

Tartu Ülikool
Loodus- ja tehnoloogiateaduskond
Loodusteadusliku hariduse keskus

Liisa Kübar

**Gümnaasiumiõpilaste arusaamise areng molekulaargeneetikast
veebipõhise õpikeskkonna „Rakumaailm“ rakendamisel**

Magistritöö

Juhendaja: Jaanika Piksööt, MSc

Tartu 2013

Sisukord

Sissejuhatus.....	3
1. Kirjanduse ülevaade.....	5
1.1 Visuaalse info esitus ja analüüs.....	5
1.2 Animatsioonide abil õppimine.....	7
1.3 Geneetikast arusaamine.....	9
2. Materjalid ja meetodika.....	11
2.1 Uuringu ülesehitus.....	11
2.2 Valim.....	12
2.3 Õpikeskkond.....	12
2.3.1. Valgu sünteesi mudel.....	14
2.3.2. Geneetilise koodi mudel.....	16
2.4 Kirjalikud küsimustikud.....	17
2.5 Töölehed.....	18
2.6 Andmeanalüüs.....	18
3. Tulemused ja arutelu.....	20
3.1 Mudelite rakendamise mõju arusaamisele molekulide ülesannetest.....	20
3.2 Arusaamise areng molekulide omavahelistest seostest.....	22
3.3 Visuaalse info analüüsioskuse areng.....	26
Kokkuvõte.....	30
Tänuavaldused.....	32
Kasutatud kirjandus.....	33
Summary.....	37
Lisad.....	39

Sissejuhatus

Loodusainete visualiseerimisel on järjest enam hakatud kasutama animatsioone (Lowe, 2003). Animatsioone saab kasutada mehaaniliste ja bioloogiliste protsesside kujutamiseks ning nende dünaamilisuse väljatoomiseks. Arvutipõhised multimeedia keskkonnad, mis sisaldavad pilte ja sõnu, pakuvad võimalust õpilaste teadmiste parandamiseks. (Hegarty, 2005). Animatsioonide abil õppimist on uuritud palju ning on leitud, et animatsioonid võivad õpilaste arusaamist dünaamilistest protsessidest nii parandada (Rieber, 1991), halvemaks muuta (Rieber, 1990) kui ka üldse mitte mõjutada (Price, 2002). Mitmetes uuringutes on leitud, et dünaamiline esitus kehtestab õpilaste kognitiivsetele võimetele suuremad nõuded ning seepärast on vaja teada, millal on kasulikum rakendada staatilist ja millal dünaamilist infot (Ainsworth, 1999; Lewalter, 2003).

Molekulaargeneetika mõistetest ja protsessidest arusaamine on õpilaste jaoks keeruline, sest nad ei saa neid protsesse ise otseselt kogeda ning need pole silmale nähtavad (Duncan & Reiser, 2007). Ka õpetajate jaoks on geneetika õpetamine raske, seda nii keeleliselt kui ka sisuliselt. Samas on geneetika nii põllumajanduse, tööstuse, meditsiini kui ka eetika kaudu seotud lähedalt meie igapäevaeluga ja seetõttu võiks olla õpilaste jaoks huvitav (Starbek jt., 2010). Arvutimudelite abil saab aga anda täpse ja rikkaliku pildi molekulidest ja nende vahelistest seostest (Rotbain jt., 2006). Ka gümnaasiumi riiklikus õppekavas (2010) soovitatakse ühe praktilise tööna uurida molekulaarbioloogilisi põhiprotsesse ja geneetilise koodi rakendusi arvutimudelitega.

Käesolevas töös uuritakse arvutimudelite rakendamise mõju õpilaste visuaalse info analüüsioskusele ning arusaamisele geneetilistest protsessidest.

Magistritööle püstitati järgmised eesmärgid:

- 1) analüüsida gümnaasiumiõpilaste arusaamise arengut molekulaargeneetikast kasutades arvutipõhiseid mudeleid;
- 2) selgitada õpilaste visuaalse info analüüsioskuse arengut mudelikasutuse tulemusena.

Uuringu eesmärkide täitmiseks viidi läbi eksperiment, mille käigus rakendati veebipõhise õpikeskkonna „Rakumaailm“ (<http://bio.edu.ee/mudelid>) kahte mudelit – geneetiline kood ja valgusüntees. Uuringus osalesid 11. klassi õpilased.

Vastavalt magistritöö eesmärkidele püstitati uurimisküsimused.

Esimeseks uurimisküsimuseks oli: kuidas areneb 11. klassi õpilaste arusaamine geneetilise info realiseerumises osalevate molekulide ülesannetest? Õpilaste arusaamise arengut DNA, tRNA ja mRNA ülesannetest analüüsiti eel- ja järelküsimustiku vastuste põhjal.

Teiseks uurimisküsimuseks oli: kuidas areneb 11. klassi õpilaste arusaamine geneetilise info realiseerumises osalevate molekulide omavahelistest seostest? Õpilaste arusaamise arengut analüüsiti eel- ja järelküsimustiku vastuste põhjal.

Kolmandaks uurimisküsimuseks oli: kuidas areneb õpilaste visuaalse info analüüsioskus mudelikasutuse tulemusena? Õpilaste visuaalse info analüüsioskusi hinnati eel- ja järelküsimustike joonise põhjal vastatavate küsimuste alusel.

1. Kirjanduse ülevaade

1.1 Visuaalse info esitus ja analüüs

Visuaalset infot on kirjeldatud kui ikoonide kogu, mille abil on võimalik seostada reaalseid objekte igapäevaeluga (Goodman, 1986). Visuaalse informatsiooni alla kuuluvad pildid, videod ja animatsioonid (Mayer, 1999). Uuringute tulemusena on leitud, et visuaalse info esitus aitab õpitavast paremini aru saada (Bucciarelli, 2007).

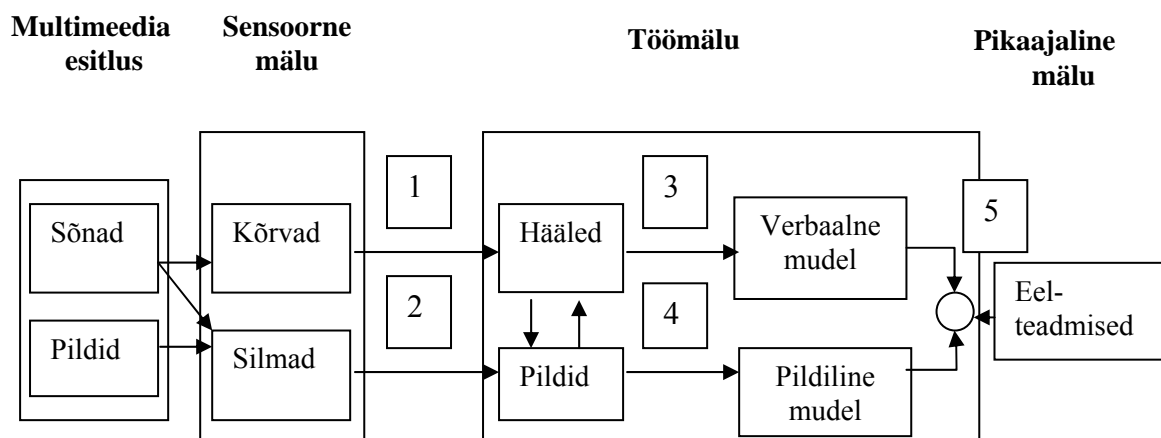
Visuaalse info saab jagada staatiliseks ja dünaamiliseks. Staatilise informatsiooni esitused on pildid ja graafikud, dünaamiline informatsioon aga on liikuvad illustratsioonid, videod ja arvutimudelid (Ainsworth & VanLabeke, 2004).

Järjest enam on hakatud õpetamisel kasutama multimeedia vahendeid (Mayer, 1999). Arvutipõhised multimeedia õpikeskkonnad, mis sisaldavad pilte ja sõnu, on efektiivsed vahendid õpilaste arusaamiste parandamiseks. Multimeedia õppimist saab iseloomustada multimeedia printsiipidega (Mayer & Moreno, 2002):

- mitmikesisitluste printsiip (*Multiple representation principle*) väidab, et on parem esitada selgitusi teksti ja piltidega, kui ainult tekstiga;
- läheduse printsiibi (*Contiguity principle*) järgi on multimeedia selgitusi parem anda, kui esitada sõnu ja pilte korraga;
- sidususe printsiip (*Coherence principle*) ütleb, et õpiprotsess on edukam, kui on välja jäetud liigsed sõnad ja hääled;
- modaalsuse printsiip (*Modality principle*) väidab, et on parem esitada sõnu kui kuuluvat jutustust, mitte kui visuaalset teksti ekraanil;
- ülearususe printsiip (*Redundancy principle*) väidab, et paremini õpitakse siis, kui on esitatud animatsioon ja jutustus, mitte animatsioon, jutustus ja tekst.

Multimeedia abil õppimist kirjeldavad ka mitmed teooriad. Mayer'i (2001) multimeedia abil õppimise kognitiivne teooria põhineb kolmel printsiibil. Esimese printsiibi kohaselt on inimesel kaks eraldi info töötlemise kanalit – verbaalne ja visuaalne. Teiseks, nende kanali-

te maht on piiratud. Kolmanda printsiibi kohaselt toimub aktiivne info töötlemine, mille käigus ehitatakse ühtne vaimne kujutis erinevatest kanalitest saadava info põhjal.



Joonis 1. Multimeedia õppimise kognitiivne teooria (Mayer, 2001). Joonisel olevad numbrid tähistavad aktiivse töötamise protsesse: 1 – sõnade selekteerimine; 2 – piltide selekteerimine; 3 – sõnade organiseerimine; 4 – piltide organiseerimine; 5 - integreerimine.

Joonisel 1 on kujutatud multimeedia õppimise kognitiivse teooria skeem. Multimeedia õppimise protsessis on materjal kujutatud viies vormis: sõnad ja pildid multimeedia esitluses, akustilised ja ikoonilised esitused sensoorses mälus, hääled ja pildid töömälus, sõnalised ja pildilised mudelid töömälus ja teadmised pikaajalises mälus. Sõnad ja pildid tulevad välisest keskkonnast multimeedia esitlusena ja sisenevad sensoorsesse mällu läbi silmade ja kõrvade. Sensoorse mälu püsivad need lühikest aega. Põhiline multimeedia õppimise töö leiab aset töömälus. Pikaajalises mälus hoitakse suurtes kogustes teadmisi pikka aega, aga aktiivseks mõtlemiseks tuleb pikaajalises mälus olev materjal tuua töömälusse (Mayer, 2001). Schnotz'i ja Lowe (2003) arvates on Mayeri loodud mudel aga liiga lihtne, et seletada, kuidas multimeedia mõjutab õpilaste kognitsiooni ja arusaamist. Nad on samuti loonud oma teooria multimeedia õppimisest. Nende mudel koosneb kirjeldavast ja kujutavast esitusest (Schnotz & Lowe, 2003).

Multimeedia õpikeskkondade disainiprintsiipide efektiivsus sõltub õpilaste eelteadmistest: disainiprintsiibid, mis aitavad väheste teadmistega õpilasi, ei pruugi aidata või võivad isegi takistada kõrgete eelteadmistega õpilaste teadmiste ja oskuste arengut. Peamine probleem eelteadmiste printsiibi juures puudutab töömälu informatsiooni seotust informatsiooniga, mis paikneb pikaajalises mälus. Esitades üksikasjalikud selgitavad juhendid kõrgete eel-

teadmistega õpilastele, võib see takistada juba olemasolevate skeemide rakendamist. (Kalyuga, 2005).

Erinevad uuringud on näidanud mitmikesisitluste (*multiple representations*) positiivset mõju õppimise kognitiivsetele protsessidele ja õpilaste probleemilahendamisoskustele. Mitmikesisitlustel on kolm peamist funktsiooni: nad annavad täiendavat informatsiooni, et toetada õppimist. Neid saab kasutada seoste loomiseks ja kolmandaks, nad aitavad konstrueerida sügavamalt arusaamist (Ainsworth, 1999).

1.2 Animatsioonide abil õppimine

Visuaalse info üks esitamise vorme on animatsioon (Mayer & Moreno, 2002). Animatsiooni defineeritakse kui pildilist esitust, mis muudab oma struktuuri või teisi omadusi aja jooksul (Schnotz & Lowe, 2008). Animatsioone kasutatakse sageli õpetamisel, et aidata õpilastel paremini aru saada keerulistest protsessidest, mis muutuvad ajas ja ruumis (Ainsworth & VanLabeke, 2004).

Animatsioonidel saab eristada kolme osa: pilt, liikumine ja simulatsioon. Pilt on pildilise esitusviisi vorm ja animatsioon kujutab liikumist. Animatsioon koosneb objektidest, mis on tekitatud simulatsioonimeetodiga (Mayer & Moreno, 2002).

Animatsioonidel kujutatud komponentidega toimub tavaliselt kolme tüüpi muutusi:

- vormi muutused ehk transformatsioonid;
- positsiooni muutused ehk translatsioonid;
- ülemineku muutused ehk transitsioonid.

Transformatsiooni puhul toimuvad muutused objektide kuju, suuruse ja struktuuriga. Translatsiooni korral toimuvad objekti asukoha muutused. Transitsiooni korral võivad visuaalselt esitatud osad kaduda ja uuesti ilmuda (Lowe, 2003).

Animatsioonide mõju õppimisele on uuritud palju ning on leitud nii positiivseid kui ka negatiivseid külgi.

