

Methodisch-didaktische Hinweise

Resistenz gegen HIV

HIV und AIDS sind Themen, die im Allgemeinen im Themenkomplex Gesundheits- und Sexualerziehung der Sekundarstufe I unterrichtet werden. Schwerpunkt der Unterrichtsreihe ist zumeist die Immunologie. Die vorliegende Aufgabe baut auf immunologischen Kenntnissen (Infektion und Vermehrungszyklus von HIV) sowie Grundlagenwissen der Genetik (Gene, DNA, genetischer Code, Proteinbiosynthese etc.) auf und ist daher insbesondere für die Oberstufe geeignet. Die Themen sind in einen evolutionsbiologischen Kontext mit einer authentischen Problemstellung eingebettet. Anhand der Aufgabe sollen insbesondere Mechanismen der Evolution (Mutation, Variation und Selektion) verdeutlicht als auch Einblicke in wissenschaftliche Arbeits- und Erkenntnisweisen (Vergleich, Aufstellen und Überprüfen von Hypothesen) gegeben werden.

Zudem fördert die Aufgabe das wissenschaftspropädeutische Arbeiten, da Schülerinnen und Schüler beim Lösen der Aufgabe die Erkenntnisprozesse der Wissenschaftler, die dieses Phänomen (Resistenz gegen HIV) untersucht haben, nachvollziehen können. Diese Aufgabe kann sowohl im Rahmen der Genetik als auch im Rahmen Evolution eingesetzt werden. Ein direkter evolutionsbiologischer Bezug ergibt sich in Kombination mit der Aufgabe „Das Resistenz-Allel CCR5 Δ 32 – Selektion durch die HIV-Pandemie?“.

Die Aufgabe „Resistenz gegen HIV“ wird in zwei Varianten angeboten, einer Papier- und Bleistift-Aufgabe und einer computerbasierten Version der Aufgabe. Dabei richtet sich die Wahl der Variante nach der technischen Ausstattung der Schule, insbesondere bezüglich der Verfügbarkeit von Computern.

Resistenz gegen HIV („Papier und Bleistift“-Aufgabe ohne Computer-Einsatz)

In der „Papier und Bleistift“-Aufgabe führen die Schülerinnen und Schüler per Hand einen Sequenzvergleich durch, identifizieren die Mutation, stellen Hypothesen über deren Auswirkung auf und überprüfen diese durch Translation der Sequenzen.

In Aufgabe 1a (Material 1) werden Originalsequenzen des CCR5-Gens aus der GenDatenbank des NCBI (GenBank®: www.ncbi.nlm.nih.gov) präsentiert, die jeweils ca. 1000 Nukleotide umfassen. Start- und Stopp-Codon sind jeweils farbig hervorgehoben, um die Vollständigkeit der Sequenzen anzudeuten. Aufgrund des zeitaufwändigen Nukleotidvergleichs ist der „Arbeitsbereich“ auf einen Abschnitt von 191 Nukleotiden eingeschränkt, der auch die Mutation enthält. Für eine bessere Lesbarkeit ist dieser Bereich farbig hervorgehoben und der Zeichenabstand vergrößert. Um einen erfolgreichen Ablauf der Sequenzanalyse zu gewährleisten ist es wichtig, die Schüler darauf hin zu weisen, die Arbeitsanweisungen in Aufgabe 1a exakt zu befolgen. Der Vergleich beginnt bei dem ersten Nukleotid des markierten „Arbeitsbereiches“ (vorwärts). Eine Veränderung bzw. ein Unterschied in den Sequenzen wird an der exakten Stelle (in diesem Fall an dem betreffenden Nukleotid) in beiden Sequenzen markiert und danach wird der Vergleich vom Ende des „Arbeitsbereiches“ aus rückwärts fortgesetzt und es werden ebenfalls Unterschiede markiert (Hinweis: zusätzlich zur Identifikation der Deletion wird im weiteren Verlauf auch eine Punktmutation zu finden sein).

Evolution im Zeitraffer – Resistenz gegen HIV (Methodisch-didaktische Hinweise)

Bei Aufgabe 1b bietet es sich an, die verschiedenen Formen von Mutationen zu thematisieren bzw. zu wiederholen – Deletion, Insertion und Substitution – und deren Auswirkungen auf die Genexpression zu besprechen.

