



UNIVERSITÄT
BAYREUTH



Seminar

Multimediale Fähigkeiten und Fertigkeiten für den Naturwissenschaftlichen Unterricht

09 Datenbanken

Inhalt

8	Datenbanken	3
8.1	Datenbanken im WWW	3
8.2	Übungen.....	5
8.2.1	Übung 1: Protein-Datenbank.....	5
8.2.2	Übung 2: Kopplung von Gen- und Protein-Datenbank.....	7
8.2.3	Übung 3: Unterrichtsvorschläge zur Bioinformatik im Internet (vgl. [3])	8
8.2.4	Übung 4: Die Enzymdatenbank BRENDA.	9
8.2.5	Übung 5: Die Stoffwechseldatenbank KEGG.....	10
8.2.6	Übung 6: Die Pflanzendatenbank Floraweb.....	10
8.2.7	Übung 7: Datenbank zu Klimahüllen der Bayerischen Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft	10
8.3	Leistungen X(DB)	11
8.3.1	Anforderungen	11
8.3.2	Mögliche Aufgaben	11

8 Datenbanken

Ziel der Lehrinheit ist es, Sie in die Lage zu versetzen, Datenbank-Inhalte im WWW für Unterrichtszwecke zu bewerten und zu nutzen.

Hinweis: Wenn Laien von „Internet“ sprechen, meinen Sie meistens nur den Internet-Dienst World Wide Web (WWW).

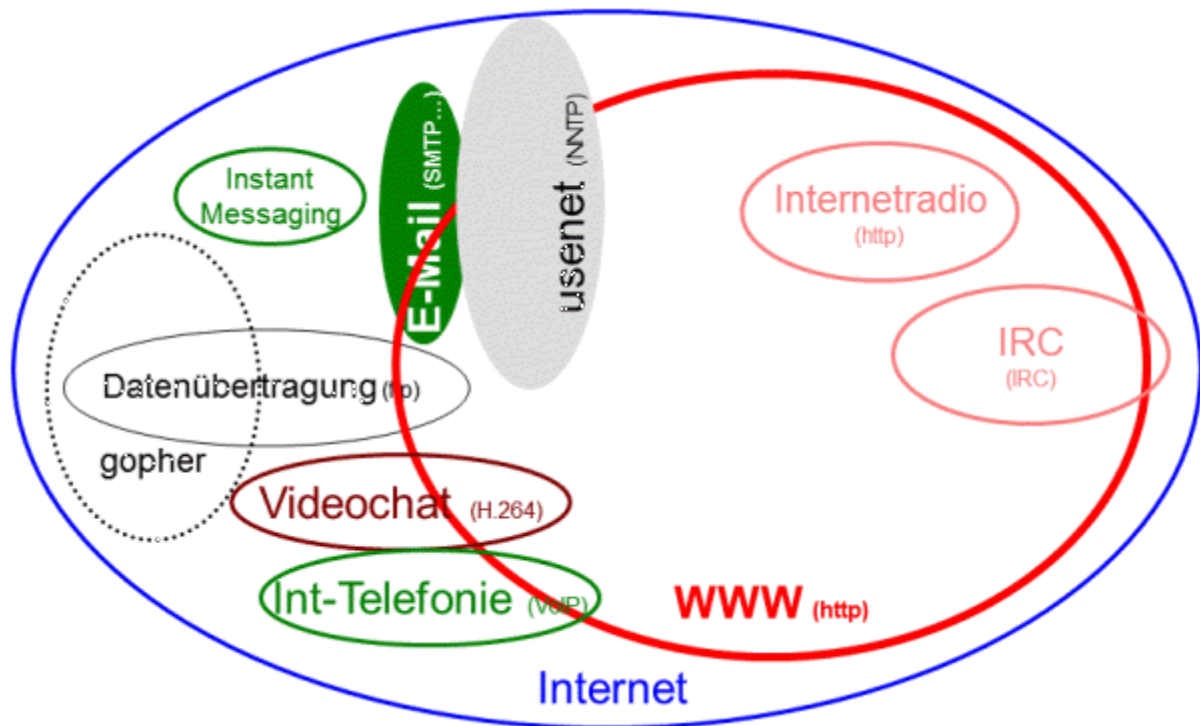


Abb. 1: Dienste im Internet

8.1 Datenbanken im WWW

Bioinformatik: Wissenschaft zur Entwicklung und zum Einsatz von „computerbasierte[n] Algorithmen und mathematische[n] Methoden zur Verarbeitung und Analyse (...) biologischer Daten“ [1, S. 10].

Arten von (schulrelevanten) Datenbanken:

- Protein-,
- Gen-,
- RNA-,
- Organismen-,
- Chemikalien-Datenbanken,
- ...

Bioinformatik ist entscheidend für die Bereitstellung von Grundlagen im Hinblick auf die Analyse biologischer, biochemischer oder chemischer Datenbanken sowie auf den Vergleich solcher Daten.

Didaktische Bedeutung: Der Einsatz von biologischen Datenbanken im Unterricht kann alle Kompetenzbereiche der Bildungsstandards fördern. Daher sollte die Schule den Lernenden den Zugang zu diesen Datenbanken ermöglichen.

Beispiele:

1. Kompetenzbereich **Fachwissen**: Bedeutung von Bio-Daten in der Omics-Ära der Biologie mit Bezug zum Basiskonzept Entwicklung (Biologie [5]);
2. Kompetenzbereich **Erkenntnisgewinnung**:
 - Zugang zu Datenbanken, Abbau von „Scheu“ vor Datenmengen,
 - Arbeit mit Original-Daten aus der Forschung: Förderung der Motivation,
 - Vergleich von Sequenzen: z.B. Zuordnung eines Proteins zu einer Protein-Familie;
3. Kompetenzbereich **Kommunikation**: Visualisierung von Recherche-Ergebnissen;
4. Kompetenzbereich **Bewertung**: Bewusstsein für die Bedeutung von „open access“ im Internet zu den Daten in der Forschung (vgl. z. B. [2]).

Unterrichtliche Vorteile:

1. Daten und Anwendungen kostenlos;
2. nur Computer mit Netz-Zugang, Browser und u.U. Moleküldarstellungsprogramm notwendig;
3. i.d.R. keine zusätzliche Software notwendig.

Mögliche Aufgaben (vgl. [4]):

1. Aufgaben zu Protein-Datenbanken, z.B.
 - Vergleich von zwei Aminosäure-Sequenzen,
 - Suche nach der vollständigen Aminosäure-Sequenz des Proteins.
2. Aufgaben zu DNA-Datenbanken, z.B.
 - Vergleich von DNA-Sequenzen: Berechnung der prozentualen Unterschiede und Erstellen eines theoretischen Stammbaums;
 - Unbekannte DNA-Sequenz suchen und mit Referenz-Sequenz vergleichen.
3. Aufgaben zu Gen-Datenbanken, z.B.
 - Suche nach einem Gen (Funktion und vollständige Nukleotid-Sequenz),
 - Sequenz-Analyse im Internet,
 - Ermittlung der Sequenzen anhand einer Datenbank.
4. Aufgaben zu Protein- und DNA-Datenbanken, z.B.
 - Übersetzen von DNA-Sequenzen in Protein-Sequenzen,
 - Eingabe einer Nukleotid-Sequenz und Suche nach evtl. zugehörigen Proteinen (Voraussetzung: zu suchende Sequenz ist schon gegeben).

Mögliche Probleme:

Alle internationalen Datenbanken sind englischsprachig. Mögliche Änderungen in der Struktur von Datenbanken werden oft nicht in Unterrichtsvorschläge übernommen, die sich auf diese Datenbanken beziehen.

