

Учебная модель генетической структуры популяции и эксперименты с ней

Е. В. Комарова,

доцент кафедры зоологии, физиологии и валеологии
Криворожского государственного педагогического
университета,

кандидат педагогических наук,

E-mail: komarova1978@mail.ru

Тип статьи: методическая.

Ключевые слова

модель, модельный эксперимент, генетическая структура популяции, факторы динамики генетической структуры популяции.

Аннотация

В статье рассматривается методика модельных экспериментов по генетике и эволюции популяции как метода развития у учащихся умения моделирования. Утверждается, что учебной моделью генетической структуры популяции является полученное в ходе экспериментальных действий первое соотношение генов и генотипов. В статье описаны особенности модельных экспериментов при отсутствии и наличии влияния на популяцию факторов динамики ее генетической структуры.

На страницах журнала «Биология в школе» неоднократно публиковались материалы об использовании приемов моделирования биологических объектов и процессов при изучении биологии [1, 5, 7]. В

частности учителя и методисты не обошли вниманием сложные процессы, происходящие в популяциях. Так, были рассмотрены вопросы, касающиеся изучения вероятностных процессов распределения аллельных генов в популяциях согласно закону Харди-Вайнберга [4], а также эксперименты, моделирующие первичные эволюционные преобразования в популяциях при нарушениях условий достоверности закона, а именно: малочисленность популяции, действие отбора и направленность скрещивания [3, 9].

Не смотря на то, что в методической литературе активно обсуждается, что представляет собой процесс моделирования в целом и его результат, т. е. – модель, но на данный момент не достаточно ясным остается вопрос, что же можно считать учебной моделью генетической структуры популяции. В данной статье, во-первых, попробуем дать ответ на него. Во-вторых, проанализируем способы оформления результатов модельных экспериментов и обоснуем преимущества одного из них. В-третьих, рассмотрим особенности модельных экспериментов при влиянии на популяцию факторов динамики ее генетической структуры, таких как естественный отбор, поток генов, дрейф генов, генные мутации.

Моделирование – воспроизведение характеристик определенного объекта на другом объекте, специально созданном для их изучения. Этот последний называется моделью [10]. **Модель** – форма и средство познания, любая система, которая отображает оригинал, заменяет его и дает информацию о нем. При этом модель может быть создана путем устранения из объекта тех свойств, которые кажутся несущественными [6].

Отношения между моделью и объектом должны удовлетворять двум условиям: 1) модель отвечает тем элементарным свойствам или комплексам свойств, которые ученый стремится изучить в «объекте»; 2) модель отличается от объекта в других отношениях, причем настолько, чтобы эти различия делали прозрачными те стороны и характеристики модели, которые делают ее заместителем изучаемого [8, С. 108]. Иными словами, модельные отношения

строятся по принципу аналогии, а не тождества [11, С. 90]. Аналогия – сходство нетождественных объектов в некоторых сторонах, качествах, отношениях. Тождество – категория, выражающая равенство, одинаковость предмета, явления с самим собой или равенство нескольких предметов [10].

Итак, подытожим:

- объект и его модель схожи, но не тождественны;
- объект и его модель схожи не во всем, а только в некоторых аспектах;
- модель содержит только существенные характеристики объекта или его части.

Модельный эксперимент – особая форма эксперимента, для которого характерно использование действующих моделей в качестве специальных средств экспериментального исследования.

Основываясь на подходах к пониманию сущности понятий «модель», «генетическая структура популяции», выясним, что представляет собой учебная модель генетической структуры популяции, и сформулируем требования к последней.

Что же является учебной моделью генетической структуры популяции? Набор определенных элементов в заданном соотношении – фишки, шашки, шарики, с которыми манипулируют ученики? Считаем, что назвать такой набор элементов учебной моделью генетической структуры популяции будет не совсем правильно, точнее совсем неправильно. Поясним почему.

Модель – это система, а не простая совокупность составляющих. Если предположить, что набор из 70 красных и 30 белых шаров является моделью популяции с частотами аллелей $p = 0,7$ и $q = 0,3$, закономерно возникает вопрос, в каких связях находятся эти элементы в системе? Ответить на этот вопрос можно, однако, по крайней мере, ученикам трудно. А ведь именно школьники должны понимать, какие характеристики реального объекта смоделированы.

Напомним, что **генетическая структура популяции** – частота различных аллелей в популяции и частотное (в %) соотношение различных генотипов (гомозигот и гетерозигот) в ней. В упомянутом выше наборе

элементов представлены только аллели. Итак, формулируем вывод: исходную совокупность любых элементов в определенном соотношении нельзя считать моделью генетической структуры популяции.

