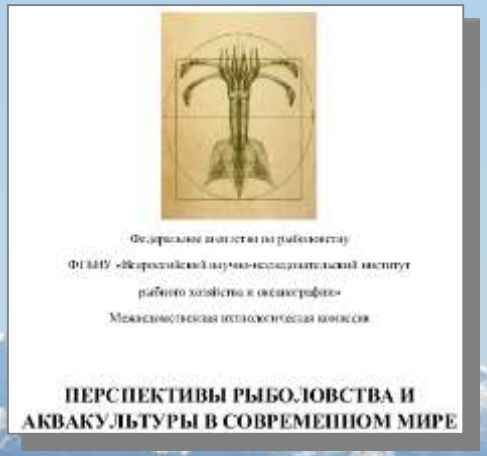
Использование компьютерных симуляций для определения популяционных параметров и особенностей микроэволюционных процессов



Д.Ю.Щербаков
Лимнологический институт СО РАН, Иркутский государственный университет

Проблема:

Новые возможности:

- Все более мощные методы исследования генетического разнообразия организмов позволяют получать большие объемы информации;
- Возможность ставить все более сложные вопросы
- Возросшее экономическое значение результатов исследований (даже исходно не прикладных);

Новые трудности:

- Возрос соблазн продолжить получать экспериментальные данные вместо того, чтобы попытаться максимально полно использовать уже имеющиеся;
- Методы анализа данных становятся все более сложными, требуются узкие специалисты, для которых биология в значительной степени — загадка;
- Все сложнее заранее предвидеть объем экспериментальных исследований, которые потребуются для получения искомого результата

Оглавление

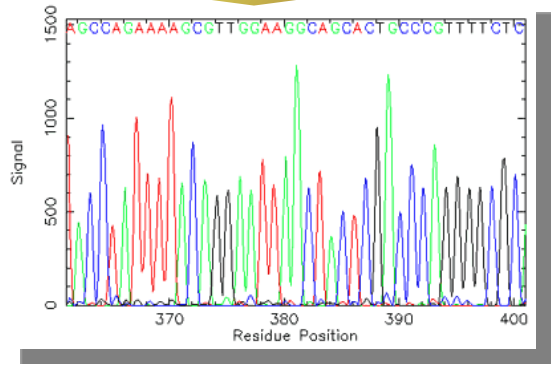
Как оценить, достаточно ли данных для требуемых выводов, или надо «продолжать секвенировать»?

Компьютерные модели как средство разобраться в сложных ситуациях при исследовании эволюционных процессов

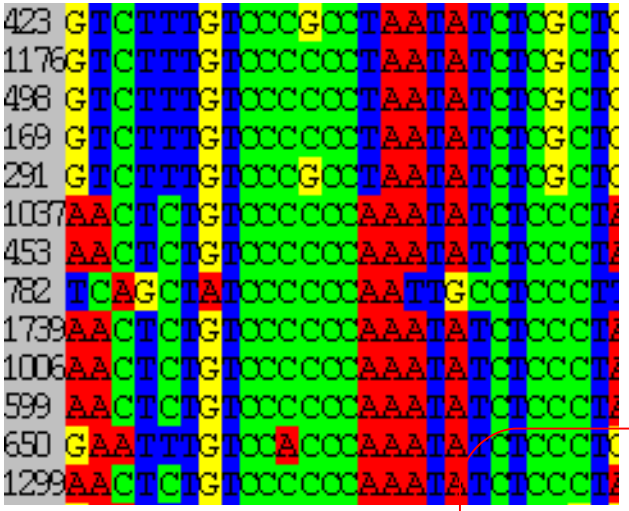
Последовательность действий исследователя

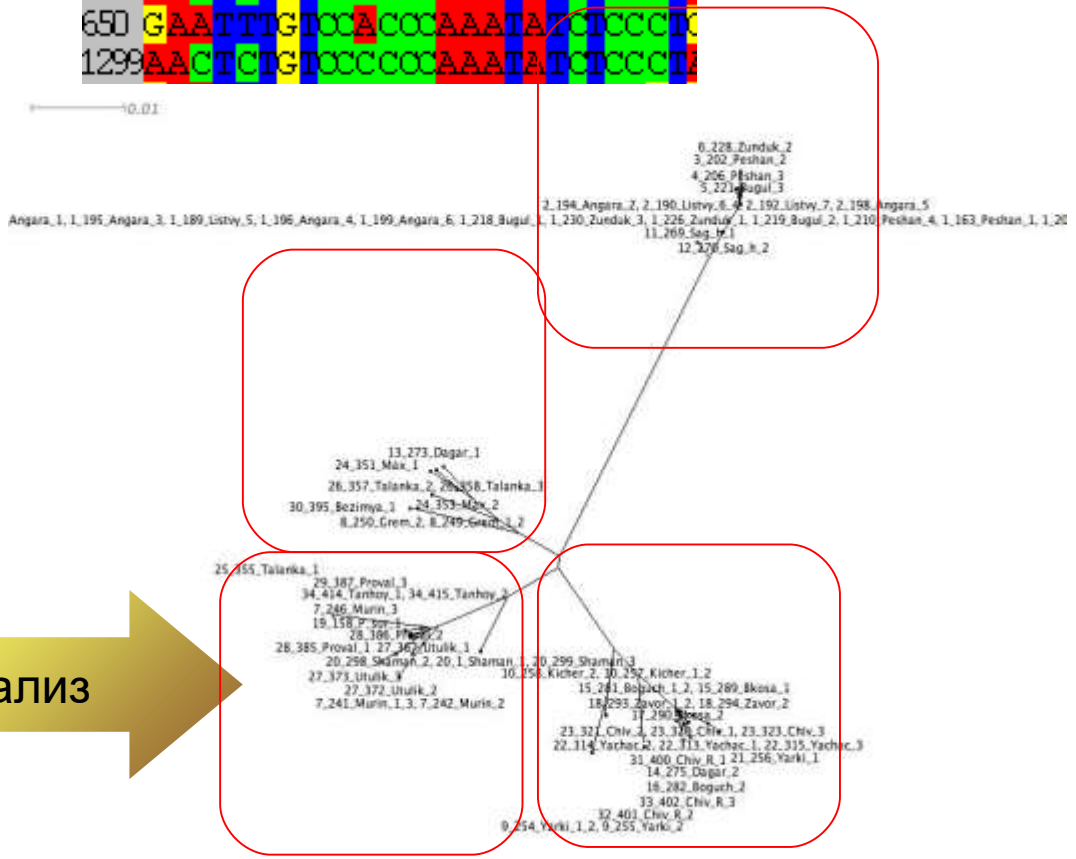
Сбор образцов

ПЦР, секвенирование



Анализ





- Эволюционное дерево не исчерпывает всей информации, содержащейся в наборе последовательностей ДНК
- Основные популяционные параметры, рассчитанные из набора последовательностей в предположении, что он представляет панмиктическую популяцию, также не исчерпывает всего, что можно узнать об объекте исследования, более того, зачастую результаты очевидно противоречат действительности

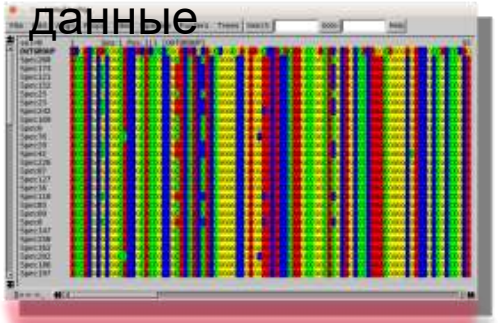
СЛЕДОВАТЕЛЬНО:

- В эволюционной генетике требуются все более сложные методы анализа данных;
- Все более актуален вопрос о том, подходит и достаточен ли имеющийся набор данных (последовательностей) для решения поставленной биологической задачи?

