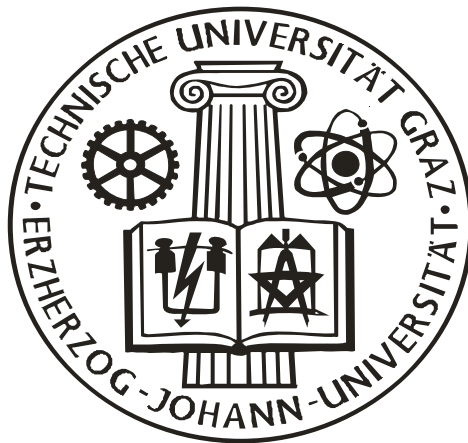


DANIEL WÜRINGER

WEB-BASIERTE AUSBILDUNG IN DER BIOINFORMATIK

DIPLOMARBEIT



INSTITUT FÜR ELEKTRO- UND BIOMEDIZINISCHE TECHNIK

TECHNISCHE UNIVERSITÄT GRAZ

INFFELDGASSE 18, A - 8010 GRAZ

VORSTAND: UNIV.-PROF. DIPL.-ING. DR. TECHN. GERT PFURTSCHELLER

BETREUER: AO. UNIV.-PROF. DIPL.-ING. DR. TECHN. ZLATKO TRAJANOSKI

BEGUTACHTER: AO. UNIV.-PROF. DIPL.-ING. DR. TECHN. ZLATKO TRAJANOSKI

GRAZ, IM MAI 2002

Web-basierte Ausbildung in der Bioinformatik

Kurzfassung: Bioinformatik ist eine neue, interdisziplinäre Wissenschaft an der Schnittstelle zwischen Molekularbiologie, Medizin, Mathematik und den Computerwissenschaften. Dieser Umstand, sowie die dynamische Entwicklung der Bioinformatik machen es schwierig ideale Lern- und Lehrunterlagen für dieses Fachgebiet zu finden. Das Ziel dieser Arbeit war es eine Web-basierte Plattform für den Bioinformatik-Unterricht zu schaffen, und so das Wissen mehrerer Vortragender in eine flexible Infrastruktur zu integrieren.

Um diese Plattform dynamisch zu erweitern und besser an die Anforderungen der Studierenden anzupassen, wurde die auf CSCL (Computer Supported Collaborative Learning) basierende Methode des evaluations-basierenden, reziproken, kollaborativen Lehrens und Lernens erfolgreich angewandt. Bei dieser Methode basiert der Wissenszuwachs im System auf der aktiven Beteiligung der Studierenden und deren Schwierigkeiten am Verstehen des Lehrstoffs. Um den Studierenden die Wissensaufnahme aus den Kurs-Webseiten zu erleichtern, wurden diese entsprechend den Grundsätzen der Web Usability gestaltet.

Schlüsselwörter: Computer Supported Collaborative Learning; Web Usability; Usability Testing; evaluations-basierendes, reziprokes, kollaboratives Lehren und Lernen;

Web-based Education in Bioinformatics

Abstract: Bioinformatics is a new scientific discipline at the interface of molecular biology, medicine, mathematics and computer sciences. This and the dynamic evolvement of this discipline make it hard to find ideal material for teaching and learning Bioinformatics. The objective of this thesis was to create a web-based platform for teaching bioinformatics providing a flexible infrastructure to integrate the expertise of different lecturers.

To dynamically expand and adapt the platform according to the demands of the students, the methods of reciprocal evaluation based collaborative teaching and learning, based on CSCL (Computer Supported Collaborative Learning), where successfully applied. Using this method, the knowledge gain is based on the active participation of the students and their problems understanding the course content. To enhance learning from the course-web pages, they were designed according to the methods of web usability.

Keywords: computer supported collaborative learning; web usability; usability testing; reciprocal evaluation based collaborative teaching and learning;

Inhaltsverzeichnis

Kurzfassung	2
Abstract	2
Inhaltsverzeichnis	3
Abbildungsverzeichnis	5
Tabellenverzeichnis	6
1 Einleitung und Aufgabenstellung	7
1.1 Die Entstehung der Bioinformatik	7
1.2 Die Gegenwart.....	11
1.3 Bioinformatische Ausbildung in Graz.....	11
1.4 Aufgabenstellung	13
2 Methoden	14
2.1 Computer Supported Collaborative Learning (CSCL).....	14
2.1.1 Modellierung eines Bioinformatik-Kurses mit Hilfe von CSCL	15
2.2 Web Usability.....	17
2.2.1 Regeln für das Erstellen von Webseiten	17
2.2.2 Usability Testing	20
2.3 Die Hyperwave eLearning Suite (eLS)	21
2.4 Durchführung der Arbeit.....	22
2.4.1 Biotechnologie, Vorlesung.....	22
2.4.2 Bioinformatik (WS 2001/02), Vorlesung und Übung.....	23
2.4.3 Bioinformatik (SS 2002), Vorlesung und Übung.....	23

3 Ergebnisse	28
3.1 Mündliche Evaluierung der Biotechnologie Vorlesung.....	28
3.2 Projekt „Leere Webseite“	28
3.3 Evaluierung des Bioinformatik Kurses (WS 2001/2002)	29
3.4 Designvorschlag für das eLS-System	31
3.5 Erstellen eines Powerpoint-Skripts für die Vorlesung Bioinformatik	33
3.6 Erstellen eines Web-Buchs für Bioinformatik	33
3.7 Usability-Studie.....	35
3.8 Grafische Ausgabe für BLAST	37
4 Diskussion	38
4.1 Verbesserungsvorschläge	38
4.2 Ausblick	40
Literaturverzeichnis	41
Anhang	44
Auswertung der Evaluierung des Bioinformatik Kurses (WS 2001/2002).....	44

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Anzahl der in PDB verfügbaren Strukturen.....	10
Abbildung 2: Anzahl der in GenBank gespeicherten Sequenzen	10
Abbildung 3: Aufbau eines Kursmoduls.....	15
Abbildung 4: Erzeugen einer visuellen Hierarchie	19
Abbildung 5: Die Gliederung des eLS-Systems	21
Abbildung 6: Screenshot des Foyers.....	21
Abbildung 7: Screenshot des Studierzimmers	22
Abbildung 8: Screenshot des Kursbereiches.....	22
Abbildung 9: Hintergrundfragen.....	25
Abbildung 10: 1. Teil der Evaluierungsbögen für jeden Kurstag	26
Abbildung 11: 2. Teil der Evaluierungsbögen für jeden Kurstag	27
Abbildung 12: Anzahl der abgegebenen Evaluierungsbögen an den einzelnen Kurstagen....	30
Abbildung 13: Designvorschlag für den Kursbereich.....	32
Abbildung 14: Einige Seiten des Vorlesungsskripts.....	33
Abbildung 15: Integration von externen Tools in den Bioinformatik-Kurs.....	34
Abbildung 16: Zusätzliche Beschreibungen mittels Mouseover-Effekten	34
Abbildung 17: Eine interaktive Kursseite	34
Abbildung 18: Das Inhaltsverzeichnis des eLS-Systems.....	36
Abbildung 19: Meldung bei der Registrierung eines neuen Benutzers.....	37
Abbildung 20: Grafische Ausgabe des BLAST (Basic Alignment Search Tool).....	37
Abbildung 21: Teilnahme der Studierenden an der Evaluierung.....	45
Abbildung 22: Factor of Fun (Mittelwerte).....	45
Abbildung 23: Factor of Relevance (Mittelwerte).....	46
Abbildung 24: Factor of Novelty (Mittelwerte).....	47
Abbildung 25: Factor of Difficulty (Mittelwerte).....	48
Abbildung 26: Ranking of web-pages (Mittelwerte)	49
Abbildung 27: Teachers (Mittelwerte).....	50
Abbildung 28: Background Text (Mittelwerte)	50
Abbildung 29: Hours.....	51

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Teilnahme der Studierenden an der Evaluierung	45
Tabelle 2: Factor of Fun	46
Tabelle 3: Factor of Relevance	46
Tabelle 4: Factor of Novelty	47
Tabelle 5: Factor of Difficulty	48
Tabelle 6: Ranking of web-pages	49
Tabelle 7: Teachers	50
Tabelle 8: Background Text	51
Tabelle 9: Hours	51

Kapitel 1

Einleitung und Aufgabenstellung

Durch die technologischen Fortschritte der letzten 50 Jahre hat sich die Bioinformatik aus den bestehenden Wissenschaftsdisziplinen als eine völlig neue, interdisziplinäre Wissenschaft gebildet. Damit wurde die Grundlage einer Vielzahl neuer Anwendungen im technischen, naturwissenschaftlichen und medizinischen Bereich geschaffen.

Erst die Kombination der Methoden der Medizin und der Biologie mit den modernen Computerwissenschaften und der Mathematik machten diese Entwicklung möglich. (Vergleiche auch [11, 14, 22, 30, 33, 37].)

1.1 Die Entstehung der Bioinformatik

Biotechnologische Verfahren

Mit der Entdeckung der Vererbungslehre legte der Mönch Gregor Mendel in der Mitte des 19. Jahrhunderts den Grundstein für eine Entwicklung, die bis in die Gegenwart nicht abgeschlossen ist und uns enorme wissenschaftliche Möglichkeiten eröffnet. Seit Mendels Experimenten mit der Zucht von Erbsen ist bekannt, daß eine Generation ihre physischen Merkmale, wie Größe und Form an die nächste durch „Elemente der Vererbung“ überträgt [21]. Diese wurden später Gene genannt.

Erst 1944 legten Experimente des Bakteriologen Oswald T. Avery am New Yorker Rockefeller Institute nahe, daß diese Gene aus DNA (Desoxyribonukleinsäure) bestehen [4]. Durch diese Erkenntnis angespornt versuchten viele Wissenschaftler, die genaue Struktur der DNA und die Einflußmechanismen von Genen auf alle Lebewesen näher zu ergründen. Zwei dieser Wissenschaftler, Rosalind E. Franklin und Maurice H. F. Wilson, machten im Londoner King's College Röntgenaufnahmen von kristallisierter DNA, wodurch auf eine

helixförmige Struktur derselben geschlossen werden konnte. Basierend auf dieser Erkenntnis und der von Erwin Chargaff, daß die Basen Adenin und Thymin, sowie auch die Basen Guanin und Cytosin in einem DNA-Molekül immer in gleicher Anzahl vorkommen [7], entwickelten James D. Watson und Francis H. C. Crick 1953 das langgesuchte Strukturmodell der DNA [43].

1951 gelang es Frederick Sanger und Hans Tuppy erstmals, die Abfolge der verschiedenen Aminosäuren in einem Protein zu bestimmen, sprich dieses zu *sequenzieren* [36]. Durch die damals entwickelten Methoden wurden in den darauffolgenden Jahrzehnten immer mehr Proteine verschiedenster Organismen sequenziert.

Fünf Jahre nachdem Watson und Crick ihr Strukturmodell der DNA entwickelt hatten, formulierte Crick das zentrale Dogma der Mikrobiologie [9, 10]. Darin stellte er fest, daß bei der Bildung von Proteinen die Sequenz der DNA als Vorlage für die Sequenz der Proteine dient.

Eine weitere Entdeckung kam den Forschungsarbeiten zur Hilfe. In den späten 60er Jahren fanden Werner Arber und Hamilton Smith bei der Untersuchung der Verteidigung von Bakterien gegen Viren ein Enzym, das die DNA des Virus an bestimmten Stellen durchtrennt, sobald diese vom Virus in die Zelle der Bakterie übertragen wird [3, 38]. Daniel Nathan erkannte, daß es durch diese sogenannten Restriktionsenzyme (RE) nun endlich möglich war ein langes Stück DNA in mehrere kleinere Stücke mit definierten Schnittstellen zu zerteilen, und er erzeugte mit Hilfe der RE die erste physische Karte eines Chromosoms. Mittlerweile sind über 1000 Restriktionsenzyme bekannt, von denen jedes die DNA an einer anderen Stelle durchtrennt.

1973 wurde erstmals eine Technik zur Vervielfältigung von DNA entwickelt. Stanley N. Cohen und Herbert W. Boyer fügten eine spezifische DNA-Sequenz, die mittels RE aus einem größeren DNA-Molekül erzeugt worden war, mit Hilfe anderer Enzyme (Ligasen) in bakterielle DNA ein. Es stellte sich heraus, daß die Bakterien bei der Zellteilung die eingefügte DNA gemeinsam mit der bakteriellen DNA vermehren [8]. Diese Technik wird heute als *Klonen* bezeichnet.

Der schottische Physiker Edward Southern fand im Jahr 1975 eine auf der Gel-Elektrophorese basierende Methode, den sogenannten *Southern Blot*, mit der man feststellen konnte, ob in einer Probe eine bestimmte DNA-Sequenz vorkommt [40].

Nun kannte man zwar die Struktur der DNA und konnte einzelne Sequenzen nachweisen, vervielfältigen oder zertrennen, aber man konnte diese noch immer nicht sequenzieren.

Walter Gilbert forschte an der Harvard Universität an den Regulationsmechanismen von Zellen, die bestimmen, wann ein Protein entsprechend der Vorlage der DNA erzeugt wird. Er erkannte daß er keine großen Fortschritte machen würde, wenn er nicht die exakte Sequenz eines Abschnittes der DNA ermitteln konnte. 1977 gelang es ihm, gemeinsam mit seinem Kollegen Alan M. Maxam eine auf dem Southern Blot basierende Methode zur Sequenzierung von DNA zu entwickeln [20]. Gleichzeitig entwickelte Frederick Sanger in Cambridge, England, eine andere, aber ebenso erfolgreiche Methode zur Sequenzierung von DNA [35].

Kary B. Mullis, ein Angestellter eines kleinen Biotechnologie-Unternehmens namens Cetus Corporation in Kalifornien, beschrieb 1985 eine weitaus einfachere Methode zur Vervielfältigung von DNA als das Klonen [34, 23]. Anstatt die DNA mittels Bakterien zu vermehren, verwendete er nur die Enzyme der Bakterien, die diese dazu benutzten. Einige Jahre zuvor wurde durch andere Wissenschaftler eine besonders temperaturstabile Variante dieses Enzyms entdeckt, die aus dem Bakterium *Thermus aquaticus* (Taq) stammt, das sich selbst im kochenden Wasser heißer Quellen vermehren kann. Mittels dieses Enzyms, der sogenannten Taq-Polymerase war es nun möglich, einen geschlossenen Kreisprozeß zu beschreiben, in dem man einen beliebigen Abschnitt eines DNA-Moleküls vervielfältigen konnte, ohne diesen aus dem Molekül isolieren zu müssen. Dieser einfache und verhältnismäßig billige Prozeß, die *Polymerase Kettenreaktion* (PCR), machte es erst möglich, DNA in großem Umfang zu duplizieren und zu sequenzieren.

Informationstechnische Verfahren

Die folgende Darstellung soll die Entwicklung und den Einfluß der Informationstechnik auf die Bioinformatik illustrieren. (Vergleiche auch [22, 33, 37].)

Mit der zunehmenden Verfügbarkeit von Protein- und DNA-Sequenzen begann langsam die Entwicklung von Datenbanken und Algorithmen um die neugewonnenen Daten zu speichern bzw. zu verarbeiten.

1970 publizierten Saul B. Needleman und Christian D. Wunsch den nach ihnen benannten Algorithmus zum Vergleich zweier Proteinsequenzen mit der Methode der dynamischen Programmierung [25]. Durch diesen Algorithmus war es nicht nur möglich, zwei Sequenzen beliebiger Länge zu vergleichen, man konnte auch bewerten, wie gut diese übereinstimmten (*alignment score*). Somit konnte man durch einfaches Vergleichen der *alignment score* aus mehreren Sequenzen diejenigen ermitteln, die am besten übereinstimmten (*best match*).

