

Μελετώντας τις  
βιολογικές λειτουργίες  
μεταγραφής και  
μετάφρασης με τη  
χρήση του λογισμικού  
Gene Explorer

Παναγιώτης Κ. Στασινάκης<sup>1</sup>

Ελένη Κάτανα<sup>2</sup>

ΥΕΚΦΕ Αμπελοκήπων<sup>1</sup> & Νέας Φιλαδέλφειας<sup>2</sup>

**ΒΙΟΛΟΓΟΙ**

# Περιεχόμενα Παρουσίασης

- Εισαγωγή - Αναγκαιότητα Παρέμβασης
- Χαρακτηριστικά Gene Explorer
- Η διδακτική πρόταση

# Εισαγωγή - Αναγκαιότητα παρέμβασης



# Ιδιαίτερα χαρακτηριστικά βιολογικών συστημάτων

- **Πολυπλοκότητα-οργάνωση**, καθόλου τυχαία και με προσαρμοστικές ιδιότητες,
- **Χημική μοναδικότητα**, με μόρια ιδιαίτερων χαρακτηριστικών, π.χ. το DNA με ιδιότητες αντιγραφής,
- **Ποιοτικά χαρακτηριστικά** και **μοναδικότητες** που παράγουν ποικιλομορφία και πολυεπίπεδες, περίπλοκες και άεναες **αλληλεπιδράσεις**,
- **Γενετικό πρόγραμμα**, γενετικός χάρτης που προσδιορίζει πού και πότε θα ενεργοποιηθούν οι γενετικές πληροφορίες με μεγάλη ακρίβεια, αλλά και με διαθέσιμη ελαστικότητα που μέσω των μεταλλαγών μπορεί να οδηγήσει σε αυξημένα επίπεδα ποικιλομορφίας-το κλειδί για την εξέλιξη της ζωής,
- **Ιστορικότητα**, κοινή καταγωγή, κοινές ιδιότητες, κοινή ιστορία,
- **Φυσική επιλογή**, ένα δίπολο τυχειότητας και προκαθορισμού,
- **Απροσδιοριστία**, με υψηλό επίπεδο πιθανοκρατίας και στοχαστικότητας.

# Ανάγκη ένταξης σε διδακτικό μοντέλο – 5Ε

## Ενεργοποίηση

- Πρόσβαση σε πρότερες γνώσεις
- Εμπλοκή σε νέες γνώσεις

## Εξερεύνηση

- Διερεύνηση θεμάτων με παλαιότερες γνώσεις, σύνδεση με νέες

## Επεξήγηση

- Οι μαθητές επεξηγούν βάση νέας εμπειρίας
- Οι εκπαιδευτικοί εισάγουν νέες έννοιες

## Επεξεργασία

- Επέκταση νέων γνώσεων
- Εφαρμογή εννοιολογικής κατανόησης

## Εκτίμηση

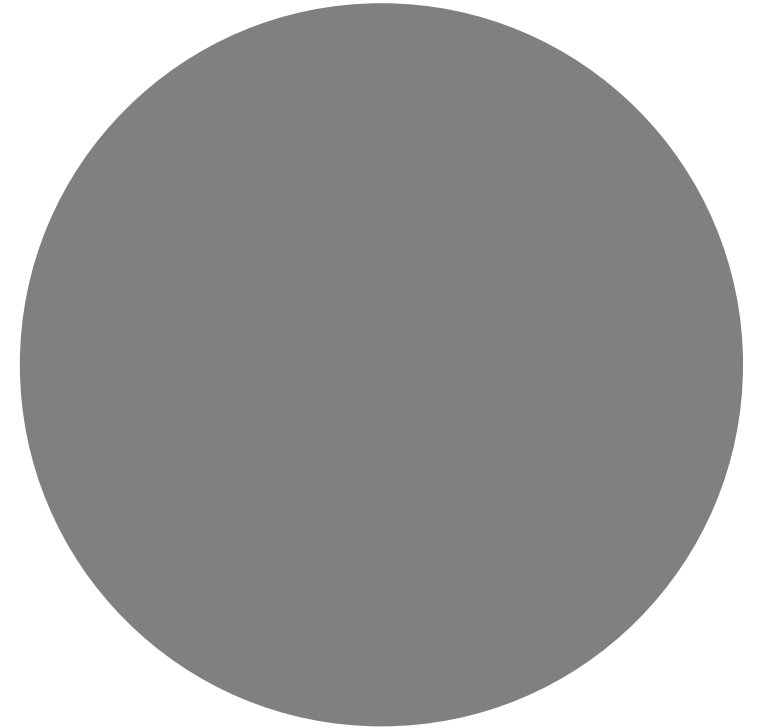
- Αξιολόγηση ως προς την επίτευξη των προσδοκώμενων διδακτικών στόχων

