



Co-funded by
the European Union

Entschlüsselung des menschlichen Genoms



BIOS4YOU
AR 2.0

BIO-INSPIRED STEM TOPICS FOR ENGAGING YOUNG GENERATIONS
THANKS TO THE USE OF AUGMENTED REALITY

Project Number: 2023-1-DE03-KA220-SCH-000126516

"Funded by the European Union. Views and opinions expressed are however those of the author(s) only and do not necessarily reflect those of the European Union or the European Education and Culture Executive Agency (EACEA). Neither the European Union nor EACEA can be held responsible for them."





Inhaltsverzeichnis

Einleitung	4
1. Entdecken: Von den Genen zur Komplexität	6
Was ist das menschliche Genom?	6
Was ist das ENCODE-Projekt?	7
Wichtigste Entdeckungen	8
Relevanz des ENCODE-Projekts	9
Wichtige Vokabeln	10
Interaktive Vokabelübung (Gimkit-Aktivität)	10
Anweisungen für Schüler	10
2. Ausführen: Funktionen und pädagogischer Wert der AR-Anwendung (Assemblr EDU) ...	11
3. Verbessern:	12
Wie Assemblr EDU das Lernen verbessert	13
1. Verbesserte Visualisierung abstrakter genomischer Konzepte	13
2. Aktives und erfahrungsorientiertes Lernen	13
3. Differenzierter Unterricht und Barrierefreiheit	14
4. Erhöhte Beteiligung und Wissensspeicherung	14
5. Realitätsnaher Kontext und wissenschaftliche Relevanz	14
Praktische Integration in die Lerneinheit	15
Fazit	15
Phasen der Lerneinheit und Beschreibung	17





Abbildung 1. Erstellt durch KI

Allgemeines Thema des Lernpfads	Humangenomprojekt und Genommedizin
Spezifischer Name der Lerneinheit	Entschlüsselung des menschlichen Genoms
Alter der Zielgruppe	14–18 Jahre
Voraussetzungen für die Lernenden	Grundkenntnisse über die DNA-Struktur und Genexpression. Interesse an Biologie, Genetik oder Biotechnologie. Fähigkeit, digitale Geräte zu bedienen und mit Augmented-Reality-Inhalten (AR) zu interagieren.
Beschreibung der Lerneinheit	Diese Lerneinheit führt die Schüler anhand eines interaktiven und forschungsbasierten Lernansatzes, der durch Augmented Reality (AR) unterstützt wird, in das ENCODE-Projekt und die funktionellen Elemente des menschlichen Genoms ein. Die Schüler beschäftigen sich mit wichtigen genomischen Konzepten wie kodierender und nichtkodierender DNA, regulatorischen Regionen, Genexpression und Chromatinstruktur. Unter Verwendung von Assemblr EDU als Haupt-AR-Plattform interagieren die Lernenden mit mehrschichtigen digitalen Modellen, die die Genomorganisation und Genregulationsprozesse visualisieren. Die AR-basierte Erkundung wird mit geleiteten Diskussionen, Vokabelübungen, digitalen Quizen und gemeinsamen Aufgaben kombiniert. Die Einheit gipfelt in einem AR-basierten Miniprojekt oder einer strukturierten AR-Herausforderung. Die Lerneinheit zielt darauf ab, das Verständnis der Schüler für die Komplexität des Genoms zu vertiefen, die Bedeutung nicht-kodierender regulatorischer Elemente hervorzuheben und die Rolle groß angelegter gemeinschaftlicher Forschungsprojekte wie ENCODE in der modernen Genetik und Genommedizin zu betonen.
Thema: Beteiligte Parteien	Biologie/Biowissenschaften; IKT/Digitale Kompetenz; Naturwissenschaftslehrer; Verwendete AR-Plattform: Assemblr EDU
Stichworte	Menschliches Genom, ENCODE-Projekt, funktionelle DNA-Elemente, nichtkodierende RNA, Genregulation, Chromatin, AR in der





	Bildung, Bioinformatik, Genomik, naturwissenschaftliches Lernen
Wichtige Qualifikationen, Fähigkeiten und Kenntnisse, die erworben werden können	Verständnis der Struktur und Funktion des menschlichen Genoms. Kenntnisse über kodierende und nichtkodierende Regionen und ihre regulatorischen Funktionen. Vertrautheit mit genomischen Forschungsansätzen und -technologien (z. B. ChIP-seq, RNA-seq). Fähigkeit zur Interpretation wissenschaftlicher und visueller genomischer Daten. Digitale Kompetenz durch strukturierte AR-Erkundung. Teamfähigkeit und wissenschaftliche Kommunikationsfähigkeiten. Kritisches Denken in Bezug auf Genforschung und ihre Anwendungen in Medizin und Biotechnologie.
Verwendete Ressourcen und didaktische Hilfsmittel	Angepasste wissenschaftliche Texte und Zusammenfassungen. Augmented-Reality-Anwendung Assemblr EDU. Mobile Geräte (Smartphones oder Tablets) für die AR-Interaktion. Digitale oder ausdrucksfähige AR-Marker (falls erforderlich). 3D-Modelle von DNA, regulatorischen Regionen und Chromatinstrukturen. Interaktive Arbeitsblätter und Beobachtungstabellen. Online-Quiz-Tools für die formative Bewertung (z. B. Gimkit)
Bewertungskriterien und Bewertung	Aktive Teilnahme an AR-basierten Erkundungen und Gruppenaufgaben. Ausfüllen von Beobachtungstabellen und Reflexionsfragen. Genauigkeit bei der Erklärung genomischer Elemente und ihrer regulatorischen Funktionen. Ergebnisse der formativen Bewertungen (Vokabel- und Konzeptüberprüfungen). Qualität des abschließenden AR-basierten Miniprojekts oder der strukturierten AR-Aufgabe. Feedback von Mitschülern und Bewertung durch den Lehrer





Einleitung

Im 21. Jahrhundert ist die Entschlüsselung des menschlichen Genoms zu einer der bedeutendsten wissenschaftlichen Errungenschaften in Biologie und Medizin geworden. Der Abschluss des Humangenomprojekts lieferte Forschern eine Referenzsequenz der menschlichen DNA, die es ermöglichte, die genetischen Grundlagen der menschlichen Entwicklung, Physiologie und Krankheiten zu untersuchen. Das Projekt lieferte zwar eine vollständige Sequenz, warf aber auch wichtige neue Fragen auf. Eine der auffälligsten Fragen war, wie die relativ geringe Anzahl menschlicher proteinkodierender Gene – etwa 21.000 – die bemerkenswerte biologische Komplexität des menschlichen Organismus erklären könnte (Claverie, 2001; Lander et al., 2001).