Animatsioonide eeliseks on info dünaamilisus (Lowe, 2003). Pildilised kujutavad representatsioonid (animatsioonid) aitavad võrreldes sümboliliste kirjeldavate representatsioonidega (staatilised pildid) luua õppijal relevantse sisemise representatsiooni (Schnotz & Bannert, 2003). Kuna animatsioonid on pidevad, annavad nad rohkem informatsiooni kui staatilised pildid. Näiteks on animatsioonidel kõik protsessides toimuvad muutused näidatud väikeste üksteisele järgnevate sammudena (Betrancourt & Tversky, 2000).

Ka on animatsioonide puhul võimalik protsesse uuesti alustada ja peatada ning tänu sellele saab keskenduda eri osadele ja tegevustele (Marbach-Ad jt., 2008).

Põhjus, miks animatsioonid võivad olla väheefektiivsed, on nende lühiaegsus. Paljud animatsioonid esitavad dünaamilist muutuvat informatsiooni konstantsel kiirusel. Sellisel juhul võib õppijal olla keeruline töödelda informatsiooni, mis on nähtav ainult lühikest aega (Ainsworth & VanLabeke, 2004). Ühilduvuse printsiibiga (*congruence principle*) saab põhjendada animatsiooni väheefektiivsust, kui õpitav protsess ei ole dünaamiline või protsessi dünaamilisusest arusaamine pole protsessi mõistmiseks vajalik (Tversky jt., 2002). Animatsioonide puuduseks on ka see, et nende abil õppides võib õpilasel tekkida töömälu ülekoormus või alakoormus. Ülekoormuse puhul saadakse korraga liiga palju informatsiooni ning võib tekkida vale arusaamine. Alakoormuse korral ei pea õpilased piisavalt pingutama, nad teavad animatsioonis näidatavaid asju juba varem ning nad ei mõtle kaasa. Sellistel juhtudel pole õpiprotsessi tulemus sugugi parem kui ilma animatsioonideta õppides (Lowe, 2003).

Kognitiivse koormuse teooria (*cognitive load theory*) järgi on optimaalsed need õppimistingimused ja meetodikad, mis arvestavad inimese kognitiivse toimimisega. Õpilaste töömälu on oma mahult ja kestuselt piiratud ning seda tuleks arvesse võtta õppematerjalide koostamisel. Animatsioonid on sageli lühiaegsed ning see tekitab kõrge kognitiivse koormuse töömälule (Sweller jt., 1998).

Animatsioonide kasutamise kohta õpetamisel ja õppimisel on antud järgmisi soovitusi (Barak & Dori, 2011; Hoffler & Leutner, 2007) :

- animatsioone tuleks kasutada juhul, kui on tegemist keeruliste ruumiliste struktuuride ja dünaamiliste protsessidega,
- animatsioone peaks siduma sõnaliste selgitustega,
- neid tuleks kasutada ainult siis, kui need on otseselt seotud õppekavaga,

- neil peaks olema oluline täiendav panus õpiprotsessi,
- nad peaksid kaasa aitama aktiivsele õppimisele,
- neid ei peaks kasutama, kui õpilastel on võimalik kujutada ette nähtust ka ilma animatsioonita.

Mitmetes uuringutes on analüüsitud ka liikumatute piltide ja animatsioonide erinevusi. Lewalter (2003) uuris animatsioonide ja liikumatute piltide erinevusi nende mõjust õppimisele. Ta leidis, et dünaamiliste protsesside esitamiseks on animatsioonid paremad, kuid faktide õppimisel ei olnud vahet, kas kasutati animatsioone või staatilisi pilte (Lewalter, 2003).

1.3 Geneetikast arusaamine

Molekulaargeneetika muutus aktuaalseks 20. sajandi teisel poolel, kui Watson ja Crick avastasid DNA struktuuri. Tänu sellisele avastusele tekkisid mitmed uued erialad, nagu näiteks geenitehnoloogia ning see mõjutas ka mitmeid olemasolevaid erialasid (Marbach-Ad jt., 2008).

Geneetika õppimine on paljude õpilaste jaoks keeruline ja see ei motiveeri neid (Tsui ja Treagust, 2003). Mitmed teadlased arvavad, et geneetikat peaks hakkama õpetama juba noortele õpilastele, samas kui teised leiavad, et noorematel kui 16-aastastel ei ole kognitiivne tase veel nii arenenud, et geneetikast aru saada (Deadman & Kelly, 1978). On ka leitud, et paljudel üle 17-aasta vanustel õpilastel ning isegi üliõpilastel on raskusi molekulaargeneetika õppimisel. Hallden (1988) intervjueris õpilasi evolutsiooni ja geneetika osas peale nende teemade koolis läbimist. Õpilased olid ka ise üllatunud, et nad ei osanud luua loogilisi seoseid kromosoomide ja geenide ning Mendeli seaduse ja meioosi vahel.

Teadlased on leidnud mitmeid põhjusi, miks geneetika õppimine on õpilaste jaoks raske.

Üks põhjus, miks geneetikast arusaamine on raske, on keerulised abstraktsed mõisted ja protsessid (Knippels jt., 2005). Kuna protsessid toimuvad erinevatel tasanditel, nagu geenid, rakud, koed, organid, on õpilastel neid raske seostada. Kui geneetikat õpetatakse makrotasandil, siis õpilased saavad sellest aru. Mikro- ja molekulaarsel tasandil nad aga ei

mõista seoseid geneetiliste tunnuste ja geneetilise materjali vahel (Hallden, 1988). Arusaamatuks muudab asja ka see, et õpilased neid protsesse ise otseselt kogeda ei saa (Marbach-Ad & Stavy, 2000). Banet ja Ayuso (2000) leidsid, et sisukas arusaamine geneetikast nõuab teatud tasemel abstraktset mõtlemist.

Arusaamine molekulaargeneetikast nõuab mõistmist erinevatest ontoloogilistest tasemetest – informatsiooni tasand, mis sisaldab geneetilist informatsiooni ja füüsiline tasand, mis sisaldab hierarhiliselt organiseeritud biofüüsikalisi üksuseid nagu valgud, rakud, koed jne. See kaardistamine nõuab arusaamist sellest, mida geneetiline informatsioon määrab ja kuidas füüsiliste üksuste süsteem vahendab selle mõju (Duncan & Reiser, 2007).

Geneetiliste protsesside mõistmiseks on vaja tunda kolme omavahel seotud kontseptuaalset tasandit (Stewart jt., 2005):

- geneetiline mudel – pärandumise seaduspärasused;
- meiootiline mudel – protsessid rakus, mis tulemusena toimub geenide rekombinatsioon ja ülekandumine järgmistele põlvkondadele;
- molekulaarne mudel – geene ja nende bioloogilist tulemit siduvad mehhanismid.

Keeruliste geneetiliste protsesside selgitamiseks kasutatakse sageli arvutimudeleid. Tsui ja Treagust (2007) on leidnud, et mitmikesitluste kasutamine aitas kaasa õpilaste ettekujutusele geenist. Marbach-Ad, Rotbain ja Stavy (2008) usuvad, et molekulaargeneetika nähtusi ja protsesse saab animatsioonide abil paremini mõista mitmetel põhjustel. Esiteks saab animatsioonidega kujutada molekulide struktuuri ja omavahelisi seoseid. Samuti saavad õpilased arendada oma kujutlemisvõimet ning võimet mõelda keemilistest protsessidest molekulaarsel tasandil.

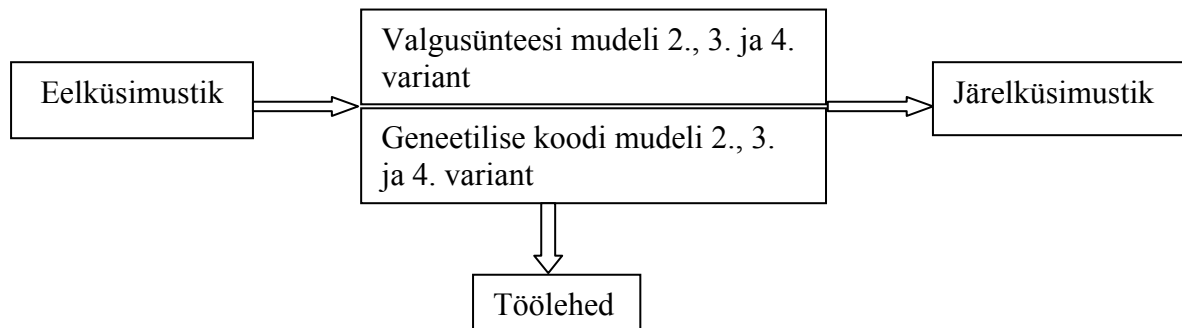
Ka käesolev töö uurib arvutimodelite tulemuslikkust molekulaargeneetikast arusaamisel.

2. Materjalid ja meetoodika

Vastavalt töö eesmärkidele viidi 11. klasside õpilaste seas läbi eksperiment, mille käigus kasutati veebipõhise õpikeskkonna „Rakumaailm“ geneetilise koodi ja valgusünteesi mudelid. Uuringu jaoks vajalike andmete kogumiseks koostati geneetilise koodi ja valgusünteesi teemalised töölehed ning eel- ja järelküsimustikud.

2.1 Uuringu ülesehitus

2012. aasta kevadel viidi läbi eksperiment 11. klassi õpilastega kahest Tartu koolist, mille käigus rakendati veebipõhise õpikeskkonna „Rakumaailm“ kahte mudelit: geneetiline kood ja valgusüntees. Uuring koosnes neljast osast (joon. 1): 1) eelküsimustik, 2) tund arvutiklassis valgusünteesi mudeli ja töölehega, 3) tund arvutiklassis geneetilise koodi mudeli ja töölehega ning 4) järelküsimustiku täitmine. Uuring viidi koolides läbi peale vastavate teemade läbimist.



Joonis 2. Uuringu kavand

Uuringu alguses täitsid õpilased eelküsimustiku, mille abil tehti kindlaks õpilaste esialgne arusaamine geneetilise koodi ja valgusünteesi protsessidest. Eelküsimustiku täitmine võttis aega 20 minutit.

Järgnevalt toimusid kaks arvutitundi, mõlema tunni kestvus oli 45 minutit. Uuringus osalenud õpilased töötasid esimeses tunnis valgusünteesi mudeliga ja teises geneetilise koodi mudeliga. Mõlemal mudelil lahendati 2., 3. ja 4. varianti. Mudeliga töötades täideti samal ajal ka vastava mudeli töölehte.

Arvutiklassi tundidele järgnevas tunnis täitsid õpilased järelküsimumstiku, et kontrollida rakendatud mudelite mõju arusaamisele nendest protsessidest. Järelküsimumstiku täitmiseks kulus õpilastel 20 minutit.

2.2 Valim

Magistritööks vajalike andmete kogumiseks moodustati mugavusvalim (Cohen jt., 2007). Lõppvalimi moodustasid 103 õpilast kahe Tartu kooli 11. klassidest: Tartu Kommertsgümnaasiumist (n=36) ja Tartu Kivilinna Gümnaasiumist (n=67). Lõppvalimisse kuulusid õpilased, kes olid täitnud eel- ja järelküsimumstiku ning osalenud mõlemas arvutitunnis. Andmeid koguti 2012. aasta märtsis ja aprillis.

Pilootuuring instrumentide valideerimiseks viidi läbi 2010. aasta detsembris, valimisse kuulus 31 õpilast Mart Reiniku Gümnaasiumi 12. klassidest.

2.3 Õpikeskkond

Veebipõhine õpikeskkond „Rakumaailm“ (<http://bio.edu.ee/mudelid>) on loodud Tartu Ülikooli loodusteadusliku hariduse keskuses. Õpikeskkonnas saab mudelite vahendusel tutvuda päristuumses rakus toimuva 10 bioloogilise protsessiga. Neist enamikku käsitletakse ka koolibioloogia gümnaasiumiosas.

Õpikeskkonnas on mudelid järgnevate protsesside kohta: membraantransport, glükoosi lagundamine, fotosüntees, DNA süntees, geenide avaldumine, RNA süntees, valgusüntees, geneetiline kood, lihasraku kokkutõmbumine ja sünap. Igal mudelil on neli varianti. Kahe esimese variandi puhul tuleb lisada mudelile sobivaid molekule või rakuosi, nii et vastav bioloogiline protsess ülesandes esitatud viisil tööle hakkaks. Kahes järgnevas variandis protsess juba töötab, kuid õpilasel tuleb seda muuta, et saada teistsugune tulemus. Mudeliga töötamisel on õpilasele abiks teoorialeht ja kasutusjuhend.

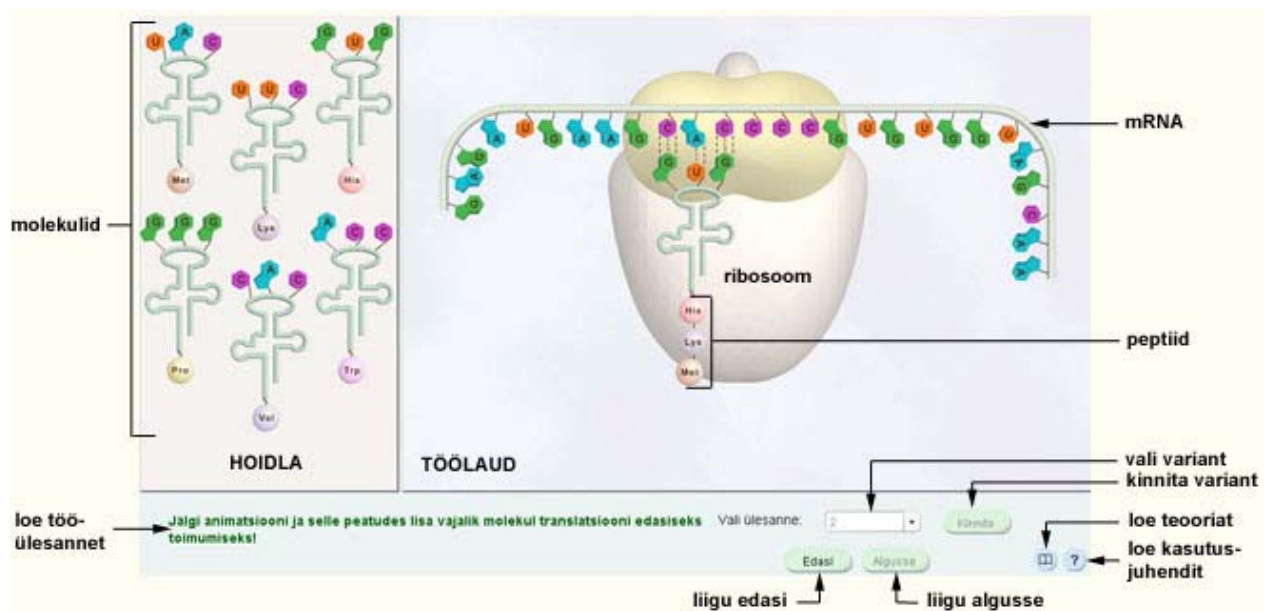
Õpikeskkond „Rakumaailm“ koosneb õpilase-, õpetaja- ja administraatorikeskkonnast. Õpetajakeskkonna kasutamiseks on vaja ennast eelnevalt kasutajaks registreerida ning sis-

se logida. Õpetajakeskkonda sisenedes avaneb koolide tabel, kus saab määrata igale klassile sobiva mudeli ja ülesandevariandi. Ülesande valimisega moodustab programm sellele viiesümbolilise koodi, millega õpilased saavad keskkonda siseneda. Selle koodiga sisenenud õpilaste teostatud operatsioonide tulemused ja lisaküsimuste vastused salvestuvad õpetajakeskkonda. Õpetajakeskkonnas saab määrata, kas õpilane peab lisaküsimustele vastama. Käesolevas töös lisaküsimusi ei kasutatud. Ülesannete lahendamise eest paneb programm õpilasele ka hinde.

Õpilasekeskkonnas töötavad õpilased õpetaja poolt määratud mudelivariandiga. Keskkonda sisenedes sisestab õpilane oma ees- ja perekonnanime ning õpetaja antud koodi. Õpikeskkonnas saab töötada ka ilma registreerumata, kuid sellisel juhul nende andmed ei salvestu.

Administraatorikeskkonda kasutavad „Rakumaailma“ loojad ja arendajad.

„Rakumaailma“ mudelid jagunevad kahte ossa: vasakul on hoidla molekulide või rakuosadega ning paremal töölaud animatsiooniga (joonis 3).



Joonis 3. Kuvapilt mudelite ülesehitusest.

Mudeliga töö alustamiseks tuleb kõigepealt valida sobiv variant ning vajutada nupule „Kinnita“, peale mida käivitub animatsioon. Mudeli alumises servas on tööülesanne. Hoid-

last saab lohistada molekulile töölauale ja vajadusel ka sealt tagasi hoidlasse. Peale sobiva molekuli töölauale viimist tuleb vajutada nupule „Edasi“. Kui valitud molekul oli vale, siis ilmud ekraanile veateade. Siis tuleb viia toodud molekul tagasi hoidlasse ning valida uus. Kui animatsioon lõpeb, siis näeb õpilane, mitu õiget ja valet operatsiooni teostati ning mis on tema hinne. Hinne moodustus õigete ja valede operatsioonide alusel.

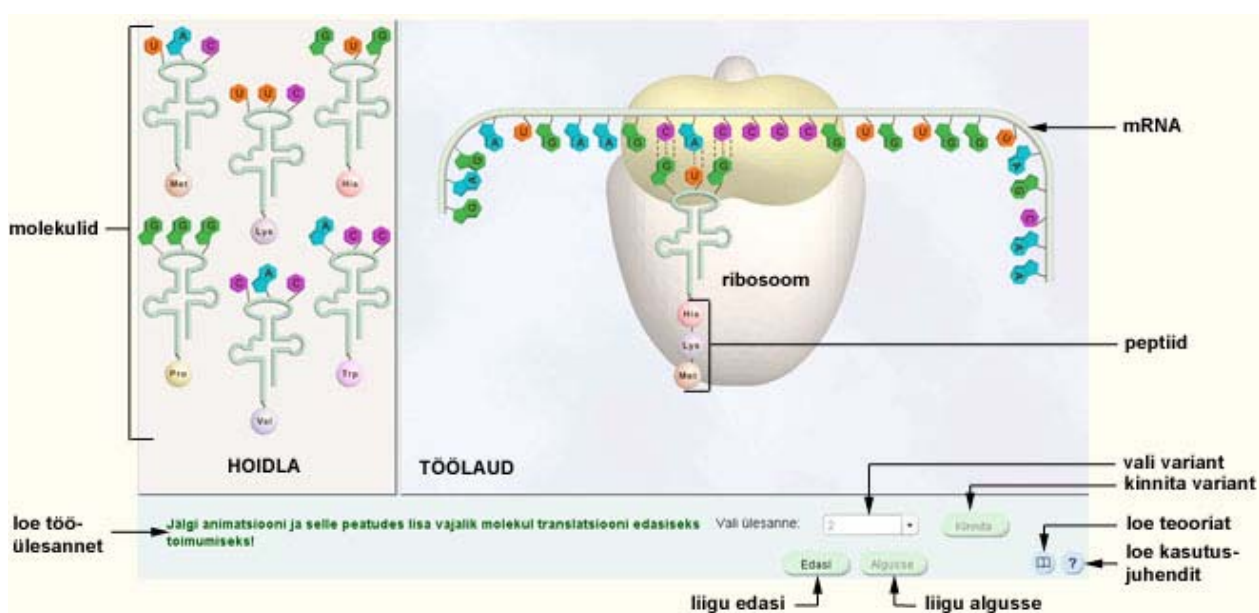
Ülesannete lahendamisel on õpilastele abiks teoorialeht ja mudeli kasutusjuhend, nende kohta on mudelil juures vastavad nupukesed „Teooria“ ja „Abi“. Teoorialehel saab vajalikke teadmisi mudelil kujutatud protsessidest arusaamisest. Kasutusjuhend selgitab, kuidas mudelit õigesti kasutada.

Käesolevas uuringus kasutati „Rakumaailma“ geneetilise koodi ja valgusünteesi mudeleid.

2.3.1. Valgusünteesi mudel

Valgusünteesi mudeli abil saab uurida geneetilise info realiseerumist ning seda, kuidas mRNA nukleotiidide muutmine mõjutab valgu aminohappelist järjestust.

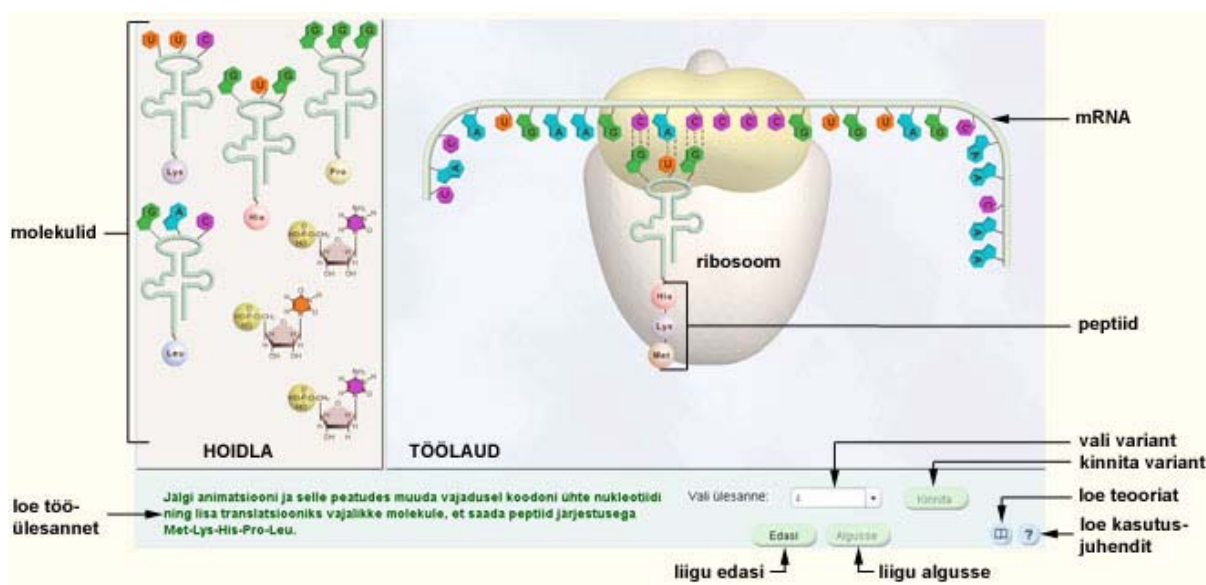
Sellel mudelil on neli varianti, uuringus osalenud õpilased kasutasid 2., 3. ja 4. varianti. Teise variandi puhul on molekulide hoidlas kuus erinevat tRNA molekuli (joonis 4).



Joonis 4. Valgusünteesi 2. mudelivariandi kuvapilt.

Mudeli teise variandi tööülesandes tuli õpilasel jälgida animatsiooni ja selle peatudes lisada vajalik molekul translatsiooni edasiseks toimumiseks. tRNA lisamiseks tuli hoidlast valida sobiv nukleotiid ja tuua see töölauale.

Mudeli kolmandas ja neljandas variandis tuli õpilasel jälgida animatsiooni ja selle lõppedes lisada vajalikke molekule, et saada kindla aminohappelise järjestusega peptiid. Muuta oli vaja ka koodoni ühte nukleotiidi. 3. ja 4. variandi puhul oli hoidlas seitse erinevat molekuli – neli tRNA molekuli, kaks ribonukleotiidi ja desoksüribonukleotiid (joonis 5).



Joonis 5. Valgusünteesi 4. mudelivariandi kuvapilt.

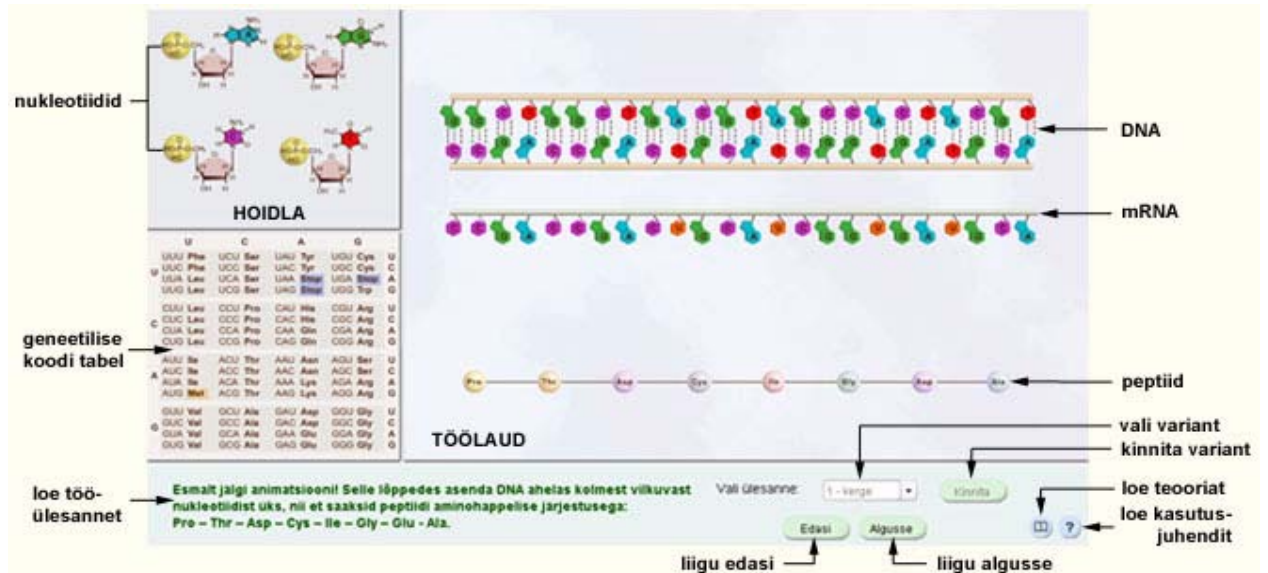
Nukleotiidi vahetamiseks tuli teha klõps vahetataval nukleotiidil ja siis tuua hoidlast töölauale sobiv nukleotiid.

Mudeli kasutamisel aitasid õpilast kasutusjuhend ja teoorialeht. Teoorialehelt sai õpilane teadmisi mudeli kasutamiseks, samuti oli teoorialehel selgitatud põhimõisteid ja protsesse. Kasutusjuhendis selgitati, mida saab mudeliga uurida ning kuidas vahetada nukleotiide ja lisada molekule.

2.3.2. Geneetilise koodi mudel

Geneetilise koodi mudeliga saab uurida geneetilise info realiseerumist ja seda, mil viisil mõjutab geneetiline kood sünteesitavaid valke.

Mudel jaguneb kaheks osaks – paremal on töölaud animatsiooniga ning vasakul geneetilise koodi tabel ja hoidla nelja erineva nukleotiidiga (joonis 6).



Joonis 6. Geneetilise koodi mudeli kuvapilt.

