

МОДЕЛЬНІ ЕКСПЕРИМЕНТИ ПРИ ВИВЧЕННІ

ЗАКОНУ ХАРДІ - ВАЙНБЕРГА

У даній частині статті продовжимо розмову про методичні особливості модельних експериментів з генетики та еволюції популяцій. Нижче розглянемо моделювання впливу на популяцію таких факторів її генетичної динаміки як потік генів, випадкові неспрямовані процеси, що призводять до дрейфу генів, мутації.

Потік генів – обмін генами між популяціями, що здійснюється у формі нерегулярних спарювань між особинами, проникнення в дану популяцію тварини, яка народилась в іншому місці, або ж внесення чужого насіння або пилку [5, 130].

Потоком генів називають переміщення алелів з однієї популяції в іншу в результаті схрещувань між членами цих двох популяцій [4, 288]. Вважається, що потік генів підсилює генетичну мінливість у популяціях, але на процес еволюції виду його дія є консервативною. Це пояснюється тим, що, поширюючи мутантні алелі серед популяцій, потік генів призводить до зменшення відмінностей між ними.

Перед проведенням експерименту з моделювання потоку генів вчитель формулює завдання: «Уявіть, що існує дві популяції тварин – популяція А чисельністю 30 особин і популяція В чисельністю 15 особин. Частота домінантного алеля у першій популяції – 0,8, у другій – 0,4. Змоделюйте в ході експерименту генетичну структуру першого покоління популяції С, що утвориться в результаті злиття популяцій А та В».

У процесі обговорення етапів експерименту, насамперед, визначається необхідна кількість червоних та білих фішок. Нагадаємо, що червоні фішки – домінантні алелі, білі фішки – рецесивні алелі.

Вчитель: Скільки доміантних алелів досліджуваного гена в популяції А? Яка частота рецесивного алеля та скільки рецесивних алелів досліджуваного гена в популяції А?

Учні розмірковують приблизно так: якщо у популяції А 30 особин, а досліджуваний ген двохалельний, значить кількість алелів цього гена дорівнює 60. Оскільки за умовою завдання частота доміантного алеля 0,8, значить кількість доміантних алелів дорівнює $60 \times 0,8 = 48$. Далі розраховується частота рецесивного алеля $q = 1 - p$, $q = 1 - 0,8 = 0,2$ та кількість рецесивних алелів $60 - 48 = 12$.

Відповідь: у популяції А кількість доміантних алелів 48, рецесивних – 12. Необхідно взяти 48 червоних та 12 білих фішок.

Аналогічно розраховується кількість фішок для популяції В. Для неї треба взяти 12 червоних та 18 білих фішок.

Експеримент 1. Моделювання впливу потоку генів на генетичну структуру популяції*.

Мета. З'ясувати вплив потоку генів на генетичну структуру популяції.

Матеріали: 48 червоних та 12 білих фішок для популяції А, 12 червоних та 18 білих фішок для популяції В, 2 непрозорі пакети.

*Примітка - одна особина утворює 2 гамети.

Хід роботи:

1. Розкладіть фішки для обох популяцій в окремі пакети. Перемішайте фішки в кожному з них.

2. Не зазираючи у перший пакет, діставайте по 2 фішки і кладіть їх до однієї з трьох куп: до першої – пари червоних фішок, до другої – пари з червоної та білої, до третьої – пари білих фішок. Робіть так доти, доки не витягнете всі фішки з пакету. Так моделюється генетична структура популяції А.

3. Порахуйте кількість пар фішок у кожній купі. Результати занесіть у рядок для популяції А таблиці 1.

4. Виконайте дії п. 2 та п.3 із фішками з другого пакету, моделюючи генетичну структуру популяції В. Результати занесіть у рядок для популяції В таблиці 1.

5. Зберіть усі фішки у один пакет, перемішайте та повторіть дії № 2 та 3 послідовно ще два рази, заповнюючи відповідно рядки у таблиці для новоутвореної популяції С та її першого покоління. Так моделюємо процес злиття популяції А та В.

6. Обчисліть частоти генотипів та генів у кожній популяції, заповніть таблицю 1.

7. Сформулюйте висновок згідно плану:

- співвідношення частот генотипів у популяції;
- співвідношення частот генів у популяції;
- напрямок еволюційних змін.

