

普通高中教科书

生物学

实验与活动部分

必修 2 遗传与进化

学校

班级

姓名

学号

上海科学技术出版社

普通高中教科书

生 物 学

实验与活动部分

必修 2 遗传与进化

上海科学技术出版社

主 编：赵云龙 周忠良

本册主编：刘志学

编写人员：（以姓氏笔画为序）

闫白洋 阮文婕 杨 桦 陆海英 陈 曜 崔 欣

责任编辑：何孝祥

数字编辑：顾一唯

封面设计：蒋雪静

普通高中教科书 生物学实验与活动部分 必修2 遗传与进化

上海市中小学（幼儿园）课程改革委员会组织编写

出 版 上海世纪出版（集团）有限公司 上海科学技术出版社

（上海市闵行区号景路159弄A座9F-10F 邮政编码201101）

发 行 上海新华书店

印 刷 上海中华印刷有限公司

版 次 2022年2月第1版

印 次 2025年1月第4次

开 本 890毫米×1240毫米 1/16

印 张 3

字 数 59千字

书 号 ISBN 978-7-5478-5531-7/G·1077

定 价 3.35元

价格依据文号 沪价费〔2017〕15号

版权所有·未经许可不得采用任何方式擅自复制或使用本产品任何部分·违者必究

如发现印装质量问题或对内容有意见建议，请与本社联系。电话：021-64848025

全国物价举报电话：12315

目 录

第1章 遗传的分子基础	1
探究·活动1-1 探讨DNA分子双螺旋结构的发现过程并制作模型	1
第2章 有性生殖中的遗传信息传递	7
探究·建模2-1 模拟减数分裂过程中染色体的变化	7
探究·建模2-2 模拟植物花色性状分离	12
第3章 可遗传的变异	20
探究·活动3-1 人类常见遗传病的调查分析和预防宣传	20
第4章 生物的进化	26
探究·活动4-1 探讨细菌耐药性与抗生素使用的关系	26
探究·建模4-2 模拟自然选择对种群基因频率的影响	31
附录	38
1. 用抓小球的方式模拟基因分离	38
2. 人类常见遗传病调查报告示例	39
3. 用抓小球的方式模拟自然选择对种群基因频率的影响	41

第1章 遗传的分子基础

探究·活动 1-1 探讨 DNA 分子双螺旋结构的发现过程并制作模型

DNA 分子双螺旋结构的发现过程十分曲折,包含着多个领域科学家的艰辛努力,其中也有许多有趣的故事。让我们通过查阅资料,回顾这一段科学史,看看当年科学家们是怎样思考问题和探索解决的。然后,自己也来设计并动手制作 DNA 分子双螺旋结构模型。

活动目标

1. 搜集、阅读和分析“探究 DNA 分子结构”的关键资料,认识到科学思维、科学技术与方法、多学科交流与合作在科学探究中的重要性。
2. 制作 DNA 的实物模型,直观地了解 DNA 分子结构,加深对“遗传信息储存在 DNA 分子中”这一概念的理解。

活动材料

相关资料文献,绘图工具,脱氧核糖、磷酸基团和 4 种碱基的模型组件等。

活动过程

1. 探讨 DNA 分子双螺旋结构模型的建立过程

根据以下线索,以小组为单位,分工合作,搜集并阅读 DNA 分子结构模型建立过程的相关文献,归纳此过程中各位科学家的贡献。

- (1) 20 世纪初,德国科学家科塞尔(A. Kossel)等测定了核酸的化学组成以及碱基

种类。

(2) 1950 年,美国科学家夏格夫(E. Chargaff)发现了 DNA 中碱基组成的规律。

(3) 1952 年,英国科学家富兰克林(R. E. Franklin)清晰地拍摄到 DNA 的 X 射线衍射照片(图 1-1)。

(4) 1953 年,沃森和克里克等科学家经反复尝试,并吸取各领域研究成果,阐明了 DNA 分子的双螺旋结构,成功搭建了 DNA 分子的结构模型。

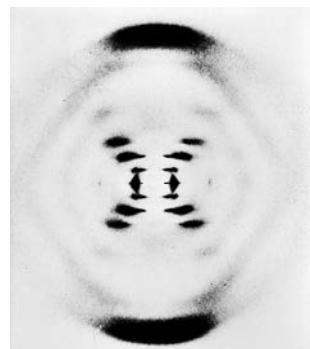


图 1-1 DNA 的 X 射线衍射照片

2. 制作 DNA 分子模型

(1) 建模要求

自选建模方法和所需组件,制作出含有 40 个碱基(脱氧核糖核苷酸)的 DNA 双链模型,且其中 G 占 30%。

(2) 方案设计

根据建模要求,计算本组搭建 DNA 模型所需各种材料的数量,并绘制出 DNA 模型的序列示意图,记录在活动报告表 1-1 中。

(3) 制作模型

小组同学分工合作,按设计的方案搭建 DNA 双螺旋结构模型,拍照并记录在活动报告中。

小贴士

根据对基团、化学键的不同表述要求,如展示脱氧核糖与碱基、磷酸之间的连接方式,展示脱氧核苷酸之间的连接方式,展示 DNA 单链之间连接方式等,可选择不同的组件搭建出不同精细程度的实物模型。还可利用计算机建模和 3D 打印技术制作模型。

活动报告

题目: _____

1. 引言(简述活动目的及内容概要)

2. 活动过程

(1) 搜集并阅读文献 5 篇及以上,按序号列出文献的作者(前三位,超出加“等”)、文章名、杂志或书名、发表或出版年份、页码。

(2) 根据建模要求,计算本组选用各种模型组件的种类和数量,填入表 1-1,并绘制出本小组设计的 DNA 双链序列示意图。

表 1-1 本组所用建模材料及 DNA 结构设计

组件	A	T	G	C	磷酸基团	脱氧核糖	其他:
数量							

本组设计的 DNA 双链序列示意图:

(用 A、T、G、C 表示四种碱基,圆圈表示磷酸基团,五边形表示脱氧核糖,实线表示脱氧核糖与碱基之间的化学键、磷酸二酯键,虚线表示氢键,5' 和 3' 表示 DNA 单链的方向)

3. 结果展示

(1) DNA 分子模型发现史资料汇总(表 1-2):

表 1-2 本小组所搜集的资料汇总表

年份	科学家	主要工作及其对揭示 DNA 结构方面的贡献

(续 表)

年份	科学家	主要工作及其对揭示 DNA 结构方面的贡献

(2) 本小组所搭建的 DNA 分子双螺旋结构模型：

本小组所搭建的 DNA 分子双螺旋结构模型照片

该模型的主要参数(表 1-3)：

表 1-3 本小组所搭建 DNA 分子双螺旋结构模型的主要参数

相关参数	A-T 碱基对	G-C 碱基对	氢键	磷酸二酯键
数量(个)				

该模型与设计图 _____ (选填“完全相符”“基本相符”或“不相符”)。如基本相符或不相符,请说明差异之处及原因: _____

_____。

4. 分析与讨论

(1) 举例说明科学家在阐明 DNA 分子双螺旋结构的过程中,运用的演绎与推理的科学思维方法、涉及的学科和技术方法以及体现的合作精神和科学态度。

(2) 与其他小组制作的模型进行比较,每个小组所用 4 种碱基的数目一样吗? 所制作的 DNA 模型一样吗? 为什么?

(3) 本活动中限定了碱基的总数和比例,如不限定,结果会有怎样的改变? 据此说明为什么 DNA 能携带海量遗传信息。

(4) 制作 DNA 分子结构模型时,利用所给材料制作的 DNA 模型与实际 DNA 分子结构相比,在空间结构上存在哪些差异?