8.2 Übungen

8.2.1 Übung 1: Protein-Datenbank

Bsp.: menschliches Insulin

1. Öffnen Sie im Browser die Proteopedia-Hauptseite: <http://proteopedia.org/wiki/index.php> und geben Sie in die Suchmaske (search in der Navigations-Leiste links) Insulin ein; klicken Sie anschließend auf **Go**.
2. Scrollen Sie nach unten zum Abschnitt **Structure** und stoppen Sie durch Klicken auf **+/-spin** die Rotation des 3D-Moleküls.
3. **Testen Sie** einen Linksklick in das Molekül-Bild mit gedrückter SHIFT-Taste und gleichzeitiges (!) Ziehen mit der linken Maustaste.
4. Durch einen Rechtsklick in das Molekül-Bild (JSmol) können Sie die möglichen Veränderungen des Insulin-Molekül überprüfen: **Testen Sie** die verschiedenen Möglichkeiten z.B. unter **Stil**, **Farbe** und **Oberflächen**.
5. Drehen Sie das Molekül so, dass Sie möglichst gut zwischen den beiden Ketten hindurchschauen können. Suchen Sie die Disulfid-Brücken.
6. Geben Sie nun in die Suchmaske links (nach oben scrollen) den pdb-Code für Insulin ein *3i40* (**Go**). Klicken Sie ggf. auf **Load full** und stoppen Sie anschließend wieder die Rotation.
7. Scrollen Sie ggf. im mittleren Fenster nach unten zum Abschnitt **Evolutionary Conservation** und setzen Sie das Häkchen **Check**. Für das Molekül wird eine andere Darstellung berechnet. **Untersuchen Sie**, welche AS sich wie häufig evolutionär verändern, indem Sie die Mouseover-Funktion einsetzen. Identifizieren Sie z. B. zwei Aminosäuren, die stark konserviert sind.
8. Scrollen Sie ggf. wieder nach oben und wechseln Sie über den Link **OCA** unter **Resources** in die Datenbank des Weizmann-Instituts (Israel).
9. Zur weiteren Verwendung, z. B. Anzeige mit einem Molekül-Viewer im Unterricht, können Sie unter **Data retrieval/Save to disk** eine pdb-Datei abspeichern.
10. **Stellen Sie** über den Link **Contacts of Structural units** **fest**, wie viele Aminosäuren in α -helikalen Strukturen enthalten sind. Schließen Sie danach das Fenster.
11. **Identifizieren Sie** die Primär-Sequenzen der beiden Ketten A und B über die entsprechenden Links unter **Sequence-derived information** (z. B. *3i40_A*, nach unten scrollen). Sichern Sie sich diese zur Verwendung im Unterricht durch copy/paste in ein Text-Dokument. Schließen Sie danach das Fenster.
12. Wechseln Sie über den Link [P01308](#) in die **UniProtKB/Swiss-Prot-Datenbank**. Finden Sie heraus, welches „Insulin“ mit 110 AS hier dargestellt wird. Klicken Sie links auf **Feature Viewer** und öffnen Sie dann **Molecule processing**. Klären Sie die einzelnen Molekül-Abschnitte über entsprechende Klicks auf die Balken. **Informieren Sie sich** über die Begriffe „signal peptide“ und „propeptide“ im Web.
13. **Stellen Sie** den genauen Ort der drei Disulfid-Bindungen **fest** (link **PTM**). **Notieren Sie** dies auch im Text-Dokument.
14. **Bestimmen Sie**, wo helicale und wo β -Faltblatt-Bereich sind (vgl. Link **Structural features**).
15. Wechseln Sie auf **Feature Table**. **Bewerten** Sie die beiden Darstellungsvarianten **Viewer** und **Table** im Hinblick auf den Einsatz im Unterricht.

16. Wechseln Sie zurück zu **Entry** und scrollen Sie nach unten zu **Sequences (2+)**, klicken Sie auf **Align**, um die beiden Iso-Formen zu vergleichen. Speichern Sie abschließend die beiden Sequenzen der Primär-Strukturen per Screenshot ab.
17. Gehen Sie zu [IMB Jena Image Library of Biological Macromolecules](#) und geben Sie oben rechts 3i40 in die Search-Maske ein. Die Abbildung können Sie zur Verwendung im Unterricht mit Rechtsklick von dieser Seite als gif- bzw. bei Seitenansicht (Klick ins Bild) als png-Bild abspeichern. Vergleichen Sie die Qualität der Formate.

Lösungshinweise: [Übung 1](#)

Kontroll-Fragen:

- Woher beziehen Sie 3D-Dateien für ein gewünschtes Protein?
- Woher beziehen Sie 2D-Bilder für Protein-Strukturen?

