



<http://kefad.ahievran.edu.tr>

Ahi Evran Üniversitesi Kırşehir Eğitim Fakültesi Dergisi

ISSN: 2147 - 1037

Fen Bilgisi Öğretmen ve Öğretmen Adaylarının Biyoinformatik Farkındalıkları

Gülşah Zerman Kepceoğlu
Burcu Torun
Murat Pektaş

DOI:10.29299/kefad.2020.21.01.016

Makale Bilgileri

Yükleme:08/08/2019 Düzeltme:21/10/2019 Kabul:13/03/2020

Özet

Biyoinformatik insan dâhil tüm biyolojik türlerin genomlarına, protein sekanslarına ve proteinlerin üç boyutlu yapılarına, metabolik yol veri tabanlarına, hibridoma bilgilerine ve biyoçeşitliliğe bağlı bilgilerine ait niceleyici verilerin toplanmasını amaçlamaktadır. Biyoinformatik konusunda yeterli çalışma olmaması gerçekliğine dayanarak, mevcut fen bilgisi öğretmenleri ile fen bilgisi öğretmen adaylarının biyoinformatik ile ilgili görüşleri biyoinformatik eğitiminin ülkemizdeki durumunu resmetmesi açısından önemlidir. Bu nedenle bu araştırmada Türkiye'deki devlet okullarında görev yapan ortaokul fen bilgisi öğretmenleri ile ortaokul fen bilgisi öğretmen adaylarının biyoinformatik farkındalıklarının belirlenmesi amaçlanmıştır. Araştırmanın deseni olarak durum çalışması belirlenmiştir. Araştırmaya 25 fen bilgisi öğretmeni ve 30 fen bilgisi öğretmeni adayı katılmıştır. Araştırmanın verilerin katılımcıların dört açık uçlu sorudan oluşan bir ankete verdikleri yanıtlar aracılığıyla toplanmıştır. Yazılı görüşlerin alınmasından sonrasında toplanan verilerin analizi için nitel içerik analizi kullanılmıştır. Araştırmanın bulguları genel olarak incelendiğinde biyoinformatik ile genetik ve biyoloji bilimlerinin katılımcılar tarafından ilişkilendirildiği ve özellikle de biyoinformatik kapsamında genetik ile bilişim teknolojilerinin yakın ilişkide olduğu ortaya konulmuştur.

Anahtar Kelimeler: Biyoinformatik, Fen bilgisi öğretmeni, Fen bilgisi öğretmen adayı,

Sorumlu Yazar: Murat Pektaş, Doç. Dr., Kastamonu Üniversitesi, Türkiye, pektasenator@gmail.com, ORCID ID: 0000-0002-7205-6279

Gülşah Zerman Kepceoğlu, Doktora Öğrencisi, Kastamonu Üniversitesi, Türkiye, gulsahzerman@hotmail.com, ORCID ID: 0000-0002-4334-3957

Burcu Torun, Doktora Öğrencisi, Kastamonu Üniversitesi, Türkiye, burcu.torun1@gmail.com, ORCID ID: 0000-0002-7295-5565

595

Atf için: Zerman Kepceoğlu, G., Torun, B. ve Pektaş, M. (2020). Fen bilgisi öğretmen ve öğretmen adaylarının biyoinformatik farkındalıkları. *Kırşehir Eğitim Fakültesi Dergisi*, 21(1), 595-628.

Giriş

Genetik verilerde meydana gelen devasa artış verilerin nasıl saklanacağı konusunda bir boşluk oluşturmaktadır. Bu noktada verilerdeki artışın bir sonucu olarak, bilgisayarlar biyolojik araştırma için vazgeçilmez hale gelmiştir. Bilgisayarların kullanılması büyük miktarlarda veriyi depolayabilme kolaylığı ve doğada gözlemlenen karmaşık dinamikleri araştırması nedeniyle idealdir (Luscombe, Greenbaum, ve Gerstein, 2001). Genetik çalışmaların artmasıyla her geçen gün miktarı artan biyolojik verilerin saklanması, depolanan bu verilerin istendiği zaman çağrılması, bu verilerin düzenlenmesi ve analiz edilmesi multidisipliner bir bilim olan biyoinformatiğin doğmasını sağlamıştır. Biyoinformatiğin farklı tanımları olmasına rağmen ortak olarak biyoinformatik, biyo-moleküllerle ilgili ham verilerin düzenlenmesi, analiz edilmesi ve saklanması sürecinde matematik, istatistik ve bilgi teknolojilerinden faydalanan disiplinler arası bir bilim dalı olarak tanımlanabilir (Ünel, Önal, Çetin, Keleş ve Pektaş, 2018). Biyoinformatiğin amaçları şu şekilde özetlenebilir (Bandyopadhyay ve Pal,2007):

- 1) Büyük bir biyolojik veri setinin üyeleri arasında farklı ilişkilerin üretildiği şekilde bir bilgi edinmesini sağlamak için yeni algoritma ve modellerin geliştirilmesi;
- 2) Nükleotid ve amino asit dizileri, protein alanları ve protein yapıları dahil olmak üzere çeşitli veri türlerinin analizi ve yorumlanması;
- 3) Farklı bilişim türlerinin verimli bir şekilde erişilmesini ve yönetilmesini sağlayan araçların geliştirilmesi ve uygulanmasıdır.

Biyoinformatiğin en önemli görevi ise insan dâhil tüm biyolojik türlerin genomlarına, protein sekanslarına ve proteinlerin üç boyutlu yapılarına, metabolik yol veri tabanlarına, cell-line (hücre hattı), hibridoma bilgilerine ve biyo-çeşitliliğe bağlı bilgilerine ait niceleyici verilerin toplanmasıdır (Polat ve Karahan, 2009). Biyoinformatik terimi günümüzde oldukça popüler olmasına rağmen çok yeni bir disiplin değildir. 1869 yılında DNA'nın Fiedrich Miescher tarafından izole edilmesi ile başlayan süreci Lotka ve Volterra'nın (1926) matematiksel modellemesi takip etmiş; ancak hesaplamalı biyoloji çalışmaları ile biyoinformatiğin birbirine karıştırılmaması gerektiğini ifade eden araştırmacılar, 1951 yılında Pauling ve Corey tarafından yapılan proteinlerin ikincil yapılarını tahmin etme çalışmaları biyoinformatiğin kökenini oluşturmakla birlikte 1953 yılında Watson ve Crick'in DNA'nın sarmal yapısını ortaya koyması biyoinformatik alanına önemli katkılar sağlamıştır (Ünel, vd., 2018).

Temel moleküler ve genetik süreçlerin anlaşılmasında ve karmaşık verilerin analizi ve yorumlanması için yeni yöntemler geliştirilmesinde en etkin kurum olan "National Center for Biotechnology Information (NCBI) 1988'de kurulmuştur (Polat ve Karahan, 2009). Biyoinformatik

alanındaki en önemli projelerden biri olan İnsan Genom Projesi (İGP) ise Ekim 1990 da başlamıştır ve ABD Enerji Bakanlığı ve Ulusal Sağlık Enstitüsü tarafından koordine edilen 13 yıllık bu proje 2003 yılında tamamlanmıştır (Akın, Bürçe, Çevirici, Şahin, Şahin, ve Şahin, 2014).

Gittikçe daha fazla sayıda eğitim kurumu, devlet kurumu ve işletme, dünyadaki İGP'nin ilerlemesine bađlı olarak daha fazla biyoinformasyene olan ihtiyacı kabul etmiştir (Zhong, Zhang, Ma, ve Zhang, 2003). Bu noktada biyoinformatiđin eğitimin içerisine entegrasyonu oldukça büyük bir öneme sahip olmuştur. Ancak biyoinformatik eğitimi birçok yarar sağlamakla birlikte, bir takım zorlukları da beraberinde getirmektedir. Biyoinformatiđin eğitime dahil edilmesinin sağladığı olanaklar üç kategoriye ayrılabilir (Cummings ve Temple, 2010):

- Biyoinformatiđin yaşam bilimine ve ilgili müfredatlara uygulanabilirliđi
- Fen bilimleri öğretim programlarında öğrencinin öğrenmesini teşvik etmek için biyoinformatiđin uygunluđu
- Öğrencilerin bilgisayar ve teknoloji ile ilgili deneyim ve teknolojiye olan ilgileri.

