

Raport z realizacji projektu – Geometryczny Model Fishera (GMF)

1. Wstęp

Celem projektu było zamodelowanie procesu ewolucji populacji w zmiennym środowisku z wykorzystaniem Geometrycznego Modelu Fishera (GMF). W szczególności skupiliśmy się na rozszerzeniu modelu o wiele lokalnych optimum fenotypowych (nisz), z których każda posiada własną pojemność ograniczającą liczbę osobników, które mogą się w niej skutecznie rozwijać.

2. Założenia modelu

2.1 Parametry populacji:

- Liczba osobników: $N = 1000$
- Liczba cech fenotypowych: $n = 2$

2.2 Parametry mutacji:

- Prawdopodobieństwo mutacji osobnika: $\mu = 0.1$
- Prawdopodobieństwo mutacji konkretnej cechy: $\mu_c = 0.5$
- Odchylenie mutacji: $\xi = 0.2$
- Odchylenie mutacji potomstwa: $x_o = 0.1$

2.3 Parametry selekcji:

- Siła selekcji (σ^2): $\sigma = 0.2$
- Tryby selekcji: **proporcjonalna i progowa**
- Próg selekcji: **0.1**

2.4 Parametry środowiska:

- Liczba optimum: 2
- Pozycje początkowe optimum:
 - $\alpha_1 = [0.0, -0.3]$
 - $\alpha_2 = [0.0, 0.3]$
- Kierunek zmiany optimum:
 - $c = [0.05, 0.0]$ (dla każdego optimum identycznie)
- Fluktuacje środowiska: $\delta = 0.01$
- Pojemności nisz:
 - $\text{habitat} = [800, 800]$

2.5 Reprodukacja:

- Typ: **bezpłciowa, klonowanie z mutacją**
- Selekcja do rozmnażania: **wybór losowy spośród osobników, które przetrwały selekcję, aż do uzyskania nowej populacji o liczności N**

3. Implementacja

Model został zaimplementowany w sposób obiektowy, z podziałem na wyspecjalizowane klasy:

Struktura klas:

Individual – reprezentuje pojedynczego osobnika w populacji. Przechowuje jego fenotyp i dodatkowe cechy potrzebne do analizy (np. fitness, identyfikator niszy itp.).

Niche – reprezentuje pojedyncze lokalne optimum fenotypowe. Przechowuje:

- pozycję optimum (alpha)
- pojemność (habitat)
- liczebność osobników przypisanych do niszy
- zmienną occupancy, czyli miarę przepełnienia niszy.

Environment – zarządza grupą nisz i odpowiada za ich ewolucję w czasie (przesunięcie optimum, aktualizacja zajętości).

Population – przechowuje całą populację organizmów i obsługuje iteracyjne procesy ewolucji (mutacje, selekcje, reprodukcję). Obsługuje również przypisywanie osobników do nisz.

Mutation – moduł zawierający funkcje odpowiedzialne za mutacje fenotypów zgodnie z parametrami μ , μ_c i ξ .

Selection – moduł odpowiedzialny za wybór osobników do reprodukcji w oparciu o ich fitness. Zawiera implementacje:

- selekcji proporcjonalnej
- selekcji progowej.

Funkcja fitness i pojemność niszy:

Fitness danego osobnika zależy od jego odległości od najbliższego optimum oraz aktualnego przepełnienia niszy:

$$\varphi(p) = \exp(-\|p - \alpha\|^2 / 2\sigma^2) * \max(1 - \text{occupancy}, 0.1)$$

