

БИОЛОГИЯ. ЭКОЛОГИЯ

Научная статья

УДК 575.174:517.925

ПЕРВИЧНАЯ ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ДИВЕРГЕНЦИЯ В СИСТЕМЕ МИГРАЦИОННО СВЯЗАННЫХ ПОПУЛЯЦИЙ

М.П. Кулаков, Е.Я. Фрисман

Институт комплексного анализа региональных проблем ДВО РАН,
ул. Шолом-Алейхема 4, г. Биробиджан, 679016,
e-mail: k_matvey@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-7060-2731>,
e-mail: frisman@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1629-2610>

Исследуются механизмы, приводящие к генетической дивергенции в системе миграционно связанных панмиктичных популяций, заселяющих ареал кольцевой формы. Рассмотрен вариант неограниченного и ограниченного роста численности. В первом случае дивергенция возникает как часть переходного процесса при переходе к генетически однородной популяции. Во втором случае дивергенция возникает и сохраняется длительное время, приводя к неоднородному пространственному распределению особей по ареалу.

Ключевые слова: генетическая дивергенция, популяция, миграция, пространственно-временная динамика.

Образец цитирования: Кулаков М.П., Фрисман Е.Я. Первичная генетическая дивергенция в системе миграционно связанных популяций // Региональные проблемы. 2024. Т. 27, № 2. С. 5–7. DOI: 10.31433/2618-9593-2024-27-2-5-7.

Хорошо известно, что под действием естественного отбора происходит закрепление такого признака (генотипа), который обеспечивает наибольшую приспособленность особей и, как следствие, наибольшую скорость воспроизводства [2]. В случае движущего или дизруптивного отбора в изолированных популяциях этот генотип фиксируется, а популяция оказывается генетически однородной. При наличии двух или более слабо связанных популяций направления отбора могут оказаться различными на смежных участках из-за небольших отличий в условиях среды, начальных численностях или частотах генотипов. В результате различия на смежных участках могут сохраняться в течение длительных периодов времени, что соответствует первичной генетической дивергенции, необходимой для закрепления микроэволюционных изменений и видообразования. Вместе с тем дивергенция может сопровождаться определенной разницей в скоростях роста смеж-

ных популяций. В результате генетическая неоднородность на протяженном ареале может приводить к существенной разнице в предельных численностях или разному характеру динамики численностей на различных участках. Цель исследования – построение и исследование математической модели, описывающей изменение частот генотипов в ходе отбора и миграции особей с учетом того, что интенсивность миграционного изменения частот зависит от численностей связанных популяций, а частоты влияют на скорости роста.

Рассматривается система популяций диплоидных организмов со следующей последовательностью популяционных процессов: формирование зигот из гамет, естественный отбор зигот, миграция зигот между смежными популяциями, продуцирование новых гамет. Будем полагать, что отбору чувствителен один признак, кодируемый единственным геном с двумя аллелеморфами A и a . Обозначим через $N_1(t)$, $N_2(t)$ и $N_3(t)$ чис-

ленности, а через $q_1(t)=N_1(t)/N(t)$, $q_2(t)=N_2(t)/N(t)$ и $q_3(t)=N_3(t)/N(t)$ частоты генотипов AA , Aa и aa ($N(t)=N_1(t)+N_2(t)+N_3(t)$). Предлагаемая динамическая модель [1], описывающая динамику этих величин в системе n связанных популяций, имеет вид:

$$\left\{ \begin{array}{l} q_k^{(i)}(t+1) = \frac{1+s_k}{G^{(i)}(t)} \left(q_k^{(i)*}(t+1)(1-m) + \right. \\ \left. + \frac{m}{2S} \sum_{\substack{j=i-S \\ j \neq i}}^{i+S} M_{i,j} \frac{N^{(j)}(t)}{N^{(i)}(t)} q_k^{(j)*}(t+1) \right), \\ N_k^{(i)}(t+1) = (1+s_k) \left(N^{(i)}(t)F(N^{(i)}(t))q_k^{(i)*}(t+1)(1-m) + \right. \\ \left. + \frac{m}{2S} \sum_{\substack{j=i-S \\ j \neq i}}^{i+S} M_{i,j} N^{(j)}(t)F(N^{(j)}(t))q_k^{(j)*}(t+1) \right), \end{array} \right. \quad (1)$$

где $k=1,2,3$ – номер генотипа AA , Aa и aa ; $i=1,2,3,\dots,n$ – номер локального участка; $t=1,2,3,\dots$ – номер сезона. Параметр $s_k \geq -1$ характеризует приспособленность k -го генотипа с учетом интенсивности производства гамет и силы отбора зигот; m – коэффициент миграции или сила связи, равный доле особей от общей численности $N^{(i)}$, регулярно покидающих i -й участок; S – радиус связи, равный половине числа участков, из которых направлен поток мигрантов в i -й участок. Величины $q_1^{(i)*}(t+1) = (q_1^{(i)}(t) + q_2^{(i)}(t)/2)^2$,

