



Co-funded by
the European Union

MUTATIONEN UND SUPERKRÄFTE



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."





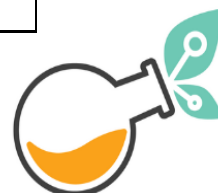
Inhaltsverzeichnis

Einleitung:	4
1: Entdecken	5
Mutationen und Superkräfte	5
Was bedeutet Mutation eigentlich?	5
Wie können Mutationen einen Organismus beeinflussen?	6
Punktmutationen	7
Warum der Ort der Mutation wichtig ist	8
Stille Mutationen	9
Missense-Mutationen	10
Nonsense-Mutationen	11
Insertionsmutationen	12
Deletionsmutationen	13
Ausgeglichene Translokation	15
Unbalancierte Translokation	15
Wie entstehen Mutationen?	16
Umweltfaktoren	16
DNA-Schäden und -Reparatur	17
Mutationsrate während der Zellteilung	17
Fixierung von Mutationen	18
2: Ausführen	20
3: Verbessern	22
Fazit:	24
Referenzen	26





Allgemeines Thema des Lernpfads	Genetik und Biologie von Mutationen
Spezifischer Name der Lerneinheit	Mutationen: Natur, Ursachen und Auswirkungen auf Organismen
Alter der Zielgruppe	14–18 Jahre
Voraussetzungen für die Lernenden	Grundkenntnisse in Biologie; Verständnis von DNA und Genen; Interesse an Naturwissenschaften und Science-Fiction
Beschreibung der Lerneinheit	Diese Lerneinheit befasst sich mit genetischen Mutationen, ihren Arten, Ursachen und Auswirkungen auf Lebewesen. Die Schüler untersuchen, wie Mutationen auf natürliche Weise oder aufgrund von Umweltfaktoren auftreten und wie sie zu schädlichen Auswirkungen, neutralen Veränderungen oder vorteilhaften Anpassungen führen können. Die Einheit verbindet wissenschaftliche Erkenntnisse mit Populärkultur, indem sie reale Mutationen mit fiktiven „Superkräften“ vergleicht. Augmented-Reality-Aktivitäten (AR) in Delightex helfen den Schülern, DNA-Strukturen, Mutationsprozesse und chromosomale Veränderungen zu visualisieren, wodurch abstrakte Konzepte konkreter und anschaulicher werden.
Thema: Beteiligte Parteien	Biologie-Lehrer, Schüler
Stichworte	Mutation, Genetik, DNA, Superkräfte, Evolution, Genom, Augmented Reality (AR), Erkunden – Ausführen – Verbessern
Wichtige Qualifikationen, Fähigkeiten und Kenntnisse, die erworben werden können	Verständnis von Mutationstypen und -ursachen; Fähigkeit zur Analyse biologischer Informationen; kritisches Denken; grundlegende AR-Interaktionsfähigkeiten; Kreativität; Präsentations- und Selbstbewertungsfähigkeiten
Verwendete Ressourcen und didaktische Hilfsmittel	Biologie-Lehrbücher, kurze wissenschaftliche Texte, Videos, Superhelden-Comics und Filmausschnitte, in Delightex erstellte AR-





	Aufgaben, Explore–Execute–Enhance-Framework
Bewertungskriterien und Bewertung	Wissensüberprüfungen und Quiz; AR-basierte Aufgaben in Delightex; kreatives Projekt (- Charakter oder -Szenario auf der Grundlage von Mutationen); kurze mündliche Präsentationen; Reflexion über ethische Aspekte von Mutationen; Selbstbewertung während der Enhance-Phase

Einleitung:

Mutationen sind ein wesentlicher Bestandteil der Evolution und der genetischen Vielfalt, können aber auch Krankheiten und Entwicklungsstörungen verursachen. Eine Mutation ist eine Veränderung der DNA-Sequenz, und diese Veränderungen beeinflussen, wie Organismen wachsen, funktionieren und sich an ihre Umgebung anpassen (Griffiths et al., 2019). Durch die Untersuchung von Mutationen gewinnen Wissenschaftler ein besseres Verständnis dafür, wie sich Genome im Laufe der Zeit verändern und wie sich diese Veränderungen auf die Biologie und Medizin auswirken.

In dieser Lerneinheit untersuchen die Schüler verschiedene Arten von Mutationen, darunter chromosomale Veränderungen wie Deletionen, Duplikationen, Inversionen und Translokationen. Diese Mutationen können die Struktur der Chromosomen verändern und die Funktionsweise von Genen beeinflussen (Alberts et al., 2015). Die Einheit erklärt auch, wie Mutationen durch Fehler während der DNA-Replikation, wenn die DNA vor der Zellteilung kopiert wird, sowie durch Umweltfaktoren wie ultraviolette (UV) Strahlung und chemische Substanzen entstehen können (Strachan & Read, 2018).

Darüber hinaus wird in dieser Lektion die Bedeutung von DNA-Reparaturmechanismen hervorgehoben. Zellen verfügen über Systeme, die viele DNA-Fehler korrigieren und so zur Stabilität des Genoms beitragen. Reparaturprozesse sind jedoch nicht immer perfekt, und einige Mutationen bleiben in der DNA erhalten, was die genetische Variation innerhalb von Populationen erhöht (National Human Genome Research Institute, 2023). Dieses Gleichgewicht zwischen der Aufrechterhaltung der Genomintegrität und der Zulassung genetischer Variation





ist sowohl für das Überleben von Organismen als auch für den Evolutionsprozess von entscheidender Bedeutung.

1: Entdecken

Mutationen und Superkräfte

In modernen Science-Fiction- und Actionfilmen werden die Begriffe *Mutation* und *Mutant* oft verwendet, um Superkräfte zu erklären. Beliebte Figuren aus Filmen und Serien wie *Deadpool*, *Spider-Man*, *Heroes* und *X-Men* erhalten durch genetische Veränderungen, sogenannte Mutationen, außergewöhnliche Fähigkeiten. Diese Geschichten suggerieren, dass Mutationen Menschen besondere Kräfte verleihen können, wie z. B. Superkräfte, Regenerationsfähigkeit oder die Fähigkeit, die Körperform zu verändern.

In der realen Biologie ist die Bedeutung einer Mutation jedoch viel spezifischer. Eine Mutation ist einfach eine Veränderung in der DNA-Sequenz eines Organismus (Griffiths et al., 2019). Wissenschaftler untersuchen Mutationen, um zu verstehen, wie sich Merkmale verändern, wie Krankheiten entstehen und wie Evolution funktioniert – nicht, um Supermenschen zu erschaffen.

Dies wirft wichtige Fragen auf: Was bewirkt eine Mutation tatsächlich im menschlichen Körper? Kann ein Mensch mit dramatischen Fähigkeiten wie denen aus Filmen geboren werden oder Kräfte erlangen, nachdem er Strahlung oder einem genetisch veränderten Organismus ausgesetzt war? Wissenschaftliche Untersuchungen zeigen, dass Mutationen zwar körperliche Merkmale oder die Gesundheit beeinflussen können, aber nicht zu plötzlichen oder extremen Fähigkeiten wie Wandklettern oder Formveränderung führen (Alberts et al., 2015). Stattdessen haben die meisten Mutationen nur geringe Auswirkungen, sind überhaupt nicht sichtbar oder haben negative Folgen für den Organismus.





