

АКАДЕМИЯ НАУК СССР
НАУЧНЫЙ ЦЕНТР БИОЛОГИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЙ
НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ
ВЫЧИСЛИТЕЛЬНЫЙ ЦЕНТР

Н. Л. ЛУНИНА

УЧЕБНЫЕ ПРОГРАММЫ ПО БИОЛОГИИ.
ГЕНЕТИКА

МИНИ-ЭВМ

МАТЕРИАЛЫ ПО
МАТЕМАТИЧЕСКОМУ
ОБЕСПЕЧЕНИЮ ЭВМ

16

ПУЩИНО · 1990

АКАДЕМИЯ НАУК СССР
НАУЧНЫЙ ЦЕНТР БИОЛОГИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЙ
НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ
ВЫЧИСЛИТЕЛЬНЫЙ ЦЕНТР

Н. Л. ЛУНИНА

УЧЕБНЫЕ ПРОГРАММЫ ПО БИОЛОГИИ.
ГЕНЕТИКА

МАТЕРИАЛЫ ПО
МАТЕМАТИЧЕСКОМУ
ОБЕСПЕЧЕНИЮ ЭВМ

16

ПУЩИНО · 1990

УДК 512.519.68

Работа содержит описание программ по теме "Генетика", являющихся частью пакета учебных программ "Биология в школе".

Программы написаны на языке BASIC для ЭВМ "YAMANA".
Работа предназначена для преподавателей биологии и разработчиков учебного программного обеспечения.

© Научный центр биологических исследований АН СССР
в Пущине, 1990 г.

Введение

Данный выпуск содержит описание пяти программ, предназначенных для использования на уроках и факультативных занятиях по теме "Генетика". Они входят в состав пакета учебных программ "Биология в школе". Описанные программы позволяют учащимся моделировать на компьютере эксперименты, в ходе которых происходит знакомство с такими понятиями и явлениями, как

- передача признаков по наследству;
- ген как носитель наследственной информации;
- аллели;
- генотип и фенотип;
- гомо- и гетерозиготность;
- доминирование;
- генетическое расщепление;
- явление сцепленного наследования;
- линейное расположение генов на хромосоме;
- взаимодействие генов;
- генные мутации;
- генетический код.

При работе программ используется датчик случайных чисел. Это позволяет ученикам работать с большим числом вариантов рассматриваемых задач. Результаты экспериментов представляются в наглядной форме с использованием графических средств компьютера. В трудных случаях ученик может пользоваться подсказкой. Все это облегчает ученику усвоение трудных понятий.

Там, где это уместно, работа ученика оценивается в определенной системе баллов.

Программа-монитор, описанная в [1], облегчает учителю работу с пакетом: позволяет выбрать нужную для урока программу, запустить ее на выполнение, собрать результаты работы учеников, сохранить их на магнитном диске, напечатать.

1. Теоретические вопросы

1.1. История вопроса. Определения

Напомним основные положения менделевской генетики (см. [2]):

- существуют альтернативные пары признаков;
- существует передача признаков по наследству;
- наследственные факторы передаются дискретным образом;
- в каждом организме содержится два фактора, отвечающие за какой-либо признак; внешне проявляется один из них;
- по наследству может быть передан любой из двух

факторов.

Напомним определения:

- альтернативные пары признаков называются аллелями;
- наследственные факторы называются генами;
- признаки, проявляющиеся внешне, называются доминантными, а присутствующие в организме в подавленном состоянии – рецессивными;
- половые клетки, содержащие наследственный фактор в единственном числе, называются гаметой;
- в процессе оплодотворения происходит слияние мужской и женской гамет, образуется зигота;
- зигота, содержащая одинаковые аллельные гены, называется гомозиготой, разные – гетерозиготой;
- организм, развивающийся из гомозиготы, называется гомозиготным, из гетерозиготы – гетерозиготным;
- генный состав организма называется генотипом, а его внешний вид – фенотипом;
- скрещивание организмов с одной парой альтернативных признаков называется моногибридным, с двумя парами – дигибридным.

Для обозначения единиц наследственности Мендель ввел буквенную символику. Наследственные факторы или гены, вызывающие развитие доминантного признака, он обозначил большими буквами (А, В, С), рецессивного – маленькими (а, в, с).

Если скрещивать два организма, один из которых содержит только доминантные гены изучаемого признака (АА), а другой – только рецессивные (аа), то в первом поколении все организмы получатся гетерозиготными (Аа). Если такие гибриды скрестить между собой, то во втором поколении будут наблюдаться 4 равновероятных генотипа: АА, Аа, аА, аа. Организмы, имеющие первые 3 комбинации признаков (АА, Аа, аА), будут фенотипически неразличимы, что даст расщепление по внешнему виду 3:1.

При изучении двух признаков из родительских организмов с генотипами ААВВ и ааbb в первом поколении получаем гетерозиготные организмы с генотипом АаВb, которые во втором поколении дадут 16 равновероятных комбинаций генотипов, из которых фенотипически различны будут только 4. При этом расщепление по внешнему виду будет близко к теоретическому значению 9:3:3:1.

1.2. Разбор генетических задач

ЗАДАЧА 1 – восстановление генотипа растения по его фенотипу при помощи анализирующего скрещивания.

В задачах такого рода у нас имеется исходный образец с неизвестным генотипом. Кроме того, имеются несколько представителей для скрещивания. Требуется так провести скрещивание (т.е. выбрать такого представителя), чтобы по фенотипу потомков определить, каков был

генотип исходного образца.

Разберем пример анализирующего моногибридного скрещивания. Если у нас имеется растение гороха с зелеными семенами, то генотип его может быть только aa . Если же в качестве образца выступает растение с желтыми семенами, то генотип его может быть как AA (случай 1), так и Aa (случай 2). Какого представителя следует выбрать для анализирующего скрещивания? Если мы скрестим такое растение с растением с желтыми семенами, а оно окажется гомозиготным, то мы получим полностью желтое потомство как в случае 1, так и в случае 2. Значит, такой выбор партнера для скрещивания неэффективен. Нужно выбрать растение с зелеными семенами. Его генотип aa , и потомство будет в случае 1 полностью желтым (образуются только зиготы Aa), а в случае 2 в потомстве будут растения с разными семенами (образуются зиготы Aa и aa).

Итак, для анализирующего скрещивания следует выбирать представителя с рецессивными признаками. Это соотношение остается справедливым и в случае дигибридного скрещивания.

ЗАДАЧА 2 – получение чистых линий, т.е. отбор таких организмов (растений или животных), потомство которых не будет давать расщепления. Если работа идет с растением, допускающим самоопыление, то вывод о чистоте линий можно сделать уже на основе фенотипа потомков первого поколения (F_1). Задача может быть осложнена тем, что не всегда заранее ясно, какие признаки являются доминирующими. Однако, если отобрать для эксперимента достаточное число различных представителей, то среди них найдутся и гетерозиготы. Наличие в их потомстве особей с признаками, не проявлявшимися у родителей, позволяет сделать вывод о рецессивности этих признаков.

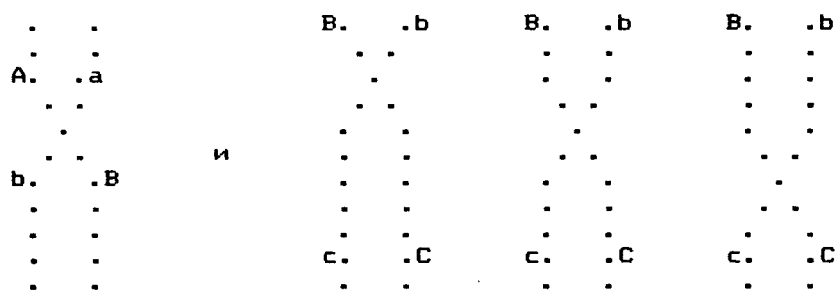
ЗАДАЧА 3 – иллюстрация идеи о линейном расположении генов на хромосоме (см. [3]). Идея эта возникла при анализе передачи некоторых признаков по наследству. Так, обычно при дигибридном скрещивании в условиях независимой передачи признаков наблюдается расщепление $9:3:3:1$. Однако в ряде случаев это не так. Так, если скрещивать черных длиннокрылых самок дрозофил с самцами, имеющими коричневую окраску тела и рудиментарные крылья, то в потомстве будут наблюдаться 4 типа мух:

- 1) коричневые рудиментарные – 41,5%
- 2) черные длиннокрылые – 41,5%
- 3) коричневые длиннокрылые – 8,5%
- 4) черные рудиментарные – 8,5%

Как видим, гораздо чаще потомку передаются оба признака одного из родителей. Тем не менее, наблюдается некоторое количество потомков с таким сочетанием признаков, которых у родителей не было (так называемый рекомбинантный тип). Такие признаки (которые гораздо чаще передаются потомству в таких же сочетаниях, как у родителей) называются сцепленными признаками; они образуют группы сцепления. Здесь указана группа сцепления из

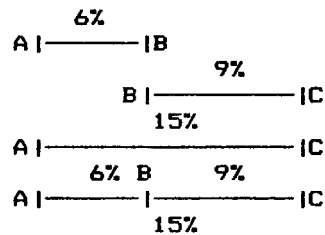
двух признаков (окраска и длина крыльев); часто наблюдаются группы сцепления из большего числа признаков.

Наличие групп сцепления можно объяснить следующим образом: соответствующие гены находятся в одной хромосоме. В большинстве случаев потомку передается одна из родительских хромосом. Небольшое число рекомбинантных типов обуславливается кроссинговером хромосом при мейозе. Чем дальше друг от друга в хромосоме расположены соответствующие гены, тем выше вероятность кроссинговера и, следовательно, больше процент рекомбинантных особей в потомстве. Сравним:



И, наоборот, чем больше рекомбинантных особей в потомстве, тем больше расстояние между соответствующими генами.

Это соображение можно использовать для определения относительного расстояния между генами, наблюдая группы сцепления нескольких признаков. Так, если для генов А и В частота рекомбинации 6%, для генов В и С – 9%, а для генов А и С – 15%, то можно сделать вывод, что ген В расположен между генами А и С, ближе к А. Такой результат становится особенно наглядным, если рассматривать не числа, а отрезки, длины которых пропорциональны этим числам:



ЗАДАЧА 4 – разбор ситуации, возникающей, когда на один признак оказывают влияние два гена. Например, окраска кроликов задается геном окраски С/с (окрашен/неокрашен) и геном распределения окраски по длине волоса А/а (неравномерно/равномерно). Доминируют признаки С и А. Неокрашенный кролик выглядит белым, равномерно окрашенный – черным, неравномерно окрашенный – серым.

Итак, данные ЦГЦАУЦА
 АргИле
 можно интерпретировать
 как ЦГЦ ЦАУ ЦА или Ц ЦГЦ АУЦ А или ЦЦ ГЦА УЦА
 Арг Иле Арг Иле Арг Иле
 т.е. считать, что
 либо аргинин кодируется триплетом ЦГЦ, изолейцин –
 триплетом ЦАУ;
 либо Арг – ЦГЦ, Иле – АУЦ;
 либо Арг → ГЦА, Иле – УЦА.

Для выбора рамки считывания нужно смотреть, не
 встречаются ли ситуации, когда одному триплету соот-
 ветствуют разные аминокислоты. Например, такая ситуация
 АГЦ УГА ЦГГ УГА ААГ
 Ала Асп Гли Глу

говорит о неверном выборе рамки, т.к. получается, что
 триплет УГА кодирует то Асп, то Глу. Значит, более пра-
 вильным будет считать

А ГЦУ ГАЦ ГГУ ГАА АГ
 Ала Асп Гли Глу

При таком выборе рамки конфликтных ситуаций нет. Заме-
 тим, что обратная ситуация (когда разные триплеты коди-
 руют одну и ту же аминокислоту) является допустимой в
 силу вырожденности генетического кода (64 триплета ко-
 дируют 20 аминокислот).

Результаты этого эксперимента, а именно соот-
 ветствие ГЦУ – Ала, ГАЦ – Асп, ГГУ – Гли, ГАА – Глу,
 должны быть занесены в таблицу следующим образом:

	У	Ц	А	Г
Г	Г	Ала	Гли	У
Ц	Ц	Асп	Глу	Ц
А	А	Глу	Глу	А
Г	Г	Глу	Глу	Г

Здесь первый нуклеотид кодирующего триплета указывается
 слева, второй – сверху, третий – справа.

Для заполнения таблицы длина белка (в аминокисло-
 тах) должна быть не меньше, чем количество позиций в
 таблице. Если же в эксперименте доступны лишь короткие
 участки иРНК и, соответственно, белка, то нужно совер-
 шить мутации в иРНК; с модифицированной иРНК будет счи-
 тан новый белок, и это даст необходимую информацию.

2. Описания программ

1. Программа "Анализирующее скрещивание"

Эта программа позволяет ученику моделировать экспе-
 рименты по установлению генотипа растений с известным
 фенотипом.

Ученик работает с растениями, различающимися по

двум признакам (цвет и форма). У каждого предъявленного растения нужно определить генотип. Для этого ученику дается возможность провести скрещивание исходного образца с одним из четырех фенотипически различных представителей (при отслеживании двух признаков при полном доминировании имеются всего 4 фенотипически различных варианта). После выбора представителя ученику сообщается информация о фенотипе растений в F₁, полученных в результате такого скрещивания. На основании этих данных, а также информации о том, какие признаки являются доминирующими, ученик должен сделать вывод о генотипе предложенного образца. Если ученик осознает, что он неудачно выбрал представителя для скрещивания, то он может провести повторное скрещивание с другим представителем.

