

Help

evol package:unknown R
Documentation

SIMULAÇÃO DE DERIVA GENÉTICA OU SELEÇÃO NATURAL

Description:

Função para simular a trajetória das frequências alélicas de um gene bialélico usando um modelo de deriva genética ou de seleção natural. Os modelos possuem argumentos em comum e outros específicos de cada um deles. A função fornece um gráfico com as trajetórias individuais de cada população, um histograma com as frequências alélicas finais e, opcionalmente, a probabilidade de uma frequência alélica final específica.

Usage:

```
evol (mod, gen, f, pop, N, wAA, wAa, waa, p = FALSE)
```

Arguments:

mod: Um caráter indicando o modelo a ser usado na funcao: "d" para deriva genética e "s" para seleção natural.

gen: Número inteiro maior do que zero indicando o número de gerações a serem simuladas.

f: Número no intervalo $0 \leq f \leq 1$ indicando a frequência alélica inicial - i.e.:

f(A) ou p. No modelo de seleção natural, f deve ser um vetor com as frequências

alélicas iniciais a serem simuladas.

pop: Número inteiro maior do que zero indicando o número de populações a serem simuladas. No modelo de seleção natural, pop indica o número de populações a serem

simuladas por frequência alélica inicial.

N: Número inteiro maior do que zero indicando o tamanho populacional.

wAA: Número no intervalo $0 \leq wAA \leq 1$ indicando o valor adaptativo relativo do genótipo AA.

wAa: Número no intervalo $0 \leq wAa \leq 1$ indicando o valor adaptativo relativo do genótipo Aa.

waa: Número no intervalo $0 \leq waa \leq 1$ indicando o valor adaptativo relativo do

genótipo aa.

p = Número no intervalo $0 \leq p \leq 1$ com a frequência alélica final a ser testada.

O valor de p é arredondado para uma casa decimal.

Details:

Para o modelo de deriva genética (mod = "d"), os seguintes argumentos devem ser

fornecidos: mod, gen, f, pop e N. Para o modelo de seleção natural (mod = "s"), os

seguintes argumentos devem ser fornecidos: mod, gen, f, pop, wAA, wAa e wAa.

No modelo de seleção natural, f deve ser um vetor com as frequências alélicas

iniciais a serem simuladas. O valor de pop indica o número de populações que será

simulado para cada uma das frequências alélicas iniciais de f.

Se p != FALSE, a probabilidade de uma frequência alélica final p é calculada. Para

isso, ao fim das simulações, é verificado quantas populações apresentam a frequência

alélica final p.

Value:

Gráfico de linhas com as trajetórias individuais das frequências alélicas de cada

população.

Histograma com a distribuição das frequências alélicas finais.

Se p != FALSE, valor da probabilidade da frequência alélica final p.

Warning:

Se algum dos argumentos for inserido incorretamente, a função não é executada.

No modelo de deriva genética, o valor de p é uma probabilidade baseada em simulações

e, portanto, pode diferir da solução analítica.

Para valores altos de gen, pop ou N a função pode requerer alguns minutos para ser

executada.

Author(s):

Carolina de Athayde Mendonça

e-mail: carol.mendonca.bio@gmail.com

References:

RIDLEY, M. Evolution. Oxford: Blackwell Science Ltd, 2006. 752 p.

Examples:

evol (mod = "d", gen = 100, f = 0.5, pop = 10, N = 100, p = FALSE)

evol (mod = "d", gen = 10, f = 0.3, pop = 20, N = 100, p = 0.5)

freq = c (0, 0.1, 0.2, 0.3, 0.4, 0.5, 0.6, 0.7, 0.8, 0.9, 1)

evol (mod = "s", gen = 100, f = freq, pop = 10, wAA = 1, wAa = 1, waa =

```
0.9, p = FALSE)
```

```
evol (mod = "s", gen = 100, f = freq, pop = 10, wAA = 0.8, wAa = 1, waa =  
0.8, p = 0.5)
```

From:

<http://ecor.ib.usp.br/> - **ecoR**

Permanent link:

http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=05_curso_antigo:r2017:alunos:trabalho_final:carol.mendonca.bio:help 

Last update: **2020/08/12 06:04**