# Κοινές παρανοήσεις σχετικά με τις μεταλλάξεις - γενετική

- Όλες οι μεταλλάξεις έχουν αρνητικές επιπτώσεις στον οργανισμό που τις φέρει.
- Η διαπίστωση της παρουσίας μία μεταλλαγής, οδηγεί άμεσα σε διάρρησή της.
- Συγκεκριμένοι άνθρωποι φέρουν γονίδια που ευθύνονται για ασθένειες, λόγω των 'κακών' μεταλλαγών.
- Όλα τα χαρακτηριστικά καθορίζονται μόνο από γονίδια, ενώ το περιβάλλον δεν επιφέρει καμία επίδραση στο φαινότυπο.
- Οι γενετικές ασθένειες οφείλονται πάντα σε ένα γονίδιο, στην εμφάνιση των οποίων δεν έχει κάποια επίδραση το περιβάλλον.

# Χαρακτηριστικά Gene Explorer

---



Help

About

Problem Set

DNA: Promoter Terminator

10

20

30

40

50

60

70

80

90

100

110

120

5' - CAAGGCTATAACCGAGATTGATGCCTTGTGCGATAAGGTGTGTCCCCCCCCAAAGTGTTCGGATGTCGAGTGC GCGTGC AAAAAAAAAACAAAGGCGAGGACCTTAAGAAGGTGTGAGGGGGCGCTCGAT - 3'

3' - GTTCCGATATTGGCTCTAACTACGGAACACGCTATTCCACACAGGGGGGGTTTCACAGCCTACAGCTCACGCGCACGTTTTTTTTTTGTTTCCGCTCCTGGAATTCTTCCACACTCCCCCGCGAGCTA - 5'

pre-mRNA: Exon Intron

5' - CCGAGAUUGAUGCCUUGUGCGAUAAGGUGUGUCCCCCCCCAAAGUGUCGGAUGUCGAGUGCGGUGCAAAAAAAAAACAAAGGCGAGGACCUUAAGAAGGUGUGA - 3'

mature-mRNA and Protein (previous):

5' - CCGAGAUUGAUGCCUUGUGUCGGAUGUCGAGGCGAGGACCUUAAGAAGGUGUGAAAAAAAAAAAAA - 3'

N-MetProLeuSerAspValGluArgGlyPro-C

Reset DNA Sequence

Enter New DNA Sequence

Selected Base =

# Gene Explorer 2.1.0

- java applet
- κατασκευαστής Brian White
- ελεύθερο προς χρήση
- διαδραστική προσομοίωση της γονιδιακής έκφρασης



