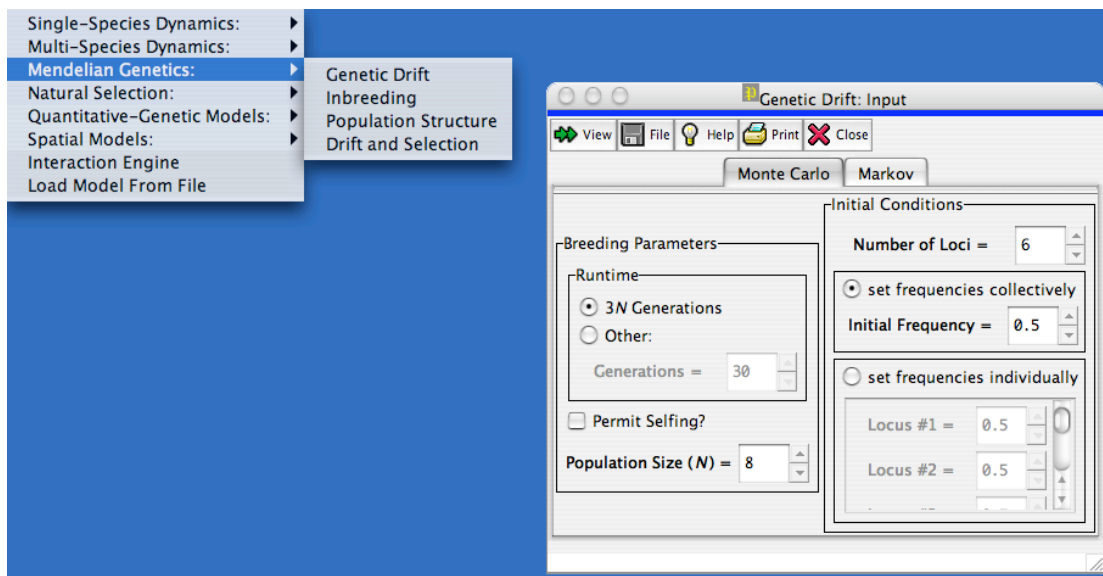
Como usar o Populus ? (<http://www.cbs.umn.edu/populus/>)

Click no icon Populus.

Deve aparecer o seguinte écran:



Click na barra "Model". Seleccione "Genetic drift"



Nas opções seleccione as condições que quer testar, os valores admitidos são os seguintes:

Número de gerações = entre 1 e 999.

Autofecundação = não.

Dimensão da população = entre 1 e 200

Número de loci = 6.

Frequências iniciais = entre 0 e 1.

Cada cor no gráfico pode representar que entidades?

Simulações de deriva genética

Leia atentamente cada exercício até ao fim.

Faça simulações para um número de gerações 500 para cada um dos exercícios.

Para cada situação simule 5 ou mais vezes antes de concluir.

Tenha em atenção os seguintes aspectos relacionadas com as simulações:

Qual o alelo que mais vezes se fixou nas suas populações?

Quantas gerações foram necessárias para a fixação dos alelos?

Qual o significado da fixação de um dos alelos nas gerações subsequentes?

A deriva genética poderia levar à fixação de um alelo deletério?

A1. Considere uma população, com efectivos 50. Considere apenas dois alelos, A e B, com a mesma frequências inicial e observe o efeito da deriva genética.

A2. Considere uma população, com efectivos 200. Considere apenas dois alelos, A e B, com a mesma frequências inicial e observe o efeito da deriva genética.

Compare o efeito da deriva genética nessas populações.

B. Considere duas populações dialélicas, com igual número de efectivos, $n=100$, mas com frequências iniciais distintas, respectivamente, $A=0.2$ e $A=0.8$. Compare o efeito da deriva genética nessas populações. Maximize a visualização simultânea das duas situações usando as capacidades do programa.

Compare as situações A e B.

Responda às seguintes questões:

Suponha que um alelo dum indivíduo numa população de 26 cacholotes, sofre mutação para um novo alelo antes não presente na população. Qual a probabilidade desse alelo se fixar nesta população devido ao efeito da deriva genética? Qual a probabilidade de o alelo se perder devido ao efeito da deriva genética?

100 populações de tamanho 10 têm 2 alelos (A e B) num dado locus. O alelo A tem uma frequência de 0.2. Todas as populações perderão um dos alelos por deriva genética e em 32 populações fixa-se o alelo A. Diga se o resultado é consistente com a deriva genética como única força evolutiva que opera neste locus.

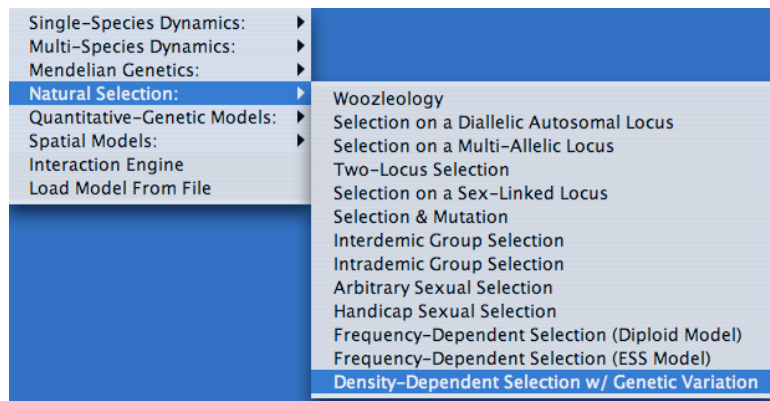
Estudo do efeito da selecção

Click no icon Populus.

