

Titel

Thema:	Genetik / Evolution Sek II: Sequenzanalyse und Stammbäume
Veranstaltungsnummer:	2213B1401

Inhalt/Beschreibung

Beschreibung und didaktische Gestaltung:	<p>Im Workshop wird an Beispielen gezeigt, wie Bioinformatik-Software heute von Wissenschaftlern in Biologie, Biochemie und Medizin genutzt wird, um DNA-Sequenzen zu analysieren und Stammbäume zu erstellen. Dazu werden zwei Standard-Programme vorgestellt und praktisch angewendet, "ClustalX" und "Dendroscope". "ClustalX" gruppiert DNA- oder Protein-Sequenzen verschiedener Organismen nach ihrer Ähnlichkeit zu sogenannten "Multiplen Sequenzalignments" (MSA). "Dendroscope" setzt dann die so gewonnenen Daten grafisch zu Stammbäumen um. Beide Programme können, ebenso wie die untersuchten Sequenzen, frei im Internet heruntergeladen und im Unterricht benutzt werden. Das, was sonst als fertiges Produkt in Lehrbüchern abgebildet ist, kann so mit relativ geringem Aufwand und allerlei Verständniskern selbst hergestellt werden. Die Themen "Stammbaum" und "molekularbiologische Homologien" werden auf grundlegendem und erhöhtem Niveau Gegenstand des neuen Bildungsplans sein.</p> <p>Veranstaltungsort: Foyer des Instituts für Physikalische Chemie Haus der Moleküle Grindelallee 117</p>
Schwerpunkte/Rubrik:	Naturwissenschaften und Technik

Allgemeine Informationen

Fächer / Berufsfelder:	- Biologie - Naturwissenschaften
Zielgruppen:	- Fachlehrkräfte
Schularten:	- Sekundarstufe II
Veranstaltungsart:	Workshop
Gültigkeitsbereich:	Hamburg
Leitung:	Lars Janning, Landesinstitut für Lehrerbildung und Schulentwicklung
Dozenten:	Joachim Trucks, Wilhelm-Gymnasium Dr. Skadi Kull

Weitere Hinweise

Zusatzinformationen:	<p>Im Workshop wird an Beispielen gezeigt, wie Bioinformatik-Software heute von Wissenschaftlern in Biologie, Biochemie und Medizin genutzt wird, um DNA-Sequenzen zu analysieren und Stammbäume zu erstellen. Dazu werden zwei Standard-Programme vorgestellt und praktisch angewendet, "ClustalX" und "Dendroscope". "ClustalX" gruppiert DNA- oder Protein-Sequenzen verschiedener Organismen nach ihrer Ähnlichkeit zu sogenannten "Multiplen Sequenzalignments" (MSA). "Dendroscope" setzt dann die so gewonnenen Daten grafisch zu Stammbäumen um.</p>
----------------------	--

Beide Programme können, ebenso wie die untersuchten Sequenzen, frei im Internet heruntergeladen und im Unterricht benutzt werden. Das, was sonst als fertiges Produkt in Lehrbüchern abgebildet ist, kann so mit relativ geringem Aufwand und allerlei Verständnissgewinn selber hergestellt werden. Die Themen "Stammbaum" und "molekularbiologische Homologien" werden auf grundlegendem und erhöhtem Niveau Gegenstand des neuen Bildungsplans sein.

Anbieter

Anbietername:	Landesinstitut für Lehrerbildung und Schulentwicklung
Anbieteranschrift:	Felix-Dahn-Straße 3 und Weidenstieg 29, 20357 Hamburg
E-Mail-Adresse:	tis@li-hamburg.de

Termin

Termin:	02.06.2022 16:00 bis 19:00 Uhr
Dauer:	3 Zeitstunden

Veranstaltungsort

Veranstaltungsort:	Instituts für Physikalische Chemie - Haus der Moleküle, Grindelallee 117, 20146 Hamburg
--------------------	---