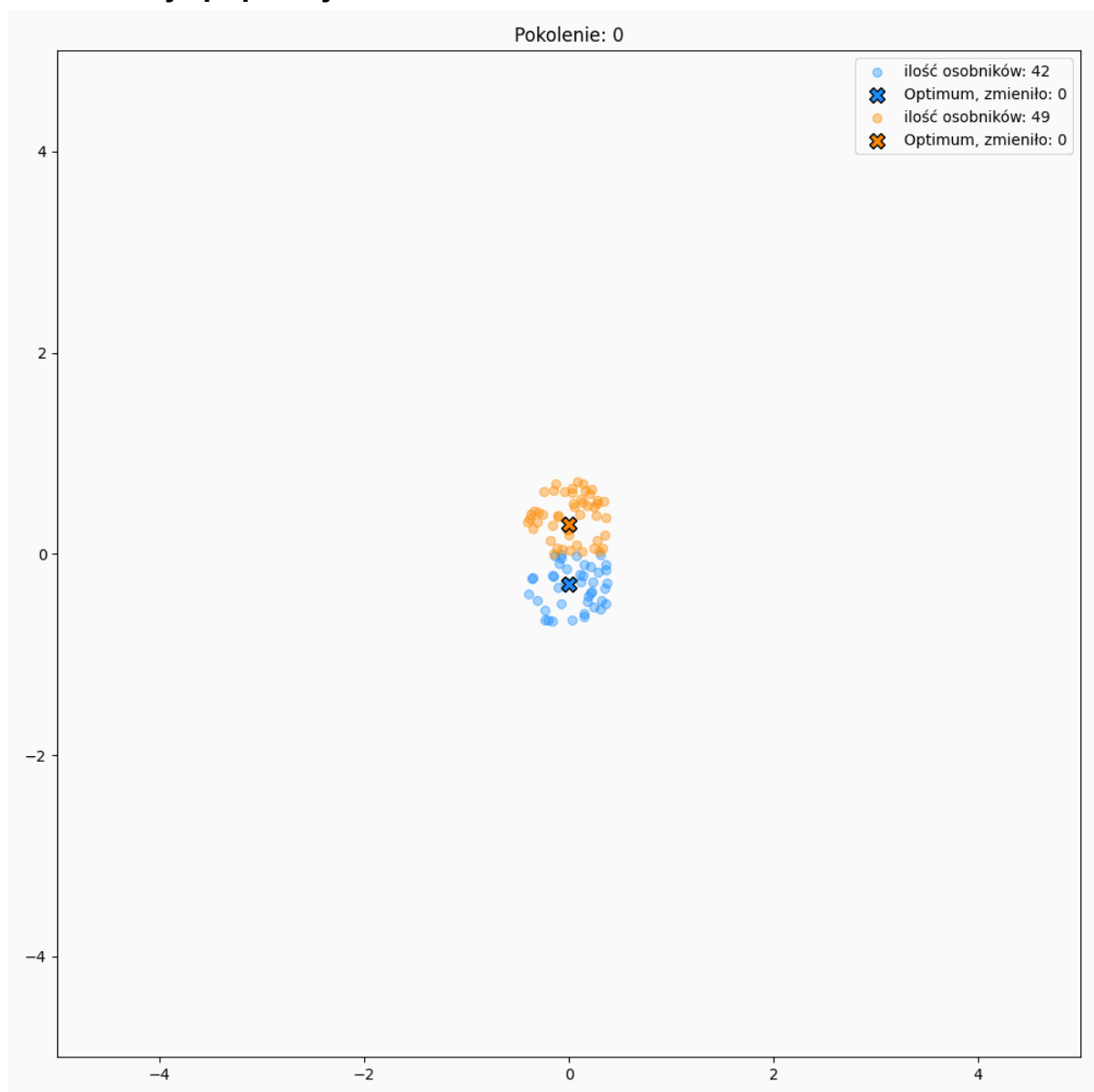
Gdzie occupancy dla każdej niszy obliczane jest jako:

$$\text{occupancy} = (\text{amount} - \text{habitat}) / \text{habitat}$$

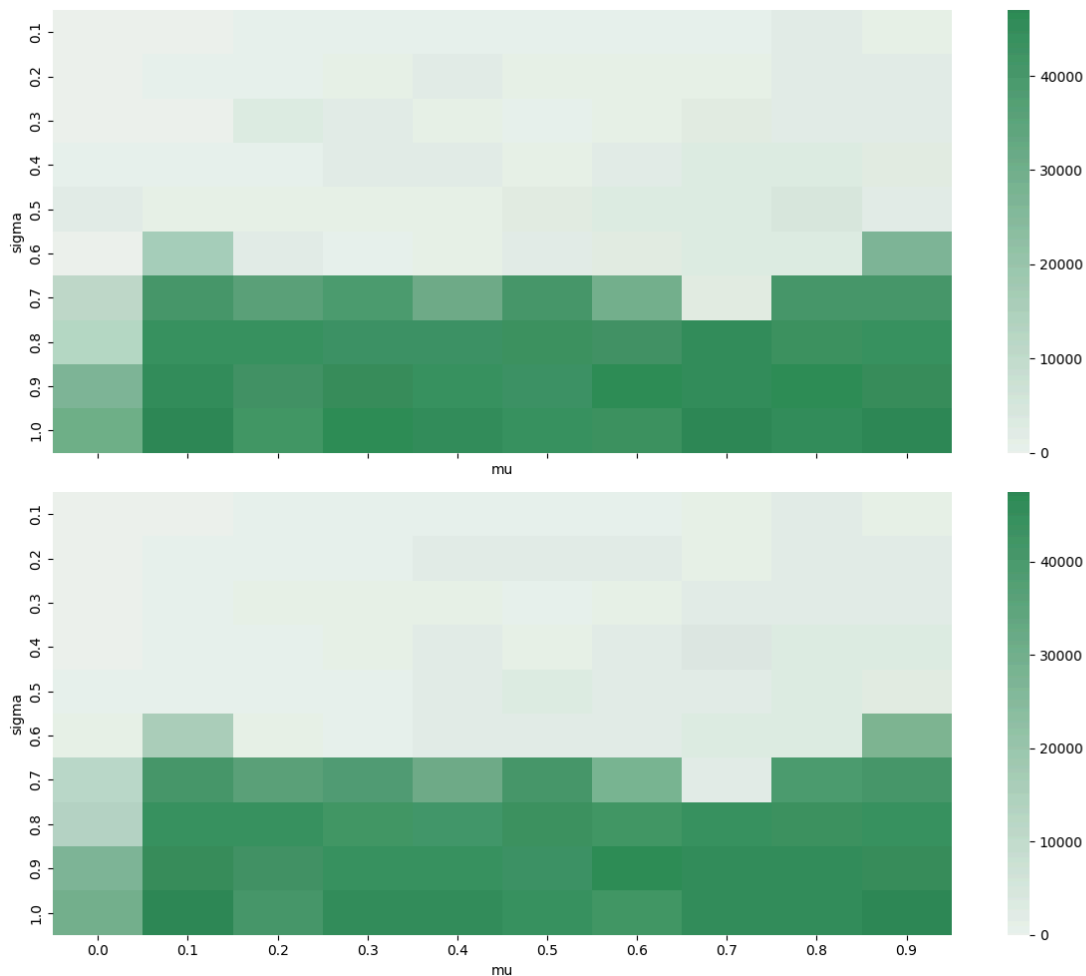
Wartość occupancy jest aktualizowana w każdym pokoleniu populacji i wpływa na efektywny fitness osobników, w ten sposób ograniczając nadmierne skupienie populacji w jednej niszy.

4. Eksperymenty i wyniki

4.1 Ewolucja populacji w czasie



4.2 Analiza wpływu mutacji i selekcji



Istnieje optymalny zakres wartości μ ($\sim 0.1 - 0.9$), który umożliwia skuteczną eksplorację przestrzeni fenotypowej – zbyt małe μ ogranicza różnorodność, a zbyt duże może destabilizować adaptację.

