

Technische Aspekte der automatischen Aufgabengenerierung für *Blended Learning* Angebote in der Biologie

Eine Analyse an zwei Fallbeispielen aus der Botanik und Genetik

Justin Timm¹, Benjamin Otto², Thilo Schramm¹, Michael Striewe², Philipp Schmiemann¹ und Michael Goedicke²

Abstract: Der Beitrag demonstriert und analysiert an zwei Fallbeispielen aus der Biologie, wie fachspezifische Selbstlernaufgaben mit variablen Inhalten für ein *Blended Learning* Angebot automatisiert erzeugt werden können. Es wird gezeigt, dass auch hochspezifische fachliche Eigenschaften technisch abgebildet werden können und eine gute Item-Qualität erzeugt werden kann.

Keywords: Blended Learning, E-Assessment, Aufgabengenerierung, Biologiedidaktik

1 Einleitung

Blended Learning beschreibt die Integration von E-Learning-Angeboten in bestehende Präsenzveranstaltungsformate. Durch die Kombination der Vorzüge beider Formate kann der Kompetenzerwerb in den entsprechenden Veranstaltungen gesteigert werden [BB14, Me13], wobei die Entwicklung der Inhalte für die einzelnen Lernumgebungen maßgeblich von der Struktur der Fachdisziplinen bestimmt wird. Die Biologie als Fachwissenschaft zeichnet sich durch eine Vielzahl an Zweigen und Disziplinen aus, die in der Regel ihre eigenen weit zurückreichenden Forschungstraditionen aufweisen [Ma00], in denen häufig auch auf disziplinspezifische Lehrmethoden zurückgegriffen wird. Im Rahmen dieses Beitrags sollen technische Aspekte bei der automatisierten Aufgabengenerierung für Lehrveranstaltungen aus zwei unterschiedlichen Fachdisziplinen der Biologie vorgestellt werden. Dies ist zum einen die *botanische Übung zur Biodiversität*, die der allgemeinen Botanik zuzuordnen ist und im Weiteren als *botanische Bestimmungsübung* bezeichnet wird, und die *Einführung in die Genetik*.

In beiden Fällen werden fachspezifische Leistungsanforderungen an die Studierenden gestellt, von denen viele ausschließlich in disziplinspezifischen Aufgaben abgebildet werden können. In der *botanischen Bestimmungsübung* sollen Studierende beispielsweise

¹ Universität Duisburg-Essen, Fakultät für Biologie, Didaktik der Biologie, Universitätsstraße 2, 45141 Essen, {justin.timm,thilo.schramm,philipp.schmiemann}@uni-due.de

² Universität Duisburg-Essen, paluno - The Ruhr Institute for Software Technology, Gerlingstraße 16, 45127 Essen, {benjamin.otto,michael.striewe,michael.goedicke}@paluno.uni-due.de

lernen, Blütenpflanzen anhand morphologischer Merkmale zu bestimmen, wozu im Rahmen solcher Übungen in der Regel der Umgang mit einem Bestimmungsschlüssel eingeübt wird. In der Genetik wird von den Studierenden unter anderem erwartet, dass sie einen Vererbungsmechanismus eines genetisch determinierten Merkmals anhand des Auftretens innerhalb einer Familie aufklären. Hierzu existiert der fachspezifische Abbildungstypus des Familienstammbaums, der konventionalisiert ausschließlich zur Beantwortung genetischer Fragestellungen eingesetzt wird. In beiden Fällen ist dabei deklaratives Wissen (über Blütenpflanzen beziehungsweise Vererbungsmechanismen) und prozedurales Wissen (über den Umgang mit einem Bestimmungsschlüssel beziehungsweise das logische Schlussfolgern auf Grundlage von Vererbungsregeln und Wahrscheinlichkeiten) notwendig. Ziel der entwickelten *Blended Learning* Angebote ist es, die Entwicklung und Sicherung prozeduraler Fähigkeiten zu unterstützen.

Überprüft wird im Rahmen dieses Beitrags, inwiefern es gelingt, automatisch aus hochspezifischen Aufgaben(-Formaten) Übungsaufgaben zu generieren, die auch beim wiederholten Einsatz nicht durch bloßes Memorieren zu lösen sind. Zentrale Fragestellungen des Beitrags sind dabei, wie unter Berücksichtigung der fachspezifischen Besonderheiten eine hohe Item-Qualität sichergestellt werden kann und an welcher Stelle des Generierungsprozesses biologisches Fachwissen erforderlich ist. Exemplarisch vorgestellt wird hierzu eine Aufgabe zur Identifikation einer Blütenformel in Abhängigkeit von einer gegebenen Pflanzenfamilie für die *Bestimmungsübungen* und eine Aufgabe zur Analyse eines Familienstammbaums zur Bestimmung des vorliegenden Vererbungsmechanismus im Rahmen der *Einführung in die Genetik*.

