

Hammann, Marcus; Brandt, Sebastian

Tracing Trait Formation. Wie erklären Lernende der Sekundarstufe II den Weg vom Gen zum Merkmal?

"Herausforderung Zukunft". Internationale Jahrestagung der Fachsektion Didaktik der Biologie im VBIO. Innsbruck; Wien : Studienverlag 2024, S. 123-142. - (Lehr- und Lernforschung in der Biologiedidaktik; 11)



Quellenangabe/ Reference:

Hammann, Marcus; Brandt, Sebastian: Tracing Trait Formation. Wie erklären Lernende der Sekundarstufe II den Weg vom Gen zum Merkmal? - In: "Herausforderung Zukunft". Internationale Jahrestagung der Fachsektion Didaktik der Biologie im VBIO. Innsbruck; Wien : Studienverlag 2024, S. 123-142 - URN: urn:nbn:de:0111-pedocs-361940 - DOI: 10.25656/01:36194

<https://nbn-resolving.org/urn:nbn:de:0111-pedocs-361940>

<https://doi.org/10.25656/01:36194>

in Kooperation mit / in cooperation with:



<https://www.vbio.de/fddb-fachdidaktik>

Nutzungsbedingungen

Dieses Dokument steht unter folgender Creative Commons-Lizenz: <http://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/deed.de> - Sie dürfen das Werk bzw. den Inhalt vervielfältigen, verbreiten und öffentlich zugänglich machen sowie Abwandlungen und Bearbeitungen des Werkes bzw. Inhaltes anfertigen, solange Sie den Namen des Autors/Rechteinhabers in der von ihm festgelegten Weise nennen und das Werk bzw. den Inhalt nicht für kommerzielle Zwecke verwenden.

Mit der Verwendung dieses Dokuments erkennen Sie die Nutzungsbedingungen an.

Terms of use

This document is published under following Creative Commons-Licence: <http://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/deed.en> - You may copy, distribute and render this document accessible, make adaptations of this work or its contents accessible to the public as long as you attribute the work in the manner specified by the author or licensor. You are not allowed to make commercial use of the work, provided that the work or its contents are not used for commercial purposes.

By using this particular document, you accept the above-stated conditions of use.



Kontakt / Contact:

peDOCS
DIPF | Leibniz-Institut für Bildungsforschung und Bildungsinformation
Informationszentrum (IZ) Bildung
E-Mail: pedocs@dipf.de
Internet: www.pedocs.de

Mitglied der


Leibniz-Gemeinschaft

Steffen Schaal, Armin Lude,
Moritz Krell, Kerstin Kremer (Hrsg.)

Lehr- und Lernforschung in der Biologiedidaktik

Band 11

StudienVerlag



Steffen Schaal, Armin Lude, Moritz Krell,
Kerstin Kremer (Hrsg.)

Lehr- und Lernforschung in der Biologiedidaktik
Band 11

Steffen Schaal, Armin Lude, Moritz Krell,
Kerstin Kremer (Hrsg.)

Lehr- und Lernforschung in der Biologiedidaktik

Band 11

„Herausforderung Zukunft“
Internationale Jahrestagung
der Fachsektion Didaktik der Biologie im VBIO

StudienVerlag

Innsbruck
Wien

© 2024 by Studienverlag Ges.m.b.H., Erlersstraße 10, A-6020 Innsbruck
E-Mail: order@studienverlag.at
Internet: www.studienverlag.at

Buchgestaltung nach Entwürfen von himmel. Studio für Design und Kommunikation, Innsbruck /
Scheffau – www.himmel.co.at

Satz und Umschlag: Maria Strobl – gestro.at

Coverfotos: Kay Vollert, ARGUS/Das Foto, Sylke Hlawatsch, Klaus-Jürgen Hovener/Schering AG
Falls bei der Abbildung nicht anders angegeben, liegen die Bildrechte bei den Autor*innen.

Gedruckt auf umweltfreundlichem, chlor- und säurefrei gebleichtem Papier.

Bibliografische Information der Deutschen Nationalbibliothek

Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese Publikation in der Deutschen

Nationalbibliografie; detaillierte bibliografische Daten sind im Internet über [<http://dnb.dnb.de>](http://dnb.dnb.de)
abrufbar.

ISBN 978-3-7065-6440-3

Alle Rechte vorbehalten. Kein Teil des Werkes darf in irgendeiner Form (Druck, Fotokopie, Mikrofilm oder in einem anderen Verfahren) ohne schriftliche Genehmigung des Verlages reproduziert oder unter Verwendung elektronischer Systeme verarbeitet, vervielfältigt oder verbreitet werden.

Der Verlag behält sich das Text- und Data-Mining nach § 42h UrhG vor, was hiermit Dritten ohne Zustimmung des Verlages untersagt ist.

Inhaltsverzeichnis

Vorwort	7
<i>Leroy Großmann, Maren Koberstein-Schwarz, Daniel Scholl, Anke Meisert & Dirk Krüger</i> Forschungsfelder kartieren, Forschungslücken entdecken: bibliometrische Analysen am Beispiel der naturwissenschaftsdidaktischen Unterrichtsplanungsforschung	11
<i>Alexander Büssing, Julia Arnold, Alexander Bergmann-Gering, Till Bruckermann, Arne Dittmer, Daniela Mahler, Annette Upmeyer zu Belzen & Bianca Reinisch</i> Der Family Resemblance Approach als Rahmen für Reflexionen über das Wesen der Biologiedidaktik – eine Round Table Dokumentation	27
<i>Silvia Fränkel, Benedikt Heuckmann, Laura Ferreira González, Moritz Sterken, Sarah Wilken & Melanie Basten</i> Inklusionsorientierte Anteile in der ersten Phase der biologiedidaktischen Lehrkräftebildung gestalten und verankern. Ergebnisse einer Round Table-Diskussion	41
<i>Sara Großbruchhaus, Patricia Schöppner & Claudia Nerdel</i> Implementation einer biotechnologischen Lehrkräftefortbildung in den Unterricht – welche Einflussfaktoren unterstützen Lehrkräfte bei der Entscheidung?	55
<i>Albert Zeyer</i> Synoptischer Wissenstransfer (Two-Eyed Seeing) – Ein Ansatz, um medizinische Themen in den naturwissenschaftlichen Unterricht zu integrieren	73
<i>Elvira Schmidt, Julia Arnold, Heide Beranek-Knauer, Simon Blauza, Lucas Eder, Benedikt Heuckmann, Helmut Jungwirth, Hildrun Walter, Albert Zeyer & Kerstin Kremer</i> Wissenschaftsreflexion medizinischer Themen im Kontext von Gesundheitsbildung	89

<i>Maximilian Haberbosch, Lisa Jiang, Daniel Hartmuth, Marius Eckert, Sarah Dannemann, Birgit Jana Neuhaus, Dörte Ostersehl, Sonja Schaal & Steffen Schaal</i>	
Ein systematischer Vergleich der Reflexionsverständnisse in der Biologie-Lehrkräftebildung	107
<i>Marcus Hammann & Sebastian Brandt</i>	
Tracing Trait Formation: Wie erklären Lernende der Sekundarstufe II den Weg vom Gen zum Merkmal?	123
<i>Dorian Thomsen & Alexander Büssing</i>	
Erarbeitung eines Kategoriensystems zum Einsatz immersiver Modelle in der Humanbiologie: eine Studie zu Lernendenvorstellungen und Einbindungsgraden	143
<i>Jutta Lumer & Christiane Konnemann</i>	
Besseres biologisches Verständnis durch Anwendung von Multimedia-Prinzipien auf eine Text-Bild-Kombination zur synaptischen Übertragung	161
<i>Mirlinda Mustafa, Nadine Großmann & Jörg Großschedl</i>	
Rückmeldesysteme in interaktiven Lernvideos für angehende Biologielehrkräfte: Einfluss auf die Forschungskompetenz, das forschungsmethodische Wissen und die intrinsische Motivation	181
<i>Birgit Baumann & Jorge Groß</i>	
Entwicklung einer Bestimmungs-App für Schmetterlinge durch Lernende im DPaCK-Modell	197
<i>Rebecca Klein, Murielle Meier & Nadine Tramowsky</i>	
Entwicklung eines Kriterienkataloges zur Gestaltung multimedialer Arbeitshefte (MuxBooks) für die Grundschule: eine Design-Based Research-Studie	213