Alustamiseks tuleb klikkida nupul „Kinnita“, mille järel ilmub töölaual DNA lõik ja käivitub animatsioon. Animatsioon näitab, kuidas sünteesitakse selle DNA ühe ahelaga komplementaarne mRNA molekul ja seejärel peptiid.

Geneetilise koodi mudelil on neli varianti, igal variandil on kaks raskusastet. Lihtsamates variantides on töölaual DNA, mRNA ja peptiid. Raskemates variantides kaob mRNA peale animatsiooni lõppu.

Mudeliga töötades tuleb õpilasel vahetada nukleotiide DNA ahelas, et saada ülesandes nõutud järjestusega peptiid. Vahetada saab neid nukleotiide, mis hakkasid vilkuma. Õpilasel on kasutamiseks ka geneetilise koodi tabel, mille järgi saab otsustada, millist nukleotiidi vahetada.

Uuringus osalenud õpilased kasutasid geneetilise koodi mudeli 2., 3. ja 4. varianti. Teises variandis tuli õpilasel vahetada DNA ahelas kolmest vilkuvast nukleotiidist kaks, et saada valgu aminohappelises järjestuses kaks muutust. Kolmandas variandis oli vaja muuta DNA ahelas kolmest vilkuvast nukleotiidist kahte, et saada peptiidi aminohappelises järjestuses

üks muutus. Neljandas variandis tuli õpilasel muuta kolmest vilkuvast nukleotiidist kaks, et saada üks muutus peptiidi aminohappelises järjestuses ning valgusüntees lõpeks varem. Sobiva nukleotiidi sai lohistada asendatava nukleotiidi kohale ning vajutada nupule „Edasi“.

Mudeli kasutamisel aitasid õpilaste kasutusjuhend ja teoorialeht. Kasutusjuhendist sai teada, mida saab mudeliga uurida, kuidas mudelit kasutada ning millised on mudeli osad. Teoorialeht aitas õpilastel aru saada mudeli protsessidest ja komponentidest.

2.4 Kirjalikud küsimustikud

Käesoleva magistritöö uurimisküsimustele vastuste saamiseks koostati eel- (lisa 1) ja järelküsimustikud (lisa 2). Eelküsimustikuga selgitati õpilaste esialgne arusaamine vastavatest protsessidest, järelküsimustikuga uuriti mudelite kasutamise tulemuslikkust. Eel- ja järelküsimustik olid identsed, kuid muudetud oli küsimuste järjekorda.

Eel- ja järelküsimustik koosnes neljast küsimusest, iga küsimus omakorda koosnes mitmest alaküsimusest. Kõik küsimused olid vabavastuselised.

Eelküsimustiku esimese küsimusega taheti teada kolme geneetilise info realiseerumises osaleva molekuli peamisi funktsioone. Teine küsimus tuli vastata joonise põhjal, kust tuli ära tunda komponendid, millele oli noolega viidatud. Lisaks tuli vastata selle pildi põhjal viiele küsimusele. Kolmandas ülesandes tuli vastata kolmele küsimusele geneetilise info realiseerumises osalevate molekulide omavaheliste seoste kohta. Eelküsimustiku neljandas ülesandes oli esitatud geneetilise koodi tabel, mille abil tuli vastata kuuetele küsimusele.

Eel- ja järelküsimustiku analüüsiga sooviti leida vastus esimesele uurimisküsimusele: kuidas areneb 11. klassi õpilaste arusaamine geneetilise info realiseerumises osalevate molekulide ülesannetest? Arusaamist geneetilise info realiseerumises osalevate molekulide ülesannetest uuriti eelküsimustiku esimese küsimusega (järelküsimustiku kolmas küsimus). Selle küsimuse juures taheti teada kolme molekuli peamisi funktsioone. Need molekulid olid tRNA, mRNA ja DNA.

Teise uurimisküsimusega taheti teada, kuidas areneb 11. klassi õpilaste arusaamine geneetilise info realiseerumises osalevate molekulide omavahelistest seostest. Geneetilise info realiseerumises osalevate molekulide omavaheliste seoste kohta olid eelküsimustikus küsimused 3 ja 4 (järelküsimustikus 1 ja 2). Kolmanda küsimuse juures oli vaja vastata kolmele küsimusele molekulide omavaheliste seoste kohta. Neljandas küsimuses oli vaja lahendada ülesanded, kasutades geneetilise koodi tabelit.

Kolmanda uurimisküsimusega taheti selgitada, kuidas areneb õpilaste visuaalse info analüüsioskus mudelikasutuse tulemusena. Õpilaste visuaalse info analüüsioskusi hinnati eel- ja järelküsimustiku joonise põhjal vastatavate küsimuste alusel. Eelküsimustikus käsitles seda 2. küsimus (järelküsimustiku 4), kus oli vaja pildilt ära tunda viidatud molekulid ja komponendid ning vastata selle pildi põhjal viiele küsimusele.

2.5 Töölehed

Käesolevas töös kasutati mudelitega töötamiseks valgusüntheesi (lisa 3) ja geneetilise koodi (lisa 4) teemalisi töölehti.

Selleks, et õpilased tutvuksid esmalt mudeli teooriaosaga, oli kummagi töölehe alguses kolm küsimust, millele sai vastata teoorialehe põhjal. Järgmised ülesanded käsitlesid mudelil toimuvaid protsesse ning jagasid õpilasele juhiseid mudelite kasutamiseks. Töölehe lõpus oli küsimus, millele tuli vastata, kasutades mudeli abil saadud teadmisi. Valgusüntheesi töölehel küsiti õpilastelt selgitust, kuidas mRNA nukleotiidide vahetused mõjutavad valgu aminohappelist järjestust. Geneetilise koodi töölehel tuli õpilastel viimase küsimuse juures selgitada, kuidas DNA järjestuse muutmine muudab peptiidi järjestust.

2.6 Andmeanalüüs

Eel- ja järelküsimustiku andmed kodeeriti ning kanti MS Excel 2007 tabelisse. Õpilaste vastused eel- ja järelküsimustikes kodeeriti järgmiselt: 2 – vastus õige, 1 – vastus osaliselt õige, 0 – vastus vale või puudub.

Andmete edasiseks analüüsiks kasutati statistikaprogrammi IBM SPSS 18 (*Statistical Package of Social Studies*) *Wilcoxon signed-ranks* testi. *Wilcoxon signed-ranks* testiga hinnati õpilaste arusaamise ja visuaalse info analüüsioskuse arengut töölehtede ja arvuti-mudelite rakendamise tulemusena. Kuna andmed ei vastanud normaaljaotusele, kasutati mitteparameetrilist statistikat (Howitt & Cramer, 2005).

3. Tulemused ja arutelu

Magistritööle seatud eesmärkide saavutamiseks kasutati eel- ja järelküsimustikku, arvuti-põhiseid geneetilise koodi ja valgusünteesi mudeleid ning töölehti. Saadud andmed võimaldasid hinnata arvutimudelitega teostatud operatsioonide ja töölehtede mõju õpiprotsessi tulemuslikkusele ja visuaalse info analüüsisioskusele.

3.1 Mudelite rakendamise mõju arusaamisele molekulide ülesannetest

Käesoleva magistritöö esimese uurimisküsimusega sooviti selgitada, kuidas areneb 11. klassi õpilaste arusaamine geneetilise info realiseerumises osalevate molekulide ülesannetest. Uurimisküsimusele vastuse saamiseks analüüsiti eel- ja järelküsimustiku vastuseid *Wilcoxon signed-rank* testiga.

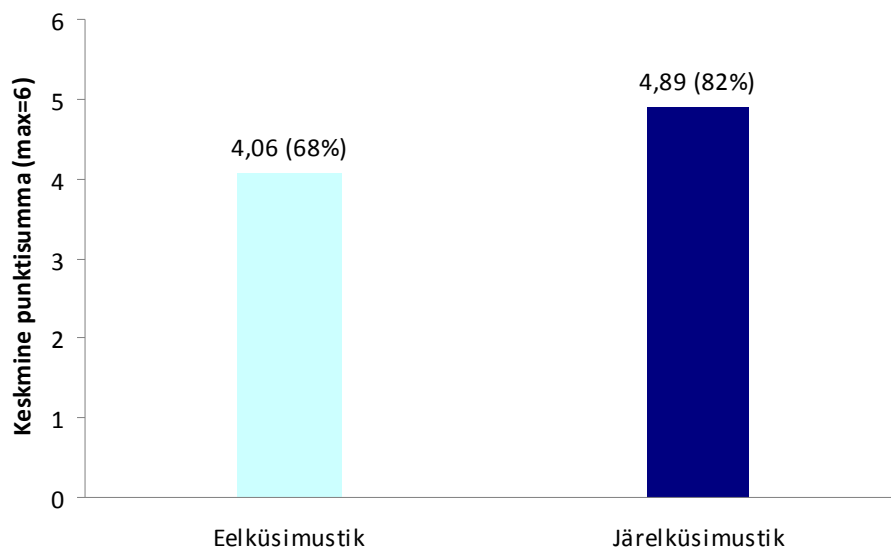
Geneetilise info realiseerumises osalevate molekulide ülesannete kohta oli eelküsimustikus küsimus nr. 1. Selle küsimuse juures oli vaja teada kolme molekuli – DNA, tRNA ja mRNA – funktsioone. Maksimaalselt andis iga küsimus kaks punkti. Tulemused on esitatud tabelis 1.

Tabel 1. Õpilaste (n=103) arusaamise areng molekulide funktsioonidest eel- ja järelküsimustiku vastuste alusel analüüsituna *Wilcoxon signed-rank* testiga.

Molekul	Eelküsimustik (max=2)	Järelküsimustik (max=2)	Z	p
DNA	1,61 (81%)	1,79 (89%)	-1,732	<0,05
tRNA	1,42 (71%)	1,67 (84%)	-2,137	<0,05
mRNA	1,03 (51%)	1,44 (72%)	-3,063	<0,05

Tabelis 1 on toodud keskmised punktisummad, mis molekulide funktsioonidele vastates saadi. Õige vastus andis kaks punkti, kokku oli võimalik saada selle ülesande eest kuus punkti. Pärast mudelite ja töölehtedega töötamist oli õpilaste arusaamine nii DNA, tRNA kui ka mRNA funktsioonidest arenenud statistiliselt olulisel määral. Kõige vähem arenes õpilaste arusaamine DNA funktsioonist ($Z=-1,732$; $p<0,05$), kuid selle küsimuse eest saadav punktisumma oli juba eelküsimustikus kõige suurem, selle eest saadi keskmiselt 1,61 punkti ehk 81% maksimumist. Järelküsimustikus saadi keskmiselt 1,79 punkti, mis on 89% maksimumist. Järelikult paranesid tulemused 8%. Kõige vähem punkte nii eel- kui ka järelküsimustikus saadi mRNA funktsioonile vastamise eest. Samas oli õpilaste areng selle küsimuse puhul kõige suurem ($Z=-3,063$; $p<0,05$). Eelküsimustikus saadi mRNA funktsioonile vastates keskmiselt 1,03 punkti ehk 51% maksimumist ja järelküsimustikus 1,44 ehk 72% maksimumist. Tulemused paranesid seega 21%. tRNA funktsioonile vastates saadi eelküsimustikus keskmiselt 1,42 punkti ja järelküsimustikus 1,67 punkti. Selle küsimuse puhul arenesid tulemused 13%. ning areng oli statistiliselt oluline ($Z=-2,137$; $p<0,05$).

Keskmine saadud punktisumma kolme molekuli kohta summeerituna on näidatud joonisel 7.



Joonis 7. Õpilaste ($N=103$) arusaamine molekulide funktsioonidest eel- ja järelküsimustiku vastuste alusel analüüsitud *Wilcoxon signed-rank* testiga ($Z=-3,234$; $p<0,01$).

Joonisel 7 on näha keskmine tulemus, mis saadi, vastates kolme molekuli funktsioonile. Kuna iga õige vastus andis kaks punkti, siis maksimaalselt oli võimalik saada kuus punkti. Eelküsimustikus saadi sellele küsimusele vastates keskmiselt 4,06 punkti, mis on 68%

maksimumist ning järelküsimumistikus 4,89 punkti ehk 82% maksimumist. Seega tulemused paranesid 14%. Mudelite ja töölehtedega töötanud õpilaste arusaamine molekulide funktsioonidest arenes statistiliselt olulisel määral ($Z=-3,234$; $p<0,01$).

Õpilaste eel- ja järelküsimumustike võrdlusest selgus, et mudelite ja töölehtede rakendamine aitas kaasa õpilaste arusaamisele geneetilise info realiseerumises osalevate molekulide ülesannetest. Õpilaste arusaamises toimus statistiliselt oluline areng. Ka varasemates uuringutes on jõutud järeldustele, et arvutimudelite kasutamine aitab kaasa õpilaste arusaamisele geneetilistest protsessidest (Tsui & Treagust, 2003; Marbach-Ad jt., 2008).

3.2 Arusaamise areng molekulide omavahelistest seostest

Magistritöö teise uurimisküsimumusega taheti teada, kuidas areneb 11. klassi õpilaste arusaamine geneetilise info realiseerumises osalevate molekulide omavahelistest seostest. Uurimisküsimumusele vastuse saamiseks analüüsiti eel- ja järelküsimumustiku vastuseid *Wilcoxon signed-rank* testiga.

Geneetilise info realiseerumises osalevate molekulide omavahelistest seostest arusaamist uuris eelküsimumustiku küsimus nr. 3. Tulemused selle küsimuse kohta on näidatud tabelis 2.

