

Angewandte Genomforschung – NGS-Datenanalyse für BiowissenschaftlerInnen

| | | |
|---|--|--|
| Ansprechpartner/in: Pucker, Boas, boas.pucker@uni- bielefeld.de | Fach/Fachgebiet: Biologie / Genomforschung | Zentrale Lehr-Themen: Verbindung Theorie-Praxis, Lehre in Großveranstaltungen, Schreibintensive Konzepte für die Lehre |
|---|--|--|

Zusammenfassung des Lehrprojekts

Der Umgang mit Next Generation Sequencing (NGS)-Daten ist in diversen Biowissenschaften wichtig. Ziel dieses Lehrprojekts ist die Erstellung eines Kurses zur integrierten Vermittlung der theoretischen Hintergründe und der praktischen Anwendung von bioinformatischen Programmen in einer Veranstaltung. Diese Veranstaltung richtet sich an alle hochmotivierten Studierenden der Biowissenschaften mit Interesse an Methoden der Genomforschung. Methodische Besonderheiten dieses Lehrprojekts sind die eigenständige Erarbeitung der Verwendung einzelner Programme, die Anwendung des Erlernten auf publizierte Arbeiten sowie die Erstellung eines Protokolls, das basierend auf einem peer-review Verfahren kontrolliert und optimiert wird. Das verwendete System zur Protokollkorrektur könnte auch für große praktisch orientierte Veranstaltungen (Praktika) als Entlastung der VeranstalterInnen verwendet werden.

1. Übergeordnete Fragestellung des Lehrprojekts

- a) Bisher gab es an der Universität Bielefeld keine Veranstaltung, in der die verschiedenen Aspekte der Genomforschung in dieser Art und Weise integriert behandelt wurden. Einzelne Teile werden in verschiedenen Veranstaltungen abgedeckt. Fast allen Studierenden der Biowissenschaften fehlt ein grundsätzliches Verständnis der Zusammenhänge von Sequenzieretechnologien für Datenproduktion und der Verwendung entsprechender Software für die Auswertung/Datenanalyse.
- b) Bisher werden Praktikumsprotokolle fast ausschließlich von den Veranstaltern kontrolliert. Dies bedeutet einen großen zeitlichen Aufwand für die betreffenden Personen. Außerdem werden die Anmerkungen, die im Rahmen der Durchsicht gemacht werden, von vielen Studierenden nicht beachtet.

Beide Probleme sollen durch dieses Lehrprojekt bearbeitet werden. Ziel der Veranstaltung ‚Applied Genome Research‘ ist die Vermittlung von theoretischem Grundlagenwissen über die Isolation von Material für die Sequenzierung und die verschiedenen Sequenzieretechnologien bis zur Bearbeitung der Next Generation Sequencing (NGS)-Daten mit bioinformatischen Hilfsmitteln. Studierende sollen einen guten Überblick über das Gesamtkonzept erhalten, damit

sie die praktisch durchgeführten Schritte präzise in den Zusammenhang einordnen können. Die Veranstaltung soll zur selbstständigen Analyse von NGS-Daten sowie zum eigenständigen Erlernen des Umgangs mit neuen bioinformatischen Programmen befähigen. Alle durchgeführten Schritte werden zusammen mit den entsprechenden Ergebnissen in einem Protokoll dokumentiert. Um eine hohe Qualität dieses Protokolls zu gewährleisten, wird es basierend auf einem doppelt-blinden peer-review Verfahren durch andere Studierende kontrolliert. Alle Studierende kontrollieren anonymisierte Protokolle anderer Kursteilnehmer und übermitteln das Feedback ebenfalls anonym.

2. Rahmenbedingungen / Besondere Herausforderungen

Die Teilnehmenden haben möglicherweise bereits Vorwissen zu einzelnen Teilen der Kursinhalte. Das Niveau des Kurses musste daher so gewählt werden, dass für alle Interessenten ein Wissenszuwachs möglich ist. Durch didaktische Weichen in den Theorieteilen kombiniert mit praktischen Zusatzübungen wurde diese Herausforderung adressiert.

