

資 料

臨床検査学教育 Vol.5, No.1 p.26~32, 2013.

染色体検査教育のための核型分析学習ソフトウェアの開発及びその評価

関澤 浩一^{1§} 加藤 誠久¹ 田村 高志¹

黒澤 健司² 田辺 秀之³ 岸 邦和¹

[要旨] 染色体検査の核型分析実習や学習の指導の際、対象学生が多い場合にも効率的かつ効果的に教育を行える学習ソフトウェアの開発とその評価を行った。学習ソフトウェアの開発は Visual Basic (Microsoft) を用いて行い、PC 上で学習者が G-バンドの核型分析の基礎(導入)について自学できることを開発の基本コンセプトとした。開発したソフトウェアの学習効果に関する評価を無記名自記式によるアンケート調査で行った結果、従来の学習方法と同等以上という評価になった。従って、それぞれの教育環境に合わせて本ソフトウェアを用いることで、臨床検査技師の染色体検査教育への貢献が期待できると考える。

[キーワード] 染色体検査教育、学習ソフトウェア、核型分析、G-バンド

緒 言

染色体検査は、先天異常、出生前診断、白血病及び固形腫瘍の診断やその治療効果の判断のために、欠くことのできない臨床検査として広く行われている¹⁾⁻⁴⁾。このような背景から、臨床検査技師教育のなかで、染色体検査に関する教育や実習も従来から行われており関連書籍も多い⁵⁾⁻⁸⁾。教育機関での実習の場合、対象学生が多いため、特に、染色体検査のなかでも重要な核型分析の実習などでは、効果的に実施するための指導者数の確保が課題となる。核型分析の実習は、従来、染色体の分裂中期像写真を学生に配布し、その写真から 1 本ずつ染色体をハサミで切り取り、専用の台紙上に並べて分類、分析し、指導者からチェックを受けるという教育方法をとっている。従って、個々の学生の分析した核型が正しいかどうかにつ

いて、指導者がそれを数回チェックしながら指導することになるため、一人の学生指導にかけられる時間は限られてしまう。

そこで、我々は、対象学生が多い場合でも、効率的かつ効果的に染色体検査の教育が行える、核型分析のための学習ソフトウェアの開発を試みた。なるべく広く使われているオペレーションシステム (OS) 上で作動し、自学することができれば有用性は高く、またレベルに合わせて学ぶことができれば、より効果的な学習ができる。今回、そのようなソフトウェアの開発を目指した。

I. 対象と方法

1. ソフトウェアの開発

基本コンセプトは、学習者が G-バンドの核型分析の基礎(導入)を自学できることとした。そして、① 従来の教育方法による学習を PC 上で代替

*¹ 杏林大学保健学部 § sekizawa@ks.kyorin-u.ac.jp, *² 神奈川県立こども医療センター遺伝科,

*³ 総合研究大学院大学先導科学研究所

できること、② 核型分析のための基本情報(説明)を PC 上で必要なときに見ることができること、③ 学習者が行った分析結果の正誤を自らが確認(判定)できること、④ ソフトウェアの操作が簡便で繰り返し学習できること、⑤ 初学者向けの正常核型学習版とより専門的に学ぶための異常核型学習版を作ることを開発の主目的とした。

ソフトウェアの開発には、Visual Basic (Microsoft) を用い、ヒト染色体 G-分染像(写真)を画像データとして PC に取り込み作製した。本ソフトウェアに用いた異常核型は、An International System for Human Cytogenetic Nomenclature (2013): ISCN 2013⁹⁾を参照し、Adobe Photoshop (Adobe Systems) を使って正常核型から画像処理

表1 学習効果に関するアンケート用紙

| 学習効果に関するアンケート ※該当するものに○をお願いします。 | | | |
|------------------------------------|-------------|---------------|------------------|
| 基礎情報： 男性 | 女性 | 学年： 1年 | 2年 |
| 学習方法： 1. 前半にソフト学習 | | 2. 前半に切り貼り学習 | |
| 1. G バンドの特徴を覚えることができたか | | | |
| <ソフト学習> | | | |
| 1 とても良く特徴をつかめた | 2 良く特徴をつかめた | 3 概ね特徴をつかめた | 4 特徴をつかめたとはいえない |
| <切り張り学習> | | | |
| 1 とても良く特徴をつかめた | 2 良く特徴をつかめた | 3 概ね特徴をつかめた | 4 特徴をつかめたとはいえない |
| 2. 核型分析学習に意欲がわいたか | | | |
| <ソフト学習> | | | |
| 1 とても学習意欲がわいた | 2 学習意欲がわいた | 3 すこし学習意欲がわいた | 4 学習意欲がわいたとはいえない |
| <切り張り学習> | | | |
| 1 とても学習意欲がわいた | 2 学習意欲がわいた | 3 すこし学習意欲がわいた | 4 学習意欲がわいたとはいえない |
| 3. 学習方法 | | | |
| <ソフト学習> | | | |
| 1 とても良い | 2 良い | 3 概ね妥当 | 4 妥当とはいえない |
| <切り張り学習> | | | |
| 1 とても良い | 2 良い | 3 概ね妥当 | 4 妥当とはいえない |
| 4. 指導者数について | | | |
| <ソフト学習> | | | |
| 1 とても良い | 2 良い | 3 概ね妥当 | 4 妥当とはいえない |
| <切り張り学習> | | | |
| 1 とても良い | 2 良い | 3 概ね妥当 | 4 妥当とはいえない |
| 5. 自由記載欄(感想) | | | |

により作製した。

2. 学習効果の評価

対象は、本学の臨床検査技術学科1~2年生のうち、遺伝・バイオ特別演習の履修者で、調査に協力を得られた、核型分析初学者の22名とした。本ソフトウェアを用いた学習(ソフト学習)と、従来からの、染色体写真の切り貼り学習(切り貼り学習)の比較を行った。指導者はそれぞれの学習方法につき1名とした。まず対象者全員に、核型分析を行うためのG-バンドの特徴を説明した。続けて、最初にソフト学習を行い次に切り貼り学習を行う11名のAグループと、最初に切り貼り学習を行い次にソフト学習を行う11名のBグループに分かれて学習を開始した。それぞれの学習時間は90分間とした。その後に無記名自記式による学習効果に関するアンケート調査を行った。アンケート用紙を表1に示す。項目ごとに4段階評価し、それを点数化して解析した。統計解析はSPSS(IBM)を用いて行った。

II. 結 果

1. ソフトウェアの開発

基本コンセプトに従って、学習ソフトウェアの開発目的を達成することができた。開始画面は、既に染色体が1本ずつ分裂中期像写真からハサミで切り取られ、専用台紙の右側に置かれた状態になっている(図1)。台紙の染色体分類番号の位置に正しく染色体を分類(配置)する操作は、マウスの左クリックとドラッグで行う。染色体の短腕と長腕は、マウスの右クリックによって上下反転することができる。分析に必要な基本情報については、「説明ボタン」をクリックするといつでも見ることができる。分析結果の正誤は途中でも確認ができる、「採点ボタン」をクリックすると、1本ずつの染色体について○と×でその正誤が表示される(図2)。これは、分類番号の領域内に正しく染色体が配置されると正解の○が表示され、領域外に配置したり、異なる染色体を配置したり、あるいは短腕と長腕を間違えたまま配置したりする