Генотипы предлагаемых для скрещивания представителей неизвестны. Более того, они меняются от эксперимента к эксперименту.

После правильного ответа ученику сообщаются генотипы всех растений в F₁.

В случае затруднений ученик может воспользоваться подсказкой. После восьми вопросов ученику сообщается процент правильных ответов. Этот результат может быть сохранен на машине учителя.

2.2. Программа "Получение чистых линий"

Программа посвящена теме "Основные закономерности передачи наследственных свойств". Она позволяет провести на компьютере эксперимент по получению чистых линий. Моделируется работа с полем, где растут томаты, различающиеся по двум признакам. В процессе эксперимента ученик должен выяснить, какие признаки являются доминирующими, и отобрать экземпляры, которые не будут давать расщепления при самоопылении. Для этого ему сообщаются фенотипы растений, полученных в F₁ у отобранных экземпляров при самоопылении.

Итак, в начале программы перед учеником имеется поле, на котором растут томаты красные и желтые; круглые и грушевидные. Ученик имеет возможность отобрать несколько растений для опытов. О каждом отобранном растении сообщается фенотип растений, полученных в F₁ при самоопылении. На основании этих данных ученик должен определить, какие из признаков являются доминирующими, и ввести обозначение для аллельных генов (доминантные гены должны быть обозначены большими буквами).

После того, как обозначения для генов введены, требуется установить генотип каждого отобранного растения. После этого требуется указать, какие из отобранных экземпляров могут быть использованы для получения чистых линий. Если среди отобранных нет таких или имеются не все, то ученик вновь "попадает на поле"; он должен найти недостающие экземпляры.

При генерации поля используется датчик случайных чисел. Поэтому при каждом "попадании на поле" расположение томатов будет другим.

В процессе работы подсчитывается количество заданных ученику вопросов и процент правильных ответов. В конце работы эти сведения сообщаются ученику. Они могут быть переданы по сети на машину учителя и сохранены на магнитном диске.

2.3. Программа "Построение генетической карты"

В предлагаемых ученику примерах задаются полученные в результате эксперимента частоты рекомбинации нескольких генов из группы сцепления, а также отрезки, длины которых пропорциональны заданным частотам. Концы отрезков подписаны соответствующими генами. Ученик имеет возможность передвигать отрезки друг относительно друга, а также "разворачивать" отрезки – менять местами концы. Его задача – найти такое взаимное расположение отрезков, при котором одинаковые гены будут расположены друг под другом. Например, отрезки

A |—————| C
 C |—————| B
 B |—————| A

он должен расположить следующим образом:

A |—————| C
 C |—————| B
 A |—————| B

Полученная проекция всех отрезков и будет являться генетической картой – схемой хромосомы, содержащей относительные расстояния между расположенными на ней генами.

О завершении построения ученик должен определенным образом сообщить. После этого начинается проверка. Если не все концы отрезков, относящиеся к одному гену, расположены друг под другом, то ученик получит сообщение вида "Ошибка для гена А".

При затруднении ученик может воспользоваться подсказкой.

2.4. Программа "Взаимодействие генов"

Ученику предлагаются 4 задачи:

- определение фенотипа по известному генотипу;
- определение возможного генотипа по известному фе-

нотипу;

- определение возможного фенотипа потомства при известном генотипе самца;
- определение генотипа самца по фенотипу самки и потомства.

Программа содержит развитый HELP. При этом если в одной и той же ситуации ученик просит подсказку дважды, то он получает разную подсказку: в первый раз – наводящие соображения, во второй раз – точный ответ.

Например, в задаче 2 при определении возможных генотипов черного кролика в первый раз выдается подсказка следующего содержания: "Кролик окрашен – должно быть С; окраска равномерная – не должно быть А". Во второй раз указываются генотипы "Ссаа, ССаа".

При работе программы не имеет значения, используют ли русские или латинские буквы – нажатие клавиш "б" и "Ь", "ц" и "С" обрабатывается одинаково.

В конце программы сообщается количество заданных вопросов и количество правильных ответов.