Vorwort

Herausforderung Zukunft – die Biologiedidaktik wird im 21. Jahrhundert mehr denn je als Zukunftsdisziplin an der Schnittstelle zwischen Wissenschaft und Gesellschaft betrachtet. Zum einen tragen biologische Konzepte zum Verständnis der Herausforderungen unserer Zeit bei. Hier sind beispielsweise Themenfelder wie Klima und Biodiversität, Gesundheit, Nachhaltigkeit und Kreislaufwirtschaft oder auch Ernährungssicherung zu nennen. Zum anderen spielt die Kompetenzförderung mit Bezug auf die sogenannten 21st Century Skills oder Futures Literacy eine herausragende Rolle für den (Biologie-)Unterricht. Heranwachsende sowie die Öffentlichkeit werden in der Gestaltung einer sich wandelnden Welt darin unterstützt, die Rolle der (Bio-)Wissenschaften in gesellschaftlichen Entscheidungsprozessen zu verstehen und kritisch zu hinterfragen. In diesem Zusammenhang geht es auch darum, interdisziplinäre Lösungen für komplexe Problemstellungen zu verstehen und deren gesellschaftliche Kommunikation zu bewerten. Insbesondere die Coronavirus-Pandemie – von der WHO auch als „Infodemie“ bezeichnet – hat hierbei die Bedeutung eines Verständnisses von naturwissenschaftlicher Forschung und deren Kommunikation, der Digitalisierung und Digitalität, Datenkompetenz und Media-Literacy für das fachliche Lernen in den Fokus gerückt und wirft neue Fragen der Integration von digital unterstützten Lehr- und Lernprozessen in den Biologieunterricht und in die Biologie-Lehrkräftebildung auf.

Darüber hinaus tragen Inklusion und Sprachsensibilität im Biologieunterricht dazu bei, dass Menschen, die von Flucht und Migration betroffen sind, in unserer Gesellschaft beruflich und sozial teilhaben können. Weit über den Biologieunterricht hinaus beschäftigen sich Biologiedidaktiker:innen heute vermehrt mit Fragen der Wissenschaftskommunikation und des Transfers zwischen Wissenschaft, Fachdidaktik und Gesellschaft. Damit erreicht die Biologiedidaktik gänzlich neue Zielgruppen, erweitert ihr Blickfeld deutlich und hat sich dem Dialog zwischen Stakeholder-Gruppen gestellt.

In diesem nunmehr elften Band der Reihe „Lehr- und Lernforschung in der Biologiedidaktik“ der Fachsektion Didaktik der Biologie (FDdB) im Verband der Biologie, Biowissenschaften & Biomedizin (VBIO) werden die Früchte einer intensiven Auseinandersetzung mit diesen aktuellen Fragen und Herausforderungen der Biologiedidaktik vorgestellt. Jeder Beitrag in diesem Band wurde sorgfältig ausgewählt und einem Double-Blind-Peer-Review-Verfahren unterzogen.

Die hier versammelten Beiträge spannen einen weiten Bogen über das vielfältige Feld der Biologiedidaktik mit Bezug zum Tagungsthema. Sie reichen von der Entwicklung und Evaluation digitaler Lernumgebungen, die das Potenzial haben, den Biologieunterricht grundlegend zu transformieren, über die Erforschung und Implementierung innovativer didaktischer Ansätze, die das biologische Verständnis und die Motivation der Schüler:innen fördern sollen, bis hin zur kritischen Reflexion über die erkenntnistheoretischen Grundlagen der Biologiedidaktik und ihre Rolle in der Ausbildung zukünftiger Lehrkräfte.

Die Autor:innen dieses Bandes, darunter sowohl erfahrene Forschende als auch engagierte Nachwuchswissenschaftler:innen, haben ihre Expertise und Leidenschaft in diese Beiträge einfließen lassen. Sie laden uns ein, ihre Erkenntnisse zu teilen, ihre Ideen zu diskutieren und gemeinsam Wege zu beschreiten, um den Biologieunterricht für die Herausforderung Zukunft vorzubereiten.

Dieser Tagungsband bietet eine wertvolle Quelle der Inspiration und Information für alle jene, die sich für die Weiterentwicklung der Biologiedidaktik einsetzen – sei es in der Forschung, in der Lehrkräftebildung oder in der schulischen Praxis. Wir wünschen Ihnen eine anregende und gewinnbringende Lektüre!

Die Herausgebenden

Steffen Schaal (Pädagogische Hochschule Ludwigsburg), Armin Lude (Pädagogische Hochschule Ludwigsburg), Moritz Krell (Leibniz Institut für die Pädagogik der Naturwissenschaften und Mathematik Kiel) & Kerstin Kremer (Justus-Liebig-Universität Gießen)

Wir bedanken uns herzlich für die Unterstützung durch die Gutachtenden des elften Bandes „Lehr- und Lernforschung der Biologiedidaktik“. Ohne diese gemeinschaftliche Arbeit wäre dieser Band nicht möglich gewesen!

- Julia Arnold, Fachhochschule Nordwestschweiz
- Till Bruckermann, Leibniz Universität Hannover
- Alexander Büssing, Technische Universität Braunschweig
- Sarah Dannemann, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg
- Arne Dittmer, Universität Regensburg
- Silvia Fränkel, Universität zu Köln
- Jorge Groß, Leibniz Universität Hannover
- Leroy Großmann, Freie Universität Berlin
- Jörg Großschedl, Universität zu Köln
- Marcus Hammann, Universität Münster
- Benedikt Heuckmann, Universität Münster

- Christiane Konnemann, Universität Münster
- Dirk Krüger, Freie Universität Berlin
- Daniela Mahler, Freie Universität Berlin
- Anke Meisert, Universität Hildesheim
- Claudia Nerdel, Technische Universität München
- Birgit Neuhaus, Ludwig-Maximilians-Universität München
- Dörte Ostersehl, Universität Bremen
- Bianca Reinisch, Universität Potsdam
- Sonja Schaal, Pädagogische Hochschule Schwäbisch Gmünd
- Kirsten Schlüter, Universität zu Köln
- Nadine Tramowsky, Pädagogische Hochschule Freiburg
- Annette Upmeyer zu Belzen, Humboldt-Universität zu Berlin
- Jörg Zabel, Universität Leipzig
- Albert Zeyer, Pädagogische Hochschule Luzern

Tracing Trait Formation: Wie erklären Lernende der Sekundarstufe II den Weg vom Gen zum Merkmal?

Zusammenfassung

Wir untersuchten die Kompetenz von Oberstufenschüler:innen ($n = 47$, Alter: 16–17 Jahre), die Ausbildung biologischer Merkmale zu erklären. Dabei kam eine neuartige Aufgabe zum Weg vom Gen zum Merkmal unter Berücksichtigung der relevanten Strukturen und Prozesse (*Tracing Trait Formation*) im Kontext der Drosophila-Genetik zum Einsatz. Als Hauptergebnis wurde ermittelt, dass nur sehr wenige Lernende die relevanten Strukturen und Prozesse zum Zusammenwirken von Genen und Umwelt beschrieben. Eine besondere Lernschwierigkeit lag dabei in der selbstständigen Herstellung eines Zusammenhangs zwischen Gen und Genprodukt. Häufig wurden nur die Informationen des Aufgabenmaterials wiedergegeben, ohne auf den Weg vom Gen zum Merkmal einzugehen. Eine weitere Lernschwierigkeit bestand in der unangemessenen Vermischung von Aspekten der Mendelgenetik und Molekulargenetik. Eine Untergruppe von sieben Schüler:innen wurde zu ihren Aufgabenlösungen befragt, um Interpretationen der Aufgabenlösungen zu validieren. Über die Ergebnisse der Interviews wird an anderer Stelle berichtet. Wir diskutieren *Tracing Trait Formation* als Lehr- und Lernstrategie und empfehlen den Einsatz dieses Aufgabentyps zur Wissensvernetzung.