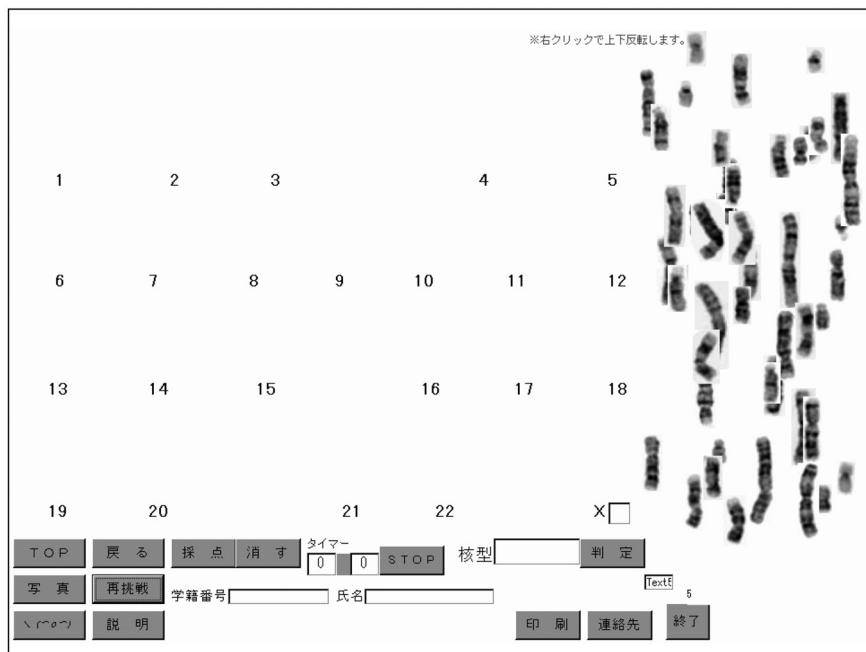


図1 核型分析学習ソフトウェアの開始画面

画面の「写真ボタン」をクリックすると、染色体が切り取られる前の分裂中期像写真が表示される。

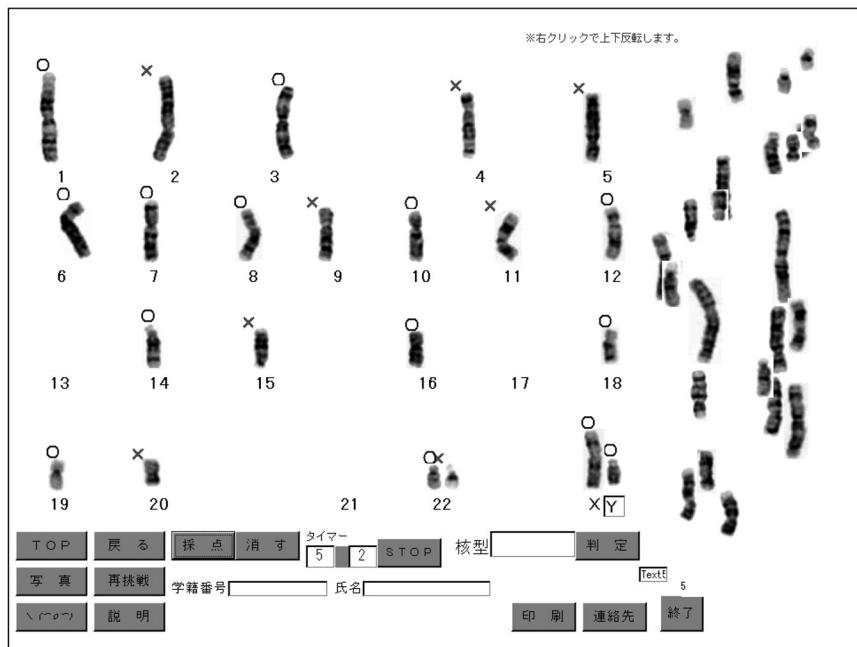


図2 核型分析の途中で正誤を確認した際の画面

○は正確に分析ができておらず、×は間違って分析していることを示す。画面の「消すボタン」をクリックすると表示されている○と×を消すことができる。実際の画面では、○はピンク色で、×はグリーン色で表示される。

