

PopGenLab

(© AWL; <http://biologylab.awlonline.com>)

übertragen von Angela Müller und Julia Witte

Willkommen im PopGenLab

Einleitung

In diesem Labor führt man Simulationen zu Experimenten durch, die entworfen wurden, um Faktoren zu untersuchen, die zu Änderungen der Genotyphäufigkeit in einer Population führen und somit genetische Veränderungen hervorrufen, die die Evolution von Birkenspannern beeinflussen. Indem man genetische Parameter und Umweltparameter verändert, die das Genom dieser Birkenspanner beeinflussen, kann man etwas über die wichtigen Gesetze der Populationsgenetik und die Faktoren lernen, die die Populationsgenetik für jegliche Formen beeinträchtigen.

Ziele

Ziel dieses Labors ist

- wichtige Beziehungen zwischen den vielen Faktoren aufzuzeigen, die die Populationsgenetik in einer simulierten Birkenspannerpopulation beeinflussen
- Auswirkungen sich verändernder Bedingungen zu simulieren, wie z.B. genetische Drift, Paarungssysteme, Mutationen, Migration und genetische Engpässe, die zu Mikroevolution in einer Population führen können
- zu untersuchen, wie Änderungen von genetischen Parametern und Umweltparametern, die die Populationsgenetik beeinträchtigen, auch die Evolution einer Population beeinträchtigen können

Vor dem Start

Bevor Sie PopGenLab starten, sollten Sie sich mit den folgenden Konzepten bekannt machen:

- Basisterminologie, Gesetze und genetische Kreuzungen, die aus der Mendelschen Genetik basieren (siehe Campbell, N.A., Reece, J.B. und Mitchell, L.G. Biology, 5. Aufl., Kapitel 14)
- Evolution einer Art durch natürliche Selektion und die Auswirkung von Änderungen der Allel- und Genotypfrequenzen auf die Evolution in einer Population (Kapitel 23)
- Wichtige Bedingungen, die die Mikroevolution einschließlich der genetischen Drift, des genetischen Flusses, der Mutation, der Erscheinungsformen der Selektion in einer Population, der genetischen Engpässe und zufälligen und nicht zufälligen Paarungen (Kapitel 23)
- Anwenden des Hardy-Weinberg-Gesetzes (Grundsatz), um die Genotyphäufigkeit in einer Population zu berechnen (Kapitel 23)

Allgemeine Bedienungsanleitung

Menüleiste (Infobar):

Über die Menüleiste am oberen Bildschirmrand erhalten Sie Zugang zur Einleitung (*Introduction*), Notizbuch (*Notebook*), Aufgabenstellungen (*Assignments*), Glossar (*Glossary*) und Hilfe (*Help*). Diese Menüleiste führt Sie zu Informationen und Hilfsmitteln, die sich außerhalb des eigentlichen Applets befinden.

Einleitung (*Introduction*): Sie bietet einen Überblick und Links zu Hintergrundinformationen zum Labor.

Notizbuch (*Notebook*): Schreiben Sie Ihre eigenen Notizen zu den Laborergebnissen auf - Ihre Hypothesen, Details über die Ergebnisse und Schlussfolgerungen.

Aufgaben (*Assignments*): Das Bearbeiten der Aufgaben ist wichtig für das Verstehen der Inhalte des Labors. Die Aufgaben sind entworfen worden, damit eine große Breite von Biologieklassen davon profitieren können und Sie sie als hilfreich empfinden. Sprechen Sie sich mit Ihrem Lehrer ab, bevor Sie mit dem Bearbeiten der Aufgaben beginnen.

Glossar (*Glossary*): Das Glossar beinhaltet Definitionen ausgewählter Begriffe des Labors.

Hilfe (*Help*): Erklärungen und Tipps zur Benutzung der Funktionen des Labors finden Sie in der Hilfe

Notebook

Wenn Sie Simulationen durchführen, Hypothesen aufstellen und diese testen, sollten Sie sich Notizen zu Ihren Theorien und Feststellungen in das Notebook schreiben.

Hauptfenster (*Main Window*): Der Hauptteil des *Notebooks* ist eine Textbox, in die Sie Texte schreiben können, die Sie beliebig ändern und erweitern können. Der Inhalt des *Notebooks* wird zwischen den Laborbenutzungen nicht gespeichert; deshalb wird empfohlen, dass Sie die Funktion *Export* wählen und das *Notebook* drucken, wenn Sie Ihre Laborberichte dauerhaft sichern wollen.

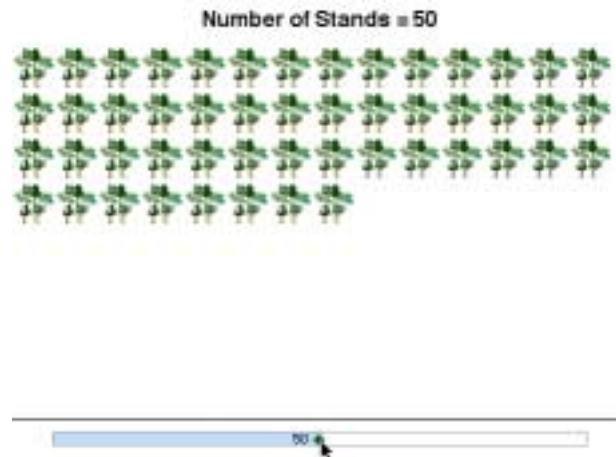
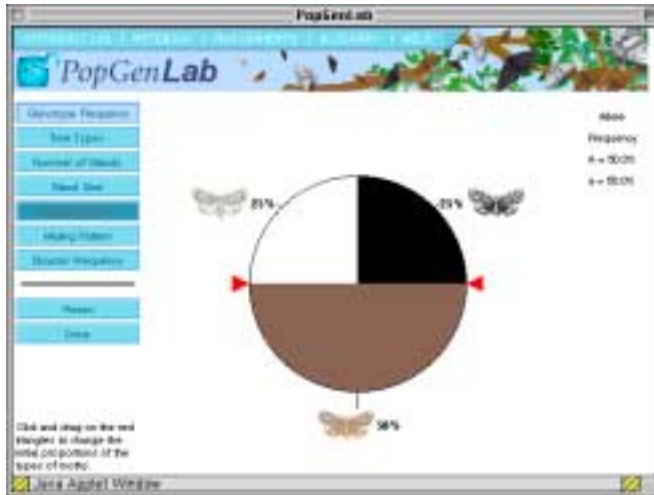
Notizen löschen (*Undo Editing*): Wählen Sie diese Funktion, um alle Informationen auf einer *Notebook*seite zu löschen.

Notizen exportieren (*Export Notes*): Exportieren Sie Ihre Notizen in ein Web Browser Fenster, um sie zu drucken oder zu speichern

Input Screen

Mit den Eingabetasten können Sie variable Informationen verändern, um Vergleiche zwischen vielen verschiedenen hypothetischen Populationssituationen zu ziehen. Wenn Sie auf eine der Eingabetasten der linken Leiste klicken, erscheinen die Regler für diese Variable. Die Regler für Genotypfrequenz und Baumtypen erscheinen als rote Pfeile auf dem Kuchendiagramm in der Mitte des Bildschirms. Für den Schieberegler folgen Sie den Anweisungen, die im Schwarzen links vom Schieberegler erscheinen.





