

Philipp Gebhardt · Richard Spencer

A

## Was können uns Kaninchen über die Evolution lehren?

Gerichtete Selektion, Allelfrequenz und Evolution



## EINFÜHRUNG

### Schlüsselbegriffe:

Mendelsche Regeln; monohybrid; homozygot; heterozygot; dominant; rezessiv; Genotyp; Phänotyp; gerichtete Selektion; Evolution; Genpool; Allelfrequenz; Hardy-Weinberg-Gesetz; biologische Aufnahmefähigkeit eines Lebensraumes.

Dieses Simulationsprojekt richtet sich an Schüler im Alter von 16 bis 18 Jahren, die in der Oberstufe das Fach Biologie belegen. Die Schüler sollen in die Lage versetzt werden, die folgenden Grundprinzipien, die bei der Untersuchung der Allelfrequenz in einem Genpool zum Tragen kommen, zu verstehen:

- ▮ Die Vererbung dominanter und rezessiver Allele in monohybriden Mendelschen Kreuzungen;
- ▮ Warum Allelfrequenzen in einer Umgebung, in der kein Selektionsdruck für bestimmte Phänotypen herrscht, mehr oder weniger konstant bleiben;
- ▮ Wie das Hardy-Weinberg-Gesetz angewendet werden kann, um die Allelfrequenz für dominante und rezessive Allele eines Phänotyps zu errechnen, welcher durch zwei Allele eines einzelnen Gens bestimmt ist und Teil einer Population von Individuen ist, in der für keinen vorhandenen Phänotyp ein Selektionsvorteil besteht;
- ▮ Evolution als eine über die Zeit stattfindende Veränderung der Allelfrequenzen in einer Population;
- ▮ Warum Allelfrequenzen sich in einer Umgebung verändern, in der das Überleben von Individuen eines bestimmten Phänotyps durch gerichtete Selektion positiv beeinflusst wird;
- ▮ Warum die Beibehaltung nachteiliger Allele in einem Genpool im Hinblick auf die Fähigkeit einer Spezies, sich an potenzielle Veränderungen in der Umwelt anzupassen, wünschenswert ist.

In der Simulation werden einige der Prinzipien aufgegriffen und weiterentwickelt, die im Artikel „Counting Buttons: demonstrating the Hardy-Weinberg principle“ (*Pongsophon, Roadranga und Campbell; Science in School; Ausgabe 6; Herbst 2007*) beschrieben wurden.

## HILFSMITTEL

Auf das Projekt kann über das EMBLog-Lehrerportal des European Learning Laboratory for the Life Sciences (ELLS) am EMBL online zugegriffen werden. Die interaktiven Tabellen zur Durchführung der Aktivität wurden unter Verwendung der Flash-basierten SAP-Software Xcelsius entwickelt.

Auf [www.science-on-stage.de](http://www.science-on-stage.de) finden Sie den Link zum EMBLog-Lehrerportal (Registrierung erforderlich).

## INHALT

### Allelfrequenz: Keine Selektion

Den Schülern werden Hintergrundinformationen über eine aus 64 Kaninchen bestehende Modellpopulation geliefert, in der zwei Allele für die Fellfarbe – braun ( $B$ ) und weiß ( $b$ ) – vorhanden sind. Das Allel für braune Fellfarbe dominiert über das Allel für weiße Fellfarbe, so dass Kaninchen mit dem Genotyp  $BB$  und  $Bb$  braunes Fell haben, während diejenigen mit Genotyp  $bb$  weißes Fell aufweisen. Das Allel für die Fellfarbe wird in direkter, monohybrider Mendelscher Weise geerbt; und angesichts der Dominanz des Allels für braunes Fell sind die braunen Kaninchen gegenüber den weißen in der Mehrzahl, und zwar in einem Verhältnis von 3:1. Dementsprechend sind unter den 64 Kaninchen der Ausgangspopulation 16 Kaninchen mit dem homozygoten Genotyp  $BB$ , 32 Kaninchen mit dem heterozygoten Genotyp  $Bb$  und 16 Kaninchen mit dem homozygoten Genotyp  $bb$ .