Aber mit Hilfe von Computern wurden nicht nur Sequenzvergleiche gemacht – man versucht auch anhand der Sequenz die Struktur von Proteinen vorherzusagen, da die physikalische Bestimmung der Struktur ein sehr komplexer und zeitaufwendiger Prozeß ist. Eine der wichtigsten Datenbanken für 3D Strukturinformationen von Proteinen, die mittels Röntgen-Kristallographie, NMR oder durch theoretische Simulationen gewonnen werden, die Brookhaven Protein Data Bank (PDB), wurde 1973 installiert. Eine genaue Beschreibung wurde aber erst 1977 veröffentlicht [5].

Eine weitere Datenbank – die GenBank – wurde 1979 von Walter B. Goad am Los Alamos National Laboratory (LANL) in Los Alamos, New Mexico entwickelt. GenBank ist eine Datenbank aller öffentlich verfügbaren genetischen DNA- und Protein-Sequenzen, und enthält zusätzlich noch Anmerkungen die die biologische Funktion der Sequenzen erklären. Im Februar 2002 waren in der GenBank rund 15.465.000 Sequenzen gespeichert [12].

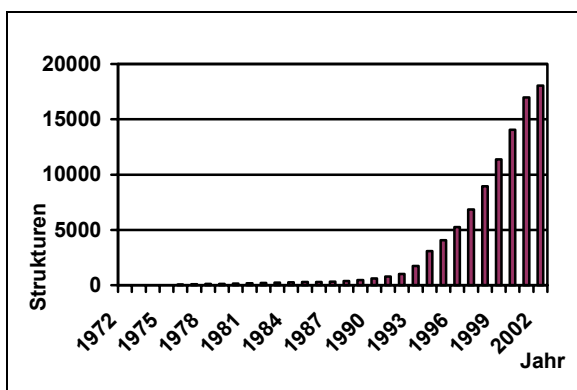


Abbildung 1: Anzahl der in PDB verfügbaren Strukturen [31]

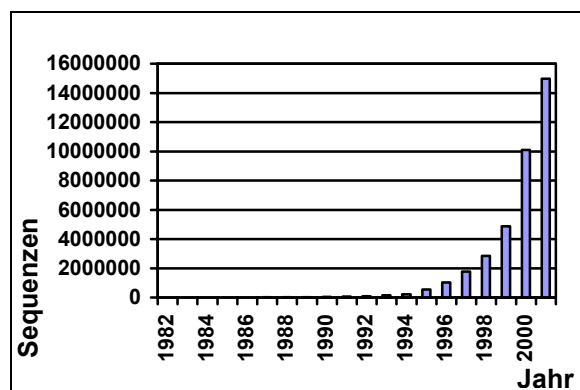


Abbildung 2: Anzahl der in GenBank gespeicherten Sequenzen [13]

Mike Waterman und Temple Smith erkannten 1981, daß es in der DNA *Konservierte Regionen* mit hoher biologischer Bedeutung gibt, die sich im Lauf der Evolution nur wenig verändern. Die anderen Regionen mit geringerer Bedeutung stimmen auch im allgemeinen schlechter überein. Aufgrund dieser Erkenntnis und um weitere Veränderungen bei Sequenzen zu berücksichtigen, die während der Evolution einer Spezies entstehen, adaptierten sie den Needleman-Wunsch-Algorithmus entsprechend [39]. Anders als beim Needleman-Wunsch-Algorithmus, der nur die globale Übereinstimmung der Sequenzen bewertet (*global alignment*), kann man mit dem Smith-Waterman-Algorithmus auch Übereinstimmungen bei Teilsequenzen (*local alignment*) erkennen.

1986 wurde die SWISS-PROT Datenbank von der Abteilung für Medizinische Biochemie an der Universität Genf und dem European Molecular Biology Laboratory (EMBL) gegründet. Diese Datenbank enthält zusätzlich zur Proteinsequenz Informationen über die

Struktur und die Funktion des Proteins, Querverweise zu anderen Datenbanken sowie bibliographische Referenzen [42].

Durch die Zunahme an neuen Sequenzen in den Datenbanken stieg auch der Bedarf an Computerprogrammen, um neue Sequenzen der Reihe nach mit jeder anderen Sequenz in der Datenbank zu vergleichen. Der Needleman-Wunsch Algorithmus war für diese Aufgabe nicht zu verwenden, da die damaligen Computer dafür viel zu langsam waren.

1988 entwickelten William R. Pearson und David J. Lipman [32] ein Programm namens FASTA, das ganze Datenbanken nach Sequenzen mit übereinstimmenden Bereichen so schnell durchsuchte, daß solche Suchen routinemäßig möglich wurden.

Ein noch schnelleres Programm wurde 1990 von einem Team um Stephen F. Altschul entwickelt [1]. Dieses Programm – das Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) – steht auf den Webseiten des National Center for Biotechnology Information (NCBI) zur freien Verfügung und ist wohl die derzeit am meisten verwendete Einrichtung zur Analyse von Übereinstimmungen bei Sequenzen.

1.2 Die Gegenwart

Mittlerweile wurden bereits die Sequenzen der Genome bedeutsamer bakterieller Krankheitserreger, der Bäckerhefe, eines Wurms, einer Modellpflanze der Fruchtfliege, des Zebrafisches und des Menschen entschlüsselt [24]. Es sind schon über 200 molekulare Datenbanken im Internet weltweit verfügbar. Mit enormem Aufwand wird versucht, die Funktion der einzelnen Gene zu ermitteln. Es hat sich eine neue, dynamische Disziplin an der Schnittstelle zwischen den molekularen Biowissenschaften und den Informationswissenschaften entwickelt, um die Unmenge an Daten zu sammeln, speichern, analysieren und weiterzuverwerten: Die Bioinformatik.

1.3 Bioinformatische Ausbildung in Graz

In den letzten 20 Jahren hat sich Graz zu einem international anerkannten Standort der molekularen und technischen Biowissenschaften entwickelt. Getragen wurde diese Entwicklung durch die beiden Grazer Universitäten, die Technische Universität (TU) und die Karl-Franzens-Universität (KFU). Durch eine unlängst beschlossene strategische Partnerschaft der TU und der KFU wurde der *BioCluster Graz*, mit dem Ziel eines

schwerpunktmäßigen Ausbaus der molekularen und technischen Biowissenschaften, gegründet.

Um weiterhin international konkurrenzfähige biowissenschaftliche Forschung und Ausbildung zu betreiben, ist eine qualifizierte Ausbildung in der Bioinformatik unumgänglich. Schon jetzt wird die Lehrveranstaltung Bioinformatik in enger Kooperation zwischen den beiden Universitäten abgehalten, doch in Zukunft ist ein gemeinsam finanziertes Zentrum für Bioinformatik geplant, um diese Zusammenarbeit weiter zu intensivieren.

Aufgrund der Dynamik, Komplexität, Interdisziplinarität und der Struktur des Gebietes ist es schwierig, eine bioinformatische Ausbildung auf internationalem Niveau anzubieten.

- > Die Methoden dieses Fachgebiets werden beständig weiterentwickelt und das Volumen an wissenschaftlichen Publikationen und Ergebnissen auf diesem wächst exponentiell und wird über das Internet effektiv kommuniziert. Das bedeutet, daß auch der Lehrstoff einer andauernden Veränderung unterworfen ist. Aus diesem Grund existieren kaum Lehrbücher bzw. sind diese meistens veraltet.
- > Bioinformatik ist ein interdisziplinäres Fachgebiet – eine ideale Lehrperson sollte daher all die verschiedenen Disziplinen in sich vereinen und den Studierenden (die auch aus unterschiedlichen Bereichen stammen können) dieses Wissen qualifiziert vermitteln.
- > Die wichtigsten Werkzeuge der Bioinformatik sind z. T. im Internet verfügbar oder werden als Software für Einzel- oder Großrechner angeboten. Gegenwärtig existiert keine Plattform, die das Angebot der Werkzeuge vereint und als in sich geschlossenes Meta-Tool anbietet.

Um all den Anforderungen an eine qualifizierte Ausbildung gerecht zu werden, muß eine flexible Infrastruktur geschaffen werden, die mit möglichst geringem Aufwand die verschiedenen Informationsquellen integrieren kann und leicht auf dem neuesten Stand zu halten ist.

Zur Lösung dieses Problems bot es sich an, ein auf dem Internet basierendes Web-Buch für Bioinformatik zu entwickeln.

1.4 Aufgabenstellung

Das Ziel dieser Arbeit war es, ein modulares Web-Buch für die Ausbildung in der Bioinformatik zu entwerfen, implementieren und zu testen.

Im Detail umfaßte die Aufgabenstellung folgende Punkte:

- > Evaluierung der Methoden des *reziproken Lehren und Lernens*.
- > Betreuung der Studierenden der Vorlesung Biotechnologie bei der Erstellung von Webseiten (Projekt „Leere Webseite“) und Beurteilung der generellen Machbarkeit interaktiver Vorlesungsunterlagen mit der an der TU Graz verwendeten Web-Plattform für Web-basierte Ausbildung.
- > Erstellung, Implementierung und Auswertung von Web-basierten Evaluierungsbögen für die Lehrveranstaltung Bioinformatik und gleichzeitige Evaluierung der Methoden des *evaluations-basierten reziproken Lehren und Lernens*.
- > Betreuung der Studierenden der Lehrveranstaltung Bioinformatik bei der Erstellung von Webseiten und anschließende Integration der Webseiten und der Vorlesungsunterlagen in die Web-Plattform.
- > Gestaltung der Vorlesungsunterlagen für die Lehrveranstaltung Bioinformatik entsprechend den Konzepten der Benutzerfreundlichkeit (*Web Usability*).
- > Usability-Test der erstellten Vorlesungsunterlagen.
- > Integration der Vorlesungsunterlagen in ein Web-Buch.
- > Erweiterung des an der TU Graz verfügbaren *Basic Alignment Search Tools* (BLAST) um eine grafische Ausgabe.

Kapitel 2

Methoden

2.1 Computer Supported Collaborative Learning (CSCL)

CSCL ist ein relativ junges Forschungsgebiet, das sich erst kurz vor der ersten internationalen CSCL-Konferenz 1995 in Bloomington, Indiana, weltweit etablieren konnte. Das Ziel von CSCL ist es, die Methoden der Wissensgenerierung und -vermittlung sowie die Interaktionen der verschiedenen Teilnehmer, die sich bei technologieunterstütztem kollaborativem Lernen ergeben, näher zu untersuchen [19]. Auf den Erkenntnissen von CSCL basierend wurden neue Modelle des Lernens und der zwischenmenschlichen Interaktion im virtuellen und reellen Raum entwickelt [15].

Was ist *Collaboration*?

Im Unterschied zum englischen Begriff *Collaboration* (engl. für „Zusammenarbeit“ oder „gemeinsame Arbeit“) hat die deutsche Übersetzung mit „Kollaboration“ („Zusammenarbeit mit einem Feind“) eine negative Bedeutung. Für den Begriff *Collaboration* gibt es im Zusammenhang mit CSCL mehrere Definitionen, die alle auf der Idee des gemeinsamen Generierens von Wissen und dem gegenseitigen Engagement der Teilnehmer basieren. Eine Definition ist eine „spezielle Form von Interaktion“ oder genauer „eine koordinierte, synchrone Aktivität, die das Ergebnis eines andauernden Versuchs ist, ein gemeinsames Verständnis eines Problems zu generieren und aufrecht zu erhalten“. Eine andere Definition von *Collaboration* ist auch als „ein Prozeß der Teilnahme an Wissens-Gemeinschaften“ [19].

2.1.1 Modellierung eines Bioinformatik-Kurses mit Hilfe von CSCL

Andersson beschreibt in [2] ein Evaluierungs-Model für einen Bioinformatik Kurs am Linnaeus Centre for Bioinformatics der Uppsala University in Schweden.

Das Model beinhaltet die folgenden zwei grundlegenden Konzepte:

- > Mit Hilfe kombinierter Anstrengungen von Informationstechnikern, Biologen und Mathematikern wird ein „*virtual teacher*“ (idealer, virtueller Lehrer) erstellt.
- > Durch die aktive Beteiligung von Studierenden und deren Bewertung der vorhandenen Lehrmittel werden diese überarbeitet und an die spezifischen Bedürfnisse der Studierenden angepaßt.

Die Erstellung des *virtual teacher* benötigt eine flexible Infrastruktur, die eine mehrmalige Veränderung, Erweiterung und Umstrukturierung der enthaltenen Informationen zuläßt. Andersson benutzt den Begriff „*flexible fact*“, um den Grundbaustein dieser Infrastruktur zu beschreiben. Ein *flexible fact* ist entweder ein Fakt oder die Definition eines Problems. Die Kombination mehrerer *flexible facts* nennt er ein Modul. Dieses kann aus drei verschiedenen Typen von *flexible facts* konstruiert werden: dem *biologischen Hintergrund*, *Algorithmen und Methoden* oder aus *Software*.

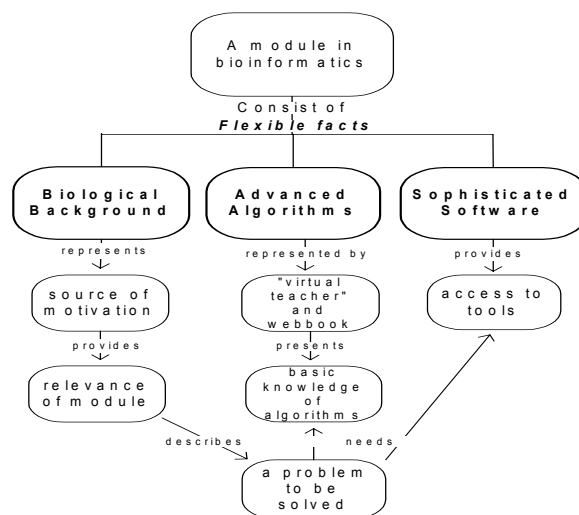


Abbildung 3: Aufbau eines Kursmoduls [2]

Der *biologische Hintergrund* beschreibt den Kontext, in dem ein Problem der Bioinformatik zu sehen ist. Um dieses Problem zu lösen, ist die Kenntnis von gewissen *Algorithmen und Methoden* notwendig, die mit Hilfe moderner *Software* implementiert werden.

Durch die modulare Struktur können *flexible facts* von unterschiedlichen Personen gestaltet, aktualisiert, überarbeitet und erweitert werden. Am Schluß erhält man durch die Kombination der verschiedenen Module ein interaktives „Web-Buch“.

Evaluations-basierendes, reziprokes, kollaboratives Lehren und Lernen

Der Aufbau des Kurses ist in eine intensive *Unterrichtsphase* und eine *Projektphase* gegliedert:

- > Der erste, längere Abschnitt des Kurses steht den Studierenden zur Verfügung, um sich in enger Interaktion mit den Lehrenden des jeweiligen Moduls den Lehrinhalt aus den Web-basierten Unterlagen zu erarbeiten.
- > Im zweiten Abschnitt des Kurses finden Projektarbeiten statt.

In der Unterrichtsphase findet eine tägliche Evaluierung des Kurses durch die Studierenden statt. Sie bewerten den Kurs nach Kriterien wie Spaß (*factor of fun, FOF*), dem Schwierigkeitsniveau (*factor of difficulty, FOD*), dem Neuheitsgrad (*factor of novelty, FON*) und der Relevanz (*factor of relevance, FOR*). Diese Kriterien werden durch spezifische Fragestellungen nach den Verständnisschwierigkeiten der Studierenden, einer Bewertung des vorhandenen Kursmaterials und nach eventuellen Verbesserungsvorschlägen ergänzt.