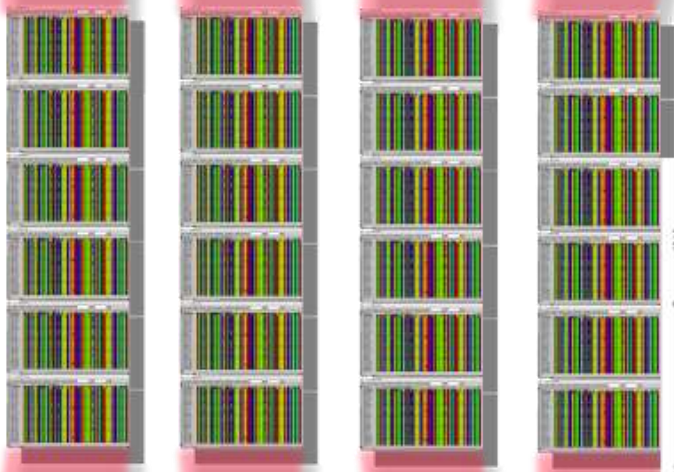
Исследование достаточности выборки

Для каждой из реплик определяется искомая величина

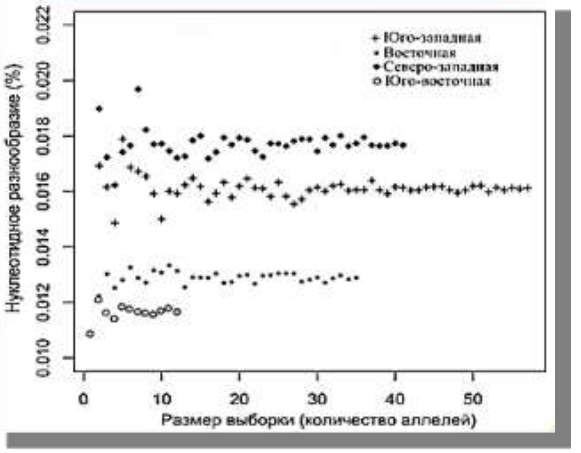
Исходные данные



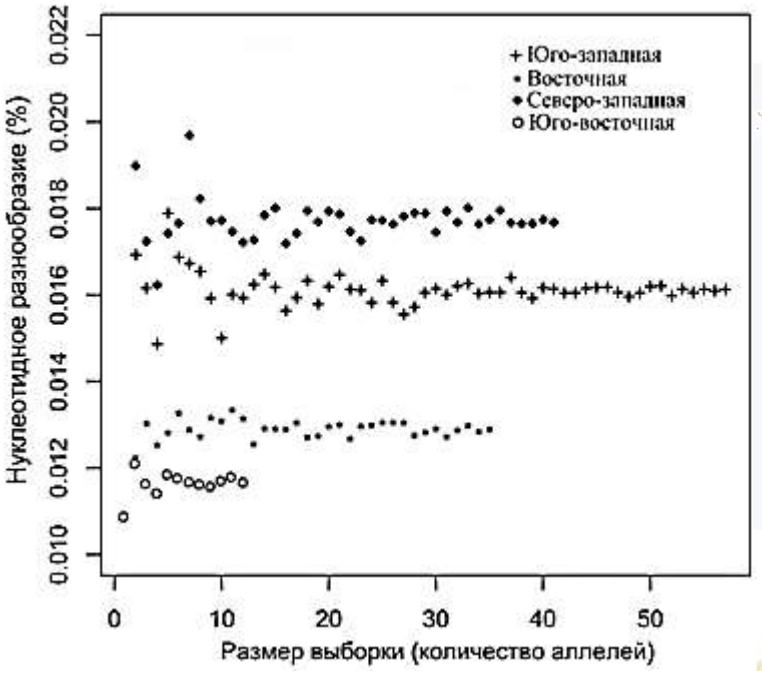
Серии случайных Выборок (без возвращения) определенного размера