По нашему мнению, учебная модель, о которой идет речь, должна удовлетворять следующим требованиям:

- содержать существенные достаточные характеристики генетической структуры популяции;
- элементы модели должны быть удобными в использовании;
- эксплуатация и замена элементов модели не должны требовать значительных материальных вложений.

Рассмотрим названные требования подробно. Вернемся к определению генетической структуры популяции. Итак, в модели должны быть представлены разные аллели. Возникает вопрос - аллели скольких и каких генов? Ученики знают, что в генотипе большое количество различных генов, которые расположены как в аутосомах, так и в половых хромосомах; которые могут быть представлены как двумя, так и большим количеством аллелей. Опираясь на требования к отношению модели и объекта, приведенные выше в статье, *генетическую структуру популяции целесообразно изучать на примере одного двухаллельного гена, расположенного в аутосоме*. Считаем, что такие характеристики являются существенными и достаточными для создания и исследования учебной модели генетической структуры популяции.

Элементы модели демонстрируют как распределение аллелей, так и генотипов в популяции. Поэтому оба аллеля должны легко комбинироваться друг с другом, но при этом различаться.

Поскольку модельный эксперимент доказывает вероятностный характер генетических процессов, то и процесс объединения аллелей учениками тоже должно быть таким. Как этого достичь? Считаем, что следует максимально «изъять» органы чувств из процесса моделирования возможных генотипов. Тактильные рецепторы при образовании пар аллелей полностью «выключить» невозможно, но ощущения, которые формируются при этом, можно свести к

минимуму. Для этого следует подобрать такие элементы модели, которые при тактильном контакте будут абсолютно идентичными – то есть абсолютно все гладкие или шершавые, мягкие или жесткие, круглые или квадратные, выпуклые или плоские, большие или маленькие и тому подобное.

Различия между элементами модели устанавливаются на этапе распознавания и подсчета сложившихся генотипов. Происходит это при зрительном контакте с элементами модели, представленными, например, в двух цветах.

Очень желательно, чтобы модель быть приспособлена к легкому многократному разбору на элементы (аллели) и их сочетанию. Указанные действия должны выполняться без скатывания элементов со стола, их сцепления друг с другом и деформации.

Элементы модели следует подбирать так, чтобы в случае порчи их можно было заменить без значительных материальных затрат. Последнее важно и для организации групповой работы учащихся, поэтому в кабинете желательно иметь несколько наборов для моделирования. Это позволит привлечь к работе большее количество учеников, провести одновременно разные эксперименты. А самое главное, возможным будет проведение одного эксперимента одновременно в нескольких повторностях, что увеличит точность расчетов при обработке общих результатов, а потому будет способствовать формированию устойчивых убеждений об исследуемых закономерностях.

Для определения того, что же можно считать учебной моделью генетической структуры популяции, необходимо помнить об этапах работы с моделями: первый – построение модели, второй – ее исследование, третий – интерпретация результатов [2]. Рассмотрим их подробнее.

Первый этап. Построение модели.

Сначала организуется беседа по повторению основных понятий: ген, доминантный и рецессивный аллели, гомозигота, гетерозигота, популяция,

генофонд, генетическая структура популяции, закон Харди – Вайнберга и условия его достоверности, генетическое равновесие, модель.

Далее учитель формулирует задание: необходимо построить модель генетической структуры идеальной популяции по двухаллельному аутосомному гену с количеством особей 50.

На этом этапе учитель самостоятельно определяет последовательность действий для построения модели и выполняет их.

Эксперимент 1. Создание учебной модели генетической структуры популяции.

Цель. Создание учебной модели генетической структуры популяции.

Материалы: 100 фишек красного цвета, 100 фишек белого цвета, 1 непрозрачный пакет.

1. Подсчитываем общее количество аллелей двухаллельного гена в популяции с количеством особей 50 (заполняем таблицу 1, столбец 2): $50 \times 2 = 100$ (аллелей). Следовательно, сумма красных и белых фишек должна быть равна 100.

2. Определяемся с соотношением доминантного и рецессивного аллелей (например, доли $p = 0,7$ и $q = 0,3$, помня, что $p + q = 1$) и отбираем соответствующее количество фишек (70 красных и 30 белых фишек).

3. Кладем отобранное количество фишек в непрозрачный пакет, перемешиваем их.