Das Verständnis des Unterschieds zwischen fiktiven Mutationen und realen genetischen Veränderungen hilft Schülern, wissenschaftliche Kompetenz zu entwickeln und kritisch darüber nachzudenken, wie Biologie in der Populärkultur dargestellt wird (National Human Genome Research Institute, 2023).

Was bedeutet Mutation eigentlich?

Das Genom ist der vollständige Satz an DNA in einem lebenden Organismus. Es umfasst Gene, die für Proteine kodieren, sowie nicht-kodierende Regionen wie Introns und Pseudogene, die zwar nicht direkt Proteine produzieren, aber dennoch eine wichtige Rolle bei der Regulation und Strukturierung spielen (Alberts et al., 2015). Jede Spezies hat ihr eigenes, einzigartiges Genom. Beispielsweise teilen Menschen und Schimpansen etwa 99 % ihrer DNA, doch die verbleibenden 1 % führen zu erheblichen Unterschieden in Aussehen, Verhalten und Fähigkeiten (Griffiths et al., 2019).

Um das Genom besser zu verstehen, kann man es sich als Bauplan für ein Haus vorstellen. Der Bauplan erklärt, wie das Haus gebaut werden soll – seine Größe, Struktur und Materialien. In lebenden Organismen sind die „Baumaterialien“ Proteine, Lipide (Fette) und Zucker. Das Genom bestimmt, welche Proteine produziert werden, welche Versionen von Genen (Allele) verwendet werden und wie viel von jedem Protein hergestellt wird. Dieser Prozess wird als Genexpression bezeichnet (Strachan & Read, 2018).

Gene wirken jedoch nicht allein. Auch die Umwelt hat einen starken Einfluss darauf, wie sich ein Organismus entwickelt. Beispielsweise können Gene die Anweisungen für das Muskelwachstum liefern, aber Muskeln werden nur mit der richtigen Ernährung und körperlicher Aktivität stärker. Diese Wechselwirkung zwischen Genen und Umwelt erklärt, warum Menschen mit ähnlicher DNA dennoch unterschiedliche Merkmale entwickeln können (Alberts et al., 2015).

Obwohl jede Zelle im menschlichen Körper die gleiche DNA enthält, verwenden verschiedene Zellen unterschiedliche Gene. Hautzellen und Muskelzellen produzieren beispielsweise unterschiedliche Proteine in unterschiedlichen Mengen. Diese





selektive Genaktivität prägt körperliche Merkmale wie Augenfarbe, Haarfarbe, Größe und Körperbau (Griffiths et al., 2019).

Da Merkmale von der DNA abhängen, kann jede Veränderung im Genom einen Organismus beeinflussen. Eine Mutation ist eine Veränderung in der DNA-Sequenz, die zufällig auftreten oder durch Umweltfaktoren wie Strahlung oder Chemikalien verursacht werden kann. Mutationen können innerhalb von Genen oder in nicht-kodierenden Bereichen der DNA auftreten. Während einige Mutationen keine sichtbaren Auswirkungen haben, können andere Merkmale, Gesundheit oder Überleben beeinflussen (National Human Genome Research Institute, 2023).

Wie können Mutationen einen Organismus beeinflussen?

Lebende Organismen können viele verschiedene Arten von Mutationen aufweisen. Einige Mutationen verursachen deutliche und schwerwiegende Veränderungen, während andere überhaupt keine spürbaren Auswirkungen haben. Um dies besser zu verstehen, können wir erneut das Beispiel des Hausbauplans heranziehen. Eine zufällige Veränderung in einem sorgfältig ausgearbeiteten Plan kann zu sehr unterschiedlichen Ergebnissen führen (Alberts et al., 2015).

Eine kleine Änderung könnte beispielsweise zu einer Lücke zwischen einem Fenster und einer Wand führen, durch die kalte Luft in das Haus eindringen kann. Eine andere Änderung könnte das Sanitärsystem beschädigen und den Alltag unangenehm machen. In der Biologie können ähnliche kleine Mutationen die Funktionsweise eines Proteins oder die Effizienz seiner Produktion leicht beeinflussen.

Manchmal kann eine große zufällige Veränderung schwerwiegende Probleme verursachen. Das Entfernen einer tragenden Wand aus einem Haus könnte zum Einsturz des gesamten Gebäudes führen. In gleicher Weise können einige Mutationen wichtige Gene stark stören und zu Krankheiten oder Entwicklungsstörungen führen (Strachan & Read, 2018).

Allerdings sind nicht alle Veränderungen schädlich. Einige Mutationen haben überhaupt keine Auswirkungen, wie beispielsweise das Ersetzen einer Dachziegel durch eine identische andere. In der Genetik werden diese als neutrale Mutationen bezeichnet. In sehr seltenen Fällen kann eine Mutation sogar vorteilhaft sein. Ein





Beispiel hierfür ist die Laktosetoleranz beim Menschen – die Fähigkeit von Erwachsenen, Milch zu verdauen –, die nach der Domestizierung von Rindern zu einem Vorteil wurde (Griffiths et al., 2019).

Die Auswirkung einer Mutation hängt hauptsächlich davon ab,

- ob sie ein Gen verändert, das für ein Protein oder RNA kodiert,
- wie wichtig dieses Gen für den Organismus ist
- und wie stark das Gen exprimiert wird (wie stark es „aktiviert“ ist).

Da Gene in komplexen Netzwerken interagieren, kann selbst eine kleine Mutation manchmal weitreichende Auswirkungen haben, während andere Mutationen unbemerkt bleiben (National Human Genome Research Institute, 2023).

Punktmutationen

Die einfachste Art der Mutation tritt auf, wenn ein DNA-Buchstabe, ein sogenanntes Nukleotid, durch einen anderen ersetzt wird. Diese Art der Veränderung wird als Punktmutation oder Einzelnukleotidvariante (SNV) bezeichnet (Alberts et al., 2015).

Wenn eine Punktmutation von den Eltern an die Kinder weitergegeben wird und in einer Population häufig vorkommt, wird sie als Einzelnukleotid-Polymorphismus (SNP) bezeichnet. Eine Veränderung wird in der Regel nur dann als SNP betrachtet, wenn sie zumindest in einem kleinen Teil der Population auftritt, beispielsweise bei etwa 1 % der Menschen (Griffiths et al., 2019).

Stellen Sie sich beispielsweise vor, dass 98 % der Menschen die folgende DNA-Sequenz haben:

...acgtgcgAtgattg...

aber 2 % der Menschen eine leicht abweichende Version haben:

...acgtgcgTtgattg...

In diesem Fall wird der DNA-Buchstabe A an einer Stelle durch T ersetzt. Dies ist ein Beispiel für einen A-zu-T-SNP.





Befindet sich dieses SNP innerhalb eines Gens, wird es als Allel oder Genvariante bezeichnet. Unterschiedliche Allele können zu kleinen Unterschieden zwischen Individuen führen, wie z. B. Augenfarbe, Körpergröße oder die Fähigkeit, bestimmte Lebensmittel zu verdauen (Strachan & Read, 2018).

Die meisten Punktmutationen haben keine sichtbaren Auswirkungen, aber einige können die Funktionsweise eines Proteins oder dessen Produktionsmenge verändern. In bestimmten Fällen stehen Punktmutationen mit genetischen Erkrankungen in Zusammenhang, während sie in anderen Fällen lediglich die genetische Vielfalt einer Population erhöhen (National Human Genome Research Institute, 2023).

Warum der Ort der Mutation wichtig ist

Bei Punktmutationen ist es sehr wichtig, wo die Mutation in der DNA auftritt. Eine Mutation kann innerhalb eines Gens oder zwischen Genen auftreten. Mutationen, die außerhalb von Genen auftreten, haben oft nur geringe oder gar keine Auswirkungen, da große Teile des Genoms nicht direkt für Proteine kodieren und wiederholte oder regulatorische Sequenzen enthalten (Alberts et al., 2015).

Wenn eine Mutation innerhalb eines proteinkodierenden Gens auftritt, hängt ihre Auswirkung davon ab, ob sie das Protein verändert. Wenn die DNA-Veränderung die Aminosäuresequenz des Proteins nicht verändert, spricht man von einer synonymen Mutation. Dies ist möglich, weil der genetische Code redundant ist, was bedeutet, dass verschiedene DNA-Tripletts (Codons) für dieselbe Aminosäure kodieren können (Griffiths et al., 2019).

Beispielsweise kodieren die Codons TCA und TCG beide für die Aminosäure Serin. Wenn eine Mutation den letzten Buchstaben von A zu G verändert, bleibt das Protein genau gleich. Daher hat die Mutation in der Regel keinen Einfluss auf die Funktionsweise des Proteins.

Viele synonyme Mutationen treten an der dritten Position eines Codons auf, die auch als Wobble-Position bezeichnet wird. Veränderungen an dieser Position haben oft keinen Einfluss auf die Struktur oder Funktion des Proteins (Strachan & Read, 2018).



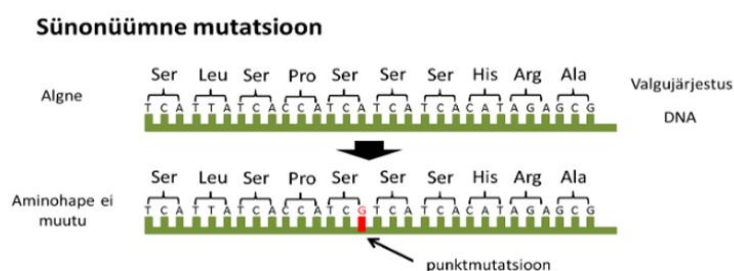


Es gibt auch neutrale Mutationen, bei denen eine Aminosäure durch eine andere mit ähnlichen chemischen Eigenschaften, wie Ladung oder Größe, ersetzt wird. Da sich die neue Aminosäure ähnlich verhält, kann das Protein oft weiterhin normal funktionieren. Diese kleinen Veränderungen schaden dem Organismus in der Regel nicht und helfen zu erklären, warum genetische Variationen existieren können, ohne Krankheiten zu verursachen (National Human Genome Research Institute, 2023).

Stille Mutationen

Wenn eine Mutation die sichtbaren Merkmale des Organismus, auch Phänotyp genannt, nicht verändert, wird sie als stille Mutation bezeichnet. In vielen Fällen haben stille Mutationen keine erkennbaren Auswirkungen, aber der Unterschied zwischen stillen und synonymen Mutationen ist nicht immer klar (Griffiths et al., 2019). Obwohl synonyme Mutationen die Aminosäuresequenz eines Proteins nicht verändern, können sie dennoch geringe Auswirkungen haben. Beispielsweise können verschiedene Codons, die für dieselbe Aminosäure kodieren, unterschiedliche Mengen an passenden tRNA-Molekülen verwenden. Dies kann die Geschwindigkeit der Proteinproduktion beeinflussen, was sich geringfügig auf die Zellfunktion auswirken kann (Alberts et al., 2015). In den meisten Fällen haben stille und synonyme Mutationen nur sehr geringe Auswirkungen auf den Organismus. Diese Mutationen zeigen, dass genetische Systeme flexibel sind und kleine Veränderungen tolerieren können, ohne ihre Funktion zu verlieren. Diese Flexibilität ist wichtig für die Evolution und die langfristige Anpassung (Strachan & Read, 2018).

Abbildung 1 veranschaulicht eine synonyme Mutation, bei der eine Veränderung der DNA-Sequenz die Aminosäuresequenz des resultierenden Proteins nicht verändert.





Missense-Mutationen

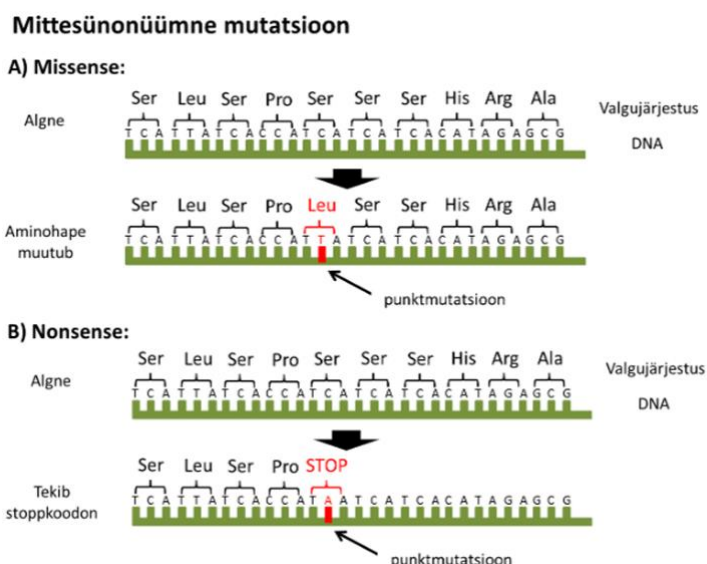


Abbildung 2. Missense- und Nonsense-Mutationen in einem proteinkodierenden Gen

Bei einer Missense-Mutation wird eine Aminosäure in einem Protein durch eine andere Aminosäure ersetzt. Diese Veränderung kann die Form und Funktion des Proteins beeinträchtigen und dessen korrekte Funktion verhindern. Viele genetische Erkrankungen werden durch Missense-Mutationen verursacht, da selbst eine kleine Veränderung in der Proteinstruktur schwerwiegende Auswirkungen haben kann (Alberts et al., 2015).

Ein bekanntes Beispiel für eine Missense-Mutation ist die Sichelzellenanämie. Diese Krankheit wird durch eine Punktmutation im β -Globin-Gen verursacht. Bei dieser Mutation ändert sich die zweite Base in einem Codon von Adenin (A) zu Thymin (T). Infolgedessen wird die Aminosäure Glutaminsäure im Hämoglobinprotein durch Valin ersetzt (Griffiths et al., 2019).

Diese kleine Veränderung hat große Auswirkungen. Die veränderten Hämoglobinmoleküle kleben zusammen, wodurch die roten Blutkörperchen eine sichelförmige statt einer runden Form annehmen. Diese abnormalen Zellen können Sauerstoff nicht effizient transportieren und zerfallen schneller als normale rote Blutkörperchen. Dies führt zu Symptomen wie Schmerzen, Müdigkeit und einem erhöhten Infektionsrisiko (Strachan & Read, 2018).





Nonsense-Mutationen

Nonsense-Mutationen treten auf, wenn eine Punktmutation zu früh in einem Gen ein Stoppcodon erzeugt. Infolgedessen wird die Proteinsynthese beendet, bevor das vollständige Protein gebildet ist. Dies führt zu einem verkürzten (verkürzten) Protein, das in der Regel nicht richtig oder gar nicht funktioniert (Alberts et al., 2015) (siehe Abbildung 2).

Da Proteine oft ihre vollständige Struktur benötigen, um richtig zu funktionieren, sind Nonsense-Mutationen in der Regel schädlicher als synonyme oder neutrale Mutationen. Der fehlende Teil des Proteins kann wichtige funktionelle Bereiche entfernen, wodurch das Protein instabil oder unbrauchbar wird (Griffiths et al., 2019).

Mehrere schwere genetische Erkrankungen werden durch Nonsense-Mutationen verursacht, darunter Duchenne-Muskeldystrophie und Mukoviszidose (Strachan & Read, 2018).

Beispiel: Mukoviszidose

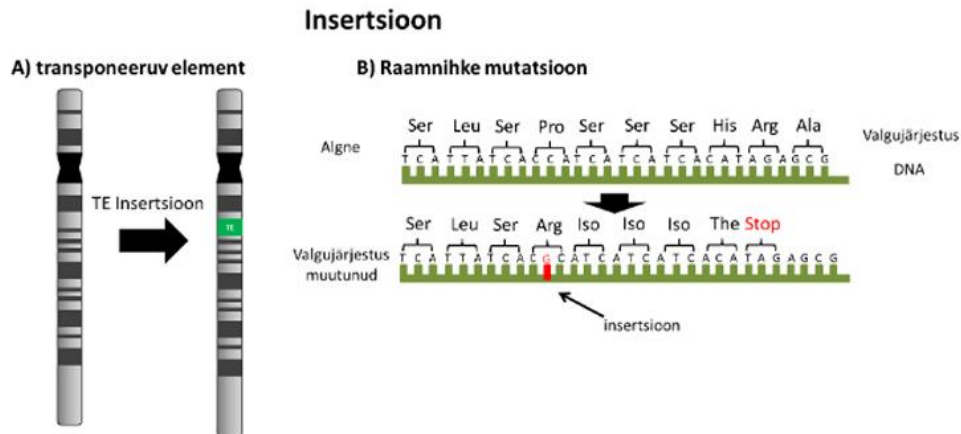
Zystische Fibrose wird durch Mutationen in einem Gen verursacht, das für ein Ionenkanalprotein kodiert, das den Transport von Salz und Wasser in bestimmten Geweben, insbesondere in der Lunge, steuert. Wenn dieses Protein nicht richtig funktioniert, sammelt sich zähflüssiger Schleim in den Atemwegen an. Dieser Schleim erschwert das Atmen und führt zu häufigen Lungeninfektionen.

Obwohl Mukoviszidose nicht geheilt werden kann, können moderne Behandlungsmethoden helfen, die Symptome zu lindern und die Lebensqualität zu verbessern. Dieses Beispiel zeigt, wie eine einzige Mutation, die ein vorzeitiges Stoppcodon einführt, schwerwiegende Auswirkungen auf den gesamten Organismus haben kann (National Human Genome Research Institute, 2023).





Insertionsmutationen



Abbildung

3.

Eine

Insertion

Eine Insertionsmutation tritt auf, wenn ein oder mehrere Nukleotide zur DNA-Sequenz hinzugefügt werden. Insertionen können sehr klein oder extrem groß sein und manchmal Tausende oder sogar Millionen von Nukleotiden umfassen. Kleine Insertionen treten häufig während der DNA-Replikation oder DNA-Reparaturprozesse auf (Alberts et al., 2015).

Wenn Nukleotide in ein proteinkodierendes Gen eingefügt werden und die Anzahl der hinzugefügten Nukleotide nicht durch drei teilbar ist, verursacht die Mutation eine Frameshift-Mutation. Dadurch verschiebt sich der Leserahmen des Gens, wodurch sich alle folgenden Codons ändern. Infolgedessen wird die gesamte Proteinsequenz verändert, und das Protein verliert in der Regel seine normale Funktion (siehe Abbildung 3) (Griffiths et al., 2019).

Frameshift-Mutationen betreffen in der Regel nur ein Protein, da Gene im Genom durch lange nicht-kodierende Regionen voneinander getrennt sind. Die Auswirkungen auf dieses einzelne Protein können jedoch sehr schwerwiegend sein und häufig zu Krankheiten führen.

Insertionen können auch durch transponierbare Elemente (TEs) verursacht werden. Dabei handelt es sich um DNA-Sequenzen, die sich an verschiedene Stellen innerhalb des Genoms bewegen können. Das häufigste transponierbare Element beim Menschen ist das Alu-Element, das etwa 300 Basenpaare lang ist und in





Hunderttausenden von Kopien im menschlichen Genom vorkommt (Strachan & Read, 2018).

Transposable Elemente können sich durch zwei Hauptmechanismen bewegen:

- „Ausschneiden und Einfügen“, wobei das Element von einer Stelle entfernt und an einer anderen eingefügt wird.
- „Kopieren und Einfügen“, wobei eine Kopie des Elements an einer neuen Stelle eingefügt wird, während das Original erhalten bleibt.

Wissenschaftliche Studien haben gezeigt, dass Alu-Insertionen Gene stören können und mit genetischen Störungen wie Hämophilie und Brustkrebs in Verbindung stehen (National Human Genome Research Institute [NHGRI], 2023).

Deletionsmutationen

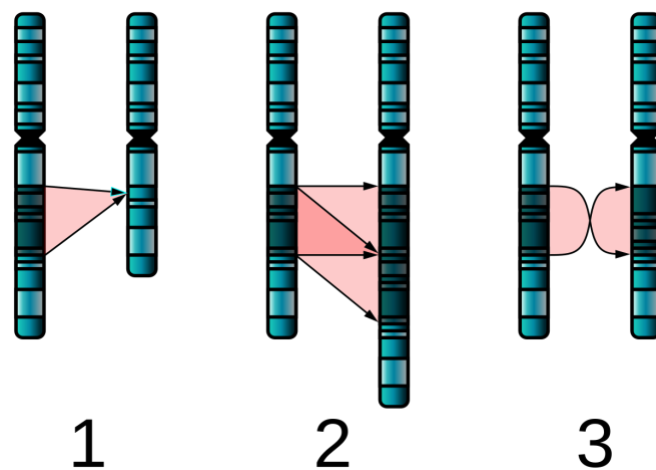


Abbildung 4: Chromosomale Deletion, Duplikation und Inversion

Eine Deletionsmutation tritt auf, wenn ein oder mehrere Nukleotide aus der DNA-Sequenz entfernt werden. Im Gegensatz zu Insertionen sind Deletionen in der Regel irreversibel, da die verlorene DNA nach ihrer Entfernung nicht wiederhergestellt werden kann (Alberts et al., 2015). Obwohl sich einige transponierbare Elemente aus dem Genom entfernen können, gehen gelöschte DNA-Sequenzen dauerhaft verloren.