$q_2^{(i)*}(t+1) = 2(q_1^{(i)}(t) + q_2^{(i)}(t)/2)(q_3^{(i)}(t) + q_2^{(i)}(t)/2)$ и $q_3^{(i)*}(t+1) = (q_3^{(i)}(t) + q_2^{(i)}(t)/2)^2$ – частоты генотипов до отбора при единичной скорости продукции гамет. Матрица $(M)_{i,j=1}^n$ размера $n \times n$ описывает направления, интенсивность миграции, а также задает топологию сети связанных популяций. В работе рассмотрена сеть в виде замкнутого одномерного кольца. Величина G – нормировочный множитель равный:

$$G^{(i)} = \overline{W}^{(i)}(1-m) + \frac{m}{2S} \sum_{\substack{j=i-S \\ j \neq i}}^{i+S} M_{i,j} \frac{N^{(j)}}{N^{(i)}} \overline{W}^{(j)}. \quad (2)$$

В системе (1) функция F описывает плотностно-зависимое лимитирование роста численности. Рассмотрено два случая: $F=1$, соответствующий неограниченному (экспоненциальному) росту популяции с мальтузианским параметром равным G , а также $F(N)=1-N/K$, описывающим логистический рост популяции (K – емкость среды).

В случае неограниченного роста численностей показано, что при пониженной приспособленности гетерозигот Aa ($-1 \leq s_2 \leq s_3$ и $-1 \leq s_2 \leq s_1$) и небольшой миграции пространственно-временная динамика характеризуется полосами, где преобладают гомозиготы. Между полосами с противоположными формами рассматриваемого признака (AA и aa) расположены полосы с гетерозиготами (Aa), существование которых поддерживается миграцией со смежных участков. При постоянной матрице миграции ($M_{i,j}=1$ или 0) этот узор существует непродолжительное время и чаще всего имеет форму вертикальных полос. При случайном дрейфе ($M_{i,j}$ – случайная величина от 0 до 1) полосы имеют вид бегущих волн, которые сохраняются более продолжительное время, но при существенных ограничениях роста численности (s_1 и $s_3 \rightarrow 1$) [1]. При введении полостно-зависимого лимитирования подобный узор устойчив и сохраняется неограниченно долго. Показано, что при подобном распределении генотипов (генетическая дивергенция) неизбежно возникают различия в численностях и характере динамики на удаленных участках из-за различий в приспособленностях гомо- и гетерозигот.

Работа выполнена в рамках государственного задания Института комплексного анализа региональных проблем ДВО РАН.

ЛИТЕРАТУРА:

1. Кулаков М.П., Фрисман Е.Я. О первичной генетической дивергенции в системе популяций на кольцевом ареале // Региональные проблемы. 2024. Т. 27, № 1. С. 36–49. DOI: 10.31433/2618-9593-2024-27-1-36-49.
2. Fisher R.A. On the dominance ratio // Proceedings of the Royal Society of Edinburgh. 1923. Vol. 42. P. 321–341.

REFERENCES:

1. Kulakov M.P., Frisman E.Ya. On primary genetic divergence in a system of populations in a ring area. *Regional'nye problemy*, 2024, vol. 27, no. 1, pp. 36–49. (In Russ.). DOI: 10.31433/2618-9593-2024-27-1-36-49.
2. Fisher R.A. On the dominance ratio. *Proceedings of the Royal Society of Edinburgh*, 1923, vol. 42, pp. 321–341.

PRIMARY GENETIC DIVERGENCE IN A SYSTEM OF POPULATIONS COUPLED BY MIGRATION

M.P. Kulakov, E.Ya. Frisman

We investigate the mechanisms leading to genetic divergence in the system of panmictic populations coupled by migration and living in the habitat of the ring shape. It is considered the variants of unlimited and limited population growth. In the first case, divergence occurs as part of the transition process moving towards a genetically homogeneous population. In the second case, divergence occurs and persists, leading to a heterogeneous spatial distribution of individuals.

Keywords: *genetic divergence, population, migration, spatiotemporal dynamics.*

Reference: Kulakov M.P., Frisman E.Ya. Primary genetic divergence in a system of populations coupled by migration. *Regional'nye problemy*, 2024, vol. 27, no. 2, pp. 5–7. (In Russ.). DOI: 10.31433/2618-9593-2024-27-2-5-7.

Поступила в редакцию 12.04.2024

Принята к публикации 13.06.2024