

УДК 519.9+575.1

МАТЕМАТИКА

В. М. КИРЖНЕР, Ю. И. ЛЮБИЧ

ЭВОЛЮЦИОННОЕ УРАВНЕНИЕ И ПРЕДЕЛЬНАЯ ТЕОРЕМА  
ДЛЯ ОБЩИХ ГЕНЕТИЧЕСКИХ СИСТЕМ БЕЗ ОТБОРА

(Представлено академиком В. И. Смирновым 24 VIII 1973)

Имеется значительное количество работ по поводу предельного поведения динамических систем, возникающих в математической генетике (популяций). Однако большинство из них посвящено исследованию довольно простых (но важных для приложений) частных случаев. Вместе с тем некоторыми авторами в различное время были предложены унифицирующие схемы (см. <sup>(1-3)</sup>) и дальнейшее развитие в <sup>(4-6)</sup> соответственно). Но до сих пор, в основном ввиду комбинаторных затруднений, не было дано единого описания эволюции генетических систем (хотя работы <sup>(6-8)</sup> довольно близко подходят к такому описанию). В настоящей работе мы, следуя направлению <sup>(2, 5, 7, 8)</sup>, выводим единое уравнение эволюции для популяций с неперекрывающимися поколениями при отсутствии отбора. Затем на этой основе мы устанавливаем общую теорему о сходимости траекторий и исследуем скорость сходимости к равновесию.

1. Описание механизма расщепления генов. Пусть задано  $L = \{1, \dots, l\}$  — множество локусов\* и  $m_i \geq 2$  — число аллелей в  $i$ -м локусе. Обозначим через  $a_{ik}$ ,  $i = 1, \dots, l$ ;  $k = 1, \dots, m_i$ ,  $k$ -й ген  $i$ -го локуса. Пусть  $N$  — натуральное число и  $\sigma = \{\sigma_1, \dots, \sigma_l\}$  — некоторая система подмножеств множества  $\mathfrak{N} = \{1, \dots, N\}$ . Для каждого  $i = 1, \dots, l$  определим на множестве  $\sigma_i$  функцию  $k_i(s)$  со значениями в множестве  $\{1, \dots, m_i\}$  номеров генов  $i$ -го локуса. Описанная структура однозначно определяет коммутативный моном

$$g = \prod_{1 \leq i \leq l} \prod_{s \in \sigma_i} a_{ik_i(s)}, \quad (1)$$

называемый гаметой с характеристикой  $\sigma$ . Различные гаметы с одной и той же характеристикой отличаются наборами функций  $\{k_i\}$ . Множество всех гамет с характеристикой  $\sigma$  обозначим через  $\Gamma_\sigma$  и назовем отделом гамет.

Введенные понятия имеют следующий генетический смысл:  $\mathfrak{N}$  — множество номеров хромосом с учетом возможного повторения тождественных хромосом в полиплоидных гаметах;  $\sigma_i$  — множество номеров хромосом, содержащих  $i$ -й локус;  $k_i(s)$  — номер гена в  $i$ -м локусе, содержащегося в  $s$ -й хромосоме гаметы  $g$ .

Пусть  $v = \{v_1, \dots, v_l\}$  — произвольная система подмножеств множества  $\mathfrak{N}$  и  $\varphi = \{\varphi_1, \dots, \varphi_l\}$  — система отображений  $\varphi_i: v_i \rightarrow \mathfrak{N}$ . Тогда определены функции  $k'_i(r) = k_i(\varphi_i(r))$  на полных прообразах  $\sigma'_i = \varphi_i^{-1}(\sigma_i)$ . Моном

$$g' = \prod_{1 \leq i \leq l} \prod_{r \in \sigma'_i} a_{ik'_i(r)} \quad (2)$$

называется субгаметой гаметы  $g$ . Для дальнейшего удобно трактовать переход от гаметы  $g$  к субгамете  $g'$  как действие некоторого оператора:

\* По поводу используемой нами генетической терминологии см., например, <sup>(3)</sup>.

