

# Step-by-Step Anleitung zur Erstellung des Augmented Reality Modells der L-Glucose in der Reality Composer App

## Inhaltsverzeichnis

<b>1</b>	<b>ERSTELLUNG DER ATOMBINDUNGEN UND ATOME .....</b>	<b>1</b>
1.1	ERSTELLEN DER BINDUNGEN.....	2
1.2	ERSTELLEN DER ATOME .....	3
<b>2</b>	<b>ERSTELLUNG DER ALDEHYDGRUPPE.....</b>	<b>4</b>
2.1	ERSTELLEN DER CARBONYLGRUPPE .....	4
2.2	FERTIGSTELLEN DER ALDEHYDGRUPPE .....	5
<b>3</b>	<b>ERSTELLUNG DES GRUNDGERÜSTS DES GLUCOSE MODELLS.....</b>	<b>6</b>
3.1	ERSTELLEN DES GRUNDELEMENTS.....	6
3.2	VERVOLLSTÄNDIGUNG DES GRUNDGERÜSTS .....	8
<b>4</b>	<b>ABSCHLUSS DER ERSTELLUNG DES GLUCOSE MODELLS .....</b>	<b>10</b>
4.1	ZUSAMMENFÜHREN DES GLUCOSE MODELLS.....	10
4.2	ABSCHLUSS UND EXPORT DES GLUCOSE MODELLS .....	11

Im Folgenden wird die exemplarische Erstellung des AR-Modells der L-Glucose detailliert beschrieben, um das Modell anhand der Schritte im Reality Composer nachbilden zu können.

In Abschnitt [1](#) werden die Grundbausteine erstellt. Im zweiten Abschnitt [2](#) wird die Aldehydgruppe erstellt. Anschließend wird in Abschnitt [3](#) das Grundgerüst der Glucose erstellt. Abschließend wird in Abschnitt [4](#), die in [2](#) erstellten Aldehydgruppe mit dem in [3](#) erstellten Grundgerüst kombiniert, und somit zum Glucose Modell zusammenzufügen.

## 1 Erstellung der Atombindungen und Atome

Standardmäßig bestehen traditionelle, im Chemieunterricht in der Schule verwendete Kugel-Stab-Modelle aus zwei Bestandteilen: den Atomen, in Form von Kugeln, und den Atombindungen, in Form von Stäben (Felixberger, 2017). Diese zwei Bestandteile werden auch mit dem Reality Composer zuerst hergestellt, um daraus ein Glucose-Modell aufzubauen.

Für die Erstellung der Bindungen und Atome, welche dem Cornelsen Experimenta Molekülbaukasten 1 (Cornelsen Verlag, 2023) nachempfunden sind, sind mehrere Schritte durchzuführen, welche in den folgenden Abschnitten 1.1 und 1.2 beschrieben werden.

Um das AR-Modell möglichst originalgetreu nachzustellen, wurden die Bindungen und Atome des Molekülbaukastens abgemessen. Diese Maße sind mit dem Faktor 10 multipliziert, da der Reality Composer keinen Durchmesser unterhalb eines Zentimeters zulässt. Die mit dem Faktor 10 multiplizierten Werte der Bindungen und Atome des Molekülbaukastens sind für die Erstellung des AR-Modells zugrunde gelegt. Die Vergrößerung wird anschließend wieder mithilfe der Skalierungsfunktion reguliert.

Um mit der Erstellung zu beginnen, wird die App gestartet und durch einen Klick auf das Plus-Icon in der Werkzeugzeile wird ein neues Projekt erstellt. Es wird der Horizontale Anker ausgewählt, damit das im Folgenden erstellte Modell auf jeder horizontalen Oberfläche, neben, beziehungsweise in einem realen Glucose-Modell platziert werden kann. Die zwei Objekte, welche standardmäßig in der Startszene erscheinen, werden durch Antippen ausgewählt und im daraufhin erscheinenden Bearbeitungsmenü durch Anwählen von ‚Löschen‘ entfernt. Die Szene ist nun frei von Objekten und bietet Platz für die Erstellung neuer Bestandteile.