4. Моделируем соотношение генотипов в популяции. Для этого, не заглядывая в пакет, достаем по 2 фишки и кладем их в одну из трех стопок: в первую – пары красных фишек (генотип AA), во вторую – пары с красной и белой (генотип Aa), в третью – пары белых фишек (генотип aa). Делаем так до тех пор, пока не вытащим все фишки из пакета.

5. Считаем количество пар фишек в каждой стопке. Результаты заносим в строку для родительского поколения (P) в таблице 1, столбцы 3, 5, 7.

6. Вычисляем частоты генов (столбцы 9, 10) и генотипов (столбцы 4, 6, 8) таблицы 1.

7. Формулируем вывод о смоделированной генетической структуре популяции.

Соотношение аллелей можно варьировать (например, $p = 0,4$ и $q = 0,6$; $p = 0,2$ и $q = 0,8$), поэтому для демонстрационного эксперимента рекомендуем брать по 100 фишек каждого цвета.

Этот эксперимент можно усложнить, используя эвристическую беседу. Для этого учитель предлагает ученикам самостоятельно определить последовательность действий, необходимых для построения модели. При этом часто допускаются две ошибки. Первая - ограничение процесса построения модели отбором аллелей в выбранном соотношении. Вторая - целенаправленный подбор пар аллелей (фишек), которые в совокупности равны заданному размеру модельной популяции. Для предотвращения первой ошибки ход эвристической беседы следует направить на повторение понятия «генетическая структура популяции» и акцентирование внимания учащихся на отсутствии в созданной модели генотипов особей. В случае второй ошибки учитель отмечает целенаправленный характер подбора пар аллелей и предлагает подумать, какое из условий достоверности закона равновесия генных концентраций не соблюдено.

Итак, предлагаем считать полученное в ходе экспериментальных действий *первое соотношение частот генотипов и соотношение частот генов, то есть соотношение частот генотипов и генов в родительской популяции*, учебной моделью генетической структуры популяции. Обоснование этого утверждения раскроем в ходе описания последующих этапов работы с моделью.

Второй этап. Исследование модели.

Эксперимент 2. Изучение генетической структуры идеальной популяции.

P									
F ₁									
F ₂									
Всего									
Среднее арифметическое									

В методической литературе [3, 9] предлагается другая форма таблицы для заполнения (см. таблицу 2). Там же предлагается при обработке результатов модельных экспериментов рассчитывать частоты генов в поколениях по формулам: $p = (D + 0,5H) / N$ и $q = (R + 0,5H) / N$, где p – частота доминантного аллеля, q – частота рецессивного аллеля, D – количество доминантных гомозигот, R – количество рецессивных гомозигот, H – количество гетерозигот, N – общее количество членов популяции.

Рассмотрим варианты оформления результатов эксперимента в обоих вариантах таблиц.

Таблица 2

Поколение	Распределение генотипов			Частоты аллелей	
	AA	Aa	aa	A(p)	A(q)
0	23	24	3	0,7	0,3
1	26	18	6	0,7	0,3
2	24	22	4	0,7	0,3
Сумма	73	64	13	0,7	0,3

Рассчитать частоты генов можно и другим способом - извлечением квадратных корней из частот гомозигот. В таком случае заполненная таблица 1 будет выглядеть так (далее в статье будем опираться именно на заполненный вариант таблицы 1):

Поколение	Количество особей	Распределение генотипов						Частота генов	
		AA		Aa		aa		A(p)	a(q)
P	50	23	0,46	24	0,48	3	0,06	0,68	0,24
F ₁	50	26	0,52	18	0,36	6	0,12	0,72	0,35
F ₂	50	24	0,48	22	0,44	4	0,08	0,69	0,28
Всего	150	73	-	64	-	13	-	-	-
Среднее арифметическое	50	-	0,49	-	0,42	-	0,09	0,7	0,3

В чем отличие между двумя вариантами? Как вариант оформления влияет на достижение цели модельного эксперимента?

Данные, занесенные в обе таблицы, различаются:

- полнотой расчетов: в таблице 1 приведены частоты всех возможных генотипов;
- вычислением в таблице 1 среднего арифметического значения частот каждого из генотипов и генов по результатам трех экспериментов;
- различиями рассчитанных частот генотипов и генов (аллелей) в таблице 1 по сравнению со стабильностью таких в таблице 2.

Понятно, что вариант представления результатов в таблице 2 является упрощенным по сравнению с таблицей 1, но оба позволяют сформулировать главный вывод – в идеальных популяциях соотношение частот генов и генотипов остаются постоянными из поколения в поколение.