У заповненому вигляді таблиця може виглядати так:

Таблиця 1

Популяція	Кількість особин	Розподіл генотипів						Частоти алелів	
		AA		Aa		Aa		A(p)	a(q)
A	30	19	0,64	10	0,33	1	0,03	0,8	0,2
B	15	3	0,2	6	0,4	6	0,4	0,4	0,6
C	45	23	0,51	14	0,31	8	0,18	0,67	0,33
F ₁	45	24	0,53	12	0,27	9	0,2	0,67	0,33

Для обчислення частот генів використовуються формули: $p = (D + 0,5H) / N$ та $q = (R + 0,5H) / N$, де p – частота домінантного алеля, q – частота рецесивного алеля, D – кількість домінантних гомозигот, R – кількість рецесивних гомозигот, H – кількість гетерозигот, N – загальна кількість членів популяції.

У ході обговорення школярі формулюють висновок, що, по-перше, частоти генів та генотипів в утвореній популяції С змінилися порівняно з такими у вихідних популяціях А та В. По-друге, частоти генів та генотипів залишаються відносно сталими в першому поколінні F₁ порівняно з батьківською популяцією С. Це пояснюється тим, що після об'єднання на змішану популяцію більше не діють фактори генетичної динаміки, і зберігаються умови достовірності закону Харді - Вайнберга.

Вчитель підкреслює, що незначні відмінності в розрахованих частотах генотипів у першому поколінні порівняно з батьківською популяцією С пояснюються її невеликим розміром (45 особин). Зміни в генетичній структурі популяцій при потоку генів (в нашому випадку злитті цілих популяцій) полягають у встановленні нового співвідношення генів у змішаній популяції та його збереженні в поколіннях при відсутності подальшої дії факторів генетичної динаміки.

Розрахувати частоти генів можна і в інший спосіб - витягненням квадратних коренів з частот гомозигот. У такому випадку будуть мати місце певні розбіжності у розрахованих частотах генів у батьківській популяції С, першому поколінні F₁ та значеннями цих частот, розрахованих за формулою (див. нижче). Причини таких розбіжностей та обговорення їх з учнями наведені у першій частині статті при розгляді методики постановки експерименту «Моделювання генетичної структури ідеальної популяції».

Змоделювати генетичну структуру першого покоління популяції С можна в ході логічних міркувань, не вдаючись до методу експериментування. Це й пропонує школярам зробити вчитель. Для цього на першому етапі слід скористатися формулою для обчислення частоти алеля при змішуванні популяцій [2, 198]

$$P_{\text{зміш}} = (P_1 \times P_1 + P_2 \times P_2) / N,$$

де $P_{\text{зміш}}$ – частота алеля А у новій за складом популяції, P_1 – частота алеля А у першій популяції, P_2 – частота алеля А у групі прибульців, Π_1 – кількість особин у першій популяції, Π_2 – кількість особин у групі прибульців, N – число особин у змішаній популяції.

За вищенаведеною формулою розраховується частота домінантного алеля p у популяції С: $(30 \times 0,8 + 15 \times 0,4) / 45 = 0,67$. Частота рецесивного алеля q дорівнюватиме $1 - p = 1 - 0,67 = 0,33$.

Другим етапом є знаходження частот генів для першого покоління змішаної популяції. Вчитель нагадує, що експериментальні дії виконувати не потрібно, частоти алелів необхідно визначити в ході логічних міркувань. У результаті обговорення школярі мають дійти висновку, що частоти алелів у першому поколінні популяції С при відсутності дії факторів генетичної динаміки залишаться сталими порівняно з батьківською популяцією. Причиною цього є дія закону рівноваги генних концентрацій.

Підсумуємо, що при постановці експерименту з моделювання впливу потоку генів на генетичну структуру популяції слід акцентувати увагу учнів не тільки на зміні частот генів та генотипів у змішаній популяції, а й на збереженні встановленого їх співвідношення у наступних поколіннях за умови відсутності подальшої дії факторів генетичної динаміки.

Вище наведений найпростіший спосіб моделювання впливу потоку генів на генетичну структуру популяції. Експеримент з такою метою можна провести за іншою схемою, а завдання для учнів сформулювати так: «Уявіть, що існує дві популяції тварин – популяція А чисельністю 30 особин і популяція В чисельністю 15 особин. Частота домінантного алеля у першій популяції – 0,8, у другій популяції – 0,4. Третина особин першої популяції мігрувала до другої та схрестилася з нею. Змоделюйте в ході експерименту генетичну структуру першого покоління популяції С, що утвориться в результаті злиття 1/3 частини популяції А та всієї популяції В. Змоделюйте генетичну структуру першого покоління популяції А після міграції з неї 1/3 частини особин».