2 Verwandte Arbeiten

Grundsätzlich ist die automatische Aufgabengenerierung ein gut beforschter Bereich mit zahlreichen existierenden Ansätzen [GLZ18]. Insbesondere im Kontext von Multiple-Choice-Aufgaben kann sie gezielt zur Steigerung der Qualität von Distraktoren verwendet werden [La16]. Fachspezifische Ansätze aus der Biologie sind jedoch wenig verbreitet. Hier kommen eher manuell erstellte Aufgaben in geschlossenen Lern-Umgebungen (z. B. [Co17]) zum Einsatz. In anderen Fächern (z.B. der Mathematik [Ku15, Sa13]) ist dagegen die Nutzung fachspezifischer Systeme auch für andere Aufgabentypen verbreitet.

Prinzipiell domänenunabhängig funktionieren dagegen Ontologie-Ansätze, zu denen es mannigfaltige Forschung gibt; ein detailliertes Literature Review findet man in [Al15]. Beispielhaft nutzt [SB14] Formal Concept Analysis (FCA), um Elektrotechnik-Aufgaben zu generieren und Alsubait et al. evaluieren verschiedene Ansätze [Al12] zur Ontologie-Generierung von Multiple-Choice-Fragen, die auch Biologie-Ontologien umfassen. Diese Ansätze sind allerdings kaum für die konkreten Fallbeispiele in diesem Beitrag geeignet, da sich die Kombination aus prozeduralem Wissen in Kombination mit falschem deklarativem Wissen als Distraktor nicht unmittelbar aus Ontologien ableiten lässt.

3 Technischer und organisatorischer Hintergrund

Das im Rahmen dieses Beitrags verwendete E-Assessment-System JACK ermöglicht parametrisierte Aufgaben, bei denen sich Inhalte bei jedem Aufruf der Aufgabe ändern. In der Mathematik sind solche Verfahren üblich, um dieselbe Aufgabe mit unterschiedlichen Zahlenwerten anzubieten. Das Prinzip ist jedoch nicht auf Zahlenwerte beschränkt, sondern kann auch Texte, Bilder oder andere Aufgabenbestandteile betreffen. Die Parametrisierung fördert Studierende so, theoretische Konzepte zu durchdringen, denn einerseits ist Auswendiglernen bei Aufgaben mit genügender Variabilität nicht mehr möglich, andererseits können diese auch nach erfolgreichem Abschluss mehrfach mit anderen Werten geübt werden, um das Verständnis des Stoffes zu vertiefen.

Das E-Assessment-System JACK enthält eine Auswertungseinheit, mit der Variablen in Aufgaben sowohl symbolisch als auch numerisch durch verschiedene Ausdrücke und Funktionen, aber auch durch andere Verfahren wie Ontologieabfragen belegt werden können. Nach Bedarf kommen dazu intern Computer-Algebra-Systeme (CAS) wie Sage oder die statistische Programmiersprache R zum Einsatz.

Die *botanische Bestimmungsübung* wird in jedem Sommersemester angeboten und jeweils von ca. 250 Studierenden besucht. In der Veranstaltung werden an jedem Kurstag Pflanzenfamilien und ihre morphologischen Merkmale vorgestellt und mithilfe eines Bestimmungsbuchs anhand echter Pflanzen bestimmt. So soll zum einen deklaratives Wissen über Bau und Taxonomie der Pflanzen erworben werden, zum anderen aber auch dessen Anwendung im praktischen Bestimmen. Die Veranstaltung schließt mit einer Klausur ab, welche aus einem theoretischen Teil über Bestimmungsmerkmale und Pflanzenfamilien und einem praktischen Teil, in welchem Studierende vier gegebene Pflanzen korrekt bestimmen müssen, besteht. Zur Begleitung der Bestimmungsübung und zur Vorbereitung auf die Modulabschlussprüfung wurde im Sommersemester 2018 erstmals eine Online-Lernumgebung bereitgestellt. In insgesamt 175 Aufgaben konnten Studierende den theoretischen Teil der Übung in Themen wie beispielsweise Blütenformeln, Blütendiagrammen, Blütenaufbau, Pflanzenaufbau, Fruchtformen oder wissenschaftlicher Nomenklatur üben.

Im Wintersemester 2018/19 wurde die Vorlesung *Einführung in die Genetik*, die im Rahmen des Bachelor-Studiums von Lehramtsstudierenden sowie den Studierenden der Biologie und der medizinischen Biologie belegt werden muss ($N_{\text{ges}} \approx 300$), erstmals durch ein digitales Lernangebot unterstützt. Es sollte zur Nachbereitung der Vorlesung und Vorbereitung auf die Klausur von den Studierenden eingesetzt werden können und ein stattfindendes Tutorium ergänzen und entlasten. Das digitale Lernangebot umfasste insgesamt 32 dynamisch generierte Übungsaufgaben zur Formal-, Human- und Populationsgenetik, von denen 20 bereits empirisch erprobt wurden [SNT17]. In Fallbeispiel 2 wird eine neue Aufgabe zur Stammbaumanalyse vorgestellt.