Deve aparecer o seguinte ecran:

Leia a Box 2

Click na barra "Model". Selecciona "Natural Selection" e "**Selection on a diallelic Autosomal Locus**"



Em "Plot options" mantenha seleccionado p vs t, que lhe permitirá visualizar a alteração da frequência do alelo A (p) ao longo do tempo (t).

Na caixa "Fitness/Selection Coeffs" mantenha a selecção em fitness, e determine os diferentes fitness de acordo com a hipótese que pretende testar.

Na caixa "Initial conditions" seleccione 6 frequências alélicas iniciais.

Mantenha o número de gerações em 500.

Simulação do efeito da selecção

A. Tente prever o efeito de vantagem selectiva dos indivíduos heterozigóticos na alteração da frequência de um dos alelos ao longo do tempo., com os seguintes parâmetros: $W_{AA} = 0.9$; $W_{AB} = 1.0$ e $W_{BB} = 0.9$.

O alelo A torna-se mais comum, mais raro ou mantém-se ao mesmo nível de frequência ao longo do tempo?

Simule a situação.

Compare o resultado da sua previsão e o da simulação.

Qual o efeito da vantagem selectiva dos heterozigotos na frequência alélica ao longo do tempo.

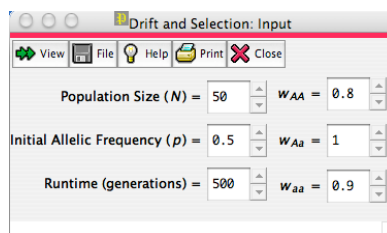
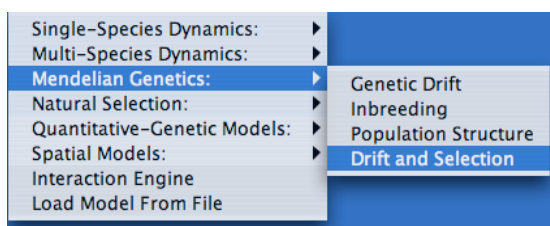
B. Considere o caso do alelo A ser mais afectado negativamente pela selecção natural. Tente prever o efeito nas frequências alélicas da selecção simulando os seguintes parâmetros: $W_{AA} = 0.8$; $W_{AB} = 0.8$ e $W_{BB} = 1.0$, graficando a alteração da frequência de um dos alelos ao longo do tempo.

Simule a situação.

Compare o resultado da sua previsão e o da simulação.

Qual o efeito da vantagem selectiva de um homozigótico na frequência alélica ao longo do tempo.

Simulação do efeito da deriva genética com selecção



A. Considere uma população com $n=100$, com frequência dos dois alelos idêntica, mas valores de fitness de genótipo distintos: 1) selecção contra um dos homozigotos; 2) selecção a favor de um dos homozigotos; 3) superioridade do heterozigoto; 4) fitness de genótipo distintos: $AA=1$; $AB=0.99$ e $BB=0.999$. Compare o efeito da deriva genética nessas populações.

B. Considere duas populações 1 e 2, com efectivos $n_1= 50$ e $n_2=300$, com a mesma frequência, mas valores de fitness de genótipo distintos: 1) selecção contra um dos homozigotos; 2) selecção a favor de um dos homozigoto e 3) superioridade do heterozigoto. Compare o efeito da deriva genética nessas populações.

Caixa 1

HELP Populus

Parameters for the Monte Carlo Model of Genetic Drift

The model assumes that population size, N , remains constant, and the gene pool contains $2N$ alleles for each locus. The program will accept population sizes from 1 to 200. With higher populations, however, you may wish to lower the number of loci for faster results.

Independent drift of from 1 to 10 gene loci can be simulated simultaneously, and the initial frequency of A and B alleles at each locus can be set collectively or independently (by specifying values ranging from 0 to 1.0).

By default, the simulation will run for $3N$ generations. Since the average time to fixation or loss of an allele beginning at 0.5 frequency is near $2.8N$ generations, this run length will fix most, but not all loci. Alternate values ranging from 1 to 999 may be entered in this box.

Genetic Drift: A Monte Carlo Model

This simulation uses a random number generator to sample genes from a small parental population and pass them on to offspring. Population size is assumed to remain constant from generation to generation, and allelic frequency changes result only from the random sampling process. Drift can be simulated for 1 to 10 diallelic loci simultaneously. To run the model, you must specify a population size, N , and initial allelic frequencies for each locus.