Abstract

We investigated the competence of secondary school students ($n=47$, age: 16–17 years) to explain the formation of traits in a novel task on the path from gene to trait, taking into account the relevant structures and processes (*Tracing Trait Formation*) in the context of Drosophila genetics. The learners rarely described

relevant structures and processes related to the interaction between genes and the environment. A particular learning difficulty lay in independently establishing a connection between gene and gene product. Often only the information from the task material was reproduced without going into detail about the path from gene to trait. Another learning difficulty was the inappropriate mixing of aspects of Mendelian genetics and molecular genetics. A subgroup of seven students were interviewed about their task solutions to validate our interpretations. We report on the findings from the interview study in a different paper. We discuss *Tracing Trait Formation* as a teaching and learning strategy and recommend using tracing trait formation tasks for knowledge integration.

1 Einleitung

Die Ausbildung biologischer Merkmale beruht auf dem komplexen Zusammenwirken von Genen und Umwelt und stellt damit kein monokausales Modell dar, bei dem Gene unmittelbar zu Merkmalen führen. Schwierigkeiten von Lernenden bei der mechanistischen Erklärung der Merkmalsausbildung liegen u. a. in der Bevorzugung monokausaler Erklärungen (Gene bzw. Umwelt sind alleine verantwortlich) gegenüber multikausalen und interaktiven Erklärungen sowie in einem sozio-kulturellen (und nicht molekularen) Umweltverständnis, sodass die Wirkungen der Umwelt entweder gar nicht erwogen oder rein phänotypisch begriffen werden (Hammann, Heemann & Zang, 2021). Ein weiteres Problem sind verkürzte Erklärungen, in denen Gene direkt mit Merkmalen in Beziehung gesetzt werden, ohne Genprodukte zu erwähnen und die Mechanismen unterhalb und oberhalb der Genprodukte zu berücksichtigen (Duncan & Reiser, 2007).

Vermutete Ursachen für Probleme bei der Erklärung der Ausbildung biologischer Merkmale unter Berücksichtigung des Zusammenwirkens von Genen und Umwelt sind fehlende Strukturierung und Vernetzung von Wissen, sodass Wissen über genetische und umweltbezogene Mechanismen – falls erworben – nicht anwendungsfähig wird (Pavlova & Kreher, 2013). Gestützt werden derartige Überlegungen durch Strukturdefiziterklärungen (träges Wissen, Renkl, 1996). Empfohlen werden daher Maßnahmen zur Strukturierung und Vernetzung von Wissen (Pavlova & Kreher, 2013) sowie der Einsatz integrativer Aufgaben zum Zusammenhang zwischen Gen, Genprodukt, Umwelt und Merkmal (Heemann & Hammann, 2020). Derartige Aufgaben finden im Genetikunterricht selten Verwendung, wie eine Analyse von Aufgaben (N = 580) in drei wichtigen Schulbüchern für den Genetikunterricht der Oberstufe ergab (Heemann & Hammann 2020). Lediglich

6,9 % der Aufgaben (N = 39) waren integrative Aufgaben, die den Zusammenhang zwischen Gen, Genprodukt und Merkmal adressierten (Heemann & Hammann 2020). Nur zwei dieser Aufgaben thematisierten zusätzlich auch die Wirkungen der Umwelt auf die Merkmalsausbildung. Eine dieser Aufgaben, nämlich „Die Augenfarbe von Drosophila“ (Hausfeld & Schulenberg, 2015), ist Gegenstand der vorliegenden Untersuchung (vgl. Abb. 5 im Anhang). Sie wurde in dieser Studie nach dem Halbjahreskurs Genetik eines Leistungskurses und eines Grundkurses eingesetzt, um sie als Diagnoseaufgabe zu erproben und um die Fragestellung zu untersuchen, wie gut die Lernenden durch den Unterricht vorbereitet wurden, den Weg vom Gen zum Merkmal unter Berücksichtigung der relevanten Strukturen und Prozesse zu erklären.

2 Bedeutung von Gen-Umwelt-Interaktionen

Multiple Gene sowie multiple Umweltfaktoren interagieren bei der Ausbildung der meisten biologischen Merkmale (Rutter 2006). Die Gen-Umwelt-Interaktion ist daher aus fachlicher Perspektive die Regel und nicht die Ausnahme (Tabery 2014). Aus fachdidaktischer Sicht ist die Gen-Umwelt-Interaktion ein zentraler Aspekt von Genetic Literacy (Boerwinkel, Yarden & Waarlo 2017). Trotz seiner fachlichen und fachdidaktischen Bedeutung findet das Thema international in Lehrplänen (McElhinny et al., 2014), Bildungsstandards (Dougherty et al., 2011) und Schulbüchern (Aivelo & Uitto, 2015; Heemann & Hammann, 2020; Hicks et al., 2014; Martínez-Gracia et al., 2006) keine genügende Beachtung. Darüber hinaus wird kritisiert, dass die Fokussierung des gängigen Genetikunterrichts zur Merkmalsausbildung auf den genetischen Ursachen liegt und der Einfluss der Umwelt marginalisiert wird (Jamieson & Radick, 2017). Dies führe zu unangemessenen genzentrierten und gen-deterministischen Denkweisen (Belief in Genetic Determinism). Letztere werden definiert als die Überzeugung, dass „genetic contributions to phenotypes are exclusively or at least much more important than the contributions of other factors such as epigenetic and environmental ones, even in the case of complex traits such as behaviors and personality“ (Carver et al., 2017). Gefordert werden daher eine Gleichgewichtung genetischer und umweltbezogener Ursachen der Merkmalsausbildung sowie eine fachlich angemessene Adressierung von Gen-Umwelt-Interaktionen im Genetikunterricht (Dougherty 2009; Jamieson & Radick 2017; Todd, Romine & Cook Whitt, 2017).

Über die Problematik des genetischen Determinismus hinaus ergaben Vorarbeiten zu dieser Studie, dass einige der interviewten Lernenden im Alter von 16–17

Jahren dazu neigten, Merkmale (hauptsächlich Persönlichkeits- und Verhaltensmerkmale, wie z. B. Alkoholmissbrauch) allein auf Umweltfaktoren zurückzuführen (Hammann et al., 2021). Ähnlich wie Gen-deterministische Erklärungen waren derartige umweltbezogene Erklärungen monokausal. Darüber hinaus beschrieben die Lernenden die Verursachung der Merkmalsausbildung durch Gene und Umwelt als unabhängig und getrennt (Two-Track Model, vgl. Condit et al. 2009). Genauer gesagt verstanden die meisten Lernenden die Umwelt als sozial und kulturell, sodass sie den Einfluss der Umwelt auf die Ausbildung komplexer Merkmale und Verhaltensweisen phänotypisch im Sinne von Erziehung und Lernen durch Vorbilder (und nicht als Gen-Umwelt-Interaktion) beschrieben. Als unterrichtliche Implikation dieser Befunde wurde u. a. geschlossen, dass die Lernenden Beispiele für Gen-Umwelt-Interaktionen kennenlernen sollten. Dabei sollte die Umwelt molekularisiert werden, um Lernende zu befähigen, die Auswirkungen der Umwelt auf Ebene von Genen und Proteinen molekular-mechanistisch zu erklären (Hammann et al. 2021). Mit Molekularisierung der Umwelt ist gemeint, dass veranschaulicht wird, wie die Umwelt „unter die Haut geht“ (Estruch 2000). Bei der Stressreaktion wird beispielsweise durch das Stresshormon Cortisol ein Transkriptionsfaktor aktiviert, was zur Expression von Zielgenen führt, deren Genprodukte beispielsweise Enzyme der Gluconeogenese sind. So können die Wirkungen des Umweltfaktors Stress auf den Menschen (organismische Ebene) auf der zellulären und molekularen Ebene molekular-mechanistisch erklärt werden (Hammann et al. 2021).

3 Ziele und Fragestellungen

Wir untersuchten die Fragestellung, inwiefern Lernende der Sekundarstufe II nach einem Halbjahreskurs Genetik die Kompetenz besitzen, im Rahmen einer Aufgabe zu Gen-Umwelt-Interaktion den Weg vom Gen zum Merkmal unter Berücksichtigung der relevanten Strukturen und Prozesse zu erklären (*Tracing Trait Formation*).

4 Methode

4.1 Stichprobe

An der Erhebung nahmen 20 Lernende (Gruppe A) eines Grundkurses und 27 Lernende (Gruppe B) eines Leistungskurses im Alter von 16–17 Jahren teil. Diese hatten im Halbjahr vor der Erhebung den Halbjahreskurs Genetik absolviert. Dieser beschäftigte sich laut Lehrplan (MSW NRW, 2013) mit den folgenden Themen: Meiose und Rekombination, Analyse von Familienstammbäumen, Proteinbiosynthese, Genregulation, Gentechnik und Bioethik. Speziell sind die Lehrpläne nach den drei Basiskonzepten System (z. B. Merkmal, Gen, Allel, Genwirkkette, DNA), Struktur und Funktion (z. B. Proteinbiosynthese, genetischer Code, Genregulation, Transkriptionsfaktor, Mutation) und Entwicklung (z. B. Epigenese) strukturiert. Darüber hinaus spezifizieren die Lehrpläne Standards. In einem der Standards zum Umgang mit Fachwissen wurde festgelegt, dass von den Lernenden erwartet wird, dass sie die Auswirkungen verschiedener Gen-, Chromosom- und Genommutationen auf den Phänotyp (u. a. unter Berücksichtigung von Genwirkketten) erklären können (MSW NRW, 2013, 36). Aus Kurzinterviews mit den Lehrkräften vor der Erhebung ging hervor, dass die Genwirkkette als solche nicht explizit unterrichtet wurde, sondern implizit anhand beispielhafter enzymatischer Stoffwechselreaktionen, an denen die Genwirkung deutlich gemacht wurde. Eine integrative Nachverfolgung des Wegs vom Gen zum Merkmal (z. B. über eine Genwirkkette) fand demnach unterrichtlich nicht statt. Auch durch das schulinterne Curriculum sei dieser Lerninhalt nicht vorgesehen. Dennoch erwarteten wir von den Lernenden beider Kurse, dass sie den Weg vom Gen zum Merkmal beschreiben können, da die Lehrpläne alle zur Lösung der Aufgabe erforderlichen Aspekte abdecken (z. B. Gen, Mutation, Proteinbiosynthese, Enzym, Merkmal).

4.2 Die Aufgabe *Tracing Trait Formation*

Wir verwendeten eine neuartige für die Zwecke dieser Studie entwickelte Aufgabe, in der die Lernenden aufgefordert wurden, den Weg vom Gen zum Merkmal unter Berücksichtigung der Strukturen und Prozesse zu beschreiben, die für die Merkmalsausbildung relevant sind (Abb. 5 im Anhang, speziell Teilaufgabe 2 der Diagnoseaufgabe). Die Eignung dieser Diagnoseaufgabe im Hinblick auf diese Intention soll demnach auch im Rahmen dieser Studie erprobt werden. Die Aufgabe orientiert sich am Tracing-Konzept der Aufgabentypen *Tracing Matter* and

Tracing Energy (Parker et al., 2012). Der verwendete Operator *Verfolge* ist nicht Teil des aktuellen Grundstocks an Operatoren (IQB, 2022). Im Fokus der bisherigen Analysen dieser Aufgabe standen die physiologischen, genetischen und umweltbezogenen Mechanismen, die die Lernenden nutzten, um in der ersten Teilaufgabe die Ursachen des Auftretens der roten Augen bei der Cn-Mutante von *Drosophila* zu erklären (Hammann & Brandt, 2022).

Ein Hauptergebnis dieses Auswertungsschritts war, dass nur wenige Lernende molekularmechanistische Überlegungen zur Umwelt (13 %) und zum Zusammenspiel von Genen und Umwelt (13 %) anstellten, da die genetischen und umweltbedingten Mechanismen aus den Materialien schlussfolgernd abgeleitet werden mussten. Speziell wurde im Aufgabenmaterial zwar der Begriff Mutante verwendet, es wurde aber nicht explizit geschrieben, dass Gene für Enzyme codieren und dass die Mutation das Enzym betrifft, das im abgebildeten Biosyntheseweg die Umwandlung von Kynurenin zu 3-Hydroxykynurenin katalysiert. Diese Schlussfolgerung musste von den Lernenden eigenständig gezogen werden, was aber selten erfolgte. Im Gegensatz dazu konzentrierten sich die meisten Lernenden auf die Reproduktion der in den Aufgaben-Materialien präsentierten Informationen zur Ommochrom-Synthese und zu den Auswirkungen verschiedener Aminosäurezugaben im Futter der Wildform und der Mutante. Diese nutzten die Lernenden für kausale Überlegungen zum Futter (21 %), mechanistische Überlegungen zum biochemischen Ommochrom-Syntheseweg (11 %) und eine nicht integrierte (23 %) oder integrierte Kombination (17 %) von kausalen Überlegungen zum Futter und mechanistischen Überlegungen zum Ommochrom-Syntheseweg. An dieser Stelle werden die Ergebnisse zur zweiten Teilaufgabe berichtet, in der die Lernenden aufgefordert wurden, den Weg vom Gen zum Merkmal zu beschreiben. Die Erhebung erfolgte in der Mitte des zweiten Schulhalbjahres der Qualifikationsphase 1. Die Bearbeitung der Aufgabe dauerte ca. 30 Minuten.

4.3 Kategorienbildung und Codierung

Induktiv wurden die drei Kategorien *integrativer Weg unter Berücksichtigung von Gen und Umwelt*, *integrativer genzentrierter Weg* und *stark verkürzter Weg* entwickelt. Schüler:innenantworten, die die biologischen Strukturen Gen, Genprodukt und Merkmal unter Beachtung der Umwelt über biologische Prozesse verbinden, wurden der Kategorie *integrativer Weg unter Berücksichtigung von Gen und Umwelt* zugeordnet. Die Antworten der Lernenden wurden dann der Kategorie *integrativer genzentrierter Weg* zugeordnet, wenn die biologischen Strukturen Gen, Genprodukt und Merkmal über biologische Prozesse verbunden wurden, die Wirkung der

Umwelt aber nicht in den Weg integriert wurde. Zur Kategorie *stark verkürzter Weg* wurden die Antworten der Lernenden zugeordnet, wenn die biologischen Strukturen Gen und Merkmal mit und ohne Berücksichtigung der Umwelt und des Genproduktes über diffuse biologische Prozesse in Verbindung gesetzt wurden.

Diese Kategorien wurden durch die vier aus den Daten entwickelten Typen *Adaptation des Stoffwechselmodells*, *Adaptation des Versuchsschemas*, *Adaptation eines Mendelmodells* und *Proteinbiosynthese* ergänzt. Die Antworten der Schüler:innen wurden dann dem Typ *Adaptation des Stoffwechselmodells* zugeordnet, wenn die schematische Zeichnung oder der ergänzende Text auf dem Syntheseweg der Ommochrom-Synthese (Abb. 1 der Aufgabe im Anhang) basierte. Dem Typ *Adaptation des Versuchsschemas* wurden Antworten der Lernenden zugeordnet, wenn die schematische Zeichnung bzw. der ergänzende Text auf dem Versuchsschema des Experiments (Abb. 2 der Aufgabe im Anhang) beruhte. Antworten der Lernenden, die dem Typ *Adaptation eines Mendelmodells* zugeordnet wurden, zeigten Begriffe und erklärende Konzepte der klassischen Genetik. Sie waren beispielsweise dadurch gekennzeichnet, dass die schematischen Zeichnungen auf Kreuzungs- und Stammbaumschemata beruhen. Dem Typ *Proteinbiosynthese* wurden solche Antworten zugeordnet, die schematische Zeichnungen oder Texte beinhalteten, die die Proteinbiosynthese mit seinen Teilprozessen beschrieben.

