Model ewolucyjny w oparciu o Geometryczny Model Fishera (GMF)

Opisanie ewolucji populacji w zmiennym środowisku.

Zakładamy, że optymalny genotyp w środowisku zmienia się w każdym kroku czasowym w stopniu niewielkim, oraz raz na jakiś czas może zdarzyć się duża zmiana optimum. Wszystkie zmiany są opisane parametrami, które trzeba podać do modelu.

Zakładamy, że osobniki mogą mutować oraz umierać po osiągnięciu wieku 6 kroków czasowych.

Zakładamy, że osobniki w populacji mają 2 płcie i rozmnażają się płciowo. Ponadto, jedna z płci wybiera drugą do reprodukcji w sposób nielosowy w zależności od cech genotypu. Preferencja płci może iść w innym kierunku, niż zmiana środowiska, co w konsekwencji doprowadzi do dynamicznej równowagi pomiędzy dwoma czynnikami.

Założenia programistyczne naszego modelu

Przyjęliśmy model obiektowy o dwóch klasach : Środowisko i Osobnik.

Klasa **Środowisko** zawiera 3 atrybuty:

- populacja Zawiera listę osobników w danym środowisku;
- optimum Przechowuje aktualny optymalny genotyp w danym środowisku;
- max_pop Maksymalna liczba osobników, których może zmieścić środowisko, opisana parametrem max population.

Oraz następujące metody:

- get_optimum() zwraca aktualny optimum;
- zainicjuj_populacje() tworzy osobników zgodnie z parametrem init_population;
- zainicjuj_opt() wybiera optymalny genotyp z rozkładu jednostajnego;
- zmiana_srodowiska() zmienia optymalny genotyp dodając do każgej współrzędnej gonotypu parametr c zgodnie z modelem globalnego ocieplania;
- oblicz_fitness() przyjmuje cechy genotypu osobnika i oblicza dla niego wartość fitness dla aktualnego optimum;
- katastrofa() usuwa losowe 50% osobników z populacji i zmienia optimum w sposób losowy w skali mniejszej równej trzem krokom globalnego ocieplania.

Klasa **Osobnik** zawiera takie atrybuty:

- wiek liczba kroków czasowych, które przetrwał osobnik;
- cechy_genotypu przechowuje aktualne cechy genotypu długości parametru num_genes;
- płeć płeć osobnika, 0 lub 1;
- repr sposóp reprodukcji, 'płciowe' lub 'klonowanie'.

I takie metody:

- losuj_genotyp() wybiera losowo z rozkładu jednostajnego od 0 do 1 na każde miejsce cechy genotypu;
- mutacja() wybiera losowe miejsce w genotypie i zmienia wartość zgodnie z przyjętymi parametrami modelu;
- reprodukuj() przyjmuje genotyp innego osobnika i zwraca nowy obiekt Osobnik o cechach genotypu, gdzie 50% cech genotypu pochodzi od osobnika, na którym wywołuje się metodę, a resztę od osobnika podanego jako parametr;
- losuj_płeć() zwraca losowo 0 lub 1.

W pliku **fisher_model_simulation.py** znajduje się główna pętla czasowa, która obsługuje inicjację modelu oraz kilka kroków:

- Dla każdego osobnika w obecnej populacji:
 - o Przeprowadź mutację,
 - o Oblicz fitness,
 - o Przeprowadź selekcję,
 - Przeprowadź reprodukcję jeśli liczba obecnych osobników i urodzonych w tym kroku nie jest większa od wartości parametru max_population;
- Dla Srodowiska: w zależności od podanych parametrów zmień aktualne optimum;
- Zapisz informację o populacji oraz optimum w historii populacji.

W pliku **streamlit_app.py** jest opisana aplikacja do interaktywnego korzystania z modelu. Ona zawiera miejsce do przesłania pliku z parametrami, a przycisk 'Start simulation' zaczyna obliczenia z wyświetlaniem animacji genotypów oraz wykresu liczby osobników w populacji od czasu.

Żeby skorzystać z modelu trzeba wpisać podany niżej tekst w terminalu:

streamlit run streamlit_app.py

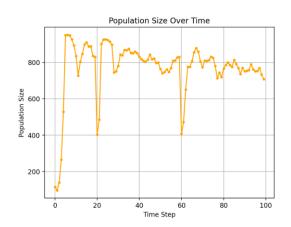
Odpowiedzi na pytania badawcze:

• Przy zadanym scenariuszu zmian środowiskowych (np. ocieplenie klimatu) jakie jest optymalne prawdopodobieństwo wystąpienia losowej mutacji oraz efekt mutacji, które pozwalają na adaptacje rozważanej populacji?

Odpowiedź zależy od liczby cech genotypu: im więcej, tym większe prawdopodobieństwo oraz efekt mutacji potrzeba populacji do przeżycia.