## 1.1 Erstellen der Bindungen

Zunächst wird rechts neben dem Projektnamen, welcher zu Beginn von Entwicklungen noch ‚Neues Projekt‘ lautet, das Plus-Icon ausgewählt, um den ersten Bestandteil der Bindung einzufügen. Die Inhaltsmediathek öffnet sich und aus den Standardformen wird der **Zylinder** ausgewählt, welcher folgendermaßen modifiziert wird:

1. Im Eigenschaftsmenü wird das Material auf Plastik umgestellt.
2. Die Farbe wird auf das vierte Grau von links umgestellt.
3. Durchmesser: 5 cm
4. Höhe: 12 cm
5. Schrägradius: 0,5 cm

Der Zylinder wird durch Antippen ausgewählt und durch Auswählen von ‚Duplizieren‘ im Bearbeitungsmenü verdoppelt. Dieser Zylinder wird im Verlauf der Entwicklung als weiteres Ende der Bindung dienen.

Im nächsten Schritt wird erneut die Inhaltsmediathek geöffnet und die **vertikale Spirale** (Spirale) ausgewählt, welche folgendermaßen modifiziert wird:

1. Im Eigenschaftsmenü wird das Material auf Plastik umgestellt.
2. Die Farbe wird auf das vierte Grau von links umgestellt.
3. Endrundung: 100 %
4. Durchmesser: 5 cm
5. Höhe: 7 cm
6. Umdrehungen: 10
7. Dicke: 2,5 cm

Infolgedessen werden die Objekte **ausgerichtet**. Dazu wird die Spirale angeklickt, wodurch drei verschiedenfarbige Kegel erscheinen, welche genutzt werden können, um das Objekt zu bewegen. Das Objekt wird bewegt, indem der gewünschte Kegel angeklickt und in die gewünschte Richtung verschoben wird:

1. Die vertikale Spirale durch Antippen und Ziehen mittig auf den Zylinder bewegen.
2. Den grünen Kegel antippen und ziehen, um die Spirale leicht überschneidend, damit die Kanten nicht sichtbar sind, über den Zylinder zu bewegen.
3. Befindet sich die Spirale an der gewünschten Stelle, so wird sie angetippt und durch die Option ‚duplizieren‘ im Bearbeitungsmenü dupliziert.
4. Die duplizierte Spirale wird mithilfe der Kegel über die erste Spirale gelegt, sodass sich die letzten beiden Windungen überlappen.

5. Der zuvor duplizierte Zylinder wird mithilfe der Kegel über der Spirale platziert und sollte sich leicht mit der Spirale überschneiden, um einen nahtlosen Übergang zum Abschluss der Bindung zu schaffen.
6. Überprüfen, ob sich alle Bestandteile übereinander befinden, indem das Objekt von allen Seiten betrachtet wird.
7. Gegebenenfalls einzelne Bestandteile, durch verwenden der Kegel, an den gewünschten Punkt verschieben, damit die Bindung an allen Seiten bündig ist. Dazu kann das Symbol 'Magnet' aktiviert werden, was dazu dient, verschiedene Objekte besser aneinander ausrichten zu können.

Abschließend werden die vier einzelnen Bestandteile der Bindung **verbunden**:

1. Antippen des ersten Zylinders, der Zylinder wird blau umrandet, und ein Finger verbleibt auf diesem Zylinder.
2. Mit einem zweiten Finger werden sukzessive die zwei Spiralen und der letzte Zylinder angetippt. Das Antippen sorgt dafür, dass jedes Element blau umrandet wird, was optisch bestätigt, dass alle Elemente ausgewählt wurden.
3. Erneut auf die vier Bindungsbestandteile tippen und im Bearbeitungsmenü 'Gruppieren' auswählen.
4. Die Skalierung im Eigenschaftsmenü auf 14 % stellen.
5. Damit ist die erste Bindung erstellt, welche für alle weiteren verwendeten Bindungen kopiert oder dupliziert werden wird.
6. Im Folgenden wird immer die Auswahloption des Bearbeitungsmenüs gemeint sein, wenn von: Gruppieren, Gruppierung aufheben, Ersetzen, Ändern, Ausschneiden, Kopieren, Duplizieren oder Löschen die Rede ist. Folglich wird in den restlichen Abschnitten nicht mehr explizit erwähnt, dass es sich bei diesen Optionen um eine Option aus dem Bearbeitungsmenü handelt. Weiterhin ist immer, wenn es um die Skalierung, Position oder Rotation eines Objektes geht, die Einstellungsmöglichkeit im Eigenschaftsmenü gemeint. In den folgenden Beschreibungen werden des weiteren nur diese Positions- oder Rotationsangaben erwähnt, welche von null abweichen.