Diese unerwartete Entdeckung stellte frühere Annahmen in Frage, dass die Komplexität eines Organismus in direktem Zusammenhang mit der Anzahl der proteinkodierenden Gene steht. Es wurde festgestellt, dass Menschen eine ähnliche Anzahl solcher Gene haben wie viel einfachere Organismen, beispielsweise der Fadenwurm *Caenorhabditis elegans* (Claverie, 2001). Infolgedessen begannen Wissenschaftler, ihre Aufmerksamkeit auf die großen Teile des Genoms zu richten, die keine Proteine kodieren. Diese Regionen, die zuvor als „Junk-DNA“ bezeichnet wurden, wurden zunehmend als funktional wichtig für die Regulierung der Genaktivität und die Gestaltung der biologischen Komplexität anerkannt.

Um diese Fragen zu klären, wurde 2003 vom National Human Genome Research Institute (NHGRI) das ENCODE-Projekt (Encyclopedia of DNA Elements) ins Leben gerufen. Das Hauptziel des ENCODE-Projekts war es, alle funktionellen Elemente innerhalb des menschlichen Genoms zu identifizieren und zu charakterisieren, einschließlich der proteinkodierenden Sequenzen und der nichtkodierenden Regionen (ENCODE Project Consortium, 2004). Anstatt sich nur auf Gene zu konzentrieren, wollte ENCODE verstehen, wie das Genom als dynamisches und hochreguliertes System funktioniert.

Diese Lerneinheit führt Schüler im Alter von 14 bis 18 Jahren anhand eines interaktiven und forschungsbasierten Lernansatzes in die Kernideen der Genomik und der funktionellen DNA ein. Durch die Kombination aktueller wissenschaftlicher Forschung



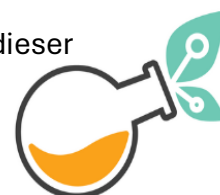


mit Augmented Reality (AR) erkunden die Schüler die verborgenen regulatorischen Ebenen des menschlichen Genoms. Dazu gehören nicht-kodierende RNAs, regulatorische DNA-Elemente, Chromatinmodifikationen und Mechanismen der Transkriptionsregulation. Die erste Pilotphase des ENCODE-Projekts konzentrierte sich auf etwa 1 % des menschlichen Genoms (rund 30 Megabasen) und deckte eine weit verbreitete Transkriptionsaktivität auf, darunter viele bisher unbekannte nichtkodierende RNAs und regulatorische Signale (ENCODE Project Consortium, 2007).

Mithilfe von AR-basierten Lernstationen und digitalen Modellen können die Schüler biologische Prozesse visualisieren, die mit bloßem Auge normalerweise nicht sichtbar sind. Interaktive dreidimensionale Modelle ermöglichen es den Lernenden, die Chromatinstruktur zu erforschen, die Wechselwirkungen zwischen regulatorischen Elementen und Genen zu beobachten und zu verstehen, wie sich die Genexpression zwischen verschiedenen Zelltypen unterscheidet. Die Schüler werden auch in wichtige Genomtechnologien wie Chromatin-Immunpräzipitation mit anschließender Sequenzierung (ChIP-seq), DNase-I-hypersensitive-Site-Sequenzierung (DNase-seq) und RNA-Sequenzierung (RNA-seq) eingeführt. Diese Werkzeuge helfen Wissenschaftlern, die Genomaktivität zu analysieren und funktionelle DNA-Elemente zu identifizieren (Landt et al., 2012; Djebali et al., 2012; Gerstein et al., 2012).

Die im Rahmen des ENCODE-Projekts durchgeführten Forschungsarbeiten haben gezeigt, dass regulatorische Elemente wie Promotoren und Enhancer zusammenwirken, um die Genexpression auf zelltypspezifische Weise zu optimieren. Diese Wechselwirkungen hängen stark von der Chromatinorganisation und Histonmodifikationen ab, was die Bedeutung der Genomstruktur für die Genregulation unterstreicht (Kundaje et al., 2012). Diese Erkenntnisse haben das wissenschaftliche Verständnis davon, wie genetische Informationen in Zellen gesteuert werden, grundlegend verändert.

Das Projekt hat auch die Relevanz nicht-kodierender Regionen für die menschliche Gesundheit und Krankheit hervorgehoben. Durch die Integration von ENCODE-Daten mit genomweiten Assoziationsstudien (GWAS) konnten Forscher einen großen Teil der krankheitsassoziierten genetischen Varianten funktionell annotieren. Viele dieser





Varianten befinden sich eher in regulatorischen Regionen als in proteinkodierenden Genen, was darauf hindeutet, dass Veränderungen in der Genregulation eine entscheidende Rolle bei der Entstehung von Krankheiten spielen können (Schaub et al., 2012; Boyle et al., 2012).

Am Ende dieser Lerneinheit werden die Schüler nicht nur grundlegende Kenntnisse in Molekularbiologie und Bioinformatik erworben haben, sondern auch digitale Kompetenz, Teamfähigkeit und wissenschaftliche Kommunikationsfähigkeiten entwickelt haben. Die Einheit soll Neugier, kritisches Denken und ein Verständnis für die Komplexität des menschlichen Genoms fördern. Gleichzeitig wird die kollaborative Natur der modernen wissenschaftlichen Forschung und die Bedeutung groß angelegter internationaler Projekte wie ENCODE hervorgehoben. Während einige DNA-Sequenzen direkt an der Kodierung von Proteinen beteiligt sind, besteht ein erheblicher Teil des Genoms aus nichtkodierenden Regionen, die wichtige regulatorische und strukturelle Funktionen erfüllen.