Данные, занесенные в таблицу 1, не только можно, а необходимо проанализировать с учениками более основательно.

Этап третий. Интерпретация результатов.

В ходе обсуждения учитель обращает внимание на небольшой размер модельной популяции – 50 особей. Он объясняет закономерность: чем меньше размер выборки, тем больше погрешность в выполненных расчетах. Кроме

того, продолжает учитель, одним из условий достоверности закона Харди – Вайнберга является большой размер популяции, но это невозможно смоделировать в условиях школьного эксперимента. Также целесообразно отметить, что результаты биологических экспериментов, даже проведенных в строго контролируемых условиях, могут очень отличаться, поскольку «живая природа разнообразна и сложна для математического описания» [2].

Поскольку размер модельной популяции не меняется в поколениях, на популяцию не влияют факторы, изменяющие ее генетическую структуру, можно условно считать, что эксперимент проведен в трех повторностях, а значит, можно найти средние арифметические значения частот генотипов и генов. Как видим, заключает учитель, средние арифметические частот генов в таблице 1 совпадают с частотами генов таблице 2. Итак, с увеличением количества проанализированных поколений модели генетической структуры идеальной популяции будет расти точность рассчитанных частот генов. Нахождение соотношения средних арифметических значений частот генотипов в таблице 1 позволяет продемонстрировать ученикам тот факт, что в идеальной популяции оно соответствует уравнению Харди – Вайнберга, т.е. $p^2 + 2pq + q^2 = 1$, а именно $0,49 + 0,42 + 0,09 = 1$.

Рассмотрим особенности модельных экспериментов при влиянии на популяцию факторов динамики ее генетической структуры.

Эксперимент 3. Моделирование генетической структуры популяции при действии естественного отбора.

Цель. Выяснить направление эволюционных изменений в популяции при 100% жизнеспособности доминантных гомозигот и гетерозигот и нежизнеспособности рецессивных гомозигот.

Материалы: 70 фишек красного цвета, 30 фишек белого цвета, 1 непрозрачный пакет.

Хід роботи:

1. Моделирование генетической структуры родительской популяции (смотри п. 3-5 эксперимента № 1).
2. Посчитайте количество пар фишек в каждой стопке. Результаты занесите в строку для родительского поколения (Р) в таблице 3, столбцы 3, 5, 7.
3. Соберите фишки в пакет, перемешайте и повторите действие № 2. Посчитайте количество пар фишек в каждой стопке. Результаты занесите в строку для первого поколения в таблице 3. Фишки с третьей стопки отложите и не включайте их в общее число особей. Так мы удаляем рецессивных гомозигот из популяции, осознавая при этом, что рецессивные гомозиготные генотипы образуются, но являются нежизнеспособными (в таблице соответствующие ячейки обозначены серым цветом).
4. Соберите фишки в пакет из первых двух стопок. Выполните действие 3 еще 5 раз, каждый раз откладывая фишки с третьей стопки в сторону. Результаты занесите в строки таблицы для следующих поколений.
5. Вычислите частоты генотипов и генов в каждом поколении.
6. Сформулируйте выводы по плану (см. эксперимент 2, п. 5).

Таблица 3

Поколение	Количество особей	Распределение генотипов						Частоты генов	
		AA		Aa		aa		A(p)	a(q)
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Р	50	23	0,46	24	0,48	3	0,06	0,7	0,3
F ₁	47	23	0,49	24	0,51	3	0	0,74	0,26
F ₂	44	26	0,59	18	0,41	3	0	0,8	0,2
F ₃	41	29	0,71	12	0,29	3	0	0,85	0,15
F ₄	39	31	0,79	8	0,21	2	0	0,9	0,1
F ₅	39	31	0,79	8	0,21	0	0	0,9	0,1

F ₆	38	32	0,84	6	0,16	1	0	0,92	0,08
----------------	----	----	------	---	------	---	---	------	------

При заполнении этой таблицы, а именно вычислении частот генов, можно пользоваться как формулами, приведенным в эксперименте 2, так и определять частоту доминантного аллеля путем извлечения квадратного корня из частоты доминантных гомозигот, а частоту рецессивного – рассчитывать из произведения $2 \times p \times q$. Извлекать квадратный корень из частоты рецессивных гомозигот не представляется возможным, поскольку такие генотипы на определенном этапе онтогенеза элиминируются из популяции. Сразу отметим, что в целом результаты вычислений каждого из выбранных способов будут различаться на сотые доли. Это объясняется малочисленностью популяции, то есть той же причиной, что и в эксперименте 2.