Buna karşı biyoinformatiđin eğitime daha fazla dahil edilmesinin önündeki en büyük zorlukları şöyle sıralayabiliriz (Cummings ve Temple, 2010):

- Gerekli altyapının ve lojistik desteđin sağlanmasında karşılaşılan güçlükler
- Biyoinformatik öğretim programlarında yeterince yer almaması ve öğretmenlerin biyoinformatik hakkında var olan bilgilerinin sınırlı olması
- Biyoinformatiđin kapsamını geniş olması ve öğrencilerin sosyokültürel yapılarının çeşitlilik göstermesi

Biyoinformatik öğretimi adına ilk yaklaşımlar üniversitelerde kısa kurs programları şeklinde düzenlenmiştir. Bununla birlikte George Mason Üniversitesi, dünyadaki biyoinformatik alanında ilk doktora programını başlatmıştır (Gollery, 2006). Bunu, çođunlukla lisansüstü düzeyinde, bazıları da lisans düzeyinde olan, dünya çapında çeşitli üniversiteler ve kurumlar tarafından başlatılan örgün eğitim programları izlemiştir (Koch ve Fuellen, 2008; Kulkarni-Kale, Sawant, ve Chavan, 2010; Ojo, ve Omabe, 2011; Wood ve Gebhardt, 2013). Örneđin Almanya'da bulunun üniversitelerin 14'ü biyoinformatik ile ilgili lisans düzeyinde dersler vermeye başlamıştır (Koch ve Fuellen, 2008). Benzer olarak, Avrupa Moleküler Biyoloji Laboratuvarı (The European Molecular Biology Laboratory) 2010 yılından itibaren öğretmenlerin biyoinformatik ile ilgili olan farkındalıklarını artırmak amacıyla çalıştaylar düzenlemektedir (Wood ve Gebhardt, 2013). Ülkemizdeki biyoinformatik ile ilgili öğretim programları sadece lisans ve lisansüstü programlarında yer almaktadır. Çođunlukla tıp, eczacılık, biyoloji, biyomühendislik, genetik, moleküler tıp, biyofizik bölümü öğrencileri için düzenlenen özel

kısa kurs programları doğrultusunda çalışmalar gerçekleştirilmektedir. Alan yazın taramasında Türkiye’de biyoinformatiğin eğitimi ya da eğitimde kullanımı ile ilgili yapılan çalışmaların olmadığı, bunun aksine biyoinformatik ile ilgili yapılan çalışmalar ve araştırmalar incelendiğinde hastalıkların tedavisi, bitkiler hayvanlar mantarlar, virüsler ve inşalar üzerindeki DNA ve RNA analizi çalışmaları ile protein yapıları üzerine yoğunluk gösterdiği saptanmıştır (Durmuş-Tekir, 2013; Çalıbaşı vd., 2014; Kartal, 2015; Öztemur, Aydos ve Gür-Dedeoğlu, 2015; Karaca, 2018; Çubuk, 2019; Çakır, 2019).

Milli Eğitim Bakanlığı tarafından yayımlanan 2018 ilköğretim fen bilimleri öğretim programlarında biyoinformatik konu başlığı net olarak ifade edilmemekle birlikte öğretim programının özel amaçları kısmında (MEB, 2018a) *“sosyobilimsel konuları kullanarak muhakeme yeteneği, bilimsel düşünme alışkanlıkları ve karar verme becerileri geliştirmek”* ifadesi kullanılarak biyoinformatik konu başlığının programa dahil edilebileceği düşünülebilir. Ayrıca ortaöğretim biyoloji, kimya ve fizik öğretim programları çerçevesinde de özel amaçlar kısmında aşağıdaki ifadeler yer almaktadır (MEB, 2018b, c, d) ;

- Canlılardan esinlenilerek geliştirilen teknolojilerin farkına varmaları ve benzer yenilikler yapmak için istekli olmaları,
- Bilim ve teknolojinin insanın ve diğer canlıların yaşamlarına olan etkilerini değerlendirebilmeleri,
- Bilimsel çalışmalarda ve toplumsal hayatta etik değerlere sahip olmanın ve bu değerlere uygun davranmanın gerekliliğini ve önemini kavramaları,
- Sosyobilimsel konular (bilimle ilişkili tartışmalı sosyal konular) hakkında bilinçli değerlendirmeler yapabilmeleri,
- Bilişim teknolojilerini kullanarak edindikleri bilgileri kimyanın sembolik diline ve bilimsel içeriğe uygun olarak düzenlemeleri, sunmaları, raporlaştırmaları ve paylaşmaları
- Farklı enerji kaynaklarının kullanımına yönelik sosyobilimsel olaylarla ilgili çıkarımda bulunmaları,
- İşlevsel projeler, kapsamlı ve özgün tasarımlar, buluşlar üretebilmeleri,

Bu ifadeler biyoinformatik konu başlığının açıkça ifade edilmese de programlara dahil edilmeye çalışıldığı göstermektedir. Ancak mevcut öğretim programlarının konular bakımından yoğun olması yanında, fen bilimleri derslerinin ders saatlerinin az olması biyoinformatik gibi özel konu başlıklarının yeterince ilköğretim ve ortaöğretim kademesinde işlenememesine sebep olabilmektedir.

Türkiye’de biyoinformatik ve eğitimi ile ilgili yeterli çalışma olmaması gerçekliğine dayanarak, mevcut fen bilgisi öğretmenleri ile fen bilgisi öğretmen adaylarının biyoinformatik ile ilgili görüşleri biyoinformatik eğitiminin ülkemizdeki durumunu resmetmesi açısından önemlidir. Bu nedenle bu araştırmada Türkiye’deki devlet okullarında görev yapan ortaokul fen bilgisi öğretmenleri ile ortaokul fen bilgisi öğretmen adaylarının biyoinformatik farkındalıklarının belirlenmesi amaçlanmıştır. Araştırmanın amacına uygun olarak aşağıdaki sorulara yanıt aranmıştır:

1. Fen bilgisi öğretmenlerinin ve öğretmen adaylarının biyoinformatik ve çalışma alanları ile ilgili düşünceleri nelerdir?
2. Fen bilgisi öğretmenlerinin ve öğretmen adaylarının biyoinformatik bilgi kaynakları hakkındaki farkındalıkları ne düzeydedir?
3. Fen bilgisi öğretmenlerinin ve öğretmen adaylarının insan genom projesi hakkında farkındalıkları ne düzeydedir?

Yöntem

Araştırma Modeli

Araştırma nitel araştırma desenlerinden durum çalışması niteliğindedir. Durum çalışması, gözlem, görüşme, doküman analizi gibi nitel veri toplama yöntemlerinin kullanıldığı, durumları doğal ortamında gerçekçi ve bütüncül bir şekilde derinlemesine inceleyen bir araştırma yöntemidir (Yıldırım ve Şimşek, 2013; Creswell, çev. 2016). Bu araştırmada fen bilgisi öğretmenleri ile fen bilgisi öğretmen adaylarının biyoinformatik ile ilgili görüşleri durum çalışması ile analiz edilmiştir.

Çalışma Grubu

Bu çalışma 25 fen bilgisi öğretmeni ve 30 fen bilgisi öğretmen adayı ile yürütülmüştür. Katılımcılar seçilirken amaçlı örnekleme yöntemlerinden maksimum çeşitlilik ve kolay erişilebilir örneklem tekniklerinden yararlanılmıştır. Maksimum çeşitlilik örneklemesinde aynı olgu ile ilgili farklı görüşlerin alınması hedeflenirken, kolay erişilebilir örneklem ile erişilmesi kolay bireyler seçilmiştir (Yıldırım ve Şimşek, 2013). Çalışma grubu Karadeniz bölgesinin bir ilinde görev yapmakta olan fen bilgisi öğretmenleri ile aynı ildeki üniversitede öğrenim gören fen bilgisi öğretmen adayları ile gönüllülük esasına dayalı olarak seçilmiştir.

Verilerin Toplanması

Veriler 4 adet açık uçlu soruyla oluşturulan görüşme formu aracılığı ile toplanmıştır. Görüşme formu Fen bilgisi dersi öğretmenlerinin ve öğretmen adaylarının biyoinformatik ile ilgili bilgi ve görüşlerini belirlemek amacıyla oluşturulmuştur. Görüşme formunda yer alan toplamda 4 soru

oluşturulurken detaylı bir alan yazın taraması yapılmıştır. Bu sorular alan yazın taraması sonucunda elde edilen ve araştırmacıların kendi ürettikleri sorulardır. Fraenkel ve Wallen'e (2001) göre veri toplama enstrümanı, çalışma geçerliliğinin önemli bir parçasıdır: bir araştırmacı, enstrümanların otomatik olarak geçerli olduğunu varsayamaz. Bu çalışmada da, geliştirilen enstrüman uygulamadan önce iki uzman tarafından incelenmiştir. Uzmanlardan gelen dönütler sonucunda sorular üzerinde gereken değişiklikler yapılarak enstrümana son hali verilmiştir.

Verilerin Analizi

Yazılı görüşlerin alınmasından sonra toplanan verilerin analizi için nitel içerik analizi kullanılmıştır. Nitel içerik analizinde amaç elde edilen verileri betimleyebilecek kavramlara ve ilişkilere ulaşmaktır. Nitel içerik analizinde verilerin kodlanarak kategorileştirilmesi, temaların bulunması, verilerin kodlara ve temalara göre düzenlenmesi ve tanımlanması ve bulguların yorumlanması aşamaları birbirini izlemektedir (Yıldırım ve Şimşek, 2013).

Veri analizine yazılı görüşlerden elde edilen verilerin çözümlenmesiyle başlanmıştır. Çalışmada her bir soruya ait cevaplara yönelik iki araştırmacı tarafından kodlar oluşturulmuştur. Bu kodlar sayılarak bazı kodlar gruplandırılmıştır (Patton, 2002). Kodlayıcılar arası güvenilirlik Miles ve Huberman'ın (1994) formülüne göre % 89 olarak hesaplanmıştır. İki kodlayıcı arasındaki anlaşmazlık giderildikten ve kodlar konusu netleştirdikten sonra kodlayıcı güvenilirliği % 100'e ulaşmıştır.

Bulgular

Araştırmaya katılan öğretmen ve öğretmen adaylarının "Biyoinformatik nedir?" sorusuna verdikleri yanıtlar doğrultusunda oluşturulan kategoriler ve frekansları Tablo 1 de verilmiştir.