# Δυνατότητες για διδακτική χρήση

- ταιριάζει στη **διδασκτέα ύλη** της δευτεροβάθμιας εκπαίδευσης,
- διαθέτει **«ανοιχτά» χαρακτηριστικά** καθώς επιτρέπει σε μαθητές/μαθήτριες να δοκιμάσουν τη γνώση τους, να εξασκηθούν σε αλληλουχίες που οι ίδιες/ίδιοι ορίζουν,
- επιτρέπει **άμεση παρακολούθηση** των αποτελεσμάτων της μεταλλαγής καθώς οι όποιες αλλαγές είναι ορατές στα παραγόμενα mRNA και στις πεπτιδικές αλυσίδες,
- αρκετά **μικρό μέγεθος**, μόλις 247kb, συνοδευόμενο από εγχειρίδιο χρήσης όπου περιγράφονται όλες οι λειτουργίες του,
- διαθέτει **μικρούς βαθμούς ελευθερίας** εξασφαλίζοντας τόση παραμετροποίηση όση χρειάζεται ώστε να μην υπάρξει παραίτηση μαθητών/μαθητριών λόγω εμπλοκής σε περίπλοκα ζητήματα μοριακής βιολογίας,
- διαθέτει **σετ (οκτώ) προβλημάτων-ασκήσεων**, που οι συμμετέχοντες/συμμετέχουσες καλούνται να απαντήσουν και να λάβουν άμεσες απαντήσεις για την ορθότητα ή μη της λύσης τους, επιτρέποντας και αυτό-αξιολόγηση,
- ο μαθήτρια/μαθητής δουλεύει με μία **έτοιμη αλληλουχία DNA** με το δικό της υποκινητή (TATAA) και αλληλουχία λήξης της μεταγραφής (GGGGG).

# Βασικές λειτουργίες της εφαρμογής

- Σε αλυσίδα DNA, επιλέγεται κάθε φορά μία μόνο βάση (πρόσθεση, αφαίρεση, έλλειψη, εισαγωγή, αντικατάσταση).
- Άμεση μεταγραφή και μετάφραση, παρατήρηση των αποτελεσμάτων.
- Επαναφορά της επιλεγμένης αλληλουχίας στην αρχική της μορφή, καθώς και την εισαγωγή μίας νέας αλληλουχίας DNA.

# Μεταλλαγή αντικατάστασης βάσης (G→T, στη θέση 96)

Gene Explorer 2.1.0

Help About Problem Set

DNA: Promoter Terminator

10 20 30 40 50 60 70 80 90 100 110 120

5'-CAAGGCTATAACCGAGATTGATGCCTTGTGCGATAAGGTGTGTCCCCCCCCAAAGTGTTCGGATGTCGAGTGC GCGTGCAAAAAAAAAACAAAGGCGATGACCTTAAGAAGGTGTGAGGGGGCGCTCGAT-3'

3'-GTTCCGATATTGGCTCTAACTACGGAACACGCTATTCCACACAGGGGGGGTTTCACAGCCTACAGCTCACGCGCAGTTTTTTTTGTTTCCGCTACTGGAATTCTTCCACACTCCCCCGCGAGCTA-5'

# Μεταλλαγή αντικατάστασης βάσης (G→T, στη θέση 96)

Gene Explorer 2.1.0

Help About Problem Set

DNA: Promoter Terminator

10 20 30 40 50 60 70 80 90 100 110 120

5' - CAAGGCTATAACCGAGATTGATGCCTTGTGCGATAAGGTGTGTCCCCCCCCAAAGTGTGCGGATGTCGAGTGC GCGTGCAAAAAAAAAACAAAGGCGATGACCTTAAGAAGGTGTGAGGGGGCGCTCGAT - 3'

3' - GTTCCGATATTGGCTCTA ACTACGGAACACGCTATTCCACACAGGGGGGGTTTCACAGCCTACAGCTCAGCGCACGTTTTTTTTGTTTCCGCTACTGGAATTCTTCCACACTCCCCCGCGAGCTA - 5'

pre-mRNA: Exon Intron

5' - CCGAGAUUGAUGCCUUGUGCGAUAAGGUGUGUCCCCCCCCAAAGUGUCGGAUGUCGAGUGCGCGUGCAAAAAAAAAACAAAGGCGAUGACCUUAAGAAGGUGUGA - 3'

# Μεταλλαγή αντικατάστασης βάσης (G→T, στη θέση 96)

Gene Explorer 2.1.0

Help About Problem Set

DNA: Promoter Terminator

10 20 30 40 50 60 70 80 90 100 110 120

5'-CAAGGCTATAACCGAGATTGATGCCTTGTGCGATAAGGTGTGTCCCCCCCCAAAGTGTGCGGATGTCGAGTGC GCGTGCAAAAAAAAAACAAAGGCGATGACCTTAAGAAGGTGTGAGGGGGCGCTCGAT-3'