Parameteranpassung: Kuchendiagrammregler und Schieberegler

Die verschiedenen Parameter im PopGenLab werden durch Benutzung dieser Regler verändert, um die Variable für jeden Parameter einzustellen. Idealerweise wollen Sie verschiedene Werte für einen Parameter vergleichen. Die Parametereinstellungen werden im folgenden beschrieben:

Genotypfrequenz (*Genotype Frequency*): Allelfrequenz für Flügelfarbe wird für zwei Allele, A und a, als Kuchendiagramm des Phänotyps dargestellt, der aus jedem der drei möglichen Genotypen resultiert: AA (schwarze Birkenspanner), Aa (braune Birkenspanner) und aa (weiße Birkenspanner). Die verschiedenen Prozentwerte der Allelfrequenzen wirken sich auf die Genotypen der Folgegenerationen aus.

Baumarten (*Tree Types*): Drei verschiedene Baumarten stehen zur Verfügung. Die Bäume bieten den Birkenspannern Habitat und Fressen. Jeder Baum hat eine eigene Borkenfarbe, die der Farbe jeder der drei Birkenspannern ähnlich ist. Das Überleben eines Birkenspanners vor Vögeln als Räuber hängt von ihrer Fähigkeit, sich auf der Borke zu tarnen, die eine ähnliche Farbe wie der Falterflügel besitzt.

Anzahl der Standorte (*Number of Stands*): Die Anzahl von Baumgruppen (=Standorte) bestimmt die Anzahl der Birkenspannerpopulationen. Man kann 1-100 Baumstandorte eingeben.

Standortgröße (*Stand Size*): Die Standortgröße zeigt die Anzahl der Bäume an einem einzelnen Standort an. In diesem Programm kann man eine Standortgröße zwischen 10 und 4000 Bäumen bestimmen. Die Standortgröße beeinflusst direkt die Anzahl der Birkenspanner, die an einem Standort leben können.

Migrationsrate (*Migration Rate*): Die Variable Migrationsrate steuert die Migrationsrate und das Vermischen der Populationen. Die Migrationsrate kann man auf 1% - 99% einstellen. Allerdings ist der *Migration Rate* Button auf Grund der Voreinstellung zu Beginn der Simulation schattiert und inaktiv, weil man mindestens zwei verschiedene Populationen (Baumstandorte) auswählen muss, damit dieser Eingabeparameter aktiv ist.

Paarungssysteme (*Mating Pattern*): Die Art der Paarung kann entweder sortengleich (*Assortative*: Individuen suchen Partner mit ähnlichem Phänotyp), zufällig ("Random") oder sortenungleich (*Disassortative*: Individuen suchen Partner mit unterschiedlichem Phänotyp) sein. Die Voreinstellung ist *Random*. Sie können den Grad der assortativen und der nicht-assortativen Paarung ändern.

Katastrophenfrequenz (*Disaster Frequency*): Man kann die Häufigkeit von Tornados, Hurrikans und den Wettereffekten, die typischerweise diese Naturkatastrophen begleiten, steuern. Alle Populationen von Organismen können durch Umweltkatastrophen, wie Dürre, Überschwemmung, Hurrikans, Tornados und Krankheit beeinflusst werden. Die Voreinstellung ist niemals (*Never*) und kann umgestellt werden auf gelegentliche (*Occasional*) oder häufige (*Frequent*) Katastrophen.

Wenn Sie die Auswahl aller gewünschten Parameter beendet haben, klicken sie auf *Done* (fertig), um anzuzeigen, dass Sie mit dem Ändern der Eingaben fertig sind. Sie können nun das kleine Pull-Down-Menü unten links auf dem Bildschirm benutzen, um zu wählen, wieviele Generationen lang der Versuch laufen soll (100-500). Klicken Sie dann auf *Run Experiment*, um den Versuch zu starten.

Ergebnisse

Die Ergebnisse werden automatisch nach Betätigung des *Run* Buttons und Beendigung des Versuchs geliefert. Die Ergebnisse werden auf verschiedene Arten präsentiert, welche über die dazugehörigen Buttons links im Rahmen zugänglich sind:

Genotypfrequenz (*Genotype Frequency*): Klicken und Ziehen des Schiebereglers, um die Genotypfrequenz als die Frequenz der Genotypen AA (schwarz), Aa (braun) und aa (weiß) für jede Generation zu zeigen. Die Daten erscheinen als Kuchendiagramm und zeigen die Prozentwerte jeder verschiedenfarbigen Motte in der gesamten Population für jede Generation.

Allelfrequenz (*Allele Frequency*): Klicken auf die Auswahlkästchen, um eine graphisch dargestellte Ansicht der Allelhäufigkeit jedes Allels (A oder a) zu zeigen. Die Daten werden als Prozentwerte eines Allels in jeder Generation dargestellt.

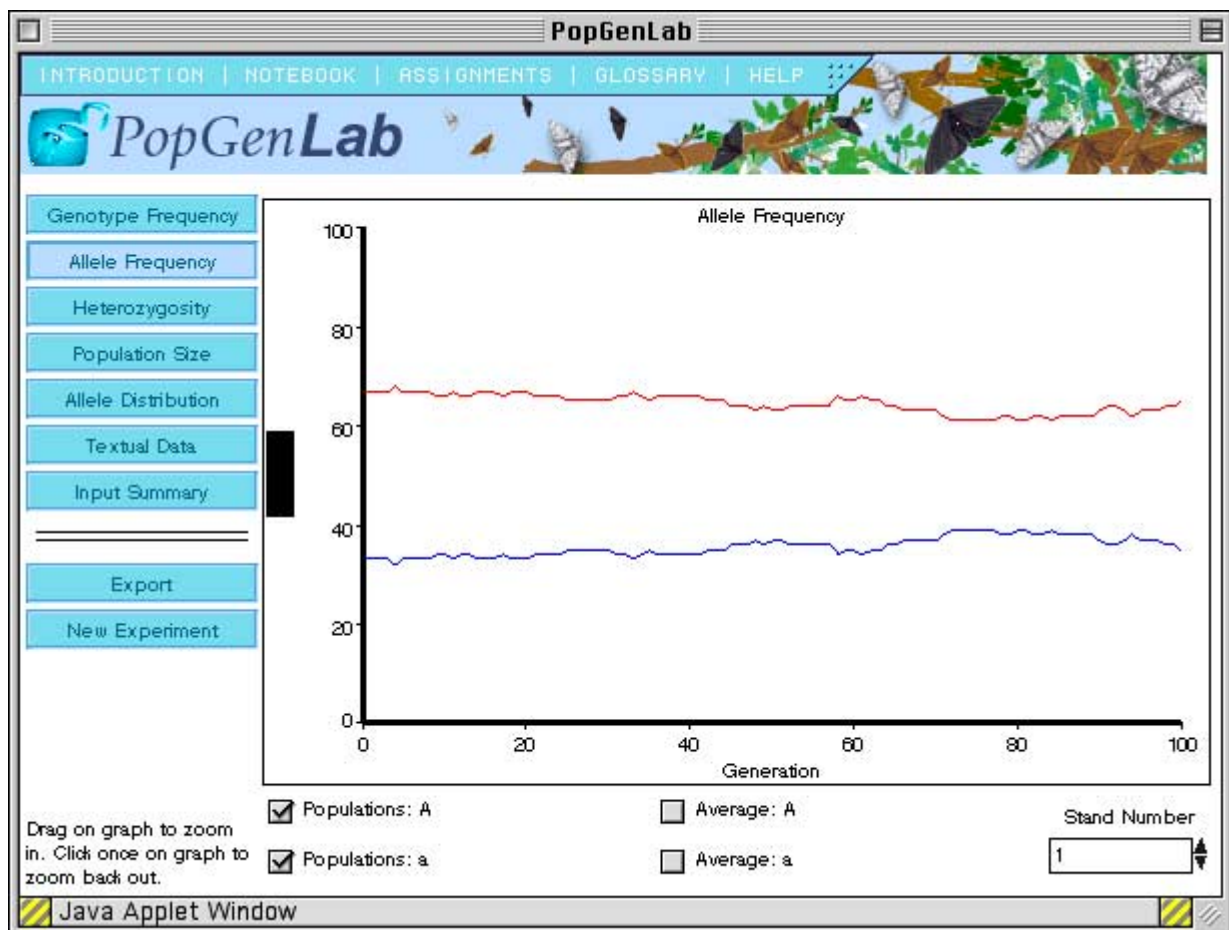
Heterozygotie (*Heterozygosity*): Stellt die Prozentwerte von heterozygoten Birkenspanner in jeder Generation über die Zeit graphisch dar.