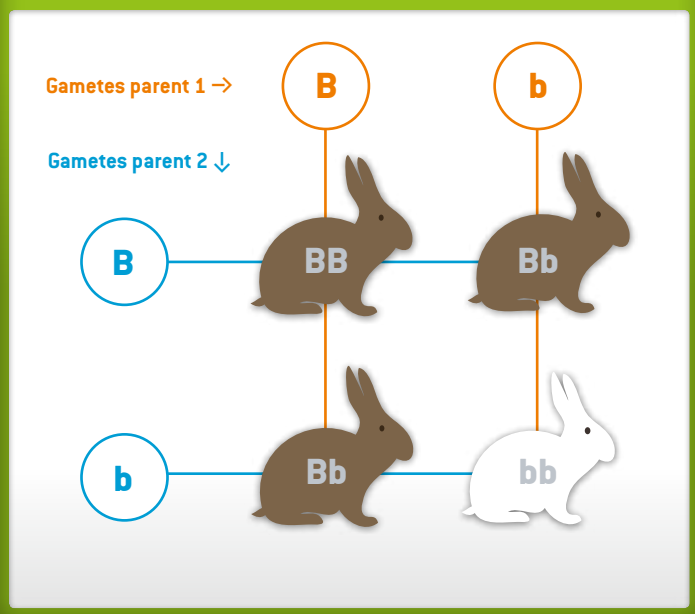
Die Kaninchen befinden sich in einem Lebensraum, der einen Teil des Jahres mit Vegetation und für den Rest des Jahres mit Schnee bedeckt ist. In der Vegetation sind Kaninchen mit braunem Fell besser getarnt, während Kaninchen mit weißem Fell im Schnee besser getarnt sind. Insgesamt besteht kein Vor- oder Nachteil durch braunes oder weißes Fell.

Um den Schülern die Funktionsweise einer Mendelschen monohybriden Kreuzung in Erinnerung zu rufen, wird ein interaktives Punnett-Quadrat zur Simulation einer genetischen Kreuzung zwischen zwei heterozygoten ( $Bb$ ) Kaninchen verwendet.

Im Anschluss finden die Schüler mit dem Programm die Genotypen aller Nachkommen der Ausgangspopulation heraus. Das Programm berücksichtigt vier Annahmen: erstens, dass es zu zufälliger Paarung zwischen Kanincheneltern mit unterschiedlichen Genotypen kommt; zweitens, dass die biologische Aufnahmefähigkeit des Lebensraums 64 Kaninchen beträgt; drittens, dass ein gleichgroßer Anteil (50 %) der Nachkommen aller drei Genotypen überlebt, um sich fortzupflanzen; und viertens, dass diejenigen Nachkommen einer Generation, die überleben, bis sie ausgewachsen sind, Eltern der nächsten Generation werden.

Die Schüler werden so durch das Programm geleitet, dass sie die Zahl der Nachkommen der jeweiligen Genotypen über 10 Generationen herausfinden können. Mittels dieser Information werden die Frequenzen der Allele  $B$  und  $b$  in jeder Generation errechnet. Um sicherzustellen, dass die Schüler die Ableitung der Allelfrequenzen verstehen, sollen sie eine Beispielrechnung durchführen, indem sie Daten eingeben und überprüfen, ob sie zum richtigen Ergebnis gelangen.

#### Punnett Quadrat



Die Schüler erkennen, dass die Frequenz der Allele  $B$  und  $b$  mehr oder weniger konstant bleibt. Das Programm ist so angelegt, dass es die Ausgabedaten (Allelfrequenz gegen Generationsnummer) in einem Diagramm darstellt.