## 1.2 Erstellen der Atome

Für die **Erstellung der Atome** werden die folgenden Schritte durchgeführt:

1. In der Inhaltsmediathek die Kugel wählen.
2. Durchmesser: 12 cm
3. Skalierung: 14 %
4. Die Farbe beibehalten, Weiß: Wasserstoff.
5. Die Kugel duplizieren und etwas mithilfe des roten Kegels verschieben, damit sich die Kugeln nicht berühren.

6. Die Farbe der Kugel anpassen, Schwarz: Kohlenstoff.
7. Die Kugel duplizieren und etwas mithilfe des roten Kegels verschieben, damit sich die Kugeln nicht berühren.
8. Die Farbe der Kugel anpassen, Rot (das 6. von oben links): Sauerstoff

## 2 Erstellung der Aldehydgruppe

Dieser Abschnitt beschreibt zunächst die Erstellung einer Carbonylgruppe, anschließend die Anpassung des Bindungswinkels und abschließend die Verbindung aller Bestandteile zur Aldehydgruppe.

### 2.1 Erstellen der Carbonylgruppe

Die Doppelbindung bildet einen zentralen Teil der Aldehydgruppe, allerdings kann sie im Reality Composer nur eckig dargestellt werden, obwohl diese im Molekülbaukasten gebogen sind, was im Folgenden deutlich werden wird. Da die Augmented Reality Darstellungen in der Lerneinheit nicht die einzigen Modelle sind, welche von Schüler\*innen genutzt werden, sollte dies nicht zur Entwicklung von Fehlvorstellungen führen.

Zur Erstellung der Doppelbindung, wird die freie Bindung dupliziert und dieses Duplikat wird für die weiteren Schritte verwendet, damit später weiterhin eine freie Atombindung verfügbar ist.

Dieses Duplikat wird folgendermaßen modifiziert:

1. Gruppierung der Unterelemente auflösen, sodass die vier Unterelemente wieder einzeln auszuwählen sind.
2. Die zwei oberen Unterelemente miteinander gruppieren.
3. Die zwei unteren Unterelemente miteinander gruppieren.
4. Die Rotation der unteren Gruppierung anpassen: Z-Rotation:  $15^\circ$ .
5. Die Rotation der oberen Gruppierung anpassen: Z-Rotation:  $-15^\circ$ .
6. Die untere Gruppierung mithilfe des grünen Kegels anheben, sodass das Ende mit der Fläche der Ebene abschließt.
7. Die obere Gruppierung mithilfe des grünen Kegels herabsenken, sodass sich die Bindungsbestandteile überlappen.
8. Überprüfen, ob die Überlappung von allen Seiten gegeben ist.
9. Die beiden Bindungsbestandteile gruppieren.

Daraufhin wird die modifizierte, gebogene Bindung wie folgt verwendet:

1. Bindung duplizieren.
2. Den Blickwinkel auf die Bindung modifizieren, bis der grüne Kreis angezeigt wird.

3. Durch Antippen und Drehen des Kreises die duplizierte Bindung um  $180^\circ$  drehen. Alternativ kann die Rotation angepasst werden:  
X-Rotation:  $180^\circ$ ; Z-Rotation:  $180^\circ$ .
4. Mithilfe des roten Kegels auf die andere Bindung zubewegen, bis sie sich berühren.
5. Kopieren des Sauerstoffatoms, welches in [1.2](#) erstellt wurde.
6. Einfügen neben der Doppelbindung.
7. Die beiden gebogenen Bindungen miteinander gruppieren.
8. Die Position der Doppelbindung und des Sauerstoffs auf X: 0 cm verändern.
9. Das Sauerstoffatom mithilfe der Kegel auf der Doppelbindung platzieren.
10. Von allen Seiten überprüfen und nachjustieren. Das Magnetwerkzeug kann hierbei eine Hilfestellung geben.
11. Sitzt das Sauerstoffatom an der richtigen Stelle, werden die Bestandteile gruppiert.
12. Die Gruppe mithilfe des grünen Kegels anheben, bis das Magnetwerkzeug, in Form eines gelben Vierecks, den Hinweis anzeigt, dass die Enden der Doppelbindung auf einer Höhe mit den Atomen sind.
13. Duplizieren des Kohlenstoffatoms und Einstellen von X-Position: 0 cm.
14. Abschließend den doppelt gebundenen Sauerstoff mithilfe des grünen Kegels auf dem Kohlenstoffatom platzieren, wobei auf eine gewisse Überlappung geachtet wird.
15. Von allen Seiten überprüfen und gegebenenfalls nachjustieren.
16. Vollenden der Carbonylgruppe durch die Gruppierung des Kohlenstoffatoms mit dem doppelt gebundenen Sauerstoff.

## 2.2 Fertigstellen der Aldehydgruppe

An dieser Stelle wird die letzte freie Bindung kopiert, um damit die Aldehydgruppe zu vervollständigen.

1. Die kopierte Bindung auf X-Position: 0 cm setzen.
2. Die Rotation der soeben platzierten Bindung anpassen:  
Entweder durch Modifikation des roten Kreises, welcher bei seitlicher Sicht auf die Bindung erscheint, oder durch eine Anpassung der X-Rotation:  $110^\circ$ . Die Bindung kippt unter die Szenenebene und landet etwas unter dem Kohlenstoffatom der Carbonylgruppe.
3. Mithilfe des grünen Kegels wird die Bindung so weit angehoben, dass das eine Ende mittig in das Kohlenstoffatom ragt.
4. Es gilt, die nennenswerte Überschneidung des Bindungsendes und des Kohlenstoffatoms zu verringern. Aufgrund des speziellen Winkels funktioniert dies nur mühsam unter Zuhilfenahme der Kegel. Alternativ ist es möglich, die Bindung direkt anzutippen und schräg nach vorne und unten zu verschieben.
5. Sitzt die Bindung an der richtigen Stelle, so wird sie mit der Carbonylgruppe gruppiert.

6. Die Gruppe wird mithilfe des grünen Kegels angehoben.
7. Das Wasserstoffatom wird dupliziert und die Position mithilfe der Kegel angepasst, sodass die Überschneidung der Bindung und des Wasserstoffatoms ähnlich wie die der Bindung mit dem Kohlenstoffatom ist.
8. Dies wird von allen Seiten überprüft und gegebenenfalls nachjustiert.
9. Nun wird auch das Wasserstoffatom in die Gruppierung eingeschlossen, um die Aldehydgruppe fertigzustellen.
10. Schlussendlich wird die Aldehydgruppe um  $55^\circ$  gedreht. Entweder durch Verwenden des roten Kreises oder durch Anpassen der X-Rotation:  $-55^\circ$ .
11. Gegebenenfalls wird die Gruppierung wieder aufgelöst, um die Überschneidungen von Bindungen und Atomen anzupassen.
12. Aldehydgruppe final gruppieren.
13. Die Aldehydgruppe nun entweder:
  - a. Ausschneiden und in ein neues Projekt einfügen oder
  - b. Mithilfe der Kegel bis auf die 1 m Marke auf der Ebene des Reality Composers zur Seite schieben

Um diese, je nachdem ob a oder b gewählt wurde, nach erfolgreichem Erstellen des Glucose Grundgerüsts erneut einzufügen oder zum Glucose Grundgerüsts zurückzuschieben.

### 3 Erstellung des Grundgerüsts des Glucose Modells

Dieser Abschnitt beschreibt, wie aus den in [1](#) erstellten Atombindungen und Atomen das Glucose Grundgerüst geschaffen wird. Zunächst wird für die Erstellung des Grundelements das haptische Modell des Molekülbaukastens der L-Glucose zur Hilfe genommen, um das AR-Modell mit diesem zu vergleichen.