Tablo 1. Araştırmanın birinci sorusuna verilen yanıtlar

Kodlar	Öğretmen		Öğretmen Adayı	
	f	%	f	%
Genetik bilgi inceleme - modelleme	12	48	11	37
Farklı disiplinlerin çalışma birlikteliği	8	32	10	34
Genetik bilgi depolama	8	32	8	27
Biyoloji / Canlı bilgisi	6	24	4	13
Hastalıklara çözüm bulma	0	0	2	7
Biyolojinin alt dalı	0	0	3	10
Genetik bilgi hesaplama	1	4	0	0
Bilgim yok	0	0	2	7

Tablo 1 genel olarak incelendiğinde biyoinformatik ile genetik ve biyoloji bilimlerinin katılımcılar tarafından ilişkilendirildiği ve özellikle de biyoinformatik kapsamında genetik ile bilişim teknolojilerinin yakın ilişkide olduğu ortaya konulmuştur. Daha detaylı olarak Tablo 1'de görüldüğü

gibi araştırmaya katılan öğretmenlerin %48'i ve öğretmen adaylarının %37'si biyoinformatiğin insanların genetik bilgilerinin bilgisayar ortamlarında detaylı incelenmesi ve/veya bu bilgilerin bilgisayar aracılığıyla modellenmesi olarak tanımlamıştır. Ayrıca öğretmenlerin %32'si ile öğretmen adaylarının %34'ü genetik bilimi, bilgisayar, matematik, istatistik ve bilgi teknolojileri gibi farklı disiplinlerin birlikte çalışması olduğunu ifade etmiştir. Öğretmenlerin %32'si ile öğretmen adaylarının %27'si de canlı genetiği üzerine çalışmalar, genlerle ilgili yapılan çalışmaların kapsamlı verilerinin elde edilmesi yani genetik bilgi depolama olarak ortaya koymuştur. Bununla birlikte sadece 2 öğretmen adayının biyoinformatik konusunda bilgisi olmadığını iddia etmesi fen bilimleri alanında ister öğretmen ister öğretmen adayı olsun biyoinformatik hakkında çoğunlukla bilgi sahibi olduğunu göstermiştir. Birinci soruya katılımcıların verdikleri yanıtlardan alınan ekran görüntüleri aşağıdaki gibidir.

1) Biyoinformatik nedir? Açıklayınız...

Biyoinformatik, canlı biliminin bilgisayar yardımıyla incelenmesidir.
Biyolojik verileri depolama, toplama ve ulaştırma kolaylığı sağlar.

Şekil1. T21 kodlu öğretmenin birinci soruya verdiği yanıt

İnsan genetiğinin detaylı olarak incelenmesine, gen diziliminin sanal ortamda yapılandırılarak modellenmesine ve genetik yapının incelenmesine imkan sağlayan genetik biliminin teknoloji destekli kalıdır.

Şekil 2. T6 kodlu öğretmenin birinci soruya verdiği yanıt

Biyolojik ve genetik bilgilerin bilgisayar yardımı ile o verilerin depolanması ve kullanılmasıdır.

Şekil3. S15 kodlu öğretmen adayının birinci soruya verdiği yanıt

Araştırmaya katılan öğretmen ve öğretmen adaylarının biyoinformatiğin çalışma alanları ile ilgili soruya verdikleri yanıtlar doğrultusunda oluşturulan kategoriler ve frekansları Tablo 2 de verilmiştir.

Tablo 2. Araştırmanın ikinci sorusuna verilen yanıtlar

Kodlar	Öğretmen		Öğretmen Adayı	
	f	%	f	%
Genetik	16	64	13	43
Hastalık tedavi	8	32	8	27
Tıp	7	28	6	20
Biyoloji	5	20	7	23
Endüstri	3	12	1	3
Teknoloji	3	12	0	0
Biyoteknoloji	2	8	1	3
Eczacılık	2	8	1	3
Kötüye kullanım	2	8	0	0
Bilgisayar mühendislik	2	8	0	0
Kimya endüstrisi	2	8	0	0
Biyomühendislik	1	4	3	10
İlaç sanayi	1	4	2	7
Gıda	1	4	1	3
Kök hücre	1	4	0	0
Doğal denge bozulma	1	4	0	0
DNA değişikliği	1	4	0	0
Teknolojik canlı	1	4	0	0
Tarım	1	4	0	0
Biyolojik silah	1	4	0	0
Yapay organ	1	4	0	0
Fikrim yok	0	0	1	3

Genel olarak Tablo 2 incelendiğinde çok farklı alanların katılımcılar tarafından ortaya konulduğu görülmüştür. Ancak dikkat çekici olarak bu alanların çoğunlukla birbirleri ile bağlantılı olmasıdır. Tablo 2’de görüldüğü gibi biyoinformatiğin çalışma alanının en sıklıkla genetik olduğu ve genetik ile ilişkili olarak hastalıkların tedavisi, tıp, biyoloji alanlarının olduğu ifade edilmiştir. Bununla birlikte eczacılık, bilgisayar mühendisliği, kimya endüstrisi ve biyomühendislik alanlarının da varlığından bahsedilmiştir. Daha düşük oranda ilaç sanayi, kök hücre, DNA değişikliği, tarım,

biyolojik silah ve yapay organ gibi farklı alanlarda ifade edilmiştir. İkinci soruya katılımcıların verdikleri yanıtlardan alınan ekran görüntüleri aşağıdaki gibidir.

2) Bioinformatiğin çalışma alanları hakkında ne düşünüyorsunuz?

Etik alan içerisinde yararlı olabilir. Hastalara tedaviler oluşturulabilir hatta hastalığı taşıyan gen değiştirilerek hastalığın ortaya çıkması engellenebilir. Günümüz şartlarında bu özellikler gizlice kötüye kullanılabilir. Seçmece insanlar oluşturulabilir.

Şekil4. T2 kodlu öğretmenin ikinci soruya verdiği yanıt

2) Bioinformatiğin çalışma alanları hakkında ne düşünüyorsunuz?

Günümüzde organ bapıcı yerine yapay olarak yapılmada kullanıcılar bir del görüyorum.

Şekil5. T20 kodlu öğretmenin ikinci soruya verdiği yanıt

2) Bioinformatiğin çalışma alanları hakkında ne düşünüyorsunuz?

Hastalıklı genlerin iyileştirilmesinde ve sağlıklı genlerin satılmasında ibiye farkla sağlık alanında bu yatırım.

Şekil6. S22 kodlu öğretmen adayının ikinci soruya verdiği yanıt

Araştırmaya katılan öğretmen ve öğretmen adaylarının "Biyoinformatik bilgisine hangi kaynaklardan ulaşacağınızı düşünüyorsunuz?" sorusuna verdikleri yanıtlar doğrultusunda oluşturulan kategoriler ve frekansları Tablo 3 de verilmiştir.

Tablo 3. Araştırmanın üçüncü sorusuna verilen yanıtlar

Kodlar	Öğretmen		Öğretmen Adayı	
	f	%	f	%
İnternet	17	68	23	77
Makale	12	48	8	27
Dergi	6	24	7	23
Kitap	5	20	7	23
Yükseköğretim kurumu	5	20	0	0
Veri tabanı	4	16	7	23
Tez	4	16	3	10
Tıp merkezi	3	12	1	3
Uzman	1	4	4	13
Bilgim yok	0	0	4	13

Gelişen teknoloji sayesinde tüm katılımcılar açısından bilgi edinme noktası olarak internet en başı çekmektedir. Bunun yanı sıra makale, dergi ve kitaplar öğretmen ve öğretmen adaylarının bilgi edinme kaynakları arasında bulunmaktadır. Öğretmen adaylarından hiç biri yükseköğretim kurumlarını bilgi edinme kaynağı olarak ifade etmemiş olması dikkat çekicidir. Ancak yine öğretmen adayları uzmanları bilgi edinme kaynağı olarak görmektedir. Bununla birlikte uzmanların en başta yükseköğretim kurumlarında bulunabileceğini göz ardı etmiştir. Öğretmen adaylarına yönelik bakılacak olursa %13'lük bir kısım da biyoinformatik bilgi kaynakları hakkında bilgisi olmadığını ifade etmiştir. Üçüncü soruya katılımcıların verdikleri yanıtlardan alınan ekran görüntüleri aşağıdaki gibidir.

3) Biyoinformatik bilgisine hangi kaynaklardan ulaşacağınızı düşünüyorsunuz?

Google Akademikte yayımlanan makaleler.

Biyolojide özel konular isimli kitap (Pegem)

Biyoinformatikle uğraşan bilim insanları.

Bilimsel dergiler.

NCBI, MEDLINE, PAMED, BLASTN, BAASTA

gibi veri tabanları.

Şekil7. S26 kodlu öğretmen adayının üçüncü soruya verdiği yanıt

3) Bioinformatik bilgisine hangi kaynaklardan ulaşacağınızı düşünüyorsunuz?

Teknoloji imkanları üst düzey, tıpta son gelişmeleri takip eden ve bu gelişmelerin birzati içinde olan bilimle ilgili kurumlardan bioinformatik bilgisine ulaşılabilir.

Şekil8. T6 kodlu öğretmenin üçüncü soruya verdiği yanıt

3) Bioinformatik bilgisine hangi kaynaklardan ulaşacağınızı düşünüyorsunuz?

İnternet ortamından rahatlıkla ulaşılabilir.
Bu konu hakkında kitap yazılmasa oluyorsa bilgi sahibi olabiliriz.

Şekil9. S29 kodlu öğretmen adayının üçüncü soruya verdiği yanıt

Araştırmaya katılan öğretmen ve öğretmen adaylarının insan genom projesi çıktıları hakkındaki düşüncelerini ifade ettikleri soruya verdikleri yanıtlar doğrultusunda oluşturulan kategoriler ve frekansları Tablo 4 de verilmiştir.