Populationsgröße (*Population Size*): Stellt die Anzahl der Birkenspanner in jeder Generation über die Zeit graphisch dar.

Allelverteilung (*Allele Distribution*): Stellt die Häufigkeit der A Allele gegen die Anzahl der Populationen in jeder Generation über die Zeit graphisch dar.

Datentabellen (*Textual Data*): Tabellen der unbearbeiteten Daten für Allelhäufigkeiten.

Eingabenübersicht (*Input Summary*): Eine Zusammenfassung der Eingabeparameter für den Versuch, den Sie durchgeführt haben.



Hintergrundinformation

Evolution ist für einige ein kontroverses Thema. Für die Mehrheit der Biologen ist Evolution ein zentrales, zusammenführendes Phänomen, das zahlreiche Bereiche der Biologie - darunter unter anderem die Genetik, die Molekularbiologie, die Anatomie und die Ökologie - einschließt. Vielleicht haben Sie bereits das EvolutionLab benutzt um Prinzipien der Evolution durch natürliche Selektion in simulierten Finken-Populationen zu erforschen. Auch wenn Sie sich mit der Evolution noch nicht im Detail befasst haben, wissen Sie sicherlich, dass Veränderungen im genetischen Material eines Individuums in einer Population durch Mutation auftreten kann. Beachten Sie aber, dass individuelle Organismen nicht lange genug leben, um die signifikanten genetischen Veränderungen zu erfahren, die Biologen als Anzeichen von individueller Evolution betrachten. Genetische Veränderungen, die über einen langen Zeitraum in Generationen von Populationen auftreten, sind die Grundlage für die Evolution einer Art.

In der Population einer jeden Art gibt es normalerweise Individuen, die phänotypische Abweichungen für ein bestimmtes Merkmal aufweisen. Diese Abweichungen stehen für die genetische Variation innerhalb der Population. Beispielsweise zeigten die von Charles Darwin auf den Galapagos-Inseln erforschten Finken Variationen bezüglich der Schnabelgröße.

Die Grundlage für phänotypische Unterschiede ist der **Genotyp**, d.h. die genetische Zusammensetzung eines Organismus. Sowohl zufällige als auch induzierte **Mutationen** sind die Quelle neuer Gene und Allele, die die für die Evolution einer Art und ihrer Population essentielle vererbte Variation hervorrufen. Die Gesamtheit der genetischen Variation, die auf die **Allele** für alle in einer Population vertretenen Gene zurückzuführen ist, wird als **Genpool** für diese Population bezeichnet. Genetiker, die an Populationsgenetik interessiert sind, erforschen die Allelfrequenz als ein Weg um vorauszusagen, ob sich eine Population weiterentwickelt. Wenn viele Allele für ein spezielles Gen existieren, so ist es manchmal möglich, den relativen Anteil eines jeden Allels in einem Genpool festzulegen. Sind alle Individuen einer Population für das zu erforschende Allel homozygot, so wird dieses Allel als fixiertes Allel bezeichnet.

Worin liegt der Zusammenhang zwischen der Allelfrequenz und der Genfrequenz in einer Population? Im Jahre 1908 stellten die zwei Genetiker G.H Hardy und W. Weinberg unabhängig voneinander eine Gleichung zur Verknüpfung von Allelfrequenz und Genotyp-Frequenz vor. Betrachtet man die zwei Allele A und a für ein bestimmtes Gen an einem definierten Ort, so kann die Genotyp-Frequenz der möglichen Kombinationen dieser Allele--AA, Aa, aa-- aus der Gleichung $p^2 + 2pq + q^2 = 1,0$ abgeleitet werden. Dabei kann p als die Frequenz des Allels A, und q als die Frequenz des Allels a bezeichnet werden. Nehmen wir eine Population mit 100 Individuen, wovon jedes Individuum zwei Allele für dieses Gen hat. Die Summe von p und q machen 100% des Allels für dieses Gen in der Population aus. Wenn also 80% der Allele A sind, so wäre p 0,8. 20% der Allele wären dann a; q betrüge dann also 0,2.

Die Genotyp-Frequenzen wären dann $p^2 = (0,8)^2 = 0,64$ für die Frequenz der homozygoten AA-Individuen, $2pq = 2(0,8)(0,2) = 0,32$ für die Frequenz der heterozygoten Aa-Individuen und $q^2 = (0,2)^2 = 0,4$ für die Frequenz der homozygoten aa-Individuen. Wir würden in dieser aus 100 Individuen bestehenden Population eine Verteilung von 64 AA- , 32 Aa- und 4 aa -Genotypen voraussagen.

Auf welche Weise hilft uns das Verständnis des **Hardy-Weinberg-Gesetzes** die Populationsgenetik zu verstehen? Die Kenntnis der Allelfrequenz in einer Population kann uns darüber Aufschluss geben, ob in einer Population Evolution stattfindet, oder ob sich diese Population in einem Zustand genetischen Gleichgewichts befindet. Wenn sich eine Population nicht weiterentwickelt, so bleiben die Allelfrequenz und die Genotyp-Frequenz von Generation zu Generation konstant. Die Genotyp-Frequenzen entsprechen dann der Voraussage des Hardy-Weinberg-Gesetzes. Die Allel- und die Genotyp-Frequenzen der Elterngeneration entspricht dann denen ihrer Nachkommen. Diese nicht evolvierenden Populationen befinden sich in einem Zustand, das man Hardy-Weinberg-Gleichgewicht nennt. Um die Populationsgenetik völlig zu verstehen, müssen wir dennoch die Faktoren berücksichtigen, die Allel- und Genotyp-Frequenzen beeinflussen. Hardy und Weinberg erwogen, dass es einige Bedingungen geben muss, die konstant gehalten werden müssen, wenn Allel- und Genotyp-Frequenzen über mehrere Generationen hinweg stabil bleiben sollen. Diese Bedingungen sind die Folgenden:

1. Eine große, sich fortpflanzende Population. Der Effekt von zufälligen Veränderungen der Allelfrequenzen (**genetische Drift**) wird in einer Population mit einer großen Individuenzahl erheblich verringert.
2. Zufällige Partnerwahl. Individuen einer Population zeigen keine Präferenzen bezüglich ihrer Paarung mit anderen Individuen eines bestimmten Phänotyps.
3. Die unter Beobachtung stehenden Allele mutieren nicht. Allele werden keiner Mutation unterzogen, um neue Allele zu bilden. Dieses würde sowohl den Genpool als auch die Genotypfrequenzen in einer Population verändern.
4. Es findet keine Migration von Individuen in die oder aus der Population statt. Deshalb wird sich der Genpool nicht auf Grund von Migration verändern.
5. Es gibt keinen Selektionsvorteil für einzelne Individuen. Wenn alle Individuen einer Population eine gleiche Chance zum Überleben und zur Fortpflanzung haben, so sind alle in der Population vertretenen Genotypen gleichwertig und alle Allele sollten gleich vererbt werden.

