
Szimulációs kísérletek különböző genetikai paraméterek vizsgálatára

Szőke Szilvia

Debreceni Egyetem Agrártudományi Centrum,
Agrárgazdasági és Vidékfejlesztési Kar,
Gazdaságelemzési és Statisztikai Tanszék, Debrecen

ÖSSZEFOGLALÁS

Számítógépes szimulációval a genetikai variancia csökkenését vizsgáltuk 25 generáción keresztül. A populációk mérete 1000, 2000, 4000, 8000 és 16000 volt. A gének száma 1-től 5-ig változott és génenként két alléllal számoltunk. A gének nem voltak kapcsolatosak, nem volt episztázis hatás és dominancia sem. A nőivarú egyedek 93%-át tartottuk meg a szelekció során, a hímekből pedig annyit, hogy a hím-nő arány 1:500 legyen. Az új generációkban a szülőknek annyi utódja lett, hogy a populáció létszáma közel állandó legyen. Az anyánkénti utódok száma normális eloszlást követett.

A populációk mérete, de még inkább a lokuszok száma befolyásolta, hogy hány generáció kell a genetikai maximum eléréséhez. A populációk genetikai átlagának változását és a genetikai variancia csökkenését a generációk függvényében egyaránt jól leírja harmadfokú, ill. logisztikus görbe. Ezen függvények segítségével más szituációkban is becsülhető a populáció genetikai átlagának illetve a genetikai variancia változása.

SUMMARY

The change of genetics variance in various simulated population were examined through 25 generations. The population size were 1000, 2000, 4000, 8000 and 16000. The number of genes were 1, 2, 3, 4 and 5. Two alleles per gene were applied. It was assumed that base population was randomly mated. Also it was assumed that a pair of allele genes was independent, there was no epistasis, linkage between alleles of different loci, dominance and overlapping generations. In the selection was kept the 93% of females and 0.186% of males. The size of populations was close to constant through generations.

The size of populations and the number of loci were effects that how many generations is necessary to get genetical maximum. The change of the genetical mean of the population and the genetical variance were well subscribed cube and logistical curve. We can use to estimate these genetical parameters with the previous functions.

BEVEZETÉS

Az állattenyésztési genetikában számítógépes szimulációs programok segítségével olyan problémák elemzése is lehetővé válik, amelyek gyakorlati vizsgálata a kísérletek lefolytatásához szükséges idő és költségek miatt lehetetlen lenne. Így különböző genetikai környezeti szituációknak legjobban megfelelő szelekciós eljárások kidolgozása is lehetséges anélkül, hogy költséges kísérleteket végeznénk. Természetes a szimulációk nem helyettesíthetik a biológiai kísérleteket. Szimulációkkal nagyszámú változatot hasonlíthatunk össze, és közülük a legkisebb különbséggel bíró

változatokat biológiai kísérletekkel kell összehasonlítani. Ismert törvényszerűségeket egyszerűen fogalmazzunk meg. Néhány összefüggést kiragadunk a biológiai környezetből, és ez előnye is és hátránya is a számítógépes szimulációknak.

Az egyirányú szelekció során egy állományban a genetikai variancia csökken. A variancia csökkenése a szelekciós differenciál, így a genetikai előrehaladás csökkenését váltja ki. Hosszú távon kevés számú allél esetén a gének fixálódnak, kimerülnek a genetikai tartalékok, csökken az adott fajta versenyképessége.

Minél több a lokuszok száma, annál kisebb a hatásuk, és annál kisebb a szelekciós együttható. A kedvező allél fixálódásának esélye függ a kezdeti génfrekvenciától; minél kisebb, annál nagyobb valószínűséggel tűnik el. Adott kezdeti génfrekvencia esetén a fixálódás valószínűsége az effektív populációméret és a szelekciós együttható szorzatának függvénye. Mivel

$$s = i(2a / \sigma_p)$$

ahol i a szelekciós intenzitást jelöli, a fixálódás valószínűsége az effektív populációméret és a szelekciós intenzitás szorzatának függvényének is tekinthető. Így a genetikai előrehaladásnak nagyobb populációméret és nagyobb szelekciós intenzitás esetén növekednie kell (Falconer és Mackay, 1996).

