

# タンパク質構造の教育における ICT の活用 (II)

菊地 浩人<sup>1)</sup>, 早坂 明哲<sup>2)</sup>

1) 日本医科大学 物理学教室

2) 日本医科大学 医学教育センター

kikuchi@nms.ac.jp, yhayasaka@nms.ac.jp

## The Use of ICT in Teaching Protein Structures (II)

Hiroto Kikuchi<sup>1)</sup>, Yoshiaki Hayasaka<sup>2)</sup>

1) Department of Physics, Nippon Medical School

2) Center for Medical Education, Nippon Medical School

### 概要

タンパク質の構造を中心としたバイオインフォマティクスの概要を紹介する授業を行う機会が2年連続してあった。2年間とも、対象となるクラスは2クラスあり、一方には従来行われてきた座学中心の授業を行い、もう一方には3Dビューワーソフトを利用して、学生各自が自分のPC上で具体的にタンパク質の3次元構造を表示する演習方式で授業を行った。2つのクラスに対して、教授する知識としては、同じ内容を扱った。授業の前後に同じテストを課し、授業の前後での教育効果を確認すると共に、従来の教育方法とICTを活用した場合の方法によって、学生への教育効果に差異が生じるか否かに関して、2年間の結果が調べられた。

### 1 はじめに

タンパク質の3次元構造データベースであるProtein Data Base (PDB)の充実、及び3Dビューワーソフトの発達によって、現在、パソコンのモニター上で、タンパク質の具体的な3次元構造を簡単にしながら、様々な物理情報を操作することができる。従来は、テキストで書かれた構造に関する情報を頼りにして、学習者は頭の中でイメージしながら学習したが、昨今は、具体的な3次元構造をリアルに見ながら学習することができる。

著者らは、日本医科大学の情報科学演習という授業において、タンパク質の構造を中心としたバイオインフォマティクスの概要をテーマとする授業機会が2年連続あった。110~120名の学生が2つのクラスに別れて同じ授業を受けるので、1つのクラスに対しては、従来からの座学中心の授業をする一方、もう1つのクラスに対しては、3Dビューワーソフトでタンパク質の3次元構造の画像を学生各自に表示させて、それと共にタンパク質の構造の知識を伝える授業を行った。

授業の前後には、10問から構成される全く同じテストが行われ、授業の成果が確認された。また、2年間において、授業方法を変えた2つのクラス

の試験結果の比較も行われ、従来の講義方法と、ICTを積極的に用いた方法で、タンパク質の構造やバイオインフォマティクスの概要に関して、学生の理解状況に明確な差異が現れるか否かが調べられた。

### 2 テスト問題

テストは、タンパク質の構造に関する問題とそれに関係するバイオインフォマティクスの分野から10問が作成され、4つの選択支から正答を選ぶ方法で行われた。ここでは、問題だけを列記しておく。

1.  $\beta$ シートの構造は何種あるか、正しいものを選びなさい。
2. S-S結合とはどのような結合か、正しいものを選びなさい。
3.  $\alpha$ ヘリックスのピッチの距離はどのくらいか、正しいものを選びなさい。
4. プロテオミクスで用いられる技術と関係ないものを選びなさい。
5. トランスクリプトームの説明として正しいものを選びなさい。
6. 図のようなポリペプチドが $\alpha$ ヘリックスを作

るとき、Aの印の付いた酸素原子と水素原子を通して水素結合を作る相手の原子はどれか、適切なものを選びなさい。

- 次に示した球状タンパク質の性質に関する記述の中で、不適切なものを一つ選べ。
- 立体構造の似ている2つのタンパク質間で、対応関係にある原子が分かっている場合には、RMSD(Root Mean Square Deviation)と呼ばれる数値を計算することにより、立体構造の重なり合いの程度を数値化することができる。RMSDは、全ての対応する原子間の距離を2乗した値の平均値(相加平均)にルートをとったものとして定義される。あるタンパク質における6つの原子A,B,C,D,E,Fと別のタンパク質の6つの原子A',B',C',D',E',F'について対応関係が分かっており、互いにもっともよく重なるように回転して重ねた時の対応原子間の距離は以下の表のようになった。この表からB-B',C-C',D-D',E-E'は正確に重なったが、他の原子間ではずれが見られることがわかる。  
ここで、6つの原子に対するRMSD値はいくらになるか。選択肢の中からもっとも適切な値の一つ選べ。ただし、原子間距離の単位は考慮しないものとする。
- 生体高分子の立体構造解析に用いられる計算手法のうち、分子動力学法と分子力学法に関する以下の記述において、不適切なものを選択肢の中から選べ。
- タンパク質の立体構造予測に用いられる手法名として適切でないものを選択肢の中から一つ選べ。