8.2.2 Übung 2: Kopplung von Gen- und Protein-Datenbank

Bsp.: menschliche Amylase

1. Öffnen Sie die Startseite der Datenbank Genecards des Weizmann-Instituts (Israel): <http://www.genecards.org>.
2. Geben Sie in die Suchmaske *human amylase* ein. Klicken Sie ggf. auf das **–(minus)**-Symbol der AMY2A. Lassen Sie sich alle Ergebnisse über **Show See all** anzeigen und suchen Sie erneut mit AMY. **Stellen Sie fest**, wie viele menschliche Amylasen-Gene es gibt. **Notieren Sie**, in welchen Organen diese exprimiert werden. Öffnen Sie dazu ggf. das jeweilige **+(plus)**-Symbol.
3. Klicken Sie auf das **+(plus)**-Symbol der Amylase AMY1A. **Untersuchen Sie** die unterschiedlichen Informationen hinter den Links **Summaries** und **Function**. Schließen Sie die Fenster danach jeweils wieder und klicken Sie abschließend auf das **–(minus)**-Symbol von AMY1A.
4. Geben Sie in die Suchmaske AMYP1 für das Amylase-Pseudogen 1 ein und klicken Sie dann auf den Link **AMYP1**.
5. Scrollen Sie zu **Genomics** und halten Sie fest, auf welchem Chromosom das Pseudogen liegt.
6. Scrollen Sie zu **Functions** und stellen Sie über den Link **AMYP1** und dann erneut über **AMYP1** unter *Map* über den Link **AMY@** fest, in welchem Gencluster das Pseudogen liegt. Halten Sie die EC-Nr. fest.
7. Wechseln Sie zur NCBI-Datenbank: siehe Eintrag im Menü oben (oder <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) und wählen Sie im Auswahlfenster links oben aus der Gruppe **All Databases** die Auswahl **Structure**. Geben Sie die EC-Nr. ein und klicken Sie auf **Search**. Filtern Sie Ihre Suche rechts unter **Refine your results**, indem Sie über **Complexes Protein-Protein** die Ergebnisse einschränken. Scrollen Sie nach unten, suchen Sie das menschliche Protein (ggf. auf S. 2 wechseln) und klicken Sie auf den Link in der Überschrift **Crystal Structure Of Human Salivary Alpha-Amylase Dimer [Hydrolase]**. **Stellen Sie fest**, welche Informationen man aus dieser Seite über das Protein entnehmen kann. Auf dieser Seite finden Sie auch die Freeware **Cn3D** zur Darstellung der Protein-Strukturen. **Testen Sie**.
8. Scrollen Sie ggf. nach unten zu **Molecular Components**. Durch Klicken auf **A** können Sie die Aminosäure-Sequenz finden (scrollen Sie ganz nach unten). Sie können die Sequenz markieren und über **Strg+C** und **Einfügen** in Ihre Text-Datei kopieren.
9. Wechseln Sie über das Symbol **NCBI-Button** (ganz oben links) zurück zur Startseite und starten Sie über **Genes & Expression**, dann über **Databases** und **Gene** die Gen-Datenbank Gene. Geben Sie den Gencode AMY1A[sym] AND „Homo sapiens“ ein. Stellen Sie fest, wie viele Klicks Sie von dieser Seite aus benötigen, um die Länge des Gens und die Sequenz festzustellen.

Lösungshinweise: [Übung 2](#)

8.2.3 Übung 3: Unterrichtsvorschläge zur Bioinformatik im Internet (vgl. [3])