Вкажемо, що у схемі цього експерименту матимуть місце додаткові дії порівняно з першим експериментом, а саме: неспрямоване вилучення з популяції А 10 мігруючих особин (20 фішок) і моделювання генетичної структури першого покоління популяції А після цього.

Дрейф генів – зміна генних частот, яка не є прямим результатом природного відбору [5, 188].

Дрейф генів – генетико – автоматичні процеси, зміни частоти генів у популяції в ряду поколінь під дією випадкових (стохастичних) факторів, що призводить, як правило, до зниження спадкової мінливості популяцій [3, 184]. Дрейф генів є важливим механізмом еволюційних змін у невеликих та ізольованих популяціях. Випадковий дрейф генів непередбачуваний, оскільки може невелику популяцію привести до загибелі, може зробити її більш пристосованою до даного середовища, а може посилити її дивергенцію від батьківської популяції [4, 287].

Дрейф генів – процес різкої ненаправленої зміни частот алелів у популяції за зменшення її чисельності. «Найчастіше дрейф генів пов'язаний із стихійними лихами чи екологічними катастрофами (пожежа в лісі, повінь тощо). Це призводить до різкого зниження чисельності популяцій (так званий *ефект шийки пляшки*), а невелика група особин, які залишилися, формують нову популяцію зі зміненими частотами алелів і генотипів (ефект засновника)» [1, 182].

Перед проведенням експерименту з моделювання дрейфу генів вчитель формулює завдання: «Уявіть, що існує популяція лісових тварин чисельністю 50 особин. Частота домінантного алеля у популяції – 0,7. Раптово у лісі виникла пожежа, в результаті якої вижила 1/10 частина популяції. Змодельуйте в ході експерименту генетичну структуру цієї популяції в першому поколінні».

Кількість необхідних для моделювання червоних та білих фішок розраховується так, як описано для експерименту 1.

Експеримент 2. Моделювання впливу випадкових процесів на генетичну структуру популяції, моделювання дрейфу генів*.

Мета. З'ясувати вплив випадкових факторів на генетичну структуру популяції, змоделювати дрейф генів.

Матеріали: 70 фішок червоного кольору, 30 фішок білого кольору, 1 непрозорий пакет.

*Примітка - одна особина утворює 4 гамети.

Хід роботи:

1. Покладіть фішки до пакету і перемішайте їх
2. Не зазираючи у пакет, діставайте по 2 фішки і кладіть їх до однієї з трьох куп: до першої – пари червоних фішок, до другої – пари з червоної та білої, до третьої – пари білих фішок. Робіть так доти, доки не витягнете всі фішки з пакету. Так моделюється генетична структура батьківської популяції.
3. Порахуйте кількість пар фішок у кожній купі. Результати занесіть у рядок для батьківської популяції P_1 таблиці 2.
4. Зберіть усі фішки в один пакет, перемішайте. Не зазираючи у пакет, дістаньте з нього по чергово 5 пар фішок і покладіть кожну з пар до однієї з трьох куп. Всі інші фішки відкладіть окремо. Так моделюється процес виживання $1/10$ частини популяції.
5. Порахуйте кількість пар фішок у кожній купі. Результати занесіть у рядок для батьківської популяції P_2 таблиці 2.
6. Пам'ятаючи, що кожна особина дає 4 гамети, покладіть у пакет відповідну кількість фішок (20 фішок).
7. Повторіть дії 2 та 3 ще один раз. Результати занесіть у рядок для F_1 таблиці 2. Так моделюється генетична структура першого покоління популяції після стихійного лиха.

8. Обчисліть частоти генотипів та генів у кожній популяції, заповніть таблицю 2.

9. Сформулюйте висновок згідно плану:

- співвідношення частот генотипів у популяції;
- співвідношення частот генів у популяції;
- напрямок еволюційних змін.

У заповненому вигляді таблиця може виглядати так:

Таблиця 2

Популяція	Кількість особин	Розподіл генотипів						Частоти алелів	
		AA		Aa		Aa		A(p)	a(q)
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
P ₁	50	25	0,5	20	0,4	5	0,1	0,7	0,3
P ₂	5	1	0,2	4	0,8	-	-	0,6	0,4
F ₁	10	3	0,3	6	0,6	1	0,1	0,6	0,4

Частоти генів обчислюються за тими ж формулами, що і для експерименту 1.

Оскільки дія стихійного лиха є неспрямованою, можливі й інші варіанти генетичної структури популяції P₂ та F₁ при тих же вихідних умовах (табл..3):

Таблиця 3

Популяція	Кількість особин	Розподіл генотипів						Частоти алелів	
		AA		Aa		Aa		A(p)	a(q)
P ₁	50	25	0,5	20	0,4	5	0,1	0,7	0,3
P ₂	5	3	0,6	2	0,4	-	-	0,8	0,2
F ₁	10	7	0,7	2	0,2	1	0,1	0,8	0,2

Експеримент з дрейфом генів доцільно повторити мінімум двічі. Це необхідно для того, щоб продемонструвати випадковість загибелі однієї частини популяції та виживання іншої. При цьому учні переконуються у неспрямованому характері встановлення генетичної структури дочірньої популяції.

Аналізуючи отримані експериментальні дані, школярі відмічають, що частоти генотипів та генів у вихідній популяції та дочірній відрізняються. При дії неспрямованих факторів та випадковому виживанні особин генетична структура дочірньої популяції є непередбачуваною і багатоваріантною.

Дія випадкових процесів на батьківську популяцію може призводити до дрейфу генів, а еволюційними змінами в генетичній структурі дочірньої популяції буде встановлення нового співвідношення алельних генів та його збереження в поколіннях при відсутності подальшої дії факторів генетичної динаміки.

Експерименти з впливу мутацій на генетичну структуру популяції наведемо у двох варіантах, а саме змодельюємо виникнення корисних та шкідливих (летальних) мутацій.

Перед проведенням експерименту з моделювання впливу корисних мутацій вчитель формулює завдання: «Уявіть, що існує популяція комах чисельністю 50 особин. Частота домінантного алеля у популяції – 0,7. На популяцію подіяли сильнодіючим інсектицидом. У 4 статевих клітинах відбулася мутація гена a на ген a^M . В наступних поколіннях організми з генотипами AA , Aa та aa стали нежиттєздатними, організми з генотипами Aa^M , aa^M та a^Ma^M – життєздатними носіями мутантного гена. Змодельуйте в ході експерименту генетичну структуру цієї популяції в п'яти поколіннях».

Кількість необхідних для моделювання червоних та білих фішок розраховується так, як описано для експерименту 1. Крім того, для

проведення експерименту потрібно 20 фішок (**) зеленого кольору, які слугуватимуть моделями мутантного гена a^M .

Експеримент 3. Моделювання впливу мутацій на генетичну структуру популяції.

Мета. З'ясувати вплив мутацій на генетичну структуру популяції*.

Матеріали: 70 фішок червоного кольору, 30 фішок білого кольору, 20 фішок зеленого кольору, 1 непрозорий пакет.

*Примітка - одна особина утворює 2 гамети.

Хід роботи:

1. Покладіть червоні та білі фішки до пакету, перемішайте їх
2. Не зазираючи у пакет, діставайте по 2 фішки і кладіть їх до однієї з трьох куп: до першої – пари червоних фішок, до другої – пари з червоної та білої, до третьої – пари білих фішок. Робіть так доти, доки не витягнете всі фішки з пакету. Так моделюється генетична структура батьківської популяції.

3. Порахуйте кількість пар фішок у кожній купі. Результати занесіть у рядок для батьківської популяції P таблиці 4.

4. Відкладіть окремо 4 білі фішки. Зберіть всі інші білі та червоні фішки, додайте 4 зелені та покладіть їх у пакет, перемішайте. Так моделюється процес мутації гена a в ген a^M . Співвідношення алельних нормальних та мутантних генів наведено у рядку P_M таблиці 4.

5. Не зазираючи у пакет, діставайте по 2 фішки і кладіть їх до однієї з шести куп: до першої – пари червоних фішок, до другої – пари з червоної та білої, до третьої – пари білих фішок, до четвертої – пари з червоної та зеленої, до п'ятої – пари з білої та зеленої, до шостої – пари зелених фішок. Робіть так доти, доки не витягнете всі фішки з пакету.

6. Порахуйте кількість пар фішок у кожній купі. Результати занесіть у рядок для F_1 таблиці 4.

7. Пам'ятаючи про життєздатність генотипів, відкладіть окремо нежиттєздатні (у таблиці відповідні клітинки позначено сірим кольором). Так моделюється генетична структура першого покоління популяції після дії інсектициду. Зберіть фішки у пакет з куп, що залишилися.

8. **Повторіть дії 5 - 7 ще чотири рази. Результати занесіть у відповідні рядки таблиці. Так моделюються генетичні структури другого – п'ятого поколінь популяції. Іншими словами, так моделюється процес поширення мутантного гена.

10. Обчисліть частоти генотипів та генів у Р та F₁ – F₅, заповніть таблицю 4.

11. Сформулюйте висновок згідно плану:

- співвідношення частот генотипів у популяції;
- співвідношення частот генів у популяції;
- напрямок еволюційних змін.

Таблиця 4

Популяція	Кількість особин	Розподіл генотипів										Частоти алелів				
		AA		Aa		aa		Aa ^m		aa ^m		a ^m a ^m		A(p)	a(q)	a ^m (q ^m)
P	50	24	0,48	22	0,44	4	0,08							0,7	0,3	0
P _m	50													0,7	0,26	0,04
F ₁	4	25	0	16	0	5	0	4	1					0,5	0	0,5
F ₂	3	1	0					2	0,67			1	0,33	0,33	0	0,67
**F ₂	15													0,33	0	0,67
F ₃	12	3	0					4	0,33			8	0,67	0,17	0	0,83
F ₄	12							4	0,33			8	0,67	0,17	0	0,83
F ₅	12							4	0,33			8	0,67	0,17	0	0,83

**Примітка – подальше моделювання здійснюється на модельній популяції більшого розміру. Для подальшого експериментування з F₂ кількість особин збільшено у 5 разів (15 особин). Кількість необхідних для моделювання червоних та зелених фішок розраховується так, як описано для експерименту 1, а саме червоних фішок потрібно 10, зелених – 20 штук. Це відповідає співвідношенню алелів у F₂.

Обговорення результатів третього експерименту слід спрямувати так, щоб учні усвідомили корисність мутації a - a^m.

Вчитель: «Проаналізуйте дані експерименту і визначте, шкідливою чи корисною є дана мутація для організмів». Можливо, учні відмітять, що мутація є шкідливою, оскільки 50% усіх генотипів виявилися нежиттєздатними. У такому разі слід наголосити на тому, що всі генотипи, які містять мутантний ген, є життєздатними. Це означає, що мутація, спричинена дією хімічної речовини, виявилася корисною для популяції. Вона забезпечила виживання тих організмів, генотипи яких містили мутантний ген. Іншими словами, мутація підвищила пристосованість членів популяції до дії несприятливого фактора.

Перед проведенням експерименту з моделювання впливу шкідливих (летальних) мутацій вчитель формулює завдання: «Уявіть, що існує популяція комах чисельністю 50 особин. Частота домінантного алеля у популяції – 0,7. Тварин піддали впливу рентгенівського випромінювання. У 4 статевих клітинах відбулася мутація гена a на ген a^M . В наступних поколіннях організми з генотипом $a^M a^M$ стали нежиттєздатними, з генотипами Aa^M , aa^M – життєздатними носіями летального гена. Організми з генотипами AA , Aa та aa також зберегли життєздатність. Змодельуйте в ході експерименту генетичну структуру цієї популяції в п'яти поколіннях».

Кількість необхідних для моделювання червоних та білих фішок розраховується так, як описано для експерименту 1. Крім того, для проведення експерименту потрібно 4 фішки зеленого кольору, які слугуватимуть моделями мутантного гена a^M .

Експеримент 4. Моделювання впливу мутацій на генетичну структуру популяції.

Мета. З'ясувати вплив мутацій на генетичну структуру популяції*.

Матеріали: 70 фішок червоного кольору, 30 фішок білого кольору, 4 фішки зеленого кольору, 1 непрозорий пакет.

*Примітка - одна особина утворює 2 гамети.