4 Fallbeispiel 1: Botanik

Die automatische Generierung von Aufgaben stellt in der Biologie grundsätzlich eine Herausforderung dar, da in Aufgaben typischerweise Faktenwissen thematisiert wird. Es finden sich in den meisten keine Formeln, welche wie in der Mathematik einfach variiert werden können, um so einen Aufgabenpool zu generieren. Bei Beschriftungs- oder Zuordnungsaufgaben kann eine Variation durch die verwendeten Bilder und die erfragten Strukturen oder Prozesse erfolgen, jedoch sind auch diese Variationsmöglichkeiten sehr begrenzt. Eine Chance bietet sich jedoch im speziellen Fall der Botanik in der Bestimmungsübung, in der unter anderem sogenannte Blütenformeln eingesetzt werden.

Damit Studierende gegebene Pflanzen ihrer jeweiligen Familie zuordnen können, müssen sie verschiedene Merkmale der Familien kennen. Eines der zentralen Merkmale ist hierbei der Aufbau der Blüte. Die komprimierteste Darstellung des Blütenaufbaus ist die Blütenformel, das Wissen um die Blütenformel reicht in vielen Fällen aus, um die Familie einer Pflanze anhand der Blüte zu bestimmen. Blütenbestandteile werden von außen nach innen durch Buchstaben und Zahlen bezeichnet. Die Anzahl, Anordnung und gegebenenfalls Verwachsungen der Bestandteile werden durch Zahlen, Klammern und weitere Symbole dargestellt. So lautet die Formel der Familie *Caryophyllaceae* (Nelkengewächse): $* K(5) C5 A5+5 G(\underline{5})$ und gibt an, dass es sich um eine radiärsymmetrische Blüte (*, also min. 3 Symmetrieachsen) mit 5 verwachsenen Kelchblättern ($K(5)$), 5 Kronblättern ($C5$), 5 äußeren und 5 inneren Staubblättern ($A5+5$) und 5 verwachsenen, oberständigen Fruchtblättern ($G(\underline{5})$) handelt.

Im Rahmen der Lernplattform wurde ein Aufgabenformat entwickelt, bei welchem Studierende die richtige Blütenformel zu einer gegebenen Pflanzenfamilie angeben müssen. Ihnen wird dazu nur der Name der Pflanzenfamilie vorgegeben, aber keine zugehörige Abbildung gezeigt.

Frage1

Wie lautet die Blütenformel der *Caryophyllaceae*?

Antworten:

- ☐ $* K(5) C5 A6 G(\underline{5})$
- ☐ $* K(5) C(3+3) A6 G(\underline{4})$
- ☐ $* K(6) C(3+3) A5+5 G(\underline{5})$
- ☐ $* K(5) C5 A5+5 G(\underline{5})$
- ☐ $* K(5) C(3+3) A5+5 G(\underline{4})$

Abb. 1: Beispielaufgabe zu Blütenformeln (Live-Demo verfügbar unter <https://jack-demo.s3.uni-due.de/jack2/demo?id=68204>)

Für die automatische Erzeugung der Distraktoren wird ein zweistufiges Zufallsverfahren verwendet. Im ersten Schritt werden eine zufällige, falsche Zahl und zwei zufällige falsche

Summen ausgewürfelt, wobei von den Summen eine garantiert aus zwei gleichen Summanden besteht. „Falsch“ bedeutet in diesem Kontext, dass Zahlenwerte verwendet werden, die in der richtigen Lösung nicht auftreten, aber aus fachlicher Sicht nicht völlig abwegig erscheinen. An dieser Stelle des Konstruktionsprozesses ist also botanisches Fachwissen notwendig, um die Wahl völlig abwegiger Werte zu vermeiden. Auf Basis dieser Zufallswerte werden anschließend für alle vier Bestandteile der Blütenformel mehrere falsche Inhalte erzeugt, indem die falschen Zahlen, falschen Summen und ggf. noch zusätzliche falsche Klammerungen oder Über-/Unterstriche verwendet werden, soweit dies fachlich sinnvoll ist. An dieser Stelle des Konstruktionsprozesses ist daher ebenfalls botanisches Fachwissen notwendig, um die Konstruktion unsinniger Distraktoren ausschließen zu können. Im Beispiel aus Abbildung 1 entstehen so für die Bestandteile K und C jeweils 9 falsche Möglichkeiten, für A sechs Möglichkeiten und für G fünf Möglichkeiten. Aus dieser Menge von falschen Bestandteilen werden anschließend im zweiten Zufallsschritt die Distraktoren gebildet, wobei ein Distraktor aus genau einem falschen und drei richtigen Bestandteilen zusammengesetzt wird, zwei aus genau zwei falschen Bestandteilen und einer aus genau drei falschen Bestandteilen. Durch die Zweistufigkeit des Verfahrens ist dabei sichergestellt, dass die Distraktoren nicht schon alleine dadurch zu identifizieren sind, dass sie immer andere Zahlenwerte enthalten. Im Beispiel aus Abbildung 1 kommt etwa der falsche Bestandteil C(3+3) häufiger vor als der korrekte Bestandteil C5. Die Aufgabe lässt sich also nicht einfach dadurch lösen, dass man jene Option wählt, die den jeweils häufigsten Wert für jeden Bestandteil enthält.

