

## O PROCESSO DE MORAN EM METAPOPLAÇÕES SOB O REGIME DE BAIXA MIGRAÇÃO

Evandro Pereira de Souza<sup>2</sup>

Armando Gil Magalhães Neves<sup>3</sup>

**Resumo:** A *Genética de Populações* é uma área ativa da Biologia Matemática que investiga o que ocorre com a composição genética de uma população que ao longo do tempo está sob a ação de “forças” evolutivas como seleção natural, deriva genética, mutação ou migração. Um modelo simples é o processo de Moran [1], que descreve a evolução temporal da composição genética de uma população finita de tamanho fixo, composta por dois ou mais tipos de indivíduos com reprodução assexuada sem mutações. Supõe-se que a cada unidade de tempo um indivíduo da população é sorteado para se reproduzir e um indivíduo para morrer. O descendente do indivíduo reprodutor tem tipo idêntico a este (sem mutações) e substitui o indivíduo morto. O processo de Moran é uma cadeia de Markov [4] a tempo discreto com espaço de estados finito. Pela hipótese de não haver mutações, os estados onde todos os indivíduos são do mesmo tipo são absorventes e os demais são transientes. Pode-se provar que, após tempo suficiente, com probabilidade 1 a população irá alcançar um dos estados absorventes [4] e dizemos que houve a fixação daquele tipo na população. Uma quantidade de interesse é a probabilidade de fixação dos tipos de indivíduos na população. Em populações homogêneas, onde há apenas dois tipos de indivíduos com aptidões constantes e todos interagem com todos, é possível obter uma fórmula explícita para a probabilidade de fixação [1]. Podemos estender o processo de Moran ao caso em que como hipótese adicional, supomos que os indivíduos da população ocupam os vértices de um grafo cujas arestas definem uma estrutura de interação entre eles [2]. O descendente de um indivíduo que se reproduz só pode ocupar algum vértice que esteja ligado por uma aresta ao indivíduo reprodutor. A princípio, a probabilidade de fixação no processo de Moran em grafos depende do grafo que está sendo usado para modelar o processo. Pode-se provar [3] que a probabilidade de fixação no processo de Moran em grafos pode ser obtida como solução de um sistema de  $2^N$  equações lineares, onde  $N$  é a quantidade de vértices do grafo o que inviabiliza na prática soluções numéricas. Além disso, se o grafo também possuir simetrias podemos usá-las para reduzir o tamanho do sistema [3],[5]. Em geral, não é fácil determinar expressões analíticas para a probabilidade de fixação. Contudo, podemos obter resultados rigorosos trabalhando com aproximações. Yagoobi e Traulsen [7] obtiveram boas aproximações para a probabilidade de fixação em grafos onde os vértices são *metapopulações*. Para isso, eles definiram uma aproximação que denominaram *aproximação de baixa migração*. Nesse trabalho, pretendemos expor alguns dos resultados que foram obtidos em [7] e apresentar

---

<sup>2</sup>Universidade Federal de Minas Gerais,  
epereiradeso@outlook.com

<sup>3</sup>Universidade Federal de Minas Gerais,  
aneves@mat.ufmg.br

alguns resultados recentes obtidos por nós. Além do interesse próprio, acreditamos que tais resultados possam ser empregados para justificar resultados numéricos em um modelo proposto para a extinção dos Neandertais [6].

## Referências

- [1] P. A. P. Moran. Random processes in genetics. *P. Camb. Philos. Soc.*, 57(1):60–71, 1958.
- [2] E. Lieberman, C. Hauert, and M. A. Nowak. Evolutionary dynamics on graphs. *Nature*, 433:312–316, 2005.
- [3] M. Broom and J. Rychtář. An analysis of the fixation probability of a mutant on special classes of non-directed graphs. *Proc. R. Soc. A*, 464:2609–2627, 2008.
- [4] L. J. S. Allen. An introduction to stochastic processes with applications to biology. Chapman & Hall/CRC Press, Boca Raton, 2 nd edition, 2010.
- [5] M. Broom, C. Hadjichrysanthou, J. Rychtář, and B. T. Stadler. Two results on evolutionary processes on general non-directed graphs. *Proc. R. Soc. A*, 466:2795–2798, 2010.
- [6] Kolodny, O., Feldman, M.W. A parsimonious neutral model suggests Neanderthal replacement was determined by migration and random species drift. *Nat Commun* 8, 1040 (2017). <https://doi.org/10.1038/s41467-017-01043-z>
- [7] Yagoobi S, Traulsen A. Fixation probabilities in network structured meta-populations. *Sci Rep.* 2021 Sep 9;11(1):17979. doi: 10.1038/s41598-021-97187-6. PMID: 34504152; PMCID: PMC8429422.