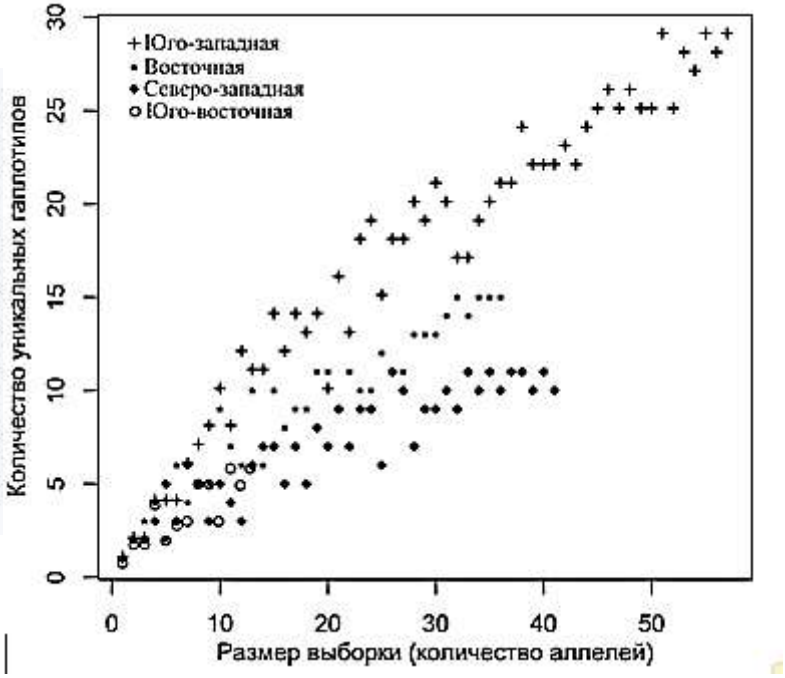


40% 60% 75% 90%

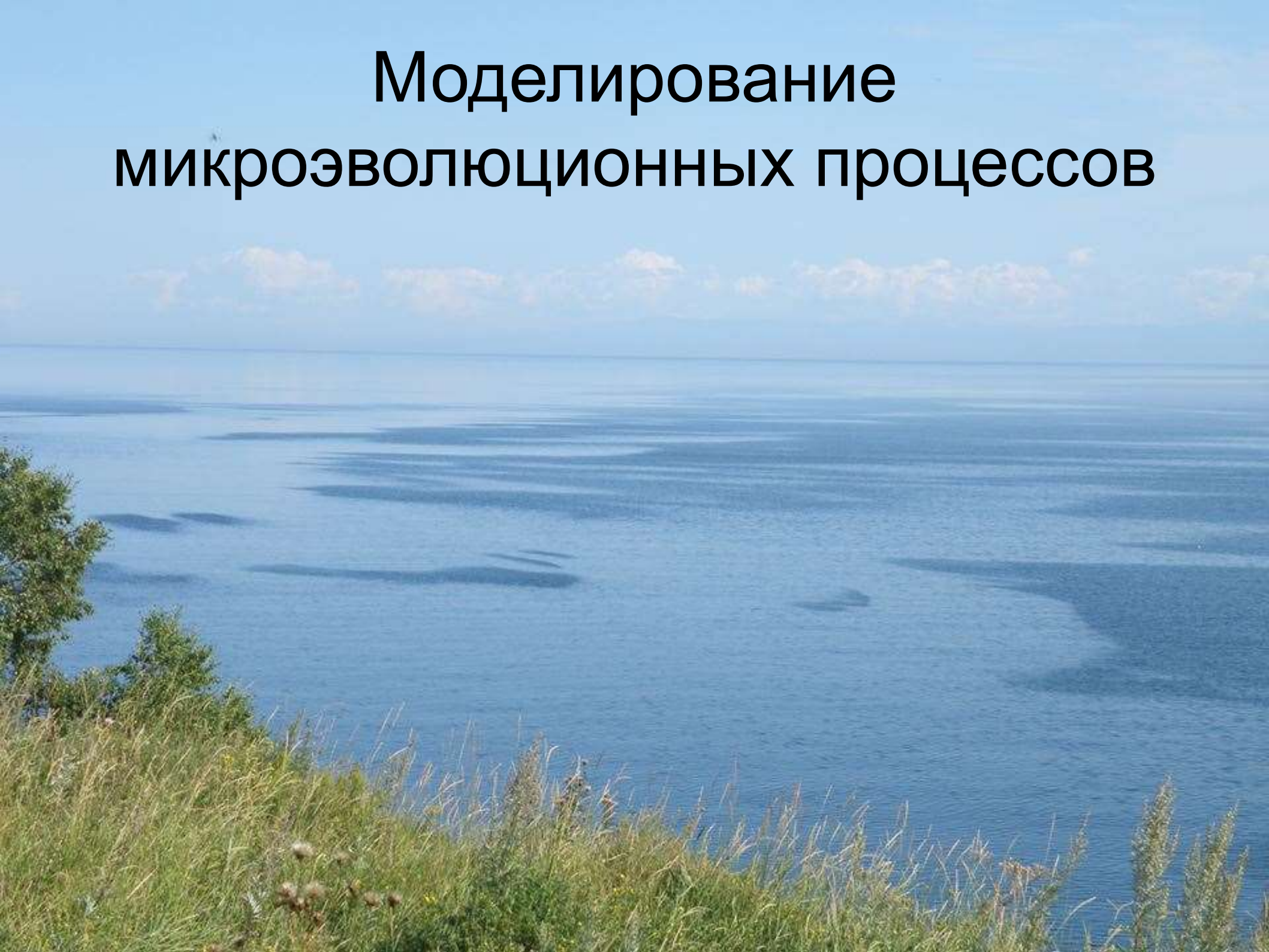


Популяционные параметры амфиподы *Gmelinoides fasciatus*

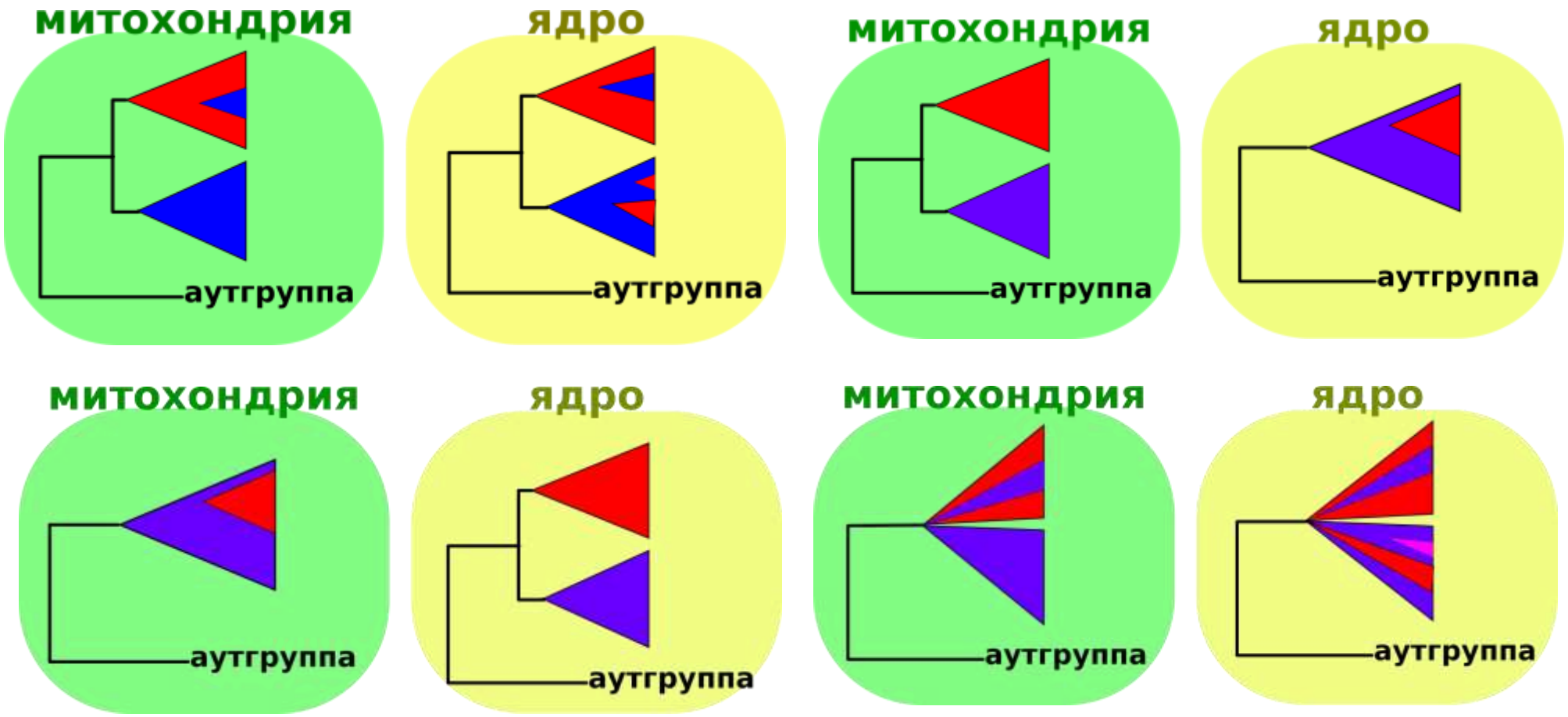




Моделирование микроэволюционных процессов



Типы рассогласованности между митохондриальными и ядерными деревьями



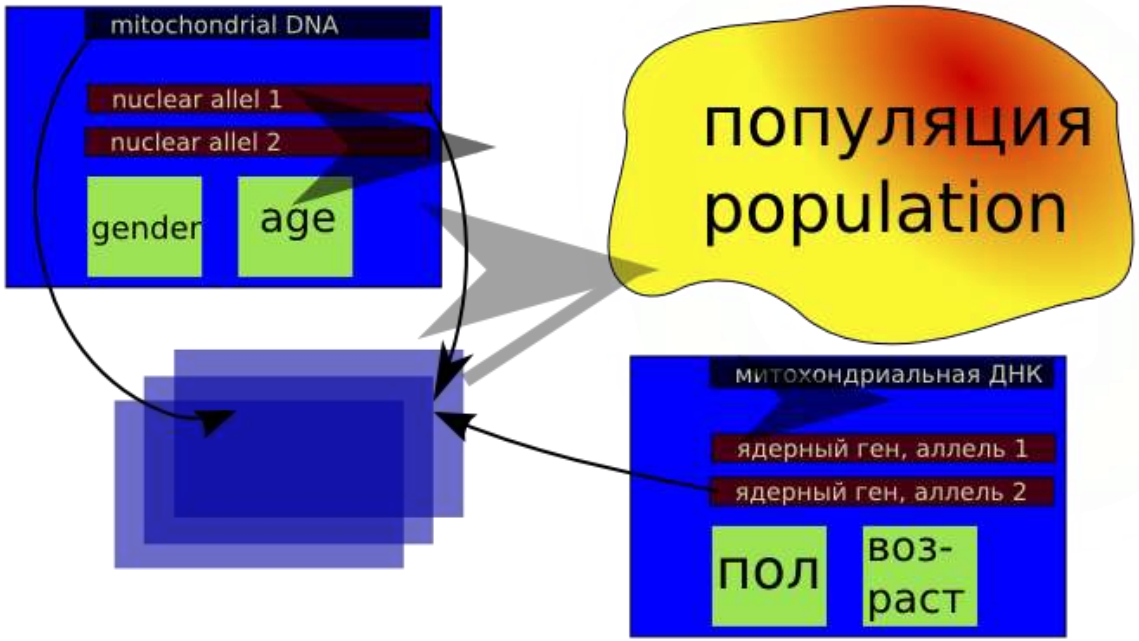
Систематическая несогласованность может наблюдаться
Между различными группами ядерных генов