ENTDECKEN: Von Genen zu Komplexität

Was ist das menschliche Genom?

Das menschliche Genom ist der vollständige Satz genetischer Anweisungen, die in der DNA kodiert sind. Die DNA besteht aus vier Arten von Nukleotiden: Adenin (A), Thymin (T), Cytosin (C) und Guanin (G). Diese Nukleotide sind in einer bestimmten Sequenz von mehr als drei Milliarden Basenpaaren angeordnet. Zusammen speichern sie die Informationen, die für die Steuerung aller biologischen Prozesse im menschlichen Körper erforderlich sind, darunter Wachstum, Entwicklung, Stoffwechsel und Reaktion auf die Umwelt (Lander et al., 2001).

Desoxyribonukleinsäure (DNA) ist in Strukturen organisiert, die als Chromosomen bezeichnet werden und sich im Zellkern jeder Zelle befinden. Jedes Chromosom enthält viele Gene. Ein Gen ist eine definierte Sequenz von Nukleotiden, die in der Regel ein funktionelles Produkt, meist ein Protein, kodiert. Proteine erfüllen eine Vielzahl von





wesentlichen Funktionen in Zellen, wie z. B. den Aufbau von Zellstrukturen, die Katalyse biochemischer Reaktionen und die Übertragung von Signalen zwischen Zellen.

Die Fertigstellung des Humangenomprojekts im Jahr 2001 lieferte den ersten umfassenden Überblick über die genetischen Informationen des Menschen. Eine der überraschendsten Erkenntnisse war, dass das menschliche Genom etwa 21.000 proteinkodierende Gene enthält. Diese Zahl ist überraschend ähnlich wie die von viel einfacheren Organismen, wie beispielsweise dem Fadenwurm *Caenorhabditis elegans* (Claverie, 2001). Diese Entdeckung stellte die langjährige Annahme in Frage, dass die Komplexität eines Organismus in erster Linie durch die Anzahl der proteinkodierenden Gene bestimmt wird.

Infolgedessen begannen Wissenschaftler, andere Quellen biologischer Komplexität innerhalb des Genoms zu untersuchen. Die Aufmerksamkeit verlagerte sich auf den großen Anteil der DNA, der keine Proteine kodiert. Diese Regionen, die als nicht-kodierende DNA bezeichnet werden, machen den größten Teil des menschlichen Genoms aus. Obwohl sie nicht direkt Proteine produzieren, spielen sie eine wesentliche Rolle bei der Regulierung der Genexpression und der Aufrechterhaltung der Genomstruktur (ENCODE Project Consortium, 2007).

Nichtkodierende Regionen umfassen eine Vielzahl von funktionellen Elementen. Dazu gehören Promotoren, die den Startpunkt der Transkription markieren, Enhancer, die die Genexpression verstärken, Silencer, die die Transkription unterdrücken, und Insulatoren, die die Wechselwirkungen zwischen regulatorischen Elementen und Genen steuern. Darüber hinaus enthält das Genom verschiedene Arten von nichtkodierenden RNA-Molekülen, wie lange nichtkodierende RNAs (lncRNAs) und microRNAs (miRNAs). Diese Moleküle beeinflussen die Genregulation, indem sie die Chromatinstruktur, die RNA-Stabilität und die Translation beeinflussen.

Zusammen bilden proteinkodierende Gene, regulatorische DNA-Elemente und nichtkodierende RNAs ein hochgradig koordiniertes Regulationssystem. Dieses System ermöglicht es demselben Genom, eine Vielzahl unterschiedlicher Zelltypen zu erzeugen, wie beispielsweise Neuronen, Muskelzellen und Immunzellen, die jeweils





unterschiedliche Funktionen haben. Außerdem ermöglicht es den Zellen, auf Entwicklungssignale und Umweltveränderungen zu reagieren. Das Verständnis dieser regulatorischen Komplexität ist von grundlegender Bedeutung für die Erklärung der menschlichen Entwicklung, Anpassung und Krankheit.

Was ist das ENCODE-Projekt?

Das Projekt „Encyclopedia of DNA Elements“ (ENCODE) wurde 2003 vom National Human Genome Research Institute (NHGRI) ins Leben gerufen. Sein primäres Ziel ist es, alle funktionellen Elemente im menschlichen Genom zu identifizieren und zu charakterisieren, einschließlich derjenigen, die nicht für Proteine kodieren (ENCODE Project Consortium, 2004).

Um dies zu erreichen, nutzt das ENCODE-Projekt eine Vielzahl von experimentellen und computergestützten Methoden. Dazu gehören die Chromatin-Immunpräzipitation mit anschließender Sequenzierung (ChIP-seq), die RNA-Sequenzierung (RNA-seq) und die Sequenzierung von DNase-I-hypersensitiven Stellen (DNase-seq). Diese Technologien ermöglichen es Wissenschaftlern, die Genexpression, die Bindung von Transkriptionsfaktoren und die Chromatinzugänglichkeit in vielen verschiedenen menschlichen Zelltypen zu untersuchen (Landt et al., 2012; Djebali et al., 2012).

Das Projekt begann mit einer Pilotphase, die sich auf etwa 1 % des menschlichen Genoms konzentrierte. Diese Phase diente dazu, experimentelle Methoden und Datenanalysestrategien zu testen. Nach ihrem Erfolg wurde das Projekt auf das gesamte Genom ausgeweitet. Das ENCODE-Konsortium erstellte Tausende von Datensätzen, die Gene, Transkripte, Chromatinstrukturen, Transkriptionsfaktor-Bindungsstellen und andere regulatorische Merkmale beschreiben.

