

Populasjonsgenetikk for sosiale insekter

Eksakt mikroevolusjon av sosiale insekter med haploide hanner og diploide hunner

Tilegnet alle sosialdarwinister med ønske om god bedring

Innledning

Sosiale insekter er historisk sett det viktigste av alle emner for sosialdarwinister. Det var Harvard-professor Edward O. Wilsons arbeid med sosiale insekter som har dannet den faglige bakgrunnen for sosialdarwinismen. Kanskje vi heller skulle si det faglige påskuddet. Et påskudd for å komme med påstanden om geneses egoisme. Det er i denne sammenheng essensielt å ha en nøyaktig stokastisk modell som beskriver den genetiske drift hos sosiale insekter. En slik modell er dessverre aldri blitt laget, men her kommer den. Akkurat den modellen som sosialdarwinistene trenger. En eksakt Markov-kjede som både tar hensyn til mutasjoner og seleksjon, samtidig som den tillater at populasjonsstørrelsen endrer seg vilkårlig fra generasjon til generasjon. Dette er en klassisk Wright-Fisher-modell hvor det ikke er overlapp mellom generasjonene.

Formulering av problemet

Vi betrakter diskrete generasjoner av sosiale insekter med haploide hanner og diploide hunner i tilfeldig formering. Innenfor hvert fellesskap av sosiale insekter er det mange ufruktbare arbeidere. Modellen omfatter bare det begrensede antallet insekter som deltar i formerin-

gen. Det er viktig å ha en teori som beskriver den eksakte stokastiske prosessen for et lite antall individer. Vi betrakter ett gen som finnes i to varianter A og a . Det finnes fem ulike genotyper A , a , AA , Aa , aa , som vi kaller genotype 1, 2, 3, 4, 5. Genotypene 1 og 2 er hanner. Genotypene 3, 4 og 5 er hunner.

De haploide hannene er genetisk sett representert ved en eneste gamet A eller a . De diploide hunnene er representert ved et par av gameter, enten AA , aa eller Aa . De to førstnevnte er homozygote, mens det sistnevnte er heterozygot.

Vi skal nå utvikle en eksakt Wright-Fisher-modell hvor antallet hanner og hunner er gitt i hver generasjon. Modellen tillater at vi lar antallet hanner og hunner variere vilkårlig fra generasjon til generasjon.

Generasjonene nummereres ved telleparameteren (tiden) $t=0,1,2,\dots$. Startgenerasjonen er $t=0$, hvor populasjonssammensetningen antas entydig gitt. Antallet hanner og hunner i generasjon t er på forhånd gitt som $m(t)$ og $n(t)$.

Formering i hver generasjon antas å avhenge kun av den nåværende generasjonen, uavhengig av dens historie i alle tidligere generasjoner. Det betyr at prosessen er en Markov-kjede.

Markov-kjeden starter ved $t=0$ med en gitt startpopulasjon med $m(0)$ hanner og $n(0)$ hunner. I en foreldrepopulasjon av generasjon t finnes det m_1 hanner av genotype A og m_2 hanner av genotype a , slik at $m(t)=m_1+m_2$. I den samme foreldrepopulasjonen er det n_1 hunner av genotype AA , n_2 hunner av genotype Aa , og n_3 hunner av genotype aa . Her er $n(t)=n_1+n_2+n_3$. Formeringen starter ved $t=0$ med en startpopulasjon hvor m_1 , m_2 , n_1 , n_2 , n_3 er gitt. Foreldregenerasjonen kalles for generasjon t . I en avkom-populasjon (av generasjon $t+1$) er det M_1 hanner av genotype A og M_2 hanner av genotype a . Det totale antallet hanner er $M=M_1+M_2$, hvor $M=m(t+1)$ er gitt. I den samme avkom-populasjonen er det N_1 hunner av genotype AA , N_2 hunner av genotype Aa og N_3 hunner av genotype aa . Det totale antallet hunner $N=N_1+N_2+N_3$, hvor $N=n(t+1)$ er gitt.

De fem genotype-frekvensene (P_1 , P_2 , Q_1 , Q_2 , Q_3) i en avkom-populasjon representerer henholdsvis de hannlige genotypene A, a og de hunnlige genotypene AA, Aa, aa .

Markov-kjedens struktur

For å kunne konstruere Markov-kjeden trenger vi å vite alle sannsyn-