Diese fünf Bedingungen sind notwendig, um das Hardy-Weinberg-Gleichgewicht aufrecht zu erhalten. Sind alle Bedingungen in einer Population gegeben, so wird keine Veränderung der Allel- oder Genfrequenzen in dieser Population auftreten. Deshalb können wir diese Kriterien dazu nutzen festzustellen, ob Veränderungen im Genpool einer Population vorkommen--ein Prozess, den man **Mikroevolution** nennt. Es ist wichtig zu verstehen, wie Veränderungen der Hardy-Weinberg-Kriterien die Mikroevolution beeinflussen können. Viele dieser Kriterien werden in den das Lab begleitenden Aufgaben beschrieben, in denen Sie Simulationen entwerfen, die Ihnen helfen werden zu lernen, wie diese Kriterien die Populationsgenetik beeinflussen können.

Es ist möglich die Verteilung von Individuen in verschiedenen Generationen, die bestimmte Phänotypen aufweisen, vorauszusagen, wenn man sehr große Populationen erforscht, deren Größe effektiv unendlich ist. Es kann schwierig sein in kleinen Populationen die Populationsgenetik genau zu erforschen. Kleine Populationen könnten auf Grund von Ereignissen wie Naturkatastrophen aus größeren Populationen entstanden sein. So könnte zum Beispiel der Verlust des Lebensraumes unter extremen Wetterbedingungen, wie z.B. Feuer, Populationen von Organismen isolieren, die einst Teil einer großen Population waren. Auch können in einer kleinen Population die Verteilung von Individuen mit einem bestimmten Phänotyp stark von zufälligen Ereignissen im Genpool beeinflusst werden. Diese zufälligen Ereignisse werden **genetische Drift** genannt. Genetische Drift kann es sehr schwierig machen phänotypische Häufigkeiten in einer kleinen Population genau vorauszusagen. So können z.B. zufällige Variationen in den Genotypen bezüglich Überleben und Nachkommenzahl mit der Zeit die Verteilung der Genotypen in der Population verändern. Die Einflüsse von Zufallsereignissen wie diesen sind in einer großen Population erheblich geringer.

Ein besonders gut erforschtes Beispiel für natürliche Selektion in einer Population bezieht sich auf britische Motten namens Birkenspanner (*Biston betularia*). Diese Birkenspanner treten in zwei verschieden gefärbten Gruppen auf: Die eine Gruppe hat helle, fast weiß gefärbte Flügel mit kleinen braunen Flecken, während die andere vorwiegend schwarz und braun gefärbt ist. Individuen der weißen Gruppe sind auf der hellen, bräunlich gefleckten Oberfläche der von Flechten bewachsenen Bäume gut getarnt.

Im frühen 18. Jahrhundert begannen die schwarzen Birkenspanner mit größerer Häufigkeit besonders in hoch industrialisierten in Städten Englands aufzutreten, während die weißen Birkenspanner Populationen in ländlichen Gegenden dominierten. Die gewachsene Häufigkeit der schwarzen Birkenspanner ging mit der in England auftretenden industriellen Revolution einher. Es wurde festgestellt, dass der Anstieg der von der Kohleverbrennung ausgestoßenen Rußmenge zahlreiche Flechtenarten, die auf Bäumen in industrialisierten Gegenden Englands wuchsen, vernichtete. Die Baumrinde wurde viel dunkler verfärbt als flechtenbedeckte Bäume in ländlichen Gegenden. Infolge dieser von Verschmutzung verursachten Umweltveränderungen wurden die weißen Birkenspanner besser sichtbar und eine leichtere Beute für räuberische Vögel. Schwarze Birkenspanner begannen, die Populationen in industriellen Gebieten zu dominieren, denn sie wurden von Vögeln weniger gesehen und gefressen. In einigen Industriegebieten betrug die Genotypfrequenzen für schwarze Birkenspanner fast 100% der Population. Ihr Selektionsvorteil störte die Bedingungen für das Hardy-Weinberg-Gleichgewicht für die Birkenspanner in industrialisierten Gebieten. Das Beispiel von *Biston betularia* ist ein klassischer Fall von natürlicher Selektion in einer Population und ein Beispiel dafür, wie Evolution durch starken Selektionsdruck vorangetrieben wird.

Mit dem Gebrauch des PopGenLabs werden Sie lernen, in welcher Weise Veränderungen von wichtigen Parametern der Populationsgenetik die Evolution in simulierten, den Birkenspannern ähnlichen Mottenpopulationen beeinflusst.

Es stehen Ihnen Birkenspanner zur Verfügung, die in einem Baumbestand leben. Ein einziges Gen mit zwei Allelen kontrolliert die Flügelfärbung dieser Birkenspanner, und jeder Genotyp bildet ein anderes Farbmuster. Das Überleben der Birkenspanner hängt von der Fähigkeit des Insekts ab, sich auf der Baumrinde zu tarnen. In der Simulation stehen verschiedene Baumtypen mit zu der Färbung der Birkenspanner passenden Rindenfarben zur Verfügung. Die Simulationen, die Sie im PopGenLab entwickeln und analysieren, werden Ihnen Klarheit über die Faktoren verschaffen, die das Hardy-Weinberg-Gleichgewicht und die natürliche Selektion beeinflussen. Indem Sie Parameter variieren, wie zum Beispiel Allelfrequenz und Überlebensrate eines jeden Genotyps, Anzahl der Populationen, Populationskapazität, Paarungsmuster oder die Häufigkeit von Populationszusammenbrüchen auf Grund von Naturkatastrophen, werden Sie Simulationen erstellen, die Ihnen zu verstehen helfen, inwiefern jeder Parameter die Evolution innerhalb der Birkenspannerpopulationen beeinflussen kann.

Quellenverzeichnis:

1. Atherly, A.G., Girton, J.R., McDonald, J.F. *The Science of Genetics*, 1. Aufl. , New York: Saunders, 1999.
2. Freeman, S., Herron, J.C. *Evolutionary Analysis*, 2. Aufl. , Upper Saddle River, NJ: Prentice-Hall, 2000.
3. Smith, J.M. *Evolutionary Genetics*, 2.Aufl., New York: Oxford University Press, 1999.
4. Stearns, S.C., Hoekstra, R.F. *Evolution: An Introduction*, 1.Aufl. New York: OUP, 2000.

Aufgaben für Fortgeschrittene

Um Ihnen das Lösen der folgenden Aufgaben zu erleichtern, ist der Hintergrundtext, der für die von Ihnen auszuführenden Simulationen relevant ist, in schwarzer Schrift geschrieben. Anweisungen für jede Aufgabe sind durch Standardschrift gekennzeichnet, und Fragen oder Aktivitäten, für die Sie Antworten finden sollen, sind durch Fettdruck hervorgehoben.