学业评价

1. 下列关于 DNA 双螺旋结构的说法,错误的是()。
 - A. DNA 双链骨架由磷酸基团、脱氧核糖交替排列形成
 - B. DNA 双链分子中的两条链呈反向平行
 - C. DNA 单链中相邻的碱基之间通过氢键连接
 - D. DNA 双链分子中的两条链之间,A 与 T 可形成 2 个氢键
2. DNA 分子具有多样性的原因主要是()。
 - A. DNA 分子中碱基种类不同
 - B. DNA 分子的空间结构不同
 - C. DNA 分子中碱基的配对方式不同
 - D. DNA 分子中碱基排列顺序不同
3. 在制作 DNA 双螺旋结构模型时,某小组选取材料的种类和数量如表 1-4 所示。下列关于该小组搭建的 DNA 模型说法正确的是()。

表 1-4 某小组选取的材料种类及其数量

材料种类	脱氧核糖	磷酸基团	代表化学键的小棒	碱基			
				A	T	C	G
数量(个)	60	30	足量	15	10	5	15

- A. 制作出的 DNA 双链模型最多能含有 45 个脱氧核苷酸
- B. 制作出的 DNA 双链模型最多能含有 15 个碱基对
- C. 制作出的 DNA 双链模型最多能含有 10 个氢键
- D. 制作出的 DNA 双链模型最多能有 4^{45} 种碱基排列方式

自我评价

评价内容		达成情况 (A. 非常满意 B. 满意 C. 还需努力)
活动过程	通过适当的途径搜集并查阅资料	
	汇总并分析资料中与 DNA 结构相关的信息	
	能按要求设计模型制作方案	
	能按设计方案制作出模型	
	小组成员分工合作,效率高	
活动结果	能找出 DNA 结构发现过程中的主要事件	
	制作的 DNA 结构模型符合预期	
	制作的 DNA 模型中各组件连接方式正确	
	积极参与交流讨论,对 DNA 结构与功能有进一步认识	
活动心得	(你认为本次活动的关键点、难点是什么? 通过此次活动,你有哪些收获,还有哪些困惑? 你构建的模型能否准确表示出 DNA 结构的真实情况? 还有哪些改进的方法?)	
教师点评		

第2章 有性生殖中的遗传信息传递

探究·建模 2-1 模拟减数分裂过程中染色体的变化

减数分裂产生染色体数量减半的精细胞或卵细胞。在本活动中，我们暂时忽略细胞的形态变化，将减数分裂过程中染色体的行为形象化、具体化，关注各主要时期的染色体、染色单体和位于染色体上的基因，初步建立基因组合与染色体行为的联系。

建模目标

模拟细胞中2对同源染色体在减数分裂过程中的变化，记录染色体数目减半、同源染色体联会和分开、非同源染色体自由组合等现象，以及配子中基因组合的变化。

建模材料

磁性染色体模型(图2-1)，磁性底板、记号笔等。

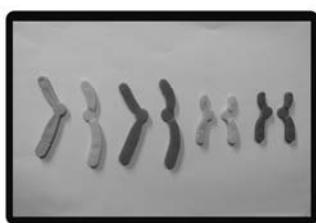


图2-1 染色体模型材料

小贴士

可根据实际情况，选用能够达到建模要求的材料，如不同颜色的橡皮泥、白纸等。材料如需切割、打磨，请注意安全！

建模过程

1. 制定建模方案

选择合适的建模材料，确定计划模拟的减数分裂过程中的染色体行为。编制建模过程

记录单,需包括建模过程中染色体行为变化的图片记录,以及相关结构数目变化的统计表格。同时,小组成员按照建模要求进行分工合作,如模型摆放、表格记录、照片拍摄等。

2. 建构模型并展示与评价

小组成员合作完成并记录建模过程,组间进行展示、交流和评价。

参考步骤

1. 标记出染色体上的基因和细胞两极

如图 2-2 所示,先用记号笔在 2 对同源染色体组件上标出 3 对基因(如 A 和 a 、B 和 b 、D 和 d)。然后,在磁性底板上标出减数第一次分裂的两极(建议沿底板的长轴划分第一次分裂的两极)。

2. 模拟前期 I

将染色体组件放在底板上,将同源染色体组件组装成联会复合体。观察并拍照记录此时的着丝粒、染色体和染色单体的数目,以及 3 对基因在染色体上的位置。

3. 模拟中期 I

移动染色体,使同源染色体整齐排列在赤道面上,拍照记录。

4. 模拟后期 I

将同源染色体分开,并分别移向两极。观察并拍照记录两极的染色体数目、染色单体数目,以及 3 对基因在染色体上的位置。

5. 模拟末期 I

在底板上画出 2 个子细胞的核膜,表示减数分裂 I 完成。观察并拍照记录每个细胞核中的染色体数目、染色单体数目,以及 3 对基因在染色体上的位置。在底板上分别标出减数第二次分裂的两极(建议沿底板的短轴划分)。

6. 模拟减数分裂 II

参照步骤 2~5,模拟前期 II、中期 II、后期 II 和末期 II 的染色体行为,观察并拍照记录染色体和染色单体的数目、4 个子细胞中的基因组成。

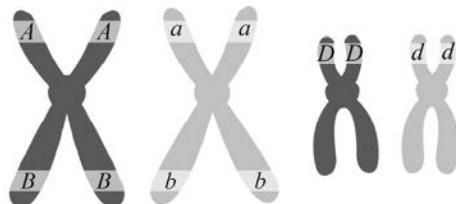


图 2-2 3 对基因标注示意图

小贴士

模拟前期 I 时,可将同源染色体中的非姐妹染色单体片段(分别含 A 和 a 基因)进行互换,然后进行第 3~7 步。

7. 统计结果

列表归纳减数分裂不同时期的染色体、染色单体和同源染色体对的数目,以及细胞中的基因组成。

结果展示

1. 减数分裂各时期模型照片(也可用绘图方式表示):

前期 I	中期 I	后期 I	末期 I
前期 II	中期 II	后期 II	末期 II

2. 减数分裂各时期细胞内的相关结果统计(表 2-1):

表 2-1 减数分裂各时期细胞内的染色体、同源染色体、染色单体和基因组合统计结果

时期	前期 I	中期 I	后期 I	末期 I	前期 II	中期 II	后期 II	末期 II
染色体(条)								
同源染色体(对)								
染色单体(条)								
基因组合								

注: 基因组合表述方式如 $AABB$ 等。

分析与讨论

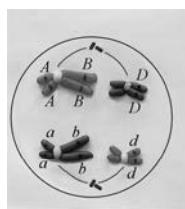
- 与其他小组比较,各组最终得到的子细胞中,染色体数目是否相同?基因组合是否相同?原因是什么?
- 同源染色体之间在前期Ⅰ发生交换与不发生交换相比,子细胞中的基因组合有何不同?

学业评价

- 在模拟减数分裂过程中,甲同学准备了4对同源染色体材料。当他模拟中期Ⅱ时,每个细胞内的染色体和DNA的数目应分别为()。
A. 4和8 B. 4和4 C. 8和16 D. 8和8
- 乙同学利用橡皮泥和白纸模拟减数分裂过程。他将橡皮泥捏成染色体的形状,并在白纸上画出细胞轮廓以及相关结构。下列选项中,可以表示后期Ⅰ的是()。



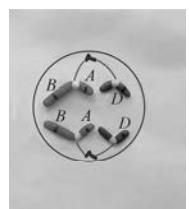
A.



B.



C.



D.

- 在模拟减数分裂过程中,甲、乙两同学模拟的前期Ⅰ细胞中基因组合完全相同。两人分别规范操作,最后得到的子细胞核中基因组合却不相同。可能原因有()。(多选)
A. 同源染色体组合方式不同
B. 非同源染色体的组合方式不同
C. 姐妹染色单体交换的程度不同
D. 非姐妹染色单体交换的程度不同

4. (选做)在模拟减数分裂过程中,某小组在2对同源染色体上标注了三对基因,其中 A/a 和 B/b 基因标注在一对同源染色体上, D/d 基因标注在另外一对同源染色体上(图2-3)。先后多次模拟 A/a 基因发生和不发生染色体交叉互换两种情况下,模拟结果中配子所含的基因组合种类分别可能是()。

- A. 发生交叉互换:8种,不发生交叉互换:8种
- B. 发生交叉互换:4种,不发生交叉互换:4种
- C. 发生交叉互换:4种,不发生交叉互换:8种
- D. 发生交叉互换:8种,不发生交叉互换:4种

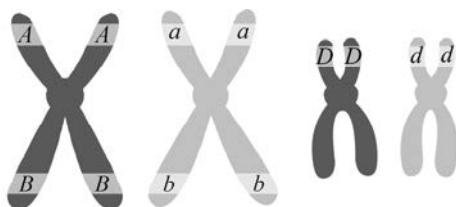


图2-3

自我评价

评价内容		达成情况 (A. 非常满意 B. 满意 C. 还需努力)
建模过程	建模方案设计有创意	
	小组成员分工合作,效率高	
建模结果	构建的模型能正确表示减数分裂过程	
	准确统计不同时期模型中相关结构的数量和状态	
活动心得	(你认为本次建模的关键点、难点是什么?通过此次建模活动,你有哪些收获,还有哪些困惑?你构建的模型能否准确表示细胞进行减数分裂的真实情况?还有哪些改进的方法?)	
教师点评		

探究·建模 2-2 模拟植物花色性状分离

孟德尔通过豌豆杂交实验发现了遗传学分离定律，并在对遗传物质还未明确的情况下，提出了遗传因子（基因）等概念。让我们通过计算机程序，模拟植物花色性状分离的过程，感受生物学的奇妙。

建模目标

模拟植物花色性状分离，更加深刻地理解基因分离、配子形成、配子随机结合等事件与遗传信息传递及子代性状的关系。

建模工具

计算机，计算机程序“模拟植物花色性状分离”。

小贴士

除了用计算机程序模拟外，也可用抓小球的方式进行实物模拟，见附录1。

建模过程

1. 确定亲本组合

设计1~2组亲本组合，写出表型以及相应的基因型。

2. 设计实验重复的次数

需要完成两种模式的模拟：建议“手动生成”模式下模拟10~20次；“自动生成”模式下模拟3次，分别设定子代总数为100、1 000和10 000。

3. 设计结果记录表

分别设计表格，记录：亲本基因型、产生配子的基因型，子代基因型、表型的预期值和实测值、比例等。

4. 建模、记录、展示和评价

用计算机程序模拟相关过程,记录结果,汇总分析,并进行展示和评价。

建模示例

1. 模拟等位基因分离及配子结合的过程

(1) 打开计算机模拟程序,在亲本基因型选项中选择相应基因型(图 2-4),并在表 2-2 中记录母本和父本的基因型、表型。

小贴士

为了显示子代的性状分离,可以选择父本、母本同时为杂合子,或者其中一个为杂合子,但不要同时为纯合子。



图 2-4 选择亲本基因型

(2) 点击“生成配子”,在“子代产生的方式”中选择“手动生成”(图 2-5)。



图 2-5 设置子代产生的方式为“手动生成”

(3) 分别在父本和母本的配子中随机选取,放入“子代”框中(鼠标按住小球并拖动);依次选取 10 次以上,点击“显示子代”,模拟配子的随机结合过程(图 2-6)。将模拟得到的子代基因型、表型及其比例记录在表 2-2 中。



图 2-6 模拟配子随机结合过程

(4) 根据模拟情况,将参与受精的配子相关数据的预期值和实测值填入表 2-3。

2. 等位基因分离及配子结合产生子代的统计分析

(1) 重新开始程序,在亲本基因型选项中选择相应基因型,点击生成配子(图 2-7),并记录母本和父本的基因型、表型,填入表 2-4。



图 2-7 选择亲本基因型并生成配子

(2) 选择子代产生的模式为“自动生成”,设置子代总数为 1000 进行自动模拟(图 2-8)。



图 2-8 设置“自动生成”模式下的子代总数

(3) 将“统计结果”表中自动生成的配子以及子代的相关数据(图 2-9)填入表 2-4(点击“查看数据”可查看每个子代的基因型)。



图 2-9 显示子代表型和基因型记录表

(4) 按同样的方法,再分别设置生成的子代总数为 100、10 000,进行模拟,并将相关数据的预期值和实测值填入表 2-4。

建模结果

1. “手动生成”方式模拟配子随机结合产生子代的结果统计(表 2-2):

表 2-2 “手动生成”子代结果记录表

母本: 基因型() , 表型() ; 父本: 基因型() , 表型()					
序号	子代基因型	子代表型	序号	子代基因型	子代表型
1			7		
2			8		
3			9		
4			10		
5			11		
6				
统计	(子代基因型种类及其比例)		(子代表型种类及其比例)		

2. “手动生成”方式参与受精的配子统计结果(表 2-3)：

表 2-3 配子统计表

参与受精的配子	雌配子		雄配子	
	预期值	实测值	预期值	实测值
含显性基因配子数				
含隐性基因配子数				
等位基因分离比 (显性 : 隐性)				

3. “自动生成”方式产生子代的结果统计(表 2-4)：

表 2-4 “自动生成”子代结果记录表

母本：基因型(), 表型(); 父本：基因型(), 表型()						
产生子代总数	配子基因型及比例		子代基因型及比例		子代表型及比例	
	预期值	实测值	预期值	实测值	预期值	实测值

分析与讨论

1. 本小组的模拟结果与其他小组有差异吗？原因是什么？
2. 为什么实测值与预期值之间会有差异？你认为应该如何减少这种差异？
3. 模拟子代产生过程分为“手动生成”和“自动生成”两种方式，其目的分别是什么？从模拟结果中你能得到怎样的启示？

学业评价

1. 在模拟实验中，设定 A 为红花基因， a 为白花基因， A 对于 a 为显性，父本基因型为 Aa 。若母本基因型分别为 Aa 和 aa ，则子代表型的预期分离比（红花：白花）分别为（ ）。

A. 3 : 1 和 1 : 1	B. 3 : 1 和 3 : 1
C. 1 : 1 和 1 : 1	D. 1 : 1 和 3 : 1

2. 结合在“模拟减数分裂过程中染色体的变化”活动中获得的知识,你认为“等位基因分离”与减数分裂过程中关系最密切的事件是()。
- 在间期 I 发生的 DNA 复制
 - 在后期 I 发生的同源染色体分开
 - 在末期 I 发生的核仁核膜重建
 - 在后期 II 发生的姐妹染色单体分开
3. 某同学希望验证“孟德尔豌豆测交实验”的结果,在设置建模参数时,应选择的亲本类型是()。
- | | |
|---------------------------|---------------------------|
| A. 红花 $AA \times$ 白花 aa | B. 红花 $Aa \times$ 白花 aa |
| C. 红花 $Aa \times$ 红花 Aa | D. 白花 $aa \times$ 白花 aa |
4. 在模拟“等位基因分离及配子结合的过程”时,甲同学选择基因型均为 Aa 的亲本,随机抓取配子 10 次后统计发现,红花 : 白花 = 9 : 1。下列选项中,对这一实验结果解释合理的是()。
- A 和 a 基因的遗传不符合基因分离定律
 - 模拟程序出错
 - 若甲同学再多抓取 100 次,实验结果可能会接近预期值
 - 该实验结果在真实的杂交实验中不可能会出现
5. 利用计算机程序模拟性状分离时,某同学选用“自动生成”的子代产生方式,其部分实验结果统计如下表。

亲本组合: 红花(Aa)♀ × 红花(Aa)♂		
生成的子代总数	子代表型及数量	子代表型分离比
119	红花 66, 白花 53	1. 25 : 1
500	红花 366, 白花 134	2. 73 : 1
1 000	红花 753, 白花 247	3. 05 : 1
10 000	红花 7 418, 白花 2 582	2. 87 : 1

下列分析正确的是()。

- 该亲本组合方式,无论子代数量多少,子代红花数量总是多于白花
- 子代基因型比例与分离比相同
- 子代红花仅有一种基因型
- 从该统计表中数据无法计算出雌雄配子基因型及其数量

自我评价

评价内容		达成情况 (A. 非常满意 B. 满意 C. 还需努力)
建模过程	准确模拟配子结合过程	
	记录模拟数据,分析实测值与预期值之间的差异	
	小组成员分工合作,效率高	
建模结果	构建的模型能正确表示基因分离和配子随机结合过程	
	得到不同子代个数条件下的相关数据	
	分析数据后能进一步认识基因分离定律	
活动心得	(你认为本次建模的关键点、难点是什么? 通过此次建模活动,你有哪些收获,还有哪些困惑? 你构建的模型能不能准确表示基因分离和配子随机结合的真实情况? 还有哪些改进的方法?)	
教师点评		

