A Stochastic Model for a Branching Viral Population

Leonardo P. Maia
Centro de Matemática, Computação e Cognição, UFABC
09090-400, Santo André, SP
E-mail: leonardo.maia@ufabc.edu.br

RESUMO

A Evolução tornou-se uma teoria matemática ao longo do século XX. Mais recentemente, o desenvolvimento das técnicas experimentais possibilitou a realização de experimentos meticulosamente planejados para quantificar os efeitos de mecanismos evolutivos, como taxas de mutação e seleção, em populações de microorganismos [1]. A conjunção desses dois avanços tem dado início a uma série de estudos com potencial de revelar em detalhes alguns aspectos da Evolução em nível molecular.

Em [2], virologistas e físicos relataram o desenvolvimento de um modelo de simulação computacional para descrever a evolução da adaptabilidade de clones virais sujeitos a transferências seriais em gargalo (procedimento em que se permite o crescimento de culturas de microorganismos por algum tempo, ao fim do qual pequenas amostras da população são colhidas para dar origem a novas culturas). Aquele modelo, que é composto de uma etapa de expansão da população e de uma etapa de amostragem (gargalo), explica dados empíricos que caracterizam um processo bifásico, em que um período de queda exponencial na adaptabilidade é seguido de um estado de grandes flutuações em torno de um valor estacionário. A etapa de expansão, em particular, considera explicitamente a possibilidade de ocorrência de mutações benéficas, em contraposição a modelos tradicionais, que incorporam apenas as mais freqüentes mutações deletérias.

Neste trabalho, apresenta-se um processo estocástico de ramificação multidimensional como um modelo analítico para a etapa de expansão do modelo apresentado em [2].

Explicitamente, no esquema de [2], um microorganismo pertence a uma classe indexada por um número natural k, que é uma medida do valor adaptativo de seus membros, pois o tamanho da prole de cada um deles é dado por uma distribuição de Poisson de média k. Um descendente pode sofrer uma mutação deletéria com probabilidade p e pertencer à classe k-1, ter valor adaptativo k+1 por receber alterações benéficas (probabilidade q) ou ter o mesmo valor adaptativo de seu pai, com probabilidade 1-p-q, se não for alterado ou sofrer apenas mutações neutras.

Referências

[1] Elena, S.F. and Lenski, R.E., Evolution experiments with microorganisms: the dynamics and genetic bases of adaptation, Nature Rev. Genet., **4**: 457–469 (2003).

[2] Lázaro, E., Escarmís, C., Domingo, E. and Manrubia, S. C., Modeling viral genome fitness evolution associated with serial bottleneck events: evidence of stationary states of fitness, J. Virol. **76** (17): 8675–8681 (2002).