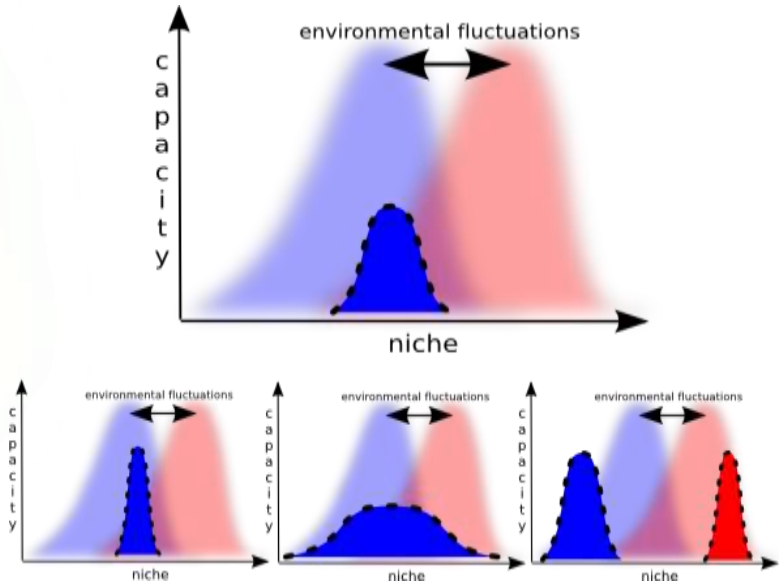
Параметры симуляций

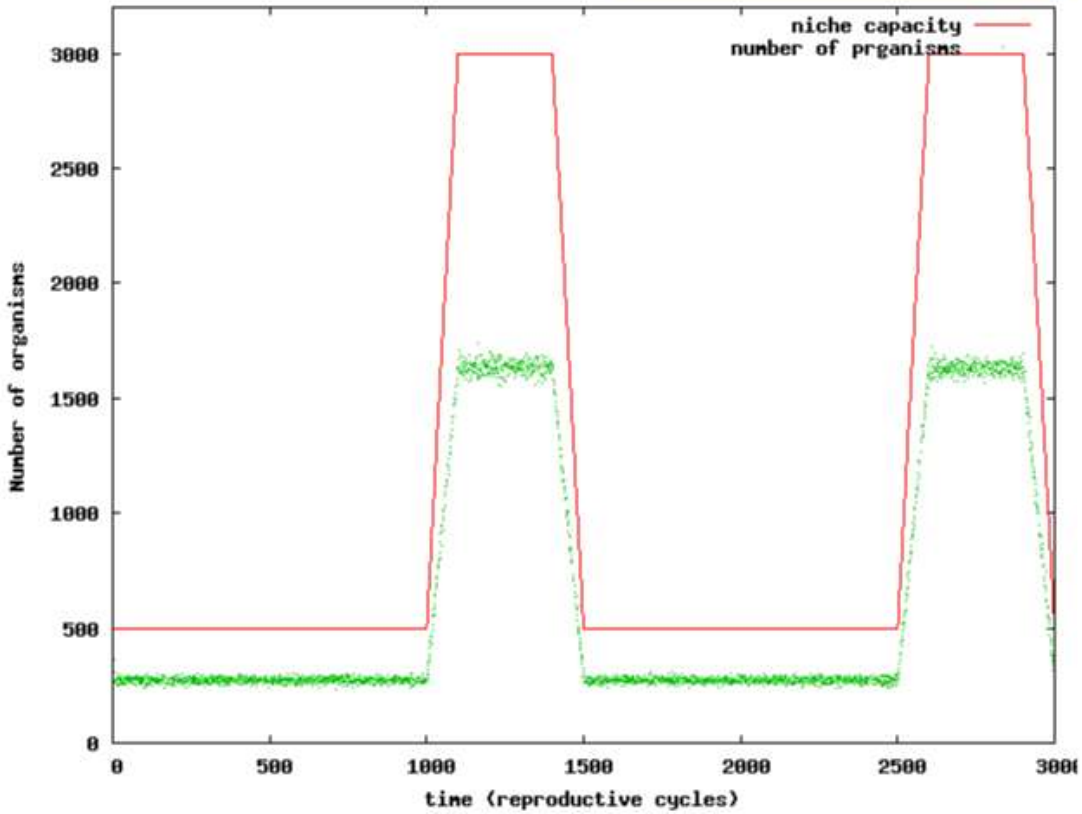
- Длина митохондриальной последовательности;
- Длина ядерной последовательности;
- Среднее число потомков;
- Максимальная продолжительность жизни;
- Вероятность мутации нуклеотидной последовательности;
- Длительность симуляции, выраженная в количестве репродуктивных циклов.

Сценарии перемен окружающей среды, выраженных через изменения ее максимальной ёмкости.
Отдельно для каждого вида

Сценарии нарушений Репродуктивной изоляции (могут быть односторонними и двусторонними)


mitochondrial DNA
nuclear allel 1
nuclear allel 2
gender
age
популяция
population
митохондриальная ДНК
ядерный ген, аллель 1
ядерный ген, аллель 2
пол
воз-
раст


environmental fluctuations
capacity
niche


niche capacity
number of prganisms
Number of organisms
time (reproductive cycles)

