

БИОЛОГИЯ

ИЗДАЕТСЯ С 1992 г.
№ 4 (941)

УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКИЙ И НАУЧНО-ПОПУЛЯРНЫЙ ЖУРНАЛ ДЛЯ ПРЕПОДАВАТЕЛЕЙ БИОЛОГИИ, ЭКОЛОГИИ И ЕСТЕСТВОЗНАНИЯ
bio.1september.ru



с. 32

Задания ЕГЭ:
проблемы
соответствия
учебникам



с. 3

Смех, да и только:
изучаем эмоции



с. 10

**Ошибочка
вышла:**
что мы не знали
о животных

издательский
дом
1september.ru

Первое сентября

апрель
2012

БИОЛОГИЯ Подписка: Роспечать – 32026 (бумажная версия), 19177 (электронная); Почта России – 79005 (бумажная версия), 12652 (электронная)

Моделирование биополимеров

■ Практическая работа

А.Г. Козленко,
Институт педагогики НАПН Украины,
г. Киев

Подробно рассказывается, как на уроке провести групповую практическую работу по моделированию биополимеров традиционными и инновационными способами: плетение из бисера, оригами, склеивание из бумаги и липкой ленты и др.

► Для выполнения практической работы класс делится на группы: выделяются 6 базовых групп, но можно сделать и больше, дав одинаковое задание нескольким группам. Группы формируются наилучшим образом, когда их набирают лидеры (например, шесть первых учеников выходят к доске и по очереди вызывают к себе в группу одного из сидящих в классе). Этот способ обеспечивает относительное равенство групп по силе и достаточно высокую совместимость в группах. Членам групп разрешается подходить к другим группам, смотреть, что они делают, и даже присоединяться к ним по ходу выполнения задач – для ответа на итоговый вопрос должны быть успешно изготовлены все 6 моделей и обсужден сам вопрос.

Каждая группа получает материалы и инструкции для работы, а также задания, ответы на которые записываются в тетрадях или на специально подготовленных бланках и в конце работы озвучиваются (ответы или комментарии к некоторым заданиям приведены в конце статьи).

Для выполнения работы нужно не менее трех компьютеров. Работа может выполняться как в режиме off-line (с использованием визуализатора молекул RasMol и моделей, размещенных на диске), так и в режиме on-line (при этом можно использовать дополнительные ресурсы интернет-страницы «Молекула

месяца» сайта Международного банка белковых структур PDB <http://www.rcsb.org/pdb/home/home.do>, а также визуализатор молекул Jmol, внутренний визуализатор сайта PDB). При работе off-line можно предварительно подготовить инструкции на основе материалов страниц:

- Памятка по работе с RasMol (<http://www.kozlenkoa.narod.ru/nb1.htm>).
- Памятка по работе с командным окном (<http://www.kozlenkoa.narod.ru/nb2.htm>).
- Памятка по работе с сайтом Банка белковых структур PDB (<http://www.kozlenkoa.narod.ru/pdb.htm>).



Работают ученики 10 «Б» класса
Великодимерского УВК



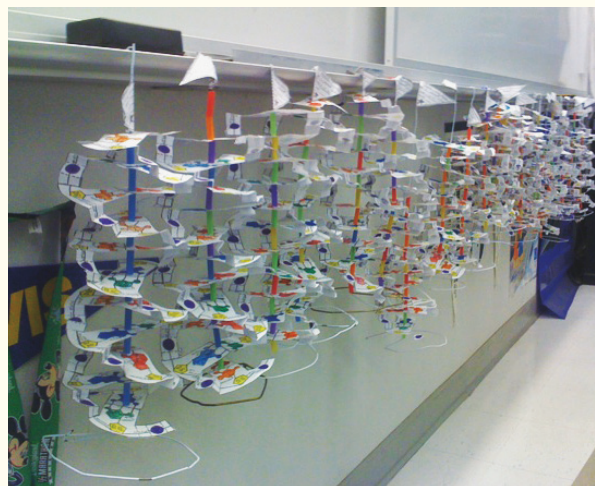
Материалы к статье на CD.
Визуализатор молекул RasMol
на CD к № 3

(При отсутствии ученических компьютеров и наличии только одного учительского компьютера можно разделить машинное время таким образом, чтобы первые 5–7 мин с компьютером работала группа 2, следующие 7–10 мин – группа 4, а потом получала доступ группа 5.)

Для подведения итогов работы используются формы рефлексии, определяемые учителем. При оценке работ после завершения урока (в идеале – в ходе самого урока) учителю важно обратить внимание на правильность собственно моделирования, например верный порядок нуклеотидов в модели группы 2. Итоговая оценка работы должна учитывать и этот момент.

На фотографии показано, как эта работа проводилась в 10 «Б» классе Великодымерского УВК (Броварской р-н, Киевская обл.) под руководством учителя биологии Елены Михайловны Шелудченко.

2. ДНК: модель пар нуклеотидов



Идея – Ван Ренсселер Поттер (Van Rensselaer Potter), 1958 г., Мэдисон, Висконсин, США; адаптация – Чонг Кам Ху (Cheong Kam Khoo), Сингапурский научный центр, Сингапур; Козленко А.Г. <http://www.ncbe.reading.ac.uk/DNA50/cutout.html>

Подготовительные работы: распечатать на цветном или черно-белом принтере по 3 экз. каждой пары нуклеотидов (6 страниц формата А4 – файл: dna_atgc.doc).

Материалы для работы на уроке: ножницы, скрепки или клей, проволока или иголка с толстой ниткой.

Пары оснований надо вырезать и склеить или соединить скрепками между собой.

2.1. Выполните моделирование участка ДНК следующей последовательности:

| | | | | | | | | | | | | |
|----|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|----|
| 3' | А | Г | Г | Ц | Ц | Ц | Т | Т | А | Г | А | 5' |
| 5' | | | | | | | | | | | | 3' |

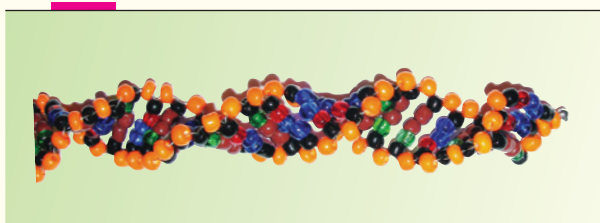
2.2. Рассмотрите модель ДНК (PDB ID 1bna) в RasMol (или в Jmol на сайте PDB <http://www.rcsb.org/pdb/101/motm.do?momID=23>). Запишите последовательность нуклеотидов этого фрагмента (удобно применить сочетание способов окрашивания модели Color-Shape).

| | | | | | | | | | | | | |
|----|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|----|
| 3' | | | | | | | | | | | | 5' |
| 5' | | | | | | | | | | | | 3' |

Памятка по работе с RasMol (<http://www.kozlenkoa.narod.ru/nb1.htm>), с командным окном (<http://www.kozlenkoa.narod.ru/nb2.htm>). Памятка по работе с сайтом Банка белковых структур PDB ([http://www.kozlenkoa.narod.ru/pdb\).htm](http://www.kozlenkoa.narod.ru/pdb).htm).

ЗАДАНИЯ ДЛЯ ГРУПП

1. ДНК: бисерная модель



Автор идеи и реализации – Соня Стифел (Sonja Stiefel), 2008 г., Альбукерк, Нью-Мексико, США. <http://www.stiefelhome.com>

Подготовительные работы: распечатать на цветном или черно-белом принтере схему сборки модели ДНК из бисера (1 страница формата А4 – файл: dna_jewelry_ru.ppt); подготовить бисер 6 цветов: обязательно черный и оранжевый, остальные 4 цвета – любые.

Материалы для работы на уроке: ножницы, бисер, проволока для бисера.

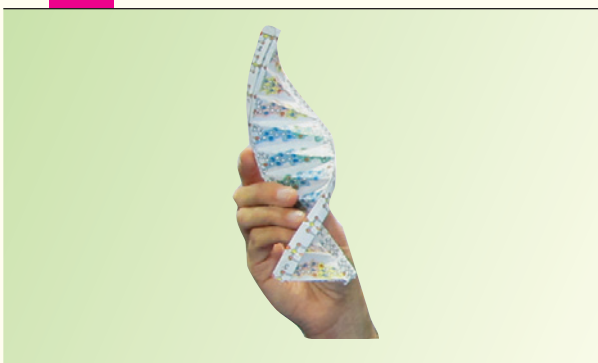
1.1. Почему мы используем две бусины для представления А и Г и только один шарик для представления Ц и Т? Что подразумевают проволоки?

1.2. А может образовывать пару только с Т, а Ц – только пары с Г. Можете ли вы придумать какой-нибудь способ показать это в бисерной модели?

1.3. Как показать 3' и 5'-концы цепей ДНК?

I. Сравните обе модели с моделью ДНК (PDB ID 1bna) в RasMol. Какая модель больше соответствует структуре реальной молекулы ДНК – бисерная или бумажная? В каких случаях и чем лучше одна, в каких – другая?

3. ДНК: бумажная модель оригами



Автор – Токи Йен (Thoki Yen, 1985). Опубликовано в журнале Trends in Biochemical Sciences, 1995. V. 20, N 2, p. 94; версия – Дэвид Гудселл (David S. Goodsell), Калифорния, США (http://www.rcsb.org/pdb/101/static101.do?p=education_discussion/educational_resources/index.html#Activities-Lessons).

Подготовительные работы: распечатать на цветном или черно-белом принтере схему складывания и модель ДНК (1 страница формата А4 – файл: dna-3dmodel-paper.pdf; при желании модель можно увеличить до 2 страниц А4, файлы: dna_1.jpg и dna_2.jpg). Для сравнения можно распечатать более простую модель для складывания из файла dna_ori.pdf.

Материалы для работы на уроке: ножницы.

Распечатать, обрезать поля, согнуть пополам, прогнуть по сплошным линиям от себя (как по первому сгибу, «гора»), по пунктирным к себе («долина»). Модель сама свернется в спираль, останется только немного сжать. В модели как раз немного больше одного витка (11 пар нуклеотидов).

Соберите модель молекулы ДНК по схеме.

3.1. Запишите последовательность нуклеотидов этой молекулы в формате:

| | | | | | | | | | | | | |
|----|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|----|
| 3' | | | | | | | | | | | | 5' |
| 5' | | | | | | | | | | | | 3' |

3.2. Для Ночи науки в Белграде (Сербия) 21 сентября 2011 г. была собрана самая большая модель молекулы ДНК длиной 247,44 м (<http://www.nocistrzivaca.rs/beograd/001.html>). Рассмотрите фотографии и определите, сколько в ней тысяч пар нуклеотидов (kb – kilobase).

4. тРНК



Идея и реализация – Козленко А.Г., 2008 (<http://www.kozlenkoa.narod.ru/photoalbum.htm>).

Подготовительные работы: распечатать на цветном или черно-белом принтере ленту с последовательностью нуклеотидов тРНК (при печати на черно-белом принтере палиндромные участки надо закрасить цветными карандашами; 2 страницы формата А4 – файл trna.doc).

Материалы для работы на уроке: ножницы, липкая лента и лейкопластырь.

Первичная и вторичная структуры транспортной РНК хорошо известны. Присутствующие в первичной структуре палиндромные последовательности нуклеотидов и непалиндромные участки обуславливают вторичную структуру тРНК: соединяясь по принципу комплементарности, они образуют двухцепочечные участки, являющиеся «черешками» «трилистника».

4.1. Склейте с помощью прозрачной липкой ленты вторичную структуру тРНК.

4.2. Рассмотрите модель тРНК (PDB ID 4tna) в RasMol или в Jmol на сайте PDB (<http://www.rcsb.org/pdb/101/motm.do?momID=15>). Постарайтесь собрать третичную структуру тРНК в виде буквы «Г» (удобно применить для отображения молекулы в визуализаторе сочетание способов окрашивания модели Color-Group).

Памятка по работе с RasMol (<http://www.kozlenkoa.narod.ru/nb1.htm>), с командным окном (<http://www.kozlenkoa.narod.ru/nb2.htm>).
Памятка по работе с сайтом Банка белковых структур PDB (<http://www.kozlenkoa.narod.ru/pdb.htm>).

4.3. Какую аминокислоту переносит тРНК 4tna?

II. Какая модель больше соответствует структуре нуклеиновых кислот – модель оригами ДНК или модель тРНК из ленты? В каких случаях удобнее первая, в каких вторая?

5. Мембранный белок



Автор модели – Томоко Фузе (Tomoko Fuse; опубликовано в книге «Вращающиеся тетраэдры», в книге Т.Такахамы и К.Касахары «Оригами для знатоков». – Japan Publications, Inc., «ALSIO», 1987); адаптация – Козленко А.Г., 2005 г.