Suppose that a population consists of one male and one female, and that both are heterozygous at a locus with two mutant alleles. There are four alleles in the total gene pool, 2 A alleles and 2 B alleles, so $p = q = 0.5$. The female will produce A and a eggs in equal frequency, and the male will produce half A and half a sperm. The probability of two independent events occurring together is the product of their individual probabilities, so if gametes are chosen at random and fused to form a filial population of two individuals, the probability that the first individual will be an AA is $(0.5 \cdot 0.5) = 0.25$, and the probability that both progeny will be AA's is $(0.5 \cdot 0.5) \cdot (0.5 \cdot 0.5) = 0.0625$. Thus if $N = 2$, there is 1 chance in 16 that allelic frequency will change from $p = 0.5$ to $p = 1.0$ in a single generation simply through the random sampling of gametes.

In addition to the drift from $p = 0.5$ to $p = 1.0$, there are other possible outcomes; p could change to 0, 0.25, or 0.75, and the likelihood of these events is calculated similarly (you should be able to do it). A computer model which uses random numbers to mimic this stochastic sampling process is called a "Monte Carlo Simulation."

The process of genetic drift and its implications are discussed in most treatments of population genetics or evolutionary biology.

References

- Crow, J. F. 1986. Basic Concepts in Population, Quantitative, and Evolutionary Genetics. W. H. Freeman and Co. N. Y. pp. 42-50.
- Hartl, D. L. 1988. A Primer of Population Genetics, 2nd Edition. Sinauer Associates, Inc. Sunderland, MA. pp 69-77.
- Hardl, D. L. and A. G. Clark. 1997. Principles of Population Genetics. Sinauer Associates, Inc. Sunderland, MA. pp 267-294.
- Futuyma, D. J. 1986. Evolutionary Biology. Sinauer Associates, Inc. Sunderland, MA. pp 129-131.
- Smith, J. M. 1989. Evolutionary Genetics. Oxford University Press. pp. 24-27.

Caixa 2

HELP Populus

Parameters for Autosomal Selection

w_{AA} , w_{AB} , and w_{BB} are the relative fitnesses of the three genotypes. Specify a real number ranging from 0 to 1. By convention, the most fit of the three genotypes is given a relative fitness of 1. A genotype with $w_{xx} = 0.25$ will contribute 1/4 as many progeny per capita as the best-fit genotype to the next generation. If $w_{xx} = 0$, the genotype is lethal; all such individuals fail to survive or reproduce.

How many generations should you simulate? The answer will depend on the strength of the selection process specified by your choice of relative fitnesses. Reasonable values might range from 10 to 1000 generations.

By default, the program automatically runs the simulation from six different initial allelic frequencies. Sometimes in cases of heterozygote advantage ($w_{AA} < w_{AB} > w_{BB}$) or disadvantage ($w_{AA} > w_{AB} < w_{BB}$) it is interesting to specify a precise starting frequency. If so, set this box to "y" and enter some starting frequency between 0 and 1.

Selection on a Single Autosomal Locus

The process of evolution has two components, natural selection, and the inheritance mechanisms that make each individual genetically unique. This Populus simulation offers a deterministic model of selection with few complications of inheritance; it assumes that population size is infinite so that there are no effects of sampling chance, that the selection regime remains constant, and that the phenotype is determined directly by a single autosomal gene locus, without environmental effects.

There are several points in a life cycle where selection might operate. If we begin with newly fertilized zygotes, there may be individual differences (a) in survival to reproductive age, (b) mating ability, (c) the number of gametes produced, or (d) the probability that those gametes will fuse to form successful zygotes. Here we will assume that selection is manifested in viability and fecundity differences between genotypes, ignoring the complications of sexual selection, mating systems, meiotic drive, etc.

Suppose that two different alleles (A and B) of a gene that affects viability and fecundity are present in a population. We say that the population is polymorphic at this gene locus, and individuals can therefore have diploid genotypes of AA, AB, or BB. If these genotypes survive and reproduce themselves at different rates, population composition will change over time as the frequency of the more fit allele increases.

If the frequency of A alleles is p and the frequency of a alleles is $(1-p) = q$, and if mating is random so that the alleles combine in proportion to their frequencies, then the expected frequencies of AA's and BB's are p^2 and q^2 , respectively. Heterozygotes might be either AB or BA, so their expected frequency is $2pq$. If each genotype has a different relative probability of survival and reproduction called its relative fitness (w_{AA} , w_{AB} , and w_{BB}), we can formulate an equation to project the increasing frequency of the most fit genotype as

$$p_{t+1} = (p_t) \frac{p_t W_{AA} + q_t W_{AB}}{(p_t)^2 W_{AA} + 2p_t q_t W_{AB} + (q_t)^2 W_{BB}}$$

This is called a recursion equation because p_{t+1} can be repeatedly substituted for p_t to give a recursive prediction of allelic frequency as far into the future as we wish. It helps the intuition to note that this equation multiplies current allelic frequency (p_t) by a ratio of weighted averages. The numerator is a weighted average giving mean fitness among the A-carrying genotypes, and the denominator is the weighted average fitness among all three genotypes.