

Моделирование процессов формирования видového и генетического разнообразия в замкнутых экосистемах

Букин Ю.С.^{1, 2*}, Бережной М.Д.², Щербаков Д.Ю.^{1, 3}

¹ Лимнологический институт СО РАН, Иркутск, Россия

² Иркутский государственный университет, Иркутск, Россия

³ Новосибирский государственный университет, Новосибирск, Россия

*bukinyira@mail.ru

Ключевые слова: эволюция; видообразование; математическое моделирование; генотип; генетическое разнообразие; случайные процессы

Введение: В составе биосферы Земли существует такое понятие, как изолированная экосистема. Изолированные экосистемы активно обменивались с окружающей средой веществом и энергией и в гораздо меньшей степени обменивались с другими экосистемами организмами. Если эта экосистема существует в течение длительного периода времени, то в результате биологической эволюции в ней накапливается большое количество эндемичных видов. Часто образуются букеты, содержащие несколько эндемичных видов или даже родов и семейств. Примерами таких экосистем являются древние озера (Байкал, Танганьика, Каспийское море); глубокие выходы и грязевые вулканы; островные экосистемы.

Процессы видообразования в таких экосистемах происходят как на микроуровне (изменение частот встречаемости генотипов), так и на макроуровне (формирование букетов эндемичных видов, родов и семейств). Микроэволюционный уровень заключается в появлении новых генотипов благодаря мутационному процессу и фиксации новых генотипов в популяции, если они обладают эволюционным преимуществом. Таким образом может происходить адаптивное преобразование существующих видов и эволюционная дивергенция – появление новых видов. При макроэволюции в замкнутой экосистеме происходит перераспределение потенциально большого количества свободных экологических ниш за достаточно короткое в геологическом масштабе отрезки времени между большим количеством новых видов, появляющихся в ходе макроэволюции.

Практически все типы эволюционных процессов можно изучить с помощью методов имитационного компьютерного моделирования. В нашем исследовании мы разработали несколько имитационных моделей, описывающих как процессы микроэволюции, так и процессы макроэволюции в замкнутых экосистемах.

Методы и алгоритмы: В исследовании применялся подход индивидуально-ориентированного (объектно-ориентированного) моделирования разработки имитационных компьютерных моделей. Для наших разработок мы взяли за основу подход индивидуально-ориентированного моделирования из работ [1–3].

Результаты: Нами были разработаны несколько моделей микроэволюционных процессов. Модель симпатрического видообразования (видообразование без пространственного разделения организмов) с внедрением нейтральных генетических маркеров для отслеживания истории видообразования. Данная модель позволила отследить ранние этапы формирования дивергенции в нейтральных маркерах при параллельном накоплении адаптивных преобразований в ненейтральных локусах

[4]. Модель парапатрического видообразования, включающая пространственное разобшение особей в условиях однородного и неоднородного ареала обитания. Данная модель позволила изучить вклад пространственного разобшения в процесс конкурентного видообразования и эволюцию нейтральных генетических маркеров [5–7]. Модель эволюции двух видов, взаимодействующих по типу хищник – жертва (паразит – хозяин). Модель эволюции хищник–жертва позволила сделать вывод, что воздействие хищника замедляет процессы конкурентного видообразования у жертвы [8].

Для исследования процессов макроэволюции нами была разработана имитационная модель, описывающая формирование букета видов. Изначально в модели предполагалось существование одного вида и определенного количества свободных экологических ниш. С некоторой вероятностью с течением времени вид может эволюционно дивергировать и занять новую нишу, переселив в нее дочерний вид. Далее процесс развивается по ветвящейся цепочке. Модель позволила изучить закономерности заселения всей экосистемы (всех свободных ниш) в зависимости от вероятности эволюционной дивергенции и количества экологических ниш.

Финансирование: Работа поддержана темой бюджетного финансирования ЛИН СО РАН «Генетика сообществ байкальских организмов: структура генофонда, стратегии консервации» 0279-2021-0010 (121032300196-8).

Speciation process and genetic diversity formation modeling in closed ecosystems

Bukin Yu.S.^{1, 2*}, Berezhnoi M.D.², Sherbakov D.Yu.^{1, 3}

¹ Limnological Institute, SB RAS, Irkutsk, Russia

² Irkutsk State University, Irkutsk, Russia

³ Novosibirsk State University, Novosibirsk, Russia

* bukinyira@mail.ru

Key words: evolution; speciation; mathematical modelling; genotype; genetic diversity; random processes

Motivation and Aim: Within the Earth's biosphere there is such a thing as an isolated ecosystem. Isolated ecosystems actively exchanged matter and energy with the environment, and to a much lesser extent exchanged organisms with other ecosystems. If this ecosystem exists for a long period of time, then as a result of biological evolution, a large number of endemic species accumulate in it. Often bouquets are formed containing several endemic species or even genera and families. Examples of such ecosystems are ancient lakes (Lake Baikal, Tanganyika, Caspian Sea); deep outcrops and mud volcanoes; island ecosystems.