1. Öffnen Sie im Browser die Seite <https://extras.springer.com/2011/> und laden Sie die unter dem Link 978-3-8274-2785-4 (rechte Spalte, in der Mitte, <https://extras.springer.com/2011/978-3-8274-2785-4.zip>) verfügbare zip-Datei herunter. Extrahieren Sie die Datei und öffnen Sie im Ordner „15_genetische-Analysen“ die Datei „15.3_genetische-Analysen_Unterrichtsmaterial.pdf“ (auch im eLearning verfügbar).
2. Gehen Sie zu Material 5 (S. VII) und **lösen** Sie die Aufgaben 6 und 7 (S. VII f.). **Recherchieren Sie** dazu die Bedeutung des Ds im Sequenz-Paar 1.
3. Fahren Sie mit Material 6, Teil 1 (S. VIII), fort: Öffnen Sie die NCBI-Startseite <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/> und geben Sie in das **Search**-Fenster (oben) die accession version number YP_003024038.1 für das menschliche, mitochondriale Cytochrom b ein.
4. Klicken Sie auf den Link **FASTA**, kopieren Sie die Aminosäure-Sequenz und speichern Sie diese in Ihrer Word-Datei.
5. Gehen Sie zurück zur Ergebnis-Webseite. Klicken Sie auf **Gene**. Auf der geöffneten Seite finden Sie unter **Primary source** den Link **HGNC:HGNC:7427**. Auf der nächsten Seite finden Sie unter **Gene resources** den Link **ENSG00000198727**, über den Sie die DNA-Sequenz (Link **Sequence links**) erhalten und über **Download sequence** in zwei möglichen Formaten speichern.
6. Die Schritte zur Ermittlung der Aminosäure- und DNA-Sequenzen für ein Protein (z. B. Cytochrom b) für einen der weiteren drei angegebenen Organismen (Schimpanse, Westlicher Flachlandgorilla, Sumatra-Orang-Utan) wiederholen:
 - NP_008198.1: Gemeiner Schimpanse (*Pan troglodytes*; Aminosäure- und DNA-Sequenz unter **Links FASTA** bzw. **Gene -> FASTA**);
 - NP_008224.1: Westlicher Gorilla (*Gorilla gorilla*);
 - NP_007847.1: Sumatra-Orang-Utan (*Pongo abelii*).
7. Gehen Sie weiter und **lösen Sie** dann Aufgabe 8 (S. VIII). Rufen Sie dazu die Website des European Bioinformatics Institute (EBI) auf: <https://www.ebi.ac.uk/Tools/psa/> und wählen Sie unter **Global Alignment, Needle (EMBOSS)** den Button **Protein** auf.
8. Geben Sie nun die zu vergleichenden Sequenzen aus Ihrer Text-Datei (jeweils ohne die Startzeile) ein (z. B. Aminosäuresequenzen für Mensch und Schimpanse) und starten Sie das Tool. Speichern Sie das Ergebnis in Ihrer Text-Datei ab. **Fassen Sie zusammen**, wie viele AS bzw. DNA-Bausteine jeweils identisch bzw. unterschiedlich sind.
9. **Lösen Sie** mit Ihren Ergebnissen die Aufgabe 9 (S. X ff.).
10. Öffnen Sie abschließend in der NCBI-Startseite <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/> über das „Aufklappmenue“ **All Databases** die Datenbank **OMIM** und geben Sie *cytochrome b negative* ein, um eine Erbkrankheit mit fehlendem Cytochrom b zu finden. Öffnen Sie den ersten Link. **Stellen Sie fest**, welche Informationen Sie über diese Datenbank erhalten. Markieren Sie zusätzlich einzelne Fachbegriffe. **Überprüfen Sie** auch andere, Ihnen bekannte menschliche Proteine, die mit Erbkrankheiten verknüpft sind, in dieser Datenbank.

Lösungshinweise [Übung 3](#)

8.2.4 Übung 4: Die Enzymdatenbank BRENDA.

1. Öffnen Sie die Startseite der Datenbank [BRENDA](#).
2. Geben Sie in die Suchmaske *ethanol* ein. Öffnen Sie im Ergebnisfenster den Link **Enzyme Names (Synonyms)** und dort den Link zum ersten Eintrag mit der EC-Nummer 1.1.1.1 .
3. Wählen Sie im Kontext-Menü **Select one or more organisms in this record** (Klicken) *Homo sapiens* aus und klicken Sie dann auf **Submit**.
4. Öffnen Sie links durch Klicken auf das **(+)**-Zeichen das links stehende Kontext-Menü **Enzyme Nomenclature** und klicken Sie dann auf **Systematic Name**. Übernehmen Sie die Informationen in Ihr Lösungsblatt (danach wieder durch Klick auf **(-)** -Zeichen schließen).
5. Öffnen Sie links durch Klicken auf das **(+)**-Zeichen das links stehende Kontext-Menü **Enzyme Ligand Interactions** und klicken Sie dann auf **Natural Substrates**. **Identifizieren Sie** die natürlichen Substrate, die angegeben sind. Übernehmen Sie sie in Ihr Lösungsblatt. Ein Klick auf das Symbol unter **Reaction Diagram** öffnet entsprechende Reaktionsgleichungen (danach wieder durch Klick auf **(-)** -Zeichen schließen).
6. Öffnen Sie links durch Klicken auf das **(+)**-Zeichen das links stehende Kontext-Menü **Functional Parameters** und klicken Sie dann auf **KM Value**. **Notieren Sie** die Zahl der 10er-Potenzen für das Substrat Ethanol. Entsprechende Aussagen lassen sich auch für die **Turnover Number** und die **Specific Activity** angeben. **Diskutieren Sie** mögliche Ursachen für diese Differenzen.
7. Weitere, angegebene Werte sind der pH- und der Temperaturbereich (**pH range** und **Temp. Optimum**). Übertragen Sie die Werte in Ihr Lösungsblatt (danach wieder durch Klick auf **(-)** -Zeichen schließen).
8. Öffnen Sie links durch Klicken auf das **(+)**-Zeichen das links stehende Kontext-Menü **Organism related Information** und klicken Sie dann auf **Source Tissue**. **Identifizieren Sie** nicht-krankheitsbezogenen Organe. Über **Localization** zeigt sich die zelluläre Ebene.
9. Wechseln Sie zur [Uni-Prot](#)-Datenbank und geben Sie in das Suchfeld *EC1.1.1.1* ein (Klick auf Search). Klicken Sie dann auf **Filter by Popular organism/Human**. **Stellen Sie fest**, wie viele Proteine und entsprechende Isoformen angezeigt werden (ev. bei **Columns** Häkchen in **Alternative Products** setzen und dann mit **Back**-Pfeil zurück).

Lösungshinweise: [Übung 4](#)

8.2.5 Übung 5: Die Stoffwechseldatenbank KEGG

1. Öffnen Sie die Datenbank [KEGG](#).
2. Geben Sie in die Suchmaske **Search KEGG for** für die Glykolyse *Glycolysis* ein und klicken Sie auf **Go**.
3. Klicken Sie in der Übersichtsseite links auf **map0010**. Sie erhalten eine schematische Darstellung mit allen Enzymen, die Sie durch Klicken in die Graphik vergrößern können.
4. In dieser Ansicht sind alle dargestellten Stoffe (über die **o**-Symbole), Enzyme (über die EC-Nummer) und benachbarte Stoffwechselwege verlinkt. Testen Sie entsprechende Beispiele.
5. Wiederholen Sie die Analyse für die schulrelevanten Beispiele *Citrat cycle* und *Calvin cycle*. **Vergleichen** Sie die unterschiedlichen Darstellungsformen.

8.2.6 Übung 6: Die Pflanzendatenbank Floraweb

1. Öffnen Sie die Datenbank [Floraweb](#).
2. Öffnen Sie das Register Pflanzenarten und verschaffen Sie sich einen Überblick über die angebotenen Daten.
3. Öffnen Sie den Link Artensteckbriefe (links) und anschließend die Seite Eigenschaftssuche. Wählen Sie drei Eigenschaften aus und überprüfen Sie das Ergebnis Ihrer Suche.
4. Öffnen Sie den Link Neophyten (links) und **beurteilen** Sie die Informationen zu zwei von Ihnen ausgewählten, invasiven Neophyten. **Vergleichen** Sie dann Ihr Ergebnis aus fachdidaktischer Sicht mit den Informationen über den entsprechenden Link zur Datenbank [Neobiota](#) zu Ihrer Art.