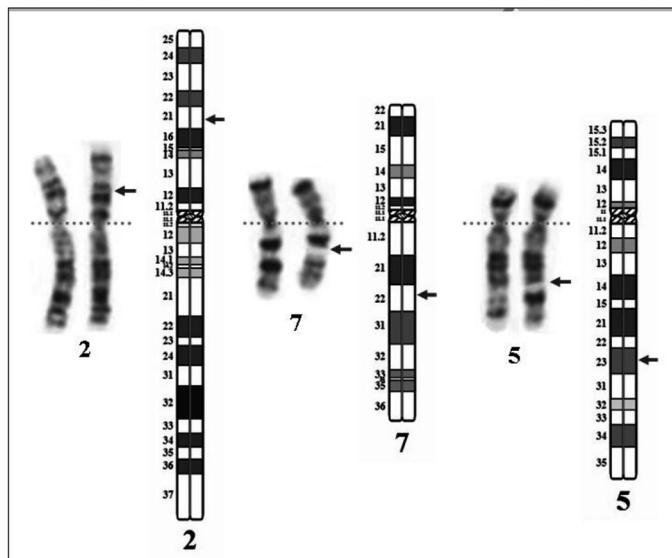


図3 正常核型から画像処理により作製した構造異常を伴う染色体の例

相同染色体の右側の2番、7番及び5番染色体が関与する相互転座。t(2;7;5) (p21;q22;q23)
矢印は切断部位を示す。2番染色体の短腕が7番染色体の長腕に、7番染色体の長腕が5番染色体の長腕に、5番染色体の長腕が2番染色体の短腕にそれぞれ転座した状態。

と×が表示されるプログラムになっている。異常核型学習版で用いる、正常核型から画像処理により作製した構造異常を伴う染色体の例を図3に示す。この様な異常核型の分析の際に必須となるイデオグラムは、台紙の染色体分類番号をクリックすると表示される(図4)。また、正確に核型分析ができなかった場合など、繰り返し学習することができる様に、正常核型版及び異常核型版ともに「再挑戦ボタン」を設けた。現在のところ本ソフトウェアが使用できるPCのOSは、Windows XP、Windows 7、Windows 8となっている。

2. 学習効果の評価

最初に行った学習及び2回目に行った学習について、それぞれAグループとBグループの間で、評価得点について、独立サンプルのMann-Whitney U test(two-sided)で解析した。その結果を表2に示す。平均ランク及び順位和は、数値の少ない方の評価が高い(表1参照)。最初に行った学習についてAグループとBグループを比較した結果

では、「学習方法」の項目について有意水準5%で違いが認められ、平均ランク及び順位和から、ソフト学習の方が切り貼り学習よりも高い評価が得られた。その他の項目については有意水準5%において違いは認められなかった。

III. 考 察

染色体検査の核型分析実習や学習の指導の際、対象学生が多い場合にも効率的かつ効果的に教育を行える学習ソフトウェアの開発とその評価を行った。

今回開発した学習ソフトウェアは、基本コンセプト及び主目的を達成できたと考える。実際に、この学習ソフトウェアを、複数の臨床検査技師養成課程での実習に使用してみたので、指導者の観点から本ソフトウェアを実習で使用して良かった点や、教育・学習上で好ましいと考えられる点を次にあげる。まず、対象学生が多い場合でも、学生人数分のPCを確保することによって、一人の

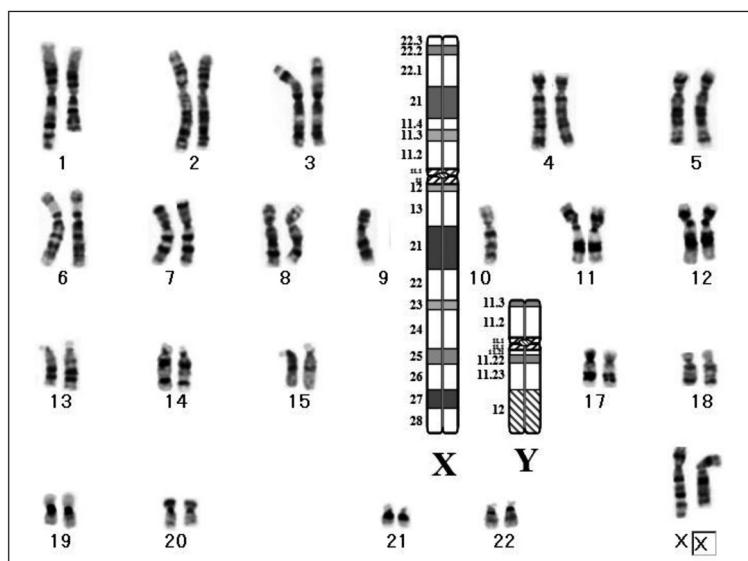


図4 イデオグラムを表示した画面

イデオグラムは400-バンドレベル。画面台紙の性染色体分類アルファベットのXをクリックすると、図のようにXとYの両方のイデオグラムが表示される。イデオグラムの位置は自由に変えることができる。再度、分類番号あるいはアルファベットをクリックするとイデオグラムは画面上から消える。何度でもイデオグラムを表示することができる。核型は46,X,t(X;1)(q21;q21)の例。