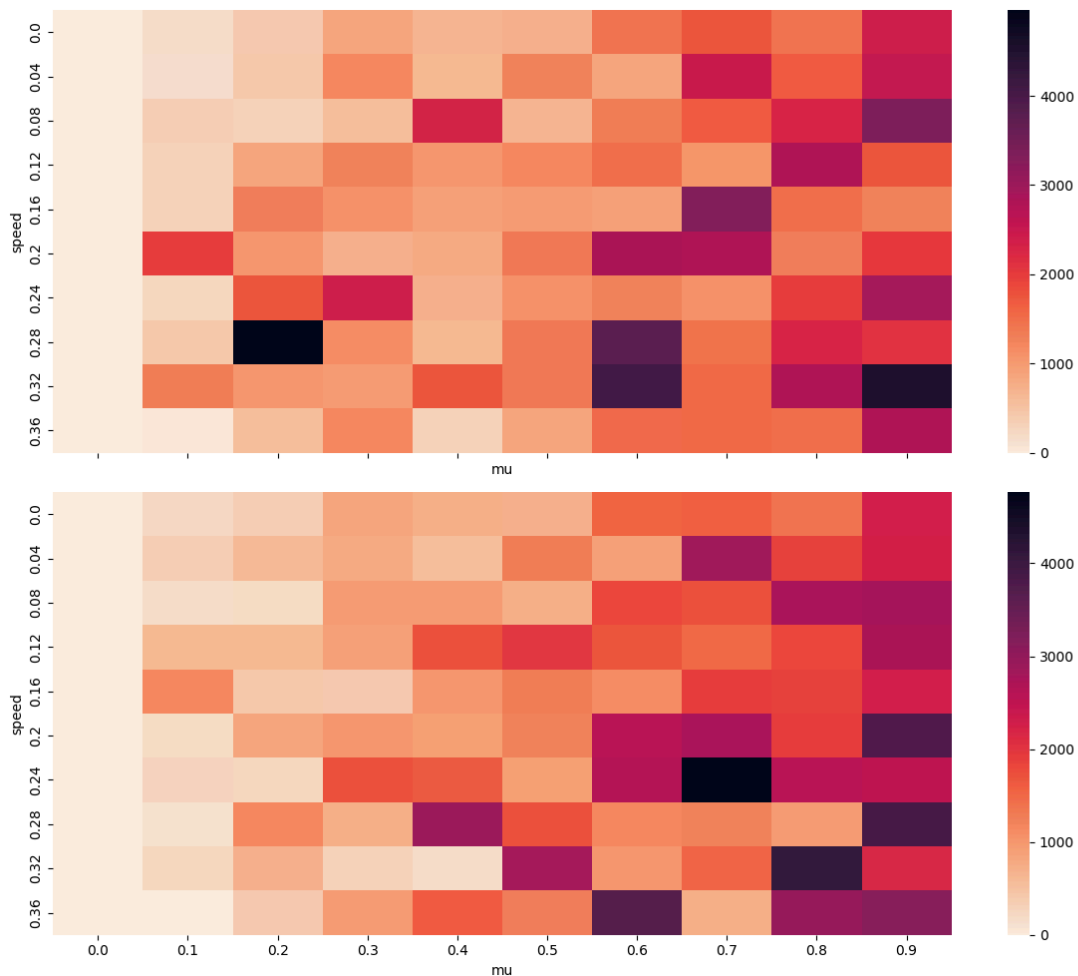
Zbyt niskie σ (< 0.5) oznacza bardzo ostrą selekcję, przez co osobniki odbiegające od optimum szybko są eliminowane – populacja ma wtedy trudności z adaptacją.

Najwyższy poziom adaptacji obserwowany jest przy umiarkowanej sile selekcji ($\sigma \approx 0.7 - 1.0$) oraz średnich wartościach mutacji ($\mu \approx 0.2 - 0.7$).

Wyniki sugerują, że równowaga między eksploracją (μ) a eksploatacją (σ) jest kluczowa dla przetrwania i efektywnego zasiedlania wielu nisz.

4.3 Analiza wpływu zmian środowiska

Im większe μ , tym łatwiej populacja nadąża za zmieni



ającym się optimum – wysokie tempo zmian wymaga intensywniejszej eksploracji.

Dla niskiego μ populacja nie nadąża za zmianami środowiska, co skutkuje drastycznym spadkiem fitness.

