

JAVA STARS NRW
Sun Microsystems Award 2004

Projekttitle:

Interaktives Programm zur Stammbaumanalyse (IPSA)

für den Biologieunterricht

Übersicht

Dieses Trainingsprogramm für den Biologieunterricht ermöglicht in erster Linie die Analyse von automatisch erstellten Stammbäumen für den Schüler. Zusätzlich kann ein Lehrer einen eigenen Stammbaum erstellen, der als weitere Übung dient.

Schule:

Konrad-Duden-Gymnasium

Barthel-Bruyn-Weg 54
46483 Wesel

Tel.: 0281/ 64595

Projektteam:

Sandra Kästner

Schwalbenweg 3
46487 Wesel

Tel.: 0281/70183

Email: sandra.kaestner@freenet.de

Jahrgang: 1986

Klasse: 12

Benjamin Held

Grenzweg 4
46499 Hamminkeln

Tel.: 02857/9252

Email: benjamin.held@gmx.de

Jahrgang: 1986

Klasse: 12

David Barkowski

Feuerdornweg 9
46499 Hamminkeln

Tel.: 02852/3362

Email: david_bar@gmx.de

Jahrgang: 1985

Klasse: 12

Fachlehrer:

Herr Meier

Anschrift

Tel.:

Email: ponc1234@aol.de

Inhaltsverzeichnis

1	Projektbeschreibung	1
1.1	Unterrichtsfach	1
1.2	Thema	1
1.3	Projektidee und Nutzen für den Unterricht.....	1
2	Lösungskonzept	2
2.1	Biologische Vorkenntnisse und Ausgangssituation.....	2
2.2	Programmtechnischer Lösungsansatz.....	3
3	Benutzerschnittstelle	4
3.1	Konzept.....	4
3.2	Menüleiste.....	4
3.3	Erstellung von eigenen Stammbäumen.....	5
3.4	Optionen	5
3.5	Eingabe von Genotypen.....	5
3.6	Auswertung	6
3.7	Hilfe	6

1 Projektbeschreibung

1.1 Unterrichtsfach

In der 9. Klasse wird das Thema Stammbaumanalyse in dem Fach *Biologie* behandelt und später in der Oberstufe wieder erneut aufgegriffen und erweitert (x-chromosomale Vererbung). Dieses Programm soll Schülern zur Unterstützung von diesem Thema dienen.

1.2 Thema

Wir befassen uns in unserem Programm mit dem Thema Stammbaumanalyse:

Anhand von Stammbäumen aus einer Familie lässt sich etwas über die Vererbungsweise einer Krankheit bzw. einer Eigenschaft sagen. Es gibt sehr viele verschiedenartige Erbgänge mit ebenso vielen Zusätzen und Ausnahmen. Wir haben uns in unserem Programm auf die 4 Haupterbgänge beschränkt, die grundsätzlich in der Schule gelehrt werden. Es handelt sich hierbei um autosomal dominant, autosomal rezessiv, x-chromosomal dominant und x-chromosomal rezessiv. Die Analyse von Stammbäumen kann sehr nützlich sein, da man auf das Krankheitsbild der späteren Kinder vorausschauen kann oder Rückschlüsse auf die möglichen Eltern gezogen werden können.

1.3 Projektidee und Nutzen für den Unterricht

Im Unterricht werden einem Schüler nur bedingt Übungen zur Stammbaumanalyse zur Verfügung gestellt. Meistens wird jeder Erbgang an einem oder zwei Beispielen besprochen und nicht weiter abgehandelt. Der Schüler hat das Konzept der Stammbaumanalyse zwar theoretisch verstanden, doch es fehlt meistens an Übung und Anwendung. Vor allem für die anstehenden Klausuren ist dies von höchster Priorität.

Durch dieses Programm soll es dem Schüler ermöglicht werden, sein Wissen zu vertiefen und zu festigen. Denn nur durch ständiges Anwenden wird einem das Thema näher gebracht.

Der Lehrer hat in diesem Programm auch die Möglichkeit selber einen Stammbaum zu erstellen und ihn zu speichern. Der Schüler braucht diesen dann nur zu laden und kann mit der Bearbeitung beginnen. Dies hat den Vorteil, dass der Schüler gezielt schwierige Stammbäume analysieren muss, die für den Unterricht relevant sind.