表2 学習効果に関するアンケート調査の解析結果

| | 最初に行った学習 | | | | 2回目に行った学習 | | | | |
|----------------|-----------|----------|----------|----------|-----------|----------|----------|----------|--------|
| | バンド 特徴 | 学習 意欲 | 学習 方法 | 指導 者数 | バンド 特徴 | 学習 意欲 | 学習 方法 | 指導 者数 | |
| ソフト学習 n=11 | A グループ | | | | B グループ | | | | |
| | 4 | 3 | 3 | 1 | 3 | 3 | 2 | 2 | |
| | 2 | 1 | 1 | 1 | 2 | 2 | 2 | 2 | |
| | 2 | 1 | 1 | 1 | 3 | 3 | 3 | 2 | |
| | 3 | 2 | 1 | 2 | 2 | 2 | 1 | 1 | |
| | 3 | 3 | 1 | 1 | 3 | 2 | 2 | 2 | |
| | 2 | 2 | 2 | 2 | 2 | 2 | 2 | 2 | |
| | 3 | 2 | 2 | 2 | 3 | 1 | 1 | 1 | |
| | 2 | 1 | 1 | 1 | 3 | 2 | 2 | 1 | |
| | 2 | 2 | 1 | 1 | 3 | 2 | 1 | 1 | |
| | 3 | 2 | 2 | 1 | 2 | 1 | 1 | 2 | |
| | 1 | 3 | 1 | 1 | 3 | 2 | 1 | 1 | |
| | 平均ランク | 12.28 | 10.77 | 8.45 | 9.86 | 13.18 | 10.45 | 11.23 | 12.50 |
| 切り貼り学習 n=11 | 順位和 | | | | 145.00 | 115.00 | 123.50 | 137.50 | |
| | B グループ | | | | A グループ | | | | |
| | 2 | 2 | 1 | 2 | 2 | 1 | 1 | 2 | |
| | 2 | 3 | 2 | 2 | 1 | 1 | 1 | 1 | |
| | 2 | 3 | 3 | 2 | 2 | 2 | 1 | 1 | |
| | 1 | 1 | 2 | 1 | 3 | 2 | 1 | 2 | |
| | 2 | 2 | 2 | 2 | 2 | 3 | 1 | 1 | |
| | 2 | 2 | 3 | 3 | 2 | 3 | 2 | 2 | |
| | 1 | 1 | 3 | 1 | 3 | 3 | 3 | 2 | |
| | 3 | 3 | 2 | 1 | 2 | 1 | 3 | 1 | |
| | 2 | 2 | 1 | 1 | 2.5 | 2 | 2 | 1 | |
| | 3 | 2 | 3 | 2 | 4 | 3 | 2 | 1 | |
| | 3 | 3 | 4 | 1 | 2 | 3 | 2 | 1 | |
| | 平均ランク | 10.18 | 12.23 | 14.55 | 13.14 | 9.82 | 12.55 | 11.77 | 10.50 |
| | 順位和 | 112.00 | 134.50 | 160.00 | 144.50 | 108.00 | 138.00 | 129.50 | 115.50 |
| | 有意確率 | 0.365 | 0.606 | 0.028 | 0.243 | 0.243 | 0.478 | 0.847 | 0.478 |

指導者でも核型分析の指導ができたこと。実習準備についても軽減化できること。また、対象学生のレベルは様々で、例えば、質問がまったくなく正確に核型を分析できる学生もいれば、基本情報(説明)を見ながら分析してもなかなか正確に分析できない学生もあり、学生の状況に合わせた指導の選択と集中が可能になったことなどがあげられる。また、実習中に本ソフトウェアを使用している学生の様子を観察したところ、興味をもった学