The processes of speciation in such ecosystems occur both at the micro level (changes in the frequency of occurrence of genotypes) and at the macro level (formation of bouquets of endemic species, genera and families). The microevolutionary level consists of the emergence of new genotypes due to the mutation process and the fixation of new genotypes in the population if they have an evolutionary advantage. In this way, adaptive transformation of existing species and evolutionary divergence – the emergence of new species – can occur. During macroevolution in a closed ecosystem, a potentially large number of free ecological niches are redistributed over fairly short periods of time on a

geological scale between a large number of new species appearing during macroevolution.

Almost all types of evolutionary processes can be studied using computer simulation methods. In our research, we developed several simulation models that describe both microevolutionary and macroevolutionary processes in closed ecosystems.

Methods and Algorithms: The study used an individual-based (object-oriented) modeling approach to the development of simulation computer models. For our developments, we took as a basis the approach of individual-based modeling from the works [1–3].

Results: We have developed several models of microevolutionary processes. Model of sympatric speciation (speciation without spatial separation of organisms) using neutral genetic markers to trace the history of speciation. This model made it possible to track the early stages of the formation of divergence in neutral markers with the parallel accumulation of adaptive transformations in non-neutral loci [4]. The model of parapatric speciation, including spatial separation of individuals in homogeneous and non-uniform habitats. This model made it possible to study the contribution of spatial separation to the process of competitive speciation and the evolution of neutral genetic markers [5–7]. The model of the evolution of two species interacting as a predator – prey (parasite – host). The model of predator-prey evolution led to the conclusion that the influence of a predator slows down the processes of competitive speciation in the prey [8].

To study the processes of macroevolution, we developed a simulation model that describes the formation of a bouquet of species. Initially, the model assumed the existence of one species and a certain number of free ecological niches. With some probability, over time, a species may diverge evolutionarily and occupy a new niche, moving a daughter species into it. The process then develops along a branching chain. The model made it possible to study the patterns of settlement of the entire ecosystem (all free niches) depending on the probability of evolutionary divergence and the number of ecological niches.

Funding: Work supported by budget funding of Limnological Institute SB RAS “Genetics of communities of Baikal organisms: structure of the gene pool, conservation strategies” 0279-2021-0010 (121032300196-8).

Список литературы/References

1. Dieckmann U., Doebeli M. On the origin of species by sympatric speciation. *Nature*. 1999;400(6742):354-357. doi 10.1038/22521
2. Doebeli M., Dieckmann U. Evolutionary branching and sympatric speciation caused by different types of ecological interactions. *Am Nat*. 2000;156(S4):S77-S101. doi 10.1086/303417
3. Takasu F. Co-evolutionary dynamics of egg appearance in avian brood parasitism. *Evol Ecol Res*. 2003;5(3):345-362
4. Semovski S.V., Verheyen E., Sherbakov D.Yu. Simulating the evolution of neutrally evolving sequences in a population under environmental changes. *Ecol. Modell*. 2004;176(1-2):99-107. doi 10.1016/j.ecolmodel.2003.07.013
5. Semovski S.V., Bukin Yu.S., Sherbakov D.Yu. Speciation and neutral molecular evolution in one-dimensional closed population. *Int J Mod Phys C*. 2003;14(07):973-983. doi 10.1142/S012918310300511X
6. Bukin Yu.S., Pudovkina T.A., Sherbakov D.Yu., Sitnikova T.Ya. Genetic flows in a structured one-dimensional population: simulation and real data on Baikalian polychaetes *M. godlewskii*. *In Silico Biol*. 2007;7(3):277-284. doi 10.1111/j.1365-294X.2009.04092.x
7. Bukin Yu.S., Gorbylev A.L. An Individual-Based Model to Simulate Genetic Processes in Populations of Species Inhabiting One-Dimensional Area. *Matematicheskaya Biologiya i Bioinformatika*. 2014;9(2):438-452. doi 10.17537/2014.9.438
8. Bukin Yu S. Coevolution in a predator-prey system: An ecogenetic model. *Russ J Genet: Appl Res*. 2014;4:543-548. doi 10.1134/S2079059714060045