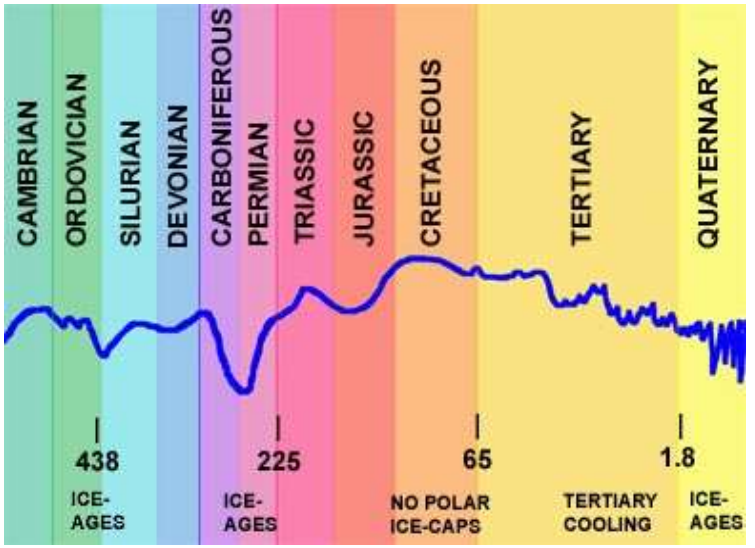
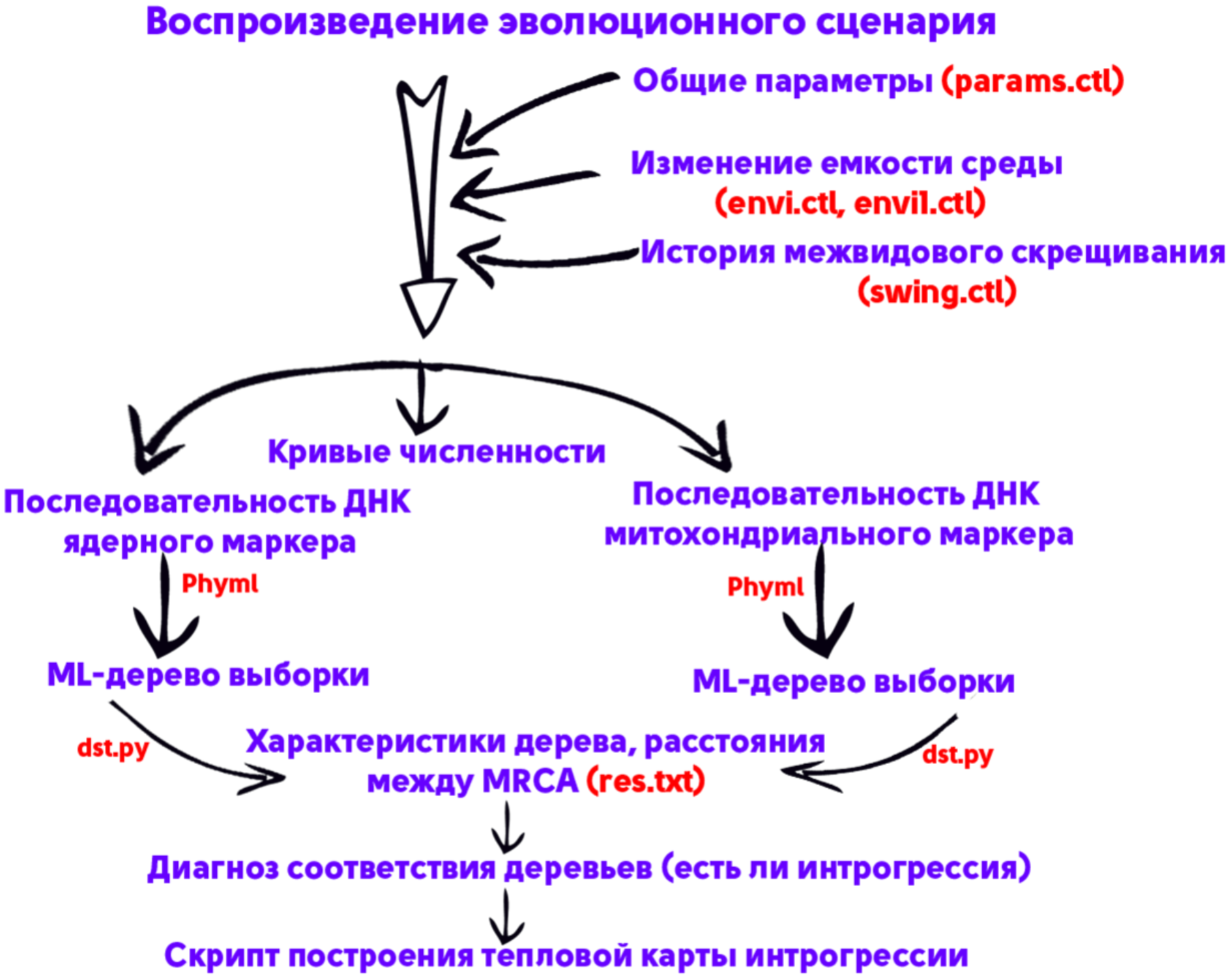
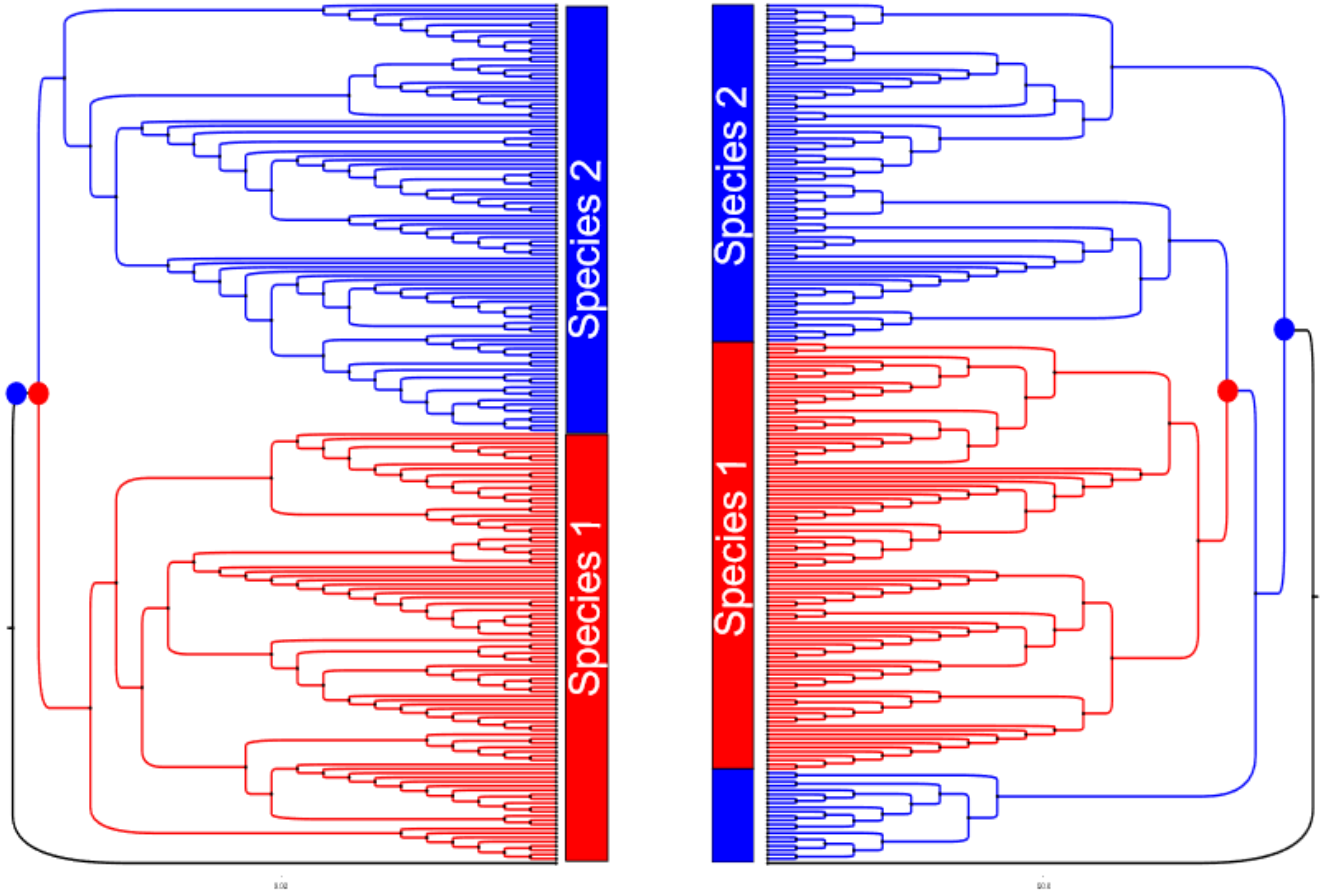
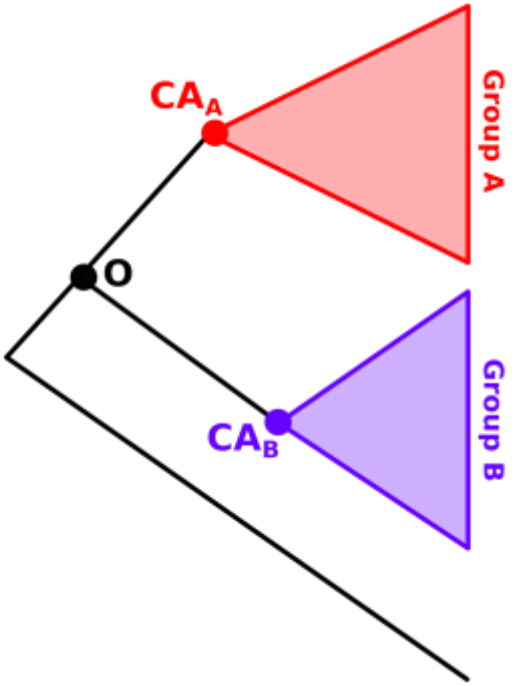

CAMBRIAN
ORDOVICIAN
SILURIAN
DEVONIAN
CARBONIFEROUS
PERMIAN
TRIASSIC
JURASSIC
CRETACEOUS
TERTIARY
QUATERNARY
438
225
65
1.8
ICE-AGES
ICE-AGES
NO POLAR ICE-CAPS
TERTIARY COOLING
ICE-AGES

СХЕМА ВОСПРОИЗВЕДЕНИЯ ПРОГРАММНОГО КОНВЕЙЕРА



Пример кладограмм, построенных из симулированных последовательностей

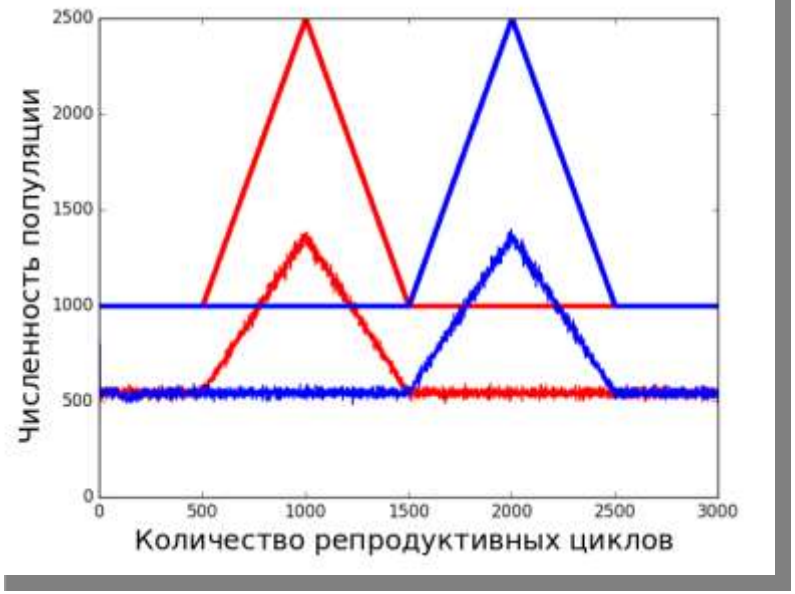




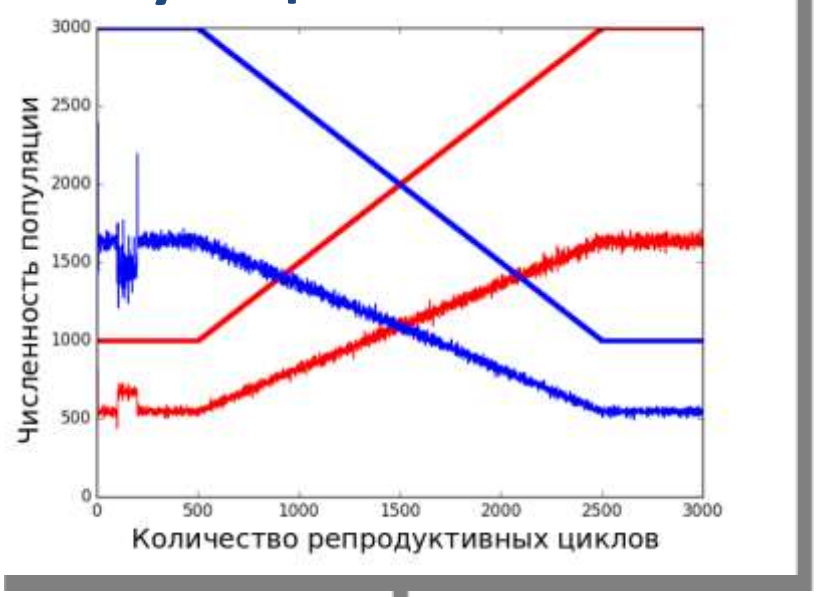
Сравнение топологий деревьев включает в себя измерение расстояний между общими предками групп организмов, тесты на монофилетичность и измерение времен существования общих предков. Не требует совпадения OTU на сравниваемых деревьях.

Примеры сценариев изменения численности популяций

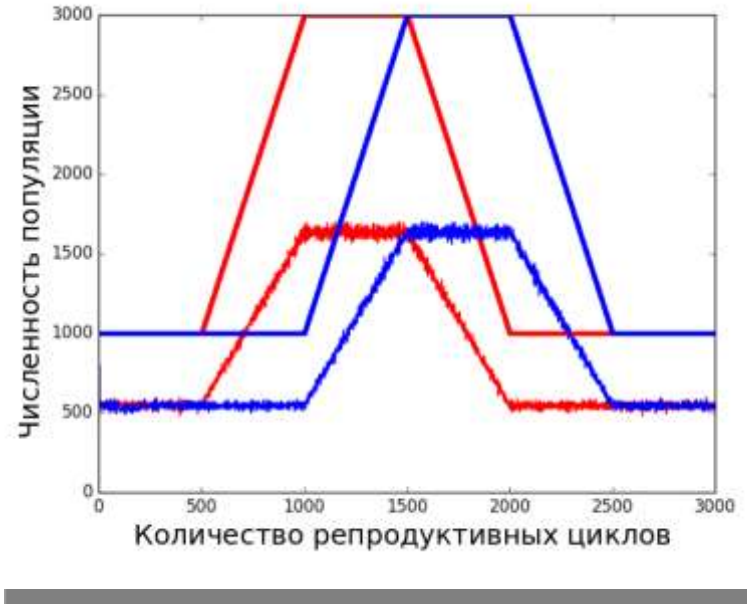
a)



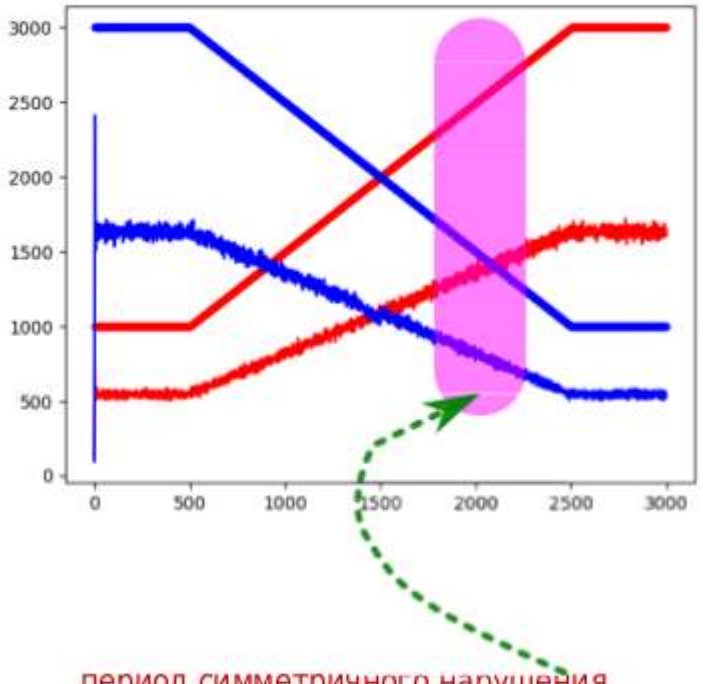
b)



c)

