

# Om Populus-software

'Populus' er et gratis program der kan downloades fra <http://cbs.umn.edu/populus/overview>. Det er et stykke software der kræver programmet Java installeret (<https://www.java.com/en/download/>).

Programmet udgives af Minnesota State University, College of Biological Sciences.

Der er forskelle på hvordan programmet virker på pc og Mac. Hvis ikke Java er installeret, downloades Java og installeres først. For pc'ers vedkommende skal man herefter dobbeltklikke på filen fra <http://cbs.umn.edu/populus/overview>.

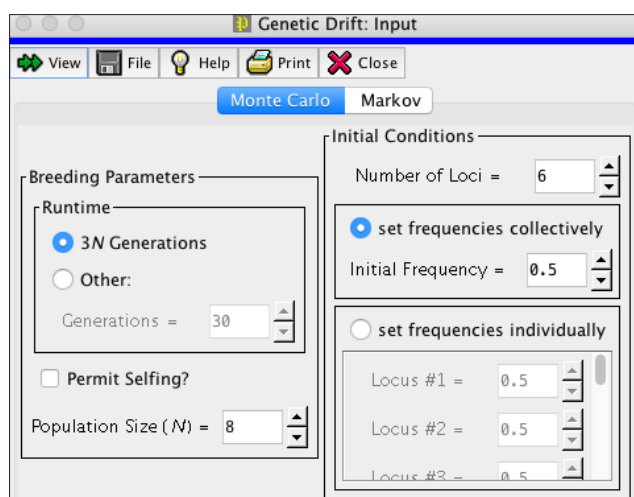
På Mac skal filen downloades – herefter skal man i 'Finder' højreklikke på filen og vælge 'Åbn i' → 'Jar Launcher'.

Man kan af figur 1 se at programmet har 4 faciliteter, hvoraf 'Model' er den mest interessante og kan simulere mange forskellige populationsbiologiske modeller. 'Preferences' er nogle få indstillinger man kan ændre, mens 'Help' åbner en pdf-fil hvor man kan søge om hjælp til den enkelte model (hjælpen er på engelsk).



Figur 1. Menu i Populus.

Vælg nu 'Model' → 'Mendelian Genetics' → 'Genetic drift'. Resultatet kan ses i figur 2.



Figur 2. Genetisk drift i Populus. Man kan sætte parametre for modellen i dette vindue, og ved tryk på 'View' vises resultatet af de input man har lagt i modellen.

Man kan i modellens opsætning vælge hvor stor populationen skal være (Population Size); her sat til 8 individer, og man kan vælge antallet af loci (svarende til hvor mange loci man vil køre modellen på). Allelfrekvensen kan fastlåses for alle loci på en gang ved at vælge 'set frequencies collectively', som figur 2 viser findes i højre spalte i midten eller individuelt ved at klike på 'set

frequencies individually’, der på figur 2 findes i højre spalte, nederst. Tallet der tastes ind, svarer til  $p$  i mendelsk genetisk forstand. Resultatet af en sådan kørsel kan ses i ‘Regn med biologi’ figur 5.4.

Man kan også betragte ‘antallet af loci’ (svarende til figur 2 højre spalte øverst ‘Initial conditions - Number of Loci’) som samme locus og beregne sandsynligheden for at denne allel fikseres.

### Lille sandsynlighedsøvelse

Med udgangspunkt i at man i Populus har navigeret sig frem til dialogboksen vist i figur 2, kan man udføre følgende lille øvelse:

- 1) ‘Breeding parameters’ i venstre kolonne sættes som vist i figur 2. Når ‘Runtime’ er 3N og ‘Population size’ er sat til 8, kører simuleringen over  $3 \cdot 8 = 24$  generationer.
- 2) I ‘Initial Conditions’ i venstre kolonne figur 2 sættes ‘Number of Loci’ til 10.
- 3) I ‘Initial Conditions’ justeres ‘set frequencies collectively’, og værdien sættes til 0.5.
- 4) Tryk nu på ‘Iterate’ og tæl hvor mange kurver der i løbet af de 24 generationer ender enten med værdien 1 eller med værdien 0. Disse udviser allelfiksering. Gentag processen så den køres i alt 20 gange.
- 5) Udregn sandsynligheden for allelfiksering som antal kurver der har ramt 0 eller 1, delt med antal simulerede kurver (200 i dette tilfælde). Kurverne kan ses i Regn med biologi figur 57.
- 6) Gentag punkterne 3-5 med en lavere eller højere værdi end 0,5 i ‘Set frequencies collectively’, fx 0,1.
- 7) Hvor stor er den udregnede sandsynlighed for allelfiksering nu i forhold til den tidligere udregnede sandsynlighed? Hvorfor er den ændret til en større grad af allelfiksering?