Подготовительные работы: распечатать на цветном или черно-белом принтере развертку модели белка и инструкцию по складыванию (2 страницы формата А4 – файлы membran_prot.doc и membran_prot.gif; имеет смысл распечатать 2–3 экземпляра развертки).

Материалы для работы на уроке: ножницы, клей.

Соберите модель мембранного белка по инструкции.

5.1. Какую структуру белка (первичную, вторичную, третичную, четвертичную) представляет модель?

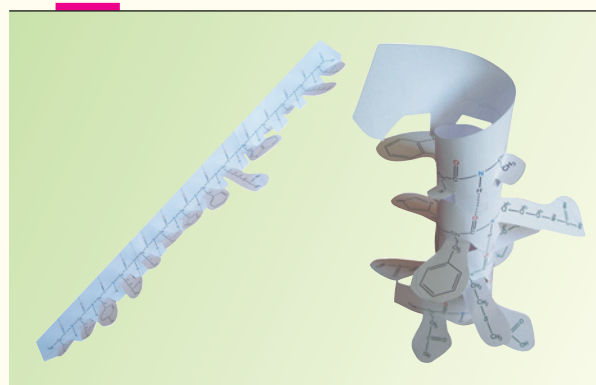
5.2. Рассмотрите модель Na,K-АТФазы (PDB ID 2zxe) в RasMol или в Jmol на сайте PDB (<http://www.rcsb.org/pdb/101/motm.do?momID=118>). Найдите участок, непосредственно расположенный в плазматической мембране (именно его с определенной степенью условности представляет бумажная модель – см. ролик по модели работы Na-насоса (<http://www.youtube.com/watch?v=aQf0k2xqT7Q> или файл origami02.flv).

Памятка по работе с RasMol (<http://www.kozlenkoa.narod.ru/nb1.htm>), с командным окном (<http://www.kozlenkoa.narod.ru/nb2.htm>). Памятка по работе с сайтом Банка белковых структур PDB (<http://www.kozlenkoa.narod.ru/pdb.htm>).

5.3. Для исследования структуры белков широко используется метод рентгеноструктурного анализа, для которого требуется предварительная кристаллизация белка из водного раствора. Постарайтесь на примере данного белка объяснить, почему структуру мембран-

ных белков долгое время не удавалось изучить с помощью рентгеноструктурного анализа. Покажите свой ответ на модели.

6. Вторичная структура белка



Идея и реализация – Козленко А.Г., 2011 (<http://www.kozlenkoa.narod.ru/photoalbum.htm>).

Подготовительные работы: распечатать на цветном или черно-белом принтере ленту с последовательностью аминокислот (при печати из файла model_prot.gif – 1 страница формата А4, из файла программы ChemDraw model_prot.cdx – 3 страницы формата А4; можно разрезать файл model_prot.gif в любом графическом редакторе на 3 фрагмента – из страницы формата А4 получится очень мелкая модель).

Материалы для работы на уроке: ножницы, липкая лента.

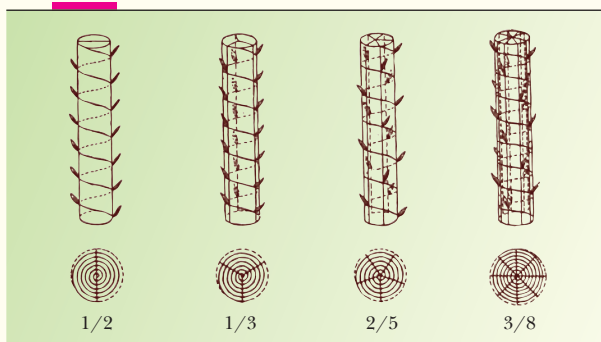
Для этой модели надо вырезать ленту аминокислот с отогнутыми радикалами и липкой лентой «образовать» водородные связи между пептидными связями разных уровней так, чтобы на виток спирали приходилось 3,6 аминокислотных остатков, и получить α -спираль.

6.1. Сколько одинаковых аминокислот в этом фрагменте белка?

6.2. Прочитайте фрагмент учебника ботаники «Спиральное листорасположение». Какой дробью можно выразить расположение аминокислот в α -спирали белка?

«При спиральном листорасположении листья у семенных растений расположены не беспорядочно, а в определенном порядке, характерном для каждого вида растений. Если мысленно соединить линией места прикрепления листьев, расположенных вверх непосредственно один за другим, пока не дойдем до листа, сидящего над тем, с которого начали (т.е. на той же ортостихе), то мы получим так называемую основную, или генетическую, спираль; совокупность листьев в ней, не считая послед-

него, сидящего на одной ортостихе с первым, называется листовым циклом. Угол, на который смещен один лист относительно другого, расположенного над ним или под ним, называется углом расхождения (дивергенция).



