

Mutación

Si la tasa de mutación $A \rightarrow a$ es u y la tasa de mutación $a \rightarrow A$ es v , y siendo las frecuencias iniciales de A y a , p_0 y q_0 , respectivamente, después de una generación de mutación la frecuencia de A será:

$$p_1 = p_0 - up_0 + vq_0$$

Si representamos por Δp el cambio en la frecuencia de A :

$$\Delta p = p_1 - p_0 = p_0 - up_0 + vq_0 - p_0 = vq_0 - up_0$$

En el equilibrio, no debe haber cambios en las frecuencias alélicas; por tanto, $\Delta p = 0$.

Llamando p_e y q_e a las frecuencias alélicas de equilibrio y sabiendo que $p_e + q_e = 1$,

$$\Delta p_e = vq_e - up_e = 0.$$

$$\text{Así: } up_e = vq_e$$

$$\text{Y, por tanto: } up_e = v(1 - p_e) = v - vp_e; p_e = v / (u + v)$$

$$\text{De la misma manera: } vq_e = u(1 - q_e) = u - uq_e; q_e = u / (u + v)$$

Si p_0 es la frecuencia inicial de un alelo A que muta al alelo a con una frecuencia u por generación, en la siguiente generación la frecuencia de A (p_1) será:

$$p_1 = p_0 - up_0 = p_0(1 - u)$$

En una generación más, la nueva frecuencia de A será:

$$p_2 = p_1 - up_1 = p_1(1 - u) = p_0(1 - u)(1 - u) = p_0(1 - u)^2$$

En t generaciones,

$$p_t = p_0(1 - u)^t$$

Migración

Si llamamos m a la proporción de individuos que pasan de una población (población I) a otra (población II) en un momento dado, $1 - m$ será la proporción de individuos iniciales en la población residente (población II). Si denominamos P a la frecuencia de un alelo determinado en la población I y p_0 a su frecuencia en la población II, tendremos que en la población II la frecuencia del alelo tras un evento de migración, en ausencia de otros factores, será p_1 :

$$p_1 = (1 - m)p_0 + mP = p_0 - m(p_0 - P)$$

El cambio en las frecuencias alélicas debido a la migración (Δp) será:

$$\Delta p = m(p_0 - P)$$

[Con lo que cuando se igualen p_0 y P , ya no habrá más cambios en la población II aunque la migración continúe]

La diferencia entre las frecuencias alélicas en ambas poblaciones será:

$$p_1 - P = p_0 - m(p_0 - P) - P = p_0 - mp_0 + mP - P = (1 - m)p_0 - (1 - m)P = (1 - m)(p_0 - P)$$

De la misma forma, tras 2 generaciones de migración:

$$p_2 - P = (1 - m)^2(p_0 - P)$$

Por tanto, la diferencia entre las frecuencias génicas de las dos poblaciones tras t generaciones de migración vendrá dada por la fórmula:

$$p_t - P = (1 - m)^t(p_0 - P)$$

de donde:

$$(1 - m)^t = (p_t - P) / (p_0 - P)$$

Esta expresión nos permite calcular el número de generaciones necesario para un cambio determinado en las frecuencias génicas debido a la migración.

Eficacia biológica

La eficacia biológica (w) es una medida de la eficacia reproductora de un genotipo. Por conveniencia, $w = 1$ para el genotipo de mayor eficacia reproductora, mientras que las eficacias de los demás genotipos vendrán dadas en relación al primero. Así, una forma de estimar las eficacias biológicas de estos tres genotipos es dividiendo el número medio de descendientes de cada genotipo por el número medio de descendientes producidos por el genotipo con mayor progenie:

El coeficiente de selección (s) se calcula como $1 - w$:

Tras una generación de selección, aplicando el modelo general de selección natural, tendremos que las frecuencias genotípicas relativas esperadas serán

Frecuencia del genotipo AA : p^2w_{AA}/W

Frecuencia del genotipo Aa : $2pqw_{Aa}/W$

Frecuencia del genotipo aa : q^2w_{aa}/W

Dónde W (eficacia biológica media de los tres genotipos) = $p^2w_{AA} + 2pqw_{Aa} + q^2w_{aa}$