Der Wissenszuwachs in dem Kursmodell basiert auf der aktiven Beteiligung der Studierenden und deren Schwierigkeiten am Verstehen des Lehrstoffes. In der Projektphase sollen die Studierenden in Kleingruppen das Lehrmaterial abschnittsweise überarbeiten und ergänzen. Eines der Ziele dieser Aufgabe ist es, den Studierenden eine Möglichkeit zu geben, sich mit jenen Bereichen des Lehrstoffes näher zu beschäftigen, die sie in der Unterrichtsphase nicht verstanden haben. Die Zuteilung der Themen zu den jeweiligen Arbeitsgruppen erfolgt aufgrund der Gesamtergebnisse der Evaluierungen. Die dem zugrunde liegende Annahme ist, daß Verständnisschwierigkeiten der Studierenden auf das Lehrmaterial und nicht auf die Person des Studierenden oder des Vortragenden zurückzuführen sind. Daraus resultiert eine Situation, in der es den Studierenden gemeinsam mit den Lehrenden in Kooperation möglich ist, ein gemeinsames Ziel (die Verbesserung der Struktur und der Präsentation der Lehrunterlagen mit Hilfe der modernen Informationstechnologie) zu verfolgen. Als Endergebnis der Projektphase sollen sowohl die Studierenden den Lehrstoff nachhaltiger verstanden haben als auch eine verbesserte Version der Lehrunterlagen für den Kurs im nächsten Jahr zur Verfügung stehen.

Bei der hier angewandten Lehr- bzw. Lernmethode (reziprokes, evaluations-basierendes Lehren und Lernen) können die Lehrenden den Unterricht optimal auf die individuellen Bedürfnisse der Studierenden ausrichten und die Studierenden die Vortragenden dabei unterstützen, eine Lernumgebung zu schaffen, die diese Bedürfnisse bestmöglich erfüllt. Die Evaluierungen bieten den Studierenden eine Möglichkeit, ihre internen Dialoge und kritischen Gedanken zur Sprache zu bringen. Durch die Interaktion zwischen Lehrenden und Lernenden in einem gemeinschaftlichen Prozeß wird Wissen und Verstehen leichter erarbeitet als individuell (*collaborative learning*).

2.2 Web Usability

Ein Ziel dieser Diplomarbeit war es, eine Web-Plattform zu erstellen, um den Studierenden Wissen zu vermitteln. Je weniger sich die Studierenden auf den Umgang mit den Kurs-Webseiten konzentrieren müssen, desto leichter werden sie den Lehrstoff aufnehmen. Um möglichst viele Schwierigkeiten beim Benützen der Webseiten aus dem Weg zu räumen, ist es wichtig auf die Bedürfnisse und Fähigkeiten der User (also der Studierenden) einzugehen. Laut ISO 9241 Ergonomische Anforderungen für Bürotätigkeiten mit Bildschirmgeräten - Teil 10: Grundsätze der Dialoggestaltung [29] gibt es folgende Kriterien der Benutzerfreundlichkeit: Aufgabenangemessenheit, Selbstbeschreibungsfähigkeit, Steuerbarkeit, Erwartungskonformität, Fehlertoleranz, Individualisierbarkeit und Lernförderlichkeit. Da diese Kriterien aber nicht unabhängig voneinander sind, ist es wichtig, die Vorteile eines Grundsatzes gegenüber denen eines anderen abzuwägen. Steve Krug faßt alle diese Kriterien mit dem folgenden Satz zusammen: „*Don't make me think*“ [18]. Was er damit sagen will ist, daß es für die Benutzerfreundlichkeit einer Seite wichtig ist, diese so zu gestalten, daß der Anwender sie *intuitiv* benutzen kann.

2.2.1 Regeln für das Erstellen von Webseiten

Steve Krug stellt in [18] drei grundlegende Erkenntnisse über das Verhalten und Navigieren auf Webseiten dar:

i. Wir lesen Webseiten nicht. Wir überfliegen sie.

Ähnlich dem Verhalten beim Lesen von Zeitungen, Zeitschriften, u. Ä. nimmt sich der durchschnittliche User im Regelfall nicht die Zeit, eine Webseite komplett

durchzulesen. Dies liegt u. a. daran, daß er sich meist nur für einen Bruchteil der auf der Seite dargestellten Informationen interessiert. (Siehe auch [26])

ii. Wir überlegen nicht lange.

Die meisten User beschäftigen sich nicht lange mit der Überlegung, welcher der verschiedenen Links einer Webseite auf dem kürzesten Weg zum gewünschten Ziel führt - sie klicken auf den erstbesten Link, der erfolgversprechend aussieht.

Dieses Verhalten ist dadurch zu begründen, daß sich die meisten User nicht allzu lange mit Entscheidungen aufhalten wollen, insbesondere in Situationen, in denen es bei einer Fehlentscheidung problemlos möglich ist, diese zu korrigieren („Zurück“-Schaltfläche des Web-Browsers).

iii. Wir versuchen nicht alles zu verstehen. Wir „wurschteln“ uns durch.

Im Umgang mit den meisten technischen Geräten (insbesondere Haushaltsgeräten und Software) hält sich nur ein geringer Teil der Anwender mit dem Lesen der Gebrauchsanleitung auf. Der Großteil versucht, das Gerät zuerst zu benutzen, und konstruiert danach eine Erklärung, warum diese Art der Anwendung (nicht) erfolgreich war. Dies ist darin begründet, daß es den meisten Anwendern gleichgültig ist, *wie* etwas funktioniert – solange es funktioniert.

Basierend auf dem Verhalten der User haben sich gewisse Konventionen beim Design von Webseiten herausgebildet:

- > Eine klare visuelle Hierarchie erzeugen.
- > Bestehende Konventionen benutzen.
- > Webseiten in klar definierte Bereiche aufteilen.
- > Offensichtlich machen, worauf man klicken kann.
- > „Hintergrundrauschen“ minimieren.
- > Wortanzahl reduzieren

Das Erzeugen einer visuellen Hierarchie

Es ist wichtig, daß die Positionierung, die Größe und das Design der verschiedenen Elemente widerspiegelt, in welcher Beziehung diese Elemente zueinander stehen. Um dies zu erreichen gibt es drei Konventionen:

- > Je wichtiger etwas ist, desto mehr soll es ins Auge springen (siehe Abbildung 4, links).
- > Elemente, die in logischer Beziehung zueinander stehen, sollen auch visuell verbunden werden (siehe Abbildung 4, Mitte).

- > Mit Hilfe einer visuellen „Verschachtelung“ soll angezeigt werden, zu welcher Gruppe ein Element gehört (siehe Abbildung 4, rechts).



Abbildung 4: Erzeugen einer visuellen Hierarchie: Prominente Positionierung wichtiger Elemente (links), Darstellung einer logischen Beziehung (Mitte), Verschachtelung (rechts)

Die Verwendung bestehender Konventionen

Die Form gewisser Gegenstände impliziert gewisse Aktionen, die den Gegenständen zugeordnet sind. So verwendet man eine Türklinke, indem man sie herunterdrückt, einen Stuhl, indem man sich auf ihn setzt, und einen Schlüssel, indem man ihn in einem Schloß dreht. Wir wurden seit unserer Geburt auf das Erkennen und Benutzen solcher Konventionen trainiert. Ähnliche Konventionen haben sich auch im Bereich des WWW herausgebildet. Z.B. kann man in Abbildung 4 (Mitte) erkennen, daß das grau hinterlegte Textfeld auf der linken Seite offensichtlich zum Navigieren in weitere Sub-Sektionen der Webseite gedacht ist.

Die Aufteilung in klar definierte Bereiche

Auf einer Webseite sollte es offensichtlich sein, welche Bereiche wofür gedacht sind. So sollte man z.B. auf der Seite einer großen Firma eindeutig zwischen dem Navigationsbereich, den Pressemitteilungen und den Produkten unterscheiden können. Diese Aufteilung dient dem User, um festzustellen, auf welche Bereiche er sich im Augenblick konzentrieren will und welche er ignorieren kann.

Die Kennzeichnung der klickbaren Bereiche

Da der User sehr viel Zeit auf einer Webseite damit verbringt, nach klickbaren Bereichen (Links, Schaltknöpfe, Menüs und andere interaktive Elemente) Ausschau zu halten, ist es wichtig, diese leicht erkennbar zu gestalten. Die einfachste Möglichkeit hierzu ist es, bestehende Konventionen zu benutzen.

Minimieren des Hintergrundrauschen

Enthält eine Webseite zu viele animierte Grafiken, bunte Überschriften oder andere Elemente, die die Konzentration des Users auf sich ziehen, so wird es für den User zunehmend schwieriger, die für ihn wichtigen Elemente von den unwichtigen zu unterscheiden.

Reduzieren der Wortanzahl

Je kürzer die Textpassagen auf einer Webseite sind, desto größer ist die Chance, daß der User sie tatsächlich liest. Das Verkürzen der Texte hat des weiteren noch folgende Vorteile:

- > Das Hintergrundrauschen der Seite wird reduziert.
- > Der überbleibende Text wirkt wichtiger.
- > Die Webseite wird kürzer, d.h. der User sieht mehr von der Seite ohne zu scrollen.

Allerdings ist zu berücksichtigen, daß es auch Texte gibt, bei denen das Verkürzen nicht sinnvoll ist (z.B. bei Online-Ausgaben von Zeitungen), da die eigentliche Funktion der Seite im Präsentieren des Textes liegt.

2.2.2 Usability Testing

Trotz all der im vorherigen Abschnitt vorgestellten Regeln ist es keine leichte Aufgabe, eine Webseite so zu gestalten, daß sie leicht zu verwenden ist. Um eine Seite effektiv zu gestalten, muß man iterativ vorgehen – man muß das Design testen und es anschließend entsprechend verbessern (um es danach erneut zu testen und zu verbessern).

Ursprünglich wurde Usability Testing als ein langwieriges und teures Unterfangen angesehen. Mittlerweile ist man allerdings zu der Erkenntnis gelangt, daß es nicht zielführend ist, diese Usability Tests möglichst erschöpfend (und damit aufwendig) zu gestalten. Jakob Nielsen – einer jener Menschen deren Ideen das Internet in der heutigen Form entscheidend mitgestaltet haben [6] – beschreibt in [27] Möglichkeiten, die Tests entscheidend billiger zu gestalten.

Die Anzahl der User pro Test

Jakob Nielsen behandelt dieses Problem in [28]. Er kommt zu der Feststellung, daß man mindestens mit 15 Usern testen muß, um alle Fehler einer Webseite zu entdecken. Allerdings kann man bei einem Test mit nur *einem* User schon rund 30% der Fehler einer Webseite identifizieren. Bei einem zweiten User werden sich gewisse Erkenntnisse mit

denen vom vorhergehenden Test überlappen, allerdings wird man auch zu neuen Einsichten gelangen. Je mehr User man testet, desto häufiger wird man beobachten, daß die User immer wieder vor den gleichen Problemen stehen – man gelangt immer seltener zu neuen Erkenntnissen. Nielsen schlägt also im Regelfall vor, eine Webseite mit 3 bis 5 Usern zu testen, und nachdem die erkannten Probleme beseitigt sind, erneut zu testen.

2.3 Die Hyperwave eLearning Suite (eLS)

Das eLS-System (Hyperwave AG, München) ist eine interaktive, webbasierte Lernumgebung, die an der TU Graz zur Entwicklung und Implementierung von Kursen zur Verfügung steht. Sie ist in mehrere Bereiche gegliedert (siehe Abbildung 5):

- > Das **Foyer** bietet die Möglichkeiten, einen neuen Benutzer zu registrieren, eine Einführung über das eLS-System zu besuchen, eine Vorschau der Kurse anzusehen oder ins Studierzimmer zu wechseln.
- > Im **Studierzimmer** kann man einen Kurs auswählen und anschließend besuchen oder in die administrativen bzw. kommunikativen Bereiche wechseln (diese sind in dieser Arbeit nicht von Belang).
- > In den **Kursräumen** kann man sich die Kurse ansehen.



Abbildung 5: Die Gliederung des eLS-Systems [17]



Abbildung 6: Screenshot des Foyers



Abbildung 7: Screenshot des Studierzimmers

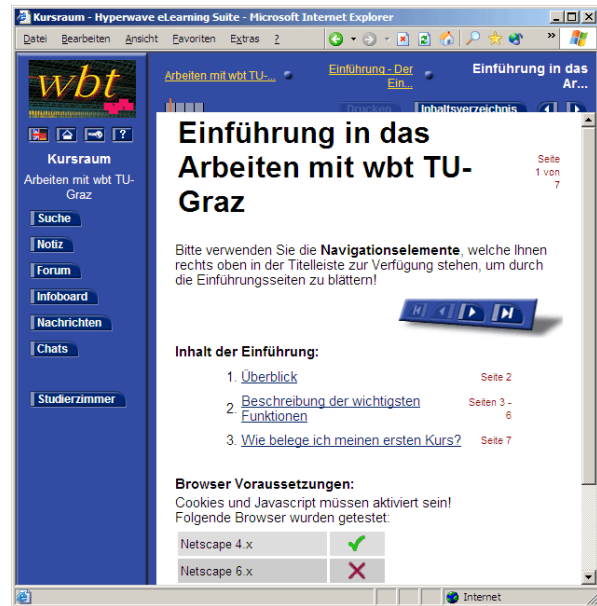


Abbildung 8: Screenshot des Kursbereiches

2.4 Durchführung der Arbeit

2.4.1 Biotechnologie, Vorlesung

In diesem Projekt wurde getestet, ob und wie eine Vorlesung basierend auf dem Konzept des reziproken Lehrens und Lernens durchführbar ist.

In der Unterrichtsphase wurde die Qualität der vorhandenen Lehrmittel und des web-basierten Vortrags ermittelt. Die für diese Vorlesung verwendeten Unterlagen wurden vom Dolan DNA Learning Center (Cold Spring Harbor Laboratory, New York) entwickelt und waren alle im Internet frei zugänglich (www.dnalc.org). Sie waren modular aufgebaut und bestanden zum größten Teil aus animierten Grafiken (die die grundlegenden biotechnologischen Verfahren erklären) und anschließenden kurzen Fragestellungen. Die Antworten auf diese Fragestellungen wurden vom Vortragenden gemeinsam mit den Studierenden im Unterricht erarbeitet. Bedingt durch die geringe Anzahl an Studierenden (18) war es jedesmal möglich, direkt im Anschluß an die Vorlesung mündlich Feedback über die Qualität der Lehrmittel und des Vortrags zu erhalten.

Das Projekt „leere Webseite“

In der im Anschluß an die Unterrichtsphase stattfindenden Projektphase wurden die Studierenden bei der Erstellung von Webseiten betreut und die fertigen Seiten in das eLS-

System eingebunden. Die Studierenden sollten in Kleingruppen zu je 4-5 Personen entsprechend den persönlichen Interessen selbstständig neue Themengebiete für das Web-Buch erarbeiten.

Die erstellten Kursseiten wurden den Studierenden danach unter wbt.tugraz.at zur Verfügung gestellt.

2.4.2 Bioinformatik (WS 2001/02), Vorlesung und Übung

Für diese 2-wöchige Blockveranstaltung wurden interaktive Evaluierungsbögen erstellt, die die Studierenden am Ende jedes Tages online ausfüllen sollten. Die Evaluierungsbögen basierten auf denen von Andersson (<http://linnaeus.bmc.uu.se/slides/copenhagen/>) und wurden mit der Skriptsprache PHP (The PHP Group, www.php.net) realisiert und anschließend in das eLS-System eingebunden. Beim Erstellen der Fragebögen wurden die Erkenntnisse aus den Abschnitten 2.1 und 2.2 berücksichtigt. Es wurde ein Fragebogen erstellt, um statistische Hintergrunddaten der Studierenden zu ermitteln (Abbildung 9). Dieser sollte von jedem Studierenden nur einmal ausgefüllt werden. Mit Hilfe dieses Bogens wurde von den Studierenden ein Interessensprofil erstellt und dieses als „Cookie“ auf deren Rechnern gespeichert. So war es später möglich zu unterscheiden, ob ein Student eher von der informatischen oder der biologischen Seite kam.

Die anderen Fragebögen waren für jeden Kurstag auszufüllen. Sie sind in Abbildung 10 und Abbildung 11 dargestellt.

Im Anschluß an die Vorlesung wurden die Evaluierungsbögen ausgewertet, wobei der Wissenshintergrund der Studierenden entsprechend berücksichtigt wurde.

Des weiteren wurde das gesamte Lehrmaterial für die Vorlesung und die Übung sowie die von den Studierenden entworfenen Präsentationen in das eLS-System eingebunden.

2.4.3 Bioinformatik (SS 2002), Vorlesung und Übung

Für diese Lehrveranstaltung wurden aufgrund der Erkenntnisse des Bioinformatik-Kurses vom vorhergehenden Semester die Kursunterlagen komplett überarbeitet. Es wurde entsprechend den in Abschnitt 2.1 und 2.2 vorgestellten theoretischen Konzepten ein modulares Web-Buch und ein dazugehöriges Vorlesungsskriptum erstellt.

Des weiteren wurde für das in das eLS-System integrierte Web-Buch eine Usability-Studie erstellt. Die Studie wurde mit 3 Usern mit medizinischem, informationstechnischem bzw.

geisteswissenschaftlichem Hintergrund durchgeführt. Dadurch wurde eine optimale Kombination von Fachwissen und Methodenkenntnis bei den Usern sichergestellt. Der User mit IT-Hintergrund verwendet das Internet rund 4h/Tag, die beiden anderen je 1h/Tag.

Den Usern wurde die Aufgabe gestellt, sich für den Kurs Bioinformatik anzumelden, sich diesen näher anzuschauen sowie anschließend einige ausgewählte Webseiten durchzuarbeiten.

Basierend auf der Usability-Studie wurden Bereiche des Web-Buchs neu gestaltet.

Um den Studierenden eine „state-of-the-art“ Arbeitsumgebung zu schaffen, wurde das am Linux-Cluster der TU Graz laufende BLAST um eine grafische Ausgabe erweitert. Diese wurde in PHP geschrieben und anschließend in die von BLAST ausgegebene Webseite integriert.

Background questions				
Bioinformatics can be defined as the interface between Biology, Mathematics and Computer Science.				
Rank your current knowledge in biology .	To what extent do you think that the course will focus on biology?	If the course would fit you perfectly, to what extent would you like the course to focus on biology?	How much biology do you think that the teachers expect you to know?	How much do you think your knowledge in biology will have improved at the end of this course?
<input type="radio"/> very good <input type="radio"/> good <input type="radio"/> average <input type="radio"/> bad <input checked="" type="radio"/> very bad	<input type="radio"/> very much <input type="radio"/> much <input type="radio"/> medium <input type="radio"/> a little <input checked="" type="radio"/> not at all	<input type="radio"/> very much <input type="radio"/> much <input type="radio"/> medium <input type="radio"/> a little <input checked="" type="radio"/> not at all	<input type="radio"/> very much <input type="radio"/> much <input type="radio"/> medium <input type="radio"/> a little <input checked="" type="radio"/> not at all	<input type="radio"/> very much <input type="radio"/> much <input type="radio"/> medium <input type="radio"/> a little <input checked="" type="radio"/> not at all
Rank your current knowledge in mathematics .	To what extent do you think that the course will focus on mathematics?	If the course would fit you perfectly, to what extent would you like the course to focus on mathematics?	How much mathematics do you think that the teachers expect you to know?	How much do you think your knowledge in mathematics has been improved at the end of this course?
<input type="radio"/> very good <input type="radio"/> good <input type="radio"/> average <input type="radio"/> bad <input checked="" type="radio"/> very bad	<input type="radio"/> very much <input type="radio"/> much <input type="radio"/> medium <input type="radio"/> a little <input checked="" type="radio"/> not at all	<input type="radio"/> very much <input type="radio"/> much <input type="radio"/> medium <input type="radio"/> a little <input checked="" type="radio"/> not at all	<input type="radio"/> very much <input type="radio"/> much <input type="radio"/> medium <input type="radio"/> a little <input checked="" type="radio"/> not at all	<input type="radio"/> very much <input type="radio"/> much <input type="radio"/> medium <input type="radio"/> a little <input checked="" type="radio"/> not at all
Rank your current knowledge in computer science .	To what extent do you think that the course will focus on computer science?	If the course would fit you perfectly, to what extent would you like the course to focus on computer science?	How much computer science do you think that the teachers expect you to know?	How much do you think your knowledge in computer science has been improved at the end of this course?
<input type="radio"/> very good <input type="radio"/> good <input type="radio"/> average <input type="radio"/> bad <input checked="" type="radio"/> very bad	<input type="radio"/> very much <input type="radio"/> much <input type="radio"/> medium <input type="radio"/> a little <input checked="" type="radio"/> not at all	<input type="radio"/> very much <input type="radio"/> much <input type="radio"/> medium <input type="radio"/> a little <input checked="" type="radio"/> not at all	<input type="radio"/> very much <input type="radio"/> much <input type="radio"/> medium <input type="radio"/> a little <input checked="" type="radio"/> not at all	<input type="radio"/> very much <input type="radio"/> much <input type="radio"/> medium <input type="radio"/> a little <input checked="" type="radio"/> not at all
<input type="button" value="Submit"/>				

Abbildung 9: Hintergrundfragen

<p>Give your overall ranking of the web-pages that you used today:</p> <p><input type="radio"/> perfect</p> <p><input type="radio"/></p> <p><input type="radio"/></p> <p><input type="radio"/></p> <p><input type="radio"/> poor</p> <p><input type="radio"/> there were no web-pages</p>	<p>Could the web-pages be improved, if so how?</p> <div style="border: 1px solid gray; height: 80px; width: 100%;"></div>	<p>To what extent did the teachers add to your understanding/ completion of the exercise?</p> <p><input type="radio"/> a lot</p> <p><input type="radio"/></p> <p><input type="radio"/></p> <p><input type="radio"/></p> <p><input type="radio"/></p> <p><input type="radio"/> not at all</p>
<p>To what extent did the background text add to your understanding/ completion of the exercise?</p> <p><input type="radio"/> a lot</p> <p><input type="radio"/></p> <p><input type="radio"/></p> <p><input type="radio"/></p> <p><input type="radio"/> not at all</p> <p><input type="radio"/> there was no background text</p>	<p>How many hours did you spend on today's exercise?</p> <p><input type="radio"/> 1 <input type="radio"/> 2</p> <p><input type="radio"/> 3 <input type="radio"/> 4</p> <p><input type="radio"/> 5 <input type="radio"/> 6</p> <p><input type="radio"/> 7 <input type="radio"/> 8 or more</p>	<p>Did you get stuck at some point, if so where and why?</p> <div style="border: 1px solid gray; height: 80px; width: 100%;"></div>
<p>Name advantages/disadvantages of distance learning that you thought of while doing this exercise:</p> <div style="border: 1px solid gray; height: 100px; width: 100%;"></div>	<p>Additional comments on this exercise:</p> <div style="border: 1px solid gray; height: 100px; width: 100%;"></div>	<p style="text-align: center;"><input type="button" value="Submit"/></p> <p style="text-align: center; font-size: 1.2em;">Thank you!</p>

Abbildung 11: 2. Teil der Evaluierungsbögen für jeden Kurstag

Kapitel 3

Ergebnisse

3.1 Mündliche Evaluierung der Biotechnologie Vorlesung

Es ergab sich, daß die ursprüngliche Art des Vortrags nicht optimal auf die Studierenden abgestimmt war. Am Beginn war vom Vortragenden geplant, die Animationen aus dem Web als Stütze des Vortrags zu verwenden. Diese Vorgehensweise wurde nach der ersten Befragung der Studierenden verworfen. Es hat sich herausgestellt, daß es für den Vortragenden wichtig ist, den Vortrag ebenso genau vorzubereiten, als wären die Animationen von ihm selbst entwickelt worden. Er soll den Studierenden mit Hilfe von Erklärungen einen flüssigen Übergang (verbal) von einem Bild zum nächsten bieten und nicht zuerst das Bild betrachten müssen, um den Vortrag fortsetzen zu können.

Nachdem der Vortragende den Vortragsstil dementsprechend geändert hatte, waren die Studierenden sowohl mit dem Vortrag als auch mit der Qualität des Lehrmaterials sehr zufrieden.

Die einzige weitere Anmerkung war, daß es für die Studierenden besser wäre, wenn jeder einen eigenen PC zur Verfügung hätte und nicht den Vortrag via Videobeamer mitverfolgen müßte. Dies würde es den Studierenden ermöglichen, die Animationen mit ihrer individuellen Arbeitsgeschwindigkeit mitzuverfolgen und sich bei Bedarf manche Animationen wiederholt anzuschauen.

3.2 Projekt „Leere Webseite“

Bei diesem Projekt stellte sich heraus, daß ein Großteil der Studierenden keine Erfahrung mit der Erstellung von Webseiten hatte. Dementsprechend oft wurde Microsoft Word (Microsoft, Redmond, Washington, USA) anstelle eines professionellen Webseiten-Editors verwendet. Dies hat den Nachteil, daß nicht alle Elemente der Webseiten in allen Internetbrowsern korrekt dargestellt werden. Dadurch ergaben sich bei der Präsentation der erstellten Webseiten im eLS-System geringe Komplikationen, die aber alle gelöst werden konnten.

Weiters hatten die Studierenden Probleme sich in der Navigationsstruktur des eLS-Systems zurechtzufinden.

Positiv fiel auf, daß es den Studierenden leicht fiel, den FTP-Server der TU Graz (<ftp.tugraz.at>) für die Abgabe der fertig erstellten Webseiten und für den gruppeninternen Informationsaustausch zu benutzen.

Trotz der Probleme wurde entschieden, das eLS-System auch für die weiteren Kurse zu verwenden, da die zukünftige Integration in das Online-System der TU Graz (TUG Online), sowie die leichte Adaptierbarkeit von Seiten des zentralen Informatikdienstes (ZID) der TU Graz von großem Vorteil sind.

3.3 Evaluierung des Bioinformatik Kurses (WS 2001/2002)

Die detaillierten Ergebnisse der Evaluierung befinden sich im Anhang.

Teilnahme

Was bei der Auswertung der Evaluierung als erstes ins Auge fiel, war die geringe Beteiligung der Studierenden (siehe Abbildung 12). Die 48 Studierenden gaben an den 10 Kurstagen insgesamt 74 Fragebögen ab, wobei die Hintergrundstatistik 19 Mal ausgefüllt wurde und die Kursevaluierungen insgesamt 55 Mal. Man konnte auch erkennen, daß es aufgrund der Hintergrundfragen nicht immer möglich war, einen Studierenden eindeutig der IT- oder Biologierichtung zuzuordnen. Des weiteren war es bei den Computern mancher Studierenden nicht möglich, *Cookies* zu speichern, wodurch diese Studierenden später keiner der beiden Richtungen zugeordnet werden konnten.

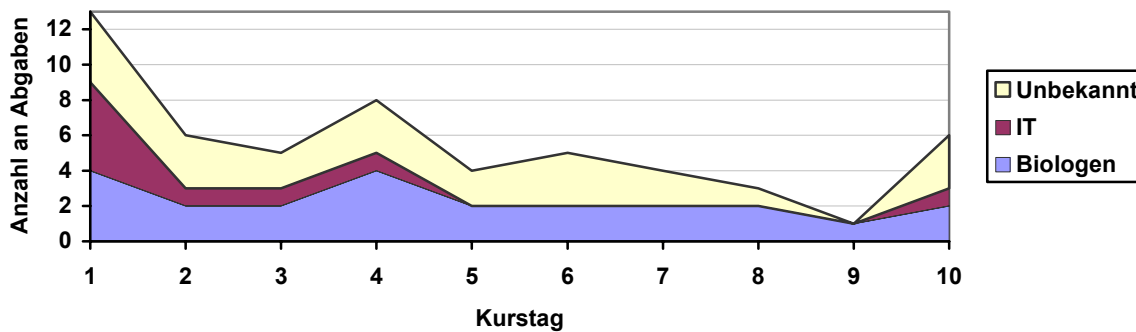


Abbildung 12: Anzahl der abgegebenen Evaluierungsbögen an den einzelnen Kurstagen

Vorlesung

Die Bewertung der Vorlesung war durchwegs sehr positiv. Sie machte den Studierenden Spaß, der Unterrichtsstoff wurde als relevant und für die meisten als neu angesehen und war durchwegs auf einem mittleren Schwierigkeitsniveau gehalten. Was besonders auffiel war die gleichbleibend gute Bewertung der Vortragenden, auch wenn (besonders am Kursbeginn) vereinzelt Kritik geäußert wurde (siehe Anhang, Abbildung 27 und Tabelle 7). Auffällig waren die manchmal sehr stark voneinander abweichenden Antworten bezüglich des Zeitaufwands, wobei die Techniker im allgemeinen weniger Zeit benötigten als die Biologen (siehe Anhang, Abbildung 29 und Tabelle 9). Weiters war zu beobachten, daß bei den Biologen der *factor of fun* mit Übungsbeginn abnahm, wohingegen es den Technikern offensichtlich mehr Spaß machte (siehe Anhang, Abbildung 3 und Tabelle 2).

Kurs-Webseiten

Die Bewertung der Webseiten lag für die meisten Kurstage zwischen 2 und 3 nach dem Schulnotensystem (siehe Anhang, Abbildung 26 und Tabelle 6). Weiters war zu beobachten, daß manche Studierenden am Ende der ersten Woche des Kurses noch immer der Meinung waren, daß es zu diesem Kurs keine Webseiten gäbe. Besonders aussagekräftig waren die Antworten auf die folgenden Fragen:

Could the web-pages be improved, if so how?

- > make 'em faster
- > Less copies of other peoples stuff, but a nice overview of the topics that fits the needs for this course.

Name advantages/disadvantages of distance learning that you thought of while doing this exercise:

- > advantage: all you need is online
- disadvantage: it is slow and inefficient to communicate with group members over the internet

Eine eingehende mündliche Befragung brachte zusätzliche Schwachpunkte am eLS-System zu Tage. Es ergaben sich also in Summe folgende Kritikpunkte am eLS-System:

- > Die Navigation ist unübersichtlich. Man weiß nie, wo man sich gerade im Kurs befindet bzw. wohin man wechselt.
- > Die wichtigen Schaltflächen (Vor/Zurück) sind zu klein und in einer Ecke versteckt, wohingegen jene Schaltflächen, die weniger oft verwendet werden, die ganze linke Seite einnehmen.
- > Das eLS ist sehr langsam. Der Seitenaufbau braucht sehr lange. Einer der Gründe dafür ist, daß beim Aufbau einer neuen Seite jedes Mal die *Frames* oben und auf der linken Seite neu geladen werden.
- > Im Studierzimmer klicken die Studierenden immer zuerst auf den Kurs, bevor sie auf die Idee kommen, sich dazu anzumelden. Ein Vorschlag eines Studenten war es, eine Meldung „Sie sind nicht für diesen Kurs angemeldet. Wollen Sie sich anmelden? Ja/Nein“ einzuführen.
- > Der Upload von Dateien ist nur mit einer Administratorberechtigung möglich. Es ist den Studierenden daher nicht möglich, ihre fertigen Arbeiten in einen vordefinierten Bereich der Kurshomepage einzubinden.
- > Für die Kommunikation zwischen den einzelnen Projektgruppen ist das eLS nicht geeignet.