5 Ergebnisse

Tabelle 1: Darstellung des Kategoriensystems der Studie mit absoluter Anzahl und anteiligem Prozentsatz zugeordneter Schüler:innenäußerungen sowie Ankerbeispielen.

Kategorie	Anzahl (%)	Ankerbeispiel
Integrativer Weg unter Berücksichtigung von Gen und Umwelt	5 (10.6 %)	The diagram is a hand-drawn flowchart titled "Proteinbiosynthese DNA des Zinnoberrot". It starts with "DNA" at the top, which leads to "mRNA-Herstellung" (mRNA production) via "Transkription" (transcription). This is followed by "bildung Aminosäuren" (amino acid formation) and then "Bildung von den entsprechenden Enzymen" (formation of the corresponding enzymes). A bracket indicates "3 verschiedene Enzyme" (3 different enzymes). These enzymes lead to "Farbstoff" (pigment), specifically "Hydroxyphenanthrenin, Tryptophan, Kynurenin". The final result is "braune Augen / oder rote Augen" (brown eyes / or red eyes).
Integrativer gen-zentrierter Weg	1 (2,1 %)	„Die DNA wird durch die Transkription ‚kopiert‘. {Die Prozesse der Proteinbiosynthese und Enzymbildung werden erklärt}. Kommt es zu einem Fehler bei der Proteinbiosynthese, so ist bei der Entstehung von einem Gen zu einem Merkmal ein Fehler unterlaufen, der zu eben diesem Ergebnis bei der Drosophila führen kann.“

Kategorie	Anzahl (%)	Ankerbeispiel
Stark verkürzter Weg	12 (25,5 %)	Summe: Vom Gen zum Merkmal + Tryptophan → O Gen 21 A → + Kynurenin B → + 3-Hydroxykynurenin C → + 3-Hydroxykynurenin rote Augen → braune Augen Ommochrom
Adaptation des Stoffwechselmodells	8 (17,0 %)	Mutante 21 Enzym A Enzym B Tryptophan → Kynurenin → 3-Hydroxykynurenin ↳ Augenfarbe bleibt Rot Enzym C (+ 3-Hydroxykynurenin = → Ommochrom
Adaptation des Versuchsschemas	9 (19,1 %)	② Mutante 21 + 3-Hydroxykynurenin → braune Augen → Enzyme katalysieren Synthese + Tryptophan / Kynurenin → rote Augen → Enzyme katalysieren Synthese
Adaptation des Mendelmodells	7 (14,8 %)	Wildtyp + Tryptophan = rezessives Gen (braune Augen) + 3-Hydroxykynurenin = rezessives Gen + Kynurenin = rezessives Gen Mutant (21) + Tryptophan = dominantes Gen, Farbstoff vorhanden + 3-Hydroxykynurenin = dominantes Gen, aber kein Farbstoff vorhanden + Kynurenin = dominantes Gen, Farbstoff vorhanden

Kategorie	Anzahl (%)	Ankerbeispiel
Proteinbiosynthese	3 (6,4 %)	

Die meisten Lernenden beantworteten Teilaufgabe 2 (*Tracing Trait Formation*) der Diagnoseaufgabe (Abb. 5) mit einem identifizierbaren Weg vom Gen zum Merkmal. Dieser hatte jedoch häufig einen stark verkürzten Charakter, sodass die Begriffe Gen und Merkmal meist über diffuse Beziehungen verbunden wurden. Daneben zeichneten zahlreiche Lernende für die Abbildung des Wegs vom Gen zum Merkmal erkennbare Adaptationen aus den Abbildungen der beiden Materialien der Diagnoseaufgabe. Darüber hinaus ist festzuhalten, dass etwa ein Viertel der Lernenden zur Beantwortung der Teilaufgabe 2 die verwendeten Prozesse und Strukturen erkennbar im Sinne der klassischen Genetik auslegte. Im Folgenden werden anhand der Analyse der Wege vom Gen zum Merkmal die verschiedenen Typen von Erklärungsversuchen näher dargestellt und charakterisiert.

Insgesamt zogen 17 Lernende (36,1 %) zur Beantwortung dieser Aufgabenstellung Modellschemata aus den beiden Aufgabenmaterialien der Diagnoseaufgabe

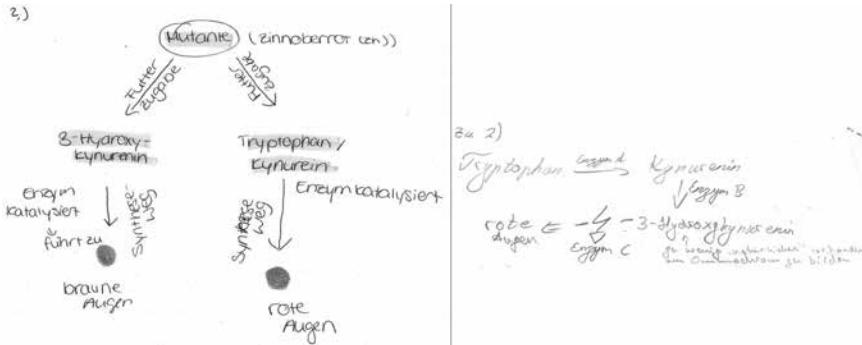


Abb. 1: Beispiele für Adaptationen des Versuchsschemas (links; A6) und des Stoffwechselmodells (rechts; A12).

(Abb. 5) heran. Speziell wurden die schriftlichen Äußerungen von neun Lernenden (19,1 %) als Adaptation des Versuchsschemas und die schriftlichen Äußerungen von acht Lernenden (17,0 %) als Adaptation des Stoffwechselmodells codiert. Beispielhaft sind die schematischen Zeichnungen von A6 und A12 in Abb. 1 dargestellt.

Sieben Lernende (14,8 %) beschrieben den Weg vom Gen zum Merkmal mit den Begriffen und Konzepten der klassischen Mendelgenetik. Als Beispiel ist in Abb. 2 die Zeichnung der Probandin B21 dargestellt. Die Lernende schrieb: „Beim Kreuzen von 2 Fliegen hat man zunächst 4 Allele, von denen sich 2 auf die Larve übertragen wie oben. Dann kommt es zur Ausbildung des Merkmals durch Synthesen/Proteinbiosynthese.“

Ein anderer Lernender (B14) fertigte keine Zeichnung an, sondern schrieb: „Das Merkmal der roten Augen ist beim Wildtyp rezessiv, wohingegen das Merkmal beim Mutanten dominant ist. Der Grund dafür ist wohl eine Mutation beim roten oder beim braunen Farbstoff.“

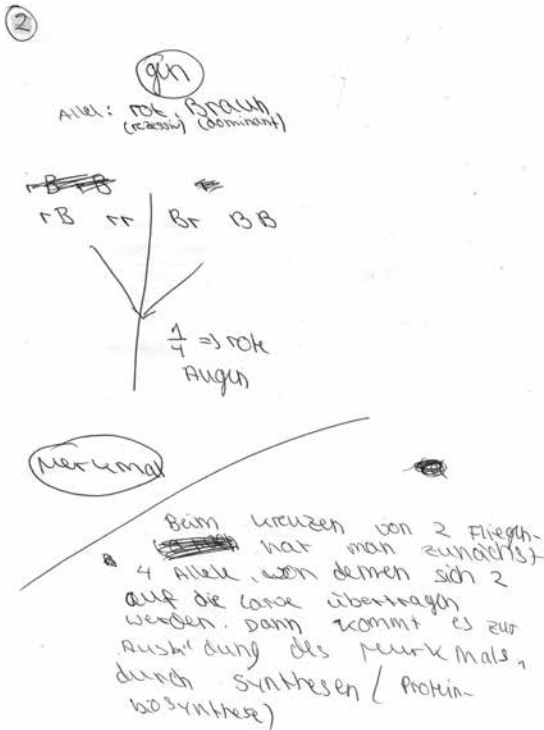


Abb. 2: Beispiel für eine Adaptation des mathematischen Modells der Mendelschen Regeln von B21.

