

假设 A, a 是 X 染色体上的一对等位基因, 现在某个动物种群中雌性群体中 X^A 的基因频率是 p_{f0} , X^a 的基因频率是 $1 - p_{f0}$, 雄性群体中 X^A 的基因频率是 p_{m0} , X^a 的基因频率是 $1 - p_{m0}$. 假设这个种群始终随机交配, 并且是理想种群, 问若干代之后雌雄群体中 X^A , X^a 的基因频率会是多少?

对于这个问题, 我们可以先找到代际之间基因频率的递推关系. 设第 n 代 ($n \in \mathbb{Z}_{\geq 0}$) 雌性群体中 X^A 的基因频率是 $p_f(n)$, 雄性群体中 X^A 的基因频率是 $p_m(n)$. 那么雌性群体中产生的配子类型及频率为:

$$p_f(n) X^A, \quad 1 - p_f(n) X^a;$$

雄性群体中产生的配子类型及频率为

$$\frac{1}{2}p_m(n) X^A, \quad \frac{1}{2}[1 - p_m(n)] X^a, \quad \frac{1}{2} Y.$$

通过列表格法我们可以得到第 $n + 1$ 代雌雄群体中各种基因型的频率, 见表 1.

	$p_f(n) X^A$	$1 - p_f(n) X^a$
$\frac{1}{2}p_m(n) X^A$	$\frac{1}{2}p_f(n)p_m(n) X^A X^A$	$\frac{1}{2}[1 - p_f(n)]p_m(n) X^A X^a$
$\frac{1}{2}(1 - p_m(n)) X^a$	$\frac{1}{2}[1 - p_m(n)]p_f(n) X^A X^a$	$\frac{1}{2}[1 - p_f(n)][1 - p_m(n)] X^a X^a$
$\frac{1}{2} Y$	$\frac{1}{2}p_f(n) X^A Y$	$\frac{1}{2}[1 - p_f(n)] X^a Y$

表 1: 第 n 代随机交配产生的后代基因型及比例.

从而第 $n + 1$ 代雌性群体的基因型及频率为

- $X^A X^A : p_f(n)p_m(n)$
- $X^A X^a : p_f(n) + p_m(n) - 2p_f(n)p_m(n)$
- $X^a X^a : [1 - p_f(n)][1 - p_m(n)]$

雄性群体的基因型及频率为

- $X^A Y : p_f(n)$
- $X^a Y : 1 - p_f(n)$

于是第 $n + 1$ 代雌性群体的 X^A 的基因频率为

$$p_f(n+1) = p_f(n)p_m(n) + \frac{1}{2}[p_f(n) + p_m(n) - 2p_f(n)p_m(n)] = \frac{1}{2}[p_f(n) + p_m(n)],$$

雄性群体的 X^A 的基因频率为

$$p_m(n+1) = p_f(n).$$

我们得到了递推关系

$$p_f(n+1) = \frac{1}{2}[p_f(n) + p_m(n)], \quad p_m(n+1) = p_f(n), \quad n \geq 0, \quad (1)$$

初始条件为 $p_f(0) = p_{f0}$, $p_m(0) = p_{m0}$. 将 (1) 中的 $p_m(n)$ 消去, 我们得到

$$p_f(n+1) = \frac{1}{2}p_f(n) + \frac{1}{2}p_f(n-1), \quad n \geq 1. \quad (2)$$

用特征根法解出递推关系 (2) 的通项, 可以得到通项公式

$$p_f(n) = \frac{1}{3}(2p_{f0} + p_{m0}) + \frac{1}{3}(p_{f0} - p_{m0}) \cdot \left(-\frac{1}{2}\right)^n, \quad n \geq 1.$$

当 $n \rightarrow \infty$ 时,

$$p_f(n) \rightarrow \frac{1}{3}(2p_{f0} + p_{m0}), \quad p_m(n) = p_f(n-1) \rightarrow \frac{1}{3}(2p_{f0} + p_{m0}),$$

即最终雌雄群体各自的 X^A 的基因频率都会收敛到 $\frac{1}{3}(2p_{f0} + p_{m0})$, 此时也就达到了遗传平衡状态. 图 1 是 Python 对递推关系 (1) 的实现.

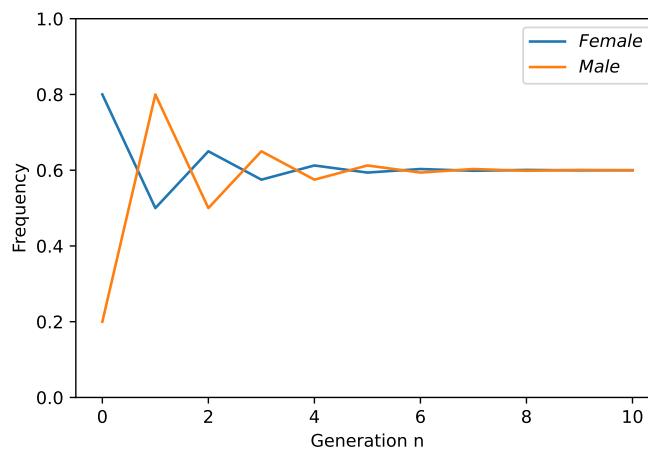


图 1: 雌性群体和雄性群体中 X^A 的频率随代数的演化.

附录

```
1 import matplotlib.pyplot as plt
2
3 def calculate_freq(pf_0, pm_0, num_iterations):
4     pf_values = [pf_0]
5     pm_values = [pm_0]
6
7     for n in range(num_iterations):
8         pf_n = 0.5 * (pf_values[-1] + pm_values[-1])
9         pm_n = pf_values[-1]
10
11         pf_values.append(pf_n)
12         pm_values.append(pm_n)
13
14     return pf_values, pm_values
15
16 def plot_freq(pf_values, pm_values):
17     plt.plot(pf_values, label=r'$Female$')
18     plt.plot(pm_values, label=r'$Male$')
19     plt.xlabel('Generation n')
20     plt.ylabel('Frequency')
21     plt.ylim([0,1])
22     plt.legend()
23
24 # Set initial parameters
25 pf_0 = 0.8
26 pm_0 = 0.2
27 num_iterations = 10
28
29 pf_values, pm_values = calculate_freq(pf_0, pm_0, num_iterations)
30 plot_freq(pf_values, pm_values)
31 plt.savefig('freq.pdf')
```

Listing 1: Codes to plot Figure 1.