$g' = \Delta_{\phi} g$ . Если  $\text{Im } \phi_i \subset \sigma_i$ ,  $i=1, \dots, l$ , то будем говорить, что система  $\phi$  принадлежит характеристике  $\sigma$ . Будем говорить далее, что две системы отображений  $\phi$  и  $\psi$  составляют разбиение при характеристике  $\sigma$  и писать  $\phi \perp \psi$ , если для каждого  $i=1, \dots, l$  области определения  $\text{Dom } \phi_i$ ,  $\text{Dom } \psi_i$  составляют разбиение множества  $\sigma_i$ .

Пусть заданы две «родительские» характеристики  $\epsilon$ ,  $\omega$  и характеристика  $\sigma$  «потомка». Разбиения  $\phi \perp \psi$ , для которых  $\phi$  принадлежит характеристике  $\epsilon$ , а  $\psi$  принадлежит характеристике  $\omega$ , называются допустимыми для тройки  $(\epsilon, \omega; \sigma)$ . Любое распределение вероятностей на множество допустимых разбиений называется распределением сцепления для данной тройки характеристик  $(\epsilon, \omega; \sigma)$  и соответствующие вероятности обозначаются  $p_{\epsilon, \omega}(\phi \perp \psi)$ . Генетически распределение сцепления описывает вероятности всех возможных рекомбинаций при данных характеристиках родительских гамет и гамет потомка.

Описанный механизм включает все обычно рассматриваемые способы образования гамет в мейозе при произвольных типах полиплоидии у родителей и потомков и при произвольной половой дифференциации гамет (в том числе) при частичном сцеплении с полом и при наличии более чем двух полов\*.

2. Описание механизма перемешивания генов. Перемешивание генов в популяции осуществляется путем скрещиваний, мутаций и миграций. Основой описания перемешивания является пространственно-генеалогическая структура популяции. Пусть для каждой характеристики  $\sigma$  заданы два натуральных числа  $s$ ,  $r$  (биологически  $s$  — число ареалов, обменивающихся мигрантами,  $r$  — число различных генотипов зигот). Пространственно-генеалогической локализацией (п.г.л.) отдела гамет  $\Gamma_{\sigma}$  называется произвольная тройка  $X = (\sigma; \alpha, \beta)$ , где  $\alpha=1, \dots, s$ ;  $\beta=1, \dots, r$ . Номер  $\alpha$  называется ареалом п.г.л., номер  $\beta$  — происхождением п.г.л. Пара  $(\sigma; \alpha)$  называется пространственной локализацией (п.л.) отдела  $\Gamma_{\sigma}$ , пара  $(\sigma; \beta)$  называется генеалогической локализацией (г.л.) отдела  $\Gamma_{\sigma}$ .

Пусть даны «родительские» п.г.л.  $X = (\epsilon, \cdot)$ ,  $Y = (\omega, \cdot)$  и п.г.л.  $Z = (\sigma, \cdot)$  «потомка». Каждой тройке  $(X, Y; Z)$  должно соответствовать некоторое распределение сцепления  $p_{X, Y}(Z) = p_{\epsilon, \omega}(\phi \perp \psi)$ . Этим определяется вклад мейоза в перемешивание генов при скрещиваниях.

Мутации описываются путем отнесения каждому локусу  $i$  и каждой п.г.л.  $(\sigma; \alpha, \beta)$  стохастической (по столбцам) матрицы

$$U^{(i)}(\sigma; \alpha, \beta) = (u_{\rho, \tau}^{(i)}(\sigma; \alpha, \beta))_{\rho, \tau=1}^{m_i}.$$

Элемент  $u_{\rho, \tau}^{(i)}(\sigma; \alpha, \beta)$  интерпретируется как вероятность перехода гена  $a_{i\tau}$  в ген  $a_{i\rho}$  при заданной п.г.л. Определим полную матрицу мутаций  $U(\sigma; \beta)$  полагая\*\*

$$U(\sigma; \alpha, \beta) = \bigotimes_{1 \leq i \leq l} [U^{(i)}(\sigma; \alpha, \beta)]^{|\sigma_i|}$$

и затем образуя прямую сумму

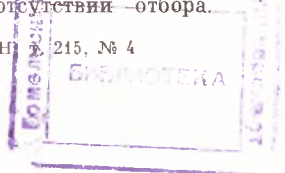
$$U(\sigma; \beta) = \sum_{1 \leq \alpha \leq s} U(\sigma; \alpha, \beta).$$

Миграции описываются путем отнесения каждой г.л.  $(\sigma; \beta)$  стохастической (по строкам) матрицы

$$V(\sigma; \beta) = (v_{\alpha, \alpha'}(\sigma; \beta))_{\alpha, \alpha'=1}^s.$$

\* Скрещивающихся, однако, не по С. Лему<sup>(9)</sup>, а обычным образом, т. е. попарно.

