



МОДЕЛЬ ВНЕЗАПНОЙ ЭКСПАНСИИ – ОГРАНИЧЕНИЕ ПРИМЕНЕНИЯ В СЛОЖНЫХ СИТУАЦИЯХ.



Распопова А.А., Землемерова Е.Д., Лебедев В.С., Грицышин В.А.

При исследовании демографической истории для оценки времени увеличения численности вида на той или иной территории нередко используется модель внезапной экспансии (Sudden Expansion Model, SEM, Rogers and Harpending, 1992). Степень чувствительности этой, достаточно простой, модели к нарушению изначальных допущений, в частности, к подразделенности популяции, остается неясной.

Мы исследовали адекватность оценки времени увеличения численности популяции, возникшей в результате смешения двух прежде изолированных популяций, с помощью модели внезапной экспансии и с помощью метода ABC (Approximate Bayesian Computation).

Подобная ситуация является реалистичной и может возникнуть, например, во время послеледникового расширения ареала, когда изолированные во время оледенения рефугиальные популяции испытывают рост численности и за счет увеличения скорости миграции/колонизации образуют смешанные популяции.

Сценарий для симуляции

Параметры симуляции соответствовали оценке демографической истории и моделям изменчивости гена *cytb Sorex araneus* L, 1758 (Mammalia, Lipotyphla).

Методы

Модель внезапной экспансии

- 1) Симуляции проводили в программе fastsimcoal2 (ver 2.5.2.21). Провели по 500 симуляций для разных T_1 = от 11 до 50 тысяч поколений при T_2 = 10 тысяч поколений.
- 2) Время экспансии (T_2) оценивали в программе Arlequin 3.1 на основании распределения попарных нуклеотидных дистанций в соответствии с моделью внезапной экспансии.
- 3) Также в программе Arlequin 3.1 были оценены значения тестов на нейтральность Таджимы и Фу, статистики соответствия распределения попарных нуклеотидных дистанций модели внезапной экспансии, достоверность этих величин.

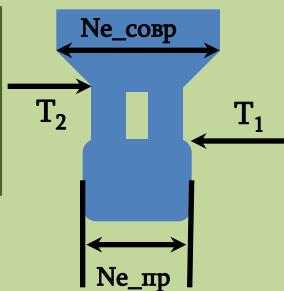
Процедура ABC

Анализ проводился в программе BaySICS

- 1) Создание псевдо-выборок ($N=50$) с заданными значениями T_1 (от 11 до 50 тысяч поколений) и T_2 (10 тысяч поколений) - 15 псевдо-выборок для каждого T_2 .
- 2) Симуляция проводилась для каждой из псевдо-выборок в рамках заданной модели с выбором параметра из широкого априорного распределения T_2 . (100000 симуляций для каждой псевдо-выборки).
- 3) Проводили отбор выборок на основании статистик оцененных для псевдо-выборок. В качестве статистик мы использовали распределение попарных нуклеотидных дистанций и значения теста Таджимы.
- 4) Оценка параметра (T_2) исходя из его апостериорного распределения.

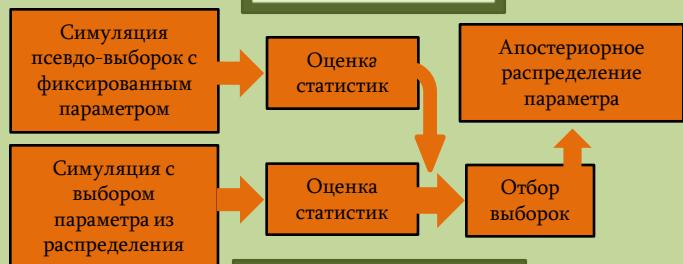
Для оценки соответствия восстановленного с помощью той или иной процедуры параметра истинному его значению (точности процедуры) мы использовали значения MRB (Mean relative bias) и RRMSE (Root of the Relative Mean Square Error).

Экспансия и слияние 10 тысяч поколений назад.