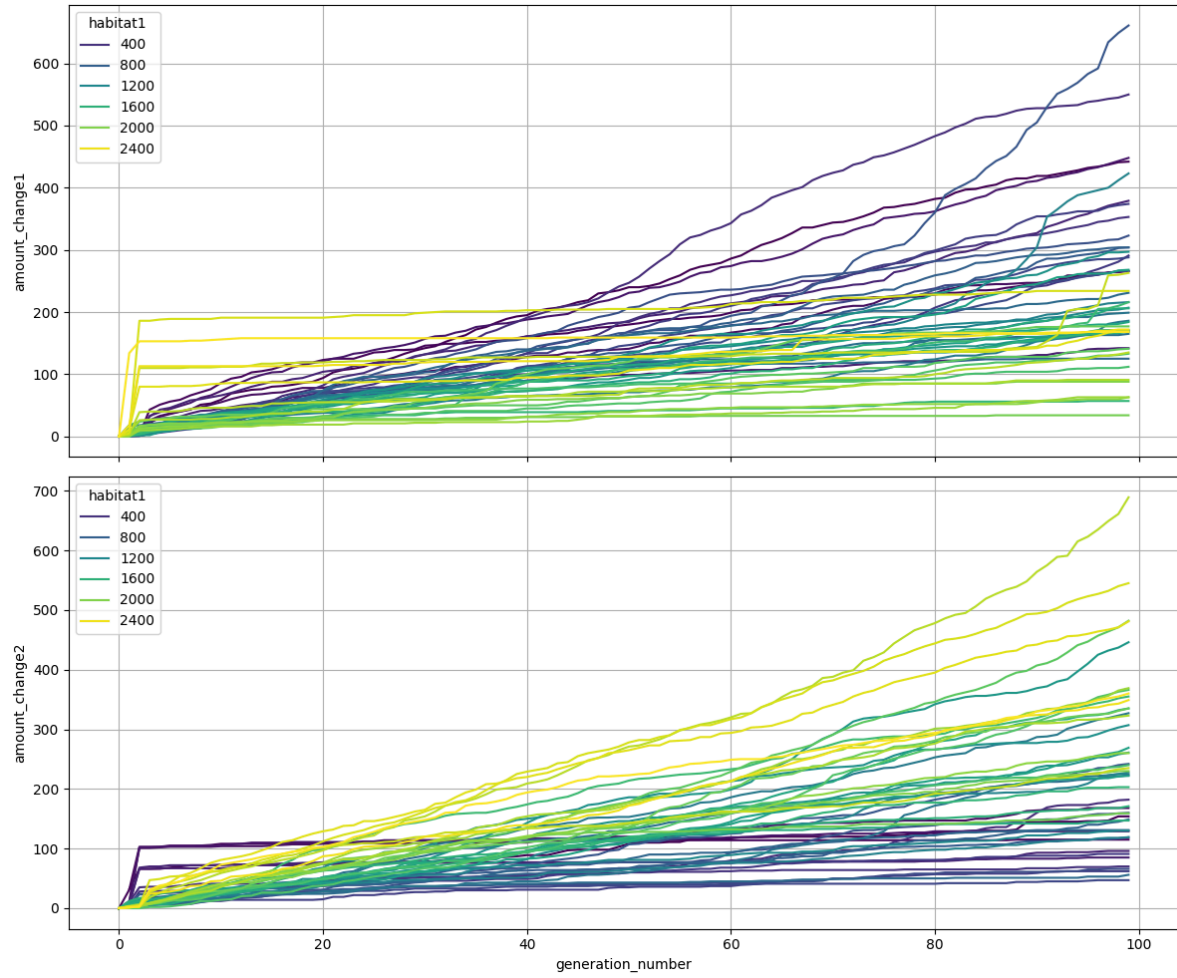
Optymalny zakres μ przesuwają się w stronę wyższych wartości wraz ze wzrostem speed – większa zmienność wymaga większej plastyczności populacji.