### 3 結果

#### (1) 2017年度

2つのクラスを前半クラス、後半クラスと呼んで区別する。前半クラスは57名から構成され、従来からの座学中心の教育を行った。後半クラスは、54名から構成され、3Dビューワーソフトでタンパク質の3次元構造の画像を学生各自に表示させて、それと共にタンパク質の構造の知識を伝える授業を行った。

図1は、前半クラスと後半クラスで、プレテストとポストテストに関する平均点及び標準偏差を

示したものである。

試験は、10問から成り、1問10点で採点した。この結果から、前半クラス、後半クラス共に、プレテストに比べポストテストで点数はt検定の結果、有意に上昇した( $p<0.01$ )。

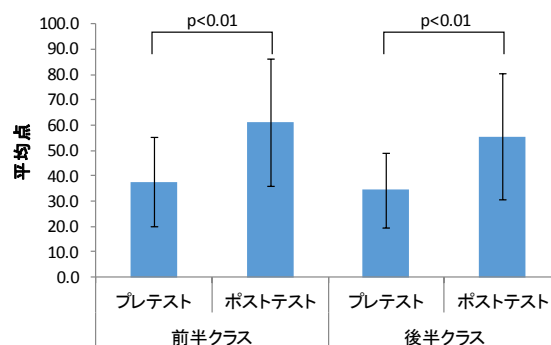


図1 2017年度に実施したプレテストとポストテストの比較

また、プレテスト、ポストテスト、それぞれ「前半クラス-後半クラス」でt検定を行ったところ、プレテストに関しては、 $p=0.31$ となり、前半クラスと後半クラスの授業前での差はなく、ポストテストに関しては、 $p=0.25$ となり、前半クラスと後半クラスでの差はなかった。

#### (2) 2018年度

基本的に、前年度と同様に授業を行った。前半クラスは58名から構成され、従来からの座学中心の教育を行い、後半クラスは、55名から構成され、3Dビューワーソフトでタンパク質の3次元構造の画像を学生各自に表示させて、それと共にタンパク質の構造の知識を伝える授業を行った。

図2は、2018年における図1と同様の内容を示したものである。プレテストの結果は、前年度の結果とほぼ同じであったが、ポストテストに関しては、前年度の結果よりも点数が良くなっていた。

前年同様、前半クラス、後半クラス共に、プレテストに比べポストテストで点数はt検定の結果、有意に上昇した( $p<0.01$ )。

また、プレテスト、ポストテスト、それぞれ「前半クラス-後半クラス」でt検定を行ったところ、プレテストに関しては、両側検定で $p=0.30$ となり、前半クラスと後半クラスの授業前での差はなく、ポストテストに関しては、 $p=0.12$ となり、前半クラスと後半クラスでの差はなかった。

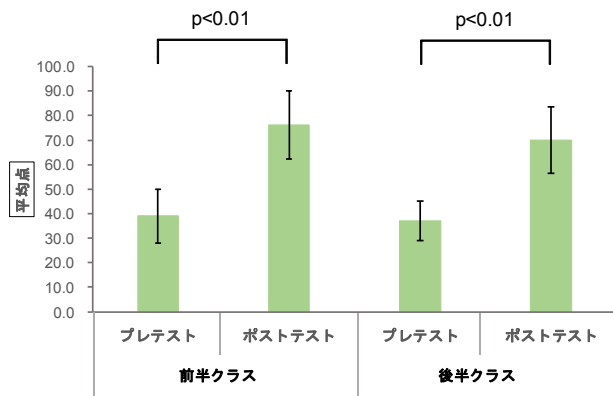


図2 2018年度に実施した  
プレテストとポストテストの比較

#### 4 まとめ

当初、2つのクラスで授業効果の差が出ないとの予想の下に授業計画を行った。実際に、仮説通り、座学中心（前半クラス）、ICTを利用した演習中心（後半クラス）の両方とも、授業の前後で成績が上昇（知識量が増えた・理解度が上がった）し、授業方法で差がつかないことが明らかとなった。

また、プレテストに関しては、2017年度と2018年度で差がなかったが、ポストテストに関しては、2017年度よりも、2018年度の方が良い成績となっていた。このことは、教える側が2年目となって、学生に対してよりわかりやすい授業になったことが原因と考えられる。

以上の点から考察されることは、3Dビューワーソフトを用いて、視覚にうったえる授業よりも、教える人間のちょっとした教え方の善し悪しの効果があったことを物語っている。

なお、今回は短時間の1回の授業における教育効果だけしか見ることができていない。我々の予想では、本格的に長い時間の教育を考えた場合には、ICTを積極的に利用した方が、教育の効果が上がると予想しているが、ICTをより有効に利用するための授業に結びつけることは、今後の課題である。