

進化のシミュレーション（情報×生物）

場 所：生物教室A

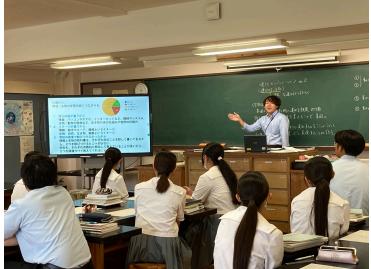
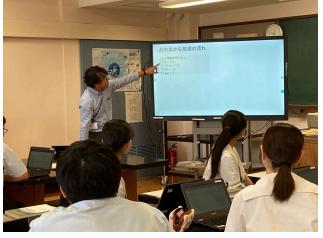
日 時：令和6年（2024年）9月9日（月）

クラス：2年2組、2年5組

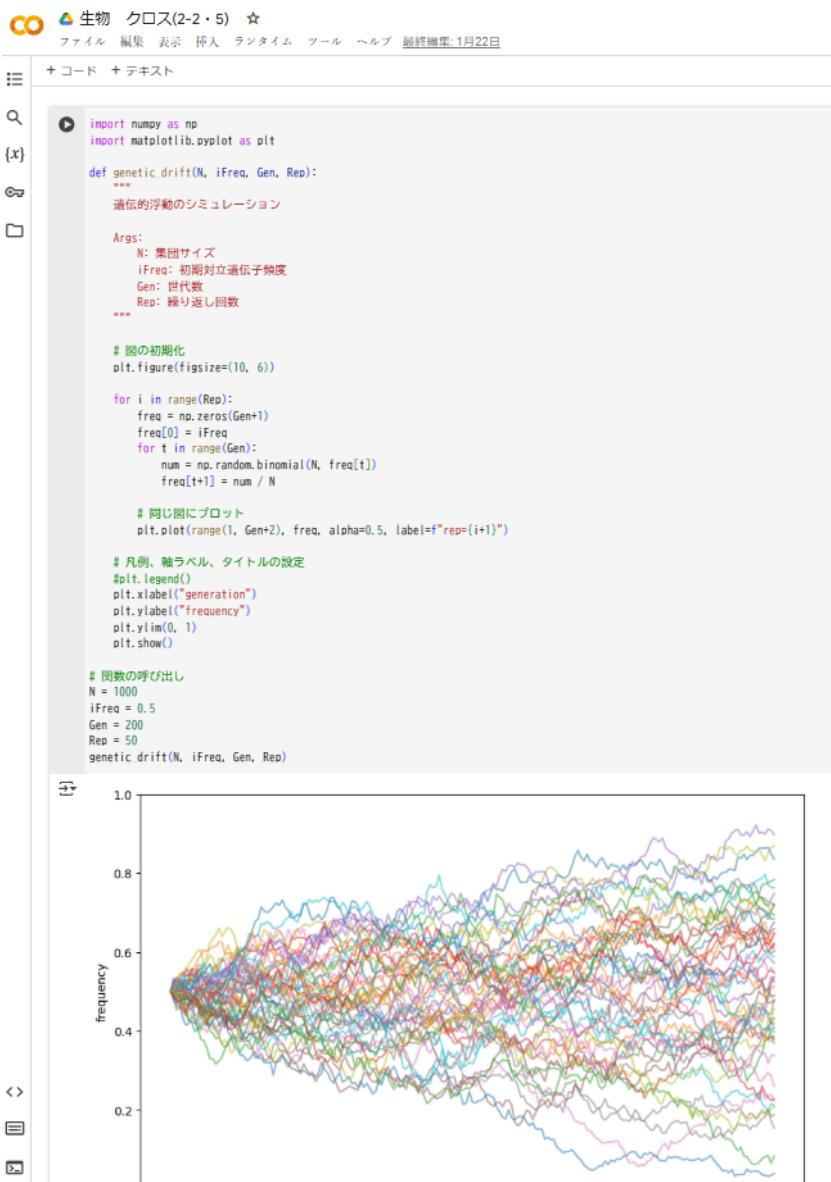
クロス教科：情報×生物

スタイル：TT方式

目 的：情報で学ぶシミュレーションを活用することで、生物の進化において、集団内の遺伝子頻度が遺伝的浮動により変化することを可視化し、進化の原動力に関する概念の理解を促進する。また、ある分野での知識・技術が他分野での研究に実際に活用されていること、学問同士が結びついていることを実感させる。