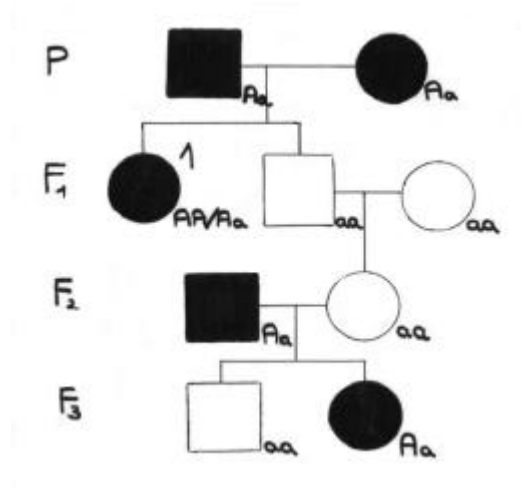
Ein weiterer wichtiger Aspekt ist die bequeme Nutzung für Zuhause. Der Schüler kann seine Analysen vom Computer immer auswerten lassen und somit können Fehler erkannt und beseitigt werden. Ihm wird dabei nicht die richtige Lösung vorweg genommen, sondern dem Schüler wird die Möglichkeit geboten, erneut über seinen Fehler nachzudenken und ihn zu verbessern.

Ebenfalls kann das Programm als Kontrolle dienen. Hat ein Schüler einen bestimmten Stammbaum (z.B. aus Hausaufgaben) und ist sich bei der Analyse nicht ganz sicher, ob sie korrekt ist, so kann er ihn selber erstellen, seine Genotypen, sowie den Erbgang eingeben und es vom Computer auswerten lassen.

2 Lösungskonzept

2.1 Biologische Vorkenntnisse und Ausgangssituation

Im Unterricht bekommt man einen fertigen Stammbaum vorgelegt, der meist 4 Generationen mit allen Merkmalsausprägungen einer Krankheit oder einer Eigenschaft umfasst. Der Schüler muss nun sowohl den Erbgang als auch die dazugehörigen möglichen Genotypen angeben.



In der Abbildung ist ein Stammbaum einer Familie mit der Fähigkeit zum Zungen- bzw. zum Nichtzungenrollen dargestellt. Diese Fähigkeit ist erblich bedingt und durch das dominante Gen A bzw. bei der Unfähigkeit zum Zungenrollen durch das rezessive Gen a bestimmt.

Der Schüler muss nun durch logisches Denken und Kombinieren die Genotypen festlegen. Ein Genotyp besteht immer aus zwei Genen (AA/Aa/aa). Die Personen der 1. Filialgeneration (F₁) bekommen immer jeweils ein Gen vom Vater und eines von der Mutter. Es ergeben sich dadurch neue Genotypen mit gleichen oder anderen Merkmalsausprägungen, manchmal sind auch mehrere Genotypen möglich (siehe 1).

So lassen sich alle Stammbäume mal eindeutig, mal weniger eindeutig durch logisches Denken analysieren.

Ein Mensch hat 46 Chromosome, davon sind 2*22 Körperchromosome (auch Autosome genannt), die für die Funktionen des Körpers verantwortlich sind und 2 Geschlechtschromosome (beim Mann: XY, bei der FRAU:XX).

Außer den am Häufigsten vorkommenden Erbgängen, autosomal rezessiv und autosomal dominant, lernt man in der Oberstufe auch noch den x-chromosomal Erbgang kennen. Hierbei liegt die Erbinformation nicht auf den Autosomen sondern auf den Geschlechtschromosomen. Das Y-Chromosom des Mannes ist relativ kurz und enthält deshalb nur die geschlechtlichen Informationen, folglich liegt beim Mann nur ein Gen vor, dass das Merkmal der Krankheit ausbildet, nämlich das X-Chromosom. Daraus ergibt sich der Name x-chromosomale Vererbung.

