

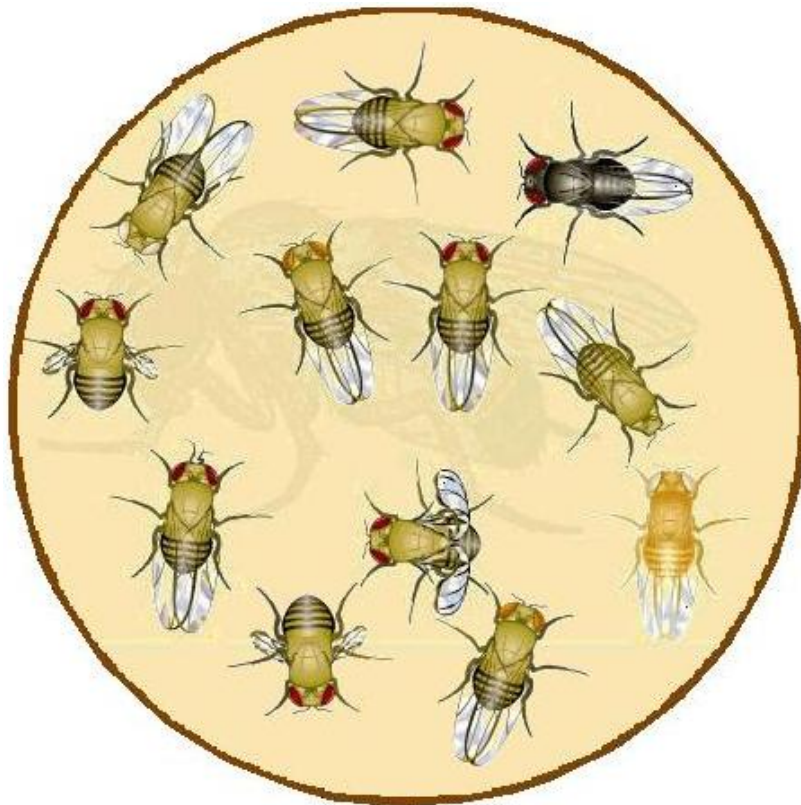
MUTACIÓN Y MIGRACIÓN

- [MUTACIÓN](#)
 - [Mutación no recurrente](#)
 - [Mutación recurrente](#)
 - [Mutación recíproca recurrente](#)
- [MIGRACIÓN](#)

MUTACIÓN

La mutación es una fuerza direccional de cambio de las frecuencias génicas.

La importancia de la mutación reside en que es la fuente última de la variabilidad genética que hace posible la evolución. Mediante la mutación unos elementos genéticos (alelos o cromosomas) se transforman en otros similares con funciones alternativas; estas variantes podrán reunirse mediante procesos de recombinación y, si suponen una alternativa interesante, serán seleccionadas por la selección natural.



Distintos mutantes de *Drosophila melanogaster*



Mutación no recurrente

Un proceso de mutación no recurrente produce un mutante único. El cambio en la frecuencia génica es mínimo y su probabilidad de supervivencia es infinitesimal, salvo que esté favorecido por la selección natural.

Si la población es finita (aunque muy grande) y tiene tamaño N , la frecuencia a la que aparece el gen mutante es $1/2N$, es decir, muy pequeña y, por débil que sea el proceso de deriva la probabilidad de que se pierda el gen es muy grande y aumenta con el paso de las generaciones.

En resumen, este tipo de mutación no produce cambios permanentes en la población (salvo que dichos mutantes se seleccionen artificialmente).



Mutación recurrente

En este caso, el proceso de mutación ocurre sistemáticamente en cada generación con una frecuencia característica. En poblaciones grandes, la frecuencia del gen que muta nunca es tan baja como para que se pierda.

El efecto de la mutación sobre una población se denomina presión de mutación y provoca un cambio en frecuencia génica que tiene una dirección definida.