NGS-Datensätze sind üblicherweise sehr groß und ihre Verarbeitung ist daher mit einem entsprechenden Rechenaufwand verbunden. Um diesen Aufwand möglichst gering zu halten, mussten für alle Übungen in diesem Kurs kleine Testdatensätze generiert werden. Darüber hinaus stellte das Testen aller entwickelten Übungsaufgaben einen großen zeitlichen Aufwand dar.

3. Lehr- und Lernziele, Aktivitäten und Überprüfung

Lehr- und Lernziele:

- 1) Die Studierenden sollen ein grundsätzliches Verständnis für die verschiedenen Teilaspekte der Genomforschung erlangen. Dies wird durch kurze Vorträge mit anschaulichen Grafiken erreicht, die den Studierenden einen ersten Überblick vermitteln.
- 2) Die Studierenden sollen etablierte bioinformatische Programme kennenlernen. Es werden Beispiele für den Aufruf von Programmen präsentiert. Die Anwendung des betreffenden Programms auf ein konkretes Problem ist die folgende Übung.
- 3) Die Studierenden sollen selbständig die Verwendung neuer Programme erlernen. Es wird nur ein Problem präsentiert und die Studierenden sollen selbständig nach einer Lösung dafür suchen.
- 4) Die Studierenden sollen ihre Arbeiten gut dokumentieren und die Dokumentationen von anderen beurteilen lernen. Alle Teilnehmenden erstellen Protokolle zu den bearbeiteten Aufgaben. Diese Protokolle werden dann basierend auf einem doppelt-blinden peer-review Verfahren kontrolliert und optimiert.
- 5) Die Studierenden sollen das Präsentieren von wissenschaftlichen Ergebnissen verbessern. In Form eines Literaturseminars werden aktuelle Arbeiten der Genomforschung mit Bezug zur Datenanalyse von den Teilnehmenden präsentiert und anschließend diskutiert.

Überprüfung:

Die Überprüfung der Ziele 2 und 3 erfolgt automatisch durch die Übungsaufgaben. Eine erfolgreiche Lösung ist ein guter Indikator für das Erreichen dieser Ziele.

Die Ziele 1, 4 und 5 werden durch das Protokoll und den Vortrag überprüft. Das peer-review Verfahren zur Protokollkontrolle bietet eine weitere Überprüfungsmöglichkeit. Die Diskussionen im Kurs stellen zusätzlich eine sehr gute Kontrolle für das generelle Verständnis der verschiedenen Genomforschungsaspekte dar.

Sechs-Lernebenen-Checkliste

Sie haben die Veranstaltung nach der Methode der integrierten Lehrveranstaltungsplanung entwickelt. Füllen Sie hier bitte die Ihrer Lehrveranstaltung zugrunde liegende Sechs-Lernebenen-Checkliste möglichst vollständig aus!

| Lernebene | Lernziele | Lern- und Studienaktivitäten | Rückmeldungen und Prüfungen |
|----------------|---|--|---|
| 1. Fachwissen | Die Studierenden erhalten eine Übersicht über verschiedene Schritte in Genomforschungsprojekten. | Dieses Ziel wird durch das Hören von Vorträgen, das Lesen von Publikationen sowie das Präsentieren und Diskutieren von Publikationen erreicht. | Das Erreichen dieses Ziels wird durch Vorträge mit anschließenden Diskussionen überprüft. |
| 2. Anwendung | Die Studierenden bewältigen eine konkrete Herausforderung und müssen sich dafür eine Lösung durch kreatives Denken und eine Suche im Internet erschließen. | Die Studierenden suchen im Internet nach einer Lösung und probieren Lösungsstrategien aus. | Die erfolgreiche Bewältigung der Herausforderung ist ein guter Indikator für das Erreichen des Ziels. |
| 3. Verknüpfung | Die Studierenden verstehen das grundsätzliche Konzept des Aufrufs von bioinformatischen Programmen, um Gemeinsamkeiten zu erkennen und so effizient selbstständig neue Programme verwenden zu können. | Die Studierenden bearbeiten zahlreiche Übungsaufgaben, die jeweils die Verwendung von anderen bioinformatischen Programmen erfordern. Dabei müssen sie sich die Informationen zunehmend selbstständig erschließen. | Die Hilfestellungen bei den Übungsaufgaben werden mit der Zeit reduziert. Wenn die Studierenden trotzdem weiterhin in der Lage sind die Aufgaben zu lösen, deutet dies auf ein Erreichen des Lernziels hin. |