Aufgabe 1: Das PopGenLab kennen lernen:

Testen des Hardy-Weinberg-Gesetzes

Diese Aufgabe soll Ihnen helfen, mit der Arbeitsweise des PopGenLabs vertraut zu werden, indem Sie das Hardy-Weinberg-Gesetz anwenden, um die Parameter des Hardy-Weinberg-Gleichgewichts kennen zu lernen. Die erste Abbildung, die im PopGenLab erscheint, zeigt eine Input-Parameter-Seite mit einer Liste von Parametern mit den auf Laborbedingungen abgestimmten Voreinstellungen. Diese Parameter können Sie verändern, wenn Sie Ihre Simulationen planen.

Bevor Sie irgendeine Simulation im PopGenLab entwickeln können, müssen Sie mit den Input-Parametern vertraut sein, die Sie für die jeweilige Birkenspannerpopulation verändern können. Die Auswirkungen dieser verschiedenen Parameter werden Sie in späteren Aufgaben erforschen. Eine kurze Beschreibung eines jeden Input-Parameters ist unten angegeben. Gehen Sie zu diesem Abschnitt zurück, wenn es bei der Bearbeitung der verschiedenen Aufgaben notwendig ist.

Klicken Sie auf Inputs verändern (*Change Inputs*), um alle Parameter zu sehen, die man in diesem Lab verändern kann. Mit dem Button für jeden einzelnen der Input-Parameter, die sich auf der linken Seite befinden, wird eine neue Seite geöffnet. (Die Genotypfrequenz (*Genotype Frequency*) ist als erster Input-Parameter bereits geöffnet.) Klicken Sie jeden Input-Parameter an und lesen Sie die darunterstehenden Erläuterungen. Verändern Sie jeden Parameter, damit Sie mit seiner Funktionsweise vertraut werden.

Genotypfrequenz (*Genotype Frequency*) - Allelfrequenz für die Flügelfärbung (von einem einzigen Gen kontrolliert) wird für zwei Allele gezeigt, A und a, als ein Anteil der Phänotypen, die aus jedem der drei möglichen Phänotypen hervorgehen: AA (schwarze Birkenspanner), Aa (braune Birkenspanner) und aa (weiße Birkenspanner). Beachten Sie, dass die Voreinstellung für jedes Allel 50% beträgt.

Baumtypen (*Tree Types*) - Es stehen drei verschiedene Baumtypen zur Verfügung. Diese Bäume geben den Birkenspannern Lebensraum und Nahrung. Jeder Baumtyp hat eine andere Rindenfärbung, die der Färbung von einem der drei Birkenspanner entspricht. Der Schutz der Birkenspanner vor Vögeln als natürlichen Räubern hängt von der Möglichkeit ab, sich auf der Baumrinde, die ähnlich wie die Falterflügel gefärbt ist, zu tarnen. Beachten Sie, dass die Voreinstellung für jeden Baumtyp gleich ist.

Zahl der Standorte (*Number of Stands*) - Die Zahl der Baumgruppen (Standorte) legt die Zahl der Birkenspannerpopulationen fest. Die Voreinstellung ist eine Baumgruppe (= eine Birkenspannerpopulation).

Standortgröße (*Stand Size*) - Anzahl der Bäume an einem einzelnen Standort. Die Standortgröße beeinflusst unmittelbar die Anzahl der Birkenspanner, die an einem Standort leben können. Die maximale Anzahl von Birkenspannern, die der Standort über eine längere Zeit verkraften kann, wird Aufnahmekapazität des Standortes genannt. Die Voreinstellung ist auf eine große Population von 4000 Birkenspanner ausgelegt. Das ist die größtmögliche Aufnahmekapazität in dieser Simulation.

Migrationsrate (*Migration Rate*) - Kontrolliert die Rate der Wanderungen und Vermischung von Populationen zwischen verschiedenen Baumgruppen. Beachten Sie: Der Button *Migration Rate* ist unterlegt und in der Voreinstellung inaktiv, da Sie mindestens zwei verschiedene Populationen (Baumgruppen) bei diesem Input-Parameterangeben müssen, damit er aktiviert wird.

Paarungssystem (*Mating Pattern*) - Die Art der Partnerwahl kann entweder sortengleich (*Assortative*: Individuen wählen Partner mit ihnen ähnlichen Phänotypen), zufällig (*Random*), oder sortenungleich (*Disassortative*: Individuen wählen Partner mit unterschiedlichem Phänotyp) sein. Die Voreinstellung ist *Random*. Sie können den Grad der sortengleichen oder sortenungleichen Partnerwahl verändern.

Katastrophen-Häufigkeit (*Disaster Frequency*) - Kontrolliert die Häufigkeit von Tornados, Hurrikans sowie den Folgen, die normalerweise diese Naturkatastrophen begleiten. Jede Population von Organismen kann von Umweltkatastrophen wie Dürre, Überflutung, Hurrikans, Tornados und Seuchen beeinflusst werden. Im PopGenLab sind in der Voreinstellung günstige Umweltbedingungen ohne Katastrophen gegeben (*Never*). Diese Katastrophenhäufigkeit kann verändert werden, um vereinzelte oder häufige Katastrophen zu erzeugen (*Sometimes*; *Often*).

Nachdem Sie diese Einführung zu den Input-Parametern gelesen haben, klicken Sie auf *Reset* auf der linken Bildseite, um alle Input-Parameter auf ihre Voreinstellungen zurückzustellen.

1. Prüfen des Hardy-Weinberg-Gesetzes

Da Sie jetzt mit den Grundparametern des PopGenLabs vertraut sind, stellen Sie nun die folgende Simulation zusammen, die Ihnen helfen soll, das Hardy-Weinberg-Gleichgewicht und die Faktoren, die den Gleichgewichtszustand in einer Population beeinflussen, zu verstehen.

Belassen Sie alle Input-Parameter in ihren Voreinstellungen. Überprüfen Sie den Wert der Genotypfrequenz und notieren Sie sich die Werte der Allelfrequenz, um sie nach der Simulation vergleichen zu können. Sie haben zunächst eine Beispielsimulation mit gleichen Allelfrequenzen, mit Genotypfrequenzen von 50 % braunen, 25% schwarzen und 25% weißen Individuen, mit gleicher Verteilung der Baumarten; einer Baumgruppe mit einer Aufnahmekapazität von 4000 Individuen, Zufallspaarung und einer konstanten Populationsgröße, da die Katastrophenhäufigkeit auf *Never* eingestellt ist.

Hat unter diesen Bedingungen jede Birkenpannerform eine gleiche Überlebenschance oder wirkt hier ein (positiver oder negativer) Selektionsdruck auf ein oder mehrere Genotypen ein? Begründen Sie Ihre Antwort!

Gehen Sie zurück zur Eingangsseite der Simulation. Lassen Sie die Generationenanzahl im Popup-Menü in der linken unteren Bildecke auf den Wert 100 eingestellt. Betätigen Sie den *Run Experiment*-Button um die Simulation zu starten.

