

JuniorAkademie Adelsheim

22. SCIENCE ACADEMY BADEN-WÜRTTEMBERG 2025



Genetik



Klimaphysik/Informatik



Mikrogravitation



Pharmazie



Philosophie/Theater



Physik

Regierungspräsidium Karlsruhe Abteilung 7 – Schule und Bildung

**Dokumentation der
JuniorAkademie Adelsheim 2025**

**22. Science Academy
Baden-Württemberg**

Veranstalter der JuniorAkademie Adelsheim:

Regierungspräsidium Karlsruhe
Abteilung 7 –Schule und Bildung–
Hebelstr. 2

76133 Karlsruhe

Tel.: (0721) 926 4245

Fax.: (0721) 933 40270

www.scienceacademy.de

E-Mail: joerg.richter@scienceacademy.de

birgit.schillinger@scienceacademy.de

rico.lippold@scienceacademy.de

Die in dieser Dokumentation enthaltenen Texte wurden von der Kurs- und Akademieleitung sowie den Teilnehmerinnen und Teilnehmern der 22. JuniorAkademie Adelsheim 2025 erstellt. Anschließend wurde das Dokument mithilfe von L^AT_EX gesetzt.

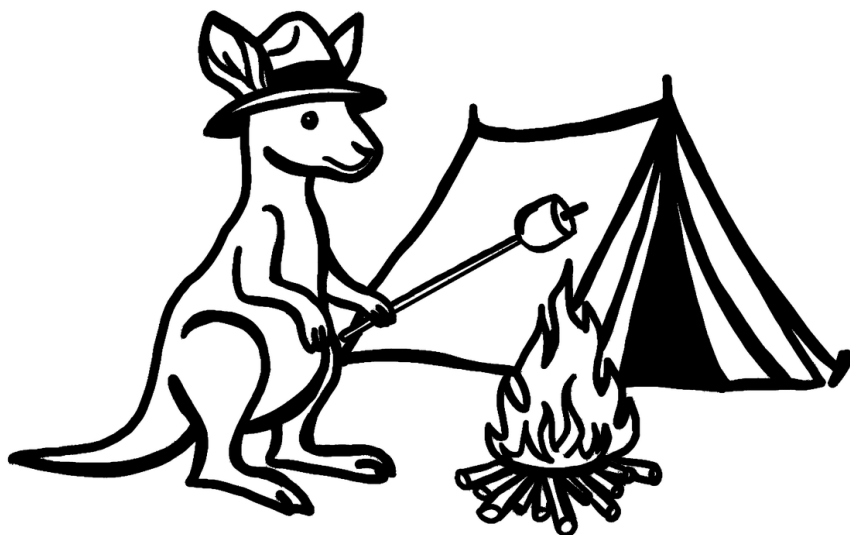
Gesamtredaktion und Layout: Jörg Richter, Tobias van Lier

Copyright © 2025 Jörg Richter, Dr. Birgit Schillinger

Vorwort – Expedition ins Unbekannte

Jede Science Academy hat ihr Motto: Dieses Jahr lautete es „Expedition“. Und so startete unsere Expedition im Juni auf dem Gelände des Landesschulzentrums für Umweltbildung (LSZU) in Adelsheim mit 77 neugierigen, hochmotivierten, abenteuerlustigen jungen Menschen. Am Eröffnungswochenende kam unser Expeditionsteam das erste Mal zusammen und lernte sich kennen. Jedes Mitglied kam mit eigenen Vorerfahrungen, Talenten, Interessen und Erwartungen. Dieses Kennenlernen weckte bei allen die Neugier und Lust auf diese Expedition. Begleitet von unserem 28köpfigen Leitungsteam sollten sie schon bald neue Interessen entdecken, wissenschaftliche Erfahrungen sammeln und Freundschaften knüpfen.

Science Academy 2025



Im Sommer brach unsere Expedition endgültig auf, ausgerüstet mit Zelt und Hut sowie weiteren wichtigen Gegenständen, die im Laufe der Expedition ihre Bedeutung erhielten. Über zwei Wochen hinweg forschten die Teilnehmerinnen und Teilnehmer in den sechs Kursen an packenden Fragestellungen und stießen auf überraschende Erkenntnisse.

Im Kurs Mathematik/Informatik wurde der Klimawandel mithilfe anspruchsvoller Modelle analysiert, aber auch Machine Learning kam zum Einsatz. Der Pharmaziekurs untersuchte, welchen Einfluss die Ernährung auf die Aufnahme eines Medikaments hat. Unterdessen testete der Raketenkurs in einer selbstgebauten Rakete die Schwerelosigkeit im Parabelflug. Der Physikkurs entwickelte eine effektive Montierung für Solarzellen, die sich nach der Sonne dreht. Die seit Jahren schwelende Frage, welche der Tiere auf dem Gelände Ziegen oder Schafe sind, konnte der Genetikkurs durch eine DNA-Analyse endlich klären. Und das Experiment, den Philosophiekurs mit Theater zu kombinieren, war höchst gelungen, und die abschließende Theateraufführung von Brechts „Der gute Mensch von Sezuan“ beeindruckte durch Tiefgang und schauspielerische Leistung.

Neben der Kurszeit haben sich die Expeditionsmitglieder bei Ausflügen und in den KüAs, beim Sport, im Chor oder als Teil des Orchesters, bei der Wanderung und dem Grillabend besser kennengelernt und ihre Interessen ausgelebt. So wurde es nie langweilig, und der große Abschlusstag kam viel zu früh.

Am Dokumentationswochenende bot sich dann die Möglichkeit, auf die gemeinsame Zeit zurückzublicken und die während unserer gemeinsamen Zeit gewonnenen Erkenntnisse schriftlich zu dokumentieren. Zwar war damit nun die Zeit in Adelsheim vorbei, doch unsere Expedition ist noch lange nicht zu Ende.

Wie bei einem Roman, der irgendwann fertig geschrieben ist, aber in den Lesern weiterlebt, geht auch unsere Expedition weiter in die Welt, indem wir die Erinnerung an das Erlebte, die Neugier auf weitere Erkenntnisse und vor allem die neuen Freundschaften bewahren.

Wir wünschen Euch und Ihnen viel Spaß beim Lesen unseres Expeditionsberichts!

Eure/Ihre Akademieleitung

Melissa Bauer

Melissa Bauer (Assistenz)

Julian Poschik

Julian Poschik (Assistenz)

Jörg Richter

Jörg Richter

Birgit Schillinger

Dr. Birgit Schillinger



Inhaltsverzeichnis

VORWORT	3
KURS 1 – GENETIK	7
KURS 2 – KLIMAPHYSIK/INFORMATIK	29
KURS 3 – MIKROGRAVITATION	47
KURS 4 – PHARMAZIE	67
KURS 5 – PHILOSOPHIE/THEATER	87
KURS 6 – PHYSIK	109
KÜAS – KURSÜBERGREIFENDE ANGEBOTE	129
DANKSAGUNG	153
BILDNACHWEIS	155

Kurs 1 – Genetik: Mit der DNA auf Spurensuche



Unser Kurs

Helia war die tragende Säule unserer Gruppe und verhalf uns als Kapitänin und Maskottchen zum Sieg beim Sportfest. Sie war stets bereit, Opfer für den Kurs zu bringen. Außerdem war sie für uns alle eine Vertrauensperson und man konnte mit ihr über alles reden. Mit ihren tollen Spielen und ihrer lustigen Art lockerte sie die Stimmung auf und zauberte uns jeden Tag aufs Neue ein Lachen ins Gesicht. Durch sie waren wir alle super auf die Präsentationen vorbereitet.

Katharina hat eine sehr ausgeprägte Expertise, egal ob beim Programmieren, bei der Theo-

rie oder im Labor. Sie war entspannt, offen und gab uns ein Gefühl von Sicherheit. Sie schuf einen Raum, in dem man eigenständig lernen konnte, gleichzeitig konnte man sich aber bei Fragen immer an sie wenden. Sie kümmerte sich um unseren Snackvorrat. Zudem ist sie auch überaus sportlich, weshalb man sie jeden Morgen beim Frühsport antreffen konnte.

Klaus – unser Kursleiter, der auf alle Fragen eine Antwort hatte – war immer begeistert auf der Suche nach Problemen, zu denen er auch meistens sofort eine Lösung parat hatte. Er kann supergut erklären, und das bei jedem noch so komplizierten Themenbereich. Zusätzlich ist Klaus ein super lo-

ckerer und entspannter Typ, der auch noch sportlich engagiert ist (er war jeden Tag beim Frühsport). Er ist sehr motiviert und übertrug seine Begeisterung für das Thema auch auf uns. Neben alldem kümmerte er sich auch darum, dass unser Snackvorrat im Kursraum aufgefüllt blieb und erfüllte sogar Helias Wunsch nach Obst (am letzten Tag des Doku-Wochenendes). Er war viel als Fotograf tätig.

Alina sieht in Multitasking keine Herausforderung. Mithilfe ihrer besonderen sprachlichen Kenntnisse, die sie auch oft zum Lösen von Worträtseln nutzte, bereicherte sie uns mit vielen neuen Informationen, während sie nach Gensequenzen suchte. Sie hat eine gute Menschenkenntnis und weiß auf fast jede Frage eine Antwort. Gleichzeitig war sie aber auch sehr locker und man konnte mit ihr über Vieles lachen, was zu einer guten Arbeitsatmosphäre beitrug. Zudem ist sie sehr musikalisch, was man am Hausmusikabend bei ihrem Klaviersolo erleben konnte.

Amalia war der Ruhepol unseres Kurses. Sie war stets sehr konzentriert und trug somit zu großen Fortschritten bei und löste zahlreiche Probleme in Eigeninitiative. Gleichzeitig ist sie sehr kreativ, wie man an ihren Häkelskills merkte, und hat einen guten Humor, der uns oft zum Lachen brachte. Sie ist sehr wissbegierig und besonders beim Rätselraten war sie sehr hartnäckig.

Elena kam zwar anfangs gelegentlich zu spät und erhöhte den durchschnittlichen Snackkonsum unseres Kurses, aber dann war sie immer energiegeladener und allzeit bereit für jede Aufgabe. Darüber hinaus ist sie sehr sportlich und war nicht nur im Kurs, sondern auch bei ihrer Luftartistik-KüA und beim täglichen Frühsport sehr motiviert dabei.

Emilia interessierte sich besonders für die Laborarbeit. Sie war durch ihre entspannte Art ein Ruhepol in unserem Kurs. In der Laborgruppe war sie mit großer Motivation dabei und trieb das Layout unserer Präsentation voran. Sie war zudem ein Teil des Dreamteams mit Frida und stellte uns für

die Dokumentation bereitwillig ihr iPad zur Verfügung.

Frida ist offen und kontaktfreudig und war bei der Arbeit im Labor immer sehr gewissenhaft dabei. Sie war die gute Seele unseres Kurses und sorgte durch ihre witzige Art für Motivation, nicht nur im Labor. Zudem war sie ein Teil des unzertrennlichen Dreamteams zusammen mit Emilia und war eine der tragenden Säulen beim Sportfest.

Hennadii leistete einen großen Beitrag zur Bioinformatik, denn sein Wille, das Beste aus allem herauszuholen, spornte uns alle zu Höchstleistungen an. Darüber hinaus ist er immer bereit, mit einem über Themen aller Art zu grübeln und zu diskutieren. Mit seinem außergewöhnlichem Musikgeschmack verhalf Hennadii uns außerdem zu besserer Konzentration auf unserer Suche nach Genen. Er ist neuen Dingen gegenüber sehr aufgeschlossen. Er war offen und teilte gerne Vieles aus seinem Leben mit uns, wie zum Beispiel die TikToks seines Opas. Er ist immer für einen Spaß zu haben.

Johanna war immer sehr organisiert und sorgte für Struktur bei unserer Arbeit. Das Erlernen von neuen Inhalten fiel ihr sehr leicht. Wenn sie sich kreativ ausleben kann, blüht sie besonders auf und steckt alle mit ihrem Elan an. Beim Lösen von Rätseln war sie immer ganz vorne mit dabei, wobei sie sich erst zufriedengab, wenn sie die richtige Lösung gefunden hatte. Auch bekamen wir ihre musikalische Begabung zu spüren, denn sie leistete einen wertvollen Beitrag zum Chor des Akademieorchesters.

Kilian war unser Spezialist im Bereich Roboterbau und LEGO-Technik: Er konstruierte innerhalb kürzester Zeit einen kompletten Kranarm mit Seilzug. Er brachte seine vielseitigen Ideen ein und war immer konzentriert und detailorientiert, sodass er sich sogar für Unterschiede im Nanometerbereich beim zurückgelegten Weg des Roboters interessierte. Auch außerhalb der „Roboter-Welt“ interessierte er sich sehr für seine Mitmenschen und setzte sich für sie ein.

Klemens war immer positiv eingestellt, obwohl er seinen morgendlichen Kaffee sehr ver-

misste. Er bereitete die Bilder für unsere Doku geduldig vor. Zudem war sein Schriftbild immer äußerst ansprechend und seine Aufschriebe zählten zu den besten im Kurs. Auch über die Akademie hinaus ist er sehr sozial und immer freundlich.

Lina ist eine sehr kreative und trotzdem organisierte Person, die immer konsequent mit-schrieb. Die Designs der Kurs- und Akademie-T-Shirts sind dank ihrer iPad-Zeichenkünste besonders gelungen. Begeisterung zeigte sie bei der Programmierung und Namensgebung für unseren Roboter. „Fridolin“ war in dieser Hinsicht ein sehr beliebter Name, der oft genutzt wurde, natürlich auch für unseren selbstgebauten Thermocycler.

Mariya hatte immer gute Laune und lachte viel und herzlich. Ihre Aufgeschlossenheit und Offenheit machten sie zu einem wertvollen Gruppenmitglied. Sie bereicherte den Kurs nicht nur mit ihren fantastischen Programmierkenntnissen, sondern auch mit ihrer Leidenschaft für Musik. Sie hatte immer eine Melodie im Kopf – egal ob bei ihrer Teilnahme in der Band oder beim Summen des „Raiders March“ im Kurs.

Nilay war sehr engagiert und half sowohl beim Roboterbau als auch bei der Laborarbeit. Darüber hinaus versorgte er uns durch seine humorvolle und sehr selbstbewusste Art während der gesamten Akademie mit vielen Zitaten. Er war außerdem hilfsbereit und jederzeit begeistert. Aber auch sein Fachwissen, zum Beispiel zur Benennung von „männlichen“ und „weiblichen“ Steckern der Arduino-Kabel, war erstaunlich.

Noah ist sehr lustig, interessiert und energiegelich. Er war immer gut drauf und lockerte die Stimmung in unserem Kurs auf. Im Labor stellte er seine Pipettierfähigkeiten unter Beweis. Präsentieren ist eine seiner vielen Stärken. Er ist sehr sportlich motiviert und man traf ihn oft beim Frühsport an.

Julian (Ziege) weigerte sich lange, Karotten zu essen, und bekam sogar einen Brief von seinem geheimen Freund aus einem anderen Kurs.

Einleitung

HELIA ZIGHEIMAT, EMILIA
TANNREUTHER



Abb. 1: Die Tiere auf dem LSZU-Gelände – Schafe oder Ziegen?

Sind das jetzt Ziegen oder Schafe auf dem Akademiegelände? Oder gar eine Kreuzung aus beidem? Diese seit langem existierende, ungeklärte Diskussionsfrage innerhalb der Science Academy wollten wir als Genetikkurs ein für alle Mal mit wissenschaftlichen Methoden klären.

Doch was für Unterschiede kann man zur Untersuchung betrachten und wie stellt man diese auf zellulärer oder molekularer Ebene fest? Dazu erarbeiteten wir uns am Eröffnungswochenende zunächst die biologischen Grundlagen der Cytologie. Wir bastelten fleißig Zellmodelle und schauten uns vor allem auch den Zellkern und die sich darin befindende Desoxyribonukleinsäure (DNA) genauer an.

Nach neun Wochen begann die Akademie im Sommer dann erneut mit einem Theorie-Block. Von der Vervielfältigung der wenigen in einer Probe enthaltenen DNA mithilfe einer sogenannten Polymerase Chain Reaction (PCR) über die Auswertung anhand einer Gel-Elektrophorese bis hin zum Umgang mit der Gendatenbank des National Center for Biotechnology Information (NCBI) war alles dabei, was wir an Grundlagenwissen brauchten.

Wir bauten in kleinen Gruppen LEGO-Roboter, um einen ersten Einblick in das Programmieren zu erhalten. Unsere „Roboter-

Ziegen“ sollten mit einem Sensor eine Lücke im „Zaun“ erkennen und durch diese entkommen. Beim Isolieren unserer eigenen DNA aus Mundschleimhautzellen lernten wir grundlegende Verfahren der praktischen Arbeit im Bio-Labor.

Mit diesen Grundlagen ausgestattet definierten wir nun das klare Ziel, final die Frage klären zu können, ob es sich bei den Tieren auf dem Akademiegelände um Ziegen, Schafe oder eine Kreuzung handelt. Dazu wollten wir von den Tieren DNA-Proben nehmen, diese mit einem selbstgebauten Thermocycler und selbst designten Primern vervielfältigen, die PCR-Produkte mit einer Gel-Elektrophorese auftrennen und anschließend auswerten.



Abb. 2: Roboterbau zu Beginn der Akademie

Nachdem die geplante Vorgehensweise geklärt war, teilte sich unser Kurs in drei Gruppen auf, die sich jeweils mit einem der Bereiche Laborarbeit, Bioinformatik und Roboterdesign vertieft beschäftigten. Den Sommer hindurch probierten wir, an DNA-Proben aller Tiere zu kommen, lernten unzählige neue Dinge im Labor, recherchierten intensiv, um eigene Primer zu designen, und konstruierten und programmierten einen PCR-Roboter. Dabei gab es einen regen Austausch zwischen den Gruppen, denn alle brauchten Informationen aus den jeweils anderen Bereichen, um ihren Teil zur Beantwortung unserer gemeinsamen Frage beizutragen.

Nun laden wir herzlich ein, einen Blick in die Genetik und unsere Kursarbeit zu werfen und am Ende die Antwort auf unsere Forschungsfrage zu erfahren!

Biologische Grundlagen

Aufbau von Zellen

NOAH JEHS

Tierische Zellen

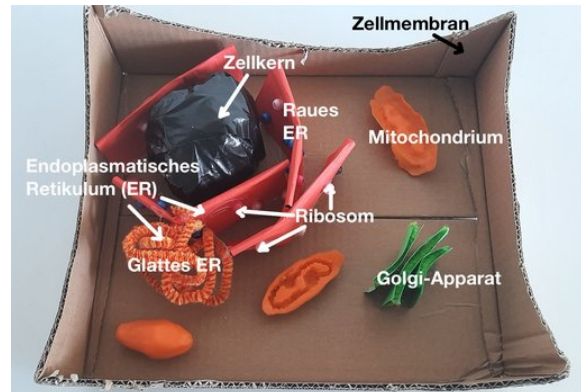


Abb. 3: Modell einer tierischen Zelle

Außen sind tierische Zellen von der Zellmembran umgeben. Sie begrenzt die Zelle und reguliert den Austausch von Stoffen zwischen Zelle und Umgebung. Im Inneren der Zelle befindet sich das Cytoplasma, in dem die Organellen „schwimmen“. Das auffälligste Organell in der tierischen Zelle ist der Zellkern, in unserem Modell in Abb. 3 als schwarze Kugel dargestellt. Er beherbergt die DNA und mit ihr alle wichtigen Erbinformationen eines jeden Tieres. Um den Zellkern herum befindet sich das Endoplasmatische Retikulum, kurz ER. Man unterscheidet zwischen dem glatten und dem rauen ER. Das glatte ER spielt eine wichtige Rolle bei Stoffwechselprozessen. In Leberzellen trägt das glatte ER beispielsweise zur Entgiftung bei. Das raue ER ist mit Ribosomen besetzt, die dadurch entstehende „raue“ Struktur gibt ihm seinen Namen. Die Aufgabe des rauen ERs ist die Proteinsynthese durch die Ribosomen (mehr dazu im Abschnitt „Vom Gen zum Protein“, S. 12). Im Inneren des ER werden die Proteine passend gefaltet und teilweise noch umgebaut. Ribosomen gibt es aber nicht nur am rauen ER, sondern auch als freie Ribosomen in der Zelle.

Ein weiteres wichtiges Zellorganell ist der Golgi-Apparat. Dieser besteht aus Membransäcken, die Zisternen genannt werden. Er spielt eine

wichtige Rolle bei der Proteinverarbeitung: Proteine werden „sortiert“ und in Vesikeln – kleinen, von Membranen umgebenen Bläschen – an ihren Bestimmungsort transportiert.

Mitochondrien sind die Kraftwerke der Zelle und für die Energieproduktion verantwortlich. Im Modell in Abb. 3 sind sie als orange Strukturen dargestellt und teilweise aufgeschnitten. In den aufgeschnittenen Mitochondrien erkennt man die Oberflächenvergrößerung durch die eingefaltete innere Membran. Die Mitochondrien übertragen die in unserer Nahrung enthaltene Energie unter Verwendung von Sauerstoff auf Adenosintriphosphat, kurz ATP. Dieser Stoff wird zum Energietransport für alle zellulären Prozesse benötigt. Je höher der Energiebedarf einer Zelle ist, desto mehr Mitochondrien sind in der Zelle vorhanden. Herzmuskelzellen haben zum Beispiel weitaus mehr Mitochondrien als rote Blutkörperchen, die gar keine Mitochondrien aufweisen.

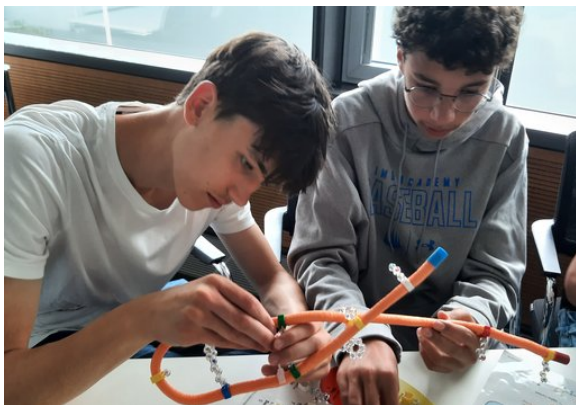


Abb. 4: Die Aminosäuren-Reihenfolge bestimmt die Proteinfaltung; Praktikum am EMBL

Pflanzliche Zellen

Pflanzenzellen haben ebenfalls einen Zellkern, glattes und raues ER, Golgi-Apparate, Mitochondrien, Ribosomen, Vesikel und eine Zellmembran. Diese Organellen haben in pflanzlichen Zellen die gleichen Funktionen wie in tierischen Zellen. Doch die Pflanzenzelle weist auch einige Unterschiede zur Tierzelle auf. Jede Pflanzenzelle hat zusätzlich zur Zellmembran eine weitere Begrenzung, die Zellwand. Diese umschließt die komplette Zelle und trägt zusätzlich zur Stabilität und Formgebung bei. Bei Tieren ist diese Struktur überflüssig, da

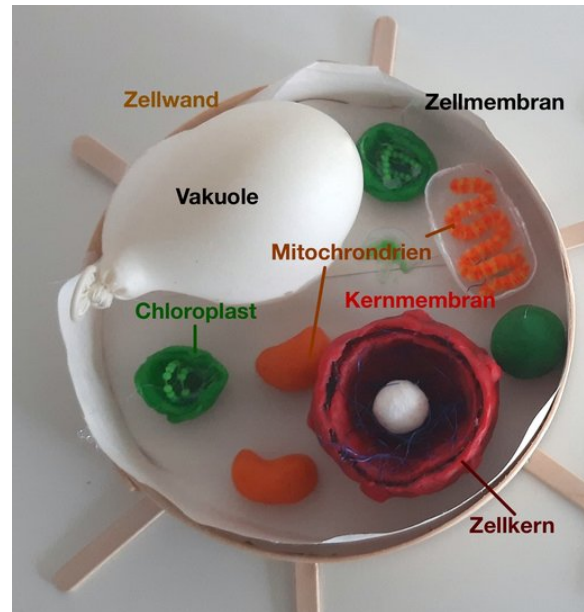


Abb. 5: Modell einer Pflanzenzelle

Tiere zum Beispiel ein inneres Skelett aus Knochen oder auch ein äußeres Skelett aus Chitin besitzen, das ihnen Form gibt.

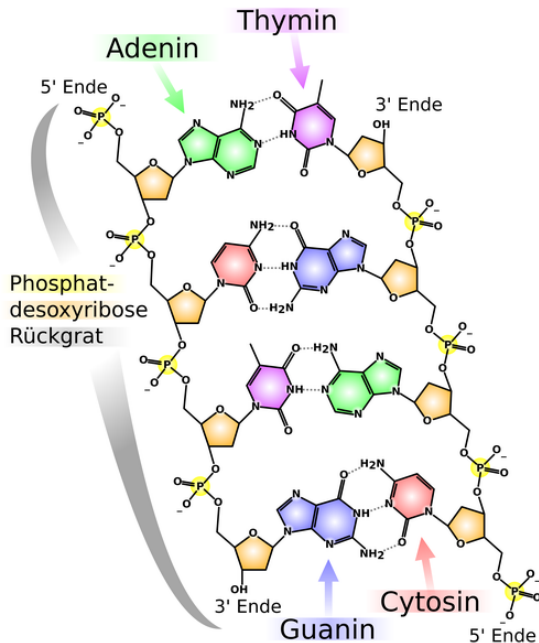
Außerdem besitzen pflanzliche Zellen eine Vakuole, die vermutlich das auffälligste Zellorganell bei Pflanzen ist (in Abb. 5 stellt der weiße Luftballon die Vakuole dar). Die Vakuole ist von einer Membran umgeben und speichert Wasser, Farb-, Nähr- und Abfallstoffe in ihrem Inneren. Bei krautigen Pflanzen übernimmt die Vakuole zusätzlich eine wichtige Rolle: Sie drückt von innen gegen die nicht dehnbare Zellwand und gibt der Pflanze damit Form und Stabilität.