2.2 *Programmtechnischer Lösungsansatz*

Um dem Schüler nun die gleichen Bedingungen wie im Unterricht zu bieten, wird automatisch ein Stammbaum mit allen Merkmalsausprägungen generiert. Je nach eingestellten Optionen ist der Erbgang vorher bestimmt worden oder zufällig. Durch die zufällige Generierung vermeidet man das Auftreten von gleichen, immer wiederkehrenden Stammbäumen. Der Schüler muss nun die Möglichkeit haben, alle Genotypen bzw. den Erbgang einzugeben und seine Ergebnisse auswerten zu lassen, um die Richtigkeit seiner Arbeit festzustellen. Dabei ist es wichtig, dass die Art der eventuell gemachten Fehler erkannt und dem Schüler in einer Messagebox mitgeteilt werden, damit er sie verbessern kann. So wird versucht, einen optimalen Lernerfolg und eine Festigung des Themas zu erzielen.

Die im Unterricht eingesetzten Stammbäume bieten meist besondere Eigenschaften und Problemstellungen. Durch das zufällige Generieren von Bäumen ist das Bearbeiten eines solch schwierigen Baumes nicht zwangsläufig gewährleistet, deshalb haben wir dem Programm den Menüpunkt des Erstellens eines eigenen Stammbaumes hinzugefügt. Der Lehrer kann zum Beispiel einen Stammbaum erstellen, ihn speichern und so ihn für die Schüler zugänglich machen, die diesen dann nur laden müssen. Eine weitere Möglichkeit wäre die Option Drucken zu benutzen, indem der Lehrer seinen selbsterstellten Stammbaum ausdrucken und in seine Unterrichtsmaterialien einbinden kann.

3 Benutzerschnittstelle

3.1 Konzept

Die Benutzerschnittstelle ist an der von gängigen Windows-Programmen orientiert. Das gesamte Programm ist in einen Frame eingebettet, es gibt am oberen Rand eine Menüleiste, Drop-Down-Menüs sowie Pop-Up Fenster und wird größtenteils mit der Maus bedient, so dass der Benutzer das Programm in einer ihm Vertrauten Umgebung nutzen kann und sich nicht erst auf eine ihm fremde, programmspezifische Bedienung einstellen muss.

Um, dem Anwender die Benutzung des Programms zu erläutern, ist eine Hilfedatei vorhanden, in der die Funktionen des Programms detailliert beschrieben werden.

3.2 Menüleiste

Die Menüleiste ist sinnig gegliedert. Hinter dem Menüpunkt „Datei“ verbergen sich Operationen, die gewissermaßen obligatorische Befehle und in vielen geläufigen Programmen, wieder zu finden sind, wie beispielsweise „Laden“, „Speichern“ oder „Drucken“. Soll ein neuer Stammbaum erstellt werden, hat der Benutzer die Wahl zu treffen, ob er einen Stammbaum zufällig generieren lassen möchte, der bestimmten Kriterien genügt, oder ob er manuell einen Stammbaum kreieren möchte.



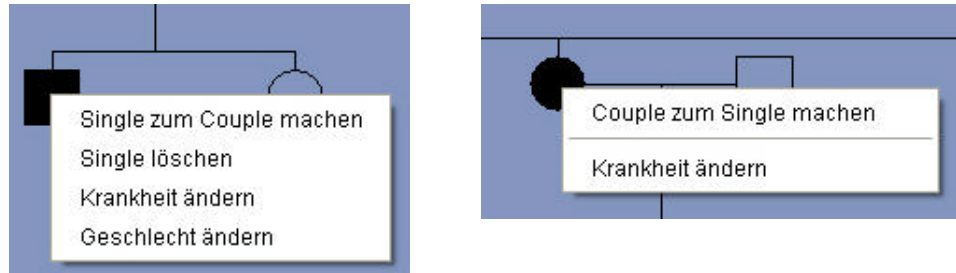
Unter dem Menüpunkt "Stammbaum" können die Einstellungen, die für die Erstellung und Auswertung des Stammbaumes relevant sind, geändert werden. Außerdem kann die Auswertung gestartet werden.

Unter dem Menüpunkt „Hilfe“ sind einmal Informationen über die Autoren, zum anderen kann von hier aus die Hilfedatei aufgerufen werden.