生は、実習課題に加え、別の核型についても分析を繰り返し学習する様子がうかがえ、個々の学生の意欲に応じた学習が行えていた。これらから、本ソフトウェアの有用性は対象学生が多い場合に特に高く、また、学習意欲のある学生にとっても効果が高いといえる。また、実習を通して染色体検査の核型分析に興味をもった学生は、実習以外の時間にも本ソフトウェアの利用によって学習機会を得ることができ、分析技能の向上を目指すこ

とも期待できる。

本ソフトウェアを用いた教育の学習効果に関するアンケート調査については、解析結果から、最初に行った学習のAグループとBグループを比較した結果では、「学習方法」の項目でソフト学習の方が切り貼り学習よりも高い評価が得られ、その他の項目では有意差が認められなかったことから、ソフト学習は切り貼り学習と同等以上の評価が得られていることがわかった。また、自由記載には、ソフト学習について「抵抗感が無く始められた」、「楽しみながらできて良かった」、「先生がいなくても学習でき、少し空いた時間でもできるので、写真の切り貼りよりも勉強しやすいと思った」などの記載があり、学生が本ソフトウェアに好印象を持っていることもわかった。

IV. 結 語

今回、染色体検査の核型分析実習や学習の指導の際に対象学生が多い場合でも、効率的かつ効果的な教育を行うための学習ソフトウェアの開発とその評価を行い、良好な結果を得ることができた。従って、開発した核型分析学習ソフトウェアを、これまでの教育方法との併用や代替など、それぞれの教育環境に合わせて用いることで、臨床検査技師の染色体検査教育への貢献が期待できる。開発した核型分析学習ソフトウェアの正常核型学習版については、<http://www.kyorin-u.ac.jp/univ/user/health/karyotyping/>へのアクセスによって、現在、フリーでの利用が可能となっている。今後も、教育の質的評価・検証を続けながら、本ソフトウェアの改良を行っていきたい。

文 献

- 1) Borgaonkar, DS. Chromosomal variation in man: a catalog of chromosomal variants and anomalies, 8th ed. New York: Wiley-Liss 1997.
- 2) Gersen SL and Keagle MB, ed. The principles of clinical cytogenetics, 2nd ed. New Jersey: Humana Press 2005.
- 3) Karimata K, Masuko M, Ushiki T, Kozakai T, Shibusaki Y, Yano T, et al. Myelodysplastic syndrome with Ph negative monosomy 7 chromosome following transient bone marrow dysplasia during imatinib treatment for chronic myeloid leukemia. Internal Medicine 2011; 50(5): 481-5.
- 4) 中村 学, 日下田大輔, 牛久 妙, 諏訪裕人, 宮本純孝, 西村俊信, 他. 当院における羊水染色体検査の検討. 関東連合産科婦人科学会誌 2012; 49(1): 41-6.
- 5) Rooney DE. Human cytogenetics: constitutional analysis, a practical approach, 3rd ed. Oxon: Oxford University Press 2001.
- 6) 岸 邦和. 7章 II 染色体検査法. 編集 原 諭吉, 太田英彦, スタンダード・生化学(第2版). 東京: 文光堂 2004: 346-62.
- 7) 岸 邦和. 第6章 III ヒトの染色体と遺伝子, IV ヒトの遺伝性疾患の分類と発生頻度. 佐々木史江, 堀口 純, 岸 邦和, 西川純雄, 人の生命科学(第3版). 東京: 医歯薬出版 2010: 116-36.
- 8) 小畠慶子, 松野一彦. IX 染色体検査. 編集 岩谷良則, 監修 日本臨床検査学教育協議会, 臨床検査学実習書シリーズ・遺伝子染色体検査学 実習書. 東京: 医歯薬出版 2010: 145-58.
- 9) Shaffer LG, McGowan-Jordan J, Schmid M. An International System for Human Cytogenetic Nomenclature (2013): ISCN 2013. Switzerland: S. Karger AG 2012.