Ilmiy tadqiqotlar va ularning yechimlari jurnali
Aoka guvohnoma № 323759 ISSN: 3060-4818

ПРИМЕНЕНИЕ ИСКУССТВЕННОГО ИНТЕЛЛЕКТА ДЛЯ ПОСТРОЕНИЯ 3D-МОДЕЛЕЙ МОЛЕКУЛ И АНАЛИЗА БИОИНФОРМАТИЧЕСКИХ ДАННЫХ НА УРОКАХ БИОЛОГИИ

Зияева Г.А.
Преподаватель биологии высшей категории
Академический лицей Международного Вестминстерского Университета в Ташкенте
Телефон: +998911904773
Guzal.ziyayeva@gmail.com
https://doi.org/10.5281/zenodo.22158802

От формул к 3D: Как искусственный интеллект и биоинформатика меняют уроки биологии

Аннотация

В статье рассматривается методология интеграции алгоритмов искусственного интеллекта (ИИ) и биоинформатических веб-сервисов в школьный курс биологии. Анализируются возможности использования систем AlphaFold, ESMFold, а также среды визуализации Mol* для формирования пространственного и исследовательского мышления учащихся при изучении молекулярной биологии, биохимии и генетики. Приводится сценарий практического занятия in silico и обобщается список доступных цифровых ресурсов.

Ключевые слова: искусственный интеллект в образовании, биоинформатика в школе, 3D-моделирование белков, AlphaFold, Mol*, методики обучения биологии, фолдинг белков.

Abstract

The article discusses the methodology of integrating artificial intelligence (AI) algorithms and bioinformatics web services into the school biology curriculum. The possibilities of using systems such as AlphaFold, ESMFold, and the Mol* visualization environment to develop spatial and research thinking in students during the study of molecular biology, biochemistry, and genetics are analyzed. A scenario for an in silico practical lesson is presented, along with a summary of accessible digital tools for teachers.

Keywords: artificial intelligence in education, school bioinformatics, 3D protein modeling, AlphaFold, Mol*, biology teaching methods, protein folding.

Введение

Долгое время школьная биология в разделах молекулярной генетики и биохимии опиралась исключительно на плоские схемы в учебниках. Объяснить ученикам, почему замена одной аминокислоты приводит к изменению функции белка или как фермент соединяется с субстратом по принципу «ключа и замка», абстрактно — непростая задача.

Современная биология стала цифровой наукой. Сегодня искусственный интеллект и методы биоинформатики превращают урок биологии из заучивания терминов в настоящую

исследовательскую лабораторию. Интеграция алгоритмов ИИ в учебный процесс решает три ключевые задачи:

- **Пространственное мышление:** Ученики переносят теоретические знания о последовательности нуклеотидов в 3D-модели белков и ДНК.
- **Работа с реальными данными:** Школьники анализируют не выдуманные примеры, а настоящие геномы и структуры из международных баз данных.
- **Исследовательский подход:** Вместо пассивного чтения учебника класс формирует гипотезы и проверяет их с помощью компьютерного моделирования.

Главные направления применения ИИ и биоинформатики на уроках

1. Моделирование 3D-структуры белков (AlphaFold и ESMFold)

Технологии предсказания пространственной структуры белков по их аминокислотной последовательности совершили революцию в науке. На уроке ученики могут ввести первичную последовательность гена и за секунды получить 3D-модель третичной структуры, рассмотрев альфа-спирали и бета-листы со всех сторон.

2. Анализ точечных мутаций

С помощью ИИ-инструментов школьники могут смоделировать, что произойдет с белком при мутации. Например, заменить одну аминокислоту в молекуле гемоглобина и наглядно увидеть, как меняется свертывание белковой цепи при серповидноклеточной анемии.

3. Интерактивный анализ геномов (Биоинформатика)

Использование упрощенных алгоритмов выравнивания последовательностей (BLAST) и ИИ-ассистентов позволяет сравнивать ДНК разных видов, строить филогенетические деревья и находить эволюционные связи прямо на занятии.

Готовые инструменты для учителя

Инструмент / Сервис	Что делает на уроке	Уровень сложности
Mol* (Molstar) / PyMOL	Интерактивная визуализация, вращение и анализ связей в молекулах	Средний
NCBI BLAST + ИИ-помощники	Поиск похожих генов и анализ мутаций по базе данных	Продвинутый
Foldit	Геймифицированное моделирование фолдинга белков	Для всех уровней

Пример сценария практического урока

1. Постановка проблемы: Учитель предлагает исследовать, почему фермент лактаза у некоторых людей перестает расщеплять молочный сахар.

2. Сбор данных: Ученики берут последовательность гена из открытой базы данных.

3. Моделирование: Через ИИ-сервис генерируется 3D-структура активного центра фермента.

4. Эксперимент: Ученики вносят виртуальную мутацию и анализируют, разрушился ли активный центр.

5. Вывод: Формулируется научно обоснованный ответ на основе увиденной 3D-модели.

Заключение

Внедрение искусственного интеллекта и биоинформатики на уроках биологии не требует дорогого лабораторного оборудования — достаточно компьютера с выходом в интернет. Это делает современную науку доступной для каждого ученика и показывает биологию такой, какая она есть сегодня: высокой, точной и технологичной.

Литература

1. Jumper, J., Evans, R., Pritzel, A. et al. Highly accurate protein structure prediction with AlphaFold. // Nature. — 2021. — Vol. 596. — P. 583–589.
2. Sehnal, D., Bittrich, S., Deshpande, M. et al. Mol* Viewer: modern web app for 3D visualization and analysis of large biomolecular structures. // Nucleic Acids Research. — 2021. — Vol. 49 (W1). — P. W431–W437.
3. Баранов, А. В., Мамонтов, Д. И. Практическая биоинформатика в школьном биологическом образовании: учебное пособие. — М.: Просвещение, 2023. — 128 с.
4. Ершов, Ю. А. Биохимия и биоинформатика в профильной школе. // Биология в школе. — 2022. — № 4. — С. 15–22.

Рекомендуемые интернет-ресурсы

1. AlphaFold Protein Structure Database: https://alphafold.ebi.ac.uk — База данных 3D-структур белков, предсказанных ИИ DeepMind.
2. RCSB Protein Data Bank & Mol* Viewer: https://www.rcsb.org — Международный банк данных белковых структур и интерактивный 3D-вьюер Mol*.
3. ESM Metagenomic Atlas: https://esmatlas.com — Атлас белковых структур на базе языковой модели метагеномики Meta AI.
4. NCBI BLAST: https://blast.ncbi.nlm.nih.gov — База данных для поиска и выравнивания нуклеотидных и аминокислотных последовательностей.
5. Foldit: https://fold.it — Научно-популярная игра-симулятор фолдинга белков для школьников.