	教師の発言・指導	学習活動	備考	問題・改善点, 良い点
導入	<ul style="list-style-type: none"> ・遺伝的浮動とは、どのような考え方だったか？ ・遺伝的浮動の影響を受ける遺伝子はどのような遺伝子であったか？ ・生物の集団のサイズと遺伝的浮動の間にはどのような関係があったか？ <p>本時は、以前実施した実験を情報分野のシミュレーションを活用して行うことを伝える。このような活用は、実際の研究現場でも行われていることとつなげる。</p>	<p>遺伝的浮動の考え方について振り返る。</p> <p>生物の集団のサイズが小さい程、遺伝的浮動の影響が強くなることを確認する。</p> 	<p>生徒は概念については既に履修済みであり、また以前に別な方法で実験を行っている。（クリップを遺伝子に見立て、顯性の遺伝子と潜性の遺伝子を別のクリップで表現する。両者を混合した袋の中から選び出すと、選び出されるクリップの割合はランダムになる。）</p>	
展開	<ul style="list-style-type: none"> ・変数（集団サイズ、世代数等）を自由に変更してみよう。 ・数字の変化から、遺伝的浮動と集団サイズとの間にはどのような関係性が見出せるか。 	<p>情報の教員から、本時で使用するシミュレーションのプログラムを示し、プログラムの意味、変数、プログラムの実行の仕方などを説明する。</p> <p>合わせて、生成AIの活用事例や注意点についても説明する。</p> <p>集団サイズや世代数等を変更したとき、どのような変化があったのかをグラフから見出し、ワークシートに記載する。自身のクロム上の結果を班で共有し、比較しながら</p>	<p>シミュレーションには、以下に示すようなプログラムを使用し、変数（集団サイズ、世代数等）を生徒達が変更しながら、集団内の遺伝子頻度がどうなるかをグラフに表せるようにした。プログラムの実行には、GoogleCoraboratoryを使用した。</p>	<p>シミュレーションの操作に慣れるまでに時間がかかる生徒もある。</p> <p>シミュレーション結果の分析から、誤概念が生じている場合があるので、ワークシートで確認しながら、訂正することが必要。</p>

	<p>・世代数の変化と遺伝子頻度の結果からはどのようなことが分かるか？</p>	<p>分析させる。</p> 	<p>世代数を長くとることで、遺伝子頻度が1や0に収束することもある。収束しないのは、まだ収束していないだけで、収束までの途中経過を見ていることもあることにも気付かせる。</p>	<p>グラフの読み取り方については情報の立場からも声掛けをする必要があった。</p> 
まとめ	<p>職員が実施したのシミュレーション結果を提示しながら、生徒の分析を補足する。</p>	<p>自分の班が見出した結果をクラスで共有する。</p>		



```

  ● 生物 クロス(2-2・5) ☆
  ファイル 横集 表示 挿入 ランタイム ツール ヘルプ 最終編集: 1月22日

+ コード + テキスト

import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt

def genetic_drift(N, iFreq, Gen, Rep):
    """
    遺伝的浮動のシミュレーション

    Args:
        N: 集団サイズ
        iFreq: 初期対立遺伝子頻度
        Gen: 世代数
        Rep: 繰り返し回数
    """

    # 図の初期化
    plt.figure(figsize=(10, 6))

    for i in range(Rep):
        freq = np.zeros(Gen+1)
        freq[0] = iFreq
        for t in range(Gen):
            num = np.random.binomial(N, freq[t])
            freq[t+1] = num / N

        # 同じ図にプロット
        plt.plot(range(1, Gen+2), freq, alpha=0.5, label=f"rep={i+1}")

    # 凡例、軸ラベル、タイトルの設定
    plt.legend()
    plt.xlabel("generation")
    plt.ylabel("frequency")
    plt.ylim(0, 1)
    plt.show()

# 関数の呼び出し
N = 1000
iFreq = 0.5
Gen = 200
Rep = 50
genetic_drift(N, iFreq, Gen, Rep)

```

The figure shows a line plot with 'frequency' on the y-axis (ranging from 0.0 to 1.0) and 'generation' on the x-axis (ranging from 1 to 200). Multiple colored lines represent different runs (replicates) of the simulation. Most lines start at an initial frequency of 0.5 and fluctuate as they drift towards either 0 or 1 over 200 generations. Some lines reach fixation (frequency 1) or loss (frequency 0) by the end of the simulation.