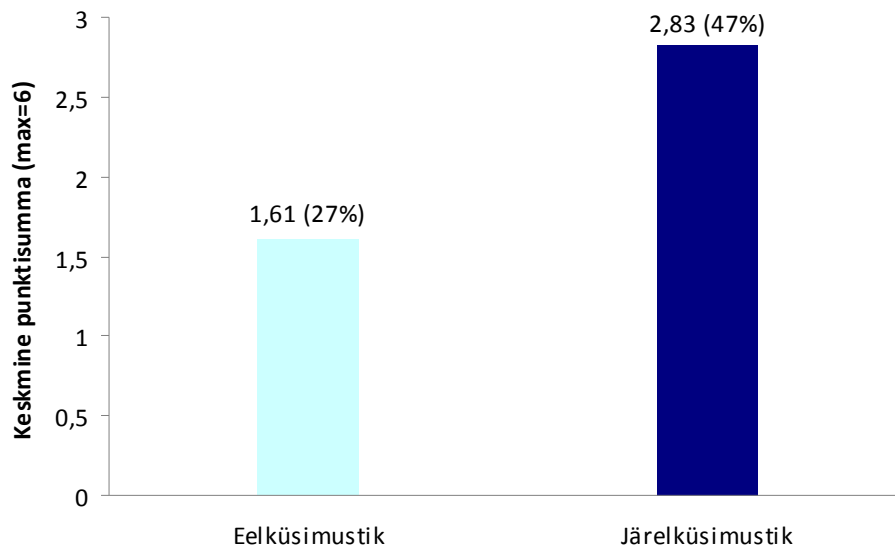
Tabel 2. Õpilaste ($n=103$) arusaamise areng molekulide vahelistest seostest eel- ja järelküsimumustiku vastuste alusel analüüsitud *Wilcoxon signed-rank* testiga.

Seos	Eelküsimumustik (max=2)	Järelküsimumustik (max=2)	Z	p
DNA-mRNA	0,77 (38%)	1,34 (67%)	-3,873	<0,05
mRNA- Valk	0,49 (24%)	0,65 (28%)	-1,396	>0,05
DNA-Valik	0,37 (18%)	0,84 (40%)	-3,565	<0,05

Iga õige seose eest oli võimalik saada kaks punkti. Tabelis 2 on toodud keskmised saadud punktisummad. Eelküsimumustikus oskasid õpilased kõige paremini vastata küsimusele, kuidas DNA järjestuse muutmine mõjutab mRNA järjestust (tabel 2). Eelküsimumustikus oli keskmine saadav punktisumma selle küsimuse eest 0,77. Järelküsimumustikus saadi sellele

küsimusele vastates keskmiselt 1,34 punkti. Selle küsimuse puhul oli ka õpilaste arusaami-
se areng kõige suurem (29%) ja statistiliselt oluline ($Z=-3,873$; $p<0,05$). Kõige vähem,
statistiliselt mitteolulisel määral, arenes õpilaste arusaamine mRNA-valk seose kohta ($Z=-$
 $1,396$; $p>0,05$). Küsimuse eest, kuidas mRNA nukleotiidsed järjestused muutuvad mõjutab
valgu aminohappelist järjestust, saadi eelküsimustikus keskmiselt 0,49 punkti ehk 24%
maksimumist ja järelküsimustikus 0,65 punkti ehk 28% maksimumist. Kolmest seosest
kõige vähem oskasid õpilased eelküsimustikus vastata DNA-valk seose kohta. Selle eest
saadi eelküsimustikus keskmiselt 0,37 punkti ning järelküsimustikus 0,84 punkti ning eri-
nevus oli statistiliselt oluline ($Z=-3,565$; $p<0,05$).

Keskmine saadud punktisumma kolme molekuli kohta summeerituna on näidatud joonisel
8.



Joonis 8. Õpilaste ($n=103$) arusaamine molekulide vahelistest seostest eel- ja järelküsimus-
tiku vastuste alusel analüüsitud *Wilcoxon signed-rank* testiga ($Z=-3,821$, $p<0,01$).

Joonisel 8 on näha, et õpilaste arusaamine molekulide vaheliste seoste kohta eelküsimusti-
ku küsimuse nr. 3 põhjal arenes statistiliselt olulisel määral ($Z=-3,821$, $p<0,01$). Maksi-
maalselt oli võimalik saada kuus punkti. Eelküsimustikus oli keskmine saadud punkti-
summa 1,61 ehk 27% maksimumist ja järelküsimustikus 2,83 ehk 47% maksimumist. See-
ga paranesid tulemused 20%.

Arusaamist molekulide omavahelistest seostest uuris ka eelküsimustiku neljas küsimus, kus tuli vastata küsimustele geneetilise koodi tabeli põhjal. Kooditabeli põhjal vastatavate küsimuste tulemused on näidatud tabelis 3.

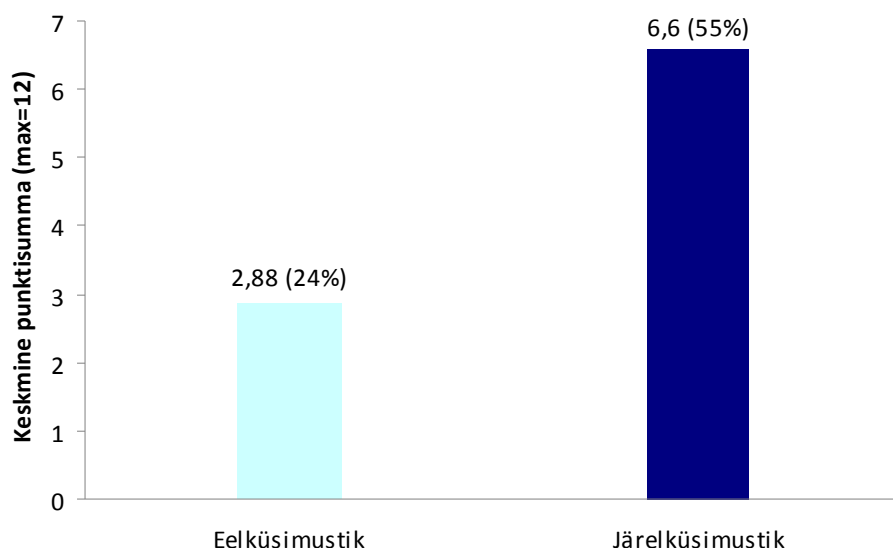
Tabel 3. Õpilaste (n=103) arusaamise areng geneetilise koodi tabeli põhjal vastatavatele küsimustele eel- ja järelküsimustiku vastuste alusel analüüsitud *Wilcoxon signed-rank* testiga.

Küsimus (küsimuse nr. eelküsimustikus)	Eel- küsimustik (max=2)	Järel- küsimustik (max=2)	Z	p
Peptiidi järjestuse moodustamine DNA põhjal (4.I.a)	0,60 (30%)	0,92 (46%)	-2,530	<0,05
DNA järjestuse muutmine nii, et peptiid jääks samaks (4.I.b)	0,66 (30%)	0,92 (45%)	-2,088	<0,05
DNA järjestuse muutmine kolmeamino- happelise peptiidi saamiseks (4.I.c)	0,24 (12%)	1,06 (53%)	-6,484	<0,001
Kindla järjestusega peptiidi saamiseks vajalikud tRNA antikoodonid (4.II.a)	0,74 (37%)	1,58 (77%)	-6,021	<0,001
Kindla järjestusega peptiidi saamiseks vajalik mRNA järjestus (4.II.b)	0,44 (22%)	1,32 (66%)	-6,301	<0,001
mRNA järjestuse muutmine kindla järjestusega peptiidi saamiseks (4.II.c)	0,22 (11%)	0,92 (45%)	-6,390	<0,001

Maksimaalselt oli iga küsimuse eest võimalik saada kaks punkti. Tabelis 3 on näha, et arusaamise areng oli kõige suurem küsimuse puhul, millele vastamiseks pidid õpilased viimaseks koodoniks stoppkoodoni järjestuse ($Z=-6,484$, $p<0,001$). Eelküsimustikus saadi selle küsimuse eest 0,24 punkti ehk 12% maksimumist ja järelküsimustikus 1,06 punkti ehk 53% maksimumist. Tulemused paranesid järelikult 41%. Kõige väiksem oli arusaamise areng küsimuse puhul, kus taheti teada, millist DNA nukleotiidi saaks muuta, et valgu järjestus ei muutuks ($Z=-2,088$, $p<0,05$). Eelküsimustikus saadi selle küsimuse eest keskmiselt 0,66 punkti ja järelküsimustikus 0,92 punkti. Kõige väiksem keskmine punktisumma, 0,22 ehk 11% maksimumist, saadi eelküsimustikus küsimuse puhul, kus taheti teada, millist mRNA nukleotiidi on vaja vahetada, et saada peptiid etteantud järjestusega. Järelküsimustikus oli sama küsimuse eest keskmine tulemus 0,92, mis on 45% maksimumist. Tule-

mused paranesid seega 34%. Areng oli statistiliselt oluline ($Z=-6,390$, $p<0,001$). Ka kõigi teiste küsimuste puhul oli arusaamise areng statistiliselt oluline.

Keskmine saadud punktisumma geneetilise koodi tabeli põhjal vastatavate küsimuste kohta summeerituna on näidatud joonisel 9.



Joonis 9. Õpilaste ($n=103$) õigete vastuste osa kooditabeli põhjal vastatavatele küsimustele analüüsitud *Wilcoxon signed-rank* testiga ($Z=-6,778$; $p<0,001$).

Joonisel 9 on näha, et võrreldes kooditabeli põhjal vastatavate küsimuste tulemusi eel- ja järelküsimustiku põhjal, on õpilaste arusaamine arenenud statistiliselt olulisel määral ($Z=-6,778$; $p<0,001$). Maksimaalselt oli võimalik saada 12 punkti. Eelküsimustikus oli keskmine saadav punktisumma 2,88, mis oli 24% maksimumist ja järelküsimustikus 6,6 ehk 55% maksimumist. Tulemus paranes 31%.

Õpilaste eel- ja järelküsimustike vastuste analüüsimisega selgus, et mudelite ja töölehtede rakendamise tulemusena õpilaste arusaamine geneetilise info realiseerumises osalevate molekulide omavahelistest seostest arenes statistiliselt olulisel määral. Statistiliselt mitteoluline areng oli näha vaid ühe küsimuse juures, mis uuris mRNA järjestuse muutumise mõju valgu järjestusele, ent ka selles küsimuses olid järelküsimustiku tulemused paranenud.

Mudelite kasutamist geneetika õppimisel on uurinud ka Starbek ja teised (2010), kes võrdlesid õpilasi, kes õppisid arvutimudelitega ja neid, arvutimudeleid ei kasutanud. Tulemustest selgus, et arvutimudelitega õppimine oli efektiivsem.

3.3 Visuaalse info analüüsi areng

Kolmanda uurimisküsimusega taheti uurida, kuidas areneb õpilaste visuaalse info analüüsi oskus mudelikasutuse tulemusena. Selleks analüüsiti õpilaste eel- ja järelküsimustike visuaalse info analüüsi oskust uurivate küsimuste vastuseid *Wilcoxon signed-rank* testiga.

Visuaalse info analüüsi oskust uuriti eelküsimustiku küsimusega nr. 2. Sama küsimus oli järelküsimustikus nr. 4. Selle küsimuse juures oli vaja tunda ära pildilt kaheksa molekuli/komponenti, millele oli nooltega viidatud ning seejärel vastata selle pildi põhjal küsimustele.

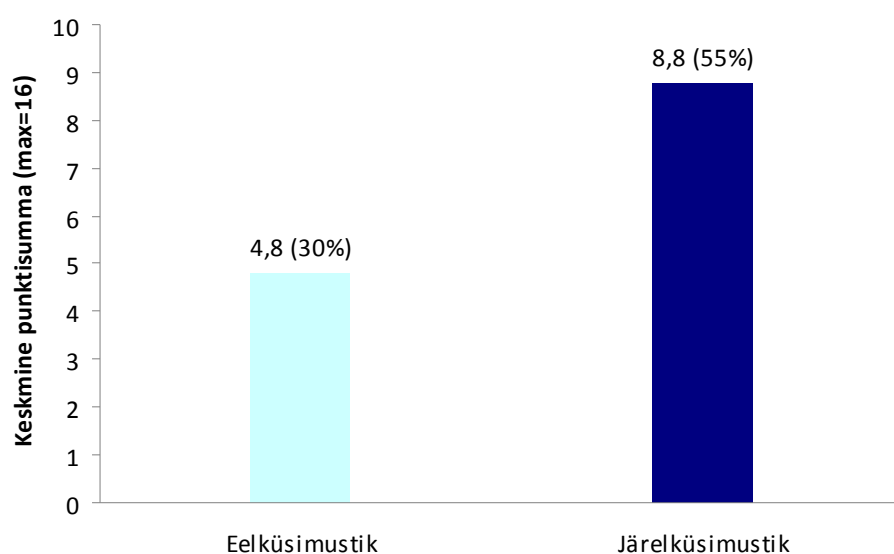
Tabel 4. Õpilaste (n=103) keskmised punktisummad molekulide/komponentide kohta analüüsitud *Wilcoxon signed-rank* testiga.