Basierend auf diesen Einwänden wurde ein Vorschlag eines verbesserten Oberflächendesigns für den Kursbereich vom eLS-System entworfen (siehe Abschnitt 3.4). Des Weiteren wurde das gesamte Lehrmaterial überarbeitet.

Weitere Probleme

Manche der verwendeten Übungscomputer stürzten wiederholt ab und löschten dabei Teile der fertiggestellten Arbeiten. Dies war z. T. die Folge fehlerhafter Benutzereingaben durch die Studierenden.

3.4 Designvorschlag für das eLS-System

Basierend auf der Evaluierung und auf persönlichen Gesprächen mit den Studierenden wurde ein Designvorschlag für den Kursbereich des eLS-Systems entwickelt (siehe Abbildung 13). Bei diesem wurde vom bestehenden Layout der Benutzeroberfläche

ausgegangen (siehe Abbildung 8). Die grundlegenden Eigenschaften des neuen Designs sind:

- > prominenterer Platzierung der wichtigsten Schaltflächen (Inhaltsverzeichnis, Vor/Zurück, Studierzimmer, Drucken),
- > vergrößerte Vor/Zurück-Schaltflächen,
- > prominenterer Platzierung des Seitentitels,
- > leichteres Wechseln zu anderen Seiten durch permanente Verfügbarkeit des Inhaltsverzeichnisses.

Der neue Designvorschlag wurde mitsamt den Kritiken der Studierenden an die für das eLS-System zuständigen Personen im zentralen Informatikdienst (ZID) der TU Graz weitergeleitet.

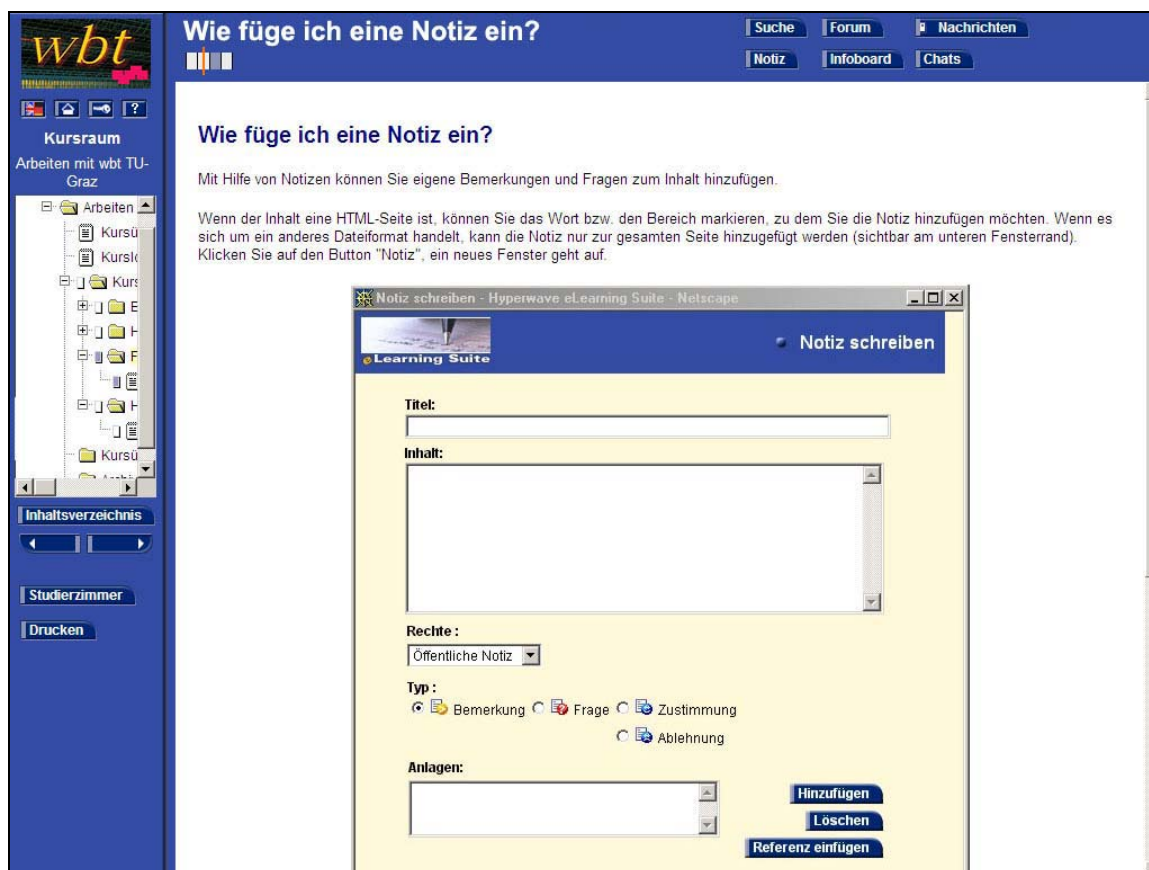


Abbildung 13: Designvorschlag für den Kursbereich. (Vergleiche auch mit dem ursprünglichen Design in Abbildung 8)

3.5 Erstellen eines Powerpoint-Skripts für die Vorlesung Bioinformatik

Basierend auf den Unterlagen des Bioinformatik-Kurses WS 2001/02, die von verschiedenen Autoren stammten, wurden neue Unterlagen mit einer homogenen Struktur geschaffen. Diese dienten als Vorlage zum Erstellen des Web-Buchs.

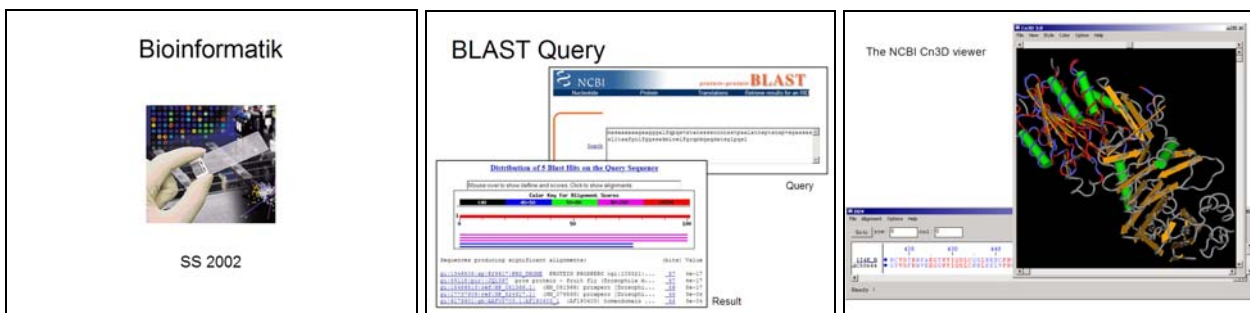


Abbildung 14: Einige Seiten des Vorlesungsskripts

3.6 Erstellen eines Web-Buchs für Bioinformatik

Es wurde entsprechen den in Abschnitt 2.1.1 beschriebenen Prinzipien ein modulares Web-Buch als interaktive Erweiterung der Vorlesungsunterlagen entworfen und dieses in das eLS-System integriert. Dieses Web-Buch ist so aufgebaut, daß es sich auch mit relativ geringem Wissen über die Erstellung von Webseiten leicht erweitern läßt, wenn gewisse Grundregeln befolgt werden.

Um verschiedene im Web vorhandene Tools in die Lernumgebung integrieren zu können, wurde der Bildschirm mittels *Frames* zweigeteilt. In der oberen Hälfte befindet sich eine Arbeitsanleitung, in der unteren wird direkt die Webseite des entsprechenden Tools angezeigt (siehe Abbildung 15). Die Arbeitsanleitung enthält Beschreibungen der verschiedenen Elemente, die mittels eines Mouseover-Effekts dargestellt werden (siehe Abbildung 16). Klicken die Studierenden auf einen der rot markierten Bereiche in der Arbeitsanleitung, so öffnet sich in der unteren Bildschirmhälfte die entsprechende Webseite. Es wurden interaktive Seiten zur besseren Erklärung verschiedener Sachverhalte entworfen (siehe Abbildung 17).



Abbildung 15: Integration von externen Tools in den Bioinformatik-Kurs. In der oberen Hälfte des Arbeitsbereiches befindet sich eine Arbeitsanleitung, in der unteren wird direkt die entsprechende Webseite eingebunden. Durch Klicken auf die roten „Explosionen“ werden in der unteren Bildschirmhälfte weitere Webseiten angezeigt.

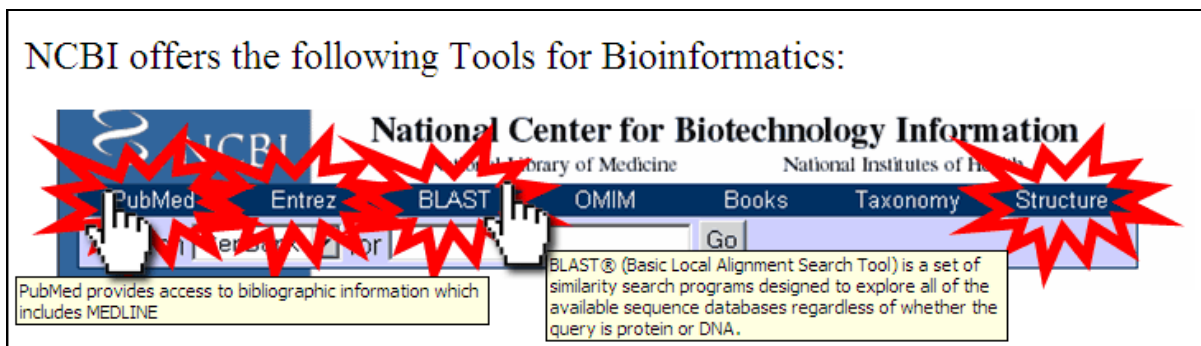


Abbildung 16: Zusätzliche Beschreibungen werden mittels Mouseover-Effekten eingeblendet.

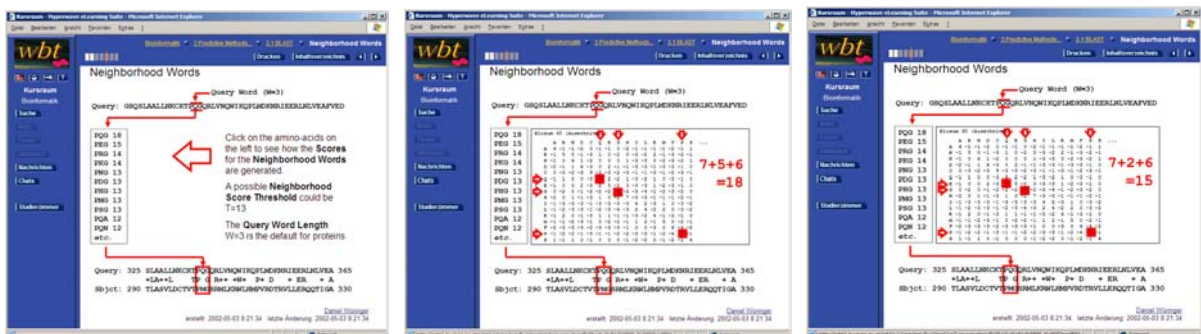


Abbildung 17: Eine interaktive Kursseite. Befindet sich die Maus über den verschiedenen Buchstabenkombinationen auf der linken Seite des Arbeitsbereiches, so wird die Bedeutung der danebenstehenden Zahlen erklärt.

3.7 Usability-Studie

Die Ergebnisse wurden nach den verschiedenen Bereichen des eLS-Systems gegliedert.

Foyer

- > Nur einer der drei Testpersonen war es klar, daß sie sich im System registrieren mußte, um einen Kurs zu besuchen. Die anderen beiden versuchten, den Kurs Bioinformatik unter „verfügbare Kurse“ zu finden.
- > Will man einen neuen User registrieren, so erhält man die Meldung *„Der neue Benutzername lautet: [Benutzernamen]. Falls er sich von Ihrem Vorschlag unterscheidet, existierte der vorgeschlagene Name bereits.“*, auch wenn der angegebene Benutzernamen noch nicht existiert. Eine weitere Meldung *„Profil wählen“*, bei der man keine Auswahl hat, wirkt ebenfalls verwirrend. (Siehe Abbildung 19)
- > Keine der Testpersonen konnte etwas mit der Bezeichnung „Studierzimmer“ anfangen. Erst nachdem alle anderen Möglichkeiten ausprobiert waren, klickten die User auf diese Schaltfläche.

Studierzimmer

- > Klickt man auf einen Kurs, so erhält man nur generelle Informationen zu diesem, kann ihn aber nicht belegen (siehe auch die Ergebnisse der Evaluierung der Kurs-Webseiten im Abschnitt 3.3). Wurden diese Hintergrundinformationen nicht speziell adaptiert, so weiß der User nichts mit ihnen anzufangen.
- > Die Schaltfläche „Kurse anmelden“ ist *unterhalb* der Liste der verfügbaren Kurse angebracht. Mittlerweile ist diese Liste so lang, daß die Schaltfläche erst nach scrollen der Kursliste sichtbar wird (siehe Abbildung 7). Dadurch kommt keiner der Studierenden auf die Idee, sich für einen Kurs anzumelden.

Kursbereich

- > Das „Inhaltsverzeichnis“ wirkte auf die Testpersonen verwirrend. Sie hatten erwartet, nun einen Kurs vorzufinden und nicht die Struktur des Kurses. Erst nach einiger Zeit begannen die User auf eine der Kursseiten zu klicken.
- > Hatten die User davor vom Studierzimmer aus auf die Kursvorschau geklickt, so zeigt das Inhaltsverzeichnis noch immer nur die Hintergrundinformationen des Kurses an. Erst durch wiederholtes Klicken auf das „[-]“-Symbol in der linken oberen Ecke des

Inhaltsverzeichnis kann man dieses aktualisieren, was aber keine der Testpersonen von selbst herausgefunden hätte (siehe Abbildung 18).

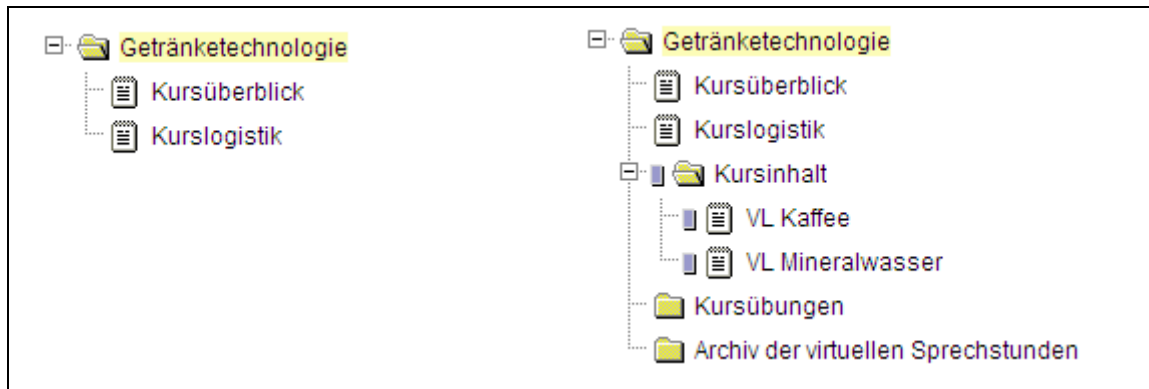


Abbildung 18: Das Inhaltsverzeichnis des eLS-Systems. Auf der linken Seite sieht man nur eine reduzierte Version des Inhaltsverzeichnisses, die nur die Hintergrundinformationen zeigt. Das Inhaltsverzeichnis auf der rechten Seite ist vollständig.