#### Allelfrequenz: Hardy-Weinberg-Gesetz

In der Kaninchenpopulation sehen Kaninchen mit den Genotypen  $BB$  und  $Bb$  gleich aus (braunes Fell), so dass die Zahl der Individuen mit dem jeweiligen Genotyp nicht herauszufinden ist. Dagegen kann die Zahl der Kaninchen mit Genotyp  $bb$  erkannt und gezählt werden (sie alle haben weißes Fell). Die Schüler werden durch das Projekt an die Theorie und das zugrunde liegende Hardy-Weinberg-Prinzip herangeführt; ihnen wird verdeutlicht, wie die Zahl der Kaninchen mit Genotyp  $bb$  jeweils zur Schätzung der Kaninchenzahl mit den Genotypen  $BB$  und  $Bb$  verwendet werden kann.

Die Schüler sollen das Hardy-Weinberg-Gesetz auf ein gegebenes Problem anwenden. Indem sie die aus den vorgegebenen Informationen entnommenen relevanten Daten eingeben, können sie diese analysieren, um die geschätzte Zahl der Kaninchen mit den Genotypen  $BB$  und  $Bb$  in einer gegebenen Population – bei der die Zahl der Kaninchen mit Genotyp  $bb$  bekannt ist – zu errechnen. Anhand von gezielten Hinweisen werden die Schüler durch die Berechnung geleitet; außerdem ist dafür gesorgt, dass sie die Richtigkeit ihrer Berechnung überprüfen können.

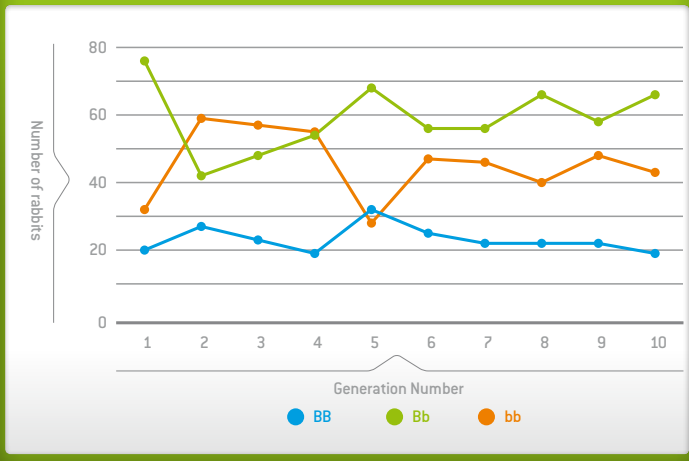
#### Allelfrequenz: Selektion

Aufgrund der Klimaveränderung ist der Lebensraum der Kaninchen während des Jahres zu keiner Zeit mehr von Schnee bedeckt. Dies ist für weiße Kaninchen (Genotyp  $bb$ ) nachteilig. Sie sind in einem Lebensraum, der ganzjährig von Vegetation bedeckt ist, nicht länger getarnt und somit als potenzielle Beute viel gefährdeter. Das weiße Fell ist nun ein Nachteil: Alle Kaninchen mit weißem Fell werden erbeutet, bevor sie ausgewachsen sind; die Selektion erfolgt durch die Umwelt.

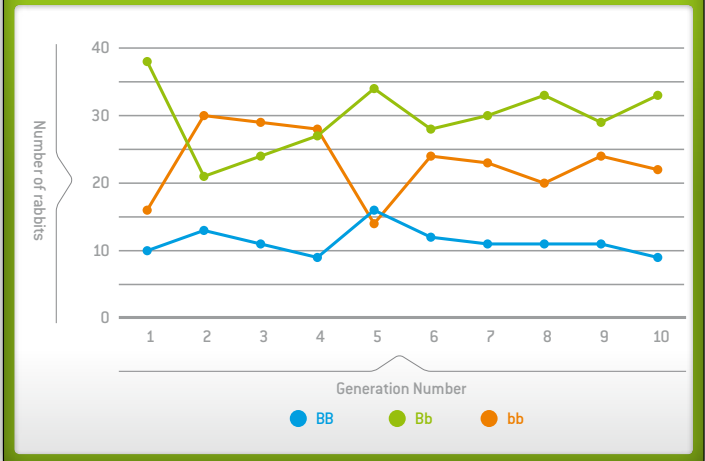
Wie im Teil „Keine Selektion“ finden die Schüler mit dem Programm die Genotypen aller Nachkommen der Ausgangspopulation und der Folgegenerationen heraus. Diesmal haben sich die Parameter allerdings geändert. Das Programm berücksichtigt drei der vormalig vier Annahmen (zufällige Paarung zwischen Kanincheneltern mit unterschiedlichen Genotypen; die biologische Aufnahmefähigkeit des Lebensraums beträgt 64 Kaninchen; diejenigen Nachkommen einer Generation, die überleben, bis sie ausgewachsen sind, werden Eltern der nächsten Generation). Allerdings ist ein grundlegender Unterschied zu beachten: Das Verhältnis der Nachkommen aller drei Genotypen, die überleben, bis sie sich fortpflanzen, ist nicht länger gleich, weil keine weißen Kaninchen das Erwachsenenalter erreichen. Das Programm berücksichtigt dies