Weit weniger als die Hälfte der Lernenden ($n = 18$; 38,3 %) stellte in ihren Zeichnungen mit zugehörigem Text einen Weg vom Gen zum Merkmal dar. Dazu zählen die stark verkürzten Wege von zwölf Lernenden (25,5 %), der *integrative genzentrierte Weg* einer Lernenden (2,1 %) und die *integrativen Wege unter Berücksichtigung von Gen und Umwelt* von fünf Lernenden (10,6 %). Die stark verkürzten Wege benannten zwar das Gen, das Merkmal und meist auch die Umwelt und die Enzyme, jedoch wurden die Begriffe über biologische Prozesse nicht integrativ in Verbindung gesetzt. In den schematischen Zeichnungen wurde dies oft offenbar, indem strukturverbindende Pfeile nicht mit Begriffen bzw. Prozessen beschriftet werden. Die Schüler:innenerklärung im Rahmen eines *integrativen genzentrierten Wegs* beleuchtete die Entstehung des Enzyms anhand der Proteinbiosynthese und Enzymreifung sehr ausführlich, führte dieses Enzym dann jedoch schließlich als alleinigen Auslöser für die Augenfarbe an: „Kommt es zu einem Fehler bei der Proteinbiosynthese [sic] so ist bei der Entstehung von einem Gen zu einem Merkmal ein Fehler unterlaufen [...]“ (Zitat B4).

Die *integrativen Wege unter Berücksichtigung von Gen und Umwelt* lassen sich anhand der genannten Prozesse in ihrer Detailliertheit analysieren. Vier der fünf betrachteten Lernenden beschrieben die Mutation als einen Prozess, der auf das genetische Material wirkt. Eine Schülerin nannte nur die Proteinbiosynthese auf dem Weg zum Stoffwechselprozess, während vier Lernende die Prozesse Trans-

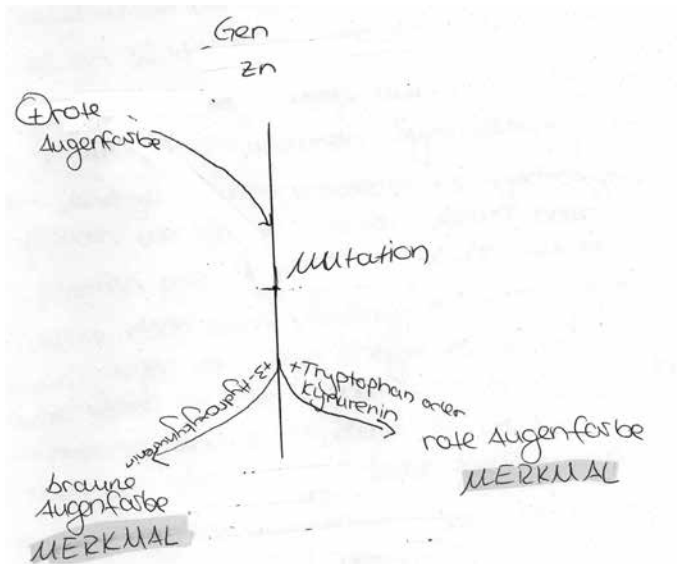


Abb. 3: Beispiel für einen stark verkürzten Weg vom Gen zum Merkmal von B5.

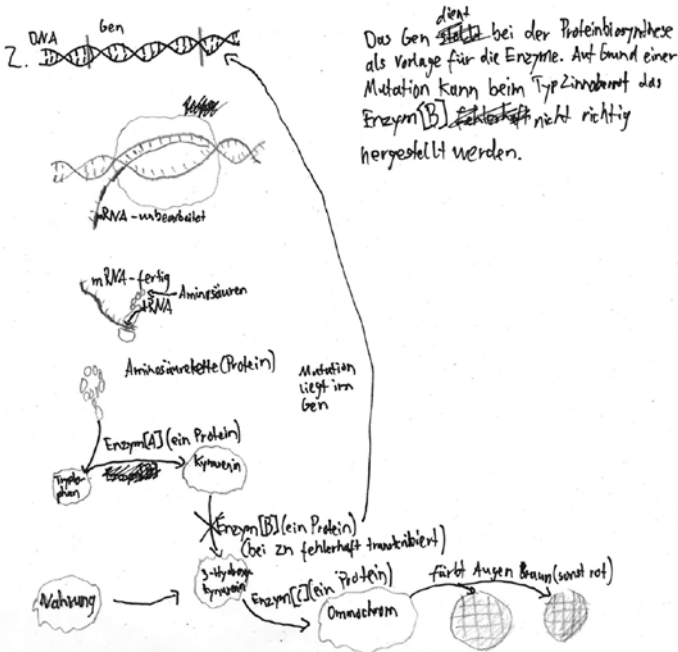


Abb. 4: Beispiel für einen integrativen Weg vom Gen zum Merkmal von B1.

lation und Transkription differenziert mit einbezogen. Zwei von ihnen nannten jedoch die Proteinbiosynthese zusätzlich als Oberbegriff. Ein Lernender implizierte die Prozessierung der mRNA, indem er zwischen einer „unbearbeiteten“ und „fertigen mRNA“ differenzierte (B1). Die Enzymreifung beschrieben zwei Lernende, indem sie die Veränderung einer Aminosäurekette hin zum Enzym abbildeten (B1) oder die Bildung von Enzymen aus Aminosäuren explizit benannten (B4). Alle Lernenden berücksichtigten in ihren Ausführungen die Enzymwirkung im Stoffwechselprozess unter Einfluss der Nahrung und die Merkmalsausprägung. Als Merkmalsausprägung wurde das Entstehen des Augenfarbstoffes als auch die Entwicklung der gefärbten Augen codiert. Beispielhaft werden im Folgenden die schematischen Zeichnungen eines stark verkürzten Wegs und eines sehr detaillierten integrativen Wegs unter Berücksichtigung von Gen und Umwelt gegenübergestellt.

Die Äußerungen von vier Lernenden (8,5 %) ließen sich nicht eindeutig zuordnen. Die Probandin A14 gab in ihrer Antwort, die als Adaptation des Stoffwechselmodells identifiziert wurde, an, dass sie die Aufgabenstellung nicht verstehe.

Neben der Gestaltung von Modellen im Sinne der klassischen Genetik verwendeten elf Lernende (23,4 %) bei der Formulierung einer Lösung zum Weg vom Gen zum Merkmal Begriffe der klassischen Genetik oder legten Begriffe der modernen Genetik klassisch aus. Dabei nutzten viele Proband:innen den Begriff des Allels. Dieses wurden von einer Probandin als Struktur auf den Genen bezeichnet: „Auf dem Gen liegen die Allele für das Merkmal ‚Augenfarbe‘. Das Allel steht für braune Augen [...]“ (Zitat B24). Daneben wurden die Allele auch als dominant oder rezessiv bezeichnet: „[...] und sich somit das rezessive Allel durchsetzen kann“ (Zitat B15).

Das eigenschaftsbeschreibende Gegensatzpaar dominant/rezessiv wurde neben den Allelen auch für die Beschreibung der Farbe (A9) bzw. des Farbstoffs (B10), des Gens (A20; B9) und des Merkmals (B14) benutzt.

Zusammenfassend ist anhand der Antworten zu Aufgabe 2 festzuhalten, dass der Aufgabentyp *Tracing Trait Formation* allgemein dazu dienen kann, Vorstellungen von Lernenden zum Weg vom Gen zum Merkmal abzubilden, da die meisten Lernenden als solches zu charakterisierende Wege konstruieren. Unter den Wegen vom Gen zum Merkmal der Lernenden haben jedoch nur die wenigsten integrativen Charakter, tendieren also zu einem verkürzten Charakter. Es ist erstaunlich, dass zahlreiche Lernende als Abbildung für den Weg vom Gen zum Merkmal aus dem Aufgabenmaterial adaptieren, obwohl in ihnen weder die Begriffe „Gen“ noch „Merkmal“ vorkommen. Die relativ häufige Verwendung von Strukturen und Prozessen im Sinne der klassischen Genetik gibt Anlass zur Diskussion, dem im folgenden Abschnitt nachgekommen wird.