\*\* Эта конструкция мотивируется независимостью мутаций в разных локусах при отсутствии отбора.



Элемент  $v_{\alpha, \alpha'}(\sigma; \beta)$  интерпретируется как вероятность миграции из ареала  $\alpha'$  в ареал  $\alpha$  при заданной г.л.

Акт перемешивания состоит из следующих друг за другом акта мутации и акта миграции, причем без нарушения общности в дальнейшем можно считать, что мутация следует за миграцией\*. Матрица акта перемешивания определяется как  $W(\sigma; \beta) = (V(\sigma; \beta) \otimes \otimes 1_m) U(\sigma; \beta)$ , где  $1_m$  — единичная матрица порядка  $m = |\Gamma_\sigma| = \prod m_i$ .

Пусть задано натуральное  $T$  («время поколения») и для каждого «момента времени»  $t=1, \dots, T$  задана матрица  $W_t(\sigma; \beta)$  акта перемешивания в момент  $t$ . Матрица перемешивания за поколение определяется как произведение  $W(\sigma; \beta) = W_T(\sigma; \beta) \dots W_1(\sigma; \beta)$ .

3. Эволюционное уравнение. Будем говорить, что задано состояние популяции, если каждой г.л.  $(\sigma; \alpha, \beta)$  сопоставлено некоторое распределение вероятностей  $x_g(\sigma; \alpha, \beta)$  гамет  $g$  отдела  $\Gamma_\sigma$ . Это распределение удобно записывать в виде формальной линейной комбинации

$$G(\sigma; \alpha, \beta) = \sum_{g \in \Gamma_\sigma} x_g(\sigma; \alpha, \beta) g.$$

Соответствующий набор  $G(\sigma; \beta) = \{G(\sigma; \alpha, \beta)\}_{\alpha=1}^s$  называется состоянием г.л.  $(\sigma; \beta)$ . Каждой г.л.  $\bar{X} = (\epsilon; \beta)$  естественным образом отвечает набор г.л.  $\{X_\alpha\}_{\alpha=1}^s$ , где  $X_\alpha = (\epsilon; \alpha, \beta)$ . Обозначим через  $P_{\bar{X}, \bar{Y}}(\varphi_Z^\dagger \psi)$  матрицу  $\text{diag} \{p_{x_1, y_1}(\varphi_1^\dagger \psi) \dots p_{x_s, y_s}(\varphi_s^\dagger \psi)\}$ . Операторы  $\Delta_\varphi$  по линейности распространим на формальные линейные комбинации гамет  $G(\sigma; \alpha, \beta)$  и положим

$$\Delta_\varphi G(\sigma; \beta) = \{\Delta_\varphi G(\sigma; 1, \beta) \dots \Delta_\varphi G(\sigma; s, \beta)\}.$$

Эволюционное уравнение популяции определяет состояние популяции в  $(n+1)$ -м поколении как функцию состояния в  $n$ -м поколении. В «блочной» записи по г.л. оно имеет вид

$$G_{n+1}(\bar{Z}) = W(\bar{Z}) \sum_{\bar{X}, \bar{Y}} q(\bar{X}, \bar{Y}; \bar{Z}) \sum_{\varphi, \psi} P_{\bar{X}, \bar{Y}}(\varphi_Z^\dagger \psi) \Delta_\varphi G_n(\bar{X}) \Delta_\psi G_n(\bar{Y}); \quad (3)$$

здесь  $\bar{X}, \bar{Y}, \bar{Z}$  — г.л.,  $q(\bar{X}, \bar{Y}; \bar{Z})$  — неотрицательные диагональные матрицы, определяющие относительный вклад состояний пары г.л.  $\bar{X}, \bar{Y}$  в состояние г.л.  $\bar{Z}$ ,  $\sum_{\bar{X}, \bar{Y}} q(\bar{X}, \bar{Y}; \bar{Z}) = \text{diag}(1, \dots, 1)$ , умножение векторов в (3) — по координатам.