| | | | |
|---------------------------------|--|---|---|
| <p>4. Menschliche Dimension</p> | <p>Die Studierenden gewinnen an Selbstvertrauen, indem sie selbständig bioinformatische Probleme lösen und einen Vortrag halten. Außerdem sollen sie den Umgang in fachlichen Diskussionen üben.</p> | <p>Die Studierenden bearbeiten Übungsaufgaben, die sie selbständig lösen müssen. Außerdem halten sie einen Vortrag im Seminar und leiten die anschließende Diskussion.</p> | <p>Eine erfolgreiche Bearbeitung der Aufgaben und eine gut geleitete Diskussion zeugen vom Erreichen dieser Lernziele.</p> |
| <p>5. Werte</p> | <p>Das Interesse an Genomforschung soll gesteigert werden. Außerdem sollen die Studierenden für das kritische Hinterfragen von publizierten Arbeiten sensibilisiert werden.</p> | <p>Die Studierenden lesen aktuelle Publikationen zu Themen der Genomforschung, präsentieren diese im Seminar und diskutieren anschließend darüber.</p> | <p>Wenn die Studierenden in ihrem Vortrag und der anschließenden Diskussion kritische Punkte in den Arbeiten identifizieren, deutet dies auf das Erreichen des Lernziels hin.</p> |
| <p>6. Lernen, wie man lernt</p> | <p>Die Studierenden sollen lernen, wie sie selbständig die Verwendung neuer bioinformatischer Programme erschließen können bzw. diese Probleme auf anderen Wegen lösen können. Außerdem sollen sie Strategien zur Beschaffung von Informationen für die biologische Interpretation von Ergebnissen erlernen.</p> | <p>Die Studierenden werden bei ihren Aufgaben mit neuen Problemen konfrontiert, die sie selbständig lösen müssen. Um diesen Prozess am Anfang zu erleichtern, werden zunächst Tipps gegeben. Die bioinformatischen Ergebnisse müssen in einen biologischen Zusammenhang gesetzt werden.</p> | <p>Wenn die Studierenden alle Aufgaben in diesem Kurs lösen können, sind sie sehr wahrscheinlich in der Lage selbständig neue Lösungen zu finden.</p> |

4. Evaluation

Die Teilnehmenden konnten jeder Zeit Kritik und Verbesserungsvorschläge äußern, sodass die Veranstaltung kontinuierlich verbessert werden konnte. Zusätzlich wurde die Veranstaltung durch kollegiale Hospitationen evaluiert. Am Veranstaltungsende wurde die Veranstaltung durch eine anonyme Evaluation von den Studierenden bewertet. Außerdem wurden in persönlichen Gesprächen Verbesserungsvorschläge gesammelt.