6 Diskussion

Inwiefern vermittelt der Genetikunterricht den Lernenden die Kompetenz, die Ausbildung biologischer Merkmale unter Berücksichtigung von Genen und Umwelt zu erklären? Die Ergebnisse der vorliegenden Studie können diese Fragestellung zumindest für die beiden untersuchten Grund- und Leistungskurse beantworten. Die Analysen der Aufgabenlösungen belegen, dass ein Großteil der Lernenden Schwierigkeiten bei der Bearbeitung der *Tracing-Trait-Formation*-Aufgabe hatte, obwohl die Lernenden im Rahmen eines Grund- bzw. Leistungskurses mit den Grundlagen der Genetik vertraut gemacht worden waren. Obwohl diese Aufgabe neuartig ist und für die Zwecke dieser Studie entwickelt wurde, entspricht sie im Typ den integrativen Aufgaben, die im Rahmen einer Schulbuchanalyse identifiziert werden konnten und von denen erwartet wurde, dass sie das Denken in

Zusammenhängen und ein integratives Verständnis der Ausbildung biologischer Merkmale fördert (Heemann & Hammann 2020). Die Erprobung einer integrativen Aufgabe zur Ausbildung biologischer Merkmale lässt zwar aufgrund der Stichprobengröße keine allgemeinen Aussagen über die Kompetenzen von Lernenden zu, transportiert aber zumindest normative Erwartungen, welches Zusammenhangswissen und welche darauf bezogene Kompetenzen anzustrebende Outcomes des Genetikunterrichts der Oberstufe sein sollten. Darüber hinaus liefern die Ergebnisse eher bestürzende Einblicke in fragmentiertes Wissen und fehlendes Zusammenhangswissen bei einer erheblichen Zahl der untersuchten Lernenden.

Weniger als die Hälfte der 47 untersuchten Lernenden zeigte ein grundlegendes Verständnis von Strukturen und Prozessen, die an der Ausbildung biologischer Merkmale beteiligt sind, um den Weg vom Gen zum Merkmal zu beschreiben. Vielmehr reproduzierte ein Großteil der Lernenden, die die *Tracing-Trait-Formation*-Aufgabe im Grunde nicht angemessen löste, die Informationen der beiden Aufgabenmaterialien, obwohl diese für die Beschreibung des Wegs vom Gen zum Merkmal wenig relevant waren. Für diese Lernenden dürften die Neuartigkeit der Aufgabe bzw. unvernetztes Wissen über die Ursachen der Ausbildung von Merkmalen Hürden gewesen sein, sodass sie möglicherweise die ihnen vertraute – vielleicht auch antrainierte – Vorgehensweise nutzten, alles, was zur Lösung einer Aufgabe benötigt wird, in den bereitgestellten Aufgabenmaterialien zu suchen. Andere Lernende in dieser Gruppe nutzten die Mendel-Genetik (und nicht die Molekular-Genetik), um den Weg vom Gen zum Merkmal nachzuverfolgen. Diese Lernschwierigkeit belegt die Argumentation, dass die verschiedenen – aber parallel vermittelten – Genmodelle für Lernende verwirrend sind (Gericke & Hagberg, 2007), und zeigt, dass es wichtig ist, den Lernenden explizit zu vermitteln, welche unterschiedlichen Fragestellungen mit den jeweiligen Genmodellen beantwortet werden können. Mit den Erklärungen der Mendel-Genetik lässt sich jedenfalls nicht der Weg vom Gen zum Merkmal, sondern lediglich Phänomene der Vererbungslehre beschreiben.

Ein erheblicher Teil der Lernenden hatte Schwierigkeiten in dieser Aufgabe, die Schlussfolgerung zu ziehen, dass die Auswirkungen der Mutation in der Cn-Mutante von *Drosophila* ein bestimmtes Enzym betreffen, sodass die Ommochrom-Synthese an dieser Stelle abbricht. Ursächlich hierfür dürfte sein, dass vielen Lernenden die Rolle der Enzyme als Vermittler zwischen Genen und Merkmalen unklar war (Hammann & Brandt, 2022). Eben diese Lernschwierigkeit zeigte sich auch in den *stark verkürzten Wegen* vom Gen zum Merkmal, bei denen Gen und Merkmal direkt miteinander verknüpft wurden (vgl. Aufgabenlösung in Abb. 3 oben). Die kleine Gruppe von Lernenden, die nicht verkürzte integrative Aufgabenlösungen erstellten, hatten die Vermittlerrolle der Enzyme zwischen Gen und

Merkmal klar erkannt (vgl. Aufgabenlösung in Abb. 3 unten) und konnten daher auch zum Teil die kompensatorische Wirkung der Umwelt erklären. Die Schlüsselrolle von Enzymen als Genprodukt bei der Realisierung genetischer Information sollte daher im Unterricht betrachtet und die sich anschließende Enzymwirkung zur Erklärung von Merkmalsentstehungen stets mit herangezogen werden, sonst bleibt der mechanistische Weg vom Polypeptid als Genprodukt zum untersuchten Merkmal eine Blackbox.

Als Diagnoseaufgabe erlaubt der eingesetzte Aufgabentyp Einblicke in qualitativ unterschiedliche Verständnisstufen in einem Bereich hoher inhaltlicher Komplexität. Darüber hinaus lässt sich vermuten, dass der Einsatz von *Tracing-Trait-Formation*-Aufgaben zur Wissensvernetzung und Wissensflexibilisierung beiträgt. Derzeit gibt es zu wenige Aufgaben dieses Typs, sodass hier ein Potenzial zur Weiterentwicklung der Aufgabenkultur des Genetikunterrichts liegt. Da Wissensanwendung eine Kompetenz ist, die eingeübt werden sollte (Renkl 1996), empfehlen wir den Einsatz von *Tracing Trait Formation* nicht nur in Form von Aufgaben, sondern auch als Lehr-Lern Strategie zur Förderung von verständnisvollem Lernen. Es kann eine *Tracing-Trait-Formation*-Aufgabe nach dem Erlernen der Teilprozesse der Proteinbiosynthese und des Einflusses der Umwelt auf die Merkmalsentstehung zur Wissensintegration genutzt werden. Daneben kann im Unterricht aber auch der Weg vom Gen zum Merkmal selbst durch eine *Tracing-Trait-Formation*-Aufgabe als Lernausgangspunkt in einem Gesamtzusammenhang kontextualisiert werden, sodass dann innerhalb dieser Aufgabe die Prozesse der Proteinbiosynthese in Abhängigkeit mit der Umwelt untersucht und vernetzt erlernt werden.

Darüber hinaus vermuten wir in dem Operator *Verfolge* ein großes Potenzial zum Einüben und Abrufen komplexer mechanistischer biologischer Prozessklärungen auch außerhalb der Genetik in der Sekundarstufe II. Weitere mögliche sinnvolle Einsätze des Operators könnten z. B. das Verfolgen der Erregungsleitung im Rahmen der Neurobiologie oder das Verfolgen von Stoffen (*tracing matter*) in der Stoffwechselphysiologie sein, wo die Tracer-Methode als fachliches Verfahren selbst auch laut Lehrplan behandelt werden muss (MSB NRW, 2022).

Literatur

Aivelo, T. & Uitto, A. (2015). Genetic determinism in the Finnish upper secondary school biology textbooks. *Nordic Studies in Science Education*, 11(2), 139–152.