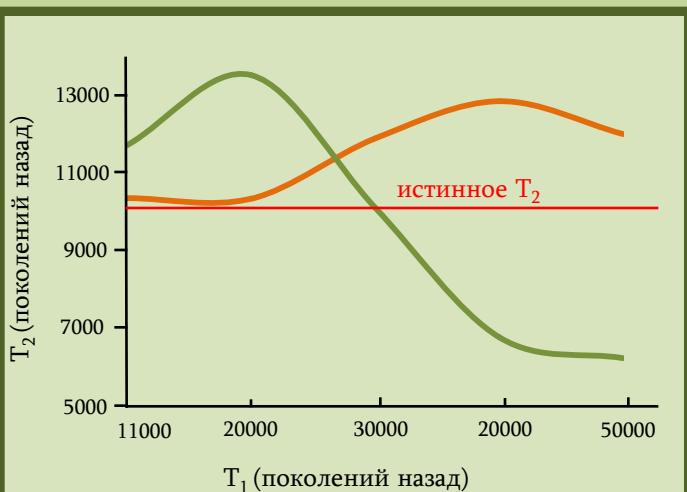


Разделение популяций от 50 до 20 тысяч поколений назад.

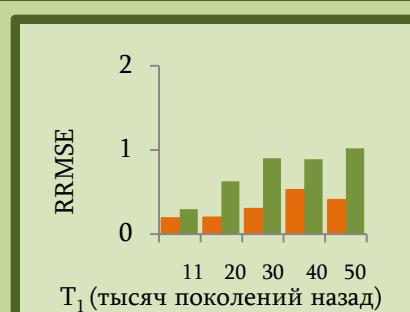
Процедура ABC



Результаты

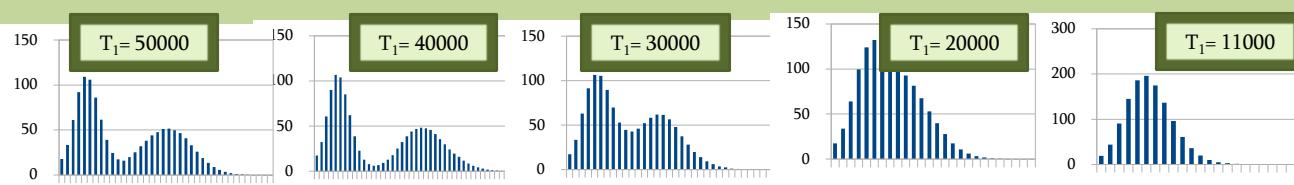


Время экспансии (T_2), оцененное с помощью модели внезапной экспансии (—) и с помощью ABC (—) для разных значений T_1 .



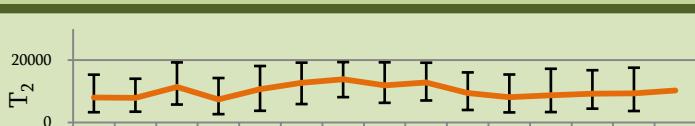
Значения показателей точности процедуры оценивания времени экспансии (T_1) с помощью модели внезапной экспансии (■) и с помощью ABC (■) для разных значений T_1 .

Оценка времени экспансии (T_2) с помощью модели внезапной экспансии демонстрирует бифазную зависимость от времени разделения популяций (T_1) и оказывается несколько завышенной при невысоких T_2 и существенно заниженной в случае, если T_2 достаточно велико. При использовании процедуры ABC оценка времени экспансии оказывается менее смещенной и лишь в небольшой степени завышенной при высоких T_2 . Значения MRB и RRMSE также демонстрируют большую применимость метода ABC при оценке времени экспансии в смешанной популяции.



Распределение попарных нуклеотидных дистанций для в сценариев с разными значениями T_1 .

При высоких значениях времени разделения популяций распределение попарных нуклеотидных дистанций имеет выраженную бимодальную структуру. Несмотря на это raggedness index и SSD не позволяют отвергнуть модель внезапной экспансии. Тесты Таджимы и Фу также указывают на рост численности.



Оцененное с помощью метода ABC время экспансии для 15 псевдо-выборок ($T_1 = 20$). Планками обозначен 95% доверительный интервал.

Хотя при использовании метода ABC удастся получить несмещенную оценку времени экспансии в смешанной популяции, доверительный интервал этой оценки оказывается значительным, что может затруднить дальнейшую интерпретацию данных.

По нашему мнению, при оценке времени экспансии популяции, модель внезапной экспансии должна использоваться с осторожностью в тех случаях, когда можно подозревать смешанное происхождение популяции.