Ein weiterer wesentlicher Bestandteil der pflanzlichen Zelle sind die grünen Chloroplasten. Diese sind für die Photosynthese wichtig. Dabei entsteht in den grünen Pflanzenteilen aus Kohlenstoffdioxid und Wasser zusammen mit der Energie aus dem Sonnenlicht (eingefangen vom grünen Farbstoff Chlorophyll) die energiereiche Glucose (Traubenzucker) und als Abfallprodukt der für uns lebensnotwendige Sauerstoff. Die gewonnene Glucose nutzt die Pflanze als Energiequelle. Ein Teil der Glucose wird direkt verbraucht, der andere Teil wird in Form von Stärke zum Beispiel in den Wurzeln der Pflanze als Energiereserve gespeichert. Der Sauerstoff wird an die Umgebung abgegeben und steht anderen Lebewesen zur Verfügung.

Vom Gen zum Protein

NOAH JEHS

Aufbau der DNA

Abb. 6: Aufbau eines DNA-Doppelstrangs¹

Wir wissen bereits, dass sich die DNA im Zellkern der Zelle befindet. Sie enthält zum Beispiel den Bauplan für Proteine. Doch dazu später mehr. Die DNA liegt in Form von X-förmigen Chromosomen vor. Jedes Chromosom hat zwei „Beine“, die man Chromatiden nennt. Jedes Chromatid wiederum besteht aus einer aufgewickelten DNA-Doppelhelix. Eine DNA-Doppelhelix besteht aus zwei DNA-Einzelsträngen, die durch Wasserstoffbrücken zwischen den Basen miteinander verbunden sind. Die Basen heißen Adenin (A), Thymin (T), Guanin (G) und Cytosin (C). Es kann sich immer nur Adenin mit Thymin und Guanin mit Cytosin zu einem Basenpaar verbinden. Zusammengehalten werden die beiden Basen eines Paares durch Wasserstoffbrücken (gestrichelte Linien in Abb. 6). Zwischen Adenin und Thymin gibt es zwei, zwischen Guanin und Cytosin drei Wasserstoffbrücken. Daraus folgt, dass Guanin und Cytosin stärker miteinander verbunden sind als Adenin und Thymin.

¹Abb.: Wikimedia-User Matt nach Wikimedia-User Madprime, CC BY-SA 3.0.

Jeder DNA-Strang ist aus einzelnen Nukleotiden (Base mit Desoxyribose und Phosphat) aufgebaut. Diese werden so miteinander verbunden, dass es ein Zucker-Phosphat-Rückgrat mit zwei unterschiedlichen Enden gibt, nämlich dem 5'-Ende mit einer Phosphatgruppe und dem 3'-Ende mit einer OH-Gruppe. Die Basen hängen an den Zuckermolekülen. Die beiden über Wasserstoffbrücken zwischen den Basen verbundenen Einzelstränge sind im DNA-Doppelstrang gegenläufig orientiert. Wichtig ist es, zu wissen, dass das Zucker-Phosphat-Rückgrat wegen der Phosphatgruppen negativ geladen ist, was dazu führt, dass die DNA als Ganzes ebenfalls negativ geladen ist. Das ist für uns zum Beispiel wichtig, da genau wegen dieser Eigenschaft Farbstoffe, die positiv geladen sind, an der DNA anhaften können. Auch für die Gel-Elektrophorese ist die Ladung des Rückgrats wichtig, da die DNA deshalb im Gel wandert.

Genexpression bei Eukaryoten

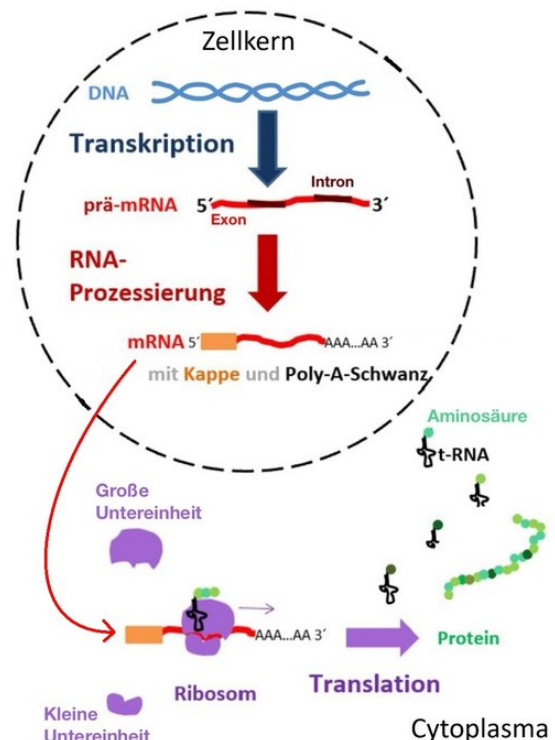


Abb. 7: Genexpression bei Eukaryoten

Wie bereits erwähnt, findet die Genexpression im Zellkern und im rauen ER statt. Dazu wird der DNA-Doppelstrang im ersten Schritt,

der Transkription, aufgespalten und in die prä-mRNA umgeschrieben. Das passiert im Zellkern. In Abb. 7 ist die DNA als blauer Doppelstrang, die RNA in rot dargestellt. Im nächsten Schritt, der Prozessierung (Reifung), werden – ebenfalls noch im Zellkern – aus der prä-mRNA die Introns herausgeschnitten. Diese RNA-Abschnitte codieren nicht für Aminosäuren, tragen also keine Information über das Protein. Die übriggebliebenen codierenden Exons werden direkt aneinandergefügt. Nachdem am 5'-Ende noch eine Kappe und am 3'-Ende ein Poly-A-Schwanz aus vielen aneinandergereihten Adenins hinzugefügt wurde, ist die sogenannte Messenger-RNA, kurz mRNA, fertig. Diese verlässt nun den Zellkern.

An der Proteinsynthese ist eine weitere Art von RNA, die Transfer-RNA (tRNA) beteiligt. Es gibt viele verschiedene tRNAs. Diese befinden sich im Cytoplasma der Zelle und können spezifisch mit Aminosäuren „beladen“ werden. Aminosäuren stellen den Grundbaustein für die Proteine dar. Es gibt über 100 verschiedene Aminosäuren, aber nur 20 von ihnen treten als Bausteine von Proteinen auf.



Abb. 8: Praktikum zu Aminosäuren und Proteinen im EMBL

Der letzte Schritt auf dem Weg vom Gen zum Protein ist die Translation. Hierbei übersetzen Ribosomen die Basenreihenfolge der mRNA in eine Aminosäurereihenfolge. Dazu docken die beiden Ribosomen-Untereinheiten (in Abb. 7 lila dargestellt) an den mRNA-Strang an und verbinden sich zu einem fertigen Ribosom. Dieses wandert die mRNA entlang und tRNAs lagern sich an passende Abschnitte der mRNA (Codons) an. Die von den tRNAs transportierten Aminosäuren werden vom Ribosom zu einer langen Kette zusammengefügt. Wenn die

Translation abgeschlossen ist, trennen sich Ribosom und Aminosäurekette von der mRNA. Das normalerweise mehrere tausend Aminosäuren lange Protein ist fertig und kann jetzt seine Aufgabe, zum Beispiel beim Stofftransport, als Hormonregulierung oder Strukturprotein erledigen.

DNA-Replikation

NILAY KATHIRVEL

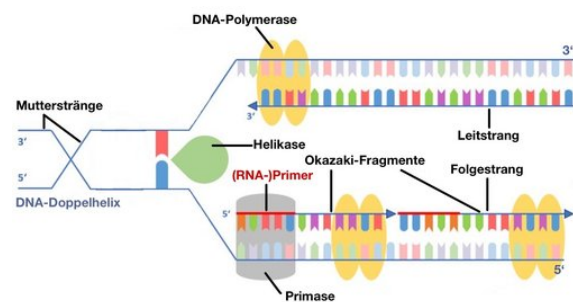


Abb. 9: DNA-Replikation²

Die DNA-Replikation ist ein Prozess, der vor der Zellteilung passiert. Bei diesem wird die Erbinformation der Zelle verdoppelt. Das ist notwendig, damit bei der Zellteilung jede Tochterzelle eine Kopie des genetischen Materials erhält. Der Prozess beginnt an bestimmten Stellen auf der DNA, den Replikationsursprüngen. Dort entwindet das Enzym Helikase die DNA-Doppelhelix, indem es die Wasserstoffbrücken zwischen den Basenpaaren löst. Dadurch entstehen zwei Einzelstränge, die jeweils als Vorlage für den Bau eines neuen DNA-Strangs dienen. Ein weiteres Enzym, die Primase, setzt kurze Primer auf einen Einzelstrang. Die durch die Primer entstandenen, kurzen doppelsträngigen Bereiche ermöglichen es der DNA-Polymerase, mit der Ergänzung der neuen DNA-Stränge zu beginnen. Die DNA-Polymerase fügt passende Nukleotide komplementär zum vorhandenen Einzelstrang an. Da die DNA-Polymerase nur in eine Richtung arbeiten kann – sie kann neue Nukleotide immer nur an freie 3'-OH-Gruppen anbauen – entstehen die zwei neuen Stränge auf unterschiedliche Art: Der Leitstrang (in Abb. 9 der obere Strang)

²Abb.: Wikimedia-User VWALevi2020 (Ausschnitt), CC BY 4.0.

wird kontinuierlich verlängert. Die DNA-Polymerase folgt hier der Helikase, während der Folgestrang in kurzen Abschnitten, den sogenannten Okazaki-Fragmenten, gebildet wird (die DNA-Polymerase bewegt sich in die entgegengesetzte Richtung zur Helikase). Diese Fragmente werden anschließend durch das Enzym DNA-Ligase zu einem durchgehenden Strang verbunden. Am Ende des Prozesses liegen zwei identische DNA-Doppelstränge vor. Beide enthalten die gleiche genetische Information wie der ursprüngliche Strang.

Labortechniken



Abb. 10: Übungen zum Pipettieren

DNA isolieren

EMILIA TANNREUTHER

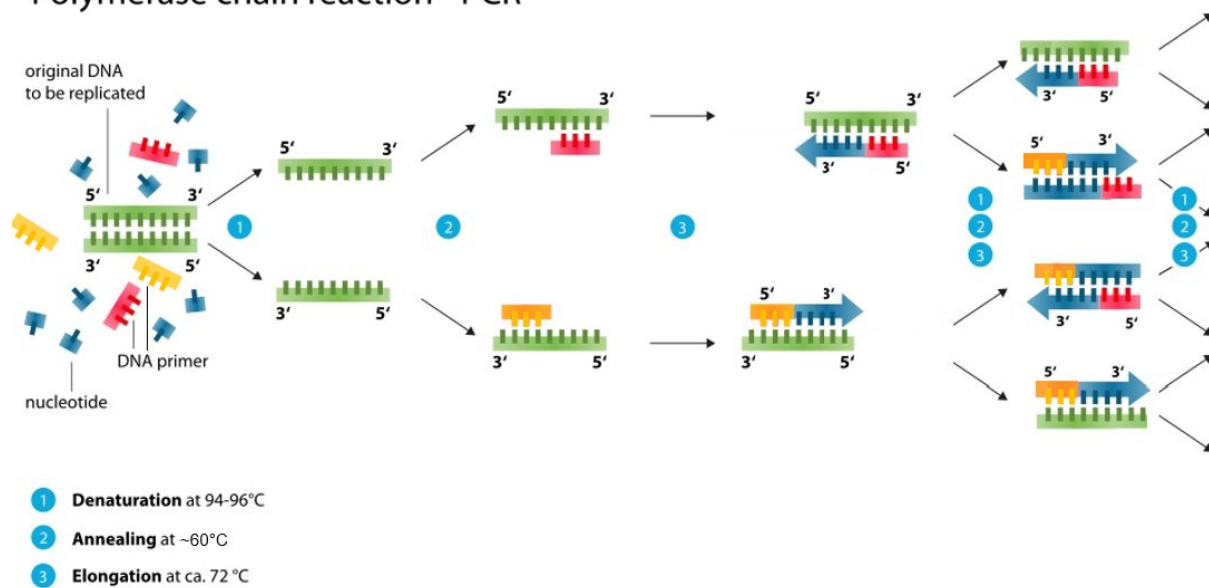
Wenn man mit DNA arbeiten möchte, muss sie zunächst aus Proben isoliert werden. Das heißt, sie wird aus den Zellen extrahiert und von anderen Zellbestandteilen sowie Zelltrümmern getrennt. Dazu haben wir zwei unterschiedliche Vorgehensweisen angewendet. Bei der „klassischen“ Methode mit Haushaltschemikalien wird die Probe mit einer Spülmittel-Salz-Wasser-Lösung und Protease (z. B. aus Fleckenteufel gegen Eiweißflecken) in einen Mörser gegeben und mit einem Pistill zerstampft. Das Zermörsern der Substanzen dient dazu, die Zellwände mechanisch zu zerstören, was allerdings

ausschließlich bei pflanzlichen Zellen notwendig ist, da tierische Zellen über keine Zellwände verfügen. Im Spülmittel befinden sich fettlösende Tenside, die dafür sorgen, dass die Zellmembran zerstört wird. In Zellen sind immer auch DNasen enthalten, DNA-abbauende Enzyme. Damit die DNA für weitere Versuche stabil bleibt, gibt man ein paar Tropfen Fleckenteufel hinzu. Die im Fleckenteufel enthaltene Protease (ein Enzym) verhindert, dass die vorhandene DNA von DNasen zerstört wird, indem sie die DNasen abbaut. Die fünf Minuten lang zerstampfte Masse wird nun in ein Becherglas gefüllt und anschließend für zehn Minuten in ein warmes Wasserbad (50 °C) gegeben, was alle stattfindenden Reaktionen beschleunigt. Daraufhin kommt das gefüllte Becherglas noch weitere fünf Minuten in ein Eisbad, damit die DNA nicht durch zu lange Temperatureinwirkung beschädigt wird. Nach dem Entnehmen aus dem Eisbad wird die Mischung in ein Reagenzglas filtriert, bis die Flüssigkeit etwa 4 cm hoch im Reagenzglas steht. Als nächstes wird das Ganze erneut für fünf Minuten im Eisbad abgekühlt. Zuletzt überschichtet man die DNA-Wasser-Mischung mit eiskaltem Ethanol. Nach kurzem Warten flockt die DNA aus, da sie in eiskaltem Ethanol nicht löslich ist. Die DNA-Stränge ballen sich zusammen und werden als feste, weißliche Masse sichtbar (siehe Abb. 11). Wenn man einige Minuten wartet, steigt die DNA auf und man kann sie aus dem Ethanol fischen und für weitere Versuche verwenden.



Abb. 11: DNA fällt in eiskaltem Ethanol aus

Polymerase chain reaction - PCR

Abb. 12: Ablauf einer PCR³

Die zweite Variante zum DNA-Isolieren mit InstaGene™ Matrix funktioniert hingegen so: Bei InstaGene™ Matrix handelt es sich um negativ geladene Polyresin-Kügelchen, welche sich in einer Pufferlösung befinden. Die Lösung mit den Kügelchen wird zur Probe hinzugefügt, dann wird das Gemisch für zwei bis zehn Minuten – je nach verwendetem Probenmaterial – auf 95 °C erhitzt. Dabei werden die Zellen zerstört und die DNA gelangt in die Flüssigkeit. Die negativ geladene DNA wird von den negativ geladenen Kügelchen abgestoßen, während die restlichen Bestandteile der Zellen angezogen werden. Zentrifugiert man dann die Suspension, sammeln sich am Gefäßboden die Polyresin-Kügelchen mit den nicht erwünschten Zellbestandteilen. Die DNA ist im Überstand gelöst und kann zum Beispiel für eine PCR benutzt werden.

Polymerase-Kettenreaktion (PCR)

NILAY KATHIRVEL

Die PCR ist ein Verfahren zur gezielten Vervielfältigung bestimmter DNA-Sequenzen. Die PCR basiert auf dem im Körper ablaufenden Prozess der DNA-Replikation, der schon beschrieben wurde. Sie läuft in mehreren Zyklen

ab, die aus je drei Phasen bestehen: Denaturierung (Auftrennen der Doppelstränge), Annealing (Primer-Anlagerung) und Elongation (Kettenverlängerung). Für die Vervielfältigung von DNA gehören in einen PCR-Ansatz: der zu vervielfältigende DNA-Abschnitt, Primer (kurze einzelsträngige DNA-Stücke), ein Enzym, welches die Vervielfältigung durchführt (Taq-Polymerase), und Bausteine für die neuen DNA-Stränge (Nukleotide).

In der Denaturierungsphase – in Abb. 12 mit ① bezeichnet – wird die DNA-Doppelhelix durch Erhitzen bei etwa 90 °C in zwei Einzelstränge aufgetrennt. Dies geschieht, weil die Wasserstoffbrücken zwischen den Basenpaaren bei hohen Temperaturen die Einzelstränge nicht mehr zusammenhalten können.

Darauf folgt die Annealingphase ②, also die Phase, in der sich die Primer anlagern. In dieser Phase wird die Temperatur primerabhängig auf etwa 50 bis 65 °C gesenkt, sodass die Primer an die spezifischen Zielsequenzen auf den Einzelsträngen binden können. Primer sind kurze DNA-Stücke, meist zwischen 18 und 25 Basen lang, und bestimmen durch ihre Sequenz den Start- und Endpunkt des zu kopierenden DNA-Abschnitts. Die exakte Temperatur in der Phase der Primeranlagerung hängt von der Basenzusammensetzung und Länge der Primer ab.

³Abbildung nach Wikimedia-User Enzklop, CC BY-SA 3.0.

In der Elongationsphase ③ wird die Temperatur auf 72 °C erhöht, bei dieser Temperatur arbeitet die Taq-Polymerase am besten. Dieses Enzym stammt aus Bakterien, die in heißen Quellen leben, und ist hitzebeständiger als die DNA-Polymerase in unserem Körper. Deshalb funktioniert es auch noch, nachdem der PCR-Ansatz auf 95 °C erhitzt wurde. Die Taq-Polymerase stellt neue Doppelstränge her, indem sie freie Nukleotide komplementär zur Vorlage an die Primer anlagert. Auch die Taq-Polymerase baut immer an freie 3'-OH-Enden an. Sie beginnt also am 3'-Ende des Primers und ergänzt von dort aus komplementär zur Vorlage den Doppelstrang. Damit ist *ein* PCR-Zyklus abgeschlossen.

Ein Zyklusdurchgang dauert etwa zwei bis drei Minuten. Bei einer PCR wird dieser Zyklus 35- bis 40-mal wiederholt. Dabei verdoppelt sich in jedem Zyklus die Anzahl der DNA-Stränge. Es handelt sich also um eine exponentielle Vervielfältigung. Die PCR macht so aus einer Kopie des gewünschten Abschnitts in circa zwei Stunden 2^{40} – etwa eine Billion – Kopien. Mit dieser Menge an DNA kann man dann weiterarbeiten und die vervielfältigte DNA zum Beispiel mit einer Gel-Elektrophorese auswerten.

Gel-Elektrophorese

EMILIA TANNREUTHER

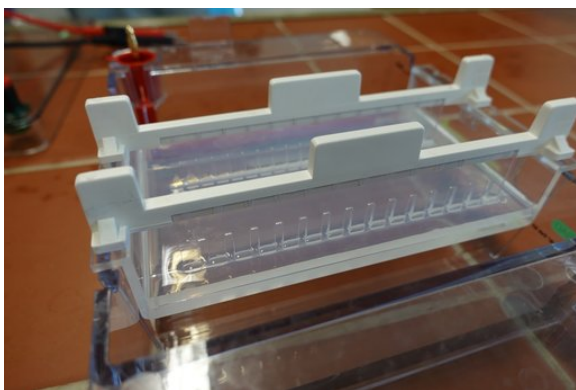


Abb. 13: Gel mit Kämmen in Elektrophoresekammer, noch ohne Puffer

Um Aussagen über die vervielfältigte DNA machen zu können, wird im Labor eine Agarose-Gel-Elektrophorese angewendet. Hierfür wird zunächst ein Gel gegossen. Man stellt

eine Lösung aus Agarose, einem Kohlenhydrat, und Tris-Acetat-EDTA-Puffer (TAE-Puffer) her. Diese Agarose-Lösung kocht man dann auf. Beim Abkühlen entsteht ein Gel, die Agarose bildet ein dreidimensionales Netz, durch das die DNA wandern kann. Vor dem Aushärten des Gels wird ein sogenannter Kamm (siehe Abb. 13) in die Gelgießkammer gegeben, der im ausgehärteten Gel nach Entnahme Taschen hinterlässt.

Das fertige Gel wird dann in eine Gelkammer gestellt, welche mit TAE-Puffer aufgefüllt wird, bis das Gel vollständig übergossen ist. Als nächstes werden die DNA-Proben in die Taschen hineinpipettiert. Daraufhin wird eine Spannung (zum Beispiel 100 V wie in Abb. 14) angelegt. Diese bewirkt, dass die negativ geladenen DNA-Stränge durch das Gel in Richtung Plus-Pol wandern. Dabei gilt: Kurze Stränge wandern schneller als lange. Die DNA-Proben werden im Gel der Länge nach aufgetrennt.

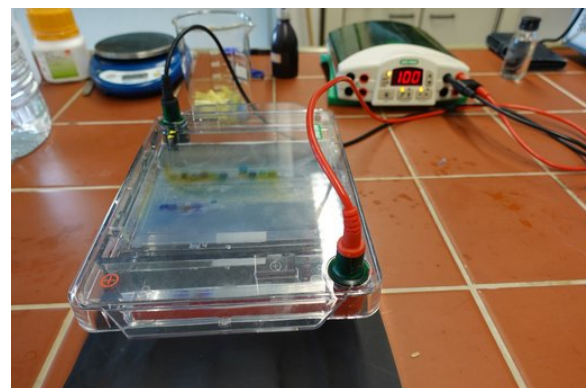


Abb. 14: Gel-Elektrophorese, man erkennt wandernde Farbstoffe im Gel

DNA im Gel färben

FRIDA COERS

Um die DNA im Gel sichtbar zu machen, müssen wir einen Farbstoff hinzufügen. Zuerst verwendeten wir dafür Methylenblau. Dieser Farbstoff ist positiv geladen und kann sich an das negativ geladene Zucker-Phosphat-Rückgrat der DNA binden. Wir badeten das Gel für drei Minuten in einer Methylenblau-Lösung. Methylenblau färbt auch das Gel, deshalb mussten wir es danach wieder entfärben. Wir legten es für zwei Stunden in frisches Wasser, das wir

immer wieder wechselten, bevor wir das Gel auswerten konnten. Da die DNA sich weniger schnell entfärbt als das Gel, war sie nach den zwei Stunden Entfärben stärker gefärbt als das Gel und dadurch in Form von blauen Banden sichtbar. Man konnte die DNA und den Längenstandard bei dieser zeitaufwendigen Methode allerdings nur sehr schlecht sehen.

Deshalb suchten wir nach einem anderen Farbstoff und entschieden uns für SYBR Green. SYBR Green bindet an das DNA-Molekül, indem es sich zwischen die Basenpaare einlagert. Das in die DNA eingelagerte SYBR Green fluoresziert grün, wenn es mit blauem Licht angeregt wird. SYBR Green bindet nicht an das Gel. Deshalb muss man das Gel – anders als beim Methylblau – nicht entfärben, was viel Zeit spart. Wir wählten diesen Farbstoff aus, weil er im Gegensatz zu Ethidiumbromid, das in der Forschung häufig verwendet wird, weniger mutagen (schädlich für die DNA) ist und damit ungefährlicher. Außerdem muss man ihn nicht mit UV-Licht anregen, sondern kann blaue LEDs verwenden. Die fluoreszierenden Banden sieht man in Abb. 15.

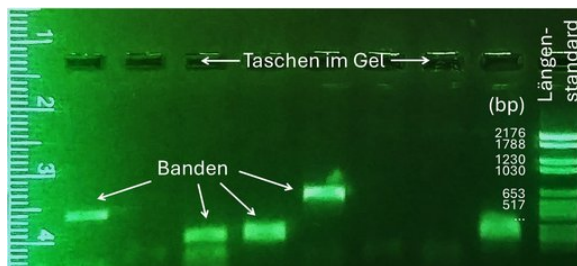


Abb. 15: DNA-Banden im Gel, gefärbt mit SYBR Green

Gel auswerten

FRIDA COERS

Um die Länge der vervielfältigten DNA-Stücke in den Banden des Gel bestimmen zu können, pipettierten wir in eine weitere Tasche einen Längenstandard. Das ist eine Lösung, die DNA-Stücke bekannter Länge enthält. In Abb. 15 ist der Längenstandard in der Spur ganz rechts zu sehen. Durch den Vergleich mit dem Längenstandard konnten wir die Gel-Elektrophorese auswerten, indem wir eine Kalibrierkurve erstellten. Dazu maßen wir, wie weit die einzelnen

Banden des Längenstandards von den Taschen entfernt waren. Auf der x -Achse der Kalibrierkurve trugen wir die Anzahl der Basenpaare ein, auf der y -Achse die Strecke, die die DNA gewandert war (in Zentimetern). Für jede Bande trugen wir die entsprechenden Werte in das Diagramm ein.

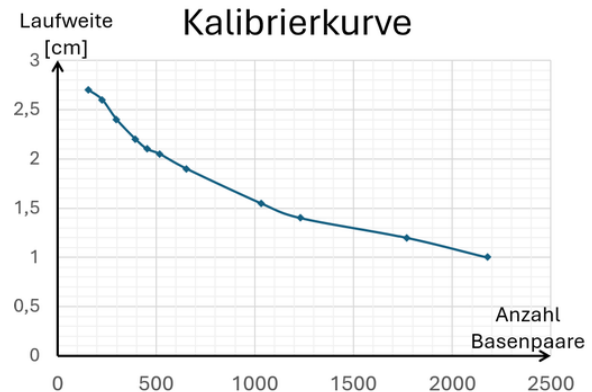


Abb. 16: Kalibrierkurve zum SYBR-Green-Gel aus Abb. 15

Durch Verbinden der Punkte entstand eine Kalibrierkurve (siehe Abb. 16). Anschließend konnten wir mithilfe der Kalibrierkurve bestimmen, wie viele Basenpaare unsere DNA-Stücke aus der PCR lang waren. Dazu maßen wir von den Taschen aus, wie weit unsere Proben gewandert waren. Aus der Kalibrierkurve konnten wir ablesen, wie vielen Basenpaaren diese Wanderstrecke entsprach. Die ermittelten Werte passten gut zu denen, die das Team Bioinformatik bestimmt hatte.

Bioinformatik

Arbeit mit Gendatenbanken

AMALIA LEMMER

Im Team Bioinformatik wollten wir zunächst Unterschiede zwischen Schafen und Ziegen auf genetischer Ebene finden. Anschließend wollten wir zu diesen Genen passende Primer designen, um letztendlich bestimmen zu können, ob es sich bei unseren gesammelten DNA-Proben um Schaf- oder Ziegen-DNA handelt. Dafür verglichen wir zahlreiche Gene, deren Basensequenz vollständig bekannt ist. Diese Sequenzen sind in sogenannten Gendatenbanken enthal-

ten. Wir nutzten die Gendatenbank des NCBI. Die Datenbank des NCBI enthält nicht nur Informationen über sequenzierte Gene, die aus Datenspargründen nicht als Doppelstrang, sondern als Einzelstrang hinterlegt sind, sondern zum Beispiel auch wissenschaftliche Publikationen. Als wir die Website des NCBI aufrufen, konnten wir zwischen verschiedenen Datenbanken wie „Nucleotide“, „Genome“ oder „PubMed“ wählen. Bei PubMed findet man Veröffentlichungen. Wir beschäftigten uns aber hauptsächlich mit Gensequenzen und verwendeten deshalb vor allem „Nucleotide“, da man dort gut mit den Gensequenzen arbeiten konnte.



Abb. 17: Recherche in Gendatenbanken

Nachdem wir nach einer Tierart gesucht hatten, tauchten Vorschauen von vielen verschiedenen Genen auf. Wenn wir dann eine davon öffneten, gab es immer eine FASTA-Datei mit einer kurzen Beschreibung zu dem Gen und der Sequenz. Mithilfe der Programme in der Gendatenbank konnten wir verschiedene Funktionen ausführen. Zum einen gab es die Alignments, mit denen wir zwei Gensequenzen miteinander oder auch nur eine mit der gesamten Datenbank vergleichen konnten. Das entsprechende Tool heißt Basic Local Alignment Search Tool (BLAST). Unter „Graphics“ konnten wir anhand einer Grafik herausfinden, wo sich die Introns und Exons eines Gens befinden. Mit „get Primers“ konnten wir dem Programm Anweisungen über unsere Primer geben und es erstellte sie dann schnell. Diese Funktion probierten wir nur kurz aus, verwendeten sie aber nicht zum Primerdesign, da wir das selbst machen wollten. Die

Gendatenbank hat natürlich noch zahlreiche andere Funktionen, die für uns aber nicht relevant waren, weswegen wir sie nicht benutzten oder besprachen.

Konkrete Gene finden und darin nach Sequenzunterschieden suchen

ALINA SCHWALBE

In der Gendatenbank des NCBI mussten wir als erstes ein Gen finden, das zahlreiche Unterschiede zwischen den zwei Tierarten aufwies, die wir vergleichen wollten (in unserem Fall Schaf und Ziege). Dazu gingen wir wie folgt vor: Als erstes suchten wir ein Gen, das wir vorher mithilfe von Recherchearbeit als zum Vergleichen und Unterscheiden geeignet eingestuft hatten. In der zugehörigen FASTA-Datei, welche die Abfolge der Basen G, C, A und T vom 5'- zum 3'-Ende angibt, ist die Sequenz des DNA-Strangs hinterlegt, der die gleiche Basensequenz hat wie die mRNA (also der codierende Strang).



Abb. 18: Suche nach geeigneten Sequenzen für Primer

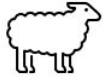
Letztendlich verglichen wir die beiden FASTA-Dateien der Gene mithilfe eines Alignments. Nun waren alle Übereinstimmungen der Basenpaare zwischen den beiden Tierarten deutlich durch einen Strich und alle Unterschiede durch eine Lücke gekennzeichnet (siehe Abb. 19). Hierbei konnte man bei einigen Gen-Alignments, wie beispielsweise bei *scd*, *ghi* und *fgf5*, sofort feststellen, dass sie für unsere Fragestellung ungeeignet waren, da die Anzahl an Sequenzunterschieden zu gering war. Am bes-

Sequenzvergleich über Alignment

Sequence ID: **Query_7428919** Length: **324** Number of Matches: **1**

Range 1: 44 to 276 [Graphics](#)

▼ [Next Match](#) ▲



Query: Schaf
Sbjct: Ziege



Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
342 bits(185)	5e-99	218/234(93%)	2/234(0%)	Plus/Plus
Query 2	TGGAGTATCATAAGAGCGAGT	GTCGTTTCTCCAACGGGACGGAGCGGGTGC	GGTACCTGG	61
Sbjct 44	TGGAGTATCATAAGAGCGAGT	GTCATTCTTCAACGGGACCGAGCGGGTGC	GGTTCCTGG	103
Query 62	ACAGATACTTCTATAATGGAGAAGAGTACGTGCGCTTCGACAACGACTGGGGCGAGTACC			121
Sbjct 104	ACAGATACTTCTATAATGGAGAAGAGTACGTGCGCTTCGACAACGACTGGGGCGAGTTC			163
Query 122	GAGCGGTGGCCGAGCTGGGGCGGC - GGAGCGCCGAGTACTGGAACAGCCGG	AAGGACTTC		180
Sbjct 164	GGGCAGTGGCCGAGCTGGGGCGGC	CGGA-CGCCAAGTACTGGAA	CAGCCAGAGGAGATC	222
Query 181	CTGGAGCAGACGCGGGCCGAGGTGGACACGTACTGCAGACACAAC	TACGGGGTC		234
Sbjct 223	CTGGAGCAGAGGCGGACCGAGGTGGACACGTTCTGCAGACACAAC	TACGGGGTC		276

Abb. 19: Alignment und mögliche Primer beim Gen *mhc-II*;
blau: Sequenzen für Schafprimer, gelb: Sequenzen für Ziegenprimer

ten geeignet waren die Gene für MHC-II (übernimmt Funktionen im Immunsystem), Cyt-b (übernimmt den Elektronentransport in den Mitochondrien) und MUC1 (ein Protein, das dem Schutz von epithelialen Oberflächen dient). Das Gen *muc1* wies die meisten Sequenzunterschiede auf.

Primerdesign

JOHANNA SPITZER

Damit bei einer PCR die einzelnen DNA-Stränge so vervielfältigt werden, dass am Ende zur Auswertung geeignete DNA-Fragmente entstehen, muss man passende Primer designen. Dazu verglichen wir, nachdem wir geeignete Gene gefunden hatten, diese mithilfe eines Alignments und suchten nach Stellen, bei denen möglichst viele Unterschiede vorhanden waren. Das war nicht immer ganz einfach, denn auch wenn sich Gene von verschiedenen Tierarten stärker unterscheiden, müssen die Unterschiede relativ nah beieinander sein, da ein Primer bestenfalls nur 18 bis 25 Basenpaare (bp) lang sein sollte. Die nah beieinander gelegenen Sequenzunterschiede brauchen wir, damit ein Primer beispielsweise nur für die Basensequenz im Gen

einer Ziege passt, bei der Sequenz im entsprechenden Gen eines Schafes aber nicht. Dann kann er sich bei einer PCR nur bei der Probe der Ziege anlagern (siehe Abb. 20). Schaf-DNA würde dann bei der PCR nicht vervielfältigt werden. Hierbei müssen nicht beide Primer (also Forward- und Reverse-Primer) unterschiedlich sein, da einer der beiden Primer sich dann zwar anlagern könnte, man aber immer beide Primer braucht. Die DNA würde nicht weiter vervielfältigt werden, wenn zum Beispiel nur der Forward-Primer passt.

Man könnte auch in Erwägung ziehen, nach Stellen zu suchen, bei denen das Gen der einen Tierart deutlich mehr Basen hat als das der anderen. Bei einem Alignment würden dabei größere Lücken entstehen. Bei einer PCR hätte man dann unterschiedlich lange DNA-Stücke, die man auch durch eine Gel-Elektrophorese unterscheiden könnte. Bei einer Kreuzung aus Schaf und Ziege müsste es dann zwei Banden geben.

Als wir geeignete Stellen für die Primer gefunden hatten, überprüften wir, ob die Primer, die wir für diese Stellen design hatten, auch weitere wichtige Anforderungen erfüllten. Die beiden Primer mussten weit genug voneinan-

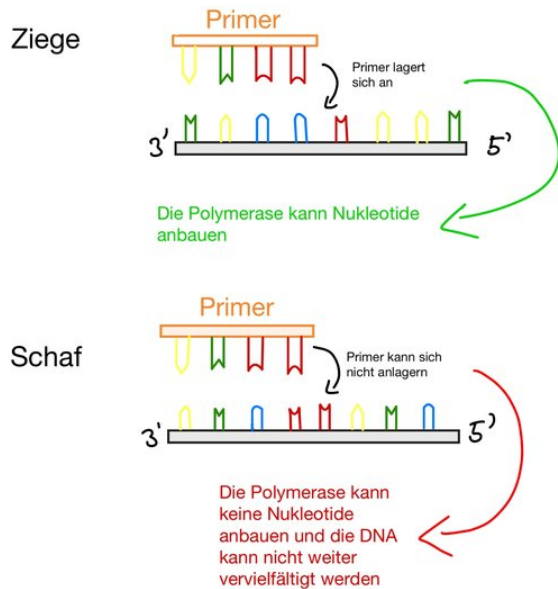


Abb. 20: Die Primer-Sequenz muss zur DNA-Vorlage komplementär sein, damit sich Primer anlagern können

der entfernt sein, wobei die minimale Entfernung nicht kleiner sein sollte als die kürzesten DNA-Stränge, die unser Längenstandard beinhaltete, da wir die Anzahl der Basenpaare der späteren DNA-Stränge sonst nicht bestimmen könnten. Außerdem mussten wir auch beachten, dass der Anteil von jeder Basenpaar-Sorte (also Adenin–Thymin beziehungsweise Guanin–Cytosin) im Bereich, in dem der Primer liegen sollte, zwischen 40 % und 60 % lag. Sobald wir das überprüft hatten, konnten wir die Schmelztemperatur unserer Primer mit folgender Näherungsformel ausrechnen:

$$T_m \text{ in } ^\circ\text{C} = 4 \cdot \text{Anzahl}(\text{G} + \text{C}) + 2 \cdot \text{Anzahl}(\text{A} + \text{T})$$

Guanin und Cytosin leisten einen höheren Beitrag zur Schmelztemperatur, da sie durch drei Wasserstoffbrücken miteinander verbunden sind, Adenin und Thymin aber nur durch zwei. Ausgehend von der Schmelztemperatur bestimmten wir die Annealing-Temperatur für die PCR, indem wir 3 °C subtrahierten.

Nachdem wir die Schmelztemperaturen für Forward- und Reverse-Primer einer Tierart möglichst nah beieinander hatten (zum Beispiel durch Weglassen oder Hinzufügen einzelner Basen am Anfang oder Ende der Sequenz), wiederholten wir den Vorgang erneut für die

Sequenz der anderen Tierart, sodass es möglich war, die PCR mit Primern für beide Tierarten bei derselben Temperatur durchzuführen.

Beim Bestellen der Primer bemerkten wir, dass dort die Schmelztemperaturen offensichtlich anders berechnet wurden, weil stark abweichende Werte angegeben wurden, obwohl wir immer auf ähnliche Schmelztemperaturen geachtet hatten. Für unsere *muc1*-Primer lagen diese Werte dann einmal bei 50 °C und einmal bei 70 °C, sodass wir diese Primer nicht bestellten.

Unsere selbst designten Primer

Gen Tierart	Primer-Sequenz	Schmelz- Temperatur T_m	Erwartete Länge der DNA-Stücke
<i>mhc-II</i>			
Schaf Fwd	5' GGAGTATCATAAGAGCGAGT 3'	58 °C	188 bp
Rev	5' TCTGCTCCAGGAAGTCCTT 3'	58 °C	
Ziege Fwd	5' GGAGTATCATAAGAGCGAGT 3'	58 °C	162 bp
Rev	5' TCCAGTACTTGGCGTCCG 3'	58 °C	
<i>cyt-b</i>			
Schaf Fwd	5' GGCTATGTTTTACCATGAGG 3'	58 °C	344 bp
Rev	5' GTACTAGTAGCATGAGGATG 3'	60 °C	
Ziege Fwd	5' GGCTATGTTTTACCATGAGG 3'	58 °C	369 bp
Rev	5' TCTCCGAGTAGGTCGGGTGT 3'	60 °C	

Abb. 21: Sequenzen unserer selbst designten Primer mit Schmelztemperatur T_m und erwarteter Fragmentlänge

Vorab bestellte Primer

HENNADII KRYLOV

Um den selbstgebaute PCR-Roboter testen zu können, konnten wir wegen der langen Lieferzeit nicht auf unsere selbst designten Primer warten. Deshalb hatten unsere Kursleiter vorab Primer bestellt. Die Sequenzen dieser Primer stammen aus einer Veröffentlichung (Rodríguez et al., 2004⁴). Es handelt sich um Primer für ein anderes Gen, nämlich für das *12S-rRNA*-Gen. Die 12S-rRNA findet man in Mitochondrien, wo sie für die Synthese von mitochondrialen Proteinen wichtig ist. Dieses Gen ist gut für die Identifizierung von Tierarten geeignet, weil es sowohl artübergreifend identische als auch artspezifische Bereiche hat. Das ermöglicht die Verwendung eines gemeinsamen Forward-Primers und verschiedener Reverse-

⁴Rodríguez, M. A., García, T., González, I., Asensio, L., Hernández, P. E., Martín, R. (2004): *PCR Identification of Beef, Sheep, Goat, and Pork in Raw and Heat-Treated Meat Mixtures*. Journal of Food Protection 67(1), 172–177. DOI: 10.4315/0362-028x-67.1.172.

Primer. Wir bestimmten anhand der veröffentlichten Sequenzen mithilfe von Alignments die erwarteten Fragmentlängen. Bei Verwendung dieser Primer ist die erwartete Länge der amplifizierten Produkte bei Ziegen (*Capra hircus*) 142 bp und bei Schafen (*Ovis aries*) 371 bp. In Abb. 22 sieht man, an welchen Stellen im *12S-rRNA*-Gen die Primer an die Ziegen-DNA binden. Aus der Differenz erhält man die erwartete Fragmentlänge.

Ziege: PCR-Produkte von 141 bp



Abb. 22: Bestimmung der erwarteten Fragmentlänge bei den Ziegenprimern aus der Veröffentlichung

Anhand der berechneten Längen der PCR-Produkte konnten wir die benötigte Elongationszeit für die PCR bestimmen (50 s). Außerdem konnten wir für die Gel-Elektrophorese die benötigte Agarose-Konzentration (2 %) abschätzen und einen geeigneten Längenstandard (Längen 100–1000 bp) auswählen. Diese Informationen waren für die Gruppen Roboterbau und Laborarbeit wichtig, damit wir gemeinsam eine erfolgreiche PCR durchführen konnten.

Bau eines eigenen Thermocyclers

Roboter-Konstruktion

KILIAN ERNST

Um eine PCR durchzuführen, braucht man ein Gerät, das die notwendigen Temperaturänderungen für die einzelnen Phasen schnell und genau durchführt. Solche Geräte heißen Thermocycler und sind teuer. Um eine PCR selbst durchführen zu können, haben wir unseren eigenen Thermocycler gebaut. Da bei einer PCR in wenigen Sekunden die Temperatur um bis zu 35 °C verändert werden muss, beschäftigten wir uns zuerst mit der Frage, wie wir eine so schnelle Temperaturveränderung überhaupt mit den uns zur Verfügung stehenden Mitteln herbeiführen können. In einem normalem Thermocycler wird dazu ein Peltier-

Element verwendet, also ein elektrothermischer Wandler, der bei Stromdurchfluss entweder erhitzt oder kühlt. So können schnelle und auch sehr präzise Temperaturänderungen ermöglicht werden. Zusätzlich werden die Proben in einen Probenblock aus Aluminium, der sehr gut Wärme leiten kann, gesteckt. So kann die Wärme sehr schnell und ohne große Verluste direkt an die Proben weitergegeben werden.

Wir konnten keine Peltier-Elemente benutzen, deswegen erhitzen wir Wasser und hielten die Proben dort hinein. Allerdings brauchten wir für das Erhitzen des Wassers um 23 °C und für die darauffolgende Abkühlung um 35 °C jeweils weitaus mehr als eine Minute, obwohl wir das Wasser teilweise vollständig austauschten. Dies lag daran, dass sich zu viel Wärme in den Gefäßen für das Wasser sammelte, die von unseren Heizplatten beheizt wurden. Deshalb entschieden wir uns dazu, drei unterschiedliche Wasserbäder auf jeweils einer konstanten Temperatur zu halten und die Proben von einem Wasserbad in das nächste zu transportieren.

Dafür bauten wir aus einem programmierbaren LEGO Mindstorms NXT-Baustein und LEGO-Technik-Steinen einen Roboter, der die Proben autonom von einem Wasserbad in das nächste transportierte. Um sicherstellen zu können, dass der Roboter nicht von seiner Spur abwich, ließen wir ihn auf Schienen fahren. Außerdem hatte er einen Kranarm, der über die Wasserbäder gehalten wurde. Im Kranarm verlief ein Seilzug, an dem die Halterung für die Proben befestigt war. Zur Stabilisierung des Krans versahen wir ihn mit zwei Stützrädern, die nicht angetrieben wurden.

Die Probenhalterung musste wasser- und hitzebeständig sein. Nach einigen Tests mit verschiedenen Materialien entschieden wir uns für Aluminium. Die Probenhalterung hatte Platz für acht Proben, die in einem Drei-mal-drei-Quadrat angeordnet waren, mit einem Massestück in der Mitte. Das Massestück war nötig, weil die Gefäße mit den Proben hauptsächlich mit Luft gefüllt waren und somit auf dem Wasser schwimmen würden. Dies sollte vermieden werden, da sonst das Gefäß ungleichmäßig erhitzt würde. Dadurch würde Flüssigkeit innerhalb des Gefäßes verdampfen, was zur Folge hätte,



Abb. 23: Unser fertiger PCR-Roboter, die Probenhalterung befindet sich gerade in einem der drei Wasserbäder

dass die Stoffkonzentration in der restlichen Flüssigkeit unten im Gefäß nicht mehr mit der benötigten übereinstimmen würde. Bei unserer ersten PCR sprangen zwei Probengefäße aus der Halterung und schwammen dann im Wasserbad. Für unsere zweite PCR optimierten wir deshalb die Probenhalterung: Wir konstruierten einen „Deckel“ aus Aluminium, damit die Gefäße mit den Proben sicher in der Halterung blieben.

Dem Ganzen bauten wir noch ein Grundgerüst aus Holz, auf dem der Roboter erhöht fuhr, um Höhenunterschiede zwischen Roboter und Wasserbädern auszugleichen. Zusätzlich fertigten wir eine Kabelführung und eine Wand an, an der sich der Roboter orientierte. Diesen Aufbau sieht man in Abb. 23.

Roboter-Programmierung

LINA BANGERT

Parallel zum Roboterbau beschäftigten wir uns mit der Programmierung, damit unser Roboter am Ende der Science Academy einen vollständigen PCR-Ablauf durchführen konnte. Wir begannen mit der Grundlage: dem Vor- und Zurückfahren. Dabei mussten wir die Motoren der Räder so ansteuern, dass sie sich fünfmal drehten. So erreichten wir, dass der Roboter immer mit dem gleichen Abstand zu den jeweiligen Wasserbädern fuhr.

Ein weiterer Programmbestandteil war das Anheben und Ablassen der DNA-Proben. Hier-

zu war eine Ansteuerung des Motors für den Seilzug notwendig. Zuerst drehte sich dieser 2,7 Umdrehungen vor und wickelte damit das Seil ab. Anschließend drehte er sich wieder 2,7 Umdrehungen zurück, wodurch das Seil hochgezogen wurde. Zwischen dem Abwickeln und dem Hochziehen des Seiles wurde beim ersten Mal 30 Sekunden, beim zweiten Mal erneut 30 Sekunden und beim letzten Mal 50 Sekunden gewartet. Diese Intervalle entsprachen der Denaturierungs-, Annealing- und Elongationszeit bei unserer ersten PCR. Die Zeiten ließen sich im Programm leicht verändern, um an die jeweiligen PCR-Anforderungen angepasst werden zu können. Danach fuhr der Roboter zurück zum Startpunkt.

Damit der Roboter auch bei jedem Zyklus an derselben Stelle von vorne begann, bauten wir einen Tastsensor ein. Wurde dieser an der Rückwand ausgelöst, startete ein neuer Zyklus.

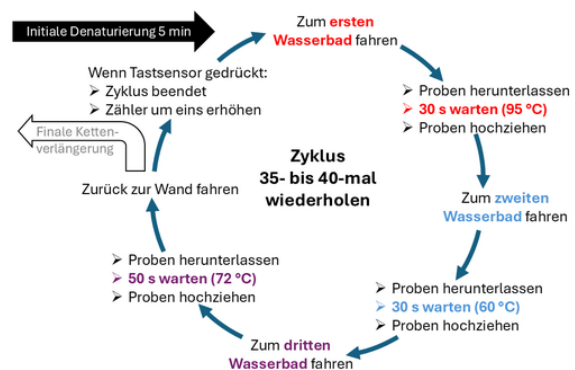


Abb. 24: Die Aktionen unseres PCR-Roboters in einem Zyklus, der 35- bis 40-mal wiederholt wird

Allgemein wird dieser gesamte Prozess 35- bis 40-mal wiederholt, je nachdem, wie viele DNA-Kopien benötigt werden und in welchem Zustand die DNA für weitere Untersuchungen vorliegen muss. Bei unserer ersten PCR war es unpraktisch, dass wir während der laufenden PCR nicht sehen konnten, in welchem Zyklus sich der Roboter befand. Deshalb optimierten wir unser Programm für die zweite PCR so, dass der aktuelle Zyklus auf dem Display des Roboters angezeigt wurde. Dazu verwendeten wir eine Variable, die nach jedem Zyklus, also immer nach dem Auslösen des Tastsensors, um eins erhöht und dauerhaft ausgegeben wurde.

Temperaturmessung mit einem Arduino

MARIYA LUDWIG

Ein weiteres Ziel des Teams Thermocycler war es, die benötigten Temperaturen in den drei Wasserbädern einzustellen und konstant zu halten. Wir wollten die Temperatur mit wasserdichten Temperatursensoren erfassen und über einen Arduino auf einem LC-Display ausgegeben. Die Temperatureinstellung an den Heizplatten vom LSZU für die Wasserbäder mussten wir manuell anpassen.

```

13 void loop() {
14     messwert=analogRead(A0);
15     temperatur=500*messwert/1023; //Messwert in Temperatur
16     Serial.print ("Temperatur:");
17     Serial.println (temperatur);
18     delay (1000);
19     lcd.setCursor(0, 0); // Position Cursor
20     lcd.print("Temperatur: ");
21     lcd.setCursor(0, 1); // erstes Zeichen 2. Zeile.
22     lcd.print(temperatur);
23     delay(500);
24 }

```

Abb. 25: Ausschnitt aus unserem Arduino-Programm

Nach einer kurzen (Wieder-)Einführung in den Arduino und seine Programmierung ging es auch schon los: Unser Plan war es, einen Temperatursensor einzubauen und die gemessene Temperatur auf einem Display und dem seriellen Monitor anzeigen zu lassen. Das gestaltete sich aber schwieriger als gedacht. Zwar war das Programm schnell fertig geschrieben, doch die Werte waren entweder unrealistisch oder wurden gar nicht erst angezeigt.

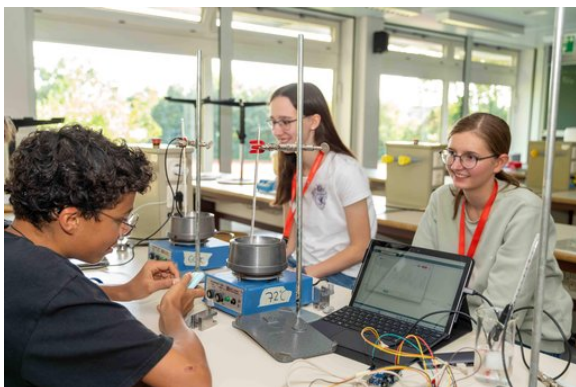


Abb. 26: Überprüfen der Temperaturmessung

Infolgedessen setzten sich einige aus unserem Kurs an den Computer und versuchten, herauszufinden, warum das Ganze nicht funktioniert

hatte. Am Schluss fand Katharina, unsere Kursleiterin und Expertin für den Arduino, den Fehler. Es stellte sich heraus, dass wir verschiedene Variablentypen vermischt und das Display immer wieder gelöscht hatten. Die falschen Werte resultierten aus einem Fehler in der Umrechnung von Spannung in Temperatur. Der Sensor ändert temperaturabhängig seinen Widerstand. Der Arduino misst daraufhin eine Spannungsänderung. Diese muss dann wiederum in die Temperatur in Grad Celsius umgerechnet werden.

Am Tag darauf ging es um die Ausweitung auf drei Sensoren, da wir uns für drei Wasserbecken entschieden hatten und in jedem die Temperatur messen wollten. Abgesehen von einem kleinen Tippfehler im Programm funktionierte dies zuverlässig. Zum Testen der Sensoren gingen wir anschließend ins Labor. Als Vergleich nutzen wir analoge Thermometer. Tatsächlich zeigten am Ende alle digitalen Thermometer die Temperaturen sinnvoll an (siehe Abb. 27).

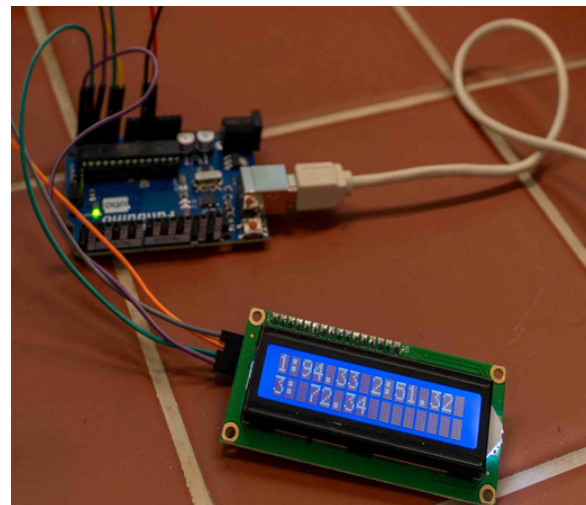


Abb. 27: Temperaturanzeige mit dem Arduino auf einem LC-Display

Zum Schluss brachten wir noch ein mobiles Thermometer an der Probenhalterung an, um den Temperaturverlauf unserer eigenen PCR verfolgen zu können. Dies funktionierte ähnlich wie im ersten Versuch, allerdings ließen wir uns zusätzlich im „Serial Plotter“ ein Diagramm zur gemessenen Temperatur erstellen. In Abb. 28 ist der Temperaturverlauf für zwei Zyklen dargestellt. Man kann sehr gut die typischen Temperaturen für die drei Zyklus-Phasen

sehen: 95 °C für die Denaturierung, 66 °C zur Primeranlagerung und 72 °C für die Elongation. Leider waren die Temperatursensoren etwas träge, deshalb sieht es so aus, als ob die 95 °C in der Denaturierungsphase nur sehr kurz vorherrschen würden und nicht für die eingestellten 40 Sekunden. In unseren Probengefäßen mit 42 µL Flüssigkeitsvolumen hat sich die Temperatur aber vermutlich wesentlich schneller geändert.

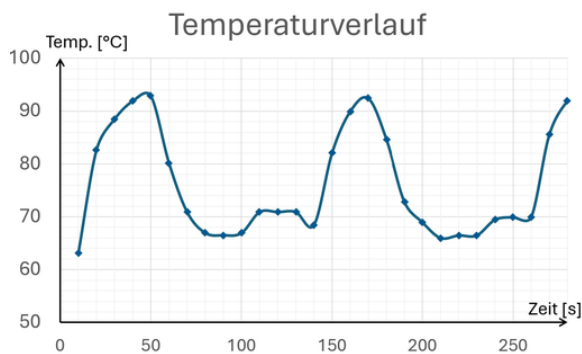


Abb. 28: Mit dem Arduino aufgezeichneter Temperaturverlauf für zwei PCR-Zyklen

Schaf oder Ziege?

ELENA ZWINGMANN

Proben von Tieren nehmen



Abb. 29: Entnahme von Mundschleimhautzellen mit Karotten

Um an die DNA der vier Tiere auf dem LSZU-Gelände zu kommen, verwendeten wir Karotten. Mit der Karotte berührten wir die Mund-

schleimhaut der Tiere und zogen sie dann wieder aus dem Maul heraus. Anschließend spülten wir den Speichel der Tiere mit etwas Wasser von der Karotte in ein Becherglas und überprüften mit dem Mikroskop, ob sich Mundschleimhautzellen in den Proben befanden. Danach isolierten wir die DNA für unsere PCR mit InstaGene™ Matrix.

PCR-Ergebnisse

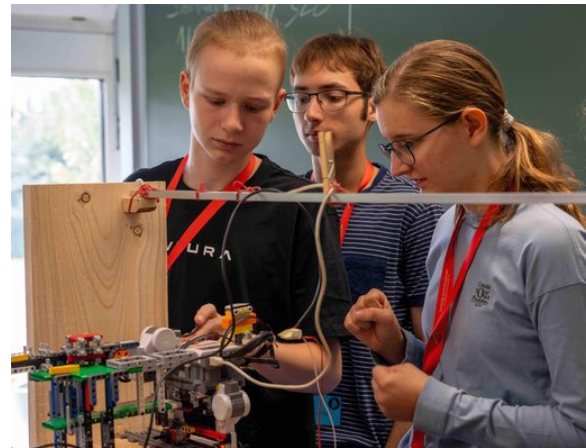


Abb. 30: Der Roboter wird für die PCR vorbereitet

Von jedem Tier gaben wir je zwei Proben in unsere PCR: Eine mit den vorab bestellten Ziegenprimern und eine mit den entsprechenden Schafprimern. Bei Ziegenprimern war die erwartete Länge der vervielfältigten DNA-Sequenzen 141 Basenpaare, bei den Schafprimern 371 Basenpaare. Nachdem unser eigener PCR-Roboter die Proben erfolgreich vervielfältigt hatte, führten wir eine Gel-Elektrophorese durch und färbten die Proben mit SYBR Green ein. Im Gel konnte man dann bei den Proben, die den Primer der richtigen Tierart enthielten (dort, wo die DNA also vervielfältigt wurde), Banden sehen. Wenn also bei einer Probe mit Schafprimern eine Bande zu sehen war, handelte es sich bei dem Tier um ein Schaf. Sah man bei einer Probe mit Ziegenprimern eine Bande, handelte es sich um eine Ziege. Daran und anhand der Strecke, welche die DNA durch das Gel gewandert war (also der Länge der DNA-Sequenzen), konnten wir feststellen, welche der Tiere Ziegen und welche Schafe sind.

Unsere Ergebnisse sieht man in Abb. 31. In den beiden zum schwarzen Tier 1 gehörenden Spu-

ren erkennt man eine Bande nur in der linken Spur. Die DNA mit dem Schafprimer wurde also vervielfältigt, die mit dem Ziegenprimer nicht. Das Tier ist ein Schaf. Bei Tier 2 haben wir ausprobiert, Schaf- und Ziegenprimer gleichzeitig in einem Reaktionsgefäß zu verwenden. Das hat funktioniert: In der linken Spur mit beiden Primern sieht man eine Bande. Diese ist auf der gleichen Höhe wie die Bande in der rechten Spur von Tier 2. Beide Male ist die DNA weiter gewandert als die bei Tier 1. Es handelt sich also um Ziegen-DNA, die bei diesen Primern zu kürzeren Stücken führt. Tier 2, „Barty“, ist also eine Ziege. Entsprechend ist Tier 3 ein Schaf und Tier 4 eine Ziege. Damit haben wir unsere Fragestellung beantwortet: **Am LSZU gibt es zwei Schafe und zwei Ziegen!**

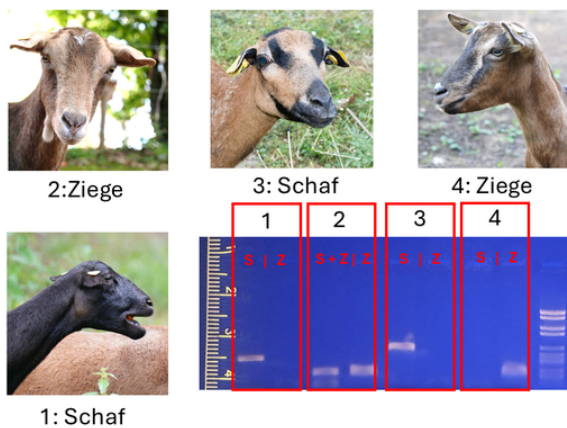


Abb. 31: PCR-Ergebnisse; S: Schafprimer, Z: Ziegenprimer

Ergebnisse mit eigenen Primern

KURS GENETIK

Pünktlich zum Ende der Sommerakademie hatten wir mit unserem eigenen PCR-Roboter das Mysterium um die Tiere auf dem Akademiegelände gelöst. Mit Spannung warteten wir auf das Dokuwochenende, um unsere selbstdesignierten Primer testen zu können. Wir führten eine PCR durch, bei der wir die DNA der Tiere jeweils mit dem *mhc-II*-Primerpaar für Schaf beziehungsweise Ziege und dem *cyt-b*-Primerpaar für beide Tierarten vervielfältigten. Die Auswertung bestätigte unsere Ergebnisse vom

Sommer. In Abb. 32 sieht man den Gelausschnitt für die DNA von Barty (Ziege).

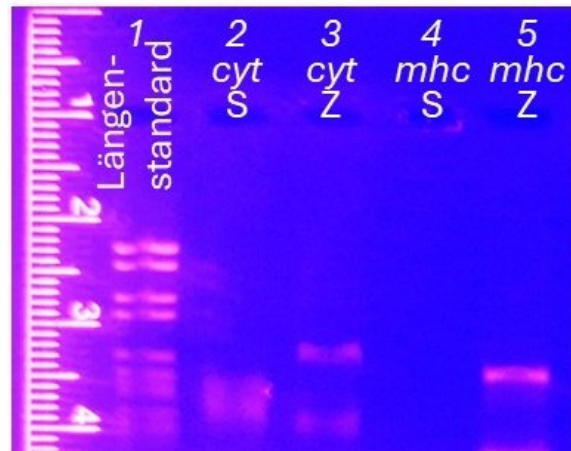


Abb. 32: PCR-Ergebnisse Ziegen-DNA mit eigenen Primern

In Spur 1 ist ein Längenstandard aufgetragen. In den Spuren mit Schaf-Primern (2 und 4) erkennt man keine Banden, in den Spuren mit Ziegenprimern (3: *cyt-b* und 5: *mhc-II*) sieht man, dass DNA vervielfältigt wurde. Die DNA-Stücke im Ansatz mit den *cyt-b*-Primern sind länger, wie wir es erwartet haben (vergleiche Abb. 21). In Spur 2, beim *cyt-b*-Schafprimer, gibt es keine deutliche Bande, es scheinen aber viele unterschiedliche, kurze DNA-Stücke entstanden zu sein. Vermutlich hat der Primer unspezifisch an die DNA an verschiedenen Stellen gebunden. Hier müssten wir weitere Versuche machen, um die Annealing-Temperatur zu optimieren. Dafür hatten wir am Dokuwochenende aber leider keine Zeit mehr. Trotzdem sind wir sehr stolz, dass auch unsere selbstdesignierten Primer funktionieren.

Exkursion ans EMBL

KLEMENS LEHMANN

Am Montag, den 8. September, fuhren wir schon frühmorgens mit einem gecharterten Bus zum Europäischen Laboratorium für Molekularbiologie (EMBL) in Heidelberg. Am EMBL angekommen, wurden wir im Imaging Centre von unserem Guide empfangen und ins ATC-Gebäude (Advanced Training Centre) geführt. Dieses Gebäude ist nach dem Vorbild der Struktur der DNA, also einer Doppelhelix, aufgebaut.

In dem zylinderförmigen Gebäude ist das Treppenhaus, welches aus zwei gegenläufigen Rampen besteht, deshalb in der Mitte angebracht und die Büroräume zeigen nach außen. Im Gebäudenamen kommen drei der vier Basen der DNA vor: Adenin, Thymin und Cytosin. Das „G“ für die letzte Base Guanin befindet sich vor dem Gebäude in Form einer Statue. Im ATC-Gebäude erhielten wir einen Vortrag über die Bildung und Faltung von Aminosäureketten. Wir lernten, dass jede Aminosäure aus dem gleichen Grundgerüst besteht. Es gibt ein zentrales Kohlenstoffatom, dieses ist verbunden mit der Aminogruppe (NH_3^+), einem Wasserstoffatom (H), der Carboxylgruppe (COO^-) und einer Seitenkette (Rest, R). Letztere ist je nach Aminosäure unterschiedlich aufgebaut. Die Seitenkette kann nur aus einem Atom oder auch aus komplexen Atomstrukturen bestehen. Sie ist ausschlaggebend für die Eigenschaften der Aminosäure. Wesentlich für die Struktur von Proteinen ist die Anordnung der Aminosäuren in der Aminosäurekette. Diese bestimmt die räumliche Struktur der Kette. Hierfür gibt es bestimmte Regeln, wie die räumliche Struktur auszusehen hat. Je nachdem, welche Aminosäuren vorhanden sind, ergibt sich ein anderes Protein, welches zum Beispiel für den Stofftransport zuständig oder an Regulationsprozessen beteiligt sein kann. Anschließend bauten wir mit Modellen unsere eigenen Aminosäureketten und falteten sie entsprechend der Reste der eingebauten Aminosäuren zu dreidimensionalen Proteinen. Das war sehr interessant.

Nach dem praktischen Teil bekamen wir von einer Wissenschaftlerin, die am EMBL arbeitet, einen Einblick in ihren Berufsalltag und in die Arbeitsweise in der wissenschaftlichen Forschung. Am Schluss hatten wir alle eine sehr gute Vorstellung von diesem Berufsfeld, was uns sehr geholfen hat. Im neuesten Gebäude des EMBL, dem Imaging Centre, verbrachten wir unsere verbleibende Zeit. Dort gibt es eine Ausstellung, die von den aktuellen Forschungsergebnissen des EMBL handelt. Durch interaktive Bildschirme, VR-Brillen und viele detailreiche Animationen konnten wir noch weiter in die Welt der DNA und Molekularbiologie eintauchen. Es gab unter anderem Stationen über genetisch bedingte Krankheiten, Zelltei-

lung, Microglia-Zellen, welche die Neuronen im Gehirn „reparieren“, Licht- und Elektronenmikroskope und viele weitere spannende Themen.



Abb. 33: Picknick vor dem EMBL

Nachdem wir unser Vesper bei leichtem Regen vor dem EMBL gegessen hatten, liefen wir als Kurs noch gemeinsam runter in die Innenstadt von Heidelberg. Nach einem kleinen Aufenthalt in einer der längsten Fußgängerzonen Europas gingen wir zum Heidelberger Bahnhof und fuhren zurück nach Adelsheim. Wir hatten einen schönen und sehr interessanten Tag in Heidelberg und am EMBL und sind sehr dankbar für die schönen Erfahrungen und die interessanten Einblicke in die Welt der molekularbiologischen Forschung, die wir dort bekamen.

Schluss

KURS GENETIK

Während der zwei Wochen Sommerakademie lernten wir nicht nur fachlich Vieles dazu, sondern wuchsen auch als Kurs zusammen. So gelang uns dann der glorreiche Sieg beim Sportfest. Unsere Zeit in Adelsheim lässt sich super mit unserem Schlachtruf zusammenfassen: „**Veni – vici – Ziegi!**“



Abb. 34: Üben für die Vorträge

Zitate

Ich WAR Noah (Noah)

Drei ist da, wo die drei steht (Klaus)

Habt ihr wirklich keine Probleme? (Klaus)

7 Handys lang und 1,5 Handys breit (Helia)

Es wird kein Chaos geben, ihr habt doch mich (Nilay)

War das Banane? Nein, das war Noah. (Emilia und Frida)

Das Leben ist hart, doch die Karotte ist härter (Helia)

Ist okay, ich habe ja einen geilen Arsch (Anonym)

Wo ist Elena? (Der gesamte Kurs, immer)

Der Whiskeymixer mixt Whiskey

Denkt an die Korken (Helia)

Meine Baaabys (Helia)

Alles nur Probleme im Nanometerbereich (Kilian)

Unterschiede im Immunsystem und Verdauungstrakt (Alle, während der Übungspräsentationen auf die Frage: „Welche Unterschiede zwischen Schaf und Ziege kann man auf diesem Bild erkennen?“)



Danksagung

Wir möchten uns an dieser Stelle bei denjenigen herzlich bedanken, die die 22. JuniorAkademie Adelsheim / Science Academy Baden-Württemberg überhaupt erst möglich gemacht und in besonderem Maße zu ihrem Gelingen beigetragen haben.

Finanziell wurde die Akademie in erster Linie durch die Dieter Schwarz Stiftung, die Vector Stiftung, die Hopp Foundation for Computer Literacy & Informatics und den Förderverein der Science Academy gefördert. Dafür möchten wir allen Unterstützern ganz herzlich danken.

Die Science Academy Baden-Württemberg ist ein Projekt des Regierungspräsidiums Karlsruhe, das im Auftrag des Ministeriums für Kultus, Jugend und Sport Baden-Württemberg für Jugendliche aus dem ganzen Bundesland realisiert wird. Wir danken Frau Anja Bauer, Abteilungspräsidentin der Abteilung 7 „Schule und Bildung“ des Regierungspräsidiums Karlsruhe, der Leiterin des Referats 75 „Allgemein bildende Gymnasien“, Frau Leitende Regierungsschuldirektorin Dagmar Ruder-Aichelin, sowie dem Referat 35 „Allgemein bildende Gymnasien“ am Ministerium für Kultus, Jugend und Sport Baden-Württemberg, namentlich Herrn Jan Wohlgemuth und seiner Nachfolgerin Frau Dr. Margret Fetzer.

Koordiniert und unterstützt werden die JuniorAkademien von der Bildung & Begabung gGmbH in Bonn, hier gilt unser Dank der Leiterin des Bereichs Akademien Frau Dr. Ulrike Leikhof, der Referentin für die Deutschen JuniorAkademien und die Deutschen SchülerAkademien Dr. Dorothea Brandt sowie dem gesamten Team.

Wir waren wie immer zu Gast am Eckenberg-Gymnasium mit dem Landesschulzentrum für Umweltbildung (LSZU). Für die herzliche Atmosphäre und die idealen Bedingungen auf dem Campus möchten wir uns stellvertretend für alle Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter bei dem Schulleiter des Eckenberg-Gymnasiums Herrn Oberstudiendirektor Martin Klaiber sowie dem Leiter des LSZU Herrn Studiendirektor Christian Puschner besonders bedanken.

Ein herzliches Dankeschön geht auch an Frau Oberstudiendirektorin Dr. Andrea Merger, Leiterin des Hölderlin-Gymnasium in Heidelberg, und Herrn Oberstudiendirektor Stefan Ade, Leiter des Schwetzingen Hebel-Gymnasiums, wo wir bei vielfältiger Gelegenheit zu Gast sein durften.

Zuletzt sind aber auch die Leiterinnen und Leiter der Kurse und der kursübergreifenden Angebote gemeinsam mit dem Schülermentorenteam und der Assistenz des Leitungsteams diejenigen, die mit ihrer hingebungsvollen Arbeit das Fundament der Akademie bilden.

Diejenigen aber, die die Akademie in jedem Jahr einzigartig werden lassen und sie zum Leben erwecken, sind die Teilnehmerinnen und Teilnehmer. Deshalb möchten wir uns bei ihnen und ihren Eltern für ihr Engagement und Vertrauen ganz herzlich bedanken.

Bildnachweis

Seite 12, Abbildung DNA-Aufbau:

Von Wikipedia-User Matt bearbeitet nach einer Abbildung von Wikipedia-User Madprime,
https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Chemische_Struktur_der_DNA.svg?lang=de
CC BY-SA 3.0 (<https://creativecommons.org/licenses/by-sa/3.0/legalcode>)

Seite 13, Abbildung DNA-Replikation:

Ausschnitt aus einer Abbildung von Wikimedia-User VWALevi2020,
<https://de.wikipedia.org/wiki/Replikation#/media/Datei:DNA-Replikation.png>
CC BY 4.0 (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/legalcode>)

Seite 15, Abbildung Ablauf einer PCR:

Bearbeitet nach einer Abbildung von Wikimedia-User Enzoklop,
https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Polymerase_chain_reaction.svg
CC BY-SA 3.0 (<https://creativecommons.org/licenses/by-sa/3.0/legalcode>)

Seite 54, Abbildung ISS:

Roskosmos/NASA, <https://www.dlr.de/de/forschung-und-transfer/projekte-und-missionen/iss/die-internationale-raumstation-iss-forschung-im-all-mit-nutzen-fuer-alle>

Seite 62, Abbildung DLR in Lampoldshausen:

DLR, <https://www.dlr.de/de/das-dlr/standorte-und-bueros/lampoldshausen/>
CC BY-NC-ND 3.0 (<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/3.0/legalcode>)

Seite 70, Menschlicher Verdauungstrakt:

Bearbeitet nach einer Abbildung von Wikimedia-User LadyofHats,
https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Digestive_system_diagram_de.svg
Als gemeinfrei gekennzeichnet

Seite 71, Aufbau des Dünndarms:

Bearbeitet nach einer Abbildung von Wikimedia-User McorNGHH,
https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Villi_%26_microvilli_of_small_intestine.svg
CC BY-SA 4.0 (<https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/legalcode>)

Seite 71, pH-Skala:

Wikimedia-User Palmstroem, <https://commons.wikimedia.org/wiki/File:PHscala.png>
CC BY-SA 4.0 (<https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/legalcode>)

Seite 74, elektromagnetisches Spektrum:

Wikimedia-User Horst Frank / Phrood / Anony,
https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Electromagnetic_spectrum_-de_c.svg
CC BY-SA 3.0 (<https://creativecommons.org/licenses/by-sa/3.0/legalcode>)

Seite 89, Fotografie von Bertolt Brecht:

Wikimedia, https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Bundesarchiv_Bild_183-W0409-300,_Bertolt_Brecht.jpg
Bundesarchiv, Bild 183-W0409-300 / Jörg Kolbe
CC BY-SA 3.0 (<https://creativecommons.org/licenses/by-sa/3.0/legalcode>)

Seite 93, Büste des Aristoteles:

Wikimedia, https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Aristotle_Altemps_Inv8575.jpg
Teil der Ludovisi Collection, Foto von Jastrow (2006)
Als gemeinfrei gekennzeichnet

Seite 95, Gemälde von Immanuel Kant:

Wikimedia, https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Kant_gemaelde_3.jpg
Johann Gottlieb Becker (1768)
Als gemeinfrei gekennzeichnet

Seite 95, Fotografie von Arthur Schopenhauer:

Wikimedia, https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Arthur_Schopenhauer_colorized.jpg
CC0 1.0 (<https://creativecommons.org/publicdomain/zero/1.0/legalcode.en>)

Seite 97, Fotografie von Karl Marx:

Wikimedia, https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Karl_Marx_by_John_Jabez_Edwin_Mayall_1875_-_Restored_%26_Adjusted_%283x4_cropped_b%29.png

John Jabez Edwin Mayall (1875)

Als gemeinfrei gekennzeichnet

Seite 99, Gemälde von Friedrich Nietzsche:

Wikimedia, https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Portrait_of_Friedrich_Nietzsche.jpg

Als gemeinfrei gekennzeichnet

Seite 100, Gemälde von Gotthold Ephraim Lessing:

Wikimedia, https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Gotthold_Ephraim_Lessing..jpg

Nach einem Gemälde von Carl Jäger (ca. 1870)

Als gemeinfrei gekennzeichnet

Alle anderen Abbildungen sind entweder gemeinfrei oder eigene Werke.

Bearbeitungen von Bildern unter einer CC-SA-Lizenz werden hiermit unter derselben Lizenz weitergegeben.

Abbildungen der Europäischen Weltraumagentur (ESA) werden gemäß der ESA Standard License für Bildungszwecke verwendet: https://www.esa.int/ESA_Multimedia/Copyright_Notice_Images

Abbildungen der National Aeronautics and Space Administration (NASA) können für Schulen und Lehrbücher ohne explizite Erlaubnis verwendet werden: <https://www.nasa.gov/multimedia/guidelines/index.html>