第3章 可遗传的变异

探究·活动 3-1 人类常见遗传病的调查分析和预防宣传

随着科学家对基因突变、染色体变异导致遗传病机制的揭示,遗传病的防治成为可能。而遗传病的防治是建立在遗传病调查、预防宣传等一系列措施上的。让我们以遗传病防治者的身份,进行一次人类常见遗传病的调查,并结合调查结果和所学知识,向身边的人宣传、科普常见遗传病的检测和预防方法。

活动目标

- 初步掌握调查人类遗传病的基本方法。
- 了解几种人类常见遗传病的发病现状、临床表现及其诊断和预防措施。
- 主动宣传人类常见遗传病的检测和预防措施。

活动要求

- 制订一种人类常见遗传病的调查方案,实施调查并完成调查报告。
- 制作一份展板或宣传册,内容包括3~4种人类常见遗传病的发病现状、临床表现及其诊断和预防措施,在校园或社区实施一次科普宣传活动。

活动内容

- 以小组为单位,查阅资料,选取群体中发病率较高的一种遗传病进行调查,如白化病、红绿色盲、高度近视、唐氏综合征等。

2. 小组成员分工合作,查阅资料,了解所选取遗传病的遗传方式、发病率和临床表现等,制定调查方案(如确定调查范围、调查对象,设计调查问卷等),并实施调查,绘制系谱图,完成活动报告。

3. 根据调查结果,再选2~3种人类遗传病,小组交流、讨论,汇总3~4种人类常见遗传病的临床表现、诊断、预防及治疗等相关信息,制作展板或宣传册,在校园或社区进行人类遗传病检测和预防的科普宣传。

活动报告

题目: _____

(某社区或学校中某种遗传病的调查)

署名: _____

(填写作者姓名及学校、班级。署名的作用是既表明本报告的版权所有者,也表明作者对本报告相关内容负责,如论文的真实性、科学性,不存在抄袭、造假等学术不端行为)

1. 前言(简要说明所调查遗传病的特点,如遗传方式、在不同人群中的发病率、临床表现等;简要说明本次调查的目的、取样范围等)

△ 注意

在进行遗传病的家系调查时,可能会涉及被调查者的个人隐私等不宜公开的事项。必须事先征得被调查者的同意,并签订《知情同意书》。同时,在调查结果中必须采用适当方式保护被调查者的个人隐私,如隐去真实姓名等。

小贴士

通过撰写调查报告,可以锻炼和提高科技论文写作水平。请注意每一部分的作用和要求,可参考附录2。

2. 调查过程(简述调查方法、被调查人数或家系数等,如有问卷调查表应作为附件列出)

(1) 调查方法

本调查采用的方法是: 问卷法 访谈法(简述调查方法,问卷、访谈问题设计可作为附件)。

(2) 调查对象

本调查对象选取_____(社区 学校),其人员组成有_____。
_____。

(3) 实施方案(可用表格或流程图等形式呈现)

3. 调查结果与数据分析(如发病人数、家系数、典型家系和系谱图,以及遗传学分析等)

表 3-1 发病率调查结果分析表

遗传病名称	调查人数	发病人数	患者家系数	发病率	发病率均值*

* 发病率均值是指查阅资料得到的某一区域(国家或省市)该遗传病的发病率。

典型家系的系谱分析图

注：规范画出系谱图，并用通用的基因符号尽可能标明各成员的基因型。

4. 讨论及初步结论(简述该遗传病的遗传方式、在本次调查范围内的发病率、本次调查的意义,以及通过本次活动得到的收获等)

5. 参考文献(按照在报告中出现的先后顺序排列,格式统一,如写出前三位作者、文章名、期刊名,发表年份、卷号、期号、页码等)

宣传展示

根据本小组所调查的遗传病,以及查阅的其他遗传病资料,采用图文结合的形式制作展板或海报,科学规范、简明扼要、通俗易懂地进行人类遗传病检测和预防的科普宣传。

学业评价

- 某学校生物兴趣小组开展了“人群中的白化病调查”活动,为了统计发病率和遗传方式,以下调查方法或结论不合理的是()。
A. 对足够大的群体进行调查 B. 在人群中随机抽样计算发病率
C. 对患病家系进行调查,并绘制系谱图 D. 公开发布被调查人和调查结果等信息
- 某城市儿童佝偻病的发病率明显高于其他城市,研究这种现象是否由遗传因素引起的方法不包括()。
A. 对正常个体与患儿进行相关基因碱基序列比较
B. 对该城市出生的同卵双胞胎进行发病率调查统计分析
C. 对该城市的水质、空气进行检测分析
D. 对患者家系进行调查统计分析
- 对患有亨廷顿舞蹈病的某家系调查结果如图 3-1 所示,据此分析亨廷顿舞蹈病的遗传方式可能是()。(多选)

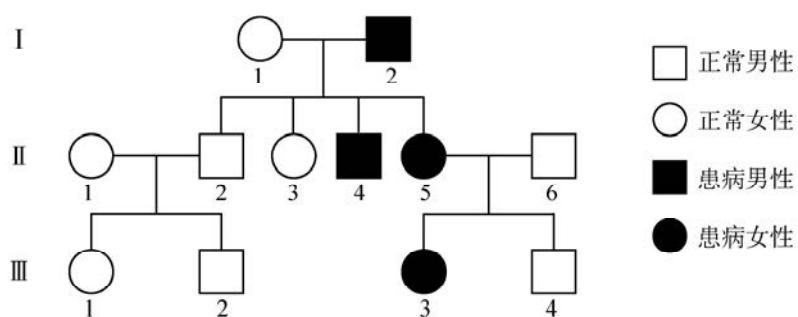


图 3-1

- A. 伴 X 染色体隐性遗传 B. 伴 X 染色体显性遗传
 C. 常染色体显性遗传 D. 常染色体隐性遗传

自我评价

评价内容		达成情况 (A. 非常满意 B. 满意 C. 还需努力)
活动过程	查阅资料,对所调查的遗传病认知科学且充分	
	合理设计并实施调查方案	
	有创意地设计并实施宣传方案	
	小组成员分工合作,效率高	
活动结果	调查方法合理,取样量适当	
	规范完成调查报告,并进行科普宣传	
	对人类常见遗传病及其基本调查方法有进一步认识	
活动心得	(你认为本次调查活动的关键点、难点是什么? 通过此次调查活动,你有哪些收获,还有哪些困惑? 你的调查结果能不能准确反映所调查遗传病的真实情况? 还有哪些改进的方法?)	
教师点评		

第4章 生物的进化

探究·活动 4-1 探讨细菌耐药性与抗生素使用的关系

抗生素是一类能抑制细菌生长和繁殖的物质,医学上用于细菌感染等疾病的治疗。20世纪40年代,第一种抗生素——青霉素应用于临床。至今,抗生素的应用已拯救了无数患者的生命,对人类健康做出了巨大贡献。但是,随着抗生素的广泛应用,人们发现许多细菌对抗生素逐渐产生了较强的耐药性,这对人类健康构成了严重威胁。细菌耐药性与抗生素使用之间有何关系呢?让我们一起分析相关资料,用现代生物进化理论来探讨。

活动目标

学会分析图文资料,从中提取关键信息,解释抗生素的使用与细菌耐药性的关系。

活动要求

阅读活动资料,解释细菌的耐药性是如何产生的,以及抗生素的使用与细菌耐药性之间的关系,并提出合理使用抗生素的倡议。

活动资料

1. 青霉素及其衍生物

临床实践发现:最初使用青霉素时,其对控制细菌感染非常有效。但随着青霉素应用范围的扩大以及用量的增加,有些细菌(如金黄色葡萄球菌)的耐药性增强,迫使临幊上每次的注射剂量不断增加,有效注射剂量从最初的10万~20万单位,上升到目前800万单位以上。即使如此,有些细菌感染仍不能得到有效控制。

研究发现,某些细菌具有耐药性的原因是它们能够产生青霉素酶,使青霉素被降解。为了克服细菌耐药性,科学家不断研究新的青霉素类衍生物,如一种能耐青霉素酶的半合成青霉素(甲氧西林),1959年应用于临床后曾有效地控制了产青霉素酶的金黄色葡萄球菌感染。但随后又出现了耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)。从发现至今,MRSA几乎遍及全球,已成为医院感染的主要病原菌之一。