8.2.7 Übung 7: Datenbank zu Klimahüllen der Bayerischen Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft

1. Öffnen Sie die Datenbank zu den [Klimahüllen](#) und laden Sie sich das zusammenfassende [Dokument](#) [6] herunter.
2. Verschaffen Sie sich einen Überblick über die Prognosen zum Klimawandel und die angebotenen Daten.
3. Öffnen Sie die Klimahülle für die [Rotbuche](#) (2. Reihe, 4. Hülle) und speichern Sie die Graphik in Ihrem Dokument ab. **Beschreiben** Sie die unterrichtlich möglichen Aussagen des Diagramms.
4. Öffnen Sie die Klimahüllen für die [Fichte](#) und die [Weißtanne](#) (1. Reihe, 2. und 3. Hülle). Speichern Sie auch diese beiden Diagramme und **formulieren** Sie mögliche, unterrichtliche Ziele zu einem Diagrammvergleich.

Quellen:

1. Chalwatzis, N. (2013). Bioinformatik für den Unterricht. MINTZirkel, Jan./Febr. 2013, 10-11.
2. Bickel, S. (2005). Arbeitsmaterialien und Unterrichtsverlauf.
<http://www.lehrer-online.de/463234.php?sid=38990722289341774836872487249350>, (17.5.2013).
3. Fenner, A., & Wünschiers, R. (2011). 15.3 Unterrichtsmaterialien. Online-Zusatzangebot zu Dreesmann, D., Graf, D., & Witte, K. (2011) Evolutionsbiologie – Moderne Themen für den Unterricht. Heidelberg: Spektrum Akademischer Verlag. <https://extras.springer.com/2011/> , <https://extras.springer.com/2011/978-3-8274-2785-4.zip> (online 11.05.2021).
4. Kolb, K. (2014). Unterrichtliche Ansätze zum Thema Bioinformatik am Gymnasium: Recherche, Kategorisierung und Optimierung für mögliche Umsetzungen. Masterarbeit Fachdidaktik Biologie. Unveröffentlichtes Manuskript, Universität Bayreuth.
5. http://www.kmk.org/fileadmin/veroeffentlichungen_beschluesse/2004/2004_12_16-Bildungsstandards-Biologie.pdf, 11.05.2021
6. Kölling, C. (2007). Klimahüllen für 27 Waldbaumarten. AFZ-Der Wald, 23, 1242-145 (online: <http://www.lwf.bayern.de/mam/cms04/boden-klima/dateien/afz-klimahuel-len-fuer-27-baumarten.pdf>, 11.05.2021).

8.3 Leistungen X(DB)

8.3.1 Anforderungen

Fähigkeit, ein Arbeitsblatt zur Nutzung von mindestens zwei verschiedenen Datenbanken oder Teildatenbanken einer sehr umfangreichen Datenbank zu erstellen. Dabei sollen mindestens zwei verschiedene, biologisch wichtige Stoffklassen in die Datenbank-Analyse mit einbezogen sein. Zusätzlich soll ein Vorschlag für eine Problemorientierung einer Unterrichtseinheit mit einer solchen Analyse gemacht werden.

8.3.2 Mögliche Aufgaben

1. Erstellen Sie ein Arbeitsblatt als Text-Dokument für eine ca. 30 min dauernde Datenbank-Analyse, in der die Schüler eine übergeordnete Fragestellung (1 Lehrziel) oder mindestens zwei Einzelfragen (2 Lehrziele bzw. Grobziel mit 2 Teilzielen) bearbeiten müssen, zu deren Beantwortung mindesten zwei Datenbanken oder zwei Teildatenbanken einer umfangreichen Datenbank analysiert werden müssen (die stofflichen Beispiele aus den Übungen sind ausgeschlossen, nicht aber die Datenbanken oder die Stoffklassen selbst). Dabei müssen mindesten zwei verschiedene, biologisch wichtige Stoffklassen in die Analyse mit einbezogen werden.
2. Erstellen Sie in einer zweiten Word-Datei einen entsprechenden Erwartungshorizont (= Musterlösung), in der Sie auch die schrittweise Arbeit der Lernenden über entsprechende Screenshots dokumentieren.
3. Schlagen Sie einem dritten Text-Dokument einen Einstieg (problemorientiert) in eine solche Analyse-Einheit vor. Dokumentieren Sie dabei entsprechende Unterrichtsmittel (Medien, Experimente etc., evtl. als Anhang).

Abgabe-Form: 3 Text-Dokumente.