Tablo 4. Araştırmanın dördüncü sorusuna verilen yanıtlar

Kodlar	Öğretmen		Öğretmen Adayı	
	f	%	f	%
Hastalıkların tedavisi	11	44	10	33
Hastalıkların tanınması	11	44	10	33
Genel olumlu ifadeler	10	40	4	13
Genlerin özellikleri belirleme	9	36	14	47
Genlerin değiştirme	9	36	1	3
Genel olumsuz ifadeler	3	12	2	7
Gen alışverişi sağlanması	2	8	0	0
Doğal dengenin bozulması	1	4	0	0
Organ naklinin gerçekleşmesi	1	4	0	0
Bilgi yok	0	0	11	37

Tablo 4'e genel olarak bakıldığında katılımcılar insan genom projesinin çıktılarının çoğunluğunu hastalıkların tanı ve tedavilerinin olumlu sonuçları üzerine olduğunu ifade etmişlerdir. Ayrıca öğretmenler genlerin özelliklerini belirleme ve gen değişimi konusunda %36'lık paralel yaklaşım sunarken, öğretmen adayları genlerin özelliklerinin belirlenmesi sonucuna ulaşırken gen değişimi konusunda daha düşük bir oran ortaya koymuşlardır. Dahası gen alışverişi, doğal denge bozulması ve organ nakli gibi önemli başlıklarda da öğretmen adayları fikir sahibi olmadıklarını ortaya koymuşlardır. Öğretmen ve öğretmen adaylarının insan genom projesi çıktılarının olumlu ve olumsuz sonuçlarına yönelik söylemlerine bakıldığında da her iki grup da olumlu sonuçlarından daha çok bahsetmişlerdir. Dördüncü soruya katılımcıların verdikleri yanıtlardan alınan ekran görüntüleri aşağıdaki gibidir.

4) İnsan genom projesi çıktıları hakkında ne düşünüyorsunuz?

İnsan genom projesi tüm insanların ortak projesidir. Çünkü insanların DNA dizilimi tüm çaga kitap ediliyor. Üstünde çok önemli tabiki meme kanseri kolon kanseri, alzheimer anemisi gibi bilinmeyen tedavi olamayan hastalıkları tedavisinde kullanılabılır

Şekil10. S28 kodlu öğretmen adayının dördüncü soruya verdiği yanıt

4) İnsan genom projesi çıktıları hakkında ne düşünüyorsunuz?

İnsan hakkındaki tüm bilgilerin ve hastalıkların bile kayıt altına alındığı bir proje olduğundan gelecekteki hastalıklarda kullanılabılır çok gerekli ve risizsel bir proje olacaktır

Şekil11. T22 kodlu öğretmenin dördüncü soruya verdiği yanıt

4) İnsan genom projesi çıktıları hakkında ne düşünüyorsunuz?

- gelecekte insanın hastalık vb. durumları daha kolay, daha hızlı olarak sınıflandırılacağını düşünüyorum.
- Organ naklinde donör bulmada hızlandırma
- insanın genetik özelliklerinin bulunması

Şekil12. T16 kodlu öğretmenin adayının dördüncü soruya verdiği yanıt

Sonuç, Tartışma ve Öneriler

Araştırmadan elde edilen bulgular incelendiğinde araştırmaya katılan öğretmen ve öğretmen adaylarının biyoinformatiği genetik ile ilişkilendirdikleri ortaya çıkmıştır. Biyoinformatik temel olarak biyo-moleküller ile ilgili olan verilerin teknoloji yardımıyla analiz edilmesi ve saklanması süreci olduğundan, katılımcıların biyoinformatik ile ilişkili kavram imajlarında genetik biliminin yer alması beklenen bir sonuçtur. Alan yazında biyoinformatik ile ilgili yapılan çalışmalar da incelendiğinde (Luscombe, Greenbaum ve Gerstein, 2001; Koch ve Fuellen, 2008) biyoinformatiğin genetik ile birlikte tanımlamanın tercih edildiği görülmektedir. Tanımına da uygun olarak katılımcıların yarısından fazlası biyoinformatiğin genetik ve teknolojinin bir arada kullanılması ile ilgili olduğunu ifade etmişlerdir. Campbell'in (2013) çalışmasında da sıklıkla katılımcı öğrenciler biyoinformatiği "yeni" bilgisayarlı biyoloji olarak ifade etmişlerdir.

Bununla birlikte hem öğretmenlerin hem de öğretmen adaylarının biyoinformatiğin çalışma alanları hakkında çok çeşitli bilgiler verdiği görülmüştür. Ancak bu bilgilerin doğruluğunu ve güncelliğini takip etme açısından canlı bir mecraya olan internet hemen akıllarına gelirken, biyoinformatik konusunda uzman olarak nitelendirilebilecek akademisyen, mühendis ve benzeri uzman kişileri düşündüklerini daha az ifade etmişlerdir. Alan yazında yapılan çalışmalarda da (Wefer, 2006; Smith, 2007; Cummings ve Temple, 2010) yapmış olduğu çalışmada da biyoinformatiğin gelişmekte bir alan olduğundan konu ile ilgili bilgilere erişimde yazılı ve görsel kaynakların yeterli sayıda olmadığı ifade edilmiştir.

Ayrıca insan genom projesinin çıktıları hakkında katılımcıların görüşleri incelendiğinde, hemen hemen hepsi hastalıkların tanı ve tedavi süreçleri ile gen özelliklerinin belirlenmesi ve değiştirilmesi süreçleri hakkında görüş bildirmişlerdir. Fakat organ nakli aşamasında hem ülkemizde hem de dünyada donör bulunamaması sebebiyle birçok insanın hayatını kaybetmesine rağmen katılımcıların çok az bir kısmı organ naklinin bu projenin yardımıyla kolaylaştırılabileceğinin farkına varamamışlardır. Araştırmanın ikinci sorusunda ifade edilen biyoinformatiğin çalışma alanları ile ilgili olarak, biyoinformatiğin kötüye kullanılabileceğini düşünen katılımcı oranı %8 iken, organ nakli konusunda düşüncesini ifade eden katılımcı oranı ise sadece %4'tür. Biyoinformatik ile ilgili bilgilerin kötüye kullanımı ile ilgili olarak Trinidad ve meslektaşlarının (2012) insan genomu ile ilişkili

araştırmalarda izin konusundaki çalışmalarında bulduklarına benzerlik göstermektedir. Adı geçen çalışmada da katılımcılar elde edilen bilgilerin araştırma dışına taşınabileceği hakkında endişeleri olduğunu ifade etmişlerdir. Bu noktada sosyobilimsel çalışma alanlarının toplumsal etikler ile çatışma içinde olduğu ve bu alanların gelişmesini engelleyen en temel sebeplerden biri olduğunu söyleyebiliriz. Araştırmanın katılımcılarının en fazla sayıda bu soruya ilişkin bilgisinin olmadığı da ortaya çıkmıştır. Bu durum bu projenin içeriğinden ve sonuçlarından gerek öğretmen gerek öğretmen adaylarına yeterince bilgilendirme yapılmamış olması ile ilişkilendirilebilir.

Bu sonuçlardan yola çıkarak, biyoinformatiğin tanımlanması ve çalışma alanları ile bu bilimsel çalışmaların insanlığa sunabileceği yararların eğitim programları içerisine geniş entegrasyonu sağlanmalıdır. Bununla birlikte geleceğin öğretmenleri olan öğretmen adaylarının yetiştirilmesi esnasında da biyoinformatik ve onunla ilgili çalışmaların tanıtılması kısa kurslar halinde değil de örgün eğitimin bir parçası haline getirilmelidir. Ayrıca bu bağlamda ilkökul 3.sınıf seviyesinden itibaren fen bilimleri derslerinde biyoinformatiğin gerçek amacının insanlığa faydalı olmak olduğu öğretilmelidir. Böylece küçük yaşlardan itibaren alınan faydacı eğitimin biyoinformatiğin kötüye kullanım oranını ciddi oranda düşüreceği düşünülebilir.

Kaynakça

- Akın, C., Bürçe, B., Çevirici, B., Şahin, B., Şahin, E., ve Şahin, Y. (2014). *Disiplinler arası bir bilim dalı: Biyoinformatik*, Başkent Üniversitesi Tıp Fakültesi 16.Öğrenci Sempozyumunda sunulan bildiri, Başkent Üniversitesi, Ankara.
- Bandyopadhyay, S., & Pal, S. K. (2007). *Classification and learning using genetic algorithms: applications in bioinformatics and web intelligence*. New York: Springer Science & Business Media.
- Campbell, C. E. (2013). *Assessing student understanding of the "new biology": Development and evaluation of a criterion-referenced genomics and bioinformatics assessment* (Order No. 3672159). Available from ProQuest Dissertations & Theses Global. (1647261019). Retrieved from <https://search.proquest.com/docview/1647261019?accountid=107421>.
- Cummings, M. P., & Temple, G. G. (2010). Broader incorporation of bioinformatics in education: opportunities and challenges. *Briefings in bioinformatics*, 11(6), 537-543.
- Creswell, J. W. (2013), *Nitel araştırma yöntemleri* (3. Baskı). Çeviri Editörü: Bütün, M. ve Demir, S. (2016). Ankara: Siyasal Kitabevi.
- Çakır, N. (2019). *Reconstruction of tissue-specific protein-protein interaction sub-networks to improve prediction accuracy of bioinformatics tools* (Yayımlanmamış yüksek lisans tezi). Marmara Üniversitesi, İstanbul.