2. 不同抗生素耐药菌比例的变化趋势

与青霉素及其衍生物类似,其他抗生素用量增长的同时,发现其耐药菌的比例也在增加(图4-1)。据相关报告,尽管有近10大类(百种)常用抗生素已经应用于临床,但仍有17种细菌感染已无法用标准的抗生素进行治疗,其中大部分病菌对公共健康构成紧急或严重威胁。

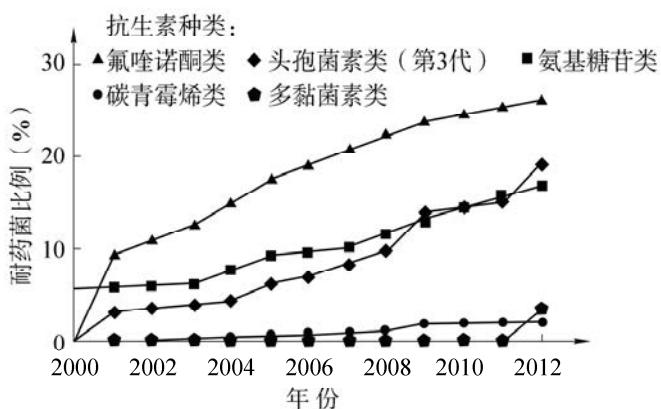


图4-1 2000至2012年间不同抗生素耐受菌比例的变化

3. 细菌耐药性研究的基础——细菌培养

细菌培养是研究细菌耐药性的重要基础步骤。细菌培养需要培养基,培养基是人工配制的,适合微生物生长、繁殖或产生代谢产物的营养基质。培养基配制后需要进行严格的灭菌。若培养基中含有琼脂等凝固剂,则称为固体培养基,一般加入培养皿中待其凝固后使用(常称为平板);不含有凝固剂则称为液体培养基,一般加入试管等容器中使用。

在培养细菌时,需要将少量(稀释后)细菌加入培养基中,称为接种。在固体培养基上接种时,常通过涂布平板法,使接种的细菌尽可能均匀分散在培养基表面的不同位置。培养一段时间后,能长出菌落。菌落是多个细菌形成的肉眼可见的集合体,一般由单个细菌分裂增殖而来,所以不同的菌落很可能代表了接种时接入的不同的单个细菌。

小贴士

涂布平板法是指将接种菌液均匀涂布在琼脂平板表面上进行培养的方法,常用刮铲将菌液在平板上涂抹均匀。

如果在培养基中加入某种抗生素，则只有对这种抗生素具有耐药性的细菌才能生长，从而形成肉眼可见的菌落。

4. 一项关于大肠杆菌对链霉素耐药性的研究

(1) 如图 4-2 所示，将经液体培养基培养的对链霉素(一种抗生素)敏感的大肠杆菌涂布在不含链霉素的平板①上，待其长出菌落后，将这些菌落分别接种到不含链霉素的培养基平板②和含有链霉素的培养基平板③上，接种时严格对应各菌落的位置(这种接种方法称为原位接种)。

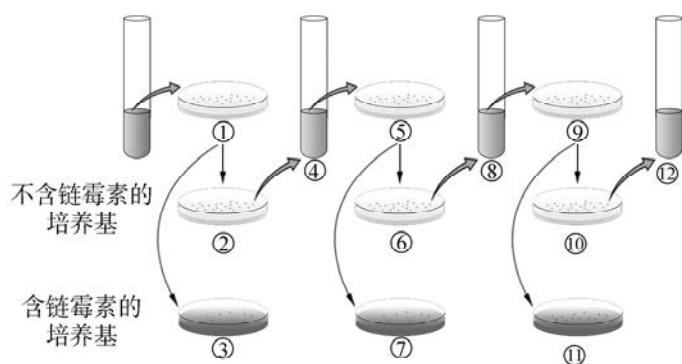


图 4-2 接种过程示意图

(2) 比较大肠杆菌在平板②和③上的生长情况，在平板③上产生的菌落视为链霉素抗性菌所形成的菌落。在平板②上找到与平板③上对应的菌落，随机挑取其中 1 个菌落接种至不含链霉素的液体培养基④中，经培养后，再接种到不含链霉素的平板⑤上。

(3) 重复以上各步骤数次，最后取培养基⑫中培养得到的细菌，再接种到平板上，则可获得较纯的链霉素抗性菌落。

分析与讨论

1. 资料 4 中培养基③⑦⑪的作用是什么？培养基③上的菌落比②少很多，原因是什么？
2. 资料 4 中实验证明细菌耐药性产生的原因是什？尝试用现代进化理论解释这一现象。

3. 从进化角度分析,为什么抗生素的使用量越来越大? 细菌耐药性与抗生素滥用之间有怎样的关系?

学业评价

1. 用进化的观念分析: 如果有人从未使用过抗生素,当他某次患病时感染的细菌可能会具有耐药性吗? 为什么?
2. 有同学想要检测对链霉素具有耐药性的细菌是否对青霉素也具有耐药性。请参考资料中的信息设计实验,对这一问题进行探究。简明写出实验步骤(可绘图表示)、预期结果和结论。
3. 以细菌出现耐药性与滥用抗生素的关系为主要线索,设计一份海报,宣传细菌耐药性对人类生活的影响,并提出合理使用抗生素的倡议。

自我评价

评价内容		达成情况 (A. 非常满意 B. 满意 C. 还需努力)
活动过程	认真阅读资料并合理分析	
	小组间讨论交流充分	
活动结果	能有效提取资料中的信息	
	通过分析资料,能用现代进化理论解释细菌耐药性与抗生素使用的关系	
	对合理使用抗生素有进一步认识,并进行科普宣传	
活动心得	(你认为本次活动的关键点、难点是什么? 通过此次活动,你有哪些收获,还有哪些困惑? 你认为资料中进行的研究是否能反映细菌耐药性与抗生素大量使用的真实情况? 还有哪些资料需要补充?)	
教师点评		

探究·建模 4-2 模拟自然选择对种群基因频率的影响

桦尺蛾是一种夜间活动的昆虫，其体色由一对等位基因控制，深色(S)对浅色(s)为显性。桦尺蛾白天栖息在树干上，若桦尺蛾的体色与树干的颜色相近，则不易被鸟类等天敌发现；反之，则易被捕食。让我们通过模拟活动，探究这种选择对不同体色桦尺蛾生存率、种群基因频率的影响。

建模目标

模拟不同颜色的树干条件下，天敌的选择性捕食对不同体色桦尺蛾数量的影响，进而计算桦尺蛾种群基因频率并比较基因频率的变化。

建模工具

计算机，计算机程序“模拟天敌捕食对桦尺蛾种群基因频率的改变”。

建模过程

1. 模拟“捕食”过程

在规定的时间内，在不同颜色树干上，尽量多地模拟捕食桦尺蛾。为了数据较为准确，应在同一颜色的树干上重复模拟多次。

2. 记录实验结果

记录并汇总每次实验中捕捉到的桦尺蛾的数量及其表型、基因型等数据。

小贴士

也可以根据实际情况，选用能够达到建模要求的材料，如塑料、木材、纸片等。用抓小球进行模拟的方法，见附录3。

建模示例

1. 设置模拟实验参数

进入模拟程序,如图 4-3 所示,设置树干颜色为“浅色”,设置捕食时间和三种基因型(SS 、 Ss 和 ss)桦尺蛾的数量(初始种群数据,填入表 4-1)。

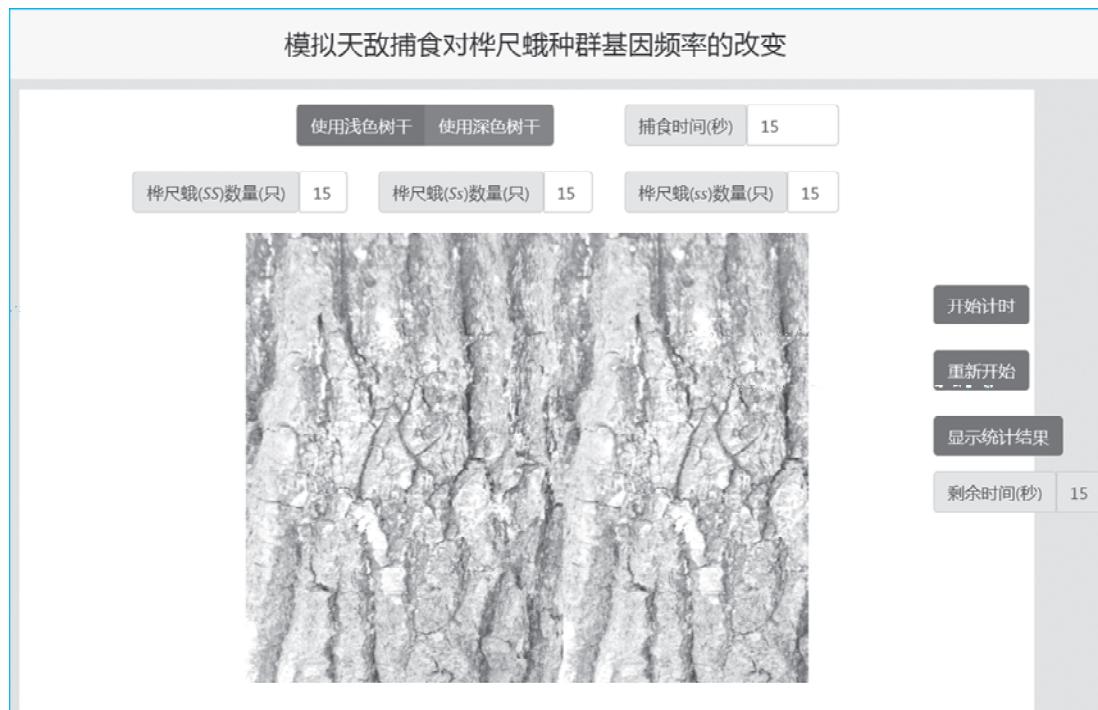


图 4-3 设置树干颜色、捕食时间和桦尺蛾数量等参数

2. 模拟捕食过程

点击“开始计时”,在设定的时间内,在树干上点击桦尺蛾模拟天敌捕食过程(图 4-4),并尽可能多地捕食。捕食结束后,点击“显示统计结果”(图 4-5),将其中捕食后剩余桦尺蛾的数量填入表 4-1。

小贴士

鼠标点击到桦尺蛾的正中心部位方为有效捕食,否则会被视为捕食失败。

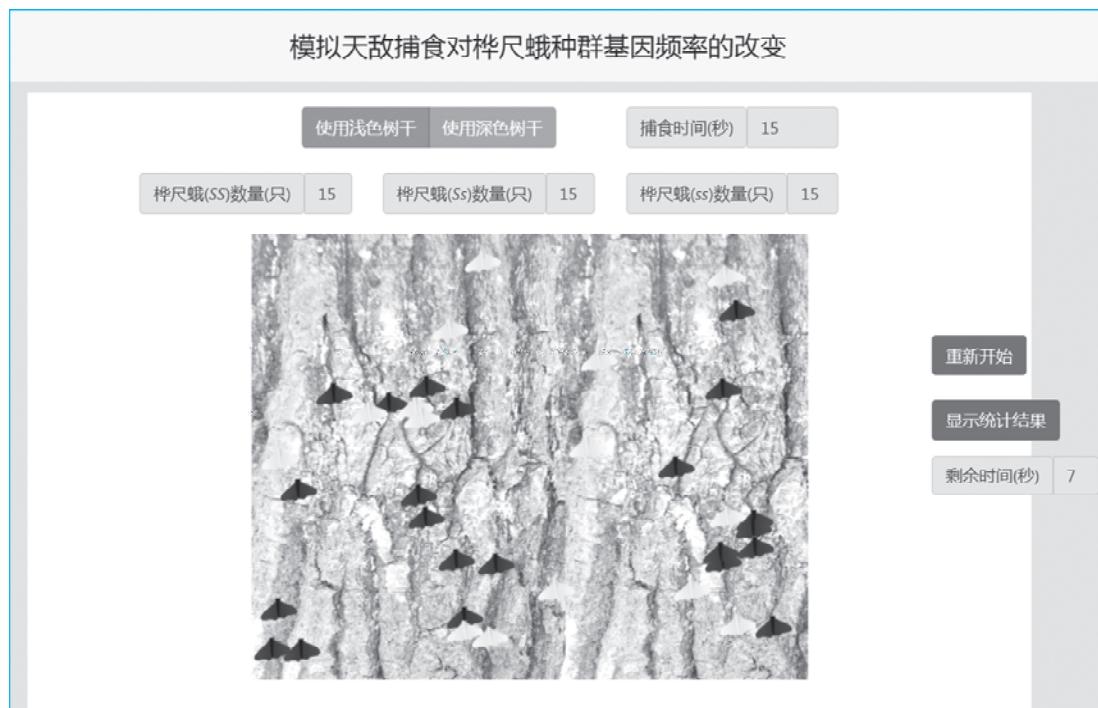


图 4-4 模拟捕食过程

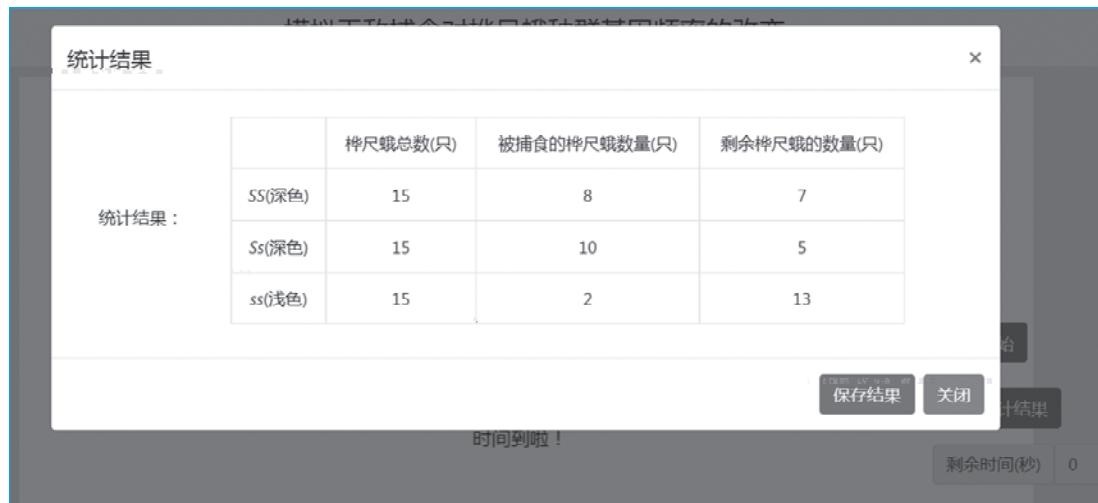


图 4-5 一次模拟捕食的统计结果

3. 模拟另一颜色树干条件下的捕食过程

重新开始模拟程序,设置树干颜色为“深色”。捕食时间、三种基因型(SS 、 Ss 和 ss)桦尺蛾的数量和捕食过程等均与浅色树干条件下一致,也尽可能多地捕食。根据自动统计的结果,将捕食后剩余桦尺蛾的数量填入表 4-1。

4. 重复多次模拟

重新开始模拟程序,分别重复多次模拟,每次深色和浅色树干条件下捕食时间、三种基

因型桦尺蛾的数量和捕食过程等均一致,将结果填入表 4-1。

5. 计算模拟实验结果

以每一种颜色树干上的桦尺蛾作为一个种群,分别计算初始种群、捕食后种群中 SS 、 Ss 和 ss 基因型频率,以及 S 和 s 基因频率(计算结果保留 4 位小数),填入表 4-2。

基因型频率=种群中某种基因型个体数/种群个体总数;

S 基因频率=(SS 基因型个体数+ $0.5 \times Ss$ 基因型个体数)/种群个体总数;

s 基因频率=(ss 基因型个体数+ $0.5 \times Ss$ 基因型个体数)/种群个体总数。

6. 结果比较

以不同树干颜色为横坐标、捕食前后基因频率为纵坐标,绘图比较不同颜色树干上捕食前后种群基因频率的改变。

建模结果

1. 不同颜色树干条件下,模拟捕食结果数据(表 4-1):

表 4-1 种群中不同基因型桦尺蛾数量记录表

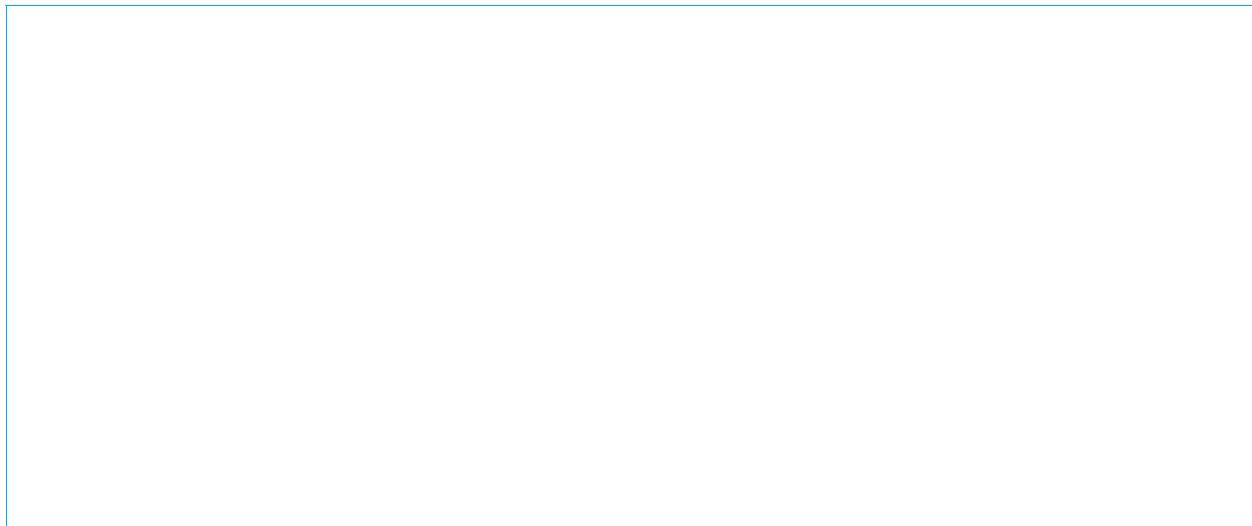
记录项		浅色树干上桦尺蛾数量(只)			深色树干上桦尺蛾数量(只)		
		SS	Ss	ss	SS	Ss	ss
初始种群							
捕食后的种群	1						
	2						
	3						
	4						
	5						
	6						
	7						
	8						
	9						
	10						
	11						
						
	平均值						

2. 不同颜色树干条件下,捕食前后的桦尺蛾基因型频率和基因频率(表 4-2):

表 4-2 不同选择条件下桦尺蛾种群的基因型频率和基因频率

记录项	浅色树干					深色树干				
	基因型频率			基因频率		基因型频率			基因频率	
	SS	Ss	ss	S	s	SS	Ss	ss	S	s
初始种群										
捕食后的种群 (平均值)										

3. 不同颜色树干条件下,种群基因频率的变化图:



分析与讨论

1. 根据计算结果,比较不同颜色树干上桦尺蛾种群基因频率的变化,并说明其原因。

2. 天敌捕食过程中,是根据表型发现的桦尺蛾。根据模拟结果分析,为什么捕食后桦尺蛾种群的基因型频率会发生改变呢?

3. 依据本活动的结果,尝试解释“在欧洲某些工业污染区,桦尺蛾的体色多为深色,而在未污染区多为浅色”这一现象。

学业评价

1. 若某次模拟实验的计算结果是: 在浅色树干上,捕食后 S 的基因频率由初始种群的 0.5 下降到 0.4。下列结论中最合理的是()。
 - A. 浅色树干不利于深色桦尺蛾的生存
 - B. 浅色树干不利于 SS 基因型桦尺蛾的生存
 - C. 浅色树干不利于 Ss 基因型桦尺蛾的生存
 - D. 浅色树干不利于 ss 基因型桦尺蛾的生存
2. 若某次模拟实验的计算结果是: 在深色树干上的桦尺蛾种群 1,捕食后 s 基因频率由初始种群的 0.5 下降到 0.4;而在浅色树干上的桦尺蛾种群 2,捕食后 s 基因频率由初始种群的 0.5 增加到 0.6。已知在相同外界环境下,两个种群的基因频率每代都按照同样的比例发生改变。
 - (1) 以本次模拟获得的数据为例,尝试说明不同种群基因频率向不同方向变化与进化的关系。
 - (2) 若两个种群最终的 s 基因频率分别是 0.001 和 0.999,是否可以认为这两个种群已经形成了两个不同物种? 为什么?

自我评价

评价内容		达成情况 (A. 非常满意 B. 满意 C. 还需努力)
建模过程	模拟在不同颜色树干条件下的捕食过程	
	记录并分析模拟得到的数据	
建模结果	计算得到不同选择条件下的种群基因频率变化	
	绘图表示种群基因频率变化	
	通过模拟,进一步认识自然选择对种群基因频率的影响	
活动心得	(你认为本次建模的关键点、难点是什么? 通过此次建模活动,你有哪些收获,还有哪些困惑? 本模拟活动能否表示桦尺蛾自然选择的真实情况? 还有哪些改进的方法?)	
教师点评		

附录

1. 用抓小球的方式模拟基因分离

建模材料

颜色不同但质量、大小都相同的小球若干，小桶若干，记号笔等。

建模过程

(1) 取一种颜色的小球 2 个，标上显性基因(如 A)；取另一种颜色的小球 2 个，标上隐性基因(如 a)。然后随机拿取标注好的两种颜色的小球各 1 个，放入同一个小桶；将其余的 2 个小球放入另一个小桶。

(2) 从一个小桶中随机取出 1 个小球，再从另一个小桶中随机取出一个小球，记录抓取结果，然后将 2 个小球合起来作为一个子代个体，记录子代的基因型、表型，最后将小球分别放回原来的小桶中。

(3) 重复以上抓取过程，至少达到 50 次以上，记录数据并汇总在附录表 1 中。

小贴士

此过程模拟了自交过程，所以每个桶里至少要有 2 个小球，模拟一个杂合体(细胞)。可以多放几个小球，以模拟多个基因型相同的杂合体。也可以在一个桶中放入两种小球(A、a)，而另一个小桶中放入一种小球(a)，模拟测交过程。

附录表 1 子代基因型和表型汇总表

小桶	出现次数		子代基因型及其比例	子代表型分离比
“母本”基因型：_____	A			
	a			
“父本”基因型：_____	A			
	a			

2. 人类常见遗传病调查报告示例

第一中学高一年级学生红绿色盲发病率的调查报告

李明,王华

第一中学高一(3)班

1. 前言

色盲是指个体缺乏分辨某种颜色的能力,有红色盲、绿色盲、红绿色盲、黄蓝色盲和全色盲之分。其中,红绿色盲是最常见的一种。红绿色盲患者不能分辨红色与绿色。决定红绿辨色能力的基因位于 X 染色体上,在 Y 染色体上没有它的等位基因,其遗传方式表现为伴 X 染色体隐性遗传,患者中男性明显多于女性。

红绿色盲在世界各地均有发生,北欧男性发病率最高,约为 8%;非洲男性发病率约为 3%;而亚洲男性的发病率介于上述两者之间。社会调查发现,我国男性红绿色盲发病率平均约为 4.71%、女性约为 0.67%,但在不同民族或地区有较大差异。