4. Предельная теорема. Уравнение (3) при любом начальном состоянии  $G_0$  определяет траекторию  $G_0, G_1, G_2, \dots$ . Для исследования асимптотического поведения траекторий применим метод точной линеаризации (ср. (2, 5, 7, 8)). Зафиксируем систему  $v$  подмножеств множества  $\mathfrak{X}$  и рассмотрим множество пар  $(\bar{X}, \varphi)$ , в которых  $\bar{X}$  — г.л.,  $\varphi$  — система отображений, причем  $\text{Dom } \varphi = v$ ,  $\varphi$  принадлежит характеристике г.л.  $\bar{X}$ . Если заданы в определенном порядке две пары  $(\bar{Z}, \eta)$  и  $(\bar{Y}, \theta)$  из указанного множества, то определена матрица

$$W_\eta(\bar{Z}) \left( \left[ \sum_{\bar{X}} q(\bar{Y}, \bar{X}; \bar{Z}) \sum_{\eta, \varphi = \theta} P_{\bar{Y}, \bar{X}}(\varphi_Z^\dagger \psi) + \right. \right. \\ \left. \left. + \sum_{\bar{X}} q(\bar{X}, \bar{Y}; \bar{Z}) \sum_{\eta, \varphi = \theta} P_{\bar{X}, \bar{Y}}(\varphi_Z^\dagger \psi) \right] \otimes 1_{|\Gamma_\sigma|} \right), \quad (4)$$

\* Кроме того, отметим, что несколько мутаций (миграций) подряд можно объединить в одну.

где  $\bar{Z}=(\sigma, \cdot)$ ,  $W_{\eta}(\bar{Z})$  находится из тождества  $\Delta_{\Phi}W(\bar{Z})=W_{\eta}(\bar{Z})\Delta_{\Phi}$ , умножение систем отображений — почленное. Обозначим матрицу, состоящую из блоков (4), отвечающих всевозможным  $(\bar{X}, \theta)$ ,  $(\bar{Y}, \eta)$ , через  $Q_v$ .

**Теорема 1.** *Для сходимости всех траекторий необходимо и достаточно, чтобы все матрицы  $Q_v$  не имели собственных значений  $\lambda \neq 1$ , для которых  $|\lambda|=1$ .*

Отметим, что в случае, когда условие теоремы 1 не выполнено, траектория сходится к конечному предельному циклу.

**Теорема 2.** *При выполнении условия теоремы 1 каждая траектория сходится со скоростью геометрической прогрессии, знаменатель которой равен наибольшему модулю собственных значений матриц  $Q_v$  в круге  $|\lambda|<1$ .*

Физико-технический институт низких температур  
Академии наук УССР  
Харьков

Поступило  
26 VII 1973

Харьковский государственный университет  
им. А. М. Горького

#### ЦИТИРОВАННАЯ ЛИТЕРАТУРА

- <sup>1</sup> J. Bennett, Ann. Engen., v. 18 (1954).    <sup>2</sup> O. Reiersöl, Math. Scand., b. 10 (1962).  
<sup>3</sup> B. Ellison, J. Appl. Prob., v. 3 (1966).    <sup>4</sup> P. Holgate, J. London Math. Soc., v. 42 (1967).  
<sup>5</sup> Ю. И. Любич, УМН, т. 26, в. 5 (1971).    <sup>6</sup> H. Kesten, Adv. Appl. Prob., v. 2 (1970).  
<sup>7</sup> В. М. Киржнер, Вычислительная математика и вычислительная техника, в. III, 1972.  
<sup>8</sup> В. М. Киржнер, ДАН, т. 209, № 2 (1973).    <sup>9</sup> S. Lem, Dzienniki Gwiazdowe, czytelnik, Warsz., 1971.