- Çalibaşı, G., Kaçar, K. G., Doğan, Y., Tarı, M., Sarı, B., Tonç, S., ..., & Alashqar, M. C. A. (2014). İnciraltı yerleşkesinde biyoistatistik ve biyoinformatik program kullanım sıklığı ve farkındalığı. *Dokuz Eylül Üniversitesi Tıp Fakültesi Dergisi*, 28(2), 45-50.
- Çubuk, C. (2019). *Biyoinformatik teknikleri kullanarak yeni mikro RNA'ların bulunması ve varyant analizlerinin yapılması: Citrus modeli* (Yayımlanmamış yüksek lisans tezi). Dokuz Eylül Üniversitesi, İzmir.
- Durmuş-Tekir, S. (2013). *Investigation of infection mechanisms through pathogen-human protein-protein interactions by bioinformatics approaches* (Yayımlanmamış doktora tezi). Boğaziçi Üniversitesi, İstanbul.
- Fraenkel, J. R., & Wallen, N. E. (2001). *Educational research: A guide to the process* (2nd ed.). Mahwah, NJ: Erlbaum.
- Gollery, M. (2006) An assessment of the current state of bioinformatics education. *Bioinformatics* 1(7), 247-253.
- Karaca, Y. (2018). *Karpuz bitkisinde bzip (temel lösün fermuarı) transkripsiyon faktör genlerinin biyoinformatik analizleri ve gen ifadelerinin kuraklık stresi altında incelenmesi* (Yayımlanmamış yüksek lisans tezi). Kastamonu Üniversitesi, Kastamonu.
- Kartal, E. (2015). *Identification of pathogenic mutations in neurodegenerative disorders: bioinformatic analysis of next generation sequencing data* (Yayımlanmamış yüksek lisans tezi). Hacettepe Üniversitesi, Ankara.
- Koch, I., & Fuellen, G. (2008). A review of bioinformatics education in Germany. *Briefings in bioinformatics*, 9(3), 232-242.
- Kulkarni-Kale, U., Sawant, S., & Chavan, V. (2010). Bioinformatics education in India. *Briefings in bioinformatics*, 11(6), 616-625.
- Luscombe, N. M., Greenbaum, D., & Gerstein, M. (2001). What is bioinformatics? A proposed definition and overview of the field, *Methods of information in medicine*, 40(4), 346-358.
- Miles, M. B., & Huberman, A. M. (1994). *An expanded sourcebook: qualitative data analysis* (Second edition). Thousand Oaks, CA: SAGE Publications, Inc
- Milli Eğitim Bakanlığı. (2018a). *İlköğretim fen bilimleri dersi öğretim programı*, Ankara: MEB Yayınevi.
- Milli Eğitim Bakanlığı. (2018b). *Ortaöğretim fizik dersi öğretim programı*, Ankara: MEB Yayınevi.
- Milli Eğitim Bakanlığı. (2018c). *Ortaöğretim kimya dersi öğretim programı*, Ankara: MEB Yayınevi.
- Milli Eğitim Bakanlığı. (2018d). *Ortaöğretim biyoloji dersi öğretim programı*, Ankara: MEB Yayınevi.

- Ojo, O. O., & Omabe, M. (2011). Incorporating bioinformatics into biological science education in Nigeria: prospects and challenges. *Infection, Genetics and Evolution*, 11(4), 784-787.
- Öztemur, Y., Aydos, A., & Gür-Dedeoğlu, B. (2015) "Meme kanseri mikrodizin verilerinin biyoinformatik yöntemler ile bir araya getirilmesi - Metaanaliz yaklaşımları", *Türk Hijyen Deneysel Biyoloji Dergisi*, 72(2), 155-162.
- Patton, M.Q. (2002). *Qualitative research and evaluation methods* (3rd Ed.). London: Sage Publications, Inc
- Polat, M., & Karahan, A. (2009). Multidisipliner yeni bir bilim dalı: biyoinformatik ve tıpta uygulamaları. *SDÜ Tıp Fakültesi Dergisi*, 16(3), 41-50.
- Smith, P. H. (2007). *Online bioinformatics education: An information systems approach to using stakeholder needs analysis for educational systems design heuristics* (Order No. 3259076). Available from ProQuest Dissertations & Theses Global. (304769081). Retrieved from <https://search.proquest.com/docview/304769081?accountid=107421>.
- Trinidad, S. B., Fullerton, S. M., Bares, J. M., Jarvik, G. P., Larson, E. B., & Burke, W. (2012) Informed consent in genome-scale research: what do prospective participants think?, *AJOB Primary Research*, 3(3), 3-11.
- Ünel, N. M., Önal, İ. K., Çetin, F., Keleş, M., & Pektaş, M. (2018). *Biyoinformatiğe giriş*, Mehmet Cengiz Baloğlu (Ed.), *Biyoinformatik Temelleri ve Uygulamaları içinde* (s.1-15). Kastamonu: Kastamonu Üniversitesi Basımevi.
- Wefer, S. H. (2006). *Bioinformatics in the secondary science classroom: A study of state content standards and students' perceptions of, and performance in, bioinformatics lessons* (Order No. 3282747). Available from ProQuest Dissertations & Theses Global. (305359208). Retrieved from <https://search.proquest.com/docview/305359208?accountid=107421>
- Wood, L., & Gebhardt, P. (2013) Bioinformatics goes to school—new avenues for teaching contemporary biology. *PLoS Comput Biol*, 9(6), 30-89.
- Yıldırım, A., & Şimşek, H. (2013). *Sosyal Bilimlerde Nitel Araştırma Yöntemleri*. Ankara: Seçkin Yayıncılık.
- Zhong, Y., Zhang, X., Ma, J., & Zhang, L. (2003). Rapid development of bioinformatics education in China. *Journal of Biological Education*, 37(2), 75-78.

"Fen Bilgisi Öğretmen ve Öğretmen Adaylarının Biyoınformatik Farkındalıkları" başlıklı çalışmanın yazım sürecinde bilimsel, etik ve alıntı kurallarına uyulmuş; toplanan veriler üzerinde herhangi bir tahrifat yapılmamış, karşılaşılabak tüm etik ihlallerde "Kırşehir Eğitim Fakültesi Dergisi Yayın Kurulunun" hiçbir sorumluluğunun olmadığı, tüm sorumluluğun Sorumlu Yazara ait olduğu ve bu çalışmanın herhangi başka bir akademik yayın ortamına değerlendirme için gönderilmemiş olduğunu taahhüt ederim.

Doç. Dr. Murat Pektař



<http://kefad.ahievran.edu.tr>

Ahi Evran University Journal of Kırşehir Education Faculty

ISSN: 2147 - 1037

Bioinformatics Awareness of Prospective and In-service Science Teachers

Gülşah Zerman Kepceoğlu
Burcu Torun
Murat Pektaş

DOI:10.29299/kefad.2020.21.01.016

[Article Information](#)

Received:08/08/2019 Revised:21/10/2019 Accepted:13/03/2020

Summary

Bioinformatics aims to collect quantitative data on genomes, protein sequences and three-dimensional structures of proteins, metabolic path databases, hybridoma information and biodiversity information of all biological species including human. Based on the fact that there are not enough studies on bioinformatics, the opinions of current science teachers and prospective science teachers about bioinformatics are important in terms of depicting the status of bioinformatics education in our country. Therefore, this study aims to determine the bioinformatics awareness of middle school science teacher and prospective science teachers. Case study is determined as the design of the research. Twenty-five science teachers and 30 prospective science teachers have participated in this study. The data of the study were collected through the responses of the participants to a questionnaire consisting of four open-ended questions. Qualitative content analysis was used to analyse the data collected after receiving written opinions. When the findings of the study are analyzed in general, it was revealed that bioinformatics and genetics and biology sciences were associated with the participants. Furthermore, in the context of bioinformatics, genetics and information technologies were closely related.

Keywords : Bioinformatics, Science teacher, Prospective science teacher

Corresponding Author: Murat Pektaş, Assoc. Prof. Dr, Kastamonu University, Turkey, pektasenator@gmail.com, ORCID ID: 0000-0002-7205-6279

Gülşah Zerman Kepceoğlu, PhD Student, Kastamonu University, Turkey, gulsahzerman@hotmail.com, ORCID ID: 0000-0002-4334-3957

Burcu Torun, PhD Student, Kastamonu University, Turkey, burcu.torun1@gmail.com, ORCID ID: 0000-0002-7295-5565

Introduction

The huge increase in genetic data creates a gap in how data is stored. At this point, as a result of the increase in data, computers have become indispensable for biological research. The use of computers is ideal because of the ease of storing large amounts of data and the complex dynamics observed in nature (Luscombe, Greenbaum, and Gerstein, 2001). The increase of genetic studies, the storage of biological data, the amount of which increases day by day, the need for calling back and the need for editing and analysing these data have led to the birth of a multidisciplinary science, called bioinformatics. Although bioinformatics has different definitions, it can be defined as an interdisciplinary branch of science that uses mathematics, statistics and information technologies in the process of organizing, analysing and storing bioinformatics, biomolecules of raw data (Ünel, Önal, Çetin, Keleş and Pektaş, 2018). The objectives of bioinformatics can be summarized as follows (Bandyopadhyay and Pal, 2007):

- 1) Developing new algorithms and models to ensure that information from different members of a large set of biological data are produced as they are produced;
- 2) Analysis and interpretation of various data types, including nucleotide and amino acid sequences, protein domains and protein structures;
- 3) Management and implementation of various types of information to be accessed in an efficient manner.

