

И.С. БРИШТЕН, Т.А. СРЫВКИНА

Брест, Лицей №1 имени А.С.Пушкина

Научный руководитель – Т.Ю.Анисимова, учитель биологии

АЛЬТЕРНАТИВНЫЕ СПОСОБЫ РЕШЕНИЯ ЗАДАЧ ПО ГЕНЕТИКЕ С ПРИМЕНЕНИЕМ ТЕОРИИ ВЕРОЯТНОСТЕЙ И БИОИНФОРМАТИКИ

Актуальность. Решение генетических задач позволяет понять сущность процессов наследования различных признаков. Генетические задачи имеют классический единый принцип решения, но многие учащиеся, даже в лицее, испытывают значительные трудности с их решением, особенно более сложных олимпиадных задач. Вместе с тем большинство ошибок, которые учащиеся допускают при решении задач, связано с невыполнением простых правил. Поэтому предлагаемый способ решения задач на основе теории вероятностей является достаточно актуальным не только для учащихся лицеев и гимназий, но, возможно, для студентов вузов.

Цель – провести анализ решения генетических задач не через классический единый принцип (способ решения), а через теорию вероятностей и методов биоинформатики, что сделает решение некоторых типов задач более понятным и поможет прийти к верному ответу.

Материалы и методы.

Материалами для исследования послужили различные сборники для решения задач по генетике [1], а методами явились анализ предлагаемых в литературе способов их решений [2].

Результаты и их обсуждение. Мы проанализировали все задачи, которые решали в школьном курсе, и применили к ним методы теории вероятностей и биоинформатики. В данной работе мы продемонстрируем наиболее сложные алгоритмы решения задач.

1. Графическое решение задач (рисунок 1)

Оу: 10 единиц на графике;

Ох: $P(Dh) = P(dH) = \frac{0,098}{2} = 0,049$ или 0,49 единиц на графике;

$P(DH) = P(dh) = \frac{1-0,098}{2} = 0,451$ или 4,51 единица на графике.

2. Решение задачи через нахождение площади:

$S(x) = x * y = 10 * 4,51 = 45,1$;

$S(\text{общ.}) = 100$

$P(S) = \frac{S(x)}{S(\text{общ.})} = \frac{45,1}{100} = 0,451$ или 45,1%;

$$S(x) = x * y = 10 * 0,98 = 9,8;$$

$$P(S) = \frac{S(x)}{S(\text{общ.})} = \frac{9,8}{100} = 0,098 \text{ или } 9,8\% \text{ кроссоверных гамет вместе, а так}$$

как их частоты равны, значит, вероятность встречи кроссоверной гаметы равна $\frac{9,8}{2} = 4,9\%$