Im obigen Beispiel ergeben sich rechnerisch insgesamt 320 mögliche Kombinationen für falsche Zahlenwerte und für jede dieser Kombinationen können 2.430 Distraktoren erzeugt werden. Insgesamt können bei dieser Aufgabe also 777.600 verschiedene Distraktoren erzeugt werden, wobei nicht jede beliebige Kombination aus dieser Menge innerhalb einer Aufgabe auftreten kann. Auch wenn die Distraktoren gleichverteilt gezogen werden, ist zudem das Auftreten einzelner Bestandteile nicht gleichverteilt, da die Mengen an potenziellen Bestandteilen unterschiedlich groß sind. Es könnte daher in ungünstigen Fällen theoretisch passieren, dass schlechtere Distraktoren häufiger auftreten. Dieser Frage soll im Folgenden durch die exemplarische Analyse von Nutzungsdaten aus dem Wintersemester 2017/18 nachgegangen werden.

Die oben gezeigte Beispielaufgabe zur Blütenformel der *Caryophyllaceae* wurde im Untersuchungszeitraum von 104 Studierenden insgesamt 279 Mal bearbeitet. Insgesamt wurden den Studierenden dabei 795 verschiedene Distraktoren angezeigt. Die korrekte Antwort wurde in 234 Fällen gewählt (84%), was dem mittleren Schwierigkeitsniveau aller eingesetzten Aufgaben dieses Typs entspricht. Im ersten Versuch wurde die Aufgabe in 79% der Fälle gelöst. Die drei am häufigsten angezeigten Distraktoren stammen alle aus der Gruppe der Distraktoren mit einem falschen Bestandteil und wurden insgesamt 46 Mal angezeigt und in 9 Fällen gewählt (20%). Ein weiterer exemplarischer Distraktor mit einem falschen Bestandteil wurde 9 Mal angezeigt und 4 Mal gewählt. Im Gegenzug gibt es jedoch auch einen Distraktor mit einem falschen Bestandteil, der 12 Mal angezeigt aber nie gewählt wurde. Distraktoren mit drei falschen Bestandteilen wurden insgesamt nur ein

einziges Mal gewählt. Die automatische Generierung führt demnach prinzipiell zu guten Ergebnissen, produziert allerdings auch viele überflüssige Distraktoren.

Das Ergebnis ist jedoch nicht auf andere Blütenformeln verallgemeinerbar. Eine andere Aufgabe zur Blütenformel der *Fabaceae* wurde von 90 Studierenden 203 Mal bearbeitet. Insgesamt wurden 609 Distraktoren angezeigt und die korrekte Antwort in 174 Fällen (86%) gewählt, so dass die Aufgabe prinzipiell vergleichbar ist. Die drei häufigsten Distraktoren wurden jedoch insgesamt 36 Mal angezeigt, aber nur einmal gewählt (3%). Hier liegt also tatsächlich eine Schwäche bei der Erzeugung der Distraktoren vor, obwohl das Konstruktionsprinzip der Aufgabe identisch ist.

Aus diesen Werten lassen sich mehrere Schlussfolgerungen mit Blick auf die Forschungsfragen dieses Papers ziehen: Das erste Beispiel zeigt, dass die automatische Erzeugung guter Distraktoren prinzipiell möglich ist. Beide Beispiele zusammen zeigen, dass eine große Zahl von Distraktoren erzeugt wird, die nicht oder nur selten gewählt wird und damit zu eliminieren sind. Es erscheint daher notwendig, den Prozess der Aufgabenerstellung und Qualitätssicherung iterativ zu gestalten, indem die Konfiguration der Erzeugung von Antwortoptionen schrittweise so angepasst wird, dass häufig auftretende aber selten gewählte Distraktoren für künftige Einsätze nicht mehr erzeugt werden. Anders als bei der initialen Festlegung der potenziellen falschen Bestandteile der Distraktoren ist für die iterative Verfeinerung jedoch nur ein geringes Maß an botanischem Fachwissen notwendig.

Im Rahmen der ersten Nutzung im Sommersemester 2018 haben 197 Studierende das Lerntool genutzt und dabei insgesamt über 24.000 Aufgaben gelöst. Im Laufe des Semesters wurden typischerweise an den Tagen vor den Testaten 600-900 Aufgaben pro Woche gelöst mit einem starken Anstieg vor der Klausur. Dies deutet darauf hin, dass die Studierenden die Plattform als lernförderlich erachten. Genauere Analysen mit Blick auf Auswirkungen der Nutzung auf Klausurergebnisse sind für das Sommersemester 2019 geplant.

5 Fallbeispiel 2: Genetik

Humangenetische Stammbäume stellen das Vorkommen spezifischer in der Regel erblicher Merkmale innerhalb familiärer Zusammenhänge dar. Sie können zur Bestimmung des dem Merkmal zugrundeliegenden Erbgangs, bei der Kartierung von Erbkrankheiten [Gr15, S. 604], aber auch im Rahmen einer humangenetischen Beratung eingesetzt werden, wobei das Ziel der genetischen Beratung sowohl therapeutische, als auch präventive Maßnahmen sein können [TG11, S. 46].

Die Analyse humangenetischer Stammbäume zur Identifikation des dargestellten Vererbungsmechanismus ist erstmalig bereits im Biologieunterricht der weiterführenden Schule Gegenstand des Unterrichts (vgl. [KMK05, KMK04]). Im Rahmen der universitären Lehrveranstaltung *Einführung in die Genetik* wird von den Studierenden

erwartet, dass sie sowohl auf Grundlage eines gegebenen Stammbaums den Vererbungsmechanismus eines Merkmals aufklären, als auch die Wahrscheinlichkeit ermitteln können, mit der ein im Stammbaum dargestelltes Elternpaar ein erkranktes Kind bekommt. Hierbei deuten bisherige Studienergebnisse an, dass die Schwierigkeit von “Stammbaumaufgaben” maßgeblich vom dargestellten Vererbungsmechanismus abhängig ist (vgl. [Ha94]).

Das JACK-R-Modul [Ot17] stellte eine geeignete Basis dar, um parametrisierte Genetikaufgaben mit dynamisch generierten, grafischen Stammbäumen stellen zu können, da mit *kinship2* [STS14] bereits ein R-Paket zur grafischen Darstellung von Stammbäumen (siehe Abb. 2) im *Comprehensive R Archive Network (CRAN)* zur Verfügung stand. Zur Nutzung derartiger Pakete gibt es in JACK verschiedenartige Anbindungen an sogenannte Backends, die R-Code auswerten können. Insbesondere war bereits ein auf R-Serve [Ur03] basierender Service vorhanden, der Auswertungen von R-Programmen zurückgibt. Um dabei die Ausführung von potentiell unsicherem R-Code sicher zu gestalten, wird dieser isoliert in Docker-Containern ausgeführt, welche zusätzlich noch mit Blacklisting [Da13] von sicherheitsrelevanten R-Befehlen arbeiten. Um auch die für Stammbaumaufgaben notwendigen Bilder einbinden zu können, wurde zusätzlich ein auf Spring basierender Microservice entwickelt, der versucht, aus übergebenen R-Befehlen Bilder zu erstellen, und diese im Erfolgsfall JACK bereitstellt. Zusätzlich stellt ein neu entwickeltes R-Paket die notwendigen Funktionen zur Konstruktion der Aufgaben bereit, die im Folgenden näher erläutert werden.

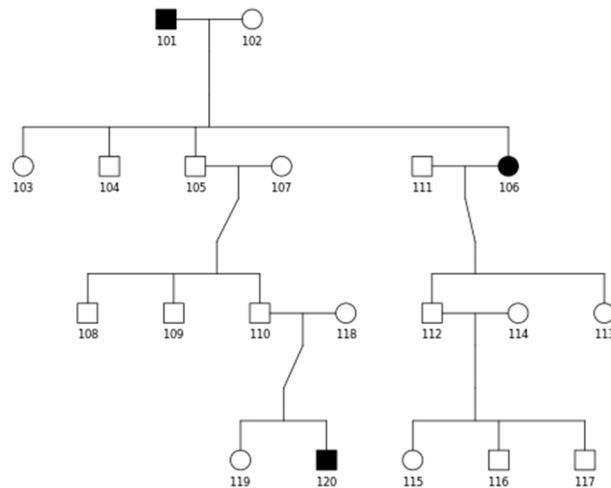
Da es sich bei Stammbaumaufgaben um Problemlöseaufgaben handelt, erfordert deren korrekter Lösung in der Regel die Integration von fachlichen und fachübergreifenden Fähigkeiten (vgl. [TT10, S. 1078]). Um den Studierenden ausreichend Übungsmöglichkeit zu schaffen, wurden automatisiert Stammbäume zu allen Lehrveranstaltungsrelevanten Vererbungsmechanismen erzeugt und so halbautomatisiert eine große Zahl von Stammbaumaufgaben generiert. Die Aufgabenkonstruktion läuft in drei Schritten ab, wobei die Generierung des Stammbaums die ersten zwei Schritte in Anspruch nimmt.

In einem ersten Schritt wird nach bestimmten Regeln eine Familienkonstellation erstellt. Dabei wird ausgehend von einer Elterngeneration ein mehrstufiges und in Teilen iteratives Zufallsverfahren eingesetzt, um eine realistische Familienstruktur zu generieren. In den erzeugten Stammbäumen werden dabei stets zwischen drei und fünf Generationen dargestellt, die auf ein Gründerpaar zurückgehen, welches mindestens drei und maximal fünf Kinder besitzt. Ab der zweiten Generation werden dann zufallsbasiert jeweils zwischen zwei und vier Personen ausgewählt, für die ein nicht verwandter Partner beziehungsweise eine nicht verwandte Partnerin und zwei ($P = 3/6$), drei ($P = 2/6$) oder vier ($P = 1/6$) Kinder erzeugt werden.

Im zweiten Schritt wird auf Grundlage des zu simulierenden Erbmechanismus zufallsbasiert die Vererbung der merkmalsbestimmenden Genkopien (Allele) vollzogen. Hierzu muss zunächst die genetische Ausstattung des Gründerpaars und der in jeder Generation neu hinzugefügten Partner in Abhängigkeit vom simulierten Erbgang

zufallsbasiert generiert werden. Erst im Anschluss können die Allele den Regeln des jeweiligen Erbmechanismus folgend, an die nachkommenden Generationen weitergegeben werden. Wobei auch hier in der Regel eine Zufallsfunktion zum Tragen kommt, da bei einer nicht geschlechtsgebundenen Vererbung jeder Mensch von jedem Elternteil genau eine von zwei Genkopien erbt. Danach lässt sich auf Grundlage der vorliegenden beziehungsweise ererbten Allele und des zu simulierenden Erbmechanismus bestimmen, welche Person das Merkmal trägt (und damit in der grafischen Darstellung durch ein eingefärbtes Symbol repräsentiert wird), womit die Generierung des Familienstammbaums abgeschlossen ist.

Analysieren Sie den vorliegenden Stammbaum so genau wie möglich.



Aufgabe:

Bestimmen Sie den vorliegenden Erbgang.

Abb. 2: Stammbaumaufgabe auf Grundlage eines autosomal-rezessiven Erbgangs. Innerhalb des Stammbaums werden männliche Personen durch Quadrate und weibliche Personen durch Kreise dargestellt. Linien visualisieren die familiäre Beziehung zwischen den dargestellten Personen. Ausgefüllte Symbole repräsentieren Betroffenheit einer Person mit dem jeweiligen Merkmal.

(Nomenklatur bei [Be08])

Obwohl alle in den vorherigen Schritten generierten Stammbäume unter Berücksichtigung eines spezifischen Erbmechanismus generiert sind, lässt sich eine Vielzahl von ihnen ohne weiterführende Informationen keinem Vererbungsmechanismus eindeutig zuordnen, weil der Stammbaum keine Schlüsselstellen oder sonstige Charakteristika aufweist, die eine eindeutige Identifikation des Vererbungsmechanismus zulassen. Es erscheinen dann

mehrere Mechanismen mehr oder weniger gleichermaßen wahrscheinlich. Um diesem Problem zu begegnen haben wir ein Analysemodul entwickelt, welches in einem dritten Schritt überprüft, ob sich ein generierter Stammbaum hinreichend eindeutig einem Vererbungsmechanismus zuordnen lässt. Dieses Analysemodul nutzt ausschließlich die Informationen, die auch den Studierenden zur Verfügung stehen. Dieser Prüfungsschritt wäre vermutlich prinzipiell vermeidbar, wenn bereits während der Generierung des Stammbaums eindeutige Identifikationsmerkmale innerhalb des Stammbaums erzwungen würden. Dieser Ansatz wurde allerdings zum einen aus Komplexitätsgründen und zum anderen, um die realistische Verteilung der Allele über die Generationen hinweg so wenig wie möglich durch zusätzliche Konstruktionsregeln zu manipulieren, und so potentiell die Struktur der erzeugten Stammbäume systematisch zu beeinflussen, verworfen.

Das Analysemodul erkennt einen Stammbaum dann als eindeutig bestimmbar, wenn sich alle alternativen Vererbungsmechanismen mit hinreichender Sicherheit ausschließen lassen. Beispielhaft lässt sich dies anhand des in Abbildung 2 dargestellten Stammbaums erläutern. Die Person mit der Nummer 120 besitzt ein Merkmal, welches seine Eltern nicht besitzen. Dementsprechend wird dieses Merkmal nicht dominant, sondern rezessiv vererbt. Da mit Person 106 auch eine Frau Merkmalsträgerin ist, kann das merkmalscodierende Gen außerdem nicht auf dem Y-Chromosom liegen (da Frauen kein Y-Chromosom besitzen). Auch eine Lokalisierung des rezessiven Gens auf dem X-Chromosom lässt sich ausschließen, da Mann 112 andernfalls Merkmalsträger sein müsste. Auf Grundlage dieser Überlegungen lässt sich der Stammbaum eindeutig bestimmen; dargestellt ist ein autosomal-rezessiv vererbtes Merkmal.

Da der Anteil eindeutig bestimmbarer Stammbäume je nach Erbgang sehr gering ist, haben wir vor Beginn des Einsatzes in der Lehrveranstaltung einen Aufgabenpool bestehend aus 150 Aufgaben (jeweils zehn für einen von fünf Vererbungsmechanismen und eine von drei Größen) generiert. Hierzu wurden mithilfe der zuvor vorgestellten Schritte 6771 Stammbäume generiert und analysiert, wobei für jeden eindeutig bestimmbaren Stammbaum lediglich ein erzeugungsrelevanter *seed key*, der Vererbungsmechanismus und die gewünschte Generationenzahl in einem DataFrame gespeichert werden müssen.