- > Waren die User auf einer Kursseite angelangt, so fand nur einer der drei die Schaltfläche „Vorwärts“ und konnte damit auf die nächste Kursseite wechseln. Die anderen beiden benutzten die „Back“-Schaltfläche ihres Web-Browsers, um wieder ins Inhaltsverzeichnis zu gelangen, und klickten dann auf eine weitere Kursseite.
- > Keine der Testpersonen konnte etwas mit dem Statusbalken am oberen Seitenrand anfangen.

Kurs Bioinformatik

- > Alle drei User erkannten die in die Kurswebseiten eingefügten „roten Explosionen“ (siehe Abbildung 15 und Abbildung 16) sofort als klickbare Schaltflächen. Aber trotzdem verwendeten zwei der User die Explosionen nicht zur Navigation, sondern suchten die in der oberen Bildhälfte gekennzeichneten Bereiche in der unteren Bildhälfte und klickten dann auf diese. Dies führte dazu, daß sich die ins eLS-System integrierten externen Webseiten als Vollbild öffneten, wodurch die Studierenden das eLS-System verließen.
- > Wird eine Bildschirmauflösung unter 1024x768 Pixel verwendet, so verbraucht der Navigationsbereich des eLS-Systems bereits soviel Fläche vom Bildschirm, daß eine Navigation mittels *Frames* sehr unübersichtlich wird.



Abbildung 19: Meldung bei der Registrierung eines neuen Benutzers. Man wird hier zur Wahl eines Profils aufgefordert, hat aber nur ein Profil zur Auswahl.

3.8 Grafische Ausgabe für BLAST

Aus der Webseite, die BLAST als Ausgabe liefert, wurde eine grafische Ausgabe erstellt und diese anschließend wieder in dieselbe Webseite integriert.

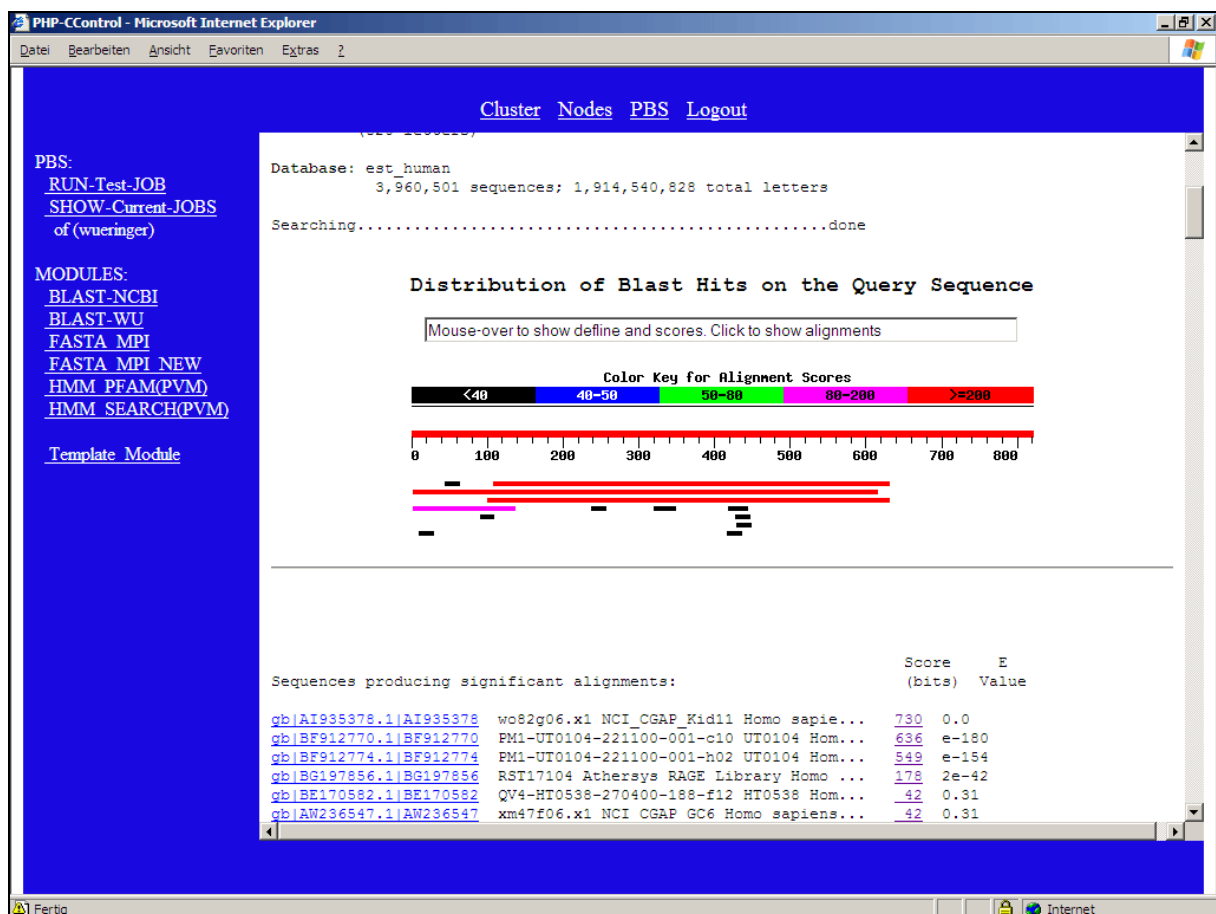


Abbildung 20: Grafische Ausgabe des BLAST (Basic Alignment Search Tool). Die grafische Ausgabe (Bildmitte) wurde in die von BLAST ausgegebene Webseite integriert.

Kapitel 4

Diskussion

In dieser Arbeit wurde eine Web-basierende Plattform für die Ausbildung in der Bioinformatik entwickelt. Diese Plattform ist modular aufgebaut und läßt sich mit vergleichbar geringem Aufwand erweitern und aktualisieren. Des weiteren wurde ein Konzept zur verbesserten Integration der Studierenden in den Unterricht und in die Gestaltung der Kurs-Webseiten getestet.

Aufgrund des unmittelbaren Feedbacks und der aktiven Mithilfe der Studierenden bei der Verbesserung von Schwachstellen in den Lehrunterlagen erweisen sich die Methoden des reziproken, evaluations-basierten Lehren und Lernens besonders für eine so dynamische Disziplin wie die Bioinformatik von großem Vorteil. Aber auch für andere Fachbereiche könnte es durchaus hilfreich sein, diese Technik anzuwenden und so die vorliegenden Lehrunterlagen zu vervollständigen und leichter verständlich zu gestalten.

4.1 Verbesserungsvorschläge

Als problematisch hat sich die mangelnde Erfahrung der Studierenden beim Erstellen von Webseiten herausgestellt (siehe Kapitel 3.2). Dies wäre z.B. durch ein weiteres Modul des Web-Buchs oder einen eigenen Kurs zu kompensieren. Dabei wäre es sinnvoll, auf den Studenten-PCs einen bekannten Webseiten-Editor zu installieren und das Modul auf diesen abzustimmen. Für diesen Zweck gut geeignet wäre z.B. Macromedia Dreamweaver (Macromedia, San Francisco, USA), da dieser Editor leicht zu erlernen ist und die erstellten Webseiten mit allen Web-Browsern kompatibel sind.

Um die Beteiligung der Studierenden bei der Evaluierung der Lehrveranstaltung zu erhöhen, wäre es sinnvoll von den verwendeten Web-basierenden Evaluierungsbögen abzusehen und statt dessen diese vor Vorlesungsbeginn in ausgedruckter Form an die Studierenden zu verteilen. Dies hätte den Vorteil, daß sich die Studierenden nicht nach einer langen Blockveranstaltung, bei der sie bereits den ganzen Tag vor dem Bildschirm verbracht haben, nochmals vor den Computer setzen müssen, um diese zu evaluieren. Außerdem könnten die Studierenden die Bögen gleich während der Vorlesung ausfüllen, wodurch die Antworten auf Fragen wie „Was hat ihnen besonders gut/schlecht gefallen?“ mit Sicherheit um einiges aussagekräftiger ausfallen würden.

Die Verwendung von *Cookies* hat sich bei der Auswertung der Evaluierungsbögen als problematisch erwiesen. Es wäre sinnvoller gewesen, den technischen Aufwand in diesem Punkt zu reduzieren und statt dessen eine weitere Frage bei den täglich auszufüllenden Evaluierungsbögen nach dem fachlichen Hintergrund der Studierenden hinzuzufügen.

Weiters wäre es sinnvoll, die vorhandenen Fragen durch weitere zu ergänzen. Es wäre wichtig zu erfahren, mit welchen Computerprogrammen die Studierenden Probleme hatten, wo Schwierigkeiten beim Webseiten-Design aufgetreten sind und welche Aspekte ihnen in der Vorlesung nicht ausreichend behandelt wurden.

Bei der Beantwortung mancher Fragen weichen die Ergebnisse z. T. erheblich voneinander ab. Es wäre daher zweckmäßig, diese exakter zu formulieren. Z.B. könnte man die Frage „*How many hours did you spend on today's exercise?*“ um den Satz „*Please state the total amount of time, including the time you spend at home and in the course.*“ ergänzen.

Um den Studierenden eine optimal angepaßte Lernumgebung zur Verfügung zu stellen, sollte das Design des eLS-Systems, basierend auf den Ergebnissen des Designvorschlags aus Kapitel 3.4 und der Usability-Studie in Kapitel 3.7, neu überarbeitet werden. Dabei dürfen die Ergebnisse der Usability-Studie allerdings auch nicht überbewertet werden, da sich die Testpersonen während dieser zwangsläufig sehr intensiv mit möglichen Problemen des eLS-Systems und des Web-Buchs auseinandergesetzt haben. Hätten die Testpersonen diese Seiten im Rahmen des Kurses benützen müssen, wären ihnen wahrscheinlich nicht alle der in Kapitel 3.7 aufgelisteten Fehler aufgefallen.

Nach der Überarbeitung des eLS-Systems sollte erneut eine Usability-Studie durchgeführt werden, um die Probleme der Studierenden mit dem Bioinformatik-Kurs selbst genauer zu ermitteln.

Die bisher aufgetretenen Probleme beim Verwenden des Bioinformatik-Kurses (die Unübersichtlichkeit der Navigation mit *Frames* bei einer Bildschirmauflösung unter 1024x768 Pixel sowie die Tatsache, daß die Studierenden meist im unteren *Frame* navigierten, anstatt den oberen dazu zu benutzen) legen es nahe, bei der Erstellung des Web-Buchs auf *Frames* zu verzichten. Davon wurde allerdings bewußt abgesehen, da die meisten PCs heute geeignete Bildschirmauflösungen bieten und das Web-Buch hauptsächlich mit der Unterstützung der Vortragenden benutzt wird, der den Studierenden bei der Benutzung assistieren kann. Des weiteren bietet die Navigation mittels *Frames* in diesem Fall den Vorteil, daß sich die Arbeitsanleitung, die Erklärung und die externe Webseite im selben Bildschirmfenster befinden.

Falls dieser Bioinformatik-Kurs für *long-distance learning* verwendet werden soll, wäre es möglich, die externen Webseiten in einem neuen Fenster zu öffnen, wodurch für die Arbeitsanleitung und die Erklärung mehr Platz zur Verfügung stünde.

4.2 Ausblick

Ein großer Nachteil bei der aktuellen Version des eLS-Systems ist die Tatsache, daß es den Studierenden nicht möglich ist, die von ihnen erstellten bzw. überarbeiteten Kapitel des Web-Buchs ins eLS-System zu integrieren. Dazu ist die Installation von spezieller Software notwendig, die zudem noch extrem unübersichtlich zu handhaben ist. Wünschenswert wäre die Integration eines FTP-Zugangs ins eLS-System.

Es wäre zielführend, das entwickelte Web-Buch um ein medizinisches Modul zu ergänzen und den Umfang der biologischen Hintergründe zu erweitern. Weiters sollte eine Möglichkeit gesucht werden, um das am Institut für Elektro- und Biomedizinische Technik vorhandene Genome Information Management System (GIMS) der Arbeitsgruppe Bioinformatik in die bestehenden Kurs-Webseiten zu integrieren.

Zusätzlich könnte man die bestehenden Module um ein Modul für Videostreaming erweitern, um damit vorhandene Mitschnitte von Gastvorträgen in das Web-Buch zu integrieren. Dies könnte noch zusätzlich um weitere Aufzeichnungen ausgewählter Vorlesungen ergänzt werden.

Literaturverzeichnis

- [1] Altschul SF, Gish W, Miller W, Myers EW, Lipman DJ: Basic local alignment search tool. *Journal of Molecular Biology* 215: 403-410 (1990)
- [2] Andersson S, Brodin E, Hindbeck H, Höög JO, Langerth-Zetterman M, Strömdahl H: *Theory-anchored evaluation applied to a CSCL intense course in Bioinformatics*. Proceedings of Euro-CSCL 2001, Maastricht, Netherlands (2001)
<http://www.mmi.unimaas.nl/euro-cscl/presentations.htm>
- [3] Arber W, Kehnlein U: Mutational loss of B-specific restriction of the bacteriophage fd. *Path. Micro.* 30: 946-952 (1967)
- [4] Avery OT, Macleod CM, McCarty M: Studies on the chemical nature of the substance inducing transformation of pneumococcal types. Induction of transformation by a desoxyribonucleic acid fraction isolated from pneumococcus Type 111. *Journal of Experimental Medicine* 79: 137-158. (1944)
- [5] Bernstein FC, Koetzle TF, Williams GJB, Meyer EF, Brice MD, Rodgers JR, Kennard O, Shimanouchi T, Tasumi MJ: The protein data bank. *Journal of Molecular Biology* 112: 535-542 (1977)
- [6] Berst J: *The Web's 10 Most Influential People*.
www.zdnet.com/anchordesk/story/story_2557.html (1998)
- [7] Chargaff E: Chemical specificity of nucleic acids and mechanism of their enzymatic degradation. *Experientia* 6: 201-209 (1950)
- [8] Cohen SN, Chang ACY, Boyer HW, Helling RB: Construction of Biologically Functional Bacterial Plasmids In Vitro. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 70: 3240-3244 (1973)
- [9] Crick FHC: Central dogma of molecular biology. *Nature* 227, 561-563 (1970)
- [10] Crick FHC: On Protein Synthesis. In: *Symposium of the society for experimental biology XII*. New York, Academic Press: 138-163 (1958)
- [11] Drews J: Drug Discovery. A Historical Perspective. *Science* 278: 1960-1968 (2000)
- [12] GenBank Overview <http://www.ncbi.nih.gov/Genbank/GenbankOverview.html> (2002)
- [13] GenBank Statistics <http://www.ncbi.nih.gov/Genbank/genbankstats.html> (2002)