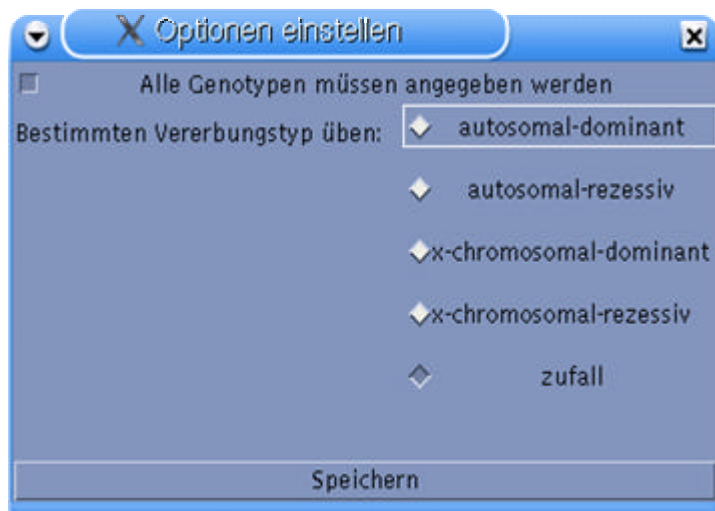
3.3 Erstellung von eigenen Stammbäumen

Wünscht der Benutzer einen Stammbaum manuell zu erstellen, so ist die Ausgangssituation ein Paar, das bei jedem Mausklick einen Nachkommen erhält. Bei einem Rechtsklick auf die Nachkommen öffnet sich ein Drop-Down-Menü und der Benutzer kann diverse Aktionen wählen. Er kann aus dem einzelnen Nachkommen ein Paar machen (oder den Vorgang auf dieselbe Weise rückgängig machen), sein Geschlecht oder seinen Phänotypen ändern oder unerwünschte Objekte aus dem Stammbaum entfernen.



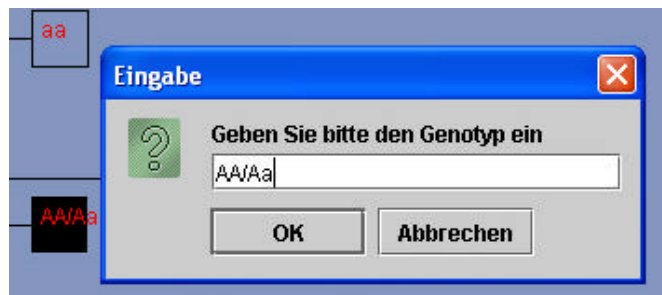
3.4 Optionen

In den Optionen können Sie einstellen, ob alle Genotypen angegeben werden müssen oder eine einzige Möglichkeit ausreicht. Weiterhin können Sie festlegen, welchen Erbgang Sie als nächstes üben möchten oder Sie lassen den Computer per Zufall entscheiden.



3.5 Eingabe von Genotypen

Ist ein Stammbaum erstellt worden, bei dem die Genotypen eingegeben werden sollen, so geschieht dies, denkbar einfach, durch einen Mausklick auf das Objekt, dessen Genotyp geändert werden soll. Daraufhin öffnet sich ein Pop-Up-Fenster, in dem man seine Eingabe machen kann. An den bereits bearbeiteten Objekten stehen



die Genotypen zur Kontrolle.

3.6 Auswertung

Beauftragt der Benutzer das Programm mit der Auswertung eines Stammbaumes, so meldet dieses ihm in einem Pop-Up-Fenster, ob die Eingabe richtig, fehlerhaft oder gegebenenfalls korrekt war, jedoch alternative Möglichkeiten vernachlässigt wurden. Bei einer falschen Eingabe wird das Objekt in dem Stammbaum, bei dem während der Kontrollroutine zuerst ein Fehler aufgetreten ist, zur einfacheren Lokalisierung markiert.



3.7 Hilfe

Falls Ihnen irgendetwas im Programm unklar ist, können Sie die Hilfe aufrufen. Dort sind Schritt für Schritt Anleitungen zu jedem Thema zu finden.

