

Identifikation von Schwierigkeiten bei der Analyse von teilautomatisiert generierten Familienstammbäumen

UNIVERSITÄT
DUISBURG
ESSEN

Offen im Denken

J. Lefarth, J. Surmann, Y. Schachtschneider & P. Schmiemann

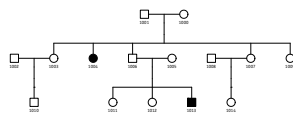
Theoretischer Rahmen

Familienstammbäume

Erbgangbestimmung anhand von Familienstammbäumen wird in Beispielaufgaben der Bildungsstandards (KMK, 2005) und Abituranforderungen (KMK, 2004) gefordert



Bildungsstandards (KMK, 2005, S. 55)



Abituranforderungen (KMK, 2004, S. 52)

In Familienstammbäumen dargestellte Erbgänge identifizieren

- bedarf einer „multiple hypothesis testing strategy“ (Hackling & Lawrence, 1988, S. 544)
- ist möglich durch die Identifikation von spezifischen Vererbungsmustern & die Prüfung möglicher Erbgänge mittels Genotypenzuordnung (Smith, 1988)

Schwierigkeiten:

- Überinterpretation von Hinweisen (Smith, 1988, S. 416; Hackling, 1994, S. 152)
- X-chromosomale Vererbungsmuster werden nicht erkannt (Hackling, 1994, S. 154)
- Fehlerhafter Umgang mit erwarteten Häufigkeitsverteilungen (Smith, 1988, S. 423)

Ziele, Methode & Erträge

Ziele & Fragestellungen

1. qualitative Analyse der Strategie(n) bei der Bearbeitung von Familienstammbäumen

- Werden fachlich nicht interpretierbare Hinweise zur Begründung eines identifizierten Erbgangs herangezogen?
- Werden Hinweise und Belege korrekt interpretiert?
- Werden Hinweise überinterpretiert?
- Wird die Falsifikationsstrategie eingesetzt?
- Werden multiple Hypothesen überprüft?

2. quantitative Analyse des Einflusses von Stammbaummerkmalen auf die Schwierigkeit

- Haben individuelle Phänotypenkonstellationen Einfluss auf die Bestimmbarkeit eines Erbgangs?
- Haben die Anzahl der Generationen & die Anzahl der Betroffenen Einfluss auf die Bestimmbarkeit eines Erbgangs?
- Wird ein Erbgang häufiger korrekt erkannt, wenn nur dieser eine Erbgang möglich ist?

Annahmen

- Stammbaumlesefähigkeit ist Bedingung für die Bestimmung von Erbgängen
- Mehrdeutige Stammbäume sind komplizierter zu bestimmen als eindeutige
- Variierte Stammbaumgröße wirkt unterschiedlich auf Novizen und Experten

Literatur

Hackling, M. W. (1994). Application of genetics knowledge to the solution of pedigree problems. *Research in Science Education*, 24 (1), 147-155. • Hackling, M. W. & Lawrence, J. A. (1988). Expert and novice solutions of genetic pedigree problems. *Journal of Research in Science Teaching*, 25 (7), 531-546. • R Core Team. (2017). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Verfügbar unter <https://www.r-project.org/>. • Sinnwell, J. P., Therneau, T. M. & Schaid, D. J. (2014). The kinship2 R package for pedigree data. *Human heredity*, 78 (2), 91-93. • Smith, M. U. (1988). Successful and unsuccessful problem solving in classical genetic pedigrees. *Journal of Research in Science Teaching*, 25 (6), 411-433. • Ständige Konferenz der Kultusminister der Länder in der Bundesrepublik Deutschland [KMK] (Hrsg.). (2004). Einheitliche Prüfungsanforderungen in der Abiturprüfung Biologie. • Ständige Konferenz der Kultusminister der Länder in der Bundesrepublik Deutschland [KMK] (Hrsg.). (2005). Bildungsstandards im Fach Biologie für den Mittleren Schulabschluss. München, Newwed: Luchterhand. • Surmann, J. (2017). Teilautomatisierte Entwicklung und Analyse humangenetischer Stammbäume. Schriftliche Masterarbeit im Rahmen des Masterstudiums mit Lehramtsprüfung für Gymnasium Gesamtschule an der Fakultät für Biologie der Universität Duisburg-Essen, Essen.

teilautomatisiert generieren & analysieren

Skript zur Stammbaumgenerierung (Surmann, 2017) entwickelt in R (R Core Team, 2017) unter Verwendung des Pakets *kinship2* (Sinnwell, Therneau & Schaid, 2014)

Vorbereiten:

- Verwandtschaftsverhältnisse
- Genotypen der Personen ohne Vorfahren im Stammbaum

Einstellen:

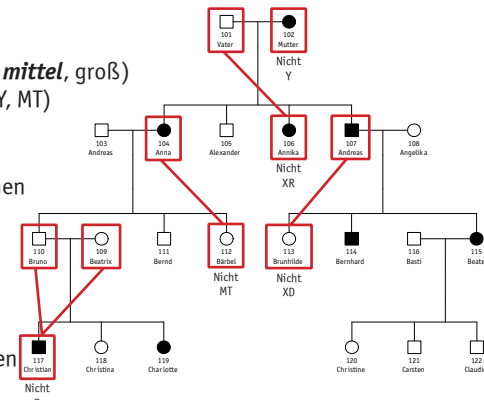
- Stammbaumgröße (klein, **mittel**, groß)
- Erbgang (AD, **AR**, XD, XR, Y, MT)

Generieren:

- Genotypen der Nachkommen
- Phänotypen
- Visuelle Darstellung

Analysieren:

- Falsifikationsstrategie
- Phänotypenkonstellationen



Methodik

Qualitative Analyse der Bearbeitungsstrategie(n)

Identifikation verwendeter Lösungsstrategie(n)

Bestimmung verwendeter Hinweise und Belege

- Offene Aufgaben
- Lautes Denken

deduktiv-induktives Vorgehen

Integrationsprozess

Itementwicklung unter Berücksichtigung bereits bekannter Hinweise und Belege

Auswertung unter Beachtung eingesetzter Lösungsstrategien, Hinweise und Belege

Quantitative Analyse der Stammbaumkomplexität

Einfluss von Konstruktionsmerkmalen

- Erbgang
- Stammbaumgröße

Einfluss von Personenmerkmalen

- Lösungsstrategie
- Stammbaumlesefähigkeit

Praktische Erträge

Übungsstammbäume in versch. Größen und zu allen Erbgängen

- Individualisierbares Feedback & automatisierbare Rückmeldung
- Entwicklung von Übungslektionen möglich
- Übungsplattform in der Entwicklung



Poster
Download



Kontakt:

Justin Lefarth
Universität Duisburg-Essen
Didaktik der Biologie II
45117 Essen
justin.lefarth@uni-due.de



Ein Qualitätspaket-
Lehre-Vorhaben
der
Universität
Duisburg-Essen

Dieses Vorhaben wird aus Mitteln des Bundesministeriums für Bildung und Forschung unter dem Förderkennzeichen 01PL16075 gefördert.

Die Verantwortung für den Inhalt dieser Veröffentlichung liegt beim Autor.

GEFÖRDET VOM



Bundesministerium
für Bildung
und Forschung