Sobald die Simulation zu Ende gelaufen ist, erscheint eine Seite, die die Ergebnisse auflistet. Beachten Sie: Jede der folgenden Datenübersichten kann auf eine Diskette gespeichert oder durch Betätigen des *Export*-Buttons ausgedruckt werden. Dabei öffnet sich ein separates Fenster mit Ihrem Diagramm oder Ihrer Tabelle. Von diesem Fenster aus können Sie nun Ihre Daten auf der Festplatte oder einer Diskette abspeichern. Sie können Ihre Daten auch ausdrucken, indem Sie die Druckfunktion Ihres Browsers aktivieren. Folgende Daten können untersucht werden:

Genotypfrequenz (*Genotype Frequency*): - Klicken Sie den Pfeil des Schiebereglers an und bewegen Sie ihn, um die Genotypfrequenz von AA (schwarz), Aa (braun) und aa (weiß) für jede Generation anzuzeigen. Die Angaben sind als Kuchendiagramm dargestellt, das den prozentualen Anteil der verschieden gefärbten Birkenpanner in der Gesamtpopulation einer jeden Generation aufzeigt.

Allelfrequenz (*Allele Frequency*): Klicken Sie auf die Auswahlfelder, um eine graphische Darstellung der Allelfrequenz für jedes Allel (A oder a) anzuzeigen. Es ist der Prozentsatz eines Allels in jeder Generation dargestellt.

Heterozygotie (*Heterozygosity*): Stellt den Prozentsatz von heterozygoten Birkenpanner in jeder Generation über einen bestimmten Zeitraum dar.

Populationsgröße (*Population Size*): Stellt die Anzahl der Birkenpanner in jeder Generation über einen bestimmten Zeitraum dar.

Allelverteilung (*Allele Distribution*): Stellt die Häufigkeit des Allels A in Bezug auf die Populationsanzahl jeder Generation über einen bestimmten Zeitraum dar.

Textdaten (*Textual Data*): Tabellen von noch unbearbeiteten Daten zur Allelfrequenz.

Eingabenübersicht (*Input Summary*): Eine Übersichtstabelle der Input-Parameter für die von Ihnen durchgeführte Simulation.

Betrachten Sie die Allel- und Genotypfrequenz! Verändert sich die Allelfrequenz mit der Zeit? Verändert sich die Genotypfrequenz mit der Zeit? Was konnten Sie beobachten? Erklären Sie Ihre Antworten!

Wiederholen Sie diese Simulation mindestens drei- oder viermal um festzustellen, ob die Ergebnisse dieser Simulation konsistent sind.

Wiederholen Sie diese Simulation mit einer anderen Anfangsverteilung der Genotypfrequenzen. Wenden Sie aber vorher die Hardy-Weinberg-Gleichung an um vorauszusagen, was mit dieser Population geschehen wird.

Was haben Sie herausgefunden? Stimmen die Ergebnisse mit den Voraussagen überein? Warum oder warum nicht?

2. Erweiterung des Hardy-Weinberg-Gesetzes (für Fortgeschrittene)

Wiederholen Sie die oben beschriebene Simulation und verwenden Sie die χ^2 -Analyse mit dem Freiheitsgrad 1 zur Überprüfung Ihrer Voraussage:

Wie viele Generationen braucht eine Population um das Hardy-Weinberg Gleichgewicht zu erreichen?

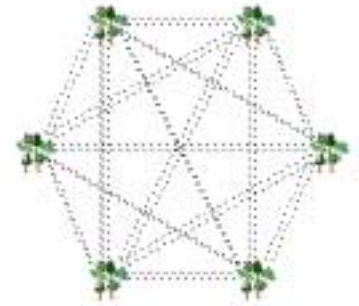
Können andere Ausgangsfrequenzen des Genotyps zu dem selben Hardy-Weinberg Gleichgewicht führen?

Aufgabe 2: Genetische Drift

Carrying Capacity of Each Stand = 2000

Migration Rate = 1%

Zufällige Veränderungen in den Genotypen einer Population werden "genetische Drift" genannt. Die genetische Drift kann die genetische Zusammensetzung von Populationen ändern. Weil die Aufnahmekapazität eines Standortes ein wichtiger Faktor ist, der die maximale Größe einer Population bestimmt, kann sie beeinflussen, wie stark die Drift auf eine Population wirkt. Große Populationen zeigen nur selten Driftphänomene; in kleinen Populationen kann die genetische Drift jedoch starken Einfluss auf Allele und Genotypfrequenzen in dieser Population haben. Die folgende Übung soll wichtige Aspekte der genetischen Drift als potentielle Ursache der Mikroevolution verdeutlichen.



Der Einfluss der Aufnahmekapazität

Stellen Sie eine Hypothese auf, um die Auswirkung der einer Erhöhung der Aufnahmekapazität des Baumstandortes auf Allel- und Genotypfrequenzen vorherzusagen.

Erstellen Sie eine Simulation mit den Voreinstellungen für alle Hardy-Weinberg Bedingungen. Lassen Sie diese Simulation laufen und beobachten Sie, was mit den Allel- und Genotypfrequenzen passiert (besonders, wenn Sie Aufgabe 1 nicht bearbeitet haben)!

Lassen Sie eine Reihe von Simulationen laufen, bei denen alle Parameter außer die Größe des Baumstandortes (*Tree Stand Size*) voreingestellt sind. Reduzieren Sie für jede Simulation die Größe des Baumstandortes um die Hälfte. Notieren Sie nach jeder Simulation, was Sie bei Allel- und Genotypfrequenz beobachten. Wiederholen Sie *jede* Simulation einige Male. Nachdem Sie die Simulationsserie beendet haben, beantworten Sie folgende Fragen:

Was passiert mit der Allel- und Genotypfrequenz in dieser Simulation? In welchem Verhältnis stehen diese Ergebnisse zu denen, die Sie bei Allel- und Genotypfrequenzen unter Voreinstellungen beobachtet haben? Interpretieren Sie diese Ergebnisse!

Was passierte mit dem Prozentsatz der Heterozygoten? Erklären Sie diese Ergebnisse!

In der folgenden Simulation werden Sie einige Populationen in verschiedenen isolierten Baumstandorten untersuchen.

Erstellen Sie eine Simulation mit der Anzahl von Baumstandorten, die auf den maximalen Wert 100 gesetzt ist und führen Sie eine Reihe von Simulationen mit verschiedenen Aufnahmekapazitäten der Baumstandorte durch. Untersuchen Sie die Genotyp- und Allelfrequenzen, die aus jeder Simulation resultieren. Dabei können Sie das Textfeld unten rechts zu Hilfe nehmen, um die Ansicht zu verändern. So können Sie die Ergebnisse für die Population in jedem Baumstandort und die Durchschnittsergebnisse sehen. Gehen Sie bei jeder Simulation in die Ansicht der Allelverteilung (*Allel Distribution*) und benutzen Sie den Schieberegler, um die Allelfrequenzen in den Populationen zu untersuchen. Untersuchen Sie zusätzlich, was mit der Populationsgröße passiert. Beantworten Sie für jede Simulation folgende Fragen:

Was passiert mit den durchschnittlichen Genotypfrequenzen? Was passiert mit den Genotypfrequenzen in jeder Population? Was passiert mit den Allelfrequenzen in jeder Population? Was passiert mit den durchschnittlichen Allelfrequenzen? Erklären Sie diese Ergebnisse!

Was passiert mit der durchschnittlichen Heterozygotie? Was passiert mit der Heterozygotie in jeder Population? Erklären Sie diese Ergebnisse!

Wie beeinträchtigt die Populationsgröße (Aufnahmekapazität) die Änderungen in Genotyp- und Allelfrequenzen, die Sie während der Simulationen beobachtet haben?