Хід роботи:

1. Покладіть червоні та білі фішки до пакету, перемішайте їх
2. Не зазираючи у пакет, діставайте по 2 фішки і кладіть їх до однієї з трьох куп: до першої – пари червоних фішок, до другої – пари з червоної та білої, до третьої – пари білих фішок. Робіть так доти, доки не витягнете всі фішки з пакету. Так моделюється генетична структура батьківської популяції.
3. Порахуйте кількість пар фішок у кожній купі. Результати занесіть у рядок для батьківської популяції Р таблиці 5.
4. Відкладіть окремо 4 білі фішки. Зберіть всі інші білі та червоні фішки, додайте 4 зелені та покладіть їх у пакет, перемішайте. Так моделюється процес мутації гена а в ген а^М. Співвідношення алельних нормальних та мутантних генів наведено у рядку Р_М таблиці 5.
5. Не зазираючи у пакет, діставайте по 2 фішки і кладіть їх до однієї з шести куп: до першої – пари червоних фішок, до другої – пари з червоної та білої, до третьої – пари білих фішок, до четвертої – пари з червоної та зеленої, до п'ятої – пари з білої та зеленої, до шостої – пари зелених фішок. Робіть так доти, доки не витягнете всі фішки з пакету.
6. Порахуйте кількість пар фішок у кожній купі. Результати занесіть у рядок для F₁ таблиці 5.
7. Пам'ятаючи про життєздатність генотипів, відкладіть окремо нежиттєздатні (у таблиці відповідні клітинки позначено сірим кольором). Так моделюється генетична структура першого покоління популяції після дії рентгенівського випромінювання. Зберіть фішки у пакет з куп, що залишилися.
8. Повторіть дії 5 - 7 ще чотири рази. Результати занесіть у відповідні рядки таблиці. Так моделюються генетичні структури другого – п'ятого поколінь популяції. Іншими словами, так моделюється процес поширення мутантного гена.

9. Обчисліть частоти генотипів та генів у Р та F₁ – F₅, заповніть таблицю 5.

10. Сформулюйте висновок згідно плану:

- співвідношення частот генотипів у популяції;
- співвідношення частот генів у популяції;
- напрямок еволюційних змін.

Таблиця 5

Популяція	Кількість особин	Розподіл генотипів										Частоти алелів				
		AA		Aa		aa		Aa ^m		aa ^m		a ^m a ^m	A(p)	a(q)	a ^m (q ^m)	
P	50	24	0,48	22	0,44	4	0,08						0,7	0,3	0	
P _m	50												0,7	0,26	0,04	
F ₁	50	24	0,48	19	0,38	3	0,06	3	0,06	1	0,02		0,7	0,26	0,04	
F ₂	50	24	0,48	19	0,38	3	0,06	3	0,06	1	0,02		0,7	0,26	0,04	
F ₃	49	30	0,61	9	0,19	8	0,16	1	0,02	1	0,02	1	0	0,71	0,27	0,02
F ₄	49	25	0,51	19	0,39	3	0,06	1	0,02	1	0,02		0,71	0,27	0,02	
F ₅	49	25	0,51	19	0,39	3	0,06	1	0,02	1	0,02		0,71	0,27	0,02	

Обговорення результатів останнього експерименту спрямовується так, щоб учні усвідомили шкідливість для популяції рецесивної мутації а - а^m. Як і в попередньому експерименті, вчитель пропонує проаналізувати отримані дані і визначити, шкідливою чи корисною є дана мутація для організмів. У процесі бесіди слід наголосити на тому, що тільки один генотип, який містить мутантний ген, є нежиттєздатним - а^m а^m. Гомозиготні мутанти елімінуються з популяції. Всі інші генотипи є життєздатними. Це означає, що мутантний ген не видаляється з популяції, а зберігається в ній у гетерозиготному стані.

Керуючи бесідою далі, вчитель запитує: «Що об'єднує та чим різняться результати модельних експериментів на вивчення впливу мутацій? Як поява корисних та шкідливих (летальних) мутацій може відбитися на напрямку еволюційних змін у популяціях?»

Школярі самостійно або за допомогою вчителя формулюють наступний висновок: спільним у експериментах є те, що поява мутацій призвела до змін у генетичній структурі обох популяцій. Водночас у першому експерименті частка мутантного алеля невпинно зростає, в другому – знижується. У

випадку з корисною мутацією це може призвести до подальших мікроеволюційних перетворень і виникнення нового виду, стійкого проти використаного інсектициду. У випадку із шкідливою мутацією мікроеволюційні перетворення мало ймовірні, оскільки мутантний ген поступово видаляється з популяції, хоча довгий час може зберігатися в гетерозиготному стані.