Eine der wichtigsten Entdeckungen des ENCODE-Projekts ist, dass ein großer Teil des menschlichen Genoms in RNA transkribiert wird, obwohl nur ein kleiner Teil für Proteine kodiert. Die Forscher identifizierten Tausende von regulatorischen Regionen, darunter Promotoren, Enhancer und Insulatoren. Diese Elemente beeinflussen die Genexpression in einer zelltypspezifischen Weise und stehen in engem Zusammenhang





mit der Chromatinstruktur und Histonmodifikationen (Gerstein et al., 2012; Kundaje et al., 2012).

Das ENCODE-Projekt hob auch die Bedeutung nichtkodierender RNAs hervor. Es wurden Tausende langer nichtkodierender RNAs identifiziert, von denen viele offenbar regulatorische Funktionen haben. Diese RNAs werden oft in bestimmten Geweben exprimiert und spielen eine Rolle bei der Transkriptionsregulation, der Chromatin-Umgestaltung und der RNA-Verarbeitung (Djebali et al., 2012).

Darüber hinaus hat die ENCODE-Forschung gezeigt, dass viele genetische Varianten, die mit menschlichen Krankheiten assoziiert sind, eher in nichtkodierenden regulatorischen Regionen als in proteinkodierenden Genen lokalisiert sind. Durch die Integration von ENCODE-Daten mit genomweiten Assoziationsstudien (GWAS) konnten Wissenschaftler viele krankheitsassoziierte Varianten funktionell annotieren (Schaub et al., 2012; Boyle et al., 2012). Diese Erkenntnis hat unser Verständnis davon, wie Veränderungen in der Genregulation zur menschlichen Gesundheit und zu Krankheiten beitragen, erheblich verbessert.

Wichtigste Erkenntnisse

Die vom ENCODE-Konsortium durchgeführten Forschungen haben gezeigt, dass ein großer Teil des menschlichen Genoms in RNA transkribiert wird, obwohl nur ein kleiner Teil dieser Transkripte Proteine kodiert. Diese Erkenntnis hat gezeigt, dass die Transkription weitaus verbreiteter ist als bisher angenommen. Tausende von regulatorischen Regionen wurden identifiziert, darunter Promotoren, Enhancer, Silencer und Insulatoren. Diese Elemente beeinflussen, wann und wo Gene exprimiert werden, und funktionieren oft auf eine zelltypspezifische Weise (Gerstein et al., 2012; Kundaje et al., 2012).

Das ENCODE-Projekt hob auch die Bedeutung der Chromatinstruktur für die Genregulation hervor. Die Chromatinorganisation, die durch Histonmodifikationen und die Zugänglichkeit der DNA geprägt ist, bestimmt, ob regulatorische Elemente und Gene interagieren können. Veränderungen im Chromatinzustand können die Genexpression





aktivieren oder unterdrücken, sodass Zellen auf Entwicklungs- und Umweltsignale reagieren können.

Eine weitere wichtige Entdeckung des ENCODE-Projekts betrifft nicht-kodierende RNAs. Die Forscher identifizierten Tausende von langen nicht-kodierenden RNAs, die offenbar regulatorische Funktionen haben. Diese RNAs werden oft in bestimmten Geweben und Entwicklungsstadien exprimiert und können die Transkription, die Chromatin-Umgestaltung und die RNA-Verarbeitung beeinflussen (Djebali et al., 2012).

Darüber hinaus hat die ENCODE-Forschung gezeigt, dass viele genetische Varianten, die mit menschlichen Krankheiten assoziiert sind, eher in nichtkodierenden regulatorischen Regionen als in proteinkodierenden Genen lokalisiert sind. Durch die Integration von ENCODE-Daten mit genomweiten Assoziationsstudien (GWAS) konnten Wissenschaftler viele krankheitsassoziierte Varianten funktionell annotieren. Dieses Erkenntnis hat das Verständnis darüber, wie Veränderungen in der Genregulation zum Krankheitsrisiko beitragen, erheblich verbessert (Schaub et al., 2012; Boyle et al., 2012).

Relevanz des ENCODE-Projekts

Das Verständnis der funktionellen Elemente des Genoms ist unerlässlich, um zu erklären, wie Gene reguliert werden, wie sich Zellen differenzieren und wie sich komplexe Organismen entwickeln. Das ENCODE-Projekt bietet offenen Zugang zu hochwertigen Genomdaten und ist damit eine wertvolle Ressource für Forschung und Lehre (Rosenbloom et al., 2010).

Durch die Integration von ENCODE-Daten mit anderen groß angelegten Genomdatensätzen gewinnen Forscher neue Einblicke in die molekularen Grundlagen komplexer Krankheiten wie Krebs, Diabetes und neurologischer Störungen. Die Identifizierung funktioneller Varianten in regulatorischen Regionen ermöglicht es Wissenschaftlern, genauere Modelle der Genregulation zu entwickeln und potenzielle Ziele für medizinische Interventionen zu identifizieren.





Wichtige Vokabeln

Begriff	Definition
Genom	Der vollständige Satz an genetischem Material (DNA) in einem Organismus.
Gen	Eine DNA-Sequenz, die Anweisungen zur Herstellung eines funktionellen Produkts, in der Regel eines Proteins, enthält.
Nichtkodierende RNA	RNA-Moleküle, die keine Proteine codieren, sondern regulatorische Funktionen haben.
Promotor	Eine DNA-Sequenz, an der die Transkription eines Gens initiiert wird.
Enhancer	Eine DNA-Region, die die Transkription bestimmter Gene verstärkt.
Chromatin	Der Komplex aus DNA und Proteinen, der im Zellkern die Chromosomen bildet.
Transkription	Der Prozess der Kopie eines DNA-Abschnitts in RNA.
Epigenetik	Die Untersuchung von Veränderungen der Genexpression, die keine Veränderungen der DNA-Sequenz mit sich bringen.
GWAS	Genomweite Assoziationsstudie; identifiziert genetische Varianten, die mit Merkmalen oder Krankheiten in Verbindung stehen.

