

Arbeitsblatt V/2: Version für die Lehrkraft

Anmerkung für die Lehrkraft: Das vorliegende Arbeitsblatt beruht auf der Lernmethode „Holistische Konfrontation mentaler Modelle“ (Holistic Mental Model Confrontation), die sich als besonders lernwirksam erwiesen hat¹. Das Erlernen eines neuen wissenschaftlichen Modells geht dann sehr effizient vor sich, wenn die Lernenden das korrekte wissenschaftliche Modell mit einem sogenannten „Laienmodell“ vergleichen. In unserem Fall wird das korrekte Modell für die Struktur der Proteine mit zwei „Laienmodellen“ verglichen.

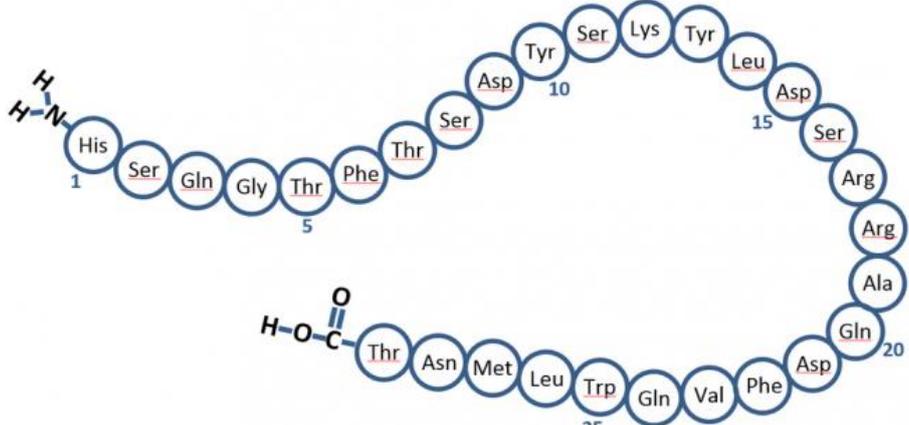
Die Schülerinnen und Schüler werden mit gezielten Fragen angeleitet, die drei Modelle zu vergleichen, um das Gelernte zu vertiefen. Insbesondere soll diese Konfrontation der Modelle es ihnen ermöglichen, die Qualitäten des korrekten Modells zu erarbeiten und sich zu eigen zu machen.

¹ S. Gadgil, T.J. Nokes-Malach and M.T.H. Chi, *Effectiveness of holistic mental model confrontation in driving conceptual change*, Learning and Instruction 22 (2012) 47-61

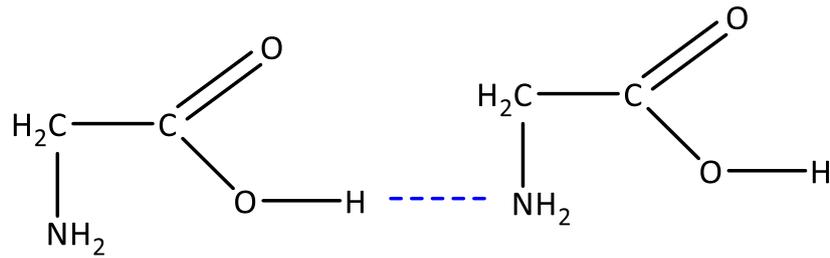
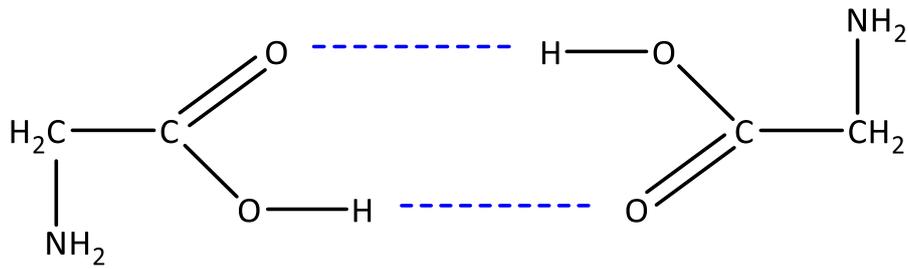
Struktur der Proteine: Vergleich dreier Modelle

Auftrag 1: Auf den folgenden zwei Seiten finden Sie eine kurze Beschreibung der drei Modelle für die Struktur der Proteine mit ihren wichtigsten Merkmalen. Studieren Sie zuerst die drei Modelle sorgfältig.

1. Das „Nur Chemische Bindungs-Modell“


<p>Merkmale</p>
<p>1. Es existieren 20 verschiedene Aminosäuren.</p>
<p>2. Aminosäuremoleküle können sich durch Peptidbindungen zu grösseren Molekülen verbinden.</p>
<p>3. H-Brücken zwischen den einzelnen Aminosäuren sind nicht möglich.</p>

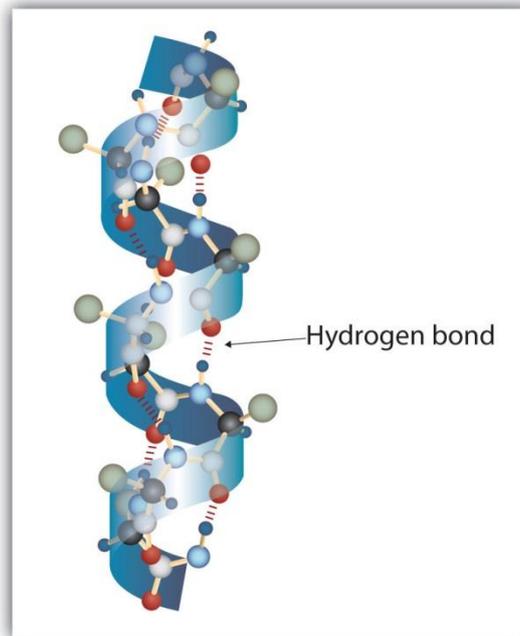
2. Das „Nur H-Brückenmodell“



Merkmale

1. Es existieren 20 verschiedene Aminosäuremoleküle.
2. Die Aminosäuremoleküle können untereinander H-Brücken ausbilden.
3. Chemische Bindungen zwischen den einzelnen Aminosäuren sind nicht möglich.

3. Das „Sowohl Chemische Bindungen als auch H-Brücken-Modell“



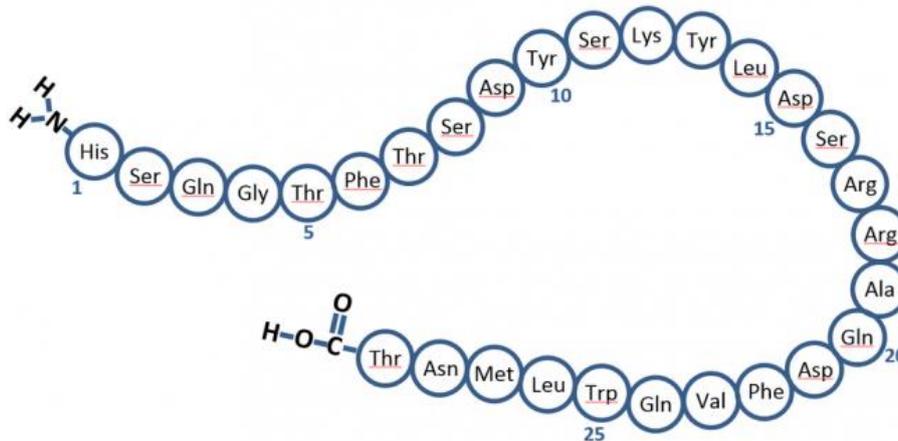
Merkmale

1. Es existieren 20 verschiedene Aminosäuremoleküle.
2. Chemische Bindungen zwischen den einzelnen Aminosäuren sind möglich.
3. Die Aminosäuremoleküle können untereinander H-Brücken ausbilden.

Auftrag 2: Nun sollten Sie die drei Modelle anhand der unten aufgeführten Fragen vergleichen. Achten Sie bitte hierbei auf klare und exakte Formulierung.

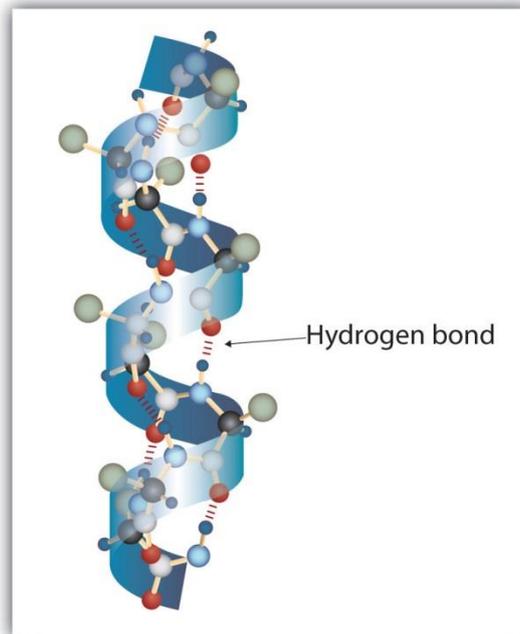
Frage 1: Kann das jeweilige Modell die riesige Vielfalt der Proteine erklären?		
Nur Chemische Bindungen	Nur H-Brücken	Sowohl Chemische Bindungen als auch H-Brücken
<p>Ja, 20 verschiedene Aminosäuren können praktisch unendlich viele verschiedene Moleküle bilden.</p>	<p>Bedingt, da die Aminosäuren zwar durch die H-Brücken zusammenhalten können, ihr Zusammenhalt wäre jedoch relativ schwach, sodass die „Proteine“ bei erhöhter Temperatur zerfallen würden.</p>	<p>Ja, 20 verschiedene Aminosäuren können praktisch unendlich viele verschiedene Moleküle bilden.</p>

Frage 2: Kann das jeweilige Modell die Existenz der Primärstruktur der Proteine erklären?



Nur Chemische Bindungen	Nur H-Brücken	Sowohl Chemische Bindungen als auch H-Brücken
<p>Ja, die Reihenfolge der Aminosäuren ergibt die Primärstruktur.</p>	<p>Nein, da die Aminosäuren zwar durch die H-Brücken zusammenhalten können, ihr Zusammenhalt wäre jedoch relativ schwach, sodass die „Proteine“ bei erhöhter Temperatur zerfallen würden und wieder neue andere Strukturen ausbilden würden. Dies würde die Existenz einer stabilen Primärstruktur unmöglich machen.</p>	<p>Ja, die Reihenfolge der Aminosäuren ergibt die Primärstruktur.</p>

Frage 3: Kann das jeweilige Modell die Existenz der Sekundärstruktur der Proteine erklären?



Nur Chemische Bindungen	Nur H-Brücken	Sowohl Chemische Bindungen als auch H-Brücken
<p>Nein, die Sekundärstruktur wird gerade durch die H-Brücken zusammengehalten.</p>	<p>Nein, da sich keine stabile Primärstruktur ausbilden kann, ist auch eine Sekundärstruktur nicht möglich.</p>	<p>Ja, die Reihenfolge der Aminosäuren ergibt die Primärstruktur und die intramolekularen H-Brücken halten die Sekundärstruktur zusammen.</p>

Ende der Probeansicht