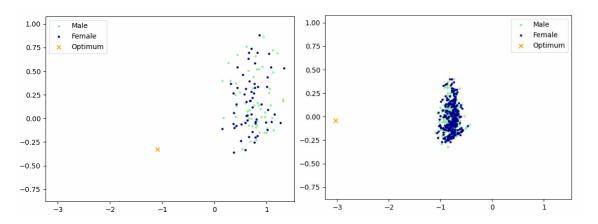
Wykres dla 4 cech genotypu oraz minimalnych wartości parametrów mutacji potrzebnych do przeżycia:





• Wizualizacja ewolucji populacji w czasie

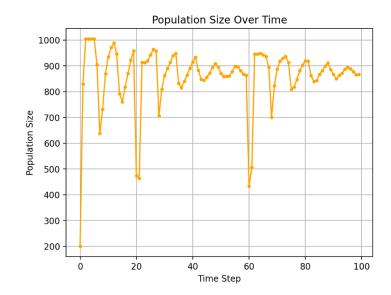
Wykres za pomocą PCA. Widać, jak zmiana optimum prowadzi do zmiany cech genotypu osobników w tym samym kierunku.



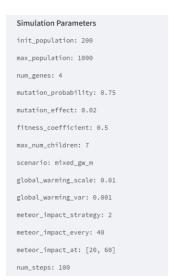
 Jak wpływa siła selekcji σ^2 na adaptację populacji? Co dzieje się w przypadku braku selekcji σ → ∞?

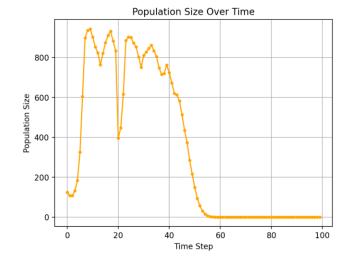
W przypadku braku selekcji populacja przeżywa nawet przy niskich wartościach parametrów mutacji:

Simulation Parameters init_population: 200 max_population: 1000 num_genes: 4 mutation_probability: 0.75 mutation_effect: 0.02 fitness_coefficient: 1000000000000000 max_num_children: 7 scenario: mixed_gw_m global_warming_scale: 0.01 global_warming_var: 0.001 meteor_impact_strategy: 2 meteor_impact_every: 40 meteor_impact_at: [20, 60] num_steps: 100



Do porównania populacja o tych samych parametrach i zwykłej wartości σ szybko zanika:





Jakie mutacje się propagują?

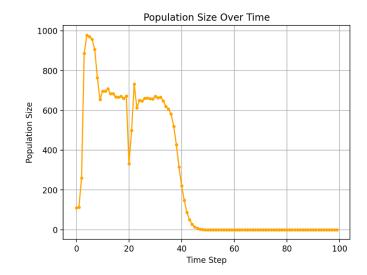
Propagują się mutacje najbliższe wartościam optimum

Ocena przebiegu ewolucji przy klonowaniu

W klonowaniu sukces populacji jest mniejszy bez względu na to, że w jednym kroku czasowym może się urodzić więcej osobników, niż w reprodukcji płciowej. Tak się dzieje przy większej liczbie genów ponieważ w jednym kroku mutacja może być tylko w jednym genie. Natomiast w przypadku reprodukcji płciowej mutacje obydwu osobników się dodają i przekazują się w następnym pokoleniu. Więcej mutacji – lepsze przystosowanie.

Poniżej wykres dla populacji o tych samych parametrach, co wyżej, tylko o reprodukcji płciowej:





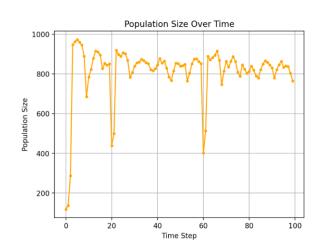
Jak wybór partnera wpływa na przystosowanie populacji

Wybór (zwłaścza jeśli preferencja nie jest w stronę ruchu optimum) może prowadzić do większej liczby potomków o genotypie mniej korzystnym. Natomiast ogólnie obecność preferencji nie zaburza mocno liczbę osobników w populacji.

Na przykład, wykres liczby osobników dla populacji z preferencją:

Widać większe skoki, bo preferencja nie w stronę zmiany środowiska, co prowadzi do pojawienia się potomków mniej korzystnych, które umierają w najbliższych krokach.





Natomiast wykres dla populacji bez preferencji z tymi samymi parametrami wygląda bardziej stabilnie:

Simulation Parameters init_population: 200 max_population: 1000 num_genes: 4 mutation_probability: 0.75 mutation_effect: 0.1 fitness_coefficient: 0.5 max_num_children: 10 scenario: mixed_gw_m global_warming_scale: 0.005 global_warming_var: 0.001 meteor_impact_strategy: 2 meteor_impact_every: 40

meteor_impact_at: [20, 60]

num_steps: 100