Interaktive Vokabelübung (Gimkit-Aktivität)

Nachdem Sie nun die wichtigsten Konzepte im Zusammenhang mit dem menschlichen Genom und dem ENCODE-Projekt kennengelernt haben, ist es an der Zeit, **Ihr Verständnis auf interaktive Weise zu überprüfen.**

Anweisungen für Schüler





1. Nehmen Sie Ihr Smartphone, Tablet oder Ihren Computer zur Hand.
2. Öffnen Sie den von Ihrem Lehrer bereitgestellten Link zum Gimkit-Spiel.
3. Geben Sie den Spielcode und Ihren Vornamen ein.
4. Lesen Sie jede Frage sorgfältig durch und wählen Sie die richtige Antwort aus.
5. Nutzen Sie das Feedback nach jeder Frage, um aus Ihren Fehlern zu lernen.
6. Versuchen Sie, Ihre Punktzahl zu verbessern, indem Sie den Wortschatz und die Konzepte aus diesem Abschnitt anwenden.

2. Ausführen: Funktionen und pädagogischer Wert der AR-Anwendung (Assemblr EDU)

In dieser Lerneinheit wird Assemblr EDU als primäre Augmented-Reality-Plattform verwendet, um die Erforschung der Funktionselemente des menschlichen Genoms zu unterstützen. Assemblr EDU ermöglicht es den Schülern, auf strukturierte und intuitive Weise mit mehrschichtigen dreidimensionalen Inhalten zu interagieren, wodurch es sich besonders für die Visualisierung komplexer biologischer Systeme wie DNA-Organisation, Genregulation und Chromatinstruktur eignet.

Mehrschichtige Visualisierung genomischer Elemente
Assemblr EDU ermöglicht die Erstellung von AR-Szenen, die aus mehreren Inhaltsebenen bestehen. In dieser Einheit untersuchen die Schüler mehrschichtige Genomkarten, die DNA-Stränge, proteinkodierende Gene, regulatorische Elemente, nichtkodierende RNA-Regionen und Chromatinmodifikationen enthalten. Dieser mehrschichtige Ansatz hilft den Lernenden zu verstehen, wie verschiedene funktionelle Elemente innerhalb des Genoms koexistieren und interagieren, anstatt sie als isolierte Komponenten zu betrachten.

Interaktive Erkundung und Benutzerkontrolle
Die Schüler beschäftigen sich aktiv mit AR-Objekten, indem sie Elemente innerhalb der Assemblr-Umgebung antippen, drehen und auswählen. Interaktive Hotspots bieten prägnante Erklärungen, Leitfragen und Unterstützung beim Vokabular. Diese praktische Interaktion fördert aktives Lernen und ermöglicht es den Schülern, Genomstrukturen in





ihrem eigenen Tempo zu erkunden und ihr Verständnis durch direkte Manipulation zu vertiefen.

Visualisierung von **Genregulationsmechanismen**
Assemblr EDU unterstützt die Visualisierung regulatorischer Prozesse, indem es den Lernenden ermöglicht, bestimmte genomische Elemente innerhalb der AR-Szene zu aktivieren oder zu deaktivieren. So können die Schüler beispielsweise beobachten, wie das Vorhandensein oder Fehlen von Enhancern oder regulatorischen Regionen die Genexpression beeinflusst. Diese interaktive Darstellung unterstützt das konzeptionelle Verständnis der regulatorischen Logik und der Ursache-Wirkungs-Beziehungen in der Genomik.

Kontextuelles und **vergleichendes** **Lernen**
Durch sorgfältig gestaltete AR-Szenen können die Schüler die Genregulation in verschiedenen zellulären Kontexten vergleichen. Durch das Umschalten zwischen visuellen Ebenen oder Szenarien beobachten die Lernenden, wie sich die Chromatinstruktur und die Aktivität der regulatorischen Elemente zwischen den Zelltypen unterscheiden. Diese Funktion unterstützt das Verständnis der zelltypspezifischen Genexpression und der dynamischen Natur der Genomregulation.

Eingebettete **Lernhilfen** und **formative** **Bewertung**
Assemblr EDU ermöglicht die Integration von Lehrtexten, Leitfragen und kurzen Reflexionsfragen direkt in die AR-Erfahrung. Diese eingebetteten Stützstrukturen unterstützen das Verständnis und helfen den Schülern, ihren eigenen Lernfortschritt zu überwachen. Die AR-Aufgaben dienen als formative Bewertungen, die es Lehrern ermöglichen, die Interaktion der Schüler zu beobachten und Bereiche zu identifizieren, die einer weiteren Klärung bedürfen.

Ausrichtung auf **die** **Lernziele**
Durch die Verwendung einer einzigen AR-Plattform während der gesamten Unterrichtseinheit entwickeln die Schüler Vertrautheit mit der Benutzeroberfläche und konzentrieren sich auf wissenschaftliche Inhalte statt auf technische Komplexität. Assemblr EDU unterstützt die Lernziele der Unterrichtseinheit, indem es





wissenschaftliche Genauigkeit, digitale Kompetenz und forschendes Lernen kombiniert und so sicherstellt, dass AR als sinnvolles Bildungsinstrument und nicht als visuelles Zusatzelement dient.

3. Verbessern:

Augmented Reality (AR) ist ein leistungsstarkes Werkzeug zur Verbesserung des Lernens über komplexe biologische Systeme wie das menschliche Genom. Die Genomik umfasst abstrakte, mikroskopische und dynamische Prozesse, die mit traditionellen textbasierten oder zweidimensionalen visuellen Ressourcen nur schwer zu verstehen sind. Durch die Integration von AR in diese Lerneinheit werden diese unsichtbaren Mechanismen für die Schüler sichtbar, interaktiv und konzeptionell zugänglich.

Im Rahmen dieser Einheit zum ENCODE-Projekt spielt Assemblr EDU eine zentrale Rolle bei der Verbesserung des konzeptionellen Verständnisses und der Lernmotivation. Assemblr ermöglicht es den Schülern, dreidimensionale Darstellungen von Genomstrukturen, regulatorischen Elementen und Chromatinorganisation in einer räumlichen und interaktiven Umgebung zu erkunden. Dieser Ansatz fördert ein tieferes Verständnis, indem er den Lernenden ermöglicht, zu beobachten, wie verschiedene funktionale Elemente des Genoms in einem gemeinsamen biologischen Kontext interagieren.