Deletionen können schwerwiegende Auswirkungen haben, insbesondere wenn ein großer Abschnitt eines Chromosoms entfernt wird. Dies kann zum Verlust der Heterozygotie führen, was bedeutet, dass nur noch eine Kopie (Allel) eines Gens übrig bleibt. Wenn das verbleibende Allel fehlerhaft ist und das deletierte Allel gesund war, kann dies schwerwiegende biologische Folgen für den Organismus haben (Griffiths et al., 2019).

Kleine Deletionen innerhalb von proteinkodierenden Genen können auch Frameshift-Mutationen verursachen, die den Leserahmen des Gens verändern und in der Regel zu einem nicht funktionsfähigen Protein führen.

Duplikationsmutationen

Im Gegensatz zu Deletionen treten Duplikationsmutationen auf, wenn ein DNA-Abschnitt ein- oder mehrmals kopiert wird. Diese Mutationen treten häufig aufgrund von Fehlern während der genetischen Rekombination auf (siehe Abbildung 4) (Strachan & Read, 2018).

Kleine Duplikationen führen dazu, dass bestimmte DNA-Sequenzen wiederholt auftreten, was zu Veränderungen in der Kopienzahlvariation (CNV) führt. Das bedeutet, dass einige Gene in mehr oder weniger Kopien als normal vorhanden sein können, was sich auf die Menge des produzierten Proteins auswirken kann.

Veränderungen in der Anzahl der Wiederholungen können genetische Störungen verursachen. Ein bekanntes Beispiel ist die Huntington-Krankheit. Das Huntingtin-Gen (HTT) enthält normalerweise 27–35 Wiederholungen der Drei-Nukleotid-Sequenz CAG. Wenn die Anzahl der Wiederholungen 40 überschreitet, führt dies zu einer fortschreitenden neurodegenerativen Erkrankung, die das zentrale Nervensystem beeinträchtigt (NHGRI, 2023).

Große Duplikationen, die ganze Gene oder Chromosomensegmente betreffen, können die Genexpression erhöhen und sind oft mit Krankheiten wie Krebs verbunden, bei denen es zu übermäßigem Zellwachstum kommt.

Inversionsmutationen





Eine **Inversionsmutation** tritt auf, wenn ein DNA-Segment bricht und in umgekehrter Richtung innerhalb des Chromosoms wieder eingefügt wird. Obwohl dies dramatisch klingt, verursachen Inversionen oft keinen größeren Schaden, da kein genetisches Material verloren geht (Griffiths et al., 2019).

In vielen Fällen hat die Reihenfolge der Gene auf einem Chromosom keinen großen Einfluss auf die Funktionsweise des Organismus. Allerdings können an den Bruchstellen, an denen die DNA bricht und wieder zusammenfügt, Probleme auftreten. An diesen Stellen können wichtige Gene gestört werden.

Es gibt zwei Haupttypen von Inversionen:

- Parazentrische Inversionen: treten innerhalb eines Arms eines Chromosoms auf und umfassen nicht das Zentromer.
- Perizentrische Inversionen: umfassen das Zentromer innerhalb des invertierten Segments.

Chromosomale Translokation

Eine **chromosomale Translokation** tritt auf, wenn ein Segment eines Chromosoms abbricht und sich an ein anderes Chromosom oder an eine andere Stelle auf demselben Chromosom anlagert. Diese Art von Mutation verändert die **Position von Genen**, was sich auf ihre Funktion auswirken kann (Griffiths et al., 2019).

Es gibt zwei Haupttypen von chromosomalen Translokationen:

Ausgeglichene Translokation

Bei einer **balancierten Translokation** geht kein genetisches Material verloren oder wird hinzugefügt – DNA-Segmente werden lediglich neu angeordnet. In vielen Fällen zeigen Personen mit balancierten Translokationen keine sichtbaren Symptome. Allerdings können Probleme bei der Fortpflanzung auftreten, da balancierte Translokationen das Risiko für Unfruchtbarkeit oder genetische Störungen bei Nachkommen erhöhen können (Strachan & Read, 2018).

Ungleichgewichtige Translokation



Eine **unausgeglichene Translokation** tritt auf, wenn genetisches Material verloren geht oder dupliziert wird. Dies führt oft zu schwerwiegenden biologischen Folgen, da das normale Gleichgewicht der Gene gestört ist. Unausgeglichene Translokationen stehen im Zusammenhang mit Erkrankungen wie **Krebs**, **Unfruchtbarkeit** und genetischen Störungen, darunter **das Down-Syndrom** (NHGRI, 2023).

Translokationen können auch zu **Genfusionen** führen, bei denen Teile zweier verschiedener Gene miteinander verbunden werden. Diese fusionierten Gene können abnormale Proteine produzieren, die die normale Zellfunktion beeinträchtigen und zur Entstehung von Krankheiten beitragen können, insbesondere bei bestimmten Krebsarten (Alberts et al., 2015).

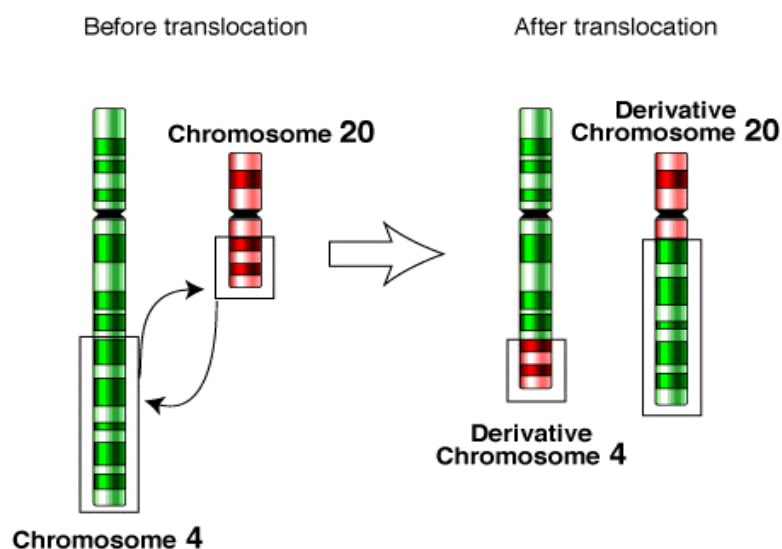


Abbildung 5. Chromosomentranslokation

Wie entstehen Mutationen?

Mutationen entstehen durch Veränderungen oder Fehler in der DNA-Sequenz, wie z. B. Brüche, Fehlpaarungen oder fehlende Basen. Diese Fehler treten hauptsächlich aus zwei Gründen auf: durch externe Umweltfaktoren oder durch zufällige Fehler während der DNA-Replikation (Alberts et al., 2015).

Umweltfaktoren





Umweltfaktoren, die Mutationen verursachen, werden als Mutagene bezeichnet. Dazu gehören verschiedene Arten von Strahlung und chemische Substanzen.

Beispielsweise verursacht ultraviolette (UV) Strahlung aus dem Sonnenlicht häufig Punktmutationen, indem sie eine DNA-Base in eine andere umwandelt, beispielsweise Guanin (G) durch Thymin (T) ersetzt. Diese Art von Schädigung tritt häufig in Hautzellen auf und steht in engem Zusammenhang mit Hautkrebs (Griffiths et al., 2019).

Bestimmte Chemikalien können ebenfalls die DNA schädigen. Ein Beispiel hierfür ist Ethidiumbromid, eine Substanz, die sich zwischen die DNA-Basen einfügt. Dies verzerrt die DNA-Struktur und erhöht die Wahrscheinlichkeit von Replikationsfehlern (Strachan & Read, 2018).

DNA-Schäden und Reparatur

DNA-Schäden führen nicht immer zu einer Mutation. Zellen verfügen über mehrere DNA-Reparaturmechanismen, die das Genom ständig auf Fehler überprüfen und diese beheben. Die DNA-Reparatur ist jedoch nicht immer perfekt. Manchmal fügt das Reparatursystem das falsche Nukleotid gegenüber einer beschädigten Base ein. In diesem Fall kann es zu einer Mutation kommen, also einer dauerhaften Veränderung der DNA-Sequenz (Alberts et al., 2015).

Mutationsrate während der Zellteilung

Jedes Mal, wenn sich eine Zelle teilt, muss die gesamte DNA-Sequenz kopiert werden. Beim Menschen bedeutet dies, dass etwa 12 Milliarden Nukleotide (beide DNA-Stränge einer diploiden Zelle) kopiert werden müssen. Das für diesen Prozess verantwortliche Enzym, die DNA-Polymerase, ist äußerst genau und macht nur etwa einen Fehler pro 100 Millionen Nukleotide (Griffiths et al., 2019).

Trotz dieser hohen Genauigkeit kann es aufgrund der Größe des menschlichen Genoms bei jeder Zellteilung zu Hunderten von neuen Mutationen kommen. Die meisten dieser Fehler werden durch DNA-Reparatursysteme oder durch die Korrekturfunktion der DNA-Polymerase korrigiert, die etwa 99 % der Fehler behebt.





Arten von Fehlern, die von der DNA-Polymerase gemacht werden

Die DNA-Polymerase kann verschiedene Arten von Fehlern machen:

- Fehlpaarungen: Es werden falsche Nukleotide hinzugefügt, wodurch falsche Basenpaare entstehen (z. B. A–C statt A–T).
- Slippage: Das Enzym rutscht entlang des DNA-Strangs vorwärts oder rückwärts und verursacht dadurch Insertionen oder Deletionen von Nukleotiden.

Wenn diese Fehler nicht korrigiert werden, können sie zu dauerhaften Mutationen werden.

Fixierung von Mutationen

Eine Mutation wird fixiert, wenn DNA-Reparaturmechanismen versagen oder den Schaden falsch reparieren. Während der nächsten Runde der DNA-Replikation dient der mutierte Strang als Vorlage, und die Mutation wird in die neue DNA kopiert. Zu diesem Zeitpunkt erkennt die Zelle sie nicht mehr als Fehler (NHGRI, 2023).

Mutationen in somatischen Zellen (Körperzellen) werden nur an Tochterzellen weitergegeben und nicht an die Nachkommen vererbt. Mutationen in Keimzellen (Spermien oder Eizellen) können jedoch an die nächste Generation weitergegeben werden.

Warum unvollständige Reparaturen wichtig sind

Obwohl Mutationen schädlich sein können, würde eine perfekte DNA-Reparatur die Evolution stoppen. Ohne Mutationen gäbe es keine genetische Variation, keine natürliche Selektion und keine Anpassung an sich verändernde Umweltbedingungen. Genetische Variation ist für das Überleben und die Evolution von Populationen im Laufe der Zeit unerlässlich (Griffiths et al., 2019).

Wie viele Mutationen treten auf?

Die Mutationsraten variieren stark zwischen den Organismen:

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."





- Viren haben sehr hohe Mutationsraten, etwa 1 Mutation pro 10.000 Nukleotide pro Infektionszyklus.
- Menschen haben viel niedrigere Mutationsraten, etwa 1 Mutation pro 30–40 Millionen Nukleotide.

Trotz dieser niedrigen Rate geben Menschen aufgrund der Größe des menschlichen Genoms etwa 100–200 neue Mutationen an jedes Kind weiter (Strachan & Read, 2018).

Sind alle Mutationen schädlich?

Die meisten Mutationen sind schädlich oder neutral, da die Proteinsequenzen durch die Evolution stark optimiert wurden. Studien an Fruchtfliegen zeigen, dass etwa 70 % der nicht-synonymen Mutationen – also solche, die Aminosäuren verändern – schädlich sind (Griffiths et al., 2019).

Vorteilhafte Mutationen sind selten, spielen aber eine wichtige Rolle in der Evolution. Ein reales Beispiel ist die Laktosetoleranz beim Menschen. Mutationen, die es Erwachsenen ermöglichen, Milch zu verdauen, wurden vorteilhaft, nachdem Menschen begannen, Rinder zu domestizieren. Ob eine Mutation nützlich ist, hängt jedoch oft von der Umgebung ab. Wenn sich die Bedingungen ändern, kann eine einst vorteilhafte Mutation keinen Vorteil mehr bieten (NHGRI, 2023).

Hollywood vs. Realität

In Filmen und Comics verleihen Mutationen den Figuren oft Superkräfte. In der Realität ist dies nicht möglich. Dramatische Fähigkeiten würden viele komplexe Mutationen erfordern, die gleichzeitig in allen Körperzellen auftreten – und in Keimzellen, um vererbt zu werden. Solche Veränderungen sind biologisch unrealistisch (Alberts et al., 2015).

Die Fähigkeiten von Spider-Man würden beispielsweise koordinierte Veränderungen in Muskeln, Knochen, Nerven und Stoffwechsel im gesamten Körper erfordern – etwas, das durch normale Mutationen nicht möglich ist.

Wann werden Mutationen an Nachkommen weitergegeben?





- Mutationen in den meisten adulten Körperzellen werden nicht vererbt.
- Mutationen in Stammzellen wirken sich nur auf die Zellen aus, die sich aus ihnen entwickeln.
- Nur Mutationen in Keimzellen (Spermien oder Eizellen) können an zukünftige Generationen weitergegeben werden.

2: Umsetzung

Umsetzung des Lehrplans

In dieser Phase wenden die Schüler ihr Wissen über genetische Mutationen in praktischen, AR-gestützten Aktivitäten an, die in Delightex erstellt wurden. Der Schwerpunkt liegt auf der Identifizierung, Kategorisierung und dem Verständnis verschiedener Mutationstypen durch die Interaktion mit visuellen und interaktiven Elementen und nicht nur durch das Lesen von Texten.