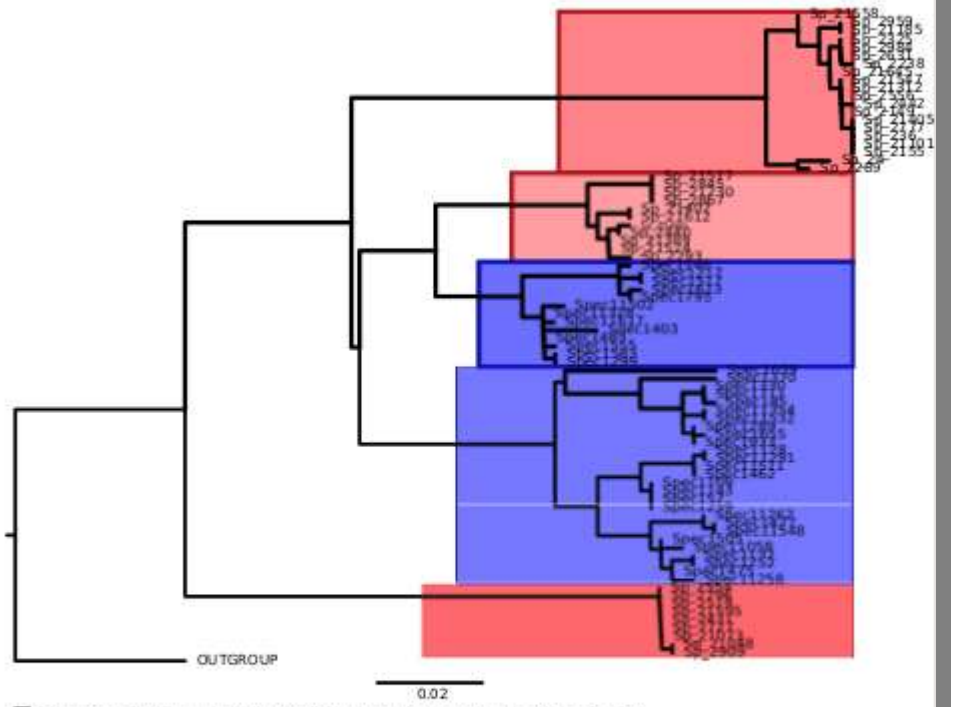


Демографический сценарий компьютерного эксперимента



период симметричного нарушения репродуктивного барьера между видами

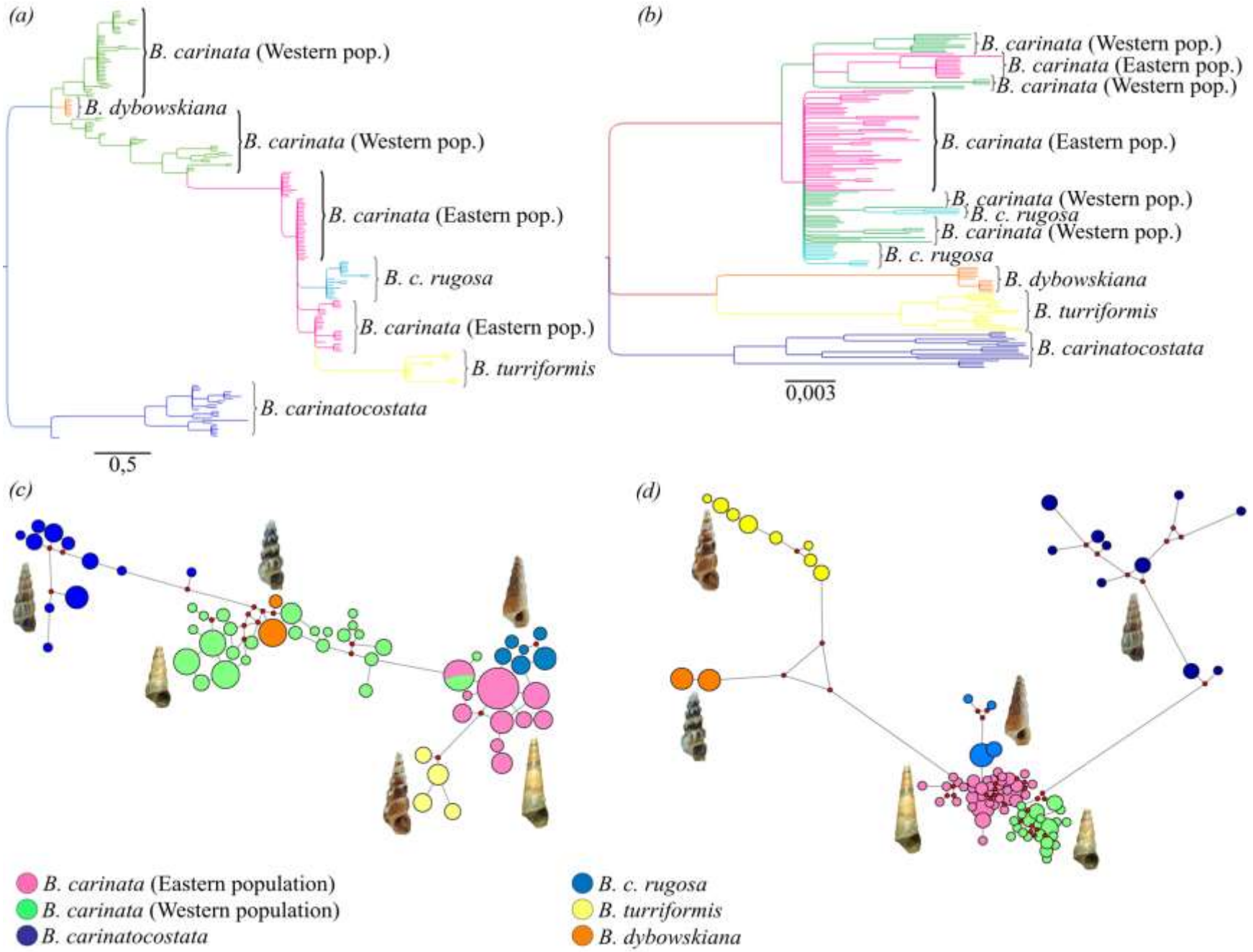
NJ-дерево митохондриального маркера: митохондриальная интрогрессия