Відмітимо, що вихідні умови завдання для моделювання можна варіювати. Наприклад, у завданні для третього експерименту генотипи без мутантного алеля вважати життєздатними, але їх плідність знизити вдвічі порівняно з плідністю носіїв мутантного гена, плідність гомозиготних мутантів збільшити вдвічі порівняно з носіями мутантного гена; у завданні з шкідливими мутаціями вважати гомозиготних мутантів життєздатними, але нездатними до розмноження, а плідність гетерозигот із мутантним алелем знизити вдвічі, порівняно з іншими.

Моделльні експерименти з вивчення впливу мутацій на генетичну структуру популяції є найскладнішими серед описаних у статті. Під час їх проведення увага учнів акцентується на таких суттєвих характеристиках мутаційного процесу як:

1. Мутаційний процес існує, мутації постійно виникають у популяціях.
2. Мутації є одним із факторів динаміки генетичної структури популяції.
3. Найбільшого фенотипового прояву мають рецесивні гомозиготні мутанти. У гетерозиготному стані рецесивні мутації довгий час зберігаються в популяції.

Одночасно з цим, у експерименті не враховані інші ознаки мутаційного процесу, а саме:

- Мутації бувають не тільки прямими, а й зворотними. Так, частота алеля A_1 залежить виключно від частоти, з якою він мутує до A_2 , а також від частоти з якою A_2 зворотно мутує до алеля A_1 [5, 129]. Якщо частота прямого

мутування дорівнює частоті зворотного, то ефективної зміни концентрацій генів не відбувається. Якщо ж частоти прямих та зворотних мутацій відрізняються, то виникає мутаційний тиск. Його напрямок залежить від кількісного співвідношення прямих та зворотних мутацій [2, 185];

- Прийнята в експерименті частота мутацій набагато більша, ніж у природних популяціях. Для того, щоб мутація могла закріпитися, вона повинна мати не тільки селективні переваги, але й характеризуватися достатньою вихідною частотою [5, 130]. В середньому частота мутацій складає 10^{-4} - 10^{-8} на один ген на одне покоління (тобто від однієї мутації в даному локусі на 10000 генів в одному поколінні до всього лише однієї на 100000000 генів в одному поколінні) [5, 127] При нормальній частоті мутацій (10^{-4} - 10^{-9}) для того, щоб половина алелів A_1 була замінена на алель A_2 потрібно від мінімум 5000 до більш ніж 50000000 поколінь [5, 129];

- До еволюційних змін, як правило, призводить накопичення мутацій за багатьма генами та ін..

Врахувати названі вище ознаки мутаційного процесу в умовах шкільного модельного експерименту представляється неможливим, тому до уваги взяті лише його суттєві характеристики. На це звертає увагу школярів учитель під час обговорення з ними схем відповідних модельних експериментів.

Підбиваючи підсумки, наголосимо, що розвиток уміння моделювання під час постановки модельних експериментів з генетики та еволюції популяцій з одного боку відбувається згідно з етапами формування вмінь, з іншого – обумовлюється конкретним змістом навчального матеріалу. Завдяки такому зв'язку останній засвоюється не тільки на рівні знань, а й стійких переконань учнів.

Література

1. Афанасьєва К.С. Олімпіадний мінімум. Генетика та молекулярна біологія / К.С. Афанасьєва, С.Р. Рущковський. – Х.: Основа, 2012. – 189 с.
2. Барна І.В. Біологія. Задачі та розв'язки: навч. посіб. / Барна І.В., Барна М.М., Барна Л.С. – Тернопіль: Мандрівець, 2005. – 384 с.

3. Биологический энциклопедический словарь / [гл.ред. М.С. Гиляров]. – М.: Сов.энциклопедия, 1986. – 831 с.
4. Грин Н. Биология . В 3 т. / [Грин Н., Стаут У., Тейлор Д.]; под. ред. Г.Сонера. - М.: Мир, 1990.
Т.3. – 1990. – 376 с.
5. Солбриг О. Популяционная биология и эволюция / О.Солбриг, Д.Солбриг. – М.: Мир, 1982. – 488 с.

Кандидат педагогічних наук,

доцент кафедри зоології

Криворізького педагогічного інституту

державного вищого навчального закладу

«Криворізький Національний університет»

Комарова Олена Володимирівна