Durch die direkte Interaktion mit AR-Inhalten stärken die Schüler ihre räumlichen Denk- und Systemdenkfähigkeiten. Durch die Manipulation virtueller genomischer Elemente erhalten die Lernenden Einblicke in die Organisation der DNA im Zellkern, den Einfluss der Chromatinstruktur auf die Zugänglichkeit und die Steuerung der Genexpression durch regulatorische Regionen. Diese Interaktionen ermutigen die Schüler, über das Auswendiglernen hinauszugehen und ein sinnvolles konzeptionelles Verständnis zu entwickeln.

Wie Assemblr EDU das Lernen verbessert

1. Verbesserte Visualisierung abstrakter genomischer Konzepte





Mit Assemblr EDU können Schüler dreidimensionale Modelle von DNA, Chromatinfasern, regulatorischen Regionen und transkriptionsbezogenen Strukturen drehen, zoomen und erkunden. Dieser visuelle Zugang ist besonders wertvoll für das Verständnis räumlicher Mechanismen wie Enhancer-Promotor-Interaktionen und Chromatin-Looping, die allein anhand statischer Diagramme oft schwer zu verstehen sind.

Farbcodierte Ebenen und strukturierte Layouts helfen den Schülern, zwischen verschiedenen genomischen Elementen zu unterscheiden und funktionale Beziehungen zu erkennen. So können beispielsweise regulatorische Regionen visuell von codierenden Sequenzen getrennt werden, was das Konzept unterstreicht, dass nicht-codierende DNA eine aktive und wesentliche Rolle bei der Genregulation spielt.

2. Aktives und erfahrungsorientiertes Lernen

Anstatt Informationen passiv aufzunehmen, beschäftigen sich die Schüler aktiv mit AR-basierten Szenarien. In Assemblr EDU interagieren die Lernenden mit Hotspots, mehrschichtigen Modellen und geführten Aufforderungen, die Entscheidungen und Interpretationen erfordern. Beispielsweise können die Schüler untersuchen, wie sich die Aktivierung oder Deaktivierung eines regulatorischen Elements auf die Genexpression innerhalb der AR-Umgebung auswirkt.

Dieser erfahrungsorientierte Ansatz fördert das forschungsbasierte Lernen und ermutigt die Schüler, Hypothesen zu testen, Ergebnisse zu beobachten und über Ursache-Wirkungs-Zusammenhänge nachzudenken. Die Interaktion in Echtzeit trägt zur Vertiefung des Lernstoffs bei und unterstützt das langfristige Behalten komplexer Konzepte.

3. Differenzierter Unterricht und Barrierefreiheit

Assemblr EDU unterstützt unterschiedliche Lernbedürfnisse, indem es mehrere Einstiegspunkte in die Inhalte bietet. Visuelle Lerner profitieren von dreidimensionalen Modellen, während Lernende, die zusätzliche Unterstützung benötigen, sich auf eingebettete Erklärungen und strukturierte Eingabeaufforderungen verlassen können.





Die Plattform ermöglicht es Lehrern, den Grad der angebotenen Anleitung anzupassen, sodass sie für Klassen mit unterschiedlichen Leistungsniveaus geeignet ist.

Die Schüler können die AR-Aktivitäten in ihrem eigenen Tempo durchlaufen und Elemente bei Bedarf erneut aufrufen. Diese Flexibilität unterstützt ein inklusives, schülerzentriertes Lernen und trägt dazu bei, die kognitive Überlastung bei der Arbeit mit anspruchsvollen wissenschaftlichen Inhalten zu reduzieren.

4. Erhöhte Motivation und Wissensspeicherung

Der interaktive und immersive Charakter von AR steigert die Motivation und Aufmerksamkeit der Schüler. Durch die Einbindung mehrerer kognitiver Kanäle – visuell, räumlich und kinästhetisch – unterstützt Assemblr EDU ein tieferes Lernen und eine verbesserte Beibehaltung genomischer Konzepte.

Wenn Schüler genomische Elemente aktiv manipulieren, anstatt nur darüber zu lesen, können sie sich wichtige Konzepte wie Genregulation, Chromatinzugänglichkeit und die funktionelle Bedeutung von nichtkodierender DNA besser merken. Dieses Engagement ist besonders wertvoll für Schüler, denen Molekularbiologie abstrakt oder einschüchternd erscheint.

5. Realer Kontext und wissenschaftliche Relevanz

Assemblr EDU ermöglicht es den Schülern, genomische Konzepte mit realen Anwendungen zu verknüpfen. AR-Szenen können so gestaltet werden, dass sie krankheitsassoziierte Varianten, regulatorische Mutationen oder zelltypspezifische Genexpressionsmuster enthalten, die von ENCODE-Daten inspiriert sind. Dies hilft den Lernenden zu verstehen, wie die Genomforschung zu personalisierter Medizin, Krankheitsprävention und biotechnologischen Innovationen beiträgt.

Durch die Verknüpfung des Unterrichts mit authentischen wissenschaftlichen Fragen fördert AR die wissenschaftliche Kompetenz und hilft den Schülern, die Relevanz der Genomik in der modernen Gesellschaft zu erkennen.





Praktische Integration in die Lerneinheit

In dieser Einheit wird Assemblr EDU nicht als isolierte Aktivität, sondern als integrierte Lernumgebung eingesetzt. Die Schüler erwerben zunächst grundlegende Kenntnisse durch Lesen und Vokabeltraining und wenden dann ihr Verständnis durch AR-Erkundungen und interaktive Herausforderungen an und vertiefen es. Reflexionsaufgaben, die in AR-Aktivitäten eingebettet sind oder auf diese folgen, regen die Schüler dazu an, ihr Lernen zu artikulieren und visuelle Erfahrungen mit wissenschaftlichen Erklärungen zu verknüpfen.