Mit Delightex erkunden die Schüler 3D-Modelle von DNA und Chromosomen, beobachten, wie Mutationen genetische Sequenzen beeinflussen, und simulieren Veränderungen, die durch Replikationsfehler und Umweltfaktoren verursacht werden. Diese Aktivitäten helfen den Lernenden, theoretisches Wissen aus der Erkundungsphase mit praktischen visuellen Darstellungen zu verbinden.





Interaktive Übungen

- ### 1. Visualisierung der DNA-Replikation und von Fehlern

Die Schüler interagieren mit einem 3D-DNA-Modell in Delightex, das den DNA-Replikationsprozess zeigt. An bestimmten Stellen hebt das Modell mögliche Replikationsfehler wie Fehlpaarungen oder Verschiebungen hervor. Die Schüler werden gebeten, zu identifizieren, welche Art von Mutation aus jedem Fehler resultieren könnte, und deren mögliche Auswirkungen zu erklären.
- ### 2. Simulation von Umweltfaktoren

Anhand interaktiver Szenen beobachten die Schüler, wie Umweltfaktoren wie UV-Strahlung oder Chemikalien die DNA schädigen können. Durch die Aktivierung verschiedener AR-Elemente sehen die Lernenden, wie diese Faktoren die Wahrscheinlichkeit von Punktmutationen oder größeren DNA-Veränderungen erhöhen. Dies hilft ihnen, den Zusammenhang zwischen Umwelt und genetischen Veränderungen zu verstehen.
- ### 3. Modellierung von Chromosomenumlagerungen

Mithilfe von Delightex-Objekten und -Szenen untersuchen die Schüler Insertionen, Deletionen, Duplikationen, Inversionen und Translokationen. Chromosomensegmente können verschoben, gedreht oder entfernt werden, um jede Mutationsart visuell zu veranschaulichen. Anschließend diskutieren die Schüler, wie sich diese strukturellen Veränderungen auf die Genfunktion und die Gesundheit des Organismus auswirken könnten.
- ### 4. Quiz zur Identifizierung von Mutationen

Die Schüler absolvieren ein AR-basiertes Quiz in Delightex, in dem sie Mutationstypen anhand kurzer Beschreibungen, Diagramme oder animierter Sequenzen klassifizieren. Dies festigt auf interaktive Weise das Verständnis der Terminologie und der Konzepte.

Feedback-Erfassung

Das Feedback ist direkt in die Delightex-Aktivitäten integriert.





- Nach jeder interaktiven Aufgabe oder Quizfrage erhalten die Schüler sofortiges Feedback, ob ihre Antwort richtig oder falsch ist.
- Kurze Erläuterungen verdeutlichen, warum ein bestimmter Mutationstyp richtig ist und welche biologischen Auswirkungen er haben kann.
- Lehrkräfte können die Quiz-Ergebnisse und die Interaktionen der Schüler innerhalb von Delightex nutzen, um Fehlvorstellungen zu erkennen und den Unterricht entsprechend anzupassen.

Durch diese AR-basierten Aktivitäten setzen sich die Schüler aktiv mit Mutationskonzepten auseinander, stärken ihre analytischen Fähigkeiten und entwickeln ein tieferes Verständnis dafür, wie genetische Veränderungen auftreten und warum sie wichtig sind.

3: Verbessern

Die in Delightex erstellten Augmented-Reality-Aktivitäten (AR) verbessern den Lernprozess erheblich, indem sie abstrakte genetische Konzepte in klare, interaktive und visuelle Erfahrungen umwandeln. Durch das Eintauchen der Schüler in Simulationen der DNA-Struktur und Mutationsprozesse unterstützt AR ein tieferes Verständnis und die aktive Erforschung der Entstehung und Auswirkungen von Mutationen auf Organismen.





Vertiefung des Verständnisses

Mit Delightex interagieren die Schüler mit 3D-Modellen von DNA-Strängen und Chromosomen und können so beobachten, wie Replikationsfehler, Insertionen, Deletionen und chromosomale Umlagerungen die genetische Information verändern. Die Visualisierung dieser Prozesse hilft den Lernenden, Ursache-Wirkungs-Zusammenhänge in der Genetik zu verstehen, beispielsweise wie eine einzige Nukleotidänderung die Proteinfunktion verändern oder die Genregulation stören kann (Alberts et al., 2015; Griffiths et al., 2019).

Im Gegensatz zu statischen Bildern in Lehrbüchern können AR-Modelle gedreht, vergrößert und manipuliert werden, was das räumliche Denken und das langfristige Behalten komplexer biologischer Prozesse unterstützt.

Zugänglichkeit komplexer Konzepte

Mutationsarten wie Frameshift-Mutationen, Chromosomeninversionen oder Translokationen sind allein anhand von Diagrammen oft schwer zu verstehen. In Delightex können die Schüler diese Mutationen Schritt für Schritt erkunden und visuell verfolgen, wie DNA-Segmente hinzugefügt, entfernt, dupliziert oder umgedreht werden. Dieser interaktive Ansatz schließt die Lücke zwischen abstrakter Genetiktheorie und konkretem Verständnis und macht anspruchsvolle Konzepte für verschiedene Lernende zugänglicher (Strachan & Read, 2018).

Steigerung des Engagements durch Gamification

Delightex ermöglicht die Integration von spielerischen Lernelementen, die die Motivation und das nachhaltige Engagement steigern:

- Die Schüler verdienen Punkte oder Abzeichen, wenn sie Mutationstypen richtig identifizieren oder deren Auswirkungen erklären.
- Durch progressive Herausforderungen können die Lernenden von einfachen Punktmutationen zu komplexen chromosomalen Umlagerungen übergehen.
- Optionale Gruppenaufgaben fördern die Diskussion unter Gleichaltrigen und die gemeinsame Problemlösung.





Diese Elemente fördern die aktive Teilnahme und ermutigen die Schüler, Verantwortung für ihren Lernprozess zu übernehmen.

Verbindungen zu realen Anwendungen herstellen

AR-basierte Simulationen in Delightex helfen den Schülern, Mutationskonzepte mit realen biologischen und medizinischen Zusammenhängen zu verknüpfen. Beispielsweise können die Lernenden untersuchen, wie Mutationen zu genetischen Krankheiten, Antibiotikaresistenzen oder evolutionären Anpassungen beitragen. Durch die Visualisierung dieser Zusammenhänge verstehen die Schüler besser, warum Mutationen über den Unterricht hinaus von Bedeutung sind und wie genetische Variationen das Leben auf der Erde prägen (National Human Genome Research Institute, 2023).

Auswirkungen auf die Bildung

Durch die Integration von AR über Delightex in der Enhance-Phase gehen die Schüler über das Auswendiglernen hinaus und gelangen zu konzeptionellem Verständnis, kritischem Denken und Reflexion. Die immersive AR-Umgebung unterstützt verschiedene Lernstile, stärkt die wissenschaftliche Kompetenz und fördert die Neugierde für Genetik, Evolution und Biotechnologie. Dieser Ansatz legt eine solide Grundlage für das weitere Studium der Biologie und hilft den Schülern gleichzeitig, die Vorteile und Risiken genetischer Veränderungen kritisch zu bewerten.