2.5. Программа "Расшифровка генетического кода"

Ученику предъявляются результаты эксперимента – иРНК длиной 33 нуклеотида и белок длиной 10 аминокислот, который считывается с этого участка иРНК. На основании этих данных нужно заполнить 1/4 часть таблицы генетического кода, содержащую 16 позиций. Ученик должен:

- подобрать правильную рамку считывания;
- совершать мутации в иРНК для получения дополнительной информации;
- занести в таблицу всю экспериментальную информацию.

Он может работать в режиме "теоретик" или "практик". Теоретик имеет право в любом месте иРНК совершать мутации типа замены. Практик работает с тремя видами мутагенных воздействий – химическим, радиационным и воздействием ультрафиолетом. Любое из этих воздействий вызывает в иРНК мутации (с разной частотой). Обычно для заполнения таблицы при правильной стратегии (сначала – выбор правильной рамки) хватает 3–4 воздействий. При работе в режиме "теоретик" при правильном подборе мутаций достаточно двух изменений последовательности.

В момент занесения информации в таблицу происходит проверка:

- содержится ли такой триплет в рассматриваемой иРНК;
- содержится ли такая аминокислота в считываемом белке.

Проверка того, действительно ли эта аминокислота соответствует такому триплету, не производится. Т.е. ученик может начать работать с неверной рамкой. Но в таком случае он вскоре столкнется с ситуацией "один триплет – разные аминокислоты" и будет вынужден заменить ошибоч-

ную информацию в таблице.

Когда все 16 позиций таблицы заполняются правильно, появляется сообщение: "Вы расшифровали 1/4 таблицы генетического кода. Хотите продолжить работу? (д/н)" При положительном ответе ученику предъявляется другая иРНК, другой белок и другая четверть таблицы генетического кода. И так 4 раза.

При работе ученик может пользоваться подсказкой. В зависимости от ситуации выдаются подсказки типа:

"АГА-Асп и АГА-Глу. Сдвиньте рамку"

"Переключите указатель (HOME). Занесите Лей на место УУУ"

"Нужны мутации. Переключите указатель (HOME)"

"Получите в иРНК триплет АУГ в нужном положении"

3. Особенности реализации и использования

Программы написаны на языке BASIC для школьной ЭВМ "YAMAHA". Все 5 программы содержат выструю пересылку, написанную на ассемблере (А.Ю.Огурцов, мех-мат МГУ).

Как и в случае программ по теме "Биосинтез белка", учитель может пользоваться программой BIOTEACH для выполнения некоторых специальных функций (запуск программ, сбор результатов учеников по сети, анализ накопленных результатов).

Программы можно запускать 2 способами: 1) при работе с программой BIOTEACH выбрать нужный элемент предложенного списка программ; 2) указать имя программы

RUN "BIOGENAS - для "Анализирующего скрещивания"

RUN "BIOGENCL - для "Получения чистых линий"

RUN "BIOGENGK - для "Построения генетической карты"

RUN "BIOGENVG - для "Взаимодействия генов"

RUN "BIOGENRK - для "Расшифровки генетического кода"

Работа каждой из этих программ начинается вопросом: "Нужна пересылка по сети?". При положительном ответе начинается выстрая пересылка. Через 12 секунд программа начинает работать на всех ученических машинах, где выполнялась команда "RUN "COM:""

Программы занимают на диске

BIOGENAS - 10 К

BIOGENCL - 11 К

BIOGENGK - 11 К

BIOGENVG - 18 К

BIOGENRK - 20 К

Настоящая инструкция находится в файле BIOGEN.DOC и занимает 26К.

Результаты работы учеников собираются в файле BIO.RES.

Время выполнения программ зависит от скорости работы ученика. За урок сильный ученик успевает поработать с тремя программами. Программа "Построение генетической карты" рекомендуется для факультативной работы после уроков.

Литература

1. Н.Л.Лунина. Учебные программы по биологии. Биосинтез белка. ОНТИ НЦБИ, Пушино, 1988.
2. Э.С.Киселева, А.М.Мягкова. Генетика. "Просвещение", 1977.
3. Общая биология: Пос. для учителя / Н.П.Дубинин, Д.ф.Петров, К.Б.Булаева и др.; Под ред. Н.П.Дубинина. – М.: Просвещение, 1980.

Содержание

Введение	3
1. Теоретические вопросы.	
1.1. История вопроса. Определения	3
1.2. Разбор генетических задач	4
2. Описания программ.	
2.1. Анализирующее скрещивание	8
2.2. Получение чистых линий	9
2.3. Построение генетической карты	10
2.4. Взаимодействие генов	10
2.5. Расшифровка генетического кода	11
3. Особенности реализации и использования	12
Литература	13