#### 3.1 Erstellen des Grundelements

In diesem Abschnitt wird das AR-Grundgerüst gebaut. Zur Erstellung des Grundelements wird die freie Bindung zunächst zweimal verdoppelt, damit eine der Bindungen weiterhin als Vorrat für den späteren Gebrauch dienen kann. Anschließend folgen die Modifikationen und Anordnungen der duplizierten Bindungen für die **Erstellung des Grundelements**.

Die Einfachbindungen zwischen zwei Kohlenstoffatomen, stehen in einem Winkel von  $109,5^\circ$  zueinander (Latscha, Kazmaier, & Klein, 2016), allerdings wurden dieser von Cornelsen nicht für die Bindungswinkel des Molekülbaukastens übernommen. Stattdessen stehen die Bindungen, welche vom Kohlenstoffatom abgehen, in einem Winkel von  $110^\circ$  zueinander. Daher wird auch für das AR-Modell ein Winkel von  $110^\circ$  gewählt, damit eine möglichst genaue

Überlagerung des haptischen Modells mit der des AR-Modells möglich ist. Um diesen Bindungswinkel zu erhalten, werden beide Bindungen um  $55^\circ$  rotiert.

1. Die Rotation der ersten Bindung wird angepasst: X-Rotation:  $55^\circ$ .
2. Die Position der Bindung anpassen: Y-Position: 1,13 cm; Z-Position: - 4,48 cm.
3. Die zweite Bindung wird ebenfalls rotiert: X-Rotation:  $-55^\circ$ .
4. Die Position der zweiten Bindung anpassen: Y-Position: 1,13 cm; Z-Position: 4,48 cm.
5. Das schwarze Atom wird kopiert, anschließend unter den beiden Bindungen eingefügt, indem die Stelle angeklickt und das Atom eingesetzt wird.
6. Das Kohlenstoffatom wird an der richtigen Stelle, mittig zwischen den zwei Bindungen, platziert, indem die Position angepasst wird: Y-Position: 4,14 cm
7. Beide Bindungen sollten nun mit derselben Tiefe ins Kohlenstoffatom hineinragen.
8. Durch Antippen und Halten der ersten Bindung und anschließendes Antippen der zweiten Bindung werden die Bindungen gruppiert.
9. Die gruppierten Bindungen werden dupliziert.
10. Dieses Duplikat wird angeklickt und der Blickwinkel auf die Szene, bzw. dieses Duplikat wird so lange, durch die Bewegung eines Fingers von oben nach unten, verändert, bis um die Bindung ein grüner Kreis erscheint.
11. Durch Berühren und Verschieben entlang des Kreises lassen sich die Bindungen in Y-Richtung drehen, bis in Gelb  $\Delta 90^\circ$  angezeigt wird.  
Alternativ kann Y-Rotation:  $-90^\circ$  eingestellt werden.
12. Nun wird der Blickwinkel auf die Szene, durch die Bewegung eines Fingers von unten nach oben und von rechts nach links, so verändert, dass um die duplizierten Bindungen ein roter Kreis erscheint.
13. Durch Drag-und-Drop des Kreises lassen sich die Bindungen in X-Richtung drehen, bis in Gelb  $\Delta -180^\circ$  erscheint.  
Alternativ kann X-Rotation:  $-180^\circ$  eingestellt werden.
14. Jetzt werden die gruppierten Bindungen mithilfe des grünen Kegels nach oben, auf Höhe des Kohlenstoffatoms verschoben, bis sie bei Y-Position: 7,45 cm angekommen sind. Falls dies nicht bereits der Fall ist, wird die X-Position: 0 cm eingestellt, um sicherzustellen, dass die Bindungen mittig liegen.
15. Die soeben platzierten gruppierten Bindungen, das Kohlenstoffatom und die unteren gruppierten Bindungen werden unter gedrückt halten einer Bindung sukzessive angetippt und gruppiert.