Aufgabe 3 beschäftigt sich mit Material 2, das die gleichen Sequenzen wie Material 1 zeigt und somit einen entsprechenden „Arbeitsbereich“ aufweist. Da es in dieser Aufgabe um die Translation der Sequenz in Aminosäuren geht, ist der Arbeitsbereich bereits in Triplets unterteilt (inklusive der Linien zur Benennung der Aminosäuren). Der zwar farblich markierte aber nicht unterteilte „Nachlauf“ im Arbeitsbereich ergibt sich aus der Notwendigkeit, die Sequenzen gleich erscheinen zu lassen und voreiligen Rückschlüssen der Schüler auf die Veränderungen der Sequenz vorzubeugen. Da es sich bei den vorliegenden Sequenzen um die codierenden DNA-Stränge in 5'-3'-Richtung handelt, entsprechen sie der Sequenz der mRNA (bis auf den Austausch von Thymin und Uracil), so dass die Codesonne ohne weiteres direkt zur Translation genutzt werden kann.

Die Zusatzaufgabe behandelt die Variabilität des CCR5-Gens und thematisiert zusätzlich die Vererbung der verschiedenen Allele und ihre Auswirkungen.

Möglicher Stundenverlauf (ca. 90 Minuten):

- Einführungstext – Klärung des Sachverhalts
- Aufgaben 1-3 (in Partnerarbeit), Besprechung im Plenum
- Aufgabe 4, Besprechung im Plenum

Resistenz gegen HIV (mit Computer-Einsatz)

Alternativ oder ergänzend kann die computergestützte Version dieser Aufgabe anhand eines wissenschaftlichen Programms (GeneDoc) durchgeführt werden. Dieses Programm ist als Freeware (www.nrbsc.org/gfx/genedoc/) erhältlich und leicht zu bedienen. Sequenzen können ebenfalls selbst im Internet recherchiert werden (GenBank®, www.ncbi.nlm.nih.gov) – die Recherche kann von der Lehrkraft vorbereitet werden, oder von den Schülerinnen und Schülern selbst im Unterricht nach Anleitung durchgeführt werden.

Anleitungen zu beiden Anwendungen finden Sie im Anhang an die Aufgabenstellung (verkürzte Schülerversion) bzw. im Informationsmaterial „Resistenz gegen HIV – Recherche und Analyse molekularer Daten“ (ausführlichere Version) sowie jeweils auf den o.g. Webseiten.

Möglicher Stundenverlauf (ca. 90 Minuten):

- Einführungstext – Klärung des Sachverhalts
- (Online-Recherche der Sequenzen zur Erstellung eines Datensatzes durch die Schülerinnen und Schüler)
- Aufgabe 1 (Sequenzanalyse) am Computer, Besprechung im Plenum
- Aufgabe 2, Besprechung im Plenum
- Aufgaben 3 (Translation) am Computer, Besprechung im Plenum
- (Online-Recherche der Sequenzen zur Ergänzung des Datensatzes durch die Schülerinnen und Schüler)
- Aufgabe 4, Besprechung im Plenum

Die Aufgabe erfüllt in vielerlei Hinsicht die KMK-Bildungsstandards im Fach Biologie für den mittleren Schulabschluss:

Kompetenzbereich Fachwissen:

Bereits erworbene Kenntnisse wie z.B. zum Aufbau von RNA/DNA, dem genetischen Code oder der Proteinbiosynthese werden in einem authentischen Kontext zur Anwendung gebracht (siehe z.B. F1.4, F2.6, F3.6, F3.7).

Kompetenzbereich Erkenntnisgewinn:

Anhand einer wissenschaftlichen Fragestellung erfolgt hypothesengeleitetes Arbeiten mit Hilfe wissenschaftlicher Arbeitstechniken (Überprüfung von Hypothesen, Vergleichen, Recherche, Anwendung von Computerprogrammen zur Sequenzanalyse) (siehe z.B. E5, E7).

Kompetenzbereich Kommunikation:

Insbesondere durch den Einsatz der computergestützten Aufgabenvariante können Schülerinnen und Schüler praktische Methoden und Verfahren der Erkenntnisgewinnung selbstständig als Informationsquellen nutzen (siehe z.B. K4, K6). Sie können dann evidenzbasiert (anhand des Sequenzvergleichs) argumentieren, warum manche Menschen trotz des Kontakts mit HIV nicht infiziert wurden.