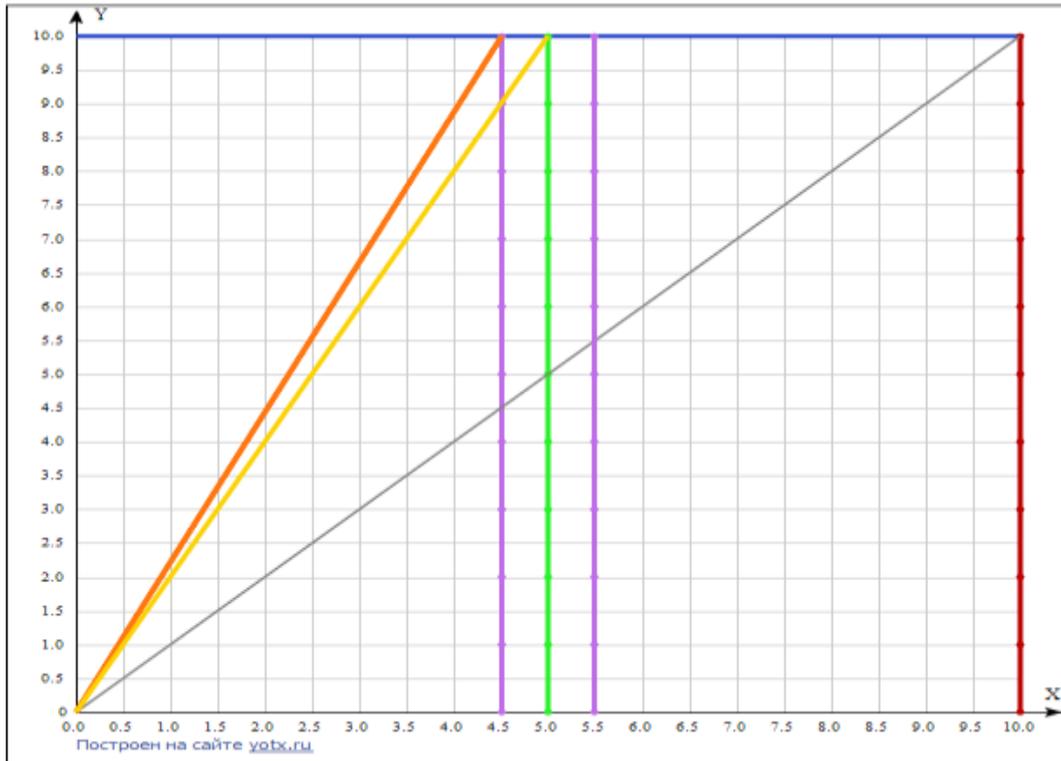


Рисунок 1 – Пример графического решения задач на кроссинговер

3. Решение задачи с помощью интегралов:

Площадь общая через определенный интеграл равна 50 (следует из предыдущих задач).

Если бы это было полное сцепление, то тогда особь образовывала два сорта гамет с равной вероятностью 50%, но, так как сцепление неполное, то процент некроссоверных гамет равен $50 - 0,5 * 9,8 = 45,1\%$

Пусть уравнение прямой кроссоверных гамет $Y = \frac{20}{10-l} * x$; $l=0,98$ на графике, следовательно, первообразная $F(x) = \frac{10}{10-0,98} x^2$, $\int_a^b f(x) dx = F(b) - F(a) = 22,55 - 0 = 22,55$. Вероятность встречи каждой некроссоверной гаметы $\frac{22,55}{50} = 45,1\%$, следовательно, вероятность встречи кроссоверной гаметы равна $50\% - 45,1\% = 4,9\%$.

Выводы. В ходе выполнения работы были проанализированы генетические задачи различных типов: на моно-, ди-, полигибридное скрещивание, взаимодействие аллельных генов (полное доминирование, неполное доминирование, кодоминирование, сверхдоминирование, множественный аллелизм), взаимодействие неаллельных генов (комплементарное действие генов, эпистаз, полимерия), сцепленное наследование. Сначала они были решены по классическому принципу решения, а затем с помощью теории вероятностей и методов биоинформатики, с обоснованием решения с помощью математического анализа.

В ходе решения задач несколькими способами мы пришли к выводам, что решение генетических задач с помощью теории вероятностей сокращает время их решения и оформления. При этом для получения результата с помощью предлагаемого нами способа требуется знание тех же правил, которые использовались в классическом способе решения аналогичных задач. Можно заключить, что с помощью методов биоинформатики возможно не просто обрабатывать огромный массив различных биологических данных, но и выявлять закономерности, конструировать исследования по скрещиванию, быстрее проводить статистический анализ скрещивания и будущих потомков, то есть повышать скорость и точность получения результатов.

Современные условия диктуют необходимость обработки данных и получения обоснованных решений в сжатые сроки, поэтому решение задач по генетике с использованием теории вероятностей и биоинформатики дает нам соответствующие преимущества. Но учащиеся все равно должны иметь представление о классическом подходе к решению генетических задач, поскольку он составляет базу для развития других методик.

В дальнейшем мы планируем перейти уже к структурной биоинформатике и компьютерной геномике, изучить методы, которые используются в данных разделах биоинформатики и их программных комплексах, применить выявленные закономерности при решении различных задач. Мы продвинемся в развитии уже имеющейся технической и программной базы для решения прикладных задач.

СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННЫХ ИСТОЧНИКОВ

1. Кириленко, А. А. Биология. Сборник задач по генетике. Базовый и повышенный уровни ЕГЭ : учебно-методическое пособие / А. А. Кириленко. – Ростов н/Д : Легион, 2012. – 233 с.
2. Архипов, Г. И. Лекции по математическому анализу : учебник для университетов и пед. вузов / Г. И. Архипов, В. А. Садовничий, В. Н. Чубариков. – М. : Высш. шк., 1999. – 695 с.