The most important task of bioinformatics is to collect quantitative data on genomes, protein sequences and three-dimensional structures of proteins, metabolic path databases, cell line, hybridoma information and biodiversity related information (Polat and Karahan, 2009). Although the term bioinformatics is very popular today, it is not a very new discipline. The process that started with the isolation of DNA by Fiedrich Miescher in 1869 was followed by the mathematical modelling of Lotka and Volterra (1926). However, the researchers stated that computational biology studies and bioinformatics should not be confused with each other. Meanwhile, the studies of predicting the secondary structures of the proteins made by Pauling and Corey in 1951 formed the origin of the bioinformatics. In 1953, Watson and Crick revealed the helical structure of DNA and made significant contributions to the bioinformatics field (Ünel, et al., 2018).

“National Center for Biotechnology Information (NCBI), which is the most effective institution for understanding basic molecular and genetic processes and developing new methods for analysing and interpreting complex data, was established in 1988 (Polat and Karahan, 2009). The Human Genome Project (IGP), one of the most important projects in the field of bioinformatics, started in

October 1990 and this 13-year project coordinated by the US Department of Energy and the National Health Institute was completed in 2003 (Akın, Bürçe, Çevirici, Şahin, Şahin, and Şahin, 2014).

More and more educational institutions, government agencies and businesses have accepted the need for more bioinformaticians due to the progress of the IGP in the world (Zhong, Zhang, Ma, and Zhang, 2003). At this point, the integration of bioinformatics into education has been of great importance. However, even though bioinformatics education provides many benefits, it also brings some difficulties. The possibilities of inclusion of bioinformatics in education can be divided into three categories (Cummings and Temple, 2010):

- Applicability of bioinformatics to life science and related curricula
- Eligibility of bioinformatics to encourage student learning in science education programs
- Students' interest and experience in computer technology

On the other hand, the biggest challenges to further inclusion of bioinformatics in education can be listed as follows (Cummings and Temple, 2010):

- Difficulties in providing the necessary infrastructure and logistic support
- Lack of adequate coverage in bioinformatics education programs and limited knowledge of teachers about bioinformatics
- Wide scope of bioinformatics and diverse sociocultural structures of students

The first approaches in the name of bioinformatics education are organized in universities as short course programs. However, George Mason University has launched the first doctoral program in bioinformatics in the world (Gollery, 2006). This was followed by formal education programs initiated by various universities and institutions around the world, mostly at the postgraduate level and some at the undergraduate level (Koch and Fuellen, 2008; Kulkarni-Kale, Sawant, and Chavan, 2010; Ojo, and Omabe, 2011; Wood and Gebhardt, 2013). For example, 14 of the universities in Germany started to offer undergraduate level courses on bioinformatics (Koch and Fuellen, 2008). Similarly, the European Molecular Biology Laboratory (The European Molecular Biology Laboratory) related to bioinformatics of teacher organises workshops since 2010 in order to increase their awareness of bioinformatics (Wood and Gebhardt, 2013). Curriculum related to bioinformatics in our country is only included in undergraduate and graduate programs. Studies are carried out in line with special short course programs, organised mostly for students of medicine, pharmacy, biology, bioengineering, genetics, molecular medicine and biophysics. In the review of literature in Turkey, the number of studies about the instruction of bioinformatics or the use of bioinformatics in education are insufficient. On the contrary, studies related to bioinformatics examined the treatment of diseases,

plants, animals and fungi on the virus, built DNA and RNA analysis studies and showed intensity on protein structures (Durmus-Tekir, 2013; Çalibaşı et al., 2014; Kartal, 2015; Öztemur, Aydos and Gür-Dedeoğlu, 2015; Karaca, 2018; Çubuk, 2019; Çakır, 2019).

In the elementary science curriculum published in 2018, although not expressed clearly by the following specific objective " *using socio-scientific threads reasoning ability, develop scientific thinking habits and decision-making skills*", it can be deduced that bioinformatics topics can be included in the teaching process. In addition, in the framework of secondary education biology, chemistry and physics education curricula, the following statements are included in the specific purposes section (MoNE, 2018b, c, d);

- Of fresh inspiration from living creatures, to realise the technology developed and to be willing to make similar innovations
- To be able to evaluate the effects of science and technology on the lives of humans and other creatures
- To comprehend the necessity and importance of having ethical values and act in accordance with these values in scientific studies and social life
- To be able to make informed evaluations about sociological issues (controversial social issues related to science)
- To arrange, present, report and share the information they have acquired using information technologies in accordance with the symbolic language and scientific content of chemistry
- To make inferences about sociological events related to the use of different energy sources
- To produce functional projects, comprehensive and unique designs and inventions

These statements show that there was an attempt to include the topic of bioinformatics in the curricula, although it was not explicitly stated. However, in addition to the fact that the current curriculum is intense in terms of subjects, lessons in science classes can cause special topics such as bioinformatics to not be processed adequately in primary and secondary education levels.

Based on the fact that there is not enough researches about bioinformatics and its education in Turkey, it is important to determine the science teachers' and the prospective teachers' opinions about the situation of bioinformatics education. Therefore, this study aims to determine the bioinformatics awareness of middle school science teacher and of prospective science teachers. The following research questions are formed according to the aim of study:

1. What are the opinions of science teachers and prospective teachers on bioinformatics and their fields of study?
2. What is the level of awareness of science teachers and prospective teachers about bioinformatics information sources?
3. What is the awareness of science teachers and prospective teachers about the human genome project?

Method

Research Model

This study is designed as a case study. It is a research method that uses qualitative data collection methods such as case study, observation, interview and document analysis. It examines the situations in a natural and holistic way in a natural environment (Yıldırım and Şimşek, 2013; Creswell, trans. 2016). In this study, the opinions of science teachers and science teacher candidates about bioinformatics were analysed by case study.

Working Group

This study was carried out with 25 science teachers and 30 prospective science teachers. Easily-accessible and maximum variation sampling techniques were used as the sampling methods. In the maximum diversity sampling, the aim is to get different views about the same phenomenon, while individuals that are easy to access with an easily-accessible sample were selected (Yıldırım and Şimşek, 2013). The study group was selected on a voluntary basis, with science teachers working in a province of the Black Sea region and science teacher candidates studying at the university in the same province.

Collection of Data

The data were collected through an interview form created with four open-ended questions. The interview form was created to determine the knowledge and views of science teachers and prospective teachers about bioinformatics. While creating four questions in the interview form, a detailed literature review was conducted. These are the questions obtained as a result of the literature review. According to Fraenkel and Wallen (2001), the data collection instrument is an important part of study validity; a researcher cannot assume that instruments are automatically valid. In this study also, developed instrument both before applying it skilled was examined. As a result of feedback from experts on the changes needed on the question made arak instrument a is finalized.

Data Analysis

Qualitative content analysis was used to analyse the data collected after the written opinions were received. In qualitative content analysis, the aim is to reach concepts and relationships that can describe the data obtained. In qualitative content analysis, the stages of coding and categorizing data, finding themes, organizing and defining data according to codes and themes and interpreting the findings follow one another (Yıldırım and Şimşek, 2013). Data analysis of this study started with the analysis of the data obtained from written opinions. Codes were created by two researchers as answers to each question. Some codes are grouped by counting (Patton, 2002). The reliability coefficient was calculated as %89 by the formula Miles and Huberman (1994).

Findings

The categories and frequencies created along with the answers of participants to the question "What is Bioinformatics?" are given in Table 1.

Table 1. *The answers given to the first research question*

Codes	Teacher		PT	
	f	%	f	%
Genetic information analysis - modelling	12	48	11	37
Working cooperation of different disciplines	8	32	10	34
Genetic information storage	8	32	8	27
Biology/Living information	6	24	4	13
Finding solutions to diseases	0	0	2	7
Sub-branch of biology	0	0	3	10
Genetic information calculation	1	4	0	0
I have no idea	0	0	2	7

When Table 1 is analysed, it can be deduced that participants have associated bioinformatics, genetics and biology sciences and especially in the context of bioinformatics, genetics and information technologies are closely related. As seen in Table 1, 48% of teachers and 37% of prospective teachers who participated in the study defined bioinformatics as a detailed study of human genetic information in computer environments and/or modelling this information via computer. In addition, 32% of teachers and 34% of prospective teachers stated that different disciplines such as genetic science, computer, mathematics, statistics and information technologies work together. Thirty-two percent of the teachers and 27% of the teacher candidates have also revealed studies on living genetics, obtaining comprehensive data on genes such as genetic information storage. However, the fact that only two prospective teachers claim that they do not have knowledge about bioinformatics has shown that they are mostly knowledgeable about bioinformatics. The screenshots taken from the responses of the participants to the first question are as follows.

1) Biyoinformatik nedir? Açıklayınız...

Biyoinformatik, canlı biliminin bilgisayar yardımıyla incelenmesidir. Biyolojik verileri depolama, toplama ve ulaştırma bilgisini sağlar.

Figure 1. T21 coded teacher's answer to the first question

(Eng.: 1) What is bioinformatics? Please explain. Answer: Bioinformatics is to study living science via computers. It facilitates storage, gathering, and achieving biological data.

İnsan genetiğinin detaylı olarak incelenmesine, gen diziliminin sanal ortamda yapılandırılarak modellenmesine ve genetik yapının incelenmesine insan sağlayan genetik biliminin teknoloji destekli koludur.

Figure 2. The answer given by T6 coded teacher to the first question

(Eng.: It is a technology-assisted branch of genetic science that leads to investigate human genetics in detail, to model the gene arrangement in virtual environment and to investigate genetic structure).

Biyolojik ve genetik bilgilerin bilgisayar yardımı ile o verilerin depolanması ve kullanılmasıdır.

Figure 3. S15 coded prospective teacher's answer to the first question

(Eng.: It is to store and use biological and genetic data by means of computers).