Die kollegiale Hospitation hat das generelle Kurskonzept bestätigt und die Durchführung sehr positiv bewertet. Es wurden kleinere Verbesserungsmöglichkeiten am Syllabus identifiziert und bereits umgesetzt. Die übersichtliche und ansprechende Gestaltung der Folien trägt in Kombination mit dem klaren Vortragsstil gut zum Verständnis der Theorieteile bei. Die Beantwortung von Fragen der Teilnehmenden war sehr verständlich und eine große Bereicherung für den Praxisbezug. Zusammenhänge wurden gut verdeutlicht und die Möglichkeiten für eine Anwendung u.a. durch Anekdoten klar aufgezeigt. Verbesserungen könnten durch eine gleichmäßigere Beteiligung der Teilnehmenden sowie eine Verbesserung der Beschriftung einiger Abbildungen auf den präsentierten Folien erreicht werden. Außerdem könnten viele der ausschließlich oral kommunizierten Details zusätzlich in schriftlicher Form zur Verfügung gestellt werden. Die Aufteilung der Teilnehmeraufmerksamkeit zwischen ihren Terminals und den präsentierten Informationen wurde als wesentliches Problem identifiziert.

Die Befragung der Kursteilnehmenden hat insbesondere die sehr starke Verknüpfung von Theorie und Praxis sowie die gute Atmosphäre im Kurs als sehr positiv bewertet. Die Vermittlung der biologischen Hintergründe zur verwendeten Bioinformatik stieß auf große Begeisterung. Das regelmäßige Erlangen von eigenen Erfolgen durch die Übungsaufgaben hat die Motivation der Teilnehmenden weiter gesteigert. Alle Teilnehmenden trauten sich stets, Fragen zu stellen und waren begeistert von der detaillierten Beantwortung. Es gab stets ausreichend Zeit zur Klärung aller Fragen sowie zur Erstellung eigener Notizen.

Neben kleinen Verbesserungen an den präsentierten Folien wünschen sich die Teilnehmenden mehr Zeit für die Vorbereitung ihres Vortrags und die Fertigstellung des Protokolls. Als ein neuer thematischer Aspekt sollte die Verwaltung von Dateien aufgenommen werden, um die Übersichtlichkeit der erhaltenen Ergebnisse zu steigern. Des Weiteren wurde eine Liste über den präzisen Pfad zu allen ausführbaren Dateien gewünscht. Zusätzlich hätten einige Teilnehmende gerne präzisere Vorgaben zur Erstellung des Vortrags und des Protokolls. Dazu soll der Syllabus zur Veranstaltung um ein eigenes Kapitel erweitert werden. Darüber hinaus wurde gewünscht, dass die am Whiteboard präsentierten Tipps in die Foliensammlung aufgenommen werden.

Abschließend ist zusammenzufassen, dass alle Teilnehmenden den Kurs weiterempfehlen und in der Evaluation sehr positive Rückmeldungen gegeben haben. Die Beibehaltung des peer-review basierten Verfahrens zur Protokollkontrolle wurde von den Teilnehmenden explizit gewünscht.

5. Ergebnisse

Die Durchführung des Lehrprojekts war sehr hilfreich, weil ich mich dadurch noch intensiver mit der Erklärung von diversen Aspekten des Umgangs mit NGS-Daten befasst habe. Außerdem war es sehr interessant zu sehen, welche Stellen zu Verständnisproblemen geführt haben.

Ein Problem war die parallele Verwendung von echten NGS-Daten durch zahlreiche Studierende. Durch Reduktion des Datensatzes konnten der erforderliche Rechenaufwand und damit auch die notwendige Zeit reduziert werden. Die biologische Relevanz der Ergebnisse ist dadurch beeinträchtigt, aber zum Erlernen der Prinzipien hat sich dieses Vorgehen sehr bewährt. Das Lehrprojekt hat gezeigt, dass die Verwendung von schematischen Abbildungen das Verständnis komplexer Sachverhalte sehr gut unterstützt. An der Tafel generierte Grafiken sollten in die Präsentation aufgenommen werden, weil die Darstellung in digitaler Form deutlich präziser und leichter zu erfassen ist.