Из таблицы 3 следует, что в популяции при 100% жизнеспособности доминантных гомозигот и гетерозигот и нежизнеспособности рецессивных гомозигот в поколениях:

- увеличивается частота доминантных гомозигот, уменьшается частота гетерозигот;

- увеличивается частота доминантного аллеля (p), и, соответственно, уменьшается частота рецессивного аллеля (q);

- в процессе эволюции такой популяции рецессивный аллель постепенно переходит в гетерозиготное состояние. Частота образования рецессивных гомозигот уменьшается, поскольку со снижением частоты гетерозигот уменьшается вероятность скрещивания последних. Можно ожидать, что в такой популяции при дальнейшем сохранении условий, а именно указанной жизнеспособности генотипов, их плодовитости, панмиксии и отсутствии влияния других факторов, в будущем рецессивный аллель полностью элиминируется.

При проведении эксперимента у школьников может возникнуть вопрос, почему в родительской популяции не удалялись рецессивные гомозиготы.

Учитель объясняет, что сначала необходимо было смоделировать исходную популяцию, в которой все генотипы одинаково приспособлены к действию определенного абиотического фактора. На определенном этапе существования популяции изменились внешние условия, в результате чего оказалось, что рецессивные гомозиготы не способны к ним приспособиться и погибали. По этой причине, объясняет учитель, рецессивные гомозиготы удалялись из дочерних популяций.

Заметим, что описанный эксперимент в чрезвычайно упрощенном виде моделирует те процессы, которые происходят в естественных популяциях при изменении условий существования. Изменение условий среды и как результат борьба членов популяции за существование с абиотическими факторами среды, расширение или сужение нормы реакции, образование потомства наиболее приспособленными особями и гибель неприспособленных, то есть действие естественного отбора происходит в природных популяциях чаще всего постепенно, медленнее, чем это смоделировано в эксперименте. Учителю следует обратить на это внимание учащихся в ходе обсуждения полученных результатов, но одновременно подчеркнуть, что в эксперименте смоделирована общая тенденция динамики генетической структуры популяции при воздействии на нее фактора естественного отбора.

Эксперименты по моделированию генетической структуры популяции при влиянии на нее определенных факторов являются основой для понимания учащимися микроэволюционных процессов в целом, и для формирования представлений о популяции как элементарной единице эволюции в частности.

(Продолжение следует)

Литература:

1. Алексеева Е. В. Структурно-логические модели по биологии в условиях формирования универсальных учебных действий / Е. В. Алексеева // Биология в школе. - 2015. - № 1. – С. 60 – 66.
2. Базыкин А. Д. Моделирование биологических процессов / А. Д. Базыкин // Биология в школе. – 1988. - № 4. – С. 5 – 9.

3. Бородин П. М. Модельные эксперименты по генетике и эволюции популяций / П. М. Бородин // Биология в школе. – 1987. - № 1, С. 49 – 53.
4. Булаева К. Б. Изучение закона Харди – Вайнберга в курсе общей биологии / К. Б. Булаева // Биология в школе. – 1977. - № 6. – С. 46 – 49.
5. Ковалевская Н. И. Фермент амилаза как школьная модель мониторинга газированных и спртосодержащих напитков / Ковалевская Н. И., Марусланова О. М., Устюжанина М. И. // Биология в школе. – 2012. - № 7. – С. 58 – 62.
6. Комиссаров Б. Д. Методологические проблемы школьного биологического образования / Борис Дмитриевич Комиссаров. – М. : Просвещение, 1991. – 160 с.
7. Мансурова С. Е. Познавательные модели и межпредметная интеграция знаний о человеке в старшей школе / С. Е. Мансурова // Биология в школе. – 2014. - № 4. – С. 41 – 47.
8. Ракитов А. И. Анатомия научного знания / А. И. Ракитов. – М. : Политиздат, 1969. – 206 с.
9. Сидорова Н. А. Математическое моделирование при изучении темы «Генетика и эволюция популяций» / Н. А. Сидорова // Биология в школе. – 2009. - № 6. - С. 27 – 29.
10. Философский словарь / под ред. И. Т. Фролова. – 5-е изд. – М. : Политиздат, 1987. – 590 с.
11. Штофф В. А. Введение в методологию научного познания / В. А. Штофф. - Изд-во Ленинградского ун-та, 1972. - 192 с.