Das soeben erstellte Grundelement wird verwendet, um das **Grundgerüst der Glucose aufzubauen**:

1. Das soeben erstellte Grundelement wird dupliziert.

2. Dem duplizierten Grundelement wird die X-Position: 10 cm gegeben.
3. Das Grundelement wird erneut dupliziert.
4. Diesem Duplikat wird die X-Position: -10 cm gegeben.
5. Das Kohlenstoffatom, welches sich noch in der Zwischenablage befindet, wird erneut eingefügt.
6. Die Position des Kohlenstoffatoms wird folgendermaßen verändert:  
X-Position: 5 cm; Y-Position: 7,55 cm
7. Das Kohlenstoffatom wird ein weiteres Mal eingefügt.
8. Die Position des Kohlenstoffatoms wird folgendermaßen verändert:  
X-Position: -5 cm; Y-Position: 7,55 cm

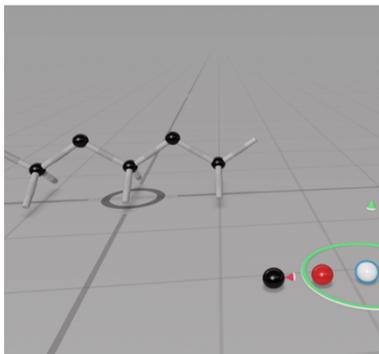


Abbildung 1: Anordnung des Glucose Grundgerüsts,  
links C2, rechts C6

### 3.2 Vervollständigung des Grundgerüsts

Zur **Vervollständigung des unteren Teils des Grundgerüsts** fehlen nun noch Wasserstoffatome und Hydroxygruppen in der richtigen Anordnung. Der Winkel der Hydroxygruppe beträgt  $104,5^\circ$  (Wollrab, 2014), doch wie bereits zuvor beim Tetraederwinkel weicht auch hier der beim Cornelsen Experimenta verwendete Winkel von diesem ab. Beim Cornelsen Experimenta Molekülbaukasten beläuft sich der Winkel auf  $120^\circ$ , daher wird dieser Winkel für die Hydroxygruppe verwendet, damit eine möglichst genaue Überlagerung des haptischen Modells mit der des AR-Modells möglich ist.

Bei der im Folgenden beschriebenen Anordnung liegt links das zweite und rechts das sechste Kohlenstoffatom (siehe Abbildung 1).

1. Das Wasserstoffatom kopieren.
2. Möglichst nah an der vorderen Bindung des vierten Kohlenstoffatoms einfügen.
3. Position des Wasserstoffatoms festlegen:  
Y-Position: 0,84 cm; Z-Position: 5 cm.
4. Das Sauerstoffatom kopieren und möglichst nah an der hinteren Bindung von C4 einfügen.
5. Position des Sauerstoffatoms festlegen:  
Y-Position: 0,84 cm; Z-Position: -5 cm.

6. Für die Hydroxygruppe wird die Gruppierung des C4 und seiner 4 Bindungen aufgehoben. Dies wird zweimal durchgeführt, sodass die Bindung zwischen dem vierten Kohlenstoffatom und dem soeben platzierten Sauerstoffatom einzeln anwählbar ist.
7. Diese Bindung wird nun dupliziert.
8. Das Duplikat wird folgendermaßen modifiziert, um den Winkel von  $120^\circ$  zu kreieren:  
X-Rotation:  $-65^\circ$ ; Y-Position: 1 cm; Z-Position: -5,6 cm.
9. Das Wasserstoffatom wird erneut kopiert und möglichst nah an der Hydroxybindung eingefügt und anschließend modifiziert:  
Y-Position: 3,3 cm; Z-Position: -10,5 cm.
10. Das Sauerstoffatom, die Hydroxybindung, das Wasserstoffatom der Hydroxybindung und das vordere Wasserstoffatom werden sukzessive angetippt, gruppiert und dupliziert.
11. Das Duplikat wird mit dem roten Kegel an C2 verschoben oder die Position wird festgelegt:  
X-Position: - 10 cm; Z-Position: -2,75 cm.
12. Die in 10. erstellte Gruppierung am C4 wird wieder aufgehoben.
13. Das Wasserstoffatom vorne am C4 wird mit dem Sauerstoffatom, welches Teil der Hydroxybindung ist, gruppiert und dupliziert.
14. Verschieben der duplizierten Atome ans C6, beziehungsweise die Position:  
X-Position: 10 cm; Y-Position: 0,84 cm; Z-Position: -5 cm.
15. Die Gruppierung wieder aufheben.
16. Die Farbe des Sauerstoffatoms zu weiß ändern, um ein zweites Wasserstoffatom am C6 zu haben.

