5.2 Sessões Orais

Gráficos das probabilidades de fixação para o processo de Moran em Teoria de Jogos Evolutiva

Armando G. M. Neves[1], Evandro Pereira de Souza[2]
[1,2]Departamento de Matemática, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte - MG, Brasil

Moran [3] introduziu um processo estocástico para modelar a evolução genética de uma população haploide com reprodução assexuada. No processo de Moran, a cada unidade de tempo um indivíduo da população é sorteado para se reproduzir e um outro é sorteado para morrer. Um novo indivíduo com o mesmo genoma do sorteado para se reproduzir substitui o indivíduo morto, de modo que o número N de indivíduos permanece constante ao longo do tempo.

O sorteio de morte é feito de maneira uniforme a cada unidade de tempo. Mas, em geral, o sorteio de reprodução é feito de modo a que os indivíduos mais aptos tenham maior probabilidade de serem sorteados para se reproduzir do que os menos aptos. O caso particular em que o sorteio de reprodução também é uniforme é chamado de processo de Moran *neutro*.

O processo de Moran é uma cadeia de Markov [1] com matriz de transição tridiagonal [4]. Diferentemente de outros processos estocásticos em Genética de Populações, como por exemplo o processo de Wright-Fisher, é então possível obter resultados exatos para várias quantidades de interesse no processo de Moran.

Uma característica importante do processo de Moran, decorrente de propriedades das cadeias de Markov, é a *fixação*: em tempo finito, com probabilidade 1, toda a população será constituída por indivíduos com um único genoma. Se há somente dois tipos de indivíduos, digamos genomas de tipo A e de tipo B, é possível [2,3,4] obter uma fórmula explícita e exata para a probabilidade π_i de fixação do tipo A quando o número inicial de indivíduos de tipo A é i.

O processo de Moran foi originalmente introduzido para o caso em que as aptidões dos indivíduos são independentes da frequência com que esses comparecem na população. Em [6] estudou-se a extensão do processo de Moran para a Teoria de Jogos Evolutiva [5], caso em que as aptidões dependem da frequência. Apesar da fórmula explícita para o cálculo das probabilidades de fixação π_i, essa é complicada e, além dos casos simples de aptidões independentes da frequência, pouco se conhece sobre o comportamento de π_i como função de i nos outros casos.

Os autores de [6] se preocuparam em classificar os cenários evolutivos possíveis para populações finitas de dois tipos de indivíduos. Seja $\rho_A \equiv \pi_1$ a probabilidade de fixação de um único mutante A em uma população de $N-1$ indivíduos B e seja $\rho_B \equiv 1-\pi_{N-1}$ o análogo para B. A classificação dos cenários evolutivos é baseada na dinâmica de população infinita correspondente às aptidões de A e B e nos sinais de $\rho_A - 1/N$ e $\rho_B - 1/N$, onde $1/N$ é o valor da probabilidade de fixação de um único indivíduo no processo de Moran neutro.

[1]aneves@mat.ufmg.br
[2]evandropysaygasos@hotmail.com

Existem 4 cenários possíveis para a população infinita (dominância de A, dominância de B, coordenação e “hawk-dove") e, para cada um deles, 4 possibilidades para os sinais de $\rho_A - 1/N$ e $\rho_B - 1/N$. Portanto o número de cenários evolutivos teoricamente possíveis seria 16. No entanto, em [6] mostra-se que somente 8 desses cenários efetivamente existem.

É curioso que cada um dos oito cenários de [6] é determinado somente por dois dos valores de π_i, para $i = 1$ e $i = N-1$. Vamos provar que dado o cenário evolutivo é possível obter informações sobre o comportamento de π_i para todos os valores de i. Isto será feito não a partir da fórmula dos π_i, mas de uma análise baseada na equação de diferenças satisfeita pelos π_i e que é usada na dedução da fórmula. Nessa análise reencontraremos as ferramentas de estudo de gráficos de funções de um primeiro curso de Cálculo Diferencial: derivadas de primeira e segunda ordem. Porém em análogos discretos.

Referências

[1] L. J. S. Allen. *An Introduction to Stochastic Processes with Applications to Biology*, 2nd. edition, CRC Press, 2010.

[2] W. J. Ewens. *Mathematical Population Genetics*, Springer, 1979.

[3] P. A. P. Moran, Random processes in genetics, *Proc. Camb. Phil. Soc.* 54, 60?71 (1958).

[4] A. G. M. Neves, *Aplicações biológicas de cadeias de Markov*, texto escrito para o III Colóquio de Matemática da Região Norte, Manaus, 2014.

[5] M. A. Nowak. *Evolutionary Dynamics*, Belknap Press of Harvard University Press, Cambridge, 2006.

[6] C. Taylor, D. Fudenberg, A. Sasaki, M. A. Nowak, Evolutionary Game Dynamics in Finite Populations, *Bull. Math. Biol.*, 2004. doi:10.1016/j.bulm.2004.03.004