Was sagen diese Simulationen über die Auswirkungen der Populationsgröße auf die genetische Variation aus?

Sind Populationen, die Sie beobachtet haben, ausgestorben? Wenn ja, welche? Warum sind diese Populationen ausgestorben, während andere nicht ausgestorben sind? Was können Sie über die Beziehungen zwischen Aufnahmekapazität und Risiko des Aussterbens sagen?

Aufgabe 3: Der Einfluss von Paarungssystemen auf die Populationsgenetik

Eine der Bedingungen, um das Hardy-Weinberg-Gleichgewicht in einer Population aufrechtzuerhalten ist die **zufallsgemäße Paarung**. Wenn Individuen Partner mit einem bestimmten vererbbares Merkmal aussuchen, z. B. Farbe oder Größe, dann ist das eine Form von nicht zufälliger Paarung, bekannt als **assortative** Paarung. Ähnlich ist Inzucht eine weitere Form von nicht zufälliger Paarung, in der nah verwandte Individuen sich innerhalb einer Population paaren. In dieser Simulation untersuchen Sie, wie verschiedene Paarungssysteme zwischen Birkenspannern das Hardy-Weinberg Gleichgewicht beeinflussen.

1. Assortative Paarung (sortengleich)

Lassen Sie eine Simulation laufen mit den Voreinstellungen für das Hardy-Weinberg Gleichgewicht für alle Parameter außer der Anzahl der Baumstandorte (*tree stands*). Stellen Sie die Anzahl der Baumstandorte auf 100. Führen Sie die erste Simulation mit Zufallspaarung durch (*random mating*). Starten Sie dann einige Simulationen mit assortativer Paarung. Verwenden Sie den Schieberegler, um verschiedene Grade der assortativen Paarung mit Werten von 0% (zufällige Paarung) bis 100% (nur gleiche Phänotypen paaren sich) zu wählen.

Welche Auswirkung hat assortative Paarung auf die Genotypfrequenz? Allelfrequenz? Heterozygotie? Erklären Sie Ihre Antworten!

Vergleichen Sie die Auswirkung von assortativer Paarung mit denen der genetischen Drift (Sie müssen dafür zusätzliche Simulationen durchführen). Lassen Sie Simulationen laufen, die ähnlich zu denen der genetischen Drift sind, aber stellen Sie die Paarung auf verschiedene Grade der assortativen Paarung ein.

Wie sind die Folgen von assortativer Paarung verglichen mit denen, die bei der genetischen Drift festgestellt wurden? Bleiben die Folgen assortativer Paarung und die Folgen der genetischen Drift bei verschiedenen Populationsgrößen gleich? Wieso oder wieso nicht? Erläutern Sie jegliche Unterschiede, die Sie zwischen der Populationsgröße und den Folgen der assortativen Paarung sowie zwischen der Populationsgröße und den Folgen der genetischen Drift entdeckt haben!

2. Nicht assortative Paarung (sortenungleich)

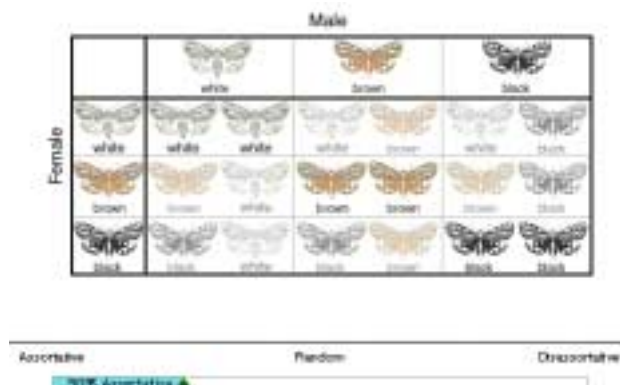
Führen Sie eine Reihe von Simulationen durch, in denen es nicht-assortative Paarung gibt. Wählen Sie verschiedene Grade von nicht-assortativer Paarung mit Werten zwischen 0% (zufällige Paarung) und 100% (nur ungleiche Phänotypen paaren sich).

Was ist die Folge von nicht assortativer Paarung?

3. Genotypfrequenzen und Paarungssystem

Führen Sie mehrere Simulationen für assortative und nicht assortative Paarung durch, bei denen Sie die Anfangsgenotypfrequenz verändern. Versuchen Sie Simulationen, bei denen die Anfangsallelfrequenz ungleich 0,5 ist.

Können Sie mit Hilfe dieser Ergebnisse Aussagen über die Folgen von assortativer und nicht assortativer Paarung für die Allelfrequenz machen?



Aufgabe 4: Arten der natürlichen Selektion

Natürliche Selektion kann die Allel- und Genotypfrequenzen auf verschiedene Weisen beeinflussen. Dies hängt von der Art der natürlichen Selektion ab, die in der Population auftritt. Verschiedene Arten der natürlichen Selektion können zu Gunsten oder zu Lasten eines bestimmten Merkmals wirken und so das Gleichgewicht der Phänotypen in der Population beeinflussen. So kann zum Beispiel eine Selektionsart, die **gerichtete Selektion** genannt wird, zu Gunsten von extremen Phänotypen (d.h. Phänotypen, die über oder unter dem Mittelwert der Population liegen) wirken. In diesem Beispiel sind alle schwarzen oder weißen Birkenspanner extreme Phänotypen, während die braunen Birkenspanner einen Mittelwert darstellen.

In der **stabilisierenden Selektion** wird gegen die extremen Phänotypen selektioniert. Mittlere Phänotypen haben dagegen höhere Reproduktions- und Überlebensraten. Im Unterschied dazu fördert die **disruptive Selektion** Individuen mit einer Reihe von extremen Phänotypen zu Lasten von Individuen mit einem mittelwertigen Phänotyp.

Im folgenden Versuch werden Sie untersuchen, wie die **Fitness**, d.h. die Wahrscheinlichkeit, dass ein bestimmter Phänotyp überleben und sich fortpflanzen wird (was wiederum ein Maß für die Überlebensrate und die Reproduktion der verschiedenen Genotypen ist), Veränderungen in der Allelfrequenz in der Population beeinflusst.

Starten Sie eine Simulation mit allen Parametern unter den Voreinstellungen für das Hardy-Weinberg Gleichgewicht, außer den Parametern *Anzahl der Baumgruppen (Number of Tree Stands)* und *Genotypfrequenz (Genotype Frequency)*. Setzen Sie die Anzahl der Baumgruppen auf 100. (Beachten Sie, dass das Überleben der drei Birkenspannerformen von der Verteilung der Baumtypen innerhalb der Baumgruppe abhängt.) Verändern Sie die Genotypfrequenz, um verschiedene Simulationen unter den Bedingungen von gerichteter Selektion für dunkle Flügelfarbe und für helle Flügelfarbe, balancierenderer Selektion und disruptiver Selektion durchzuführen. Achten Sie in jedem Versuch auf die Genotyp- und Allelfrequenzen.

Führen Sie auch Versuche mit den verschiedenen Bedingungen der Selektion und anfänglichen Allelfrequenzen nahe null und eins durch.

Was geschieht mit der Allelfrequenz bei gerichteter Selektion? Führt die gerichtete Selektion für dunkle Flügelfarbe zum gleichen Ergebnis wie für helle Flügelfarbe?

Was geschieht mit der Allelfrequenz bei balancierender Selektion?

Was geschieht mit der Allelfrequenz bei disruptiver Selektion?