Anzahl der Kaninchen pro Generation



Anzahl der Kaninchen, die überleben bis sie ausgewachsen sind



und wendet Anpassungsformeln an, um zu kalkulieren, wie viele Kaninchen mit den Genotypen  $BB$  und  $Bb$  das Erwachsenenalter erreichen und Eltern der nächsten Generation werden. Der Wert liegt bei mehr als 50 %; die tatsächliche Prozentzahl richtet sich nach der Zahl der Kaninchen mit Genotyp  $bb$ , die in der jeweiligen Generation geboren werden.

Wie im Szenario „Keine Selektion“ finden die Schüler mit dem Programm die Zahl der Nachkommen des jeweiligen Genotyps über zehn Generationen heraus. Mit dieser Information werden die Allelfrequenzen der Allele  $B$  und  $b$  in jeder Generation errechnet.

Die Schüler erfahren, dass die Frequenz der Allele  $B$  und  $b$  von einer Generation zur nächsten variiert (die Frequenz des Allels  $B$  nimmt zu, während die Frequenz des Allels  $b$  abnimmt). Das Programm ist so angelegt, dass es die Ausgabedaten (Allelfrequenz gegen Generationsnummer) in einem Diagramm visualisiert.

#### Fragen zur Zusammenfassung der Schlüsselbegriffe

Der letzte Teil des Projekts besteht in einer Reihe von Fragen. Die Beantwortung dieser Fragen gewährleistet, dass die Schüler das Projekt fertiggestellt haben und hilft den Lehrkräften bei der Überprüfung, ob die zugrunde liegenden Schlüsselbegriffe von den Schülern verstanden wurden. Die Schüler geben ihre Antworten auf die Fragen sowie ihren Namen und das Datum ein. Die Antworten werden ausgedruckt und der Lehrkraft zur Bewertung eingereicht.

#### SCHLUSSFOLGERUNG

Auf das Simulationsprojekt kann online zugegriffen werden. Es kann entweder in der Unterrichtszeit durchgeführt werden oder aber als Hausaufgabe bzw. als Auftrag zur selbständigen Bearbeitung aufgegeben werden. Die Schüler überprüfen ihren eigenen Lernfortschritt, indem sie am Projektende ein Multiple-Choice-Quiz ausfüllen, das vom Programm korrigiert wird. Darüber hinaus ist eine Reihe von Fragen vorhanden, welche die Schüler beantworten und ausdrucken können, falls die Lehrkräfte mittels traditioneller Prüfungsfragen feststellen wollen, wie gut die im Projekt verwendeten Schlüsselbegriffe von den Schülern verstanden wurden.

Wir würden uns über Ihr Feedback, Fragen und Verbesserungsvorschläge zu diesem Projekt freuen (auf Englisch). Ein Lösungsschlüssel zu den Prüfungsfragen ist auf Anfrage erhältlich.

Kontakt: [richard.spencer@stockton.ac.uk](mailto:richard.spencer@stockton.ac.uk)