Die Verwendung eines doppelt-blinden peer-review-Prozesses zur Protokollkontrolle hat sich sehr bewährt. Die Protokolle der Studierenden wurden anonymisiert an andere Studierende verteilt. Jede teilnehmende Person erhielt zwei Protokolle zur Korrektur und anschließend auch zwei Rückmeldungen zum eigenen Protokoll. Die Studierenden haben selbstständig Kriterien für die Bewertung definiert. Alle Rückmeldungen wurden schriftlich an die Autoren der Protokolle zurückgegeben. Alle Studierende mussten anschließend die verbesserte Protokollversion sowie eine detaillierte Stellungnahme zu allen kritisierten Stellen abgeben. Die finale Kontrolle wurde aus Zeitgründen von mir durchgeführt, aber eine Verteilung an alle Studierenden zur Überprüfung wäre möglich. Es ist zwar weiterhin erforderlich, einen Teil der Protokolle selber zu kontrollieren, um die Qualität hoch zu halten, aber die Reduktion des Aufwands könnte insbesondere für große Veranstaltungen eine Bereicherung darstellen. Obwohl weiterhin ein Teil der Protokolle durch die Veranstalter kontrolliert werden muss, um eine hohe Qualität zu gewährleisten, kann die Reduktion des Aufwands besonders für Veranstaltungen mit großen Teilnehmerzahlen eine echte Bereicherung sein.

Besonders interessant waren die steilen Lernkurven der Teilnehmenden, die nach Abschluss des Kurses zur selbstständigen Analyse von NGS-Daten befähigt waren. Auch die hohe Motivation, das große Interesse am Thema und zahlreiche Fragen zu Details haben dieses Lehrprojekt zu einer schönen Lehreffahrung gemacht.

6. Perspektiven und Empfehlungen

Die Veranstaltung wird in dieser Form in der nächsten vorlesungsfreien Zeit erneut angeboten werden. Grundsätzliche Veränderungen wird es nicht geben, da sich das Konzept sehr bewährt hat. Die Abbildungen auf einigen Folien werden optimiert und entsprechend den Wünschen einiger Teilnehmer, werden die Inhalte erweitert. Zusätzlich werden weitere Anleitungen zur Erstellung des Vortrags und des Protokolls angeboten. Die Kursgröße könnte noch etwas ausgebaut werden. Allerdings ist eine Durchführung mit deutlich über 10 Studierenden nicht sinnvoll. Die Verwendung des peer-reviews zur Kontrolle von Protokollen kann ich allen Praktikums-Veranstaltern in den Biowissenschaften empfehlen. Essentiell ist dabei die Prüfung einiger Protokolle und auch einiger Rückmeldungen, um ggf. Absprachen

zu vermeiden und die Qualität sicher zu stellen. Mit zunehmender Teilnehmerzahl sollte sich dieses Problem schnelle verringern. Ich bin gerne bereit, einige Materialien zur Durchführung eines ähnlichen Kurses auf Anfrage zur Verfügung zu stellen.

7. Rahmenbedingungen der vorgestellten Veranstaltung, Materialien und Literatur

7.1 Studiengang und -art, für den das Projekt geplant wurde

Die Veranstaltung wurde für alle fachwissenschaftlichen Studierenden der Biowissenschaften mit Interesse an Genomforschung entwickelt.

7.2 Lehrveranstaltungstyp und -dauer

Es handelt sich um ein Seminar mit integrierten Übungen. Die Veranstaltung wurde als Block ganztägig über zwei Wochen in der vorlesungsfreien Zeit durchgeführt. Eine Wiederholung der Veranstaltung ist wahrscheinlich.

7.3 Gruppengröße

Im ersten Durchgang haben sechs Studierende die Veranstaltung besucht. Die Gruppe sollte nicht viel mehr als 10 Studierende umfassen.

7.4 Beteiligte bei der Durchführung des Projekts

Es waren zwei Lehrende an der Veranstaltung beteiligt.

7.5 Materialien und Literatur

Es wurden verschiedene Datensätze des Lehrstuhls für Genomforschung verwendet. Der publizierte Teil der Daten (<http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0164321>) kann gerne auf Anfrage (boasDOTpucker[at]uni-bielefeld.de) zur Verfügung gestellt werden.