Спиральное листорасположение можно выразить дробью, в числителе которой ставят число оборотов по стеблю основной спирали одного листового цикла, а в знаменателе – число листьев в данном цикле, совпадающее с числом ортостих на стебле; вместе с тем эта дробь будет указывать и расхождение между соседними листьями, выраженное в долях окружности; соответственно можно высчитать и угол расхождения между соседними листьями, выраженный в градусах. При листорасположении в 1/3 основная спираль делает один оборот по стеблю, листовый цикл состоит из трех листьев и угол расхождения будет 120°; при листорасположении в 2/5 основная спираль делает два оборота, в листовом цикле содержится 5 листьев, а угол расхождения равен 144°».

(Курсанов Л.И., Комарницкий Н.А., Мейер К.И., Раздорский В.Ф., Уранов А.А. Ботаника, в 2-х т. Для педагогических институтов и университетов. Том 1. Анатомия и морфология. Изд. 5-е., переработ. – М.: Просвещение, 1966. С. 268.)

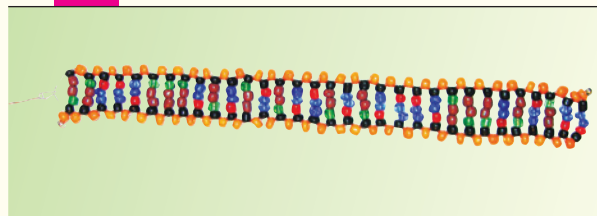
III. На модели мембранного белка (предыдущее задание) нарисуйте контуры, которые (примерно) занимает созданная вами модель вторичной структуры белка.

Воспользуйтесь для ответа на вопрос моделью Na,K-АТФазы (PDB ID 2zxe) в RasMol (или в Jmol на сайте PDB); удобно применить для отображения молекулы в визуализаторе сочетание способов окрашивания модели Color-Structure.

IV. Общее итоговое задание. Расположите все изготовленные модели в порядке увеличения масштаба.

НЕКОТОРЫЕ РЕШЕНИЯ И КОММЕНТАРИИ

1.3. На модели 5'-концы показаны дополнительными фосфатными группами:



2.2.

| | | | | | | | | | | | | | |
|----|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|----|
| 3' | Г | Ц | Г | Ц | Т | Т | А | А | Г | Ц | Г | Ц | 5' |
| 5' | Ц | Г | Ц | Г | А | А | Т | Т | Ц | Г | Ц | Г | 3' |

3.2. На фото видно, что одна пара нуклеотидов в модели примерно равна 2/3 ширины кисти девушки (на переднем плане), которая держит модель. Измерив это расстояние (например, 5 см), можно найти общее количество тысяч пар нуклеотидов в модели:

$$24\ 744\ \text{см} : 5\ \text{см} \approx 4949 \approx 5\ \text{тыс. пар нукл.}$$

Конкретное число может отличаться от полученного, т.к. ученики могут выбрать другую единицу измерения ширины пары нуклеотидов. Важна правильность рассуждений (а также округление ответа до тысяч пар нуклеотидов), а не совпадение цифр.

4.3. Проще всего ответить на этот вопрос, если воспользоваться более полной информацией о молекуле, для чего надо открыть файл как текстовый (с помощью программ Блокнот или WordPad, Word). В третьей строке сказано:

TITLE CRYSTALLOGRAPHIC REFINEMENT OF YEAST PHENYLALANINE TRANSFER

Т.е. это тРНК дрожжей, переносящая фенилаланин.

Об этом способе работы с файлами сказано в «Памятке по использованию программы RasMol».

6.2. Формула листорасположения показывает, сколько листов приходится на 1 оборот спирали. В нашем случае (помним, что надо представить обыкновенной дробью):

$$\begin{aligned} &3,6\ \text{остатка} - 1\ \text{виток,} \\ &1\ \text{остаток} - x\ \text{витков,} \\ &x = 1/3,6 = 5/18. \end{aligned}$$

Иными словами, два радикала аминокислот находятся точно один над другим только через 5 витков, и на этих пяти витках расположено 18 аминокислотных остатков. ■