The categories and frequencies created along with the answers of participants to the question about the study field of bioinformatics are given in Table 2.

Table 2. Answers to the second question of the research

Codes	Teacher		PT	
	f	%	f	%
Genetic	16	64	13	43
Disease treatment	8	32	8	27

Medicine	7	28	6	20
Biology	5	20	7	23
Industry	3	12	1	3
Technology	3	12	0	0
Biotechnology	2	8	1	3
Pharmacy	2	8	1	3
Abuse	2	8	0	0
Computer engineering	2	8	0	0
Chemical industry	2	8	0	0
Bioengineering	1	4	3	10
Pharmaceutical industry	1	4	2	7
Food	1	4	1	3
Stem cells	1	4	0	0
Natural balance disruption	1	4	0	0
DNA modification	1	4	0	0
Technological living	1	4	0	0
Agriculture	1	4	0	0
Biological weapon	1	4	0	0
Artificial organ	1	4	0	0
No idea	0	0	1	3

When Table 2 is examined, it can be seen that very different fields are put forward by the participants. However, it is noteworthy that these areas are mostly interconnected. As it can be seen in Table 2, the field of study of bioinformatics is stated to be the most frequent genetics, and in relation to genetics, there are areas of treatment, medicine and biology. However, the existence of the fields of pharmacy, computer engineering, chemical industry and bioengineering are also mentioned. To a lesser extent, it has been expressed in different fields such as the pharmaceutical industry, stem cell, DNA change, agriculture, biological weapon and artificial organ. The screenshots taken from the responses of the participants to the second question are as follows.

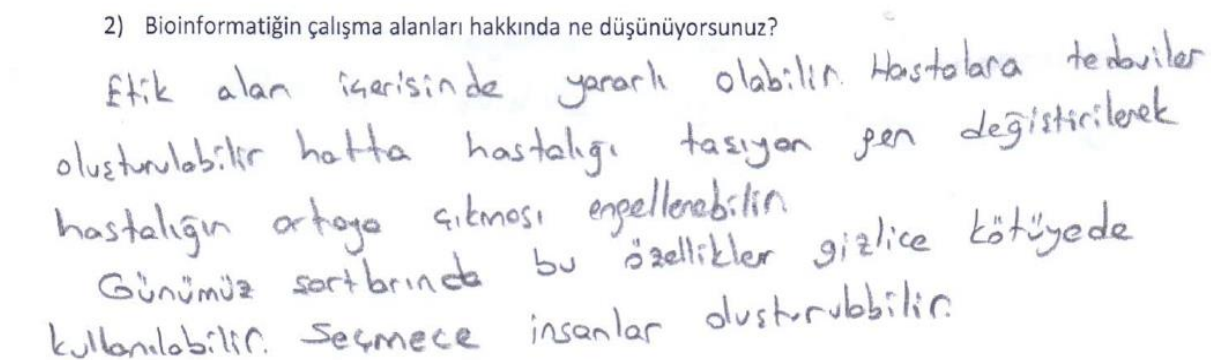


Fig4. T2 coded teacher's answer to the second question

(Eng.: 2) What do you think about the study field of bioinformatics? Answer: It can be useful if ethical issues are well considered. The cures can be found for patients. Moreover, the diseases can be

prevented by replacing the gene responsible for the disease. Nowadays, this situation can be used privately in bad ways. Selected human can be created).

2) Bioinformatiğin çalışma alanları hakkında ne düşünüyorsunuz?

Günlük müte
organ olarak
yapılmasında
görüyorum.
organ
kullanılan
yerine
bir
yapı
del

Figure 5. T20 coded teacher's answer to the second question

(Eng.: 2) What do you think about the study field of bioinformatics? Answer: I can see it as a branch that can be used for producing artificial organs instead of organ donation).

2) Bioinformatiğin çalışma alanları hakkında ne düşünüyorsunuz?

Hastalıklı genlerin iyileştirilmesinde ve sağlıklı genlerin saklanması için ibariye olarak sağlık alanında bir yatırım.

Figure 6. S22 coded teacher candidate's answer to the second question

(Eng.: 2) What do you think about the study field of bioinformatics? Answer: It is a prospective health investment to heal the infected genes and to store healthy genes).

The categories and frequencies created along with the answers of participants to the question "From which sources do you think you will reach the information of bioinformatics?" are given in Table 3.

Table 3. Answers to the third question of the research

Codes	Teacher		PT	
	f	%	f	%
Internet	17	68	23	77
Article	12	48	8	27
Journal	6	24	7	23
Book	5	20	7	23
Higher education institution	5	20	0	0
Database	4	16	7	23
Thesis	4	16	3	10
Medical centre	3	12	1	3
Expert	1	4	4	13

I have no idea

0

0

4

13

Because of the developing technology, the internet is at the forefront as a point of obtaining information for all participants. In addition, articles, journals and books are among the sources of information for teachers and prospective teachers. It is noteworthy that none of the teacher candidates stated higher education institutions as a source of information. However, teacher candidates see experts as a source of information. However, the fact that specialists can be found primarily in higher education institutions was ignored. In terms of prospective teachers, 13% stated that they did not know about bioinformatics information sources. The screenshots taken from the responses of the participants to the third question are as follows.

3) Bioinformatik bilgisine hangi kaynaklardan ulaşacağınızı düşünüyorsunuz?

Google Akademikte yayımlanan makaleler.
 Biyolojide özel konular isimli kitap (Pegem)
 Biyoinformatikle uğraşan bilim insanları.
 Bilimsel dergiler.
 NCBI, MEDLINE, PAMED, BLASTN, BALSTX
 gibi veri tabanları.

Figure 7. S26 teacher candidate's answer to the third question

(Eng.: From which sources do you think will you reach the information of bioinformatics? Answer: Articles published in Google Scholar, the book titled "Special subjects in Biology" (Pegem), scientists studied about bioinformatics, scientific journals, databases like NCBI, MEDLINE, Pamed, BLASTN, BALSTX).

3) Bioinformatik bilgisine hangi kaynaklardan ulaşacağınızı düşünüyorsunuz?

Teknolojide imkânları üst düzey, tıpta son gelişmeleri takip eden ve bu gelişmelerin birzati içinde olan bilimle ilgili kurumlardan biyoinformatik bilgisine ulaşılabilir.

Figure 8. T6 coded teacher's answer to the third question

(Eng.: From which sources do you think will you reach the information of bioinformatics? Answer: Bioinformatics information can be reached through the foundations that have high technological

opportunities, that follow latest developments in medicine and that are really engaged in these developments).

3) Bioinformatik bilgisine hangi kaynaklardan ulaşacağınızı düşünüyorsunuz?

Internet ortamından rahatlıkla ulaşılabilir.
Bu konu hakkında kitap yazılması okuyarak
bilgi sahibi olabiliriz.

Fig9. S29 coded teacher candidate's answer to the third question

(Eng.: From which sources do you think will you reach the information of bioinformatics? Answer: It can be reached easily in the internet. We can gain knowledge by reading the books written about this topic).

The categories and frequencies created along with the answers of participants to the question about their thoughts regarding the human genome project outputs of bioinformatics are given in Table 4.

Table 4. Answers to the fourth question of the research

Codes	Teacher		PT	
	f	%	f	%
Treatment of diseases	11	44	10	33
Diagnosis of diseases	11	44	10	33
General positive statements	10	40	4	13
Determining the properties of genes	9	36	14	47
Changing genes	9	36	1	3
General negative statements	3	12	2	7
Providing gene exchange	2	8	0	0
Disruption of natural balance	1	4	0	0
Organ transplantation	1	4	0	0
No information	0	0	11	37

As can be observed in Table 4, the participants stated that the majority of the outputs of the human genome project is on the positive results of the diagnosis and treatment of diseases. In addition, while teachers offered a 36% parallel approach to determining the properties of genes and gene replacement, prospective teachers showed a lower rate about gene replacement while reaching the result of determining the properties of genes. Moreover, pre-service teachers showed that they did not have ideas on important topics such as gene exchange, natural balance disruption and organ

transplantation. When the discourses of the teachers and prospective teachers about the positive and negative results of the human genome project outputs are analysed, it can be observed that both groups talked more about their positive results. The screenshots taken from the responses of the participants to the fourth question are as follows.

4) İnsan genom projesi çıktıları hakkında ne düşünüyorsunuz?

İnsan genom projesi tüm insanların ortak projesidir. Çünkü insanların DNA dizilimi tüm çağa hitap ediyor. Üstelik çok önemli doğal meme kanseri kolon kanseri, alzheimer anemisi gibi bilinmeyen tedaviyi olmayan hastalıkların tedavisinde kullanılabılır.

Fig10. S28 coded teacher candidate's answer to the fourth question

(Eng.: 4) What do you think about the human genome project outputs? Answer: Human genome project is common project of all human beings because the DNA arrangement of humans refers to all ages. The products are also important because they can be used to cure diseases like breast cancer, colon cancer and Mediterranean anaemia).

4) İnsan genom projesi çıktıları hakkında ne düşünüyorsunuz?

İnsan hakkındaki tüm bilgilerin ve hastalıkların bile kayıt altına alındığı bir proje olduğundan gelecekteki hastalıklarda kullanılabilir çok gerekli ve işlevsel bir proje olacaktır.

Fig11. T22 coded teacher's answer to the fourth question

(Eng.: 4) What do you think about the human genome project outputs? Answer: I think that it is a useful and practical project that can be used for prospective diseases because all knowledge and all diseases of humans are recorded).

4) İnsan genom projesi çıktıları hakkında ne düşünüyorsunuz?