- [14] Genetics in Context: *A Comparative Timeline* <http://www.esp.org/timeline/> (2000)
- [15] Guzdial M, Carrol K: Explaining the Lack of Dialogue in Computer-Supported Collaborative Learning. In: Stahl G (Ed.): *Computer Support for Collaborative Learning: Foundations for a CSCL Community. Proceedings of CSCL 2002*. Hillsdale, New Jersey, USA, Lawrence Erlbaum Associates Inc.: 418-424 (2002)
- [16] Hoadley CP: Creating context: Design-based research in creating and understanding CSCL. In: Stahl G (Ed.): *Computer Support for Collaborative Learning: Foundations for a CSCL Community. Proceedings of CSCL 2002*. Hillsdale, New Jersey, USA, Lawrence Erlbaum Associates Inc.: 453-462 (2002)
- [17] Hyperwave Handbücher: *Hyperwave eLearning Suite. Handbuch für Trainees. Version 1.2*. München, Hyperwave AG (ohne Jahr)
- [18] Krug S: *Don't make me think. A Common Sense Approach to Web Usability*. Indianapolis, New Riders Publishing (2000)
- [19] Lipponen L: Exploring foundations for computer-supported collaborative learning. In: Stahl G (Ed.): *Computer Support for Collaborative Learning: Foundations for a CSCL Community. Proceedings of CSCL 2002*. Hillsdale, New Jersey, USA, Lawrence Erlbaum Associates Inc.: 72-81 (2002)
- [20] Maxam A, Gilbert W: A new method of sequencing DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 74, 560-564 (1977)
- [21] Mendel GJ: Versuche über Pflanzenhybriden. In: *Verhandlungen des naturforschenden Vereins in Brünn, Band 4*. Brünn, naturforschender Verein: 43-47 (1866) <http://www.netspace.org/MendelWeb/MWGerText.html>
- [22] Mount DW: *Bioinformatics. Sequence and Genome Analysis*. Cold Spring Harbor, New York, Cold Spring Harbor Laboratory Press (2001)
- [23] Mullis K, Faloona F, Scharf S, Saiki R, Horn G, Erlich H: Specific enzymatic amplification of DNA in vitro: the polymerase chain reaction. *Cold Spring Harbor Symposium in Quantitative Biology* 51: 263-273 (1986)
- [24] NCBI, Entrez Genomes: *Prominent Organisms* <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/PMGifs/Genomes/org.html> (2002)
- [25] Needleman SB, Wunsch CD: A general Method applicable to the search for similarities in the amino acid sequences of two proteins. *Journal of Molecular Biology* 48: 443-453 (1970)
- [26] Nielsen J: *How Users Read on the Web*. www.useit.com/alertbox (1997)
- [27] Nielsen J: Usability engineering at a discount. In: Salvendy G, Smith MJ (Eds.): *Designing and Using Human-Computer Interfaces and Knowledge Based Systems*. Amsterdam, Elsevier Science Publishers: 394-401 (1989)
- [28] Nielsen J: *Why You Only Need to Test With 5 Users*. www.useit.com/alertbox (2000)

- [29] ÖNORM EN ISO 9241-10: *Ergonomische Anforderungen für Bürotätigkeiten mit Bildschirmgeräten; Teil 10 Grundsätze der Dialoggestaltung.* (1996)
- [30] Patlak M: *Human Gene Testing. Beyond Discovery*
www.beyonddiscovery.org/includes/DBFile.asp?ID=85 (1996)
- [31] PDB Current Holdings <http://www.rcsb.org/pdb/holdings.html> (2002)
- [32] Pearson WR, Lipman DJ: Improved tools for biological sequence comparison. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 85: 2444-2448 (1988)
- [33] Richon AB: *A Short History of Bioinformatics*
<http://www.netsci.org/Science/Bioinform/feature06.html> (2001)
- [34] Saiki R, Scharf S, Faloona F, Mullis K, Horn G, Erlich H: Enzymatic amplification of beta-globin genomic sequences and restriction site analysis for diagnosis of sickle cell anemia. *Science* 230: 1350-1354 (1985)
- [35] Sanger F, Nicklen S, Coulson AR: DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 74: 5463-5467 (1977)
- [36] Sanger F, Tuppy H: The amino-acid sequence in the phenylalanyl chain of insulin 2. The investigation of peptides from enzymatic hydrolysates. *Biochem. J.* 49: 481-490 (1951)
- [37] Significant Events Of The Last 125 Years
<http://202.114.65.35/fzjx/wsw/wswfzjs/wswfz.html> (2002)
- [38] Smith HO, Wilcox KW: A restriction enzyme from *Haemophilus influenzae*. *Journal of Molecular Biology* 51: 379-391 (1970)
- [39] Smith TF, Waterman MS: Identification of common molecular subsequences. *Journal of Molecular Biology* 147: 195-197 (1981)
- [40] Southern EM: Detection of specific sequences among DNA fragments separated by gel electrophoresis. *Journal of Molecular Biology* 98: 503-517 (1975)
- [41] Stahl G: Contributions to a Theoretical Framework for CSCL. In: Stahl G (Ed.): *Computer Support for Collaborative Learning: Foundations for a CSCL Community. Proceedings of CSCL 2002.* Hillsdale, New Jersey, USA, Lawrence Erlbaum Associates Inc.: 62-71 (2002)
- [42] SWISS-PROT Database Details http://us.expasy.org/sprot/sprot_details.html (2002)
- [43] Watson JD, Crick FHC: A structure for desoxyribose nucleic acid. *Nature* 171: 737-738 (1953)

Anhang

Auswertung der Evaluierung des Bioinformatik Kurses (WS 2001/2002)

Einleitung

An den einzelnen Kurstagen fanden folgende Unterrichtseinheiten statt:

Tag 1	Einleitung, Information Retrieval	Prof. Trajanoski
Tag 2	Molekularbiologie Einführung Molekularbiologie Labor	Prof. Kohlwein Prof. Kohlwein
Tag 3	Studentenpräsentationen (IT Themen) Biological Databases: Defining and Building Predictive Methods using DNA and Protein Sequences I Sequenzierung	Prof. Trajanoski Prof. Trajanoski Dr. Glieder
Tag 4	Übung	Dr. Glieder
Tag 5	Übung	Dr. Glieder
Tag 6	Studentenpräsentationen (Biologische Themen) Hidden Markov Modelle	Prof. Trajanoski
Tag 7	Übung	Dr. Glieder
Tag 8	Studentenpräsentationen: HMM, PSI-Blast Predictive Methods from DNA and Protein Sequences II Microarrays	Prof. Trajanoski Prof. Trajanoski
Tag 9	Übung	Dr. Glieder
Tag 10	Prüfung	

Die Bewertung des FOF, FOR, FON, FOD sowie der Webseiten, der Vortragenden und des Hintergrundtextes wurde im Schulnotensystem vorgenommen.

Teilnahme

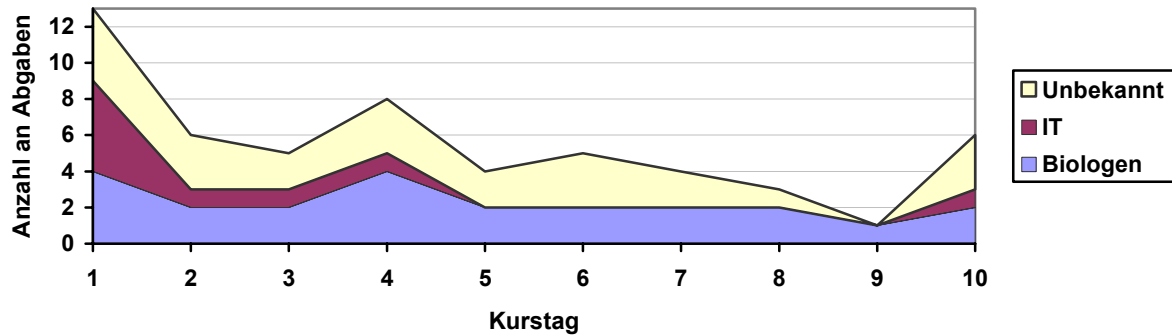


Abbildung 21: Teilnahme der Studierenden an der Evaluierung

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Biologen	4	2	2	4	2	2	2	2	1	2
Techniker	5	1	1	1	0	0	0	0	0	1
Unbekannt	4	3	2	3	2	3	2	1	0	3
Summe	13	6	5	8	4	5	4	3	1	6

Tabelle 1: Teilnahme der Studierenden an der Evaluierung

Für die Kurstage 5 bis 9 gab kein Student, der eindeutig der IT-Richtung zugeordnet werden konnte, einen Evaluierungsbogen ab. Über den Kurstag 9 gab überhaupt nur ein Biologe einen Evaluierungsbogen ab.

Die Hintergrundstatistik wurde insgesamt 19 Mal ausgefüllt.

Factor of Fun

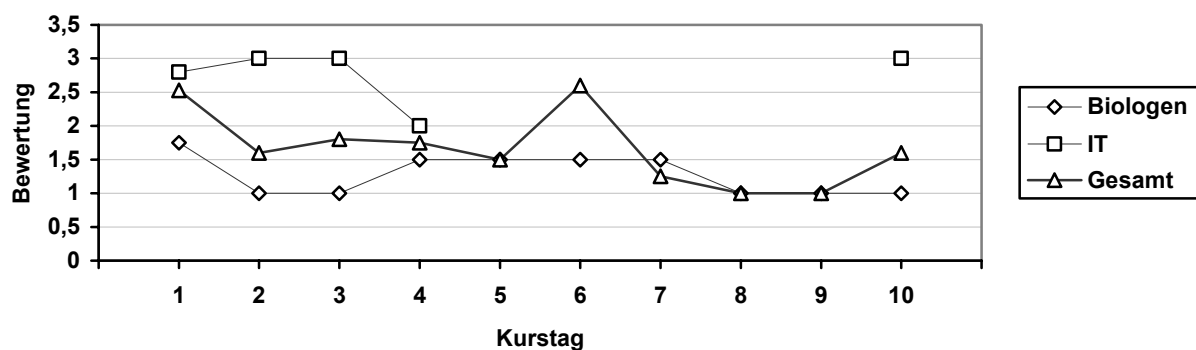


Abbildung 22: Factor of Fun (Mittelwerte): 1 = Lots of Fun; 5= not funny at all

Tag	Biologen						IT						Gesamt					
	1	2	3	4	5	Ø	1	2	3	4	5	Ø	1	2	3	4	5	Ø
1	1	3	-	-	-	1,8	-	2	2	1	-	2,8	1	5	6	1	-	2,5
2	2	-	-	-	-	1	-	-	1	-	-	3	4	-	2	-	-	1,6
3	2	-	-	-	-	1	-	-	1	-	-	3	2	2	1	-	-	1,8
4	2	2	-	-	-	1,5	-	1	-	-	-	2	3	4	1	-	-	1,8
5	1	1	-	-	-	1,5	-	-	-	-	-	-	2	2	-	-	-	1,5
6	1	1	-	-	-	1,5	-	-	-	-	-	-	1	2	1	-	1	2,7
7	1	1	-	-	-	1,5	-	-	-	-	-	-	3	1	-	-	-	1,3
8	2	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	3	-	-	-	-	1
9	1	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	1
10	2	-	-	-	-	1	-	-	1	-	-	3	4	-	2	-	-	1,7

Tabelle 2: Factor of Fun: 1 = Lots of Fun; 5= not funny at all

What did you enjoy most in this assignment?

- Kurs 1** > Weihnachtsfeier zu ausgiebig! Vergessen einen Studenten für die Vorlesung anzumelden ☺
- Kurs 4** > Performing searches with state of the art computers
- Kurs 6** > There were NO clearly expressed exercise tasks!!!
- allgemein** > ATCG Song

Factor of Relevance

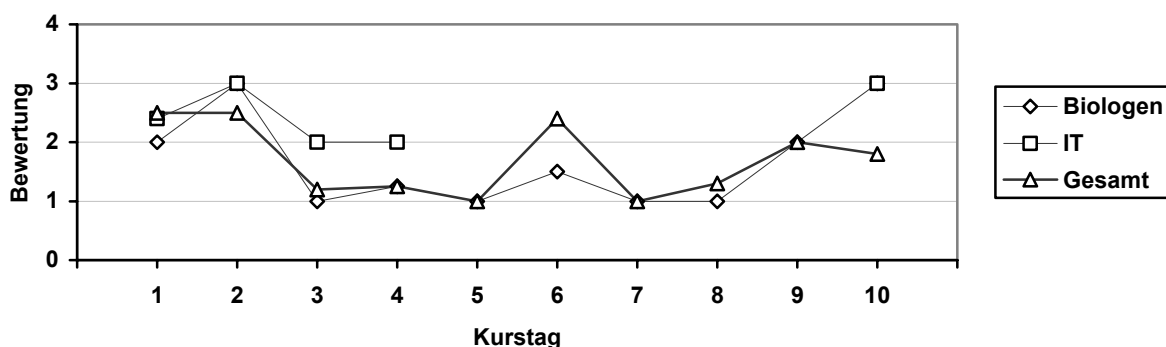


Abbildung 23: Factor of Relevance (Mittelwerte): 1 = relevant; 5 = not relevant at all

Tag	Biologen						IT						Gesamt					
	1	2	3	4	5	Ø	1	2	3	4	5	Ø	1	2	3	4	5	Ø
1	1	2	1	-	-	2	-	4	-	1	-	2,4	1	7	2	3	-	2,5
2	1	-	-	-	1	3	-	-	3	-	-	3	2	1	2	-	1	2,5
3	2	-	-	-	-	1	-	1	-	-	-	2	4	1	-	-	-	1,2
4	3	-	-	-	-	1,25	-	1	-	-	-	2	6	2	-	-	-	1,25
5	2	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	4	-	-	-	-	1
6	1	1	-	-	-	1,5	-	-	-	-	-	-	1	3	-	-	1	2,4
7	2	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	4	-	-	-	-	1
8	2	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	2	1	-	-	-	1,3
9	-	1	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	2
10	1	-	-	-	1	3	-	-	1	-	-	3	2	1	2	-	1	1,8

Tabelle 3: Factor of Relevance: 1 = relevant; 5 = not relevant at all

What did you find most relevant?

- Kurs 4** > proposed variants to end up in one information
- Kurs 6** > None of the "chiefs" could tell us in a clear way what PSI-BLAST is good for. Clear means coupled with an application example.
- allgemein** > Information on available Databases, file formats and search strategies (and the algorithms behind that stuff).

Factor of Novelty

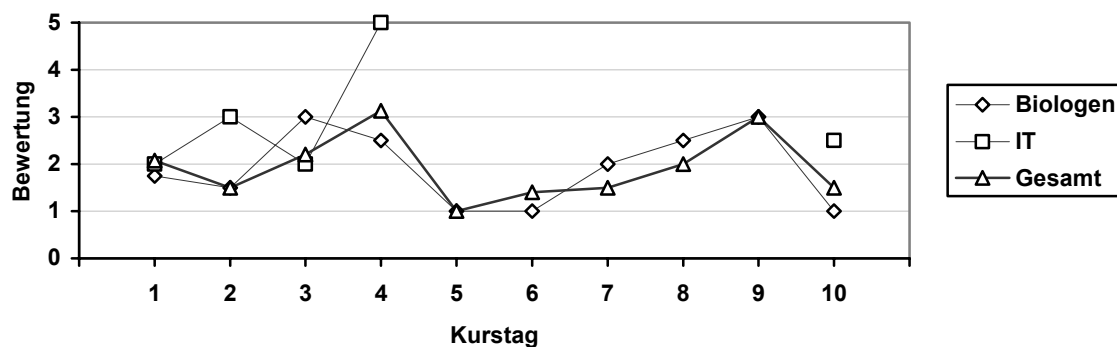


Abbildung 24: Factor of Novelty (Mittelwerte): 1 = new; 5 = old

Tag	Biologen						IT						Gesamt					
	1	2	3	4	5	Ø	1	2	3	4	5	Ø	1	2	3	4	5	Ø
1	1	3	-	-	-	1,8	1	3	3	-	-	2	3	7	2	1	-	2,1
2	1	1	-	-	-	1,5	-	-	1	-	-	3	4	1	1	-	-	1,5
3	1	-	-	-	1	3	-	1	-	-	-	2	2	2	-	-	1	2,2
4	-	2	2	-	-	2,5	-	-	-	-	1	1	-	3	2	2	1	3,1
5	2	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	4	-	-	-	-	1
6	2	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	4	-	1	-	-	1,4
7	1	-	1	-	-	2	-	-	-	-	-	-	3	-	1	-	-	1,5
8	1	-	-	1	-	2,5	-	-	-	-	-	-	2	-	-	1	-	2
9	-	-	1	-	-	3	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	3
10	1	-	-	-	-	1	-	1	1	-	-	2,5	4	1	1	-	-	1,5

Tabelle 4: Factor of Novelty: 1 = new; 5 = old

What did you find most novel?