Molekul/komponent	Eelküsimustik (max=2)	Järelküsimustik (max=2)	Z	p
tRNA	0,64 (32%)	1,24 (62%)	-3,515	<0,001
mRNA	0,22 (11%)	0,88 (44%)	-5,246	<0,001
peptiidside	0,78 (39%)	1,24 (62%)	-3,159	<0,01
peptiid	0,62 (31%)	1,26 (63%)	-4,450	<0,001
aminohape	0,76 (38%)	1,36 (68%)	-4,431	<0,001
koodon	0,56 (28%)	1 (50%)	-3,592	<0,001
antikoodon	0,80 (40%)	1,24 (62%)	-3,101	<0,01
vesinikside	0,42 (21%)	0,64 (32%)	-1,677	>0,05

Tabelis 4 on välja toodud tulemused iga molekuli/komponenti kohta eraldi. Iga õige molekuli/komponenti eest oli võimalik saada kaks punkti. Suurim statistiliselt oluline areng oli toimunud mRNA puhul ($Z=-5,246$; $p<0,001$). mRNA puhul oli keskmine punktisumma eelküsimustikus 0,22, mis on 11% maksimumist ja järelküsimustikus 0,88 ehk 44% mak-

simumist. Tulemused paranesid seega 33%. Suur areng oli toimunud ka peptiidi puhul ($Z=-4,450$; $p<0,001$). Eelküsimumstikus oli peptiidi eest saadav keskmine punktisumma 0,62 ja järelküsimumstikus 1,26. Kõige väiksem, statistiliselt mitteoluline areng oli toimunud vesiniksideme puhul ($Z=-1,677$; $p>0,05$), kus eelküsimumstikus oli keskmine saadav punktisumma 0,42 ja järelküsimumstikus 0,64. Statistiliselt mitteoluline areng võib olla põhjustatud sellest, et arvutimudelite puhul ei olnud vaja vesiniksidemetega opereerida.

Joonisel 10 on toodud tulemused pildil viidatud molekulide/komponentide kohta summeerituna.



Joonis 10. Õpilaste ($n=103$) õigete vastuste osa küsimusele molekulide/komponentide kohta analüüsituna *Wilcoxon signed-rank* testiga ($Z=-5,970$; $p<0,001$).

Maksimaalselt oli võimalik saada 16 punkti. Tulemustest on näha, et eelküsimumstikus oli keskmine punktisumma 4,8 ehk 30% maksimumist ja järelküsimumstikus 8,8 punkti, mis on 55% maksimaalsest punktisummast. Tulemused paranesid järelkult 25%. Õpilaste visuaalse info analüüsioskus paranes statistiliselt olulisel määral ($Z=-5,970$; $p<0,001$).

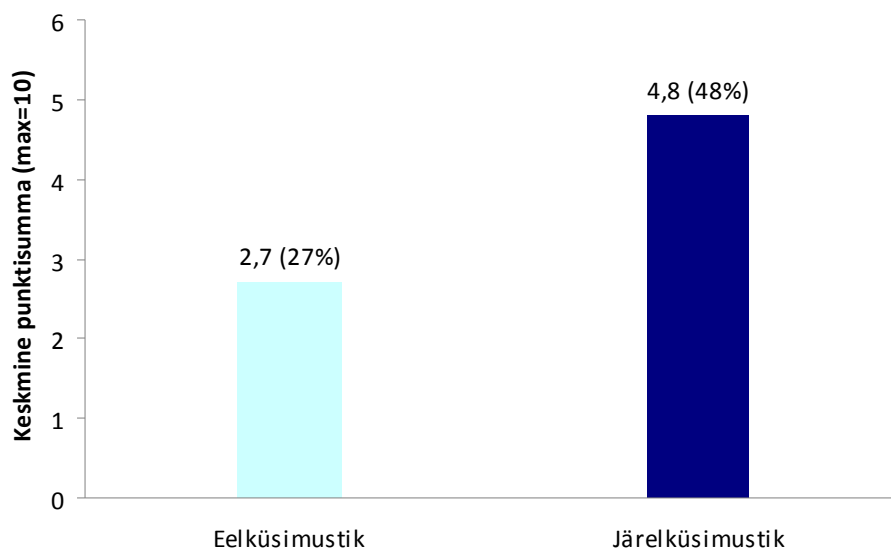
Lisaks molekulide ja komponentide pildilt tundmisele, tuli vastata selle pildi põhjal ka viiele küsimusele. Tulemused on näidatud tabelis 5.

Tabel 5. Õpilaste (n=103) keskmised punktisummad küsimustele pildi kohta analüüsitud Wilcoxon signed-rank testiga.

Küsimus (küsimuse nr. eelküsimustikus)	Eel- küsimustik (max=2)	Järel- küsimustik (max=2)	Z	p
Aminohapete arv peptiidis (2.a)	0,86 (43%)	1,06 (53%)	-1,640	>0,05
Molekul, mille informatsiooni põhjal peptiid sünteesitakse (2.b)	0,72 (36%)	0,84 (42%)	-0,949	>0,05
Antikoodoni järjestus tRNA-l, mis transportis aminohapet Ala (2.c)	0,6 (30%)	1,24 (62%)	-4,533	<0,001
Antikoodoni järjestus tRNA-l, mis transportis aminohapet Arg (2.d)	0,36 (17%)	1,24 (62%)	-6,018	<0,001
Aminohapete arv peptiidis valgusünteesi lõppedes (2.e)	0,22 (11%)	0,44 (22%)	-2,121	<0,05

Iga õige vastuse eest oli võimalik saada maksimaalselt kaks punkti. Suurim areng oli toimunud küsimuse juures, kus taheti teada, mis on antikoodoni järjestus tRNA molekulil, mis tõi aminohappe Arg ribosoomi ($Z=-6,018$; $p<0,001$). Selle küsimuse eest saadi eelküsimustikus keskmiselt 0,36 punkti ehk 17% maksimumist ja järelküsimustikus 1,24 punkti ehk 62% maksimumist. Tulemused paranesid 45%. Kõige vähem osati vastata eelküsimustikus küsimusele, et mitu aminohapet on peptiidis valgusünteesi lõppedes ($Z=-2,121$; $p<0,05$). Selle küsimuse eest saadav keskmine punktisumma eelküsimustikus oli 0,22 ning järelküsimustikus 0,44. Tulemused paranesid seega 11%. Küsimuse juures, kus taheti teada, mitu aminohapet on peptiidis ($Z=-1,640$; $p>0,05$) ja küsimuse puhul, kus küsiti, mis molekuli informatsiooni põhjal peptiid sünteesitakse ($Z=-0,949$; $p>0,05$), oli areng statistiliselt mitteoluline. Samas saadi nende kahe küsimuse eest juba eelküsimustikus võrreldes teiste küsimustega kõrgemad tulemused. Teiste küsimuste puhul oli toimunud arusaamise areng statistiliselt oluline.

Joonisel 11 on esitatud tulemused pildi põhjal vastatavate küsimuste kohta summeerituna.



Joonis 11. Õpilaste ($n=103$) õigete vastuste keskmine punktisumma pildi põhjal vastatavatele küsimustele eel- ja järelküsimustiku vastuste alusel analüüsitud *Wilcoxon signed-rank* testiga ($Z=-4,922$; $p<0,001$).

Maksimaalselt oli võimalik saada kümme punkti. Joonisel 11 on näha, et keskmiselt saadi nende küsimuste eest eelküsimustikus 2,7 punkti ja järelküsimustikus 4,8 punkti. See tähendab, et eelküsimustikus saadi 27% maksimumist ja järelküsimustikus 48%. Tulemused paranesid 21%. Arusaamise areng oli statistiliselt oluline ($Z=-4,922$; $p<0,001$).

Magistritöö kolmanda uurimisküsimusega taheti uurida, kuidas areneb õpilaste visuaalse info analüüsioskus mudelikasutuse tulemusena. Eel- ja järelküsimustikus visuaalse info analüüsioskust uurivate küsimuste analüüsimisel selgus, et tulemused olid paranenud. Kõigile küsimustele vastati järelküsimustikus paremini, kui eelküsimustikus, kuigi mõne küsimuse puhul polnud toimunud areng statistiliselt oluline. Arvutipõhiste mudelite mõju visuaalse info analüüsioskusele on uurinud ka Piksööt ja teised (2012), kes leidsid, et mudelikasutuse tulemusena paranes märgatavalt õpilaste visuaalse info analüüsioskus translatsioon ja geneetilise koodi mudeli rakendamisel. Võrdlusuuring Eesti ja Prantsuse gümnaasiumiõpilastega kinnitas, et õpikeskkonna „Rakumaailm“ rakendamine arendas visuaalse info analüüsioskusi ka Prantsuse õpilastel (Castera jt, 2012).

Kokkuvõte

Käesoleva magistritööga uuriti 11. klassi õpilaste arusaamise arengut molekulaargeneetikast rakendades geneetilise koodi ja valgusünteesi mudeleid.

Magistritööle püstitati järgmised eesmärgid

1. Analüüsida gümnaasiumi õpilaste arusaamise arengut molekulaargeneetikast kasutades arvutipõhiseid mudeleid.
2. Selgitada õpilaste visuaalse info analüüsi oskuse arengut mudelikasutuse tulemusena.

Vastavalt magistritöö eesmärkidele viidi läbi eksperiment, mille käigus kasutati veebipõhise õpikeskkonna „Rakumaailm“ (<http://bio.edu.ee/mudelid>) kahte mudelit – geneetiline kood ja valgusüntees. Andmete kogumiseks koostati eel- ja järelküsimumstik. Samuti koostati geneetilise koodi ja valgu sünteesi teemalised töölehed.

Magistritöö jaoks vajalike andmete kogumiseks moodustati mugavusvalim, kuhu kuulusid kahe Tartu kooli 11. klassi õpilased. Lõppvalimisse kuulus 103 õpilast. Andmeid koguti 2012. aasta märtsis ja aprillis.

Uuringu alguses täitsid õpilased eelküsimumstiku, millega saadi teada õpilaste esialgne arusaamine käsitletavatest protsessidest. Järgmisena toimus kaks arvutitundi (2x45 minutit), kus õpilased töötasid valgusünteesi ja geneetilise koodi mudelitega. Samal ajal tuli neil vastata ka vastava teema töölehe küsimustele. Uuringu lõpus täitsid õpilased järelküsimumstiku, millega sai hinnata arvutimudelite ja töölehtede rakendamise mõju käsitletavatest protsessidest arusaamisele ja visuaalse info analüüsi oskusele.

Vastavalt magistritöö eesmärkidele püstitati uurimisküsimused.

Esimese uurimisküsimusega taheti teada, kuidas areneb 11. klassi õpilaste arusaamine geneetilise info realiseerumises osalevate molekulide ülesannetest. Õpilaste arusaamise arengut DNA, mRNA ja tRNA ülesannetest analüüsiti eel- ja järelküsimumstike vastuste põhjal. Eel- ja järelküsimumstiku analüüsist selgus, et arvutimudelite kasutamisel õpilaste arusaami-

ne geneetilise info realiseerumises osalevate molekulide ülesannetest arenes statistiliselt olulisel määral.

Teiseks uurimisküsimuseks oli: kuidas areneb 11. klassi õpilaste arusaamine geneetilise info realiseerumises osalevate molekulide omavahelistest seostest? Õpilaste arusaamise arengut analüüsiti eel- ja järelküsimustiku vastuste põhjal. Tulemuste analüüsimisel selgus, et mudelite ja töölehtede rakendamise tulemusena õpilaste arusaamine geneetilise info realiseerumises osalevate molekulide omavahelistest seostest arenes statistiliselt olulisel määral. Statistiliselt mitteoluline areng oli näha ühe küsimuse juures, mis uuris mRNA-valk seost, kuid ka sellele küsimusele vastamise õigsus oli pärast mudelite rakendamist siiski paranenud.

Kolmandaks uurimisküsimuseks oli: kuidas areneb õpilaste visuaalse info analüüsi oskus mudelikasutuse tulemusena? Õpilaste visuaalse info analüüsi oskusi hinnati eel- ja järelküsimustike joonise põhjal vastatavate küsimuste alusel. Tulemuste analüüsimisel selgus, et kõigile küsimustele vastati järelküsimustikus paremini kui eelküsimustikus ning enamike küsimuste puhul oli see areng ka statistiliselt oluline.

Kokkuvõtteks võib öelda, et magistritöö on oma eesmärgid täitnud. Arvutimudelite ja töölehtedega õppimisel arenes õpilaste arusaamine molekulaargeneetikast. Samuti paranes õpilaste visuaalse info analüüsi oskus.

Tänuavaldused

Soovin tänada oma juhendajat Jaanika Piksööti. Samuti tahan tänada kõiki uuringus osalenud õpilasi ja õpetajaid.

Kasutatud kirjandus

Ainsworth, S. (1999). The functions of multiple representations. *Computers & Education*, 33, 131-152.

Ainsworth, S., van Labeke, N. (2004). Multiple forms of dynamic representation. *Learning and Instruction*, 14, 241-255.

Banet, E., Ayuso, E. (2000). Teaching genetics at secondary school: A strategy for teaching about the location of inheritance information. *Science Education*, 84, 313–351.

Barak, M., Dori, Y.J. (2005). Enhancing undergraduate students' chemistry understanding through project-based learning in an IT environment. *Science Education*, 89(1), 117–139.

Betrancourt, M., Tversky, B. (2000). Effects of computer animation on users' performance: a review. *Le travail humain*, 63, 311–329.

Bucciarelli, M. (2007). How the construction of mental models improves learning? *Mind & Society*, 6, 67-89.

Castera, J., Sarapuu, T., Piksööt, J. (2012). French and Estonian students' visual literacy skills related to the modelling activities in a web - based environment. In: *Procedia-Information Technology: 3rd World Conference on Information Technology, WCIT, Barcelona, Spain , 14-16 November 2012*

Cohen, L., Manion, L., Morrison, K. (2007). Research methods in education. New York: Routledge.