RÖVID IRODALMI ÁTTEKINTÉS

A már említett okok miatt a genetikai szimuláció kedvelt módszere a kutatásoknak. Sokan sokféle megközelítésben vizsgálták a témát. Van der Werf és de Boer (1990) egy 40 egyedből álló populációt szimuláltak 10 generáción keresztül ezerszer ismételve. A hús hím egyedből ötöt választottak ki továbbszaporításra, és ezek mindegyikét 4-4 nőivarú egyeddel pároztatták, melyeknek 2-2 utódja lett. A szelekció előtt az additív genetikai variancia

$$\sigma_a^2 = 10$$

volt, az örökölhetőségi érték pedig $h^2=0,5$. Az egyedek közötti kovariancia, beltenyésztettség és gametikus egyensúlyhiány miatt a genetikai variancia a szelekciós 10 generáció alatt 6,72-re csökkent. Egy másik populációnál kisebb csökkenést tapasztaltak, de itt 400 egyedből állt a populáció és a hímek 10%-át választották ki.

Fournet és mtsai (1995) Fortran-77 programmal dolgoztak. Ők a következő kiindulási paramétereket

használták: négyféle populációs létszám (1000, 100, 40 ill. 20), 100 lókus, 40 generáció, nemek szerint eltérő szelekciós intenzitás (a hím egyedek 25%-át és a nő egyedek 50%-át tartották meg). A számított szelekciós előrehaladás és a szimulációs eredmény összehasonlításával vonták le következtetéseiket.

A célpárosításra helyezték a hangsúlyt Jorjani és mtsai (1996). Náluk a populáció méret 1600 egyedből állt, egyedenként pedig 2500 lókusssal számoltak. Véletlen párosodás esetén 200, célpárosításnál 400 párt tartottak meg a következő generáció létrehozására. Összesen 25 generáción keresztül figyelték a populációt.

A generációk magas számával tűnik ki Bürger és Lande (1994) közleménye. Vizsgálatukban 100 000 generáció szerepelt. Az induló populáció 8, 32, 128 ill. 512 egyedből állt, egyedenként 50 lókusssal számoltak. Dominanciát és episztázis hatást nem vettek figyelembe, de mutációt és rekombinációt bevontak a modellbe. Az egyedek 90%-át tartották meg a szelekció során.

A VIZSGÁLAT

A vizsgálatokat számítógépes szimulációkkal végeztük a Matlab nevű matematikai szoftvercsomag matematikai szimulációval foglalkozó részeinek használatával.

Szimulációs program struktúrája:

1. Kiindulási populáció paramétereinek meghatározása:
 - létszám (ivaronként),
 - környezeti variancia,
 - generációk száma.
2. Rendezés.
3. Szelekciós nyomás meghatározása nemenként. A továbbzaporításra megtartott egyedek ivararányának meghatározása.
4. A szülőnkénti utódok maximális számának meghatározása.
5. Célpárosítás.
6. Az új generáció létrehozása.
7. Újra a 2. lépéstől a kívánt generációszám eléréséig.

Az alap populáció egyedeit az öröklődési szabályok és a populáció szerkezete alapján a program irányítása alatt álló változók segítségével határozzuk meg. Egy tulajdonság fenotípusa egy additív öröklődésű modellben a véletlen környezeti hatást is hozzászámolva:

$$p_i = g_i + e_i$$

ahol p_i az i -edik egyed fenotípus értéke, g_i az i -edik egyed genotípusa, és e_i az i -edik egyedre ható környezeti hatás.

Jelen elemzéshez a következő genetikai paramétereket alkalmaztuk. A kiindulási populáció létszáma 1000, 2000, 4000, 8000 illetve 16000 egyed volt. A gének száma 1-5-ig változott, génenként 2 alléllal. Az allélok értékei -1 illetve +1 volt, így

génenként a genotípus értékek -2, 0 és 2 lehettek. A környezeti hatást egy véletlen szám volt, varianciája pedig a kiindulási populáció genetikai varianciájának háromszorosa. A gének allélpárjai függetlenek (nem volt episztázis), és nem volt kapcsoltság a különböző lókusok között.