Verändern kleinere Unterschiede in der Fitness die Allelfrequenzen?

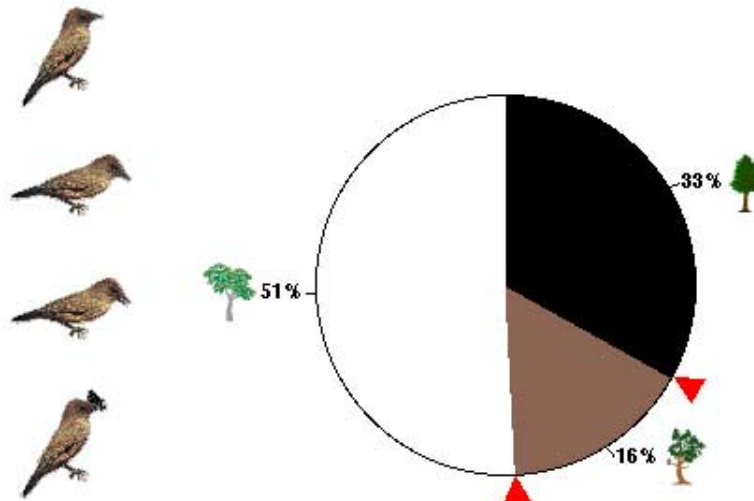
(Führen Sie zusätzliche Simulationen mit variierender Verteilung der Baumtypen durch, um diese Frage zu beantworten.)!

Bei welcher Selektionsart könnte die genetische Variation erhalten bleiben?

Erklären Sie Ihre Antwort!

Bei welcher Selektionsart könnte es einen "Gründereffekt" geben, bei dem die letzte Allelfrequenz von der anfänglichen Allelfrequenz abhängt? Erklären Sie Ihre Antwort!

Probability of Survival: Black Moths = 33% Brown Moths = 16% White Moths = 51%



Aufgabe 5: Migration

Zufällige genotypische und phänotypische Veränderungen in isolierten Populationen können durch Migration überwunden werden. Sowohl die Zuwanderung von Organismen in eine Population als auch die Migration von Organismen aus einer Population heraus können Einfluss auf die Genotypfrequenzen haben. Migration kann dazu führen, dass neue Allele in die Population eingebracht werden. Umgekehrt kann die Frequenz bestimmter Allele in der Population zurückgehen, wenn Organismen aus einer Population auswandern.

Führen Sie eine Simulation durch, in der bei 100 isolierten Populationen mit einer Baumgruppenszahl von 100 eine starke genetische Drift auftritt. Klicken Sie auf *Migration* und benutzen Sie den Schieber zur Veränderung der Migrationsrate, um Migration zwischen diesen Populationen auszulösen. Entwerfen Sie Simulationen, in denen unterschiedlich starke Migration zwischen den Populationen auftritt. Untersuchen Sie sorgfältig für jede der Simulationen, was mit den Populationen geschehen ist, indem Sie jede Ergebniskategorie (Genotypfrequenz, Allelfrequenz, etc.) analysieren.

Modifiziert Migration die Effekte der genetischen Drift? Wenn ja, wie? Erläutern Sie!

Aufgabe 6: Populationsengpässe

Manchmal erleiden Populationen Zusammenbrüche, wenn die Populationsgröße zu klein wird. So kann zum Beispiel eine rasche Reduktion der Populationsgröße auf Grund von Naturkatastrophen wie Überschwemmung, Feuer, Tornados, Dürre oder andere extreme Wetterbedingungen auftreten. Diese Naturkatastrophen sind nicht selektiv. Sie töten wahllos Individuen innerhalb der Population und wirken nicht selektiv für einen bestimmten Phänotyp. Selbst wenn sich die Population erholt, kann der Effekt einer Naturkatastrophe für viele Generationen Einfluss auf den Genpool haben, da das Sortiment an Genotypen (sowohl Frequenz als auch Anzahl) in der Population, die die Katastrophe überlebt hat, möglicherweise nicht mehr dasselbe ist, wie in der ursprünglichen Population. Biologen nennen dieses den **Flaschenhals-Effekt**.

Führen Sie eine Simulation durch, bei dem sehr wenig genetische Drift herrscht. Wiederholen Sie die Simulation mit mittlerer und hoher Katastrophenhäufigkeit, die Populationszahlen auf kleine Werte reduziert.

Welchen Einfluss haben diese Populationsengpässe?

Inwiefern beeinflussen diese Katastrophen die Wahrscheinlichkeit, dass die Population ausstirbt?

Können diese Effekte gemindert werden, indem man Migration zwischen den Populationen zulässt? Führen Sie Simulationen zur Untersuchung dieses Gedankens durch. Was würden diese auf Ihren Resultaten basierenden Daten Ihnen als Umweltschützer über das Konzept für ein Naturschutzgebiet sagen?

Aufgabe 7: Gruppenaufgabe

Die Simulationen, die Sie bis jetzt durchgeführt haben, waren so aufgebaut, dass sie Ihnen helfen sollten, die vielen Parameter, die die Populationsgenetik beeinflussen, kennenzulernen. Dabei befasste sich jede von Ihnen durchgeführten Simulation mit den Effekten eines einzelnen Parameters. Es ist jedoch wichtig zu erkennen, dass in der Natur die Populationsgenetik für jede Population normalerweise von gleichzeitigen Veränderungen vieler Parameter betroffen ist. Die folgenden Simulationen sollen Ihnen helfen, die Effekte von verschiedenen Kombinationen von Faktoren zu untersuchen. Arbeiten Sie in einer Vierergruppe, um diese Aufgaben zu lösen!

Teilen Sie Ihre Gruppe in Paare auf. Jedes Paar führt einige Simulationen mit verschiedenen Parameterkombinationen durch, zum Beispiel verschiedene Migrationsraten mit verschiedenen Selektionsarten, verschiedene Selektionsarten mit verschiedenen Paarungsmustern usw. Beziehen Sie Parameterveränderungen ein, die Situationen schaffen, die sich konträr verhalten (z.B. ausgeglichene Selektion und sortengleicher Paarung). Formulieren Sie vor dem Start jeder Simulation eine Hypothese, in der Sie die Effekte Ihrer Simulationsbedingungen voraussagen. Diskutieren Sie Ihre Hypothese mit dem anderen Paar Ihrer Gruppe und formulieren Sie, wenn nötig, Ihre Hypothese um. Führen Sie die Simulation durch und analysieren Sie dann Ihre Ergebnisse. Wiederholen Sie jede Simulation mindestens zweimal um Ihre Ergebnisse zu bestätigen.

Haben die Ergebnisse der Simulationen Ihre Hypothese bestätigt? Wenn nicht, dann formulieren Sie eine neue Hypothese, und führen Sie zusätzliche Simulationen durch! Erklären Sie, inwiefern die von Ihnen gesetzten experimentellen Bedingungen für Ihre Ergebnisse verantwortlich sind! Wenn Sie der Meinung sind, eine Erklärung für Ihre Ergebnisse gefunden zu haben, dann führen Sie zusätzliche Simulationen durch, um Ihre These zu unterstützen oder zu widerlegen. Diskutieren Sie die Resultate Ihrer Simulationen mit Ihrem Lehrer, um Fragen zu klären, die in Bezug auf die Deutung der Resultate Ihrer Simulationen auftreten könnten, und um die Effekte der von Ihnen entwickelten experimentellen Bedingungen zu verstehen.