Deadman, J.A., Kelly, P.J. (1978). What do secondary school boys understand about evolution and heredity before they are taught the topics? *Journal of Biological education*, 12, 7-15.

Duncan, R.G., Reiser, B.J. (2007). Reasoning across ontologically distinct levels: students' understandings of molecular genetics. *Journal of Research in Science Teaching*, 44, 938-959.

Goodman, N. (1968). Languages of art: an approach to a theory of symbols. The Bobbs-Merrill Company, Inc. 1968, (pp.127-173).

Gümnaasiumi riiklik õppekava (2010). Vabariigi Valitsuse 28. jaanuaril 2010. aasta mär-
rus nr. 13. Aadressil https://www.riigiteataja.ee/akti/isa/1140/1201/1002/VV2_lisa4.pdf#
(vaadatud 16.05.2013).

Hallden, O. (1988). The evolution of species. Pupil perspectives and school perspectives. *International Journal of Science Education*, 10, 541-552.

Hegarty, M. (2004). Dynamic visualizations and learning: getting to the difficult questions. *Learning and Instruction*, 14, 343–351.

Hoffler, T.N., & Leutner, D. (2007). Instructional animation versus static pictures: a meta-analysis. *Learning and Instruction*, 17, 722–738.

Howitt, D., Cramer, D. (2003). *A Guide to Computing Statistics with SPSS 11 for Windows*. Pearson, Harlow.

Kalyuga, S. (2005). Prior knowledge principle. In R. Mayer (Ed.), *Cambridge handbook of multimedia learning* (pp. 325-337). New York: Cambridge University Press.

Knippels, M.C.P.J., Waarlo, A.S., Boersma, K.T. (2005). Design criteria for learning and teaching genetics. *Journal of Biology Education*, 39, 108–112.

Lewalter, D. (2003). Cognitive strategies for learning from static and dynamic visuals. *Learning and Instruction*, 13, 177–189.

Lowe, R.K. (2003). Animation and learning: selective processing of information in dynamic graphics. *Learning and Instruction*, 13, 157-176.

Marbach-Ad, G., Stavy, R. (2000). Students' cellular and molecular explanations of genetics phenomena. *Journal of Biological Education*, 19, 200-205.

Marbach-Ad G., Rotbain Y., Stavy R. (2008) Using computer animation and illustration activities to improve highschool students' achievement in molecular genetics. *Journal of Research in Science Teaching*, 45, 273–292.

Mayer, R.E. (1999). Multimedia aids to problem-solving transfer. *International Journal of Educational Research*, 31, 611-623.

Mayer, R.E. (2001). Cognitive theory of multimedia learning. In R. E. Mayer *Multimedia learning* (pp. 31-48). New York: Cambridge University Press

Mayer, R.E., Moreno, R. (2002). Aids to computer-based multimedia learning. *Learning and Instruction*, 12, 107-119.

Piksööt, J., Sarapuu, T., Castera, J. (2012). Developing students' visual literacy in a virtual modelling environment. In: *Leveraging Technology for Learning: The 8th International Scientific Conference eLearning and Software for Education; Bucharest; April 26 - 27, 2012. (Toim.) I. Roceanu*. Bucharest, Romania: Editura Universitara, 2012, 532 - 537.

Price, S.J. (2002). *Diagram representation: the cognitive basis for understanding animation in education* (Technical Report 553): School of Computing and Cognitive Sciences, University of Sussex.

Rieber, L.P. (1990). Using computer animated graphics in science instruction with children. *Journal of Educational Psychology*, 82, 135-140.

Rieber, L.P. (1991). Animation, incidental learning and continuing motivation. *Journal of Educational Psychology*, 83, 318-328.

Rotbain, Y., Marbach-Ad, G., Stavy, R. (2006). The effect of bead and illustration models

on high school student achievement in molecular genetics. *Journal of Research in Science Teaching*, 43, 500–529.

Schnotz, W., Barnett, M. (2003). Construction and interference in learning from multiple representations. *Learning and Instruction*, 13, 141-156.

Schnotz W., Lowe R. (2003) External and internal representations in multimedia learning. *Learning and Instruction*, 13, 117–123.

Schnotz, W., Lowe, R.K. (2008). A unified view of learning from animated and static graphics. In R. K. Lowe, & W. Schnotz (Eds.), *Learning with animation: Research implications for design* (pp. 304-356). New York: Cambridge University Press.

Starbek, P., Starčić Erjavec, M., Peklaj, C. (2010). Teaching genetics with multimedia results in better acquisition of knowledge and improvement in comprehension. *Journal of Computer Assisted Learning*, 26, 214-244.

Stewart, J., Cartier, J.L., Passmore, C.M. (2005). Developing understanding through model-based inquiry. In *How students learn: Science in the classroom* (pp. 515-565). Washington, D.C.: The National Academies Press.

Sweller, J., van Merriënboer, J.J.G., Paas, P. (1998). Cognitive architecture and instructional design. *Educational Psychology Review*, 10, 251–296.

Tsui, C., Treagust, D. (2003). Learning genetics with computer dragons. *Journal of Biological Education*, 37, 96-98.

Tsui C., Treagust D.F. (2007) Understanding genetics: analysis of secondary students' conceptual status. *Journal of Research in Science Teaching*, 44, 205–235.

Tversky B., Bauer Morrisony J., Betrancourt M. (2002). Animation: can it facilitate? *International Journal of Human-Computer Studies*, 57, 247–262.

The effectiveness of web-based learning environment „Cell World“ in developing students’ understanding of molecular genetics

Liisa Kübar

Summary

The aim of the present study was to investigate the development of students’ understanding molecular genetics as a result of the application of the models of genetic code and translation.

The following aims were set to the study:

1. Analyze the development of secondary school students’ understanding of molecular genetics by using computer-based models.
2. Clarify the development students’ skills of analyzing visual information by using the computer-based models.

According to the aims of the study, an experiment was conducted by using two models from the web-based learning environment “Cell World” (<http://bio.edu.ee/mudelid>) – genetic code and protein synthesis. Pre- and post-tests were composed in order to collect data. Genetic code and protein synthesis themed worksheets were also composed in order to support the usage of the models..

103 students from the 11th grade of two secondary schools from Tartu participated in the study. The data were collected in March and April 2012.

At the beginning of the study students answered to the questions of the pre-test, which helped to find out students’ preliminary understanding of the molecular genetics. The next two lessons were carried out in a computer class, where students worked with the models of genetic code and protein synthesis. At the same time they had to answer to the worksheet questions about the processes that take place in the models. At the last part of

the study, the students answered to the questions of post-test, which reflected the effectiveness of the application of the computerized models and worksheets on students' understandings.

The following research questions were raised according to the aims of the study.

The first research question was to find out, how the 11th grade students understandings about the functions of molecules involved in the realization of the genetic information develops. The development of students' understanding of DNA, mRNA and tRNA functions was analyzed on the basis of answers in pre- and post-tests. The analysis of the pre- and post-tests revealed that the understanding of the functions of molecules involved in the realization of the genetic information improved statistically significantly due to the use of computer-based models and worksheets.

The second research question was: how the 11th grade students' understandings about the interaction of the molecules involved in the realization of the genetic information develops? The development of students' understanding was analyzed on the basis of pre- and post-tests answers. The analysis of the pre- and post-tests revealed that the understanding of the interaction of molecules involved in the realization of the genetic information improved statistically significantly as a result of the application of computer-based models and worksheets. Statistically non-significant development was seen only in one question, which examined the mRNA-protein interactions. The understanding about these interactions, however, had still improved, although in a non-significant way.

The third research question was: how the students' skills of analyzing visual information develop when using computer-based models? Students visual information analysis skills were assessed on the basis of answers to pre- and post-test picture-based questions. The results of the analysis showed that all questions were answered better in post-tests and in most of these questions, this improvement was statistically significant.

In summary, it can be said, that this study has fulfilled its aims. Students' understanding of molecular genetics developed significantly by using computer-based models. Students' skills of analyzing visual information developed as well.

Lisad

Lisa 1. Eelküsimumstik.

Lisa 2. Järelküsimumstik.

Lisa 3. Valgusünteesi tööleht.

Lisa 4. Geneetilise koodi tööleht.

3. Vastake järgnevatele küsimustele!

a) Kuidas DNA järjestuse muutmine mõjutab mRNA järjestust? _____

b) Kirjutage vähemalt kaks võimalust, kuidas mRNA nukleotiidses järjestuses muutmine mõjutab valgu aminohappelist järjestust? _____

c) Miks DNA üksiku nukleotiidi muutus ei põhjusta alati aminohappe asendumist valgu molekulis? _____

4. Kasutades geneetilise koodi tabelit lahendage järgnevad ülesanded!

	U	C	A	G
U	UUU Phe	UCU Ser	UAU Tyr	UGU Cys
	UUC Phe	UCC Ser	UAC Tyr	UGC Cys
	UUA Leu	UCA Ser	UAA Stop	UGA Stop
	UUG Leu	UCG Ser	UAG Stop	UGG Trp
C	CUU Leu	CCU Pro	CAU His	CGU Arg
	CUC Leu	CCC Pro	CAC His	CGC Arg
	CUA Leu	CCA Pro	CAA Gln	CGA Arg
	CUG Leu	CCG Pro	CAG Gln	CGG Arg
A	AUU Ile	ACU Thr	AAU Asn	AGU Ser
	AUC Ile	ACC Thr	AAC Asn	AGC Ser
	AUA Ile	ACA Thr	AAA Lys	AGA Arg
	AUG Met	ACG Thr	AAG Lys	AGG Arg
G	GUU Val	GCU Ala	GAU Asp	GGU Gly
	GUC Val	GCC Ala	GAC Asp	GGC Gly
	GUA Val	GCA Ala	GAA Glu	GGA Gly
	GUG Val	GCG Ala	GAG Glu	GGG Gly

I. On antud DNA nukleotiidses järjestuses TGG-CTG-ACG-GTT.

a) Millise aminohappelise järjestusega peptiidi saab sünteesida selle DNA järjestuse alusel?

b) Millist DNA nukleotiidi saaks muuta, et valgu järjestus ei muutuks? Nimetage üks ja põhjendage!

c) Millist DNA nukleotiidi tuleks muuta, et saaks kolme aminohappelise peptiidi? Põhjendage!

II. a) Milliste antikoodonitega tRNA molekule oleks vaja, et sünteesida peptiid järjestusega Gly-Thr-Asp-Ile?

Gly: _____ Thr: _____

Asp: _____ Ile: _____

b) On antud peptiid järjestusega Gly-Thr-Asp-Ile. Kirjutage üks võimalik mRNA nukleotiidses järjestus, millelt saaks sünteesida sellise peptiidi!

c) Millist mRNA nukleotiidi on vaja vahetada, et saada peptiid järjestusega Gly-Thr-Glu-Ile? Põhjendage!

Andke täidetud küsimustik õpetajale. Aitäh!

Lisa 2. Järeloküsimustik.

Nimi: _____ Kool: _____ Klass: _____ Kuupäev: _____

Järeloküsimustik

Palun vastake küsimustikule!

1. Vastake järgnevatele küsimustele!

a) Kuidas DNA järjestuse muutmine mõjutab mRNA järjestust? _____

b) Kirjutage vähemalt kaks võimalust, kuidas mRNA nukleotiidsel järjestusel muutmine mõjutab valgu aminohappelise järjestust? _____

c) Miks DNA üksiku nukleotiidi muutus ei põhjusta alati aminohappe asendumist valgu molekulis? _____

2. Kasutades geneetilise koodi tabelit lahendage järgnevad ülesanded!

	U	C	A	G	
U	UUU Phe	UCU Ser	UAU Tyr	UGU Cys	U
	UUC Phe	UCC Ser	UAC Tyr	UGC Cys	C
	UUA Leu	UCA Ser	UAA Stop	UGA Stop	A
	UUG Leu	UCG Ser	UAG Stop	UGG Trp	G
C	CUU Leu	CCU Pro	CAU His	CGU Arg	U
	CUC Leu	CCC Pro	CAC His	CGC Arg	C
	CUA Leu	CCA Pro	CAA Gln	CGA Arg	A
	CUG Leu	CCG Pro	CAG Gln	CGG Arg	G
A	AUU Ile	ACU Thr	AAU Asn	AGU Ser	U
	AUC Ile	ACC Thr	AAC Asn	AGC Ser	C
	AUA Ile	ACA Thr	AAA Lys	AGA Arg	A
	AUG Met	ACG Thr	AAG Lys	AGG Arg	G
G	GUU Val	GCU Ala	GAU Asp	GGU Gly	U
	GUC Val	GCC Ala	GAC Asp	GGC Gly	C
	GUA Val	GCA Ala	GAA Glu	GGA Gly	A
	GUG Val	GCG Ala	GAG Glu	GGG Gly	G

I. On antud DNA nukleotiidsel järjestusel CAT-CGA-ATG-TCA.

a) Millise aminohappelise järjestusega peptiidi saab sünteesida selle DNA järjestuse alusel?

b) Millist DNA nukleotiidi saaks muuta, et valgu järjestus ei muutuks? Nimetage üks ja põhjendage!

c) Millist DNA nukleotiidi tuleks muuta, et saaks kolme aminohappelise peptiidi? Põhjendage!

II. a) Milliste antikoodonitega tRNA molekul oleks vaja, et sünteesida peptiid järjestusega Arg-Thr-Ile-Tyr?

Arg: _____ Thr: _____

Ile: _____ Tyr: _____

b) On antud peptiid järjestusega Thr-Ile-Ala-Gly. Kirjutage üks võimalik mRNA nukleotiidsel järjestus, millelt saaks sünteesida sellise peptiidi!

c) Millist mRNA nukleotiidi on vaja vahetada, et saada peptiid järjestusega Thr-Ile-Asp-Gly? Põhjendage!