A szelekció során a nő egyedek 93%-át tartottuk meg, a hímeknél pedig annyit, hogy a hím-nő arány 1:500 legyen. Egy párosításból 0, 1, 2, 3 utód születhetett, véletlenszerűen, normális eloszlást követve. Ezek a paraméterek biztosították, hogy a populáció létszáma közel állandó legyen. A populációk nem voltak átfedők.

A generációk száma 25 volt, ez idő alatt minden esetben nullára csökkent a környezeti variancia. Output adatként néztük a genetikai variancia változását, a populáció génértékének növekedését és hogy hány generáció alatt éri el a populáció a genetikai maximumot.

EREDMÉNYEK

A kísérlet során 5 populáció méret és 5 gészám szerepelt 3-szoros ismétléssel. Összesen tehát 75 futási eredmény áll rendelkezésünkre. A genetikai variancia átlagosan 16,5 generáció alatt lett nulla ($s = 3,91$). Az adatok normális eloszlást mutattak, így a további statisztikai elemzéseket varianciaanalízissel folytattuk (1. ábra).

1. ábra: Generációk számának eloszlása

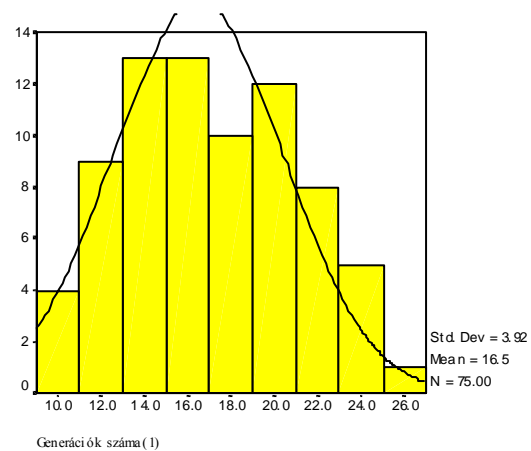


Figure 1: The distribution of the number of the generations and the normal distribution
The number of generations(1)

A varianciaanalízis kimutatta, hogy a gének száma és a populáció méret is hatással van arra, hogy hány generáció alatt éri el a populáció a genetikai maximumot. A gének száma 64%-ban a populációméret 14%-ban befolyásolja az előbb említett értéket.

Megvizsgáltuk továbbá a populáció genetikai átlagának változását generációról generációra. Azokat az eseteket, ahol 5 lókus befolyásolta a genetikai értéket átlagoltuk, majd megnéztük, milyen függvény írja le legjobban a folyamatot. A legjobb egyezést harmadfokú függvény adta (2. ábra).

$$f(x) = 0,003x^3 - 0,144x^2 + 2,292x - 1,671$$

2. ábra: A populáció genetikai átlagának változása a generációk függvényében

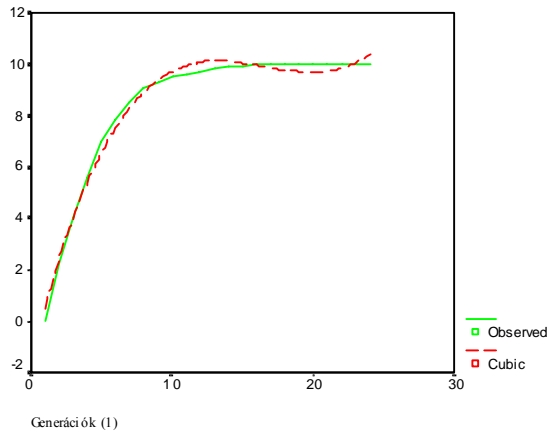


Figure 2: The change of the mean of the population as a function of generations
Generations(1)

Hasonló tapasztalataink voltak, amikor a genetikai variancia változását néztük meg generációról generációra. Ismét harmadfokú görbét lehetett a legjobban illeszteni rá (3. ábra).

$$f(x) = -0,002x^3 - 0,117x^2 - 2,091x + 12,22$$

3. ábra: A genetikai variancia csökkenése a generációk függvényében

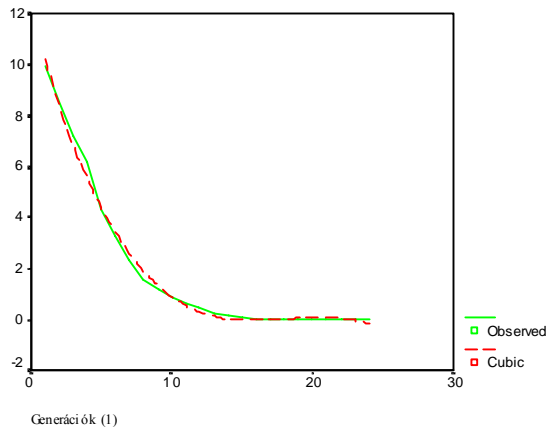


Figure 3: The change of the genetical variance as a function of generations
Generations(1)

A tartalmilag hasonló típusú problémákat az ún. logisztikus görbékkel szokás jellemezni. A mi

esetünkben is elég jó közelítéssel lehetett logisztikus görbét találni a jelenség leírására. Első esetben az

$$y = \frac{1}{\frac{1}{10} + 1,418 \cdot 0,586^x}$$

egyenlettel (4. ábra), a második esetben pedig az

$$y = \frac{1}{\frac{1}{10} + 0,005 \cdot 1,682^x}$$

egyenlettel adhatók meg az összefüggések (5. ábra).

4. ábra: A populáció genetikai átlagának változása a generációk függvényében

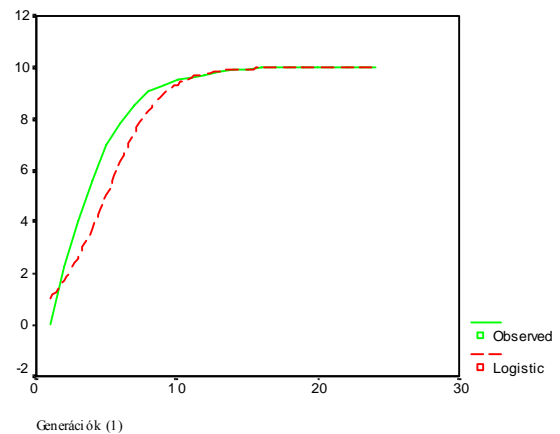


Figure 4: The change of the mean of the population as a function of generations
Generations(1)

5. ábra: A genetikai variancia csökkenése a generációk függvényében

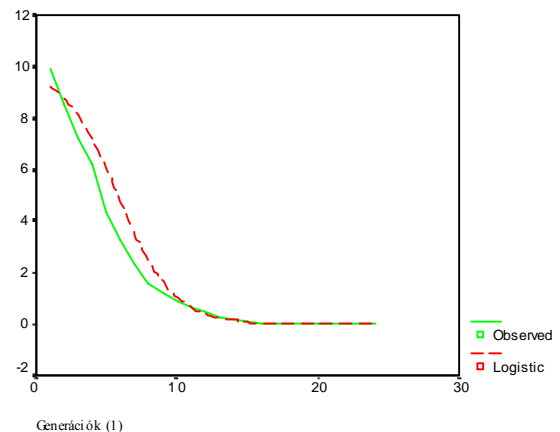


Figure 5: The change of the genetical variance as a function of generations
Generations(1)

IRODALOM

- Bürger, R.-Lande, R. (1994): On the Distribution of the Mean and Variance of a Quantitative trait Under Mutation-Selection-Drift Balance. *Genetics*, 138. 901-912.
- Falconer, D. S.-Mackay, T. F. C. (1996): *Introduction to Quantitative Genetics*. Fourth edition. Longman
- Fournet, F.-Hospital, F.-Elsen, J. M. (1995): A FORTRAN Program to Simulate the Evolution of Genetic Variability in a Small Population. *CABIOS*, 11. 5. 469-475.
- Jorjani, H.-Egström, G.-Strandberg, E.-Liljedahl, L. (1996): Genetic Studies os Assortative Mating – a Simulation Study. *Acta Agric. Scand., Sect. A, Animal Sci.*, 47. 65-73.
- Van der Werf-de Boer (1990): Estimation of Additiv Genetic Variance When Base Populations are Selected. *Journal of Animal Sciences*, 68. 3114-3132.