- Boerwinkel, D.J., Yarden, A. & Waarlo, A.J. (2017). Reaching a consensus on the definition of genetic literacy that is required from a twenty-first-century citizen. *Science & Education*, 26, 1087–1114.
- Carver, R. B., Castera, J., Gericke, N., Evangelista, N. A. M. & El-Hani, C. N. (2017). Young Adults' Belief in Genetic Determinism, and Knowledge and Attitudes towards Modern Genetics and Genomics: The PUGGS Questionnaire. *PloS One*, 12.
- Condit, C. M., Gronnvoll, M., Landau, J., Shen, L., Wright, L. & Harris, T. M. (2009). Believing in both genetic determinism and behavioral action: A materialist framework and implications. *Public Understanding of Science*, 18(6), 730–746.
- Dougherty, M. J. (2009). Closing the gap: Inverting the genetics curriculum to ensure an informed public. *American Journal of Human Genetics*, 85(1), 6–12.
- Dougherty, M.J., Pleasants, C., Solow, L., Wong, A. & Zhang, H. (2011). A comprehensive analysis of high school genetics standards: are states keeping pace with modern genetics? *CBE – Life Science Education*, 10, 318–327.
- Duncan, R. G. & Reiser, B. J. (2007). Reasoning Across Ontologically Distinct Levels: Students' Understanding of Molecular Genetics. *Journal of Research in Science Teaching*, 44(7), 938–959.
- Estruch, E. (2000). Stress-controlled transcription factors, stress-induced genes and stress tolerance in budding yeast. *FEMS Microbiology Reviews*, 24, 469–486.
- Gericke, N. M. & Hagberg, M. (2007). Definition of Historical Models of Gene Function and Their Relation to Students' Understanding of Genetics. *Science & Education*, 16 (7), 849–881.
- Hammann, M., Heemann, T. & Zang, J. (2021). Why Does Multiple and Interactive Causation Render Comprehension of Genetic Phenomena Difficult and What Could Genetics Educators Do About It? In: M. Haskel-Itah & A. Yarden (Hrsg.). *Genetics Education: Current Challenges and Possible Solutions* (127–144). Cham: Springer International Publishing.
- Hammann, M. & Brandt, S. (2022). High School Student's Causal Reasoning and Molecular Mechanistic Reasoning About Gene-Environment Interplay after a Semester-Long Course in Genetics. In: O. B.-Z. Assaraf & M.-C. P. J. Knip-pels (Hrsg.) *Fostering Understanding of Complex Systems in Biology Education* (83–104). Cham: Springer International Publishing.
- Hausfeld, R. & Schulenfeld, W. (2015) *BIOskop (Nordrhein-Westfalen, SII)*.
- Heemann, T. & Hammann, M. (2020). Towards Teaching for an Integrated Understanding of Trait Formation: An Analysis of Genetics Tasks in High School Biology Textbooks. *Journal of Biological Education*, 54(2), 191–201.

- Hicks, M.A., Cline, R.J. & Trepanier, A.M. (2014). Reaching future scientists, consumers, & citizens: what do secondary school textbooks say about genomics & its impact on health? *The American Biology Teacher*, 76(6), 379–383.
- IQB (Institut zur Qualitätsentwicklung im Bildungswesen). Gemeinsame Aufgabenpools der Länder. Aufgaben für die Fächer Biologie, Chemie und Physik. Grundstock von Operatoren. Berlin.
- Jamieson, A. & Radick, G. (2017). Genetic Determinism in the Genetics Curriculum. *Science & Education*, 26, 1261–1290.
- Martínez-Gracia, M. V., Gil-Quílez, M. J. & Osada, J. (2006). Analysis of molecular genetics content in Spanish secondary school textbooks. *Journal of Biological Education*, 40(2), 53–60.
- McElhinny, T. L., Dougherty, M.J., Bowling, B. V. & Libarkin, J. C. (2014). The status of genetics curriculum in higher education in the United States: goals and assessment.
- MSB NRW (Ministerium für Schule und Bildung Nordrhein-Westfalen) (2013). Kernlehrplan für die Sekundarstufe II: Gymnasium/ Gesamtschule in Nordrhein-Westfalen. Biologie Frechen: Ritterbach.
- MSB NRW (Ministerium für Schule und Bildung Nordrhein-Westfalen) (2022). Kernlehrplan für die Sekundarstufe II: Gymnasium/ Gesamtschule in Nordrhein-Westfalen. Biologie. Frechen: Ritterbach.
- Pavlova, I. & Kreher, S. A. (2013). Exploring undergraduates' understanding of photosynthesis using diagnostic question clusters. *CBE – Life Science Education*, 11, 47–57.
- Renkl, A. (1996). Träges Wissen: Wenn Erlerntes nicht genutzt wird. *Psychologische Rundschau*, 47(2), 78–92.
- Rutter, M. (2006). *Genes and behaviour: Nature-nurture interplay explained*. Blackwell Publishing.
- Tabery, J. (2014). *Beyond versus: The Struggle to Understand the Interaction of Nature and Nurture*. Cambridge, Massachusetts: The MIT Press.
- Todd, A., Romine, W. & Cook Whitt, K. (2017). Development and validation of the learning progression-based assessment of modern genetics in a high school context. *Science Education*, 101(1), 32–65.

Informationen zu den Autoren

Marcus Hammann

Universität Münster

hammann.m@uni-muenster.de

<https://orcid.org/0000-0003-4820-5219>

Sebastian Brandt

Europäisches Gymnasium Bertha-von-Suttner, Schulpraktisches Seminar
Spandau, Berlin

s.brandt@bertha-von-suttner.de

<http://orcid.org/0009-0002-5043-8521>

7 Anhang

Die Augenfarbe von *Drosophila*

Die Taufliege *Drosophila* gehört zu den am besten untersuchten Organismen. Der normale Wildtyp hat braune Augen. Enzyme katalysieren den Syntheseweg des braunen Augenfarbstoffes (Abbildung 1). Ein roter Augenfarbstoff wird gleichzeitig über einen anderen unabhängigen Syntheseweg hergestellt. Der rote Augenfarbstoff wird bei dem Wildtyp jedoch durch den braunen Augenfarbstoff überdeckt. Die Mutante mit dem Namen Zinnoberrot (zn) hat rote statt braune Augen. Die Untersuchung der Mutante ergibt folgende Ergebnisse:

Die Mutante zn bildet normale braune Augen aus, wenn dem Futter der Larven 3-Hydroxykynurenin zugegeben wird. Bei der Zugabe von Kynurenin oder Tryptophan sind die Augen rot. Das Versuchsschema und die Beobachtungen sind in Abbildung 2 dargestellt.

1. Beschreibe in ganzen Sätzen, von was die Augenfarbe bei *Drosophila* abhängt.
2. Verfolge für die Mutante Zinnoberrot (zn) den Weg vom Gen zum Merkmal unter Berücksichtigung aller relevanten biologischen Strukturen und Prozesse. Fertige zunächst eine schematische Zeichnung an. Erkläre zusätzlich diesen Weg in einem zusammenhängenden Text.

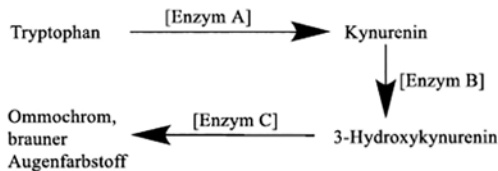


Abbildung 1: Syntheseweg der Ommochromsynthese

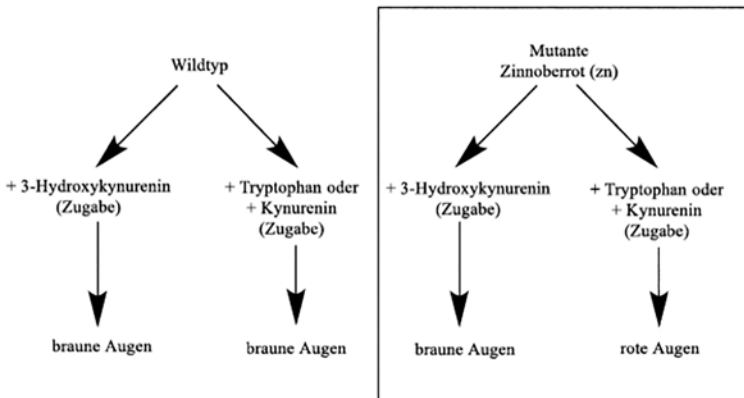


Abbildung 2: Versuchsschema und Beobachtungen

Abb. 5: Diagnoseaufgabe „Die Augenfarbe von *Drosophila*“