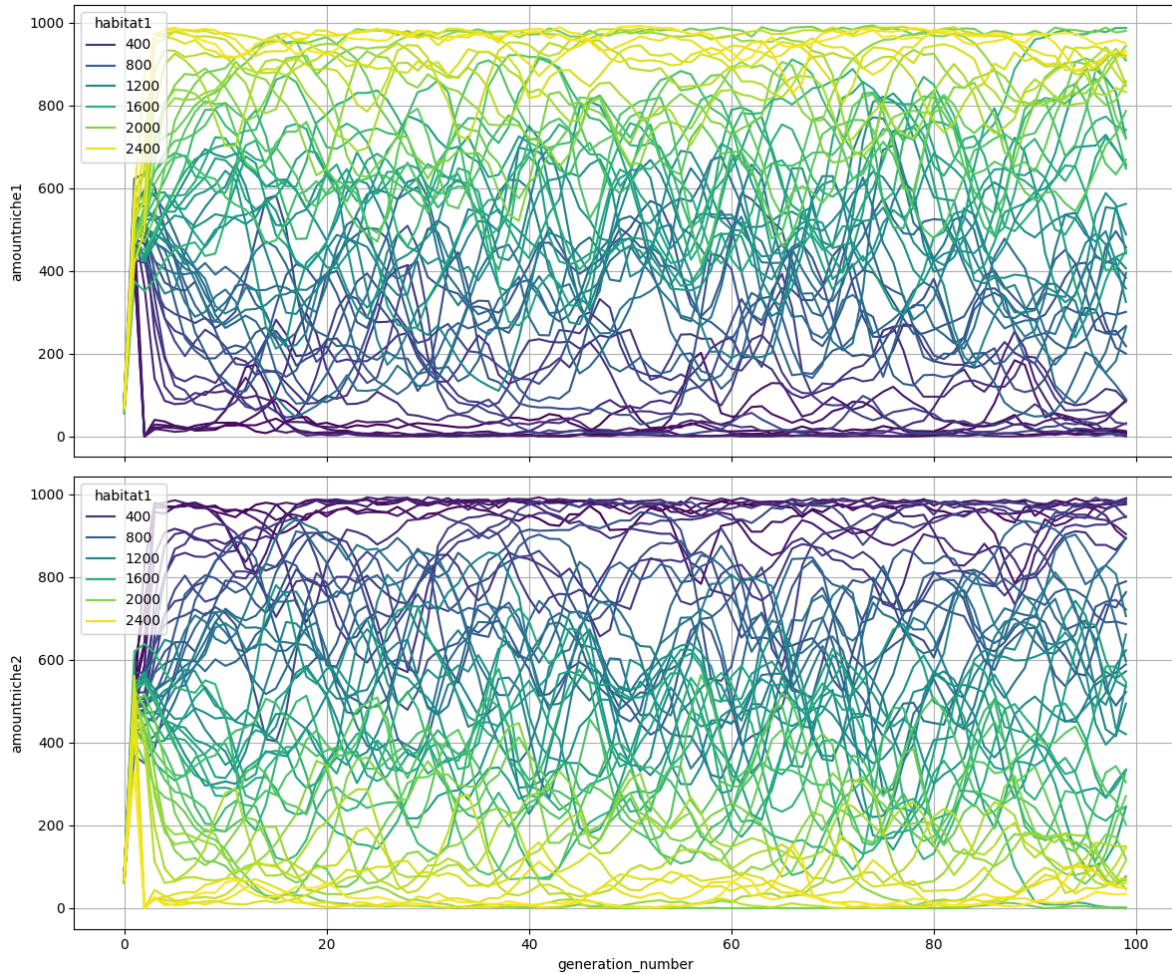
W bardzo dynamicznych warunkach (speed ≈ 0.3 – 0.36), tylko populacje z $\mu \geq 0.5$ wykazują zauważalne przystosowanie.

Zbyt szybkie zmiany (speed blisko 0.36) mogą prowadzić do systematycznego opóźnienia populacji względem optimum i lokalnego spadku liczebności.

4.4 Dodatkowe analizy (dla rozszerzenia)

wpływ pojemności siedliska na ilość osobników, które dołączają do danej niszy na przestrzeni pokoleń