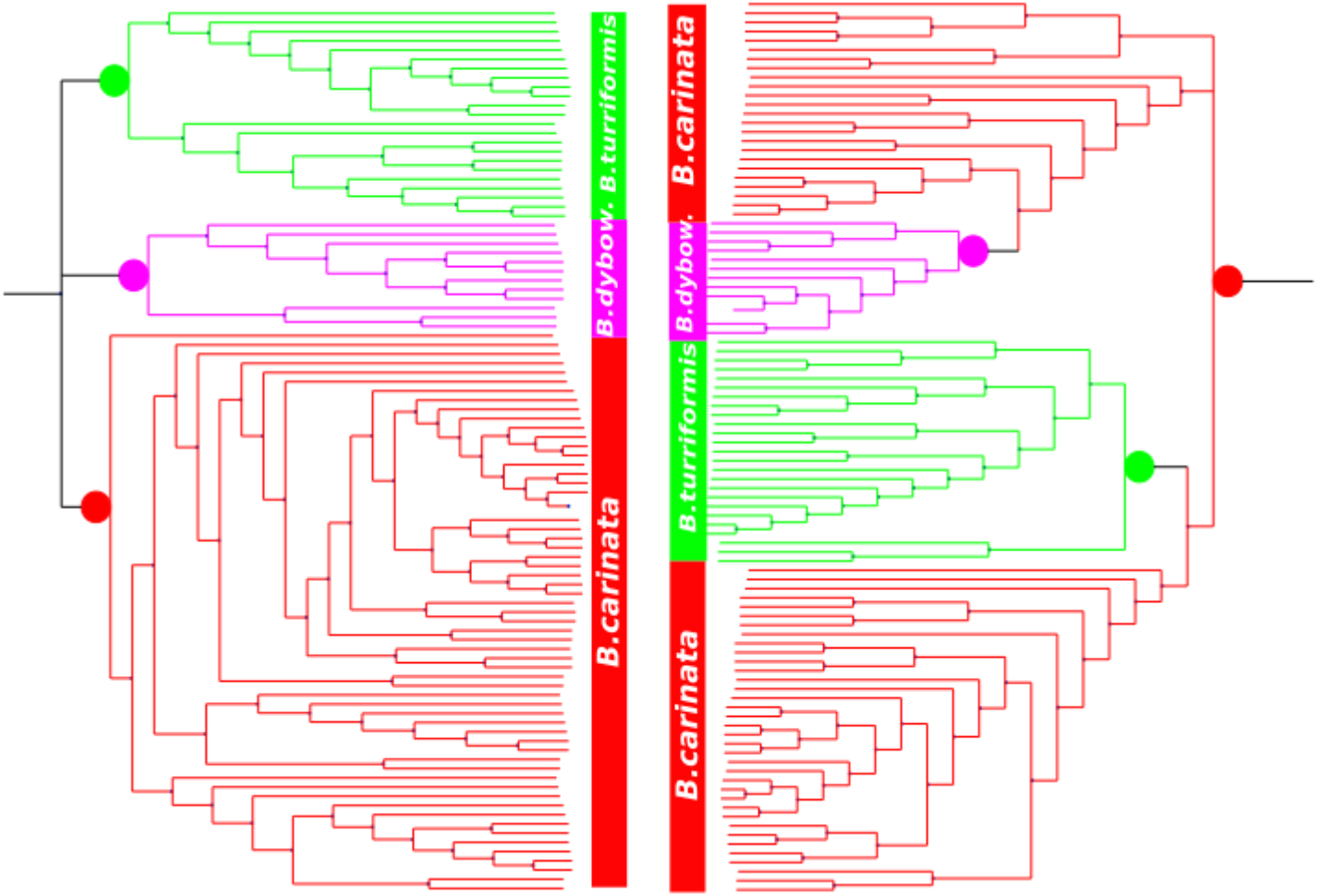
Гипотеза: при уменьшении площади каменистого дна и увеличении песчаного повысилась вероятность межвидового скрещивания, что привело к митохондриальной интрогрессии.

Нарушение изоляции произошло в конце периода перемен.

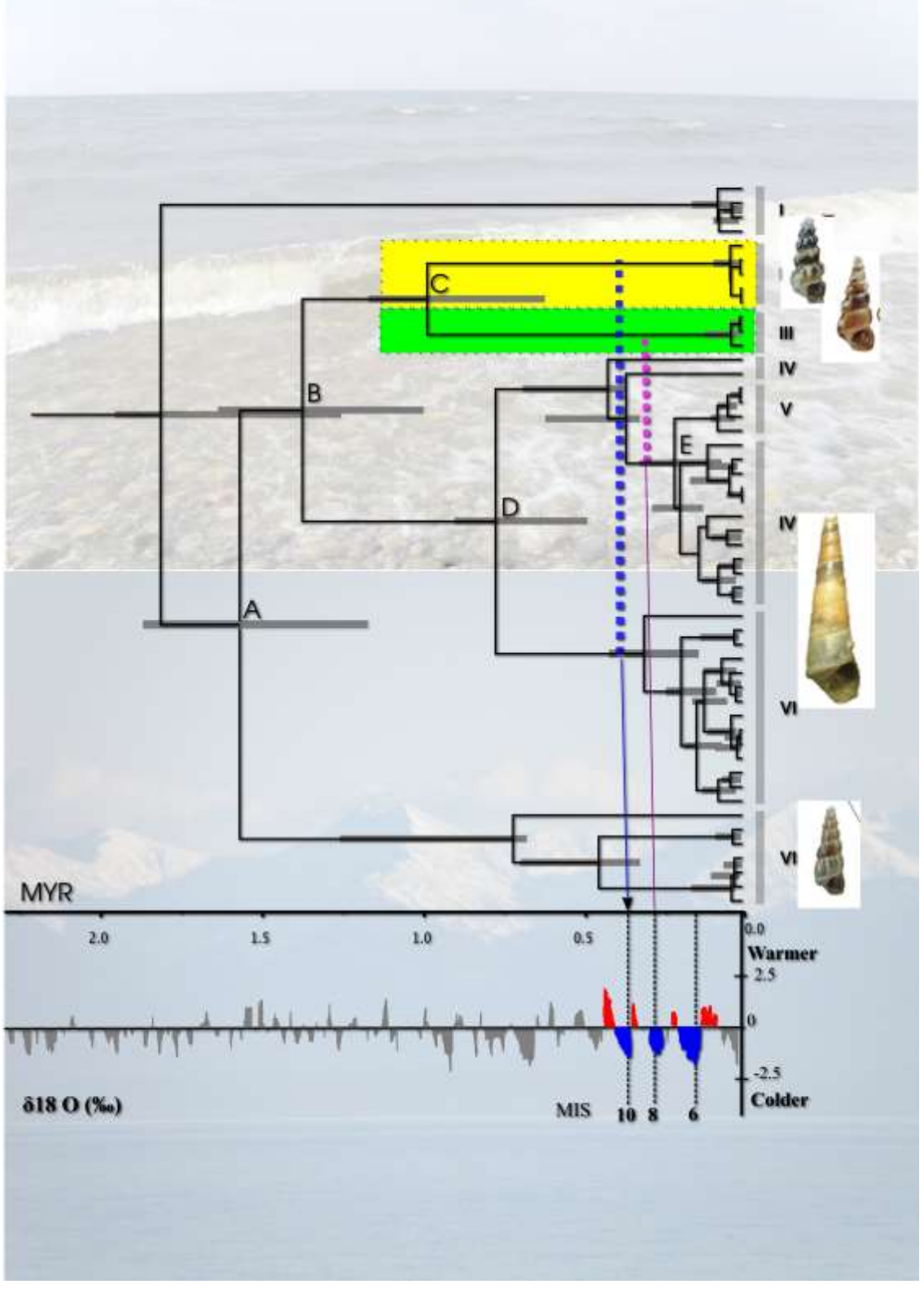
Реальный пример


(a)
B. carinata (Western pop.)
B. dybowskiana
B. carinata (Western pop.)
B. carinata (Eastern pop.)
B. c. rugosa
B. carinata (Eastern pop.)
B. turriformis
B. carinatocostata
0,5
(b)
B. carinata (Western pop.)
B. carinata (Eastern pop.)
B. carinata (Western pop.)
B. carinata (Eastern pop.)
B. carinata (Western pop.)
B. c. rugosa
B. carinata (Western pop.)
B. c. rugosa
B. dybowskiana
B. turriformis
B. carinatocostata
0,003
(c)
(d)
B. carinata (Eastern population)
B. carinata (Western population)
B. carinatocostata
B. c. rugosa
B. turriformis
B. dybowskiana

Кладограммы трех видов *Baicalia*



Показано, что в рамках рода Baicalia на произошли интрогрессии митохондриальной ДНК от *B carinata* к *B.turriformis* и *B.dybowskiana*


A
B
C
D
E
I
III
IV
V
IV
VI
VI
MYR
2.0
1.5
1.0
0.5
0.0
Warmer
2.5
0
-2.5
Colder
δ18 O (‰)
MIS
10
8
6

Спасибо за внимание

БЛАГОДАРНОСТИ:

Сотрудники лаборатории Геносистематики ЛИН СО РАН

Ю.С. Букин
Т.Е.Перетолчина
А.А. Порошина (+ИГУ)
Ж.В. Петунина
М.В. Коваленкова

The study was funded by the topic of budget financing of Limnological Institute SB RUS 0345–2016–0004 (АААА − А16 − 116122110060 − 9).