- Kurs 4** > a working vector NTI version
- allgemein** > 3D structure prediction

Factor of Difficulty

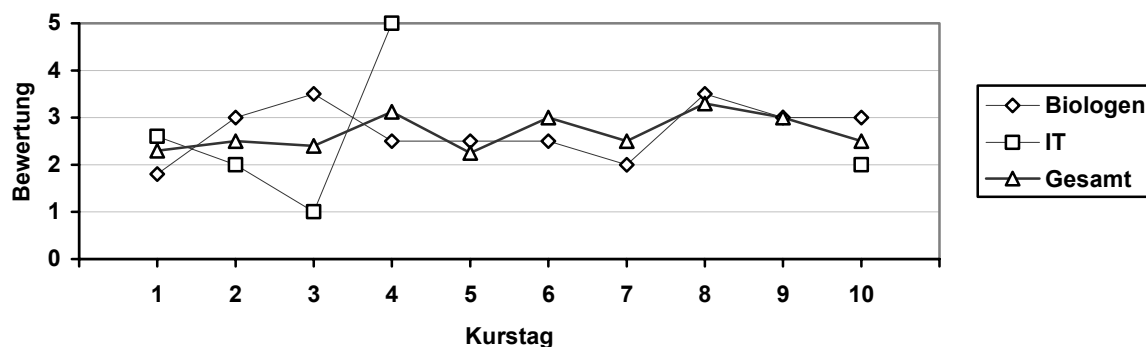


Abbildung 25: Factor of Difficulty (Mittelwerte): 1 = very hard; 5 = easy, man!

Tag	Biologen						IT						Gesamt					
	1	2	3	4	5	Ø	1	2	3	4	5	Ø	1	2	3	4	5	Ø
1	2	1	1	-	-	1,8	-	3	1	1	-	2,6	2	6	4	1	-	2,3
2	-	1	-	1	-	3	-	1	-	-	-	2	-	4	1	1	-	2,5
3	-	-	1	1	-	3,5	1	-	-	-	-	1	1	2	1	1	-	2,4
4	-	2	2	-	-	2,5	-	-	-	-	1	5	-	3	2	2	1	3,1
5	-	1	1	-	-	2,5	-	-	-	-	-	-	1	1	2	-	-	2,3
6	-	1	1	-	-	2,5	-	-	-	-	-	-	-	2	2	-	1	3
7	-	2	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	2	2	-	-	2,5
8	-	1	-	-	1	3,5	-	-	-	-	-	-	-	1	1	-	1	3,3
9	-	-	1	-	-	3	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	3
10	-	1	-	1	-	3	-	1	-	-	-	2	-	4	1	1	-	2,5

Tabelle 5: Factor of Difficulty: 1 = very hard; 5 = easy, man!

Did you get stuck at some point, if so where and why?

- Kurs 2** > computer failure
- Kurs 4** > computer failure
- > in the beginning task wasn't clearly defined, spend too much work on sequence refinement
- Kurs 6** > None of the "chiefs" could tell us in a clear way what PSI-BLAST is good for. Clear means coupled with an application example.
- Kurs 10** > computer failure
- allgemein** > not really

What did you find most difficult in this assignment?

- Kurs 1** > first lecture wasn't too hard
- Kurs 3** > Expecting to be an IT-(wo)man, it has been a crash course in microbiology with many many new topics - most difficult!
- Kurs 4** > for first time users background of exercise was not always clear
- Kurs 6** > If one doesn't know what to do this one can't judge the difficulty!
- allgemein** > Calculating HMM Matrices, but it was fun though

Give your overall ranking of the web-pages that you used today:

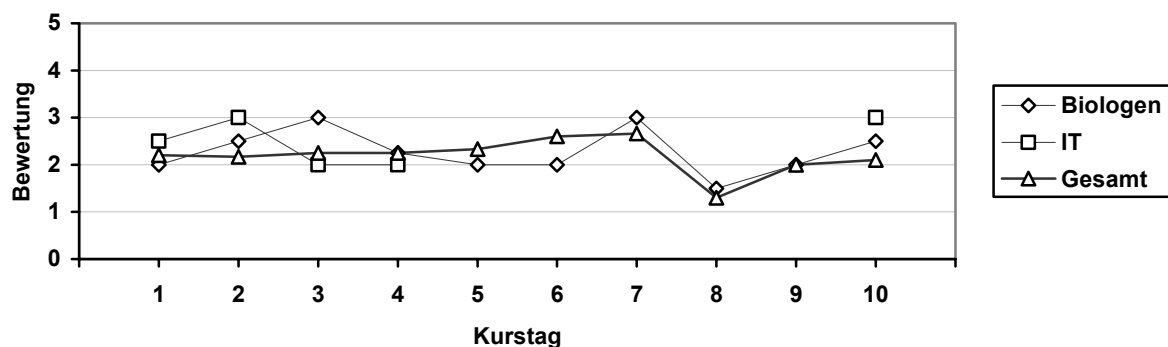


Abbildung 26: Ranking of web-pages (Mittelwerte): 1 = perfect; 5 = poor

Tag	Biologen							IT							Gesamt						
	1	2	3	4	5	NO	Ø	1	2	3	4	5	NO	Ø	1	2	3	4	5	NO	Ø
1	-	3	-	-	-	1	2	-	2	2	-	-	1	2,5	1	6	3	-	-	3	2,2
2	-	1	1	-	-	-	2,5	-	-	1	-	-	-	3	1	3	2	-	-	-	2,2
3	-	-	3	-	-	1	3	-	1	-	-	-	-	2	-	3	1	-	-	1	2,3
4	1	1	2	-	-	1	2,3	-	1	-	-	-	-	2	1	4	3	-	-	1	2,3
5	-	1	-	-	-	1	2	-	-	-	-	-	-	-	-	2	1	-	-	1	2,3
6	-	2	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	3	1	1	-	-	2,7
7	-	-	2	-	-	-	3	-	-	-	-	-	-	-	-	1	2	-	-	-	2,7
8	1	1	-	-	-	-	1,5	-	-	-	-	-	-	-	2	1	-	-	-	-	1,3
9	-	1	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	2
10	-	1	1	-	-	-	2,5	-	-	1	-	-	-	3	1	3	2	-	-	-	2,2

Tabelle 6: Ranking of web-pages: 1 = perfect; 5 = poor

Could the web-pages be improved, if so how?

- Kurs 4** > make 'em faster
allgemein > Less copies of other peoples stuff, but a nice overview of the topics that fits the needs for this course.

Name advantages/disadvantages of distance learning that you thought of while doing this exercise:

- allgemein** > advantage: all you need is online
 > disadvantage: it is slow and inefficient to communicate with group members over the internet

To what extent did the teachers add to your understanding/ completion of the exercise?

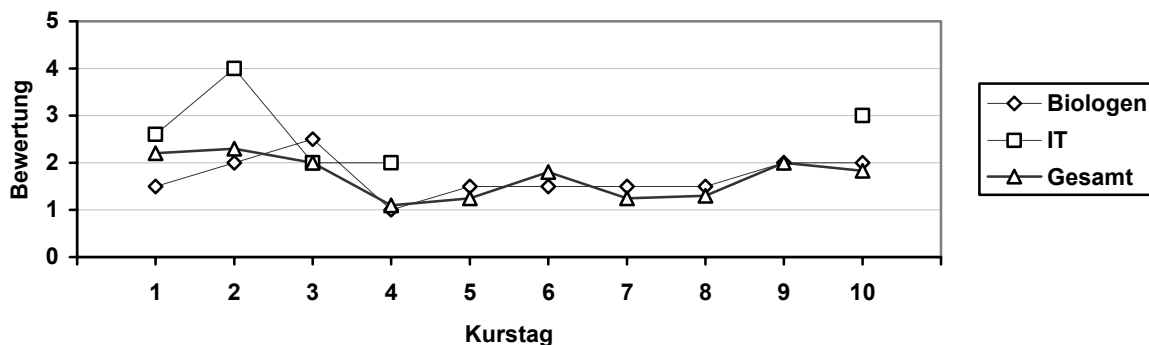


Abbildung 27: Teachers (Mittelwerte): 1 = a lot; 5 = not at all

Tag	Biologen						IT						Gesamt					
	1	2	3	4	5	Ø	1	2	3	4	5	Ø	1	2	3	4	5	Ø
1	3	-	1	-	-	1,5	1	2	1	-	1	2,6	3	6	3	-	1	2,2
2	1	-	1	-	-	2	-	-	1	-	1	4	3	1	2	-	1	2,3
3	1	-	-	1	-	2,5	-	1	-	-	-	2	2	2	-	1	-	2
4	4	-	-	-	-	1	-	1	-	-	-	2	7	1	-	-	-	1,1
5	1	1	-	-	-	1,5	-	-	-	-	-	-	3	1	-	-	-	1,3
6	1	1	-	-	-	1,5	-	-	-	-	-	-	1	3	-	-	-	1,8
7	1	1	-	-	-	1,5	-	-	-	-	-	-	3	1	-	-	-	1,3
8	1	1	-	-	-	1,5	-	-	-	-	-	-	2	1	-	-	-	1,3
9	-	1	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	2
10	1	-	1	-	-	2	-	-	1	-	-	3	3	1	2	-	-	1,8

Tabelle 7: Teachers: 1 = a lot; 5 = not at all

To what extent did the background text add to your understanding/ completion of the exercise?

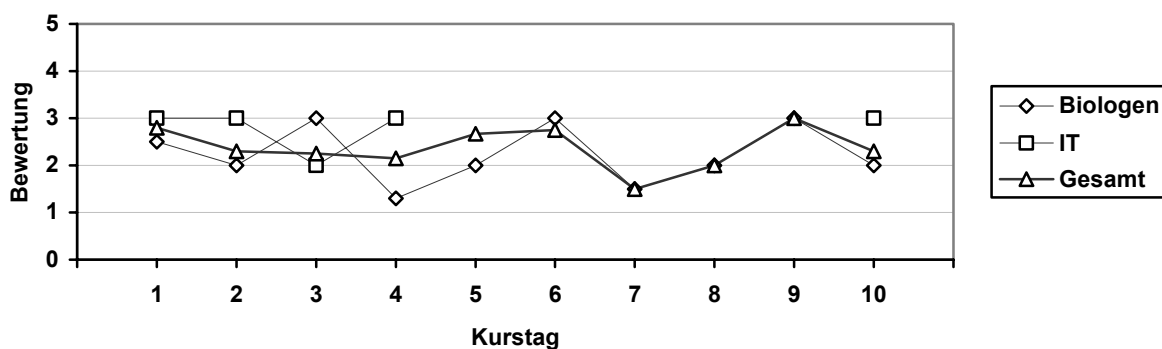


Abbildung 28: Background Text (Mittelwerte): 1 = a lot; 5 = not at all

Tag	Biologen							IT							Gesamt						
	1	2	3	4	5	NO	Ø	1	2	3	4	5	NO	Ø	1	2	3	4	5	NO	Ø
1	-	2	2	-	-	-	2,5	-	1	2	1	-	1	3	1	2	7	2	-	1	2,8
2	-	2	-	-	-	-	2	-	-	1	-	-	-	3	1	3	1	1	-	-	2,3
3	-	-	1	-	-	1	3	-	1	-	-	-	-	2	-	3	1	-	-	1	2,3
4	2	1	-	-	-	1	1,3	-	-	1	-	-	-	3	3	1	2	1	-	1	2,2
5	-	1	-	-	-	1	2	-	-	-	-	-	-	-	-	1	2	-	-	1	2,7
6	-	1	-	1	-	-	3	-	-	-	-	-	-	-	-	2	1	1	1	-	2,8
7	1	1	-	-	-	-	1,5	-	-	-	-	-	-	-	1	1	-	-	-	2	1,5
8	-	1	-	-	-	1	2	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	1	2
9	-	-	1	-	-	-	3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	3
10	-	2	-	-	-	-	2	-	-	1	-	-	-	3	1	3	1	1	-	-	2,3

Tabelle 8: Background Text: 1 = a lot; 5 = not at all

How many hours did you spend on today's exercises?

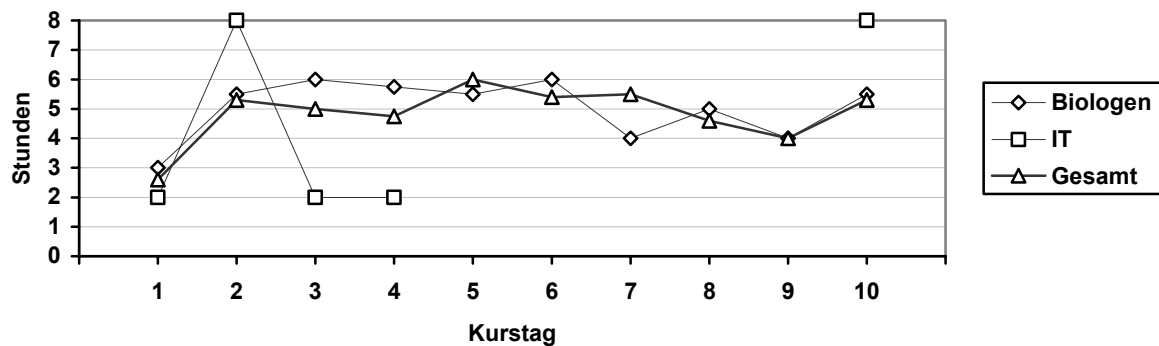


Abbildung 29: Hours

Tag	Biologen								IT								Gesamt										
	1	2	3	4	5	6	7	8	Ø	1	2	3	4	5	6	7	8	Ø	1	2	3	4	5	6	7	8	Ø
1	1	-	2	-	1	-	-	-	3	2	1	2	-	-	-	-	-	2	6	1	3	-	1	2	-	-	2,6
2	-	-	-	-	1	1	-	-	5,5	-	-	-	-	-	-	-	1	8	-	-	1	1	1	2	-	1	5,3
3	-	-	-	-	1	-	1	-	6	-	1	-	-	-	-	-	-	2	-	1	-	-	2	1	1	-	5
4	-	-	-	1	1	-	2	-	5,8	-	1	-	-	-	-	-	-	2	-	1	-	3	2	-	2	-	4,8
5	-	-	-	-	1	1	-	-	5,5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	1	-	1	6
6	-	-	-	-	1	-	1	-	6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	2	1	1	-	5,4
7	-	-	1	-	1	-	-	-	4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	1	1	-	1	5,5
8	-	-	1	-	-	-	1	-	5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	1	-	-	1	-	4,7
9	-	-	-	1	-	-	-	-	4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	4
10	-	-	-	-	1	1	-	-	5,5	-	-	-	-	-	-	-	1	8	-	-	1	1	1	2	-	1	5,3

Tabelle 9: Hours

Additional comments on this exercise:

- Kurs 3** > im hörsaal (i13) war es saukalt!
- Kurs 4** > If the same people ask the same questions all the time', one can presume that they were not able to understand it, for some inunderstandable reason. In this case it would be favourable to go on in the course topics, because sometimes it is better to have one victim, who has to discover the miracle of bioinformatics by him(her)self, than to get lost of interest from all the others!!
- Kurs 6** > with no explanation there is no need of this exercise!
- allgemein** > This evaluation was done for all exercises in the course