Der untere Teil des Gerüsts ist nun komplett, sodass nun der **obere Teil des Gerüsts vervollständigt** werden kann:

1. Sukzessives Antippen des vorderen Wasserstoffatoms an C4, der Bindung zum C4, der Bindung zur Hydroxygruppe und alle Bestandteile der Hydroxygruppe, gruppieren und duplizieren.
2. Den Blickwinkel auf die Szene, durch Antippen des Objekts und durch die Bewegung eines Fingers von links nach rechts und von unten nach oben so verändert, dass der blaue Ring zu sehen ist.  
Durch Berühren und Verschieben entlang des Kreises lässt sich die Gruppierung in Z-Richtung drehen, bis in Gelb  $\Delta 180^\circ$  erscheint.  
Alternativ kann Z-Rotation:  $180^\circ$  eingestellt werden.
3. Anpassen der Position:  
X-Position: -5 cm; Y-Position: 11,67 cm; Z-Position: -2,75 cm.
4. Duplizieren der Gruppe, welche soeben am C3 positioniert wurde.

5. Drehung der Gruppe, mithilfe des grünen Kreises, bis in Gelb  $\Delta$  -180 ° erscheint. Alternativ Anpassung der X-Rotation: - 180 °
6. Platzieren der Gruppe am C5:  
X-Position: 5 cm; Y-Position: 11,67 cm; Z-Position: 2,75 cm.
7. Gruppieren und Duplizieren der Hydroxygruppe am C4.
8. Die duplizierte Bindung wird angeklickt und der Blickwinkel auf die Szene, bzw. diese Bindung wird so lange, durch die Bewegung eines Fingers von oben nach unten, verändert bis um die Bindung ein grüner Kreis erscheint.  
Die Hydroxybindung durch Drag-und-Drop des Kreises in Y-Richtung drehen, bis in Gelb  $\Delta$  -90 ° erscheint.  
Alternativ kann Z-Rotation: 90 ° eingestellt werden.
9. Nun wird der Blickwinkel auf die Szene, durch die Bewegung eines Fingers von unten nach oben und von rechts nach links so verändert, dass um die Hydroxybindung ein roter Kreis erscheint.  
Durch Drag-und-Drop des Kreises lassen sich die Bindungen in X-Richtung drehen, bis in Gelb  $\Delta$  -180 ° erscheint.  
Alternativ kann X-Rotation: -180 ° eingestellt werden.
10. Mithilfe der Kegel wird die Hydroxybindung an die freie Bindung des C6-Atoms geschoben. Teilweise muss die Bindung direkt gegriffen und unabhängig von den Kegeln verschoben werden. Hierbei kann das Magnetwerkzeug sehr hilfreich sein.
11. Regelmäßig überprüfen, wie weit sich Bindung und Kugel überlappen, indem auch die Bindung angeklickt wird, an welche die Hydroxygruppe angelagert wird.
12. Finale Angaben der Hydroxybindung am C6:  
X-Position: 17,8 cm; Y-Position: 8,22 cm; X-Rotation: -180 °; Y-Rotation: -90 °.

## 4 Abschluss der Erstellung des Glucose Modells

Abschließend wird das in [3](#) erstellte Grundgerüst der Glucose mit der in [2](#) erstellten Aldehydgruppe zusammengeführt. Letztendlich wird die Erstellung des Modells abgeschlossen und das AR-Modell wird exportiert. In diesem Format kann das Modell versendet und auf verschiedenen Geräten verwendet werden.

### 4.1 Zusammenführen des Glucose Modells

Die Aldehydgruppe wird, je nachdem welche Entscheidung in [4.3](#) getroffen wurde, entweder:

- a. Aus dem Projekt, in welches sie zuvor eingefügt wurde, ausgeschnitten und erneut zu diesem Projekt hinzugefügt oder
- b. mithilfe der Kegel, oder einer Anpassung der Position, von der 1 m Marke auf der Ebene des Reality Composers zurückgeholt, zu welcher sie zuvor verschoben wurde.

Nun wird die Aldehydgruppe an die linke Seite des Moleküls geschoben, sodass sie vor der letzten freien Bindung des C2 platziert wird.