Consideremos un gen con dos alelos A_1 y A_2 . Si p_0 es la frecuencia de A_1 en la población de partida y A_1 muta para convertirse en A_2 con probabilidad u por gameto y generación, la frecuencia de genes mutantes nuevos será $u p_0$. Este valor es igual al cambio en la frecuencia de cada uno de los dos alelos (Dp)

La frecuencia de A_1 en la generación siguiente será:

$$p_1 = p_0 - u p_0 = p_0 (1 - u)$$

La ecuación anterior es una ecuación de recurrencia:

$$\left. \begin{aligned} p_1 &= p_0 (1 - u) \\ p_2 &= p_1 (1 - u) \end{aligned} \right\} \Rightarrow p_2 = p_0 (1 - u)^2 \Rightarrow p_t = p_0 (1 - u)^t$$

A partir de esta expresión, podemos deducir una que nos indique cuantas generaciones son necesarias para alcanzar un cierto valor de la frecuencia génica, conocido el valor de la frecuencia de partida y la tasa de mutación.

$$\begin{aligned} p_t = p_0 (1 - u)^t &\Rightarrow \frac{p_t}{p_0} = (1 - u)^t \Rightarrow t \ln(1 - u) = \ln(p_t) - \ln(p_0) \Rightarrow \\ &\Rightarrow t = \frac{\ln(p_t) - \ln(p_0)}{\ln(1 - u)} \end{aligned}$$

El valor de u oscila, normalmente, entre 10^{-5} y 10^{-8} y, como consecuencia, el cambio total en frecuencia es despreciable salvo que transcurran decenas de miles de generaciones.

Supongamos, por ejemplo que p_0 vale 0,5 y queremos averiguar cuál es el número de generaciones necesario para que se reduzca a la mitad con una tasa de mutación $u = 10^{-6}$.

$$\left. \begin{aligned} p_t &= p_0 (1-u)^t \\ p_t &= \frac{p_0}{2} \end{aligned} \right\} \Rightarrow \frac{p_0}{2} = p_0 (1-u)^t \Rightarrow (1-u)^t = \frac{1}{2} \Rightarrow t \cdot \ln(1-u) = \ln\left(\frac{1}{2}\right) \Rightarrow \\
 \Rightarrow t = \frac{\ln(0,5)}{\ln(1-u)} = \frac{\ln(0,5)}{\ln(1-10^{-6})} = \frac{-0,6931}{-0,000001} = 693146,8 \approx 700.000 \text{ generaciones}$$

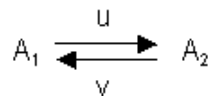


Distintas variedades de zapallos



Mutación recíproca recurrente

En este caso el proceso de mutación ocurre sistemáticamente en cada generación y en ambas direcciones (mutación y retromutación), es decir de A_1 a A_2 con una frecuencia característica u y de A_2 a A_1 con una frecuencia característica v .



Si p_0 es la frecuencia de A_1 en la población de partida y q_0 es la frecuencia de A_2 en la población de partida, la frecuencia de nuevos alelos A_2 será $u p_0$ y la frecuencia de nuevos alelos A_1 será $v q_0$. Por tanto, el cambio en la frecuencia del alelo A_2 será:

$$\Delta q = u p_0 - v q_0$$

En circunstancias normales, u será siempre mayor que v porque, habitualmente, A_1 es el alelo silvestre y A_2 será el alelo mutante (y a veces, no funcional); si este es el caso siempre es más fácil que un alelo que realiza correctamente su función génica se altere y deje de ser funcional que no lo contrario. Por ello, u suele ser, al menos, uno o dos órdenes de magnitud mayor que v . No obstante, durante el proceso de mutación la frecuencia de A_2 crecerá y la de A_1 disminuirá y llegará un momento en que ambos factores (las diferencias entre las tasas de mutación y las diferencias entre las frecuencias génicas) se compensen de modo tal que

$$\Delta q = 0 \Rightarrow u p_t = v q_t$$

En esta situación, las frecuencias alélicas no cambian y se habrá alcanzado un equilibrio mutación-retromutación.

$$p_t = p_{t-1} = \hat{p}$$

$$q_t = q_{t-1} = \hat{q}$$

Para calcular los valores de las frecuencias de equilibrio utilizaremos la expresión anterior:

$$\Delta q = 0 \Rightarrow u\hat{p} = v\hat{q} \Rightarrow \frac{u}{v} = \frac{\hat{q}}{\hat{p}}$$

o bien,

$$v(1-\hat{p}) = u\hat{p} \Rightarrow v - v\hat{p} = u\hat{p} \Rightarrow v = \hat{p}(u+v) \Rightarrow \begin{cases} \hat{p} = \frac{v}{u+v} \\ \hat{q} = \frac{u}{u+v} \end{cases}$$

Como decíamos antes, lo normal es que **u** sea, aproximadamente, un orden de magnitud mayor que **v** (diez veces mayor) y, en este caso, la frecuencia de equilibrio del alelo A_2 será, aproximadamente, 10 veces mayor que la frecuencia de equilibrio del alelo A_1 . Es decir, **independientemente de los valores originales de las frecuencias**, la frecuencia del alelo mutante en el equilibrio debería de ser próxima a 0,9 y la del alelo silvestre, próxima a 0,1, lo cual no suele ocurrir en la realidad debido a la acción de la selección natural en contra de los alelos mutantes.