Die tatsächliche Generierung der Aufgabe findet dann erst statt, wenn ein Studierender eine Stammbaumaufgabe anfordert. Aus dem zuvor genannten DataFrame wird zufallsbasiert eine Zeile mit Konstruktionsvariablen ausgewählt und auf dieser Basis die entsprechende Aufgabe generiert, wobei erst jetzt die entsprechende Abbildung erzeugt wird. Ergänzend wird auch das Analyseskript erneut aufgerufen, da es nicht nur den vorliegenden Erbgang bestimmt, sondern darüber hinaus individuelles Feedback generiert, indem es Personen innerhalb des Stammbaums identifiziert, anhand derer sich die spezifischen, nicht zutreffenden Vererbungsmechanismen ausschließen lassen. Dieses Feedback wird den Studierenden während der Bearbeitung immer dann angezeigt, wenn sie sich für einen falschen Vererbungsmechanismus entscheiden. Sie bekommen dann die

Gelegenheit, sich für einen alternativen Vererbungsmechanismus zu entscheiden, können also mehrfach ihre Antwort überprüfen.

Bei der Auswahl der Aufgaben wurden, wie angestrebt, alle fünf relevanten Vererbungsmechanismen ($N_{\min} = 246$; $N_{\max} = 297$) und die drei möglichen Stammbaumgrößen ($N_{\min} = 407$; $N_{\max} = 463$) in vergleichbarer Häufigkeit generiert. Insgesamt wurden 1304 Aufgabebearbeitungen von 134 Studierenden vollzogen, was im Durchschnitt 9,7 Bearbeitungen pro Studierendem entspricht, wobei die individuelle Nutzungshäufigkeit stark variiert (61 Personen mit bis zu 3 Bearbeitungen, maximale Nutzungshäufigkeit einer Person = 119). Die Stammbaumaufgaben besitzen eine angemessene Schwierigkeit für die Studierenden, in 65,9 % der Fälle wurde im ersten Versuch die richtige Lösung ausgewählt. Die Wahrscheinlichkeit innerhalb von zwei oder drei Versuchen die richtige Lösung auszuwählen belief sich kumuliert auf 84,7 % beziehungsweise 92,2 %.

Auf Grundlage der bisherigen Ergebnisse bewerten wir die Aufgabengenerierung und -selektion als zufriedenstellend, da Stammbäume in allen Größen und zu allen Erbgängen in ausreichender Zahl generiert und bearbeitet wurden. Die durchschnittliche Nutzungshäufigkeit der Studierenden legt nahe, dass die Variabilität der generierten Aufgaben so groß ist, dass das Analysieren von Stammbäumen mithilfe dieser Aufgabe mehrfach geübt werden kann. Darüber hinaus wird die Qualität der Aufgaben zukünftig anhand von Begründungen evaluiert, die die Studierenden bei der Bearbeitung zusätzlich angeben müssen. Außerdem ist eine weiterführende Wirksamkeitsanalyse auf Grundlage von Klausurergebnissen geplant, wobei das Studiendesign und die hohe Variabilität der Aufgaben besondere Herausforderungen darstellen.

6 Analyseergebnisse

Als positive Erkenntnis der beiden unabhängigen Fallbeispiele kann festgehalten werden, dass es jeweils möglich war, die fachliche Komplexität der Aufgabenstellung soweit in algorithmischer Form beziehungsweise in Form von Aufgabenkonfigurationen festzuhalten, dass die Erstellung fachlich sinnvoller Aufgabeninhalte vollständig automatisiert erfolgen konnte. Ferner wurde festgestellt, dass die so erzeugten Aufgaben auf Basis ihrer Lösungswahrscheinlichkeit als ausreichend schwierig zu bewerten sind, so dass die Automatisierung nicht mit einer verminderten Aufgabenqualität einhergeht.

Gleichzeitig konnte jedoch auch festgestellt werden, dass die automatische Erzeugung einer Nachsteuerung bedarf, die bei den botanischen Aufgaben aufgrund der großen Menge an erzeugten Distraktoren größer ist als bei den genetischen Stammbäumen.

7 Fazit und kommende Arbeiten

Der vorliegende Beitrag zeigt, dass fachlich hochspezifische Aufgabentypen der Biologie erfolgreich automatisch generiert werden können. Das dazu nötige Fachwissen kann im Wesentlichen im Rahmen des Konstruktionsprozesses codiert werden, um eine hohe Item-Qualität zu erzielen, während eine Nachsteuerung auf Basis statistischer Merkmale mit geringerem Fachwissen möglich erscheint.

Neben der iterativen Verbesserung der vorhandenen Aufgaben und der Erweiterung der Aufgabenpools innerhalb der jeweiligen Disziplin erscheint es möglich, das Aufgabenformat aus dem Bereich der Botanik auf weitere Kontexte der Biologie zu übertragen, welche ebenfalls eine formelbasierte Darstellung umfassen. Hier bietet sich zum Beispiel das Erlernen von Zahnformeln im Bereich der Zoologie an. Ferner könnte ein abgeleitetes Format beim Erlernen von anatomischen Begriffen genutzt werden, die sich häufig aus verschiedenen Begriffen zusammensetzen (z.B. *Musculus adductor magnus* und *Musculus adductor longus*).

Die Aufgabe zu Familienstammbäumen und das zugrundeliegende Skript lässt sich zwar nicht ohne weiteres zur Entwicklung anderer biologiespezifischer Aufgaben nutzen, verdeutlicht aber, dass es möglich ist, auf Grundlage fachspezifischer Diagramme automatisiert Problemlöseaufgaben zu generieren, was beispielsweise im Fachbereich der Evolution mit Dendrogrammen (im Sinne phylogenetischer Stammbäume) denkbar wäre.