Durch diese strukturierte Integration wird AR zu einem Werkzeug, das das Verständnis verbessert, die Neugier fördert und die Forschung unterstützt. Assemblr EDU verwandelt abstraktes Genomwissen in eine interaktive Lernerfahrung und hilft den Schülern, sowohl wissenschaftliche Kompetenz als auch digitale Fähigkeiten zu entwickeln.

Fazit:

Das menschliche Genom ist ein hochkomplexes und dynamisches System, das weit über die traditionell mit Genen assoziierten proteinkodierenden Sequenzen hinausgeht. Die Ergebnisse des ENCODE-Projekts haben unser Verständnis der Genomfunktion grundlegend verändert, indem sie gezeigt haben, dass nicht-kodierende DNA, regulatorische Elemente und die Chromatinorganisation eine wesentliche Rolle bei der Steuerung der Genexpression spielen (ENCODE Project Consortium, 2007; Djebali et al., 2012). Diese Entdeckungen haben gezeigt, dass biologische Komplexität nicht nur von den Genen selbst ausgeht, sondern auch von den ausgeklügelten regulatorischen Netzwerken, die steuern, wann, wo und wie Gene aktiviert werden.

Diese Lerneinheit hat den Schülern die Prinzipien der funktionellen Genomik nähergebracht, indem sie wissenschaftliche Erkenntnisse mit innovativen digitalen Tools kombiniert hat. Durch die Auseinandersetzung mit der ENCODE-Forschung haben die Lernenden untersucht, wie regulatorische Regionen, nicht-kodierende RNAs und die Chromatinstruktur zusammenwirken, um die Genaktivität fein abzustimmen. Durch die Arbeit mit authentischen wissenschaftlichen Konzepten und Daten erhielten die Schüler





Einblicke in die moderne Genomforschung und lernten, warum groß angelegte Kooperationsprojekte für den Fortschritt der Biologie unerlässlich sind.

Die Integration von **Augmented Reality (AR)**, insbesondere durch **Assemblr EDU**, spielte eine zentrale Rolle bei der Steigerung des Engagements und des Verständnisses der Schüler. AR verwandelte abstrakte und mikroskopische genomische Prozesse in interaktive und visuell zugängliche Erfahrungen. Durch die Manipulation dreidimensionaler Modelle und die Erforschung mehrschichtiger Genomstrukturen konnten die Schüler ein tieferes konzeptionelles Verständnis aufbauen und ihre räumlichen und systemischen Denkfähigkeiten stärken. Dieser Ansatz unterstützt das forschungsbasierte Lernen und ermutigt die Schüler, über das Auswendiglernen hinauszugehen und wissenschaftliche Phänomene sinnvoll zu interpretieren.

Neben der Entwicklung fachspezifischer Kenntnisse förderte diese Einheit auch den Erwerb transversaler Fähigkeiten. Die Schüler verbesserten ihre digitale Kompetenz durch den Einsatz von AR-Technologien, stärkten ihre Kooperations- und Kommunikationsfähigkeiten während Gruppenaktivitäten und übten kritisches Denken durch die Analyse von Regulationsmechanismen und krankheitsassoziierten Varianten. Gamifizierte Elemente und formative Bewertungen unterstützten die Motivation und aktive Teilnahme während des gesamten Lernprozesses zusätzlich.

Insgesamt zeigt diese Lerneinheit, wie die durchdachte Integration von wissenschaftlicher Forschung und digitaler Innovation zu inklusiven, ansprechenden und zukunftsorientierten Bildungserfahrungen führen kann. Durch die Verbindung von Genomtheorie mit interaktiven AR-basierten Übungen sind die Schüler besser darauf vorbereitet, die Relevanz der Genomik in Medizin, Biotechnologie und Gesellschaft zu verstehen. Die Einheit fördert wissenschaftliche Neugier, den verantwortungsvollen Umgang mit digitalen Technologien und das Verständnis für die Komplexität des menschlichen Genoms – Schlüsselkompetenzen für Lernende, die sich in einer zunehmend wissenschaftlich geprägten Welt zurechtfinden müssen.