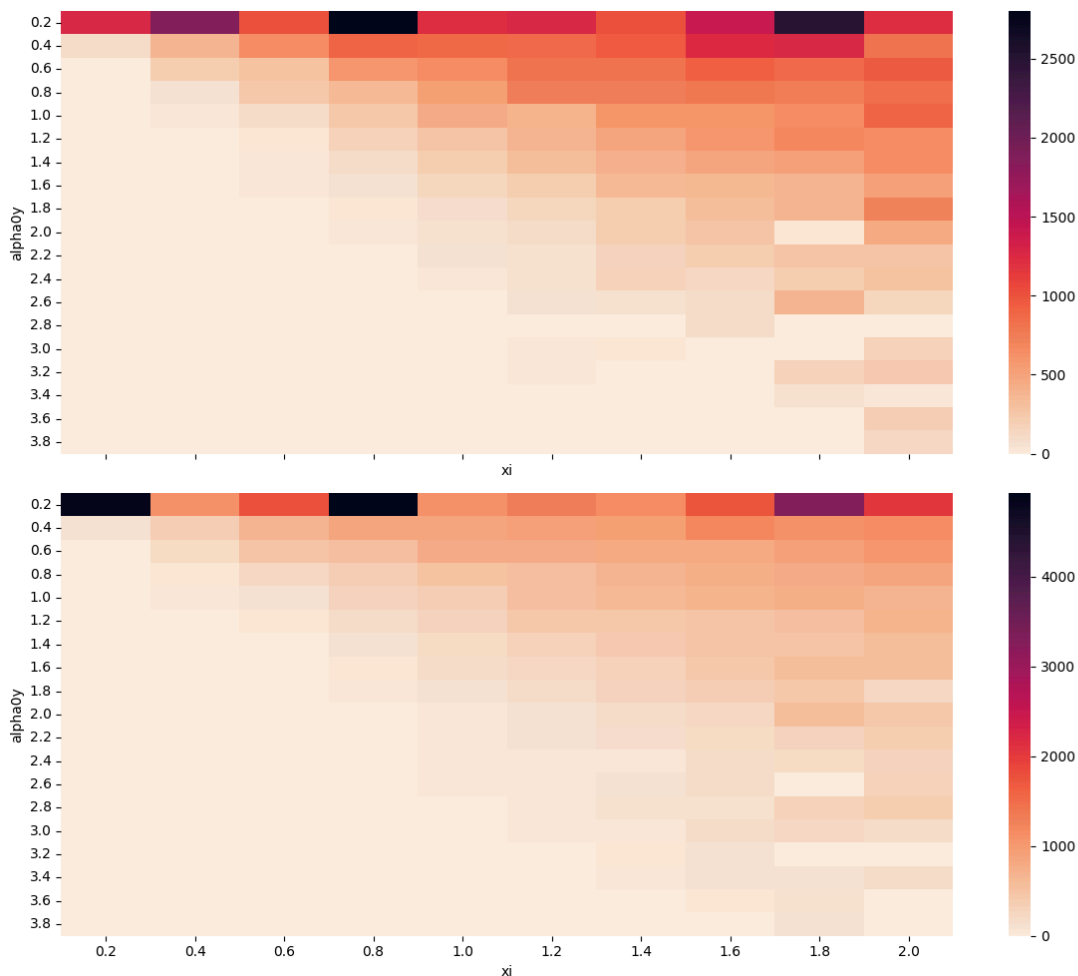
Dla mniejszych siedlisk (np. $\text{habitat}=400$), tempo przyrostu osobników jest szybsze na początku, ale później wyraźnie zwalnia – prawdopodobnie przez ograniczenie przestrzenne i wyższą konkurencję.

Dla większych siedlisk ($\text{habitat} \geq 2000$) obserwujemy stały i szybszy przyrost liczby osobników – środowisko jest bardziej przyjazne i mniej zatłoczone.

Ciekawym przypadkiem są linie, które gwałtownie rosną w pierwszych kilku pokoleniach – może to świadczyć o nagłym zasiedleniu niszy przez dobrze przystosowaną grupę.

Pojemność siedliska silnie wpływa na atrakcyjność niszy – bardziej pojemne przyciągają więcej osobników w dłuższej perspektywie.

Zależności między zmianą odchylenia standardowego podczas mutacji, a odległością między optimami fenotypowymi



Przy dużej odległości między optimami, osobniki znacznie rzadziej je zmieniają. Często jest to też niemożliwe z powodu zbyt dużej odległości oraz zbyt małej możliwości mutacji w jednym pokoleniu. Z kolei zbyt mała odległość powoduje bardzo częste zmiany niszy.

Gdy odległości między niszami są małe, a mutacje zbyt duże jest możliwość, że wszystkie osobniki szybko wyginą z powodu zbytniego odejścia od obu nisz - dzięki zwiększeniu odległości między niszami, osobniki, które znacząco zmutują mają szansę wskoczenia do drugiej niszy zamiast ginąć.

Gdy zmiany są małe, a odległość zbyt duża osobniki trzymają się wybranej niszy przez co następuje specjacja.

5. Załączniki

GitHub

<https://github.com/himomo3/UW-SysBiol-GFM>