Danksagung: Wir danken den Kolleginnen und Kollegen aus der Botanik und Genetik für die Unterstützung bei der Aufgabenentwicklung und die Möglichkeit, diese in den Lehrveranstaltungen einzusetzen. Die Forschungsarbeit in diesem Paper wurden vom BMBF unter Förderkennzeichen 01PL16075 gefördert.

Literaturverzeichnis

- [Al12] Alsubait, T. et al.: Next generation of e-assessment: automatic generation of questions. *International Journal of Technology Enhanced Learning*, 4(3/4), S. 156-171, 2012.
- [Al15] Alsubait, T.: *Ontology-based multiple-choice question generation*. PhD thesis, School of Computer Science, The University of Manchester, 2015.
- [BB14] Buttner, E. H.; Black, A. N.: Assessment of the Effectiveness of an Online Learning System in Improving Student Test Performance. *Journal of Education for Business* 5/14, S. 248-256, 2014.
- [Be08] Bennett, R. L. et al.: Standardized human pedigree nomenclature. Update and assessment of the recommendations of the National Society of Genetic Counselors. *Journal of genetic counseling* 17(5), S. 424–433, 2008.
- [Co17] The Concord Consortium: *Teaching Genetics with Dragons - The Concord Consortium's Genetics Education Software*. <https://concord.org/teaching-genetics/dragons>, 2017.
- [Da13] Daroczi, G.: *The sandboxR Package: Filtering “Malicious” Calls in R*. <https://github.com/Rapporter/sandboxR>, 2013.

-
- [GLZ18] Gierl, M., Lai, H., Zhang, X.: Automatic Item Generation. In M. Khosrow-Pour, D.B.A. (Hrsg.): *Encyclopedia of Information Science and Technology*, Fourth Edition. Hershey, PA: IGI Global, S. 2369-2379, 2018.
- [Gr15] Graw, J.: *Genetik*. 6. Aufl. Berlin, Heidelberg: Springer, 2015.
- [Ha94] Hackling, M. W.: Application of genetics knowledge to the solution of pedigree problems. *Research in Science Education* 24(1), S. 147–155. 1994.
- [KMK04] Ständige Konferenz der Kultusminister der Länder in der Bundesrepublik Deutschland (KMK) (Hrsg.): *Einheitliche Prüfungsanforderungen in der Abiturprüfung Biologie*. Beschluss der Kultusministerkonferenz vom 01.12.1989 i.d.F. vom 05.02.2004, 2004.
- [KMK05] Ständige Konferenz der Kultusminister der Länder in der Bundesrepublik Deutschland (KMK) (Hrsg.): *Bildungsstandards im Fach Biologie für den Mittleren Schulabschluss*. Beschluss vom 16.12.2004. München: Luchterhand, 2005.
- [Ku15] Kurt-Karaoglu, F.: A Framework for Generic Exercises with Mathematical Content. In: 2015 International Conference on Learning and Teaching in Computing and Engineering, IEEE, S. 70-75, 2015.
- [La16] Lai, H. et al.: Using Automatic Item Generation to Improve the Quality of MCQ Distractors. *Teaching and Learning in Medicine*, 28, Routledge, S. 166-173, 2016.
- [Ma00] Mayr, E.: *Das ist Biologie, Die Wissenschaft des Lebens*, Spektrum, Heidelberg, 2000.
- [Me13] Means, B. et al.: The Effectiveness of Online and Blended Learning: A Meta-Analysis of the Empirical Literature. *Teachers College Record* 115(3), S. 1-47, 2013.
- [Ot17] Otto, B. et al.: Evaluation einer Statistiklehrveranstaltung mit dem JACK R-Modul. In: *DeLFI 2017 – Die 15. e-Learning Fachtagung Informatik*, S. 75-86, 2017.
- [Sa13] Sangwin, C.: *Computer aided assessment of mathematics*. OUP Oxford, 2013.
- [SB14] Škopljanač-Maćina, F.; Blašković, B.: Formal concept analysis—overview and applications. *Procedia Engineering*, 69, S. 1258-1267, 2014.
- [SNT17] Schmiemann, P.; Nehm, R. H.; Tornabene, R. E.: Assessment of Genetics Understanding. *Science & Education*, 26(10), S. 1161–1191, 2017.
- [STS14] Sinnwell, J. P.; Therneau, T. M.; Schaid, D. J.: The kinship2 R package for pedigree data. *Human heredity* 78(2), S. 91–93, 2014.
- [TG11] Teufel, A.; Galante, T.: *Humangenetik (Basics, 1. Aufl.)*. Elsevier, 2011.
- [TT10] Tsui, C. Y., & Treagust, D. Evaluating secondary students’ scientific reasoning in genetics using a two-tier diagnostic instrument. *International Journal of Science Education*, 32(8), 1073-1098. 2010
- [Ur03] Urbanek, S.: Rserve - a fast way to provide R functionality to applications. In: *Proc. of the 3rd International Workshop on Distributed Statistical Computing (DSC 2003)*, 2003.