1. Die Aldehydgruppe wird mithilfe des blauen Kreises um  $90^\circ$  gedreht.  
Alternativ anpassen der Z-Rotation:  $-90^\circ$ .
2. Mithilfe des grünen Kreises wird die Aldehydgruppe um  $125^\circ$  gedreht.  
Alternativ anpassen der X-Rotation:  $125^\circ$ .
3. Vergleich mit der letzten freien Bindung, um von hier den richtigen Tetraederwinkel des Modells einstellen zu können.
4. Anpassen des Winkels durch Rotationsangaben, da mithilfe des grünen Kreises eine Genauigkeit von  $15^\circ$  teilweise nicht eingestellt werden kann:  
X-Rotation:  $15^\circ$ ; Z-Rotation:  $90^\circ$ .
5. Zum mittigen Platzieren des C1 an der Bindung bestmöglich das Magnetwerkzeug ausschalten, falls dies noch eingeschaltet war, da die Carbonylgruppe sonst für Verwirrung sorgt.
6. Platzierung der Bindung im Zentrum des C1, von allen Seiten überprüfen, ebenso wie die Überlappung der Bindung und des ersten Kohlenstoffatoms.
7. Nachjustieren der Aldehydgruppe durch Antippen und Verschieben der Gruppe ohne die Kegel.
8. Finale Platzierung der Aldehydgruppe:  
X-Position:  $-16\text{ cm}$ ; Y-Position:  $5,3\text{ cm}$ ; Z-Position:  $0,97\text{ cm}$ .

#### 4.2 Abschluss und Export des Glucose Modells

Bevor das Glucose Modell exportiert wird, sollte die Skalierung überprüft werden, damit das AR-Modell möglichst die gleichen Dimensionen aufweist wie das reale Modell des Molekülbaukastens.

Um das gesamte Modell auf eine Größe zu **skalieren**, muss es zunächst **gruppiert** werden:

1. Antippen eines Unterelements und Auswählen von ‚Alle wählen‘.
2. Sobald alle Bestandteile gewählt sind, erneut tippen und ‚Gruppieren‘ wählen, um diese miteinander zu gruppieren.
3. Das gruppierte Modell hat standardmäßig eine Skalierung von  $100\%$ , wobei es keine Rolle spielt, welche Skalierung die einzelnen Bestandteile zuvor hatten.
4. Um die Skalierung mit dem realen Molekül abzugleichen, wird der AR-Button in der Werkzeugleiste geklickt.
5. Das iPad wechselt in den AR-Modus und es erscheint die Aufforderung ‚Zum Starten das iPad bewegen‘. Sobald das iPad den Tisch oder jegliche andere horizontale Umgebung, auf der das Modell angezeigt werden soll, ausreichend erfasst hat, wird das Modell auf dem Tisch platziert.

6. Nun wird das reale Modell in das platzierte AR-Modell gestellt.
7. Die Skalierung wird jetzt mithilfe des Schiebereglers oder durch Veränderung des Prozentwertes so angepasst, dass das AR-Modell so gut wie möglich mit dem realen Modell übereinstimmt.
8. Wurde die Skalierung angepasst, so wird der AR-Modus wieder beendet.

Das Glucose Modell ist nun bereit zum **Export**:

1. In der Werkzeugleiste werden die drei Punkte, ganz rechts, ausgewählt.
2. Die Option Exportieren wird gewählt.
3. Standardmäßig wird das Projekt als Reality File exportiert. Diese .reality Datei kann von iPhones und iPads ab iOS 12 geöffnet werden, da diese über das AR Quick Look Tool verfügen (Sharpened Productions, 2023).
4. Die Datei kann nun entweder direkt geteilt, kopiert oder in den Dateien gesichert werden.
5. Um sie in den Dateien zu sichern wird der gewünschte Ort ausgewählt, ein Dateiname vergeben und die Datei gesichert.

Daraufhin kann das Modell in den Dateien geöffnet und das AR-Glucose-Modell auf einem realen Tisch platziert werden. Zudem kann das AR-Modell so via AirDrop, eine Funktion von Apple-Geräten zum Versenden von Dateien zwischen zwei Apple-Geräten, jederzeit an beliebig viele Schüler\*innen verschickt werden.