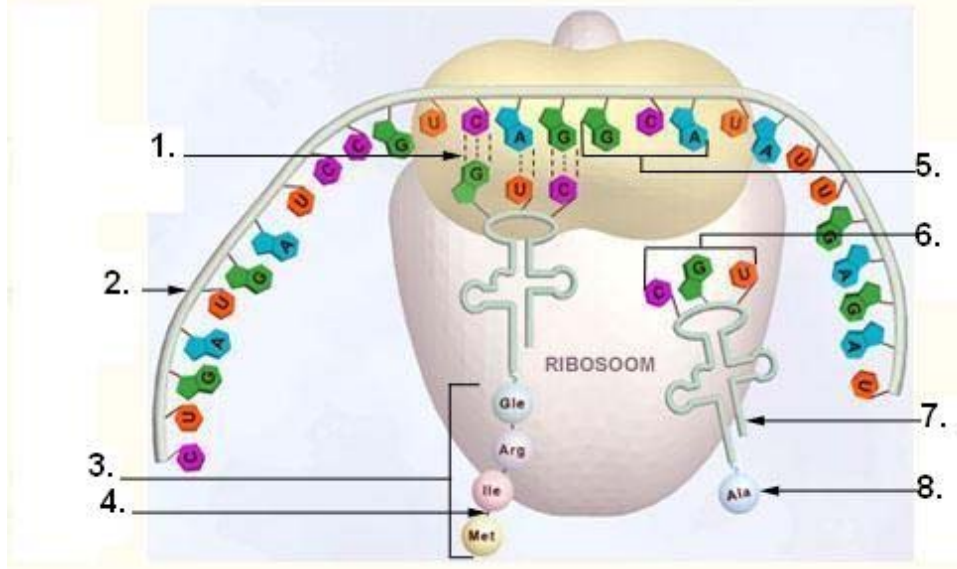
3. Mis on järgnevate molekulide peamised funktsioonid?

a)tRNA: _____

b)mRNA: _____

c)DNA: _____

4. Kirjutage, millistele molekulidele või komponentidele on pildil nooltega viidatud!



1. _____ 2. _____

3. _____ 4. _____

5. _____ 6. _____

7. _____ 8. _____

Vastake pildi põhjal järgnevatele küsimustele!

a) Mis molekuli informatsiooni põhjal peptiid sünteesitakse?

b) Mitu aminohapet on hetkel peptiidis?

c) Mis on antikoodonijärjestus tRNA molekulil, mis tõi aminohappe Arg ribosoomi?

d) Mis on antikoodonijärjestus tRNA molekulil, mis tõi aminohappe Ala ribosoomi?

e) Mitu aminohapet on peptiidis valgusünteesi lõppedes (vt ka geneetilise koodi tabelit)?

Andke täidetud küsimustik õpetajale. Aitäh!

Lisa 3. Valgusünteesi tööleht.

Nimi: _____ Kool: _____ Klass: _____ Kuupäev: _____

Valgusüntees

Sissejuhatus

Tänases tunnis tegelete valgusünteesi teemaga. Selle töölehe täitmiseks on teil kasutada mudel, mille leiате Internetiaadressilt <http://bio.edu.ee/mudelid>. Töölehe täitmiseks on aega 40 minutit.

Veebilehe avanedes valige vasakul olevast menüüst „Õpilane“, sisestage oma ees- ja perekonnanimi tekstikastidesse, lisage 2. mudelivariandi kood **HU6pX** ja klõpsake nupul „Kinnitan“.

Enne mudeli käivitamist lugege läbi valgusünteesi mudeli **teoorialeht** ja **kasutusjuhend** – need leiате mudeli paremal allservas olevatel nupukestel klikkides (? ja ☰).

Vastake teoorialehe põhjal järgmistele küsimustele.

1. Millises raku osas toimub valgusüntees? _____

2. Mis ülesanne on initsiaator- ja stoppkoodonitel? _____

3. Mida nimetatakse peptiidiks? _____

2.variant

Mudeli käivitamiseks vajutage nupul „Kinnita“. Paralleelselt mudeliga töötamisel täitke töölehte.

Jälgige animatsiooni ja lisage vajalikud molekulid translatsiooni edasiseks toimimiseks!

Mis toimus animatsiooni alguses? _____

Nüüd hakkas vilkuma koodon _____. Protsessi edasiseks toimumiseks lisasite tRNA molekuli, mille antikoodoniks on _____.

Milline on initsiaatorikoodon, millest algab valgusünteesil mRNA nukleotiidse järjestuse lugemine? _____.

Järgmisena lisasite _____ molekuli antikoodoniga _____

Kolmandana lisasite mudelile _____

Millise aminohappe tõi see molekul valgusünteesi kohta? _____

Neljandana lisasite mudelile _____

Milline side moodustub valgusünteesil aminohapete vahele? _____

Järgmisena lisasite mudelile _____

Millistest osadest koosneb tRNA molekul? _____

Järgmisena lisasite mudelile _____

Mis toimus animatsioonis pärast selle molekuli lisamist? _____

Animatsiooni lõppedes näete ekraanil oma tulemust. Klõpsake nupul „OK“ ning sulgege mudel!

3.variant

Sisestage oma ees- ja perekonnanimi ning 3. mudelivariandi kood **mCsPQ** ja klõpsake nupul „Kinnitan“. Mudeli käivitamiseks vajutage nupul „Kinnita“. Paralleelselt mudeliga töötamisel täitke töölehte.

Jälgige animatsiooni ning lisage töölauale vajalikud molekulid, et „sünteesida“ tööülesandes nõutud järjestusega peptiid! Juhul, kui hoidlas ei ole sobivat molekuli, tuleb teil muuta mRNA järjestust.

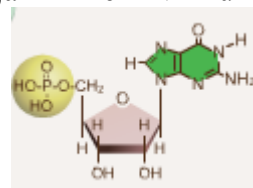
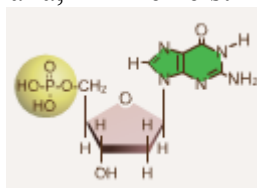
Esimesena lisasite animatsioonile _____ molekuli, mis paardus koodoniga _____.

Nüüd hakkas vilkuma mRNA koodon _____.

Sellele koodonile vastab antikoodon _____. Mis aminohappe peab viima valgusünteesi kohta järgmisena? _____.

Millist nukleotiidi on vaja muuta? _____. Mille vastu peaks selle nukleotiidi vahetama? _____. NB! Lugege hoolikalt mudeli kasutusjuhendit, et saada teada, kuidas nukleotiidi vahetada!

Kirjutage pildi alla, milline neist nukleotiididest on RNA ja milline DNA nukleotiid:



_____ Pärast nukleotiidi vahetamist lisasite tRNA molekuli antikoodoniga _____.

Järgmisena lisasite _____.

Järgmisena lisasite _____, mis tõi valgusünteesi kohta aminohappe _____.

Järgmisena lisasite _____. Millised on translatsiooni lõppu tähistavad koodonid? _____.

Animatsiooni lõppedes sulgege mudel!

4.variant

Sisestage oma ees- ja perekonnanimi ning 4. mudelivariandi kood **bas4i** ja klõpsake nupul „Kinnitan“. Mudeli käivitamiseks vajutage nupul „Kinnita“. Paralleelselt mudeliga töötamisel täitke töölehte.

Jälgige animatsiooni ning lisage töölauale vajalikud molekulid, et „sünteesida“ tööülesandes nõutud järjestusega peptiid! Vajadusel muutke mRNA järjestust.

Esimesena lisasite _____.

Järgmisena lisasite _____. Miks on tRNA molekul valgusünteesil vajalik? _____.

Kolmandana lisasite _____.

Neljandana peate animatsioonile viima aminohappe _____. tRNA molekulil, mis transportib seda aminohapet, on antikoodon _____. Millist mRNA nukleotiidi on vaja muuta? _____. Selle asemel tõite _____.

Pärast nukleotiidi vahetamist lisasite _____.

Nüüd lisasite _____, mis transportis valgusünteesi kohta aminohappe _____.

Animatsiooni lõppedes sulgege mudel

Kasutades mudeli abil saadud teadmisi selgitage, kuidas mRNA nukleotiidide vahetused mõjutavad valgu aminohappelist järjestust! _____

Andke täidetud tööleht õpetajale. Aitäh

Lisa 4. Geneetilise koodi tööleht.



Nimi: _____ Kool: _____ Klass: _____ Kuupäev: _____

Geneetiline kood

Sissejuhatus

Tänases tunnis tutvute geneetilise koodi mudeliga. Selle töölehe täitmiseks on teil kasutada mudel, mille leiате Internetiaadressilt <http://bio.edu.ee/mudelid>. Töölehe täitmiseks on aega 40 minutit.

Avage veebileht ning valige vasakul olevast menüüst „Õpilane“. Sisestage oma ees- ja perekonnanimi tekstikastidesse, lisage 2. mudelivariandi kood **K4bun** ja klõpsake nupul „Kinnitan“.

Enne mudeli käivitamist lugege läbi geneetilise koodi mudeli **teorialeht** ja **käsitlusjuhend** – need leiате mudeli paremal allservas olevatel nupukestel klikkides ( ja ).

Vastake teorialehe põhjal järgmistele küsimustele.

1. Millises raku osas toimub transkriptsioon?

2. Millist valku nimetatakse peptiidiks?

3. Mida nimetatakse koodoniks?

2. variant

Mudeli käivitamiseks klõpsake nupul „Kinnita“. Paralleelselt mudeliga töötamisel täitke töölehte.

Jälgige animatsiooni ja asendage kolmest vilkuvast nukleotiidist kaks, nii et saaksite tööülesandes nõutud aminohappeline järjestusega peptiidi.

Võrrelge algset ja tööülesandes nõutud peptiidi järjestust. Millised on erinevused?

Millised nukleotiidid on vaja vahetada? _____

Põhjendage, miks on _____ vaja asendada just need nukleotiidid! _____

Milliste nukleotiididega te need nukleotiidid asendasite? _____

Kuidas muutus esialgne aminohappeline järjestus nende nukleotiidide muutmisel? _____

Animatsiooni lõppedes näete ekraanil oma tulemust. Klõpsake nupul „OK“ ning sulgege mudel.

3. variant

Sisestage oma ees- ja perekonnanimi ning 3. mudelivariandi kood **3fg5J** ja klõpsake nupul „Kinnitan“.

Mudeli käivitamiseks klõpsake nupul „Kinnita“.

Jälgige animatsiooni ja asendage kolmest vilkuvast nukleotiidist kaks, et saada tööülesandes nõutud aminohappeline järjestusega peptiid.

Võrrelge algset ja tööülesandes nõutud peptiidi järjestust. Millised on erinevused?

Millised nukleotiidid on vaja asendada? _____

Põhjendage, miks on vaja asendada just need nukleotiidid! _____

Milliste nukleotiidide vastu te need vahetasite? _____

Kuidas muutus aminohappeline järjestus nende nukleotiidide asendamisel? _____

Animatsiooni lõppedes näete ekraanil oma tulemust. Klõpsake nupul „OK“ ning sulgege mudel.

4. variant

Sisestage oma ees- ja perekonnanimi ning selle mudelivariandi kood **EJhCX** ja klõpsake nupul „Kinnitan“.

Mudeli käivitamiseks klõpsake „Kinnita“.

Jälgige animatsiooni ja asendage kolmest vilkuvast nukleotiidist kaks, nii et saaksite tööülesandes nõutud aminohappeline järjestusega peptiid.

Millised nukleotiidid on vaja asendada? _____

Põhjendage, miks on vaja asendada just need nukleotiidid! _____

Milliste nukleotiididega te need asendasite? _____

Kuidas muutus esialgne aminohappeline järjestus nende nukleotiidide asendamisel? _____

Animatsiooni lõppedes näete ekraanil oma tulemust. Klõpsake nupul „OK“ ning sulgege mudel.

Kasutades mudeli abil saadud teadmisi, selgitage, kuidas DNA järjestuse muutmine muudab peptiidi järjestust. Nimetage vähemalt kolm erinevat võimalust!

Andke täidetud tööleht õpetajale. Aitäh!

Lihtlitsents lõputöö reprodutseerimiseks ja lõputöö üldsusele kättesaadavaks tegemiseks

Mina , Liisa Kübar
(sünnikuupäev: 23.07.1986)

1. annan Tartu Ülikoolile tasuta loa (lihtlitsentsi) enda loodud teose „Gümnaasiumiõpilaste arusaamise areng molekulaargeneetikast veebipõhise õpikeskkonna „Rakumaailm“ rakendamisel“, mille juhendaja on Jaanika Piksööt,
 - 1.1.reprodutseerimiseks säilitamise ja üldsusele kättesaadavaks tegemise eesmärgil, sealhulgas digitaalarhiivi DSpace-is lisamise eesmärgil kuni autoriõiguse kehtivuse tähtaja lõppemiseni;
 - 1.2.üldsusele kättesaadavaks tegemiseks Tartu Ülikooli veebikeskkonna kaudu, sealhulgas digitaalarhiivi DSpace'i kaudu kuni autoriõiguse kehtivuse tähtaja lõppemiseni.
2. olen teadlik, et punktis 1 nimetatud õigused jäävad alles ka autorile.
3. kinnitan, et lihtlitsentsi andmisega ei rikuta teiste isikute intellektuaalomandi ega isikuandmete kaitse seadusest tulenevaid õigusi.

Tartus, **31.05.2013**