为了解第一中学高一年级学生群体中红绿色盲的发病情况,我们组织对该年级共计 313 名同学和部分同学的家庭成员进行了色觉检查与统计分析。

2. 调查过程

(1) 调查方法

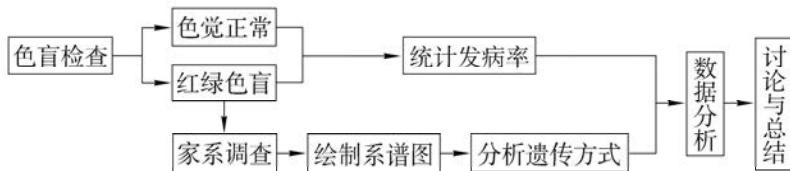
于自然光线下、视觉距离 50~100 cm,利用俞自萍等绘著的《色盲检查图(第五版)》对同学进行逐一检查。先用“示教图”示范正确读法,待被检查者已知读法后,任选一组让其读出图上数字或图形;回答越快越好,一般 3 s 内就可得答案,最长不得超过 10 s。

(2) 调查对象

总计调查了 351 人,其中高一年级学生 313 名,部分学生家庭成员 38 人。

(3) 实施方案

首先,通过色盲检测方法判断红绿色盲患者,并统计发病率;然后,对患者进一步进行家系调查,并绘制系谱图,确定遗传方式;最后进行数据分析、讨论与总结。实施过程如附录图 1 所示。



附录图 1 实施过程流程图

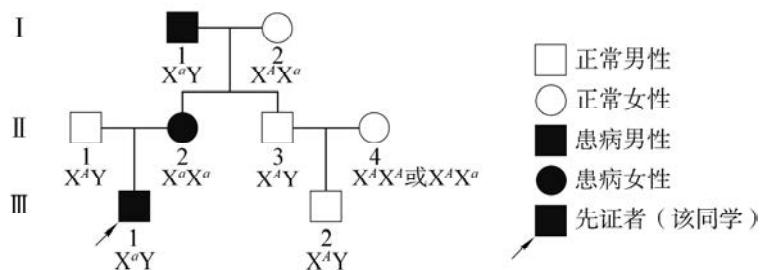
3. 调查结果与数据分析

对高一年级同学红绿色盲发病率及家系分析情况总结如附录表 2。

附录表 2 发病率调查结果分析表

性别	调查人数	发病人数	调查家系数	发病率(%)	我国发病率均值(%)
男	178	6	6	3.37	4.71
女	135	0	0	0	0.67

对于筛查发现的 6 位红绿色盲同学, 分别对他们的部分家庭成员进行了色觉检查, 根据结果绘制红绿色盲患者家系系谱。其中一位同学家庭的典型家系系谱图及其各成员基因型分析如附录图 2 所示。



附录图 2 某同学家系系谱分析图

4. 讨论及初步结论

(1) 发病率分析

本次调查结果显示, 本校高一年级男生红绿色盲的发病率约为 3.37%, 女生为 0%, 均低于全国发病率均值。以往有调查也同样发现, 不同民族或地区的红绿色盲发病率具有较大差异。同时, 本次调查样本量较少也可能是发病率偏低的原因。

(2) 个体基因型分析

分析某患者的家庭系谱(附录图 2)可知, 红绿色盲符合伴 X 染色体隐性遗传的“母病儿必病”和“女病父必病”的“交叉遗传”特点。由于红绿色盲是隐性纯合致病, 因此, 尽管女性成员 II-4 表型正常, 其仍有可能是红绿色盲基因的携带者。而其余家庭成员均可以根据色觉表型与遗传规律, 推断出基因型。

(3) 疾病预防与治疗

红绿色盲是一种遗传性疾病, 需要通过积极措施, 如禁止近亲结婚、提倡婚前体检和遗传咨询来加以预防。红绿色盲基因携带者为女性, 因此对于有红绿色盲家族史的女性, 特别建议生育前通过遗传咨询来评估疾病再发风险和指导生育。

目前,对于遗传性红绿色盲并没有有效的治疗手段,红绿色盲的基因治疗还在探索之中。但是,许多帮助红绿色盲患者生活或改善视觉的装置已得到应用,如适用于红绿色盲的交通信号灯系统、彩色地图以及纠正色觉的特殊滤光片眼镜等。我们相信,通过加大社会关怀,借助科技应用,红绿色盲患者的生活将变得更加便利。

在这次调查中,我们熟悉了红绿色盲的主要表现及检查方法,学会了家系调查与系谱图绘制,并掌握了遗传病的特点和规律分析方法。通过最初的文献查阅直至完成调查报告,我们的自主探究、逻辑思维、科学研究与写作能力也得到了系统性锻炼与提高。

5. 参考文献

- [1] 胡诞宁. 几种主要眼遗传病在我国的发病情况与遗传规律. 遗传学报, 1988, 15(3): 231 - 236.
- [2] 赵耕春. 红绿色盲成因的遗传学分析. 生物学教学, 2021, 46(6): 74 - 75.
- [3] 刘永生, 任智安, 蒙庚阳. 红绿色盲属于单基因遗传病吗. 中学生物教学, 2015, 31(9): 64.
- [4] 何瑞, 滕道祥, 仲学军等. 红绿色盲过交通灯辅助系统的设计与实现. 科技视界, 2016, 6(17): 261.
- [5] 骆小龙, 陈玲. 红绿色盲色弱人群的地图色彩印象研究. 测绘地理信息, 2020, 45(4): 116 - 120.

3. 用抓小球的方式模拟自然选择对种群基因频率的影响

建模材料

标有“SS”的黑色小球 10 个, 标有“ Ss ”的黑色小球 20 个, 标有“ ss ”的白色小球 10 个(也可用不同颜色的硬质卡片代替小球。无论采用何种材料, 要求其质量和大小均相同, 且用隐蔽的方式标记基因型), 小桶 1~2 个。

建模过程

(1) 将代表 40 只桦尺蛾的小球放入小桶中, 模拟桦尺蛾的初始种群。

(2) 模拟初始种群中的个体被随机捕食 $1/2$ 的情况(无选择捕食): 在规定时间内, 从小桶中随机取出 20 个小球, 统计小桶中剩余 20 个小球的基因型, 分别计算 S 和 s 的基因频率, 然后将小球放回小桶。重复模拟至少 3 次, 取平均值。最后将所有小球放回小桶, 重新构建初始种群。

(3) 模拟初始种群栖息在浅色树干上, 深色个体比较容易被捕食情况(选择性捕食 1):

小贴士

建议设置初始种群中, S 基因的频率和 s 基因的频率均为 0.5。

在规定时间内,从小桶中尽可能快地取出黑色小球,然后统计小桶中剩余小球的基因型,分别计算 S 和 s 的基因频率,然后将小球放回小桶。重复模拟至少 3 次,取平均值。最后将所有小球放回小桶,重新构建初始种群。

(4) 模拟初始种群栖息在深色树干上,浅色个体比较容易被捕食情况(选择性捕食 2):在规定时间内,从小桶中尽可能快地取出白色小球,然后统计小桶中剩余小球的基因型,分别计算 S 和 s 的基因频率,然后将小球放回小桶。重复模拟至少 3 次,取平均值。

(5) 绘图比较无选择捕食以及 2 次选择性捕食条件下的基因频率变化,并分析不同选择条件下基因型频率和基因频率变化的方向和幅度。

说 明

本书根据教育部颁布的《普通高中生物学课程标准(2017年版2020年修订)》和高中生物学教科书编写,经上海市中小学教材审查委员会审查准予使用。

编写过程中,上海市中小学(幼儿园)课程改革委员会专家工作委员会,上海市教育委员会教学研究室,上海市课程方案教育教学研究基地、上海市心理教育教学研究基地、上海市基础教育教材建设研究基地、上海市生命科学教育教学研究基地(上海高校“立德树人”人文社会科学重点研究基地)及基地所在单位华东师范大学给予了大力支持。还有许多学科专家、教育专家、教研人员及一线教师给我们提出了宝贵意见和建议,感谢所有对教材编写、出版提供帮助与支持的同仁和各界朋友!

欢迎广大师生来电来函指出书中的差错和不足,提出宝贵意见。出版社电话:021-64848025。

声明 按照《中华人民共和国著作权法》第二十五条有关规定,我们已尽量寻找著作权人支付报酬。著作权人如有关于支付报酬事宜可及时与出版社联系。

本书部分图片由 IC photo 等提供。

经上海市中小学教材审查委员会审查
准予使用 准用号 II- GB-2021032



绿色印刷产品

ISBN 978-7-5478-5531-7



9 787547 855317 >

定价：3.35元