Fazit

Diese Trainingseinheit vermittelte den Lernenden ein klares und strukturiertes Verständnis von genetischen Mutationen, einschließlich ihrer Ursachen, Arten und biologischen Bedeutung. Die Schüler untersuchten, wie Mutationen durch Fehler bei der DNA-Replikation und durch Umweltfaktoren entstehen und wie diese Veränderungen schädliche, neutrale oder positive Auswirkungen auf Organismen haben können. Durch die Verknüpfung wissenschaftlicher Erklärungen mit bekannten Beispielen aus der Populärkultur, wie z. B. „Superkräften“, half die Einheit den Lernenden, kritisch zwischen Hollywood-Fiktion und biologischer Realität zu unterscheiden.

Die Integration von Augmented-Reality-Aktivitäten (AR) in Delightex spielte eine wichtige Rolle für das Verständnis. Durch interaktive 3D-Modelle und Simulationen konnten die Schüler DNA-Strukturen, Mutationsprozesse und Chromosomenumlagerungen visualisieren, die allein durch Text schwer zu verstehen sind. Diese AR-basierten Erfahrungen machten abstrakte genetische Mechanismen greifbar und unterstützten ein tieferes konzeptionelles Lernen.

In den Phasen „Erkunden“, „Ausführen“ und „Verbessern“ entwickelten die Lernenden nicht nur biologisches Wissen, sondern auch analytische, reflektierende und kreative Fähigkeiten. Sie übten, Mutationstypen zu identifizieren, ihre Auswirkungen zu analysieren und genetische Variationen mit realen Kontexten wie Krankheiten, Evolution und Biotechnologie in Verbindung zu bringen. Gamifizierte Elemente und kollaborative Aufgaben steigerten das Engagement und die Motivation, während Reflexionsaktivitäten die Schüler dazu anregten, über die weiterreichenden Auswirkungen von Mutationen nachzudenken.





Insgesamt gelang es dieser Einheit, die ursprünglichen Lernziele mit sinnvollen Lernergebnissen zu verbinden. Durch die Kombination von wissenschaftlicher Genauigkeit, AR-gestützter Erforschung und bioinspiriertem Denken fördert die Einheit die anhaltende Neugier und bietet eine solide Grundlage für das weitere Studium der Genetik, Medizin und Biowissenschaften.





Phase	Beschreibung
Erkunden	- Forschung und Entdeckung: Die Schüler untersuchen wichtige Mutationstypen (Punktmutationen, Insertionen, Deletionen, Duplikationen, Inversionen und Translokationen). Sie erforschen die Ursachen von Mutationen, darunter Fehler bei der DNA-Replikation und Umwelteinflüsse wie Strahlung und Chemikalien.
	- Inhaltsentwicklung: Die Lernenden arbeiten mit angepassten wissenschaftlichen Texten, Diagrammen und visuellen Materialien, die Mutationen, genetische Krankheiten, DNA-Reparaturmechanismen und die Rolle von Mutationen in der Evolution erklären. Es werden visuelle und AR-fähige Inhalte vorgestellt, um die Schüler auf die interaktive Erkundung in Delightex vorzubereiten.
	- Bedarfsanalyse: Die Lehrkräfte beurteilen die Vorkenntnisse durch kurze Diskussionen oder diagnostische Fragen. Der Lernbedarf und falsche Vorstellungen werden ermittelt, um die Erklärungen und AR-Aufgaben für ein besseres Verständnis anzupassen.
Durchführung	- Umsetzung des Lehrplans: Die Schüler nehmen an praktischen Unterrichtseinheiten mit Delightex teil, um 3D-DNA- und Chromosomenmodelle zu erkunden. AR-Szenen simulieren Mutationsprozesse wie Replikationsfehler, Frameshift-Mutationen und chromosomale Umlagerungen.
	- Interaktive Übungen: Die Lernenden beobachten, wie Mutationen entstehen und sich auf Gene auswirken, indem sie mit AR-Modellen interagieren. Sie klassifizieren Mutationstypen, analysieren ihre biologischen Auswirkungen und erklären die Ergebnisse anhand visueller Belege aus der AR-Umgebung.
	- Feedback-Erfassung: Eingebettete AR-Quizzes und interaktive Checkpoints liefern sofortiges Feedback. Von Lehrern geleitete Diskussionen und kurze Reflexionen helfen, das Verständnis zu festigen und Fehler zu beheben.
Verbessern	- AR-Integration: Delightex wird verwendet, um immersive Umgebungen zu schaffen, in denen die Schüler selbstständig DNA- und Chromosomenmodelle manipulieren können. Die Lernenden wiederholen komplexe Konzepte durch selbstbestimmtes Erkunden in AR, wodurch sie ihr Wissen festigen und ihr Selbstvertrauen stärken.
	- Interaktives Lernen: Die Schüler nehmen an dynamischen Simulationen teil, die die Folgen von Mutationen und DNA-Reparaturprozesse zeigen. Reflexionsaufgaben regen die Lernenden dazu an, Mutationsmechanismen mit realen biologischen und medizinischen Kontexten in Verbindung zu bringen.
	Gamifizierte Inhalte: - Punkte und Abzeichen: Werden für die korrekte Identifizierung von Mutationstypen und die Erklärung ihrer Auswirkungen vergeben. Quests und Levels: Die Schüler arbeiten sich von einfachen Mutationen zu komplexen Chromosomenveränderungen vor. Kollaborative spielerische Aufgaben: Kleine Gruppen arbeiten zusammen, um Mutationsszenarien zu analysieren und ihre Ergebnisse zu präsentieren.
	AR-basierte Bewertungen: AR-Quizzes und visuelle Erklärungen werden verwendet, um das Verständnis in Echtzeit zu bewerten. Die Ergebnisse helfen Lehrern, Wissenslücken zu identifizieren und personalisiertes Feedback zu geben.





Referenzen

Alberts, B., Johnson, A., Lewis, J., Morgan, D., Raff, M., Roberts, K. & Walter, P. (2015). *Molekularbiologie der Zelle* (6. Auflage). Garland Science.

Griffiths, A. J. F., Wessler, S. R., Carroll, S. B., & Doebley, J. (2019). *Einführung in die Genanalyse* (12. Auflage). W. H. Freeman and Company.

Strachan, T. und Read, A. (2018). *Molekulargenetik des Menschen* (5. Auflage). Garland Science.

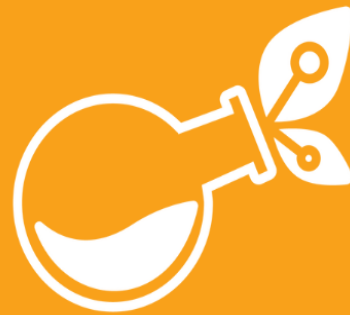
National Human Genome Research Institute. (2023). *Mutation*.
<https://www.genome.gov/genetics-glossary/Mutation>

Universität Tartu. (2024). *Kursmaterialien zur Molekularbiologie*. Moodle-Lernplattform. <https://moodle.ut.ee>
(Verfügbar für eingeschriebene Studierende)





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.