Si **u** y **v** aumentan proporcionalmente, por ejemplo por efecto de radiaciones, las frecuencias de equilibrio no variarán

$$\hat{p} = \frac{kv}{ku+kv} = \frac{kv}{k(u+v)} = \frac{v}{(u+v)}$$



MIGRACIÓN



La migración es una fuerza direccional de cambio de las frecuencias génicas.

El proceso de migración consiste en el intercambio de individuos reproductores entre poblaciones distintas que, en principio, tendrán distintas frecuencias génicas. El nombre que se da al proceso concreto de intercambio

de individuos depende de la población de referencia. Cuando una población pierde individuos, porque pasan a otra población cercana, el proceso se llama emigración y cuando ésta misma población recibe reproductores de alguna población vecina el proceso se llama inmigración.

Como punto de partida, supongamos que estamos interesados en una población en la que se encuentra segregando un locus con dos alelos A_1 y A_2 a frecuencias p_0 y q_0 . Esta población recibe, en cada generación, un grupo de inmigrantes, procedentes de una población vecina, en la cuál las frecuencias génicas de los alelos A_1 y A_2 son p_m y q_m , respectivamente; estos inmigrantes suponen un m por uno de los reproductores que darán lugar a la siguiente generación. Al parámetro m se le llama **tasa de migración**.

La frecuencia génica (del alelo A_1) en la población, después de haber recibido los migrantes, que será la frecuencia de dicho alelo en la próxima generación, se calcula como el promedio de las frecuencias en ambas poblaciones, p_0 y p_m , ponderándolas por su contribución respectiva al grupo reproductor:

$$p_1 = (1-m)p_0 + mp_m$$

Esta ecuación no es una ecuación de recurrencia, con el inconveniente que eso supone si queremos calcular frecuencias génicas al cabo de t generaciones. No obstante, es muy fácil modificarla por medios algebraicos sencillos.

$$\begin{aligned} p_1 &= (1-m)p_0 + mp_m = (1-m)p_0 + mp_m + p_m - p_m = p_m + (1-m)p_0 + (m-1)p_m = \\ &= p_m + (1-m)(p_0 - p_m) \end{aligned}$$

Si aplicamos esta ecuación a las generaciones sucesivas comprobaremos que sí es una ecuación de recurrencia.

$$p_1 = p_m + (1-m)(p_0 - p_m)$$

$$\begin{aligned} p_2 &= p_m + (1-m)(p_1 - p_m) = p_m + (1-m)(p_m + (1-m)(p_0 - p_m) - p_m) = p_m + (1-m)((1-m)(p_0 - p_m)) = \\ &= p_m + (1-m)^2 (p_0 - p_m) \end{aligned}$$

$$\Rightarrow p_t = p_m + (1-m)^t \cdot (p_0 - p_m)$$

donde p_t es la frecuencia del alelo A_1 después de t generaciones de migración con una tasa m .

Si el proceso continúa durante un tiempo suficientemente largo, el segundo término de la expresión anterior tiende a cero y la frecuencia del alelo A_1 en la población en estudio tiende al valor que tiene en la población de origen de los migrantes:

$$\lim_{t \rightarrow \infty} p_t = \lim_{t \rightarrow \infty} [p_m + (1-m)^t (p_0 - p_m)] = p_m + \lim_{t \rightarrow \infty} [(1-m)^t (p_0 - p_m)] = p_m + 0 = p_m$$

En general, el número de generaciones necesarias para que se alcance un cierto valor de la frecuencia génica depende de la tasa de migración y se puede calcular mediante la siguiente expresión, derivada de la anterior:

$$\begin{aligned} p_t = p_m + (1-m)^t \cdot (p_0 - p_m) &\Rightarrow p_t - p_m = (1-m)^t \cdot (p_0 - p_m) \Rightarrow (1-m)^t = \frac{(p_0 - p_m)}{(p_t - p_m)} \\ t \cdot \ln(1-m) = \ln(p_0 - p_m) - \ln(p_t - p_m) &\Rightarrow t = \frac{L(p_0 - p_m) - L(p_t - p_m)}{L(1-m)} \end{aligned}$$

--	--



Los emigrantes, por Angelo Tommasi. Galería Nacional de Arte Moderna, Roma



También los humanos emigramos

↑ Inicio