3'-GTTCCGATATTGGCTCTAACTACGGAACACGCTATTCCACACAGGGGGGGTTTCACAGCCTACAGCTCACGCGCACGTTTTTTTTGTTTCCGCTACTGGAATTCTTCCACACTCCCCCGCGAGCTA-5'

pre-mRNA: Exon Intron

5'-CCGAGAUUGAUGCCUUGUGCGAUAAGGUGUGUCCCCCCCCAAAGUGUCGGAUGUCGAGUGCGCGUGCAAAAAAAAAACAAAGGCGAUGACCUUAAGAAGGUGUGA-3'

mature-mRNA and Protein (previous):

5'-CCGAGAUUGAUGCCUUGUGCGGAUGUCGAGCGAUGACCUUAAGAAGGUGUGA-3'

N-MetProLeuSerAspValGluArg-C

N-MetProLeuSerAspValGluArgAspLeuLysLysVal-C

Reset DNA Sequence Enter New DNA Sequence Selected Base = 96



# Αδυναμίες της εφαρμογής

- Καθώς χρησιμοποιείται μία μικρή σε μήκος αλληλουχία DNA, υπάρχει ενδεχόμενο να δημιουργηθεί η παρανόηση πως η επίδραση των μεταλλαγών είναι πολύ μεγάλη, επιφέρει πάντα σημαντικές αλλαγές και οι μεταλλαγές λαμβάνουν χώρα μόνο στις σύντομες αλληλουχίες των γονιδίων. Η αδυναμία αυτή, θα πρέπει να κατευθύνει τη διδασκαλία μας προς δοκιμές με μεταλλαγές εκτός αναγνωστικού πλαισίου, ή μεταλλαγές προς συνώνυμα κωδικόνια λόγω εκφυλισμένου γενετικού κώδικα.
- Θα πρέπει να διευκρινιστεί, πως η παρέμβαση αφορά μόνο περιπτώσεις γονιδιακών μεταλλαγών και αφήνει εκτός σημαντικούς τρόπους εναλλακτικών πηγών μεταλλαγών (π.χ. μετατοπίσεις χρωμοσωμάτων ή αριθμητικές ανωμαλίες που προκύπτουν λόγω μη διαχωρισμού κατά την παραγωγή των γαμετών).





# Η διδακτική πρόταση

Βιολογία Γ Λυκείου



# Γονιδιακές μεταλλάξεις

ΕΚΠΑ ΤΜΗΜΑ ΒΙΟΛΟΓΙΑΣ - ΜΔΕ ΔΙΔΑΚΤΙΚΗ ΒΙΟΛΟΓΙΑΣ

Μάθημα ΕΚΠΑΙΔΕΥΤΙΚΗ ΤΕΧΝΟΛΟΓΙΑ

Θερινό εξάμηνο 2018

Καθηγητής Στασινάκης Παναγιώτης

Σχέδιο μαθήματος με χρήση λογισμικού Gene Explorer

Όνομα συντάκτη: ΛΑΓΩΝΙΚΑ ΦΩΤΕΙΝΗ, [mlagonika@gmail.com](mailto:mlagonika@gmail.com)

Τίτλος ενότητας: Περιπτώσεις γονιδιακών μεταλλάξεων  
και ενδεχόμενες συνέπειες στο παραγόμενο πρωτεϊνικό προϊόν

Α Λύκειο Τοσίτσειο Αρσάκειο ΕΚΑΛΗΣ

**ΚΕΦΑΛΑΙΟ 6 : ΜΕΤΑΛΛΑΞΕΙΣ, ΒΙΟΛΟΓΙΑ ΘΕΤΙΚΟΥ ΠΡΟΣΑΝΑΤΟΛΙΣΜΟΥ, Τάξη: Γ' Λυκείου**

**(Υπάρχουν πολλοί διαφορετικοί τύποι γονιδιακών μεταλλάξεων)**

**Προβλεπόμενος διδακτικός χρόνος: 2 διδακτικές ώρες**



Σας ευχαριστούμε για την προσοχή σας!!!