Phasen der Lerneinheit und Beschreibung

Phase	Beschreibung
Erkunden	- Forschung und Entdeckung: Die Schüler erkunden das Humangenomprojekt und die Ursprünge des ENCODE-Projekts anhand von angepassten wissenschaftlichen Texten und geführten Leseaktivitäten.
	- Inhaltsentwicklung: Einführung in wichtige genomische Konzepte, darunter DNA-Struktur, Gene, kodierende und nichtkodierende Regionen, regulatorische Elemente, Chromatin und funktionelle Genomik. Vokabeltabellen und visuelle Hilfsmittel unterstützen das konzeptionelle Verständnis.
	- Konzeptionelle Unterstützung: Durch Diskussionen und formative Kontrollen werden Schwierigkeiten der Schüler beim Verständnis komplexer Genregulation identifiziert. Interaktive Tools, darunter eine Gimkit-Vokabelübung, werden eingesetzt, um wichtige Fachbegriffe zu festigen und die Lernenden auf die AR-basierte Erkundung vorzubereiten.
Durchführung	- Umsetzung des Lehrplans: Der Kernunterricht wird durch interaktive Präsentationen, wissenschaftliche Texte und angeleitete Diskussionen vermittelt. Assemblr EDU wird als wichtigste AR-Plattform eingeführt, um das Verständnis der Chromatinorganisation, der Genregulation und der regulatorischen Wechselwirkungen zu unterstützen.
	- Interaktive AR-Übungen: Die Schüler absolvieren Assemblr-basierte AR-Aktivitäten, darunter die Erforschung mehrschichtiger Genomkarten, die Identifizierung regulatorischer Elemente und die Visualisierung von Genexpressionsmechanismen, die von ENCODE-Daten inspiriert sind.
	- Feedback und Reflexion: Die Lehrkräfte sammeln die Reflexionen der Schüler, das Feedback der Mitschüler und die Ergebnisse der formativen Bewertungen (einschließlich AR-Aufgaben und digitaler Quizfragen), um den Lernfortschritt zu überwachen und den Unterricht anzupassen.
Verbessern	- AR-Integration: Assemblr EDU wird zur Modellierung komplexer Genomstrukturen und regulatorischer Systeme verwendet. Die Schüler interagieren mit visuellen Überlagerungen, die Genexpressionsmuster, Chromatinorganisation und Enhancer-Promotor-Interaktionen zeigen.
	- Forschungsorientiertes Lernen: Die Lernenden nehmen an strukturierten AR-Aktivitäten teil, darunter Hotspot-basierte Erkundungen, geführte Simulationen und schrittweise AR-Walkthroughs von Genomregulationsprozessen.
	- Gamification-Elemente: Die Schüler verdienen Punkte oder digitale Abzeichen für das Absolvieren von AR-Aufgaben, die korrekte Verwendung wissenschaftlicher Vokabeln und die erfolgreiche Identifizierung genomischer Elemente.
	- Quests und Fortschritt: Optionale „Genomic Quests“ ermöglichen es den Schülern, immer komplexere ENCODE-basierte Herausforderungen in Assemblr zu lösen und neue AR-Szenen oder Inhaltsebenen freizuschalten, wenn sie ihre Kenntnisse unter Beweis stellen.
	- Kollaborative AR-Aufgaben: Die Schüler arbeiten in Teams, um funktionale Gen-Netzwerke, Chromatin-Modelle oder vereinfachte Transkriptionssimulationen innerhalb der AR-Umgebung zu erstellen, wodurch das gegenseitige Lernen und die Kommunikationsfähigkeiten gestärkt werden.
	- AR-basierte Bewertung: Die Schüler absolvieren strukturierte Bewertungen, die in direktem Zusammenhang mit den AR-Aktivitäten stehen, darunter Beschriftungsaufgaben, Identifizierung regulatorischer Regionen und Ursache-Wirkungs-Vorhersagen auf der Grundlage genomischer Veränderungen. Die Bewertung erfolgt anhand von Rubriken, die sich auf das konzeptionelle Verständnis, die Genauigkeit und die korrekte Verwendung des biologischen Vokabulars konzentrieren.





Referenzen

1. Boyle, A. P., Hong, E. L., Hariharan, M., Cheng, Y., Schaub, M. A., Kasowski, M., ... & Snyder, M. (2012). Annotation of functional variation in personal genomes using RegulomeDB. *Genome Research*, 22(9), 1790–1797.
<https://doi.org/10.1101/gr.137323.112>
2. Claverie, J. M. (2001). Genanzahl: Was wäre, wenn es nur 30.000 menschliche Gene gäbe? *Science*, 291(5507), 1255–1257.
<https://doi.org/10.1126/science.1058785>
3. Djebali, S., Davis, C. A., Merkel, A., Dobin, A., Lassmann, T., Mortazavi, A., ... & Gingeras, T. R. (2012). Landschaft der Transkription in menschlichen Zellen. *Nature*, 489(7414), 101–108. <https://doi.org/10.1038/nature11233>
4. ENCODE Project Consortium. (2004). Das ENCODE-Projekt (Encyclopedia of DNA Elements). *Science*, 306(5696), 636–640.
<https://doi.org/10.1126/science.1105136>
5. ENCODE Project Consortium. (2007). Identification and analysis of functional elements in 1% of the human genome by the ENCODE pilot project. *Nature*, 447(7146), 799–816. <https://doi.org/10.1038/nature05874>
6. Gerstein, M. B., Kundaje, A., Hariharan, M., Landt, S. G., Yan, K. K., Cheng, C., ... & Snyder, M. (2012). Architektur des menschlichen Regulationsnetzwerks, abgeleitet aus ENCODE-Daten. *Nature*, 489(7414), 91–100.
<https://doi.org/10.1038/nature11245>
7. Kundaje, A., Meuleman, W., Ernst, J., Bilenky, M., Yen, A., Heravi-Moussavi, A., ... & Kellis, M. (2015). Integrative Analyse von 111 Referenz-Epigenomen des Menschen. *Nature*, 518(7539), 317–330. <https://doi.org/10.1038/nature14248>
8. Lander, E. S., Linton, L. M., Birren, B., Nusbaum, C., Zody, M. C., Baldwin, J., ... & Collins, F. S. (2001). Erste Sequenzierung und Analyse des menschlichen Genoms. *Nature*, 409(6822), 860–921. <https://doi.org/10.1038/35057062>
9. Landt, S. G., Marinov, G. K., Kundaje, A., Kheradpour, P., Pauli, F., Batzoglou, S., ... & Snyder, M. (2012). ChIP-seq-Richtlinien und -Praktiken der Konsortien ENCODE und modENCODE. *Genome Research*, 22(9), 1813–1831.
<https://doi.org/10.1101/gr.136184.111>
10. Rosenbloom, K. R., Dreszer, T. R., Long, J. C., Malladi, V. S., Sloan, C. A., Raney, B. J., ... & Kent, W. J. (2010). ENCODE-Gesamtgenomdaten im UCSC-Genom-





Browser. Nucleic Acids Research, 38(Datenbankausgabe), D620–D625.

<https://doi.org/10.1093/nar/gkp961>

11. Schaub, M. A., Boyle, A. P., Kundaje, A., Batzoglou, S., & Snyder, M. (2012).

Verknüpfung von Krankheitsassoziationen mit regulatorischen Informationen im menschlichen Genom. Genome Research, 22(9), 1748–1759.

<https://doi.org/10.1101/gr.136127.111>





Co-funded by
the European Union



BIOS4YOU AR 2.0

BIO-INSPIRED STEM TOPICS FOR ENGAGING YOUNG GENERATIONS
THANKS TO THE USE OF AUGMENTED REALITY

Project Number: 2023-1-DE03-KA220-SCH-000126516

Funded by the European Union. Views and opinions expressed are however those of the author(s) only and do not necessarily reflect those of the European Union or the European Education and Culture Executive Agency (EACEA). Neither the European Union nor EACEA can be held responsible for them.