- gelecekte insanların hastalık vb. durumları daha kolay, daha hızlı ulaşması sağlayacağını düşünüyorum.
- Organ naklinde dâbir tedavisinde hastalıkların
- insanların genetik özelliklerinin bulunması

Fig12. T16 coded teacher's answer to the fourth question

(Eng.: 4) What do you think about the human genome project outputs? Answer: - I think that in the future, we can reach easily and rapidly the information about human diseases. – Acceleration of donor scanning in organ transplantation. – Discover the genetic properties of human beings).

Conclusion, Discussion and Implications

When the findings obtained from the research were examined, it was revealed that the science teachers and prospective teachers who participated in the research associate bioinformatics with genetics. Since bioinformatics is the process of analysing and storing data related to biomolecules with the help of technology, it is an expected result that the science of genetics will be included in the concept images related to bioinformatics. When studies on bioinformatics in the literature are also examined (Luscombe, Greenbaum and Gerstein, 2001; Koch and Fuellen, 2008), it is seen that bioinformatics is preferred to be defined with genetics. In accordance with its definition, more than half of the participants stated that bioinformatics is related to the combination of genetics and technology. In Campbell's (2013) study, participant students frequently expressed bioinformatics as "new" computed biology.

It has been seen that both science teachers and prospective teachers give a wide range of information about the fields of work of bioinformatics. However, while the internet, which is a lively medium in terms of following the accuracy and currentness of this information, comes to mind immediately, science teachers and prospective teachers have expressed less than they think with regard to academicians, engineers and similar experts who can be qualified as bioinformatics experts. It is stated that bioinformatics is an emerging field in the studies carried out in the literature (Wefer, 2006; Smith, 2007; Cummings and Temple, 2010) and that there is not a sufficient number of written and visual resources in accessing information about the subject.

In addition, when the opinions of the participants about the outcomes of the human genome project were examined, almost all of them expressed their opinions about the diagnosis and treatment processes of the diseases and the processes of determining and changing gene characteristics. However, although many people lost their lives due to the absence of donors both in our country and in the world during organ transplantation, few of the participants could not realize that organ transplantation can be facilitated with the help of this project. With regard to the study areas of bioinformatics expressed in the second question of the study, the rate of participants who think that bioinformatics can be abused is 8%, while the rate of participants who express their thoughts on organ transplantation is only 4%. Meanwhile, as for the abuse of bioinformatics information, Trinidad and colleagues (2012) show similarity to what they found in their studies on permits in research related to the human genome. In the aforementioned study, the participants stated

that they had concerns that the information obtained could be taken out of the research. At this point, we can say that sociological fields of study are in conflict with social ethics and it is one of the main reasons preventing the development of these fields. It was also revealed that the participants of the study did not have the greatest number of knowledge about this question. This may be related to the content and results of this project, with the fact that the teacher and prospective teachers were not adequately informed.

Based on these results, the definition and scope of bioinformatics and the broad integration of the benefits these scientific studies can offer to humanity should be provided within the education programs. However, during the training of prospective teachers who are future teachers, the introduction of bioinformatics and related studies should be included in formal education rather than in short courses. In this context, it should be taught that the real purpose of bioinformatics is to be beneficial to humanity in science lessons starting from the third grade of primary school. Thus, it can be thought that utilitarian education from a young age will significantly reduce the abuse rate of bioinformatics.

References

- Akın, C., Bőrçe, B., Çevirici, B., řahin, B., řahin, E., & řahin, Y. (2014). *An interdisciplinary discipline: Bioinformatics*, Paper presented at Bařkent University Medical School 16th Student Symposium, Bařkent University, Ankara.
- Bandyopadhyay, S., & Pal, SK (2007). *Classification and learning using genetic algorithms: applications in bioinformatics and web intelligence*. New York: Springer Science & Business Media.
- Campbell, C. E. (2013). *Assessing student understanding of the "new biology": Development and evaluation of a criterion-referenced genomics and bioinformatics assessment* (Order No. 3672159). Available from ProQuest Dissertations & Theses Global. (1647261019). Retrieved from <https://search.proquest.com/docview/1647261019?accountid=107421>.
- Cummings, MP, & Temple, GG (2010). Broader incorporation of bioinformatics in education: opportunities and challenges. *Briefings in bioinformatics*, 11 (6), 537-543.
- Creswell, J. W. (2013), *Qualitative research methods* (3rd Edition). Translation Editor: Tm, M. and Demir, S. (2016). Ankara: Political Bookstore.
- Çakır, N. (2019). *Reconstruction of tissue-specific protein-protein interaction sub-networks to improve prediction accuracy of bioinformatics tools* (Unpublished master's thesis). Marmara University, Istanbul.
- Çalıbařı, G., Kaçar, KG, Dođan, Y., Tarı, M., Sarı, B., Tonç, S., ... & Alashqar, MCA (2014). Frequency and awareness of biostatistics and bioinformatics program usage in Inciralti campus. *Dokuz Eylul University Faculty of Medicine Journal*, 28(2), 45-50.
- Çubuk, C. (2019). *Finding new micro-RNA using bioinformatics techniques and making variant analysis: Citrus model* (Unpublished master's thesis). Dokuz Eylul University, Izmir.
- Durmuř-Tekir, S. (2013). *Investigation of infection mechanisms through pathogen-human protein-protein interactions by bioinformatics approaches* (Unpublished doctoral dissertation). Bođaziçi University, İstanbul.
- Fraenkel, J. R., & Wallen, N. E. (2001). *Educational research: A guide to the process* (2nd ed.). Mahwah, NJ: Erlbaum.
- Gollery, M. (2006). An assessment of the current state of bioinformatics education. *Bioinformation* 1(7), 247 -253.

- Karaca, Y. (2018). *Bioinformatic analysis of bzip (basic leucine zipper) transcription factor genes in watermelon plant and investigation of gene expression under drought stress* (Unpublished master's thesis). Kastamonu University, Kastamonu.
- Kartal, E. (2015). *Identification of pathogenic mutations in neurodegenerative disorders: bioinformatic analysis of next generation sequencing data* (Unpublished master's thesis). Hacettepe University, Ankara.
- Koch, I., & Fuellen, G. (2008). A review of bioinformatics education in Germany. *Briefings in bioinformatics*, 9(3), 232-242.
- Kulkarni-Kale, U., Sawant, S., & Chavan, V. (2010). Bioinformatics education in India. *Briefings in bioinformatics*, 11(6), 616-625.
- Luscombe, NM, Greenbaum, D., & Gerstein, M. (2001). What is bioinformatics? A proposed definition and overview of the field. *Methods of information in medicine*, 40(4), 346-358.
- Miles, MB, & Huberman, AM (1994). *An expanded sourcebook: qualitative data analysis* (Second edition). Thousand Oaks, CA: SAGE Publications, Inc.
- Ministry of Education. (2018). *Elementary science curriculum*, Ankara: MEB Publishing.
- Ministry of Education. (2018b). *Secondary school physics curriculum*, Ankara: MEB Publishing.
- Ministry of Education. (2018c). *Secondary Chemistry Curriculum*, Ankara: MEB Publishing.
- Ministry of Education. (2018d). *Secondary school biology curriculum*, Ankara: MEB Publishing.
- Ojo, OO, & Omabe, M. (2011). Incorporating bioinformatics into biological science education in Nigeria: prospects and challenges. *Infection, Genetics and Evolution*, 11(4), 784-787.
- Öztemur, Y., Aydos, A., & Gür-Dedeoğlu, B. (2015) "Combining breast cancer microarray data with bioinformatics methods - metaanalysis approaches", *Turkish Hygiene Experimental Biology Journal*, 72(2), 155-162.
- Patton, MQ (2002). *Qualitative research and evaluation methods* (3rd Ed.). London: Sage Publications, Inc.
- Polat, M., & Karahan, A. (2009). A new multidisciplinary branch of science: bioinformatics and applications in medicine. *SDU Faculty of Medicine Journal*, 16 (3), 41-50.
- Smith, PH (2007). *Online bioinformatics education: An information systems approach to using stakeholder needs analysis for educational systems design heuristics* (Order No. 3259076). Available from ProQuest Dissertations & Theses Global. (304769081). Retrieved from <https://search.proquest.com/docview/304769081?accountid=107421>.
- Trinidad, SB, Fullerton, SM, Bares, JM, Jarvik, GP, Larson, EB, & Burke, W. (2012) Informed consent in genome-scale research: what do prospective participants think?, *AJOB Primary Research*, 3(3), 3-11.

- Ünel, NM, Önal, İ. K., Çetin, F., Keleş, M., & Pektař, M. (2018). *Introduction to bioinformatics*, Mehmet Cengiz Balođlu (Ed.), In *Bioinformatics basics and applications* (p.1-15). Kastamonu: Kastamonu University Printing House.
- Wefer, S. H. (2006). *Bioinformatics in the secondary science classroom: A study of state content standards and students' perceptions of, and performance in, bioinformatics lessons* (Order No. 3282747). Available from ProQuest Dissertations & Theses Global. (305359208). Retrieved from <https://search.proquest.com/docview/305359208?accountid=107421>
- Wood, L., & Gebhardt, P. (2013) Bioinformatics goes to school—new avenues for teaching contemporary biology. *PLoS Comput Biol* , 9(6) , 30 - 89 .
- Yıldırım, A., & řimřek, H. (2013). *Qualitative Research Methods in Social Sciences*. Ankara: Seçkin Publishing.
- Zhong, Y., Zhang, X., Ma, J., & Zhang, L. (2003). Rapid development of bioinformatics education in China. *Journal of Biological Education*, 37(2), 75-78.