زمستان ۱۴۰۳، دوره ۳۳، شماره ۴، صفحه ۲۳۱ تا ۲۴۰

طب و تزکیه
فصلنامه علمی پژوهشی

طراحی و اجرا دوره پودمانی مجازی طراحی محاسباتی دارو و اثربخشی آن بر یادگیری و رضایتمندی فراگیران

شیما علی ابراهیمی[۱]، سید شهریار عرب[۲]، گلچهره احمدی[۳]، وحیده منتظری[۴]، منیژه هوشمندجا[۵،۶*]

چکیده

زمینه و هدف: این پژوهش به بررسی تأثیر دوره پودمانی مجازی طراحی محاسباتی دارو بر یادگیری و رضایتمندی شرکت کنندگان دوره می‌پردازد.

روش بررسی: این مطالعه کاربردی و از نوع طرح های توسعه‌ای است که در دانشگاه علوم پزشکی هوشمند در فروردین ماه سال ۱۴۰۱ و مرداد ماه سال ۱۴۰۲ در هر دوره به مدت سه ماه طراحی، اجرا و ارزشیابی گردید. با استفاده از مرور متون و استفاده از نظرات متخصصان در دوره های برگزار شده قبل، نیازسنجی‌های لازم جهت طراحی دوره صورت پذیرفت و محتوای آموزشی جهت توانمندسازی جامعه هدف در قالب مجموعه محتواهای آموزشی با استفاده از مدل طراحی آموزشی ADDIE طراحی، اجرا و سپس ارزشیابی گردید. نمونه پژوهش ٦٦ نفر از دانشجویان، تحصیلات تکمیلی و اعضای هیات علمی رشته داروسازی و سایر رشته‌های مرتبط فعال در حوزه دارو، بودند که به روش سرشماری در نهایت ٤٢ نفر اقدام به تکمیل پرسشنامه‌ها کردند. داده‌های به دست آمده با نرم افزار SPSS ۲۳/۰ با استفاده از آمار توصیفی (میانگین و انحراف معیار) و استنباطی (آزمون تی) تجزیه و تحلیل شدند.

یافته‌ها: نتایج نشان داد بعد از آموزش، میزان یادگیری فراگیران افزایش یافته است. همچنین با توجه به تحلیل داده‌ها میزان رضایتمندی فراگیران دوره بالاتر از میانگین و مطلوب گزارش گردید.

نتیجه گیری: طراحی، اجرا و ارزشیابی دوره کوتاه مدت طراحی محاسباتی دارو براساس مدل ADDIE سبب افزایش میزان یادگیری فراگیران در داکینگ مولکولی و همچنین افزایش رضایت فراگیران در این دوره گردید.

واژه‌های کلیدی: توانمندسازی، یادگیری، رضایتمندی، ارزشیابی، طراحی محاسباتی دارو، داکینگ مولکولی.

۱. استادیار، مرکز تحقیقات هوش مصنوعی در علوم پزشکی، گروه هوش مصنوعی، دانشگاه علوم پزشکی هوشمند، تهران، ایران
۲. دانشیار، گروه بیوفیزیک، دانشکده علوم زیستی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران
۳. دانشجوی دکتری تخصصی یادگیری الکترونیکی در علوم پزشکی، گروه یادگیری الکترونیکی در علوم پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی هوشمند، تهران، ایران
۴. استادیار، مرکز تحقیقات هوش مصنوعی در علوم پزشکی، گروه هوش مصنوعی، دانشگاه علوم پزشکی هوشمند، تهران، ایران
*۵. نویسنده مسئول، استادیار، گروه یادگیری الکترونیکی، دانشکده مجازی و قطب علمی آموزش الکترونیکی، دانشگاه علوم پزشکی شیراز، شیراز، ایران٦٦.hoshmand@gmail.com
۶. گروه تکنولوژی آموزشی در علوم پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی هوشمند، تهران، ایران

طب و تزکیه
زمستان ۱۴۰۳ - دوره ۳۳ - شماره ۴

مقدمه

امروزه با پیشرفت تکنولوژی و گسترش روش‌های جدید ارتباطی و افزایش تولید دانش تخصصی، لزوم تدبیر روش‌های نوین آموزشی بیش از پیش احساس می‌گردد. یکی از پرکاربردترین رویکردها، یادگیری الکترونیکی است که می‌تواند به صورت یادگیری همزمان و غیرهمزمان ارائه شود. در این رویکرد از ابزارها و فناوری‌های الکترونیکی در راستای آموزش استفاده می‌گردد. هرچند یادگیری الکترونیکی را می‌توان رویکردی مکمل در کنار آموزش سنتی برشمرد (۱)، در عین حال، تجربه سال ۲۰۲۰ میلادی از همه‌گیری جهانی کووید-۱۹ و اعمال قرنطینه‌های اجباری و تعطیلی مؤسسات آموزشی، نشان داد گاهی آموزش مجازی جایگزین آموزش حضوری شده و با کاهش برگزاری سخنرانی‌های حضوری و کلاس‌های عملی، شاهد گسترش فعالیت‌های آموزشی مجازی خواهیم بود (۲).

به منظور اجرا و بررسی تأثیر رویکرد یادگیری الکترونیکی، درس «طراحی محاسباتی دارو» انتخاب شده است. این مبحث از نقشی مهم در طراحی مولکول‌های دارویی و کاربردی بالا در بین رشته‌های مرتبط برخوردار است. لذا بهبود فرآیند یادگیری و توسعه آن در بین دانشجویان داروسازی و سایر رشته‌ها در سراسر کشور، اهمیت شایانی دارد. «طراحی محاسباتی دارو» یکی از سرفصل‌های واحدهای شیمی دارویی پیشرفته نظری-عملی، شیمی محاسباتی و طراحی داروی دانشجویان داروسازی با تخصص شیمی دارویی است. همچنین دانشجویان تمامی مقاطع و رشته‌های تحصیلی مرتبط با شیمی در طول تحصیل خود با این روش آشنا می‌گردند و از آن به وفور استفاده می‌کنند.

کشف دارو فرآیندی زمانبر (۱۵-۱۰ سال) و پر هزینه (۲ میلیارد دلار) است، امروزه شرکت‌های دارویی و گروه‌های تحقیقات دانشگاهی به منظور کاهش هزینه و زمان مورد نیاز، از تکنیک‌های مختلفی مبتنی بر کامپیوتر بهره می‌گیرند (۳).

در این میان غربالگری مجازی[1] یک روش کامپیوتری است برای انتخاب مجموعه کوچکی از ترکیبات از میان پایگاه داده نمونه‌های تجاری و دارای مجوز مصرف از سمت سازمان غذا و دارو آمریکا[2] که پیش بینی می‌شود دارای فعالیت علیه هدف زیستی مورد نظر هستند. در غربالگری‌های گسترده مرسوم[3]، هزار تا صدها هزار ترکیب به صورت موازی در آزمایشگاه تست می‌شوند، ولی از طریق محاسبات کامپیوتری می‌توان در وقت و هزینه صرفه جویی کرد (۴).

یکی از معمول‌ترین روش‌های مورد استفاده در روش غربالگری مجازی براساس ساختار، داکینگ است. روش داکینگ مولکولی به منظور مدل‌سازی برهم‌کنش بین مولکول کوچک و پروتئین در سطح اتمی استفاده می‌شود که می‌توان توسط آن رفتار مولکول‌های کوچک در جایگاه اتصال پروتئین‌های هدف را توصیف کرد (۵).

اتوداک[4] نرم افزاری برای پیش بینی کانفورماسیون‌های اتصال بهینه لیگاندها به پروتئین‌ها با استفاده از الگوریتم‌های مختلف است. این نرم افزار در بین محققینی که در زمینه طراحی دارو به صورت کامپیوتری کار می‌کنند، بیشترین استفاده را دارد و در تعدادی از غربالگری‌های مجازی و در کشف داروی رالتگراویر[5]، مهارکننده آنزیم اینتگراز ویروس اچ ای وی[6]، با موفقیت به کار گرفته شده است (۶, ۷).

طراحی محاسباتی دارو به دانشجویان و فارغ‌التحصیلان این امکان را می‌دهد که با استفاده از الگوریتم‌های پیشرفته و مدل‌سازی مولکولی، به شناسایی و بهینه‌سازی ترکیبات دارویی بپردازند. با وجود پیشرفت‌های قابل توجه در این زمینه، هنوز هم بسیاری از دانشجویان و فارغ‌التحصیلان از ابزارها و روش‌های

1 Virtual Screening (VS)
2 Food and Drug Administration (FDA)
3 High-throughput screening
4 AutoDock
5 Raltegravir
6 HIV

موجود آگاهی کافی ندارند. این کمبود دانش می‌تواند منجر به عدم توانایی در استفاده مؤثر از این روش‌ها در تحقیقات و پروژه‌های عملی شود. بنابراین، نیاز به آموزش و فراهم کردن منابع لازم برای آشنایی با طراحی محاسباتی دارو احساس می‌شود. دوره‌های آموزشی متعددی در مؤسسات مختلف به صورت حضوری و آنلاین برگزار می‌شود که شامل مباحث نظری و عملی در این حوزه هستند.

همچنین تغییر پارادایم آموزشی به سمت آموزش‌های مجازی، با فراهم کردن دسترسی بیشتر، انعطاف‌پذیری بالاتر، استفاده از فناوری‌های نوین و تقویت مهارت‌های عملی، تأثیرات مثبتی بر آموزش دارد و می‌تواند آینده‌ای روشن‌تر برای دانشجویان این حوزه رقم بزند (۸, ۹).

مطالعه حاضر با هدف بررسی اثربخشی دوره پودمانی «طراحی محاسباتی دارو: داکینگ مولکولی» بر رضایتمندی و یادگیری فراگیران انجام گرفت. بدین منظور در راستای ارائه‌ی مبانی تئوری داکینگ، آشنایی با پایگاه داده‌های مربوط به لیگاند (دارو) و پروتئین هدف، معرفی نرم افزارهای اتوداک و وینا و آنالیز نتایج آن‌ها، دوره‌ی آموزشی مجازی «طراحی محاسباتی دارو» طراحی شده و توسعه یافته است.

روش بررسی

این مطالعه کاربردی و از نوع طرح های توسعه‌ای است که در گروه هوش مصنوعی دانشگاه علوم پزشکی هوشمند در فروردین ماه سال ۱۴۰۱ و مرداد ماه ۱۴۰۲ در هر دوره به مدت ۳ ماه انجام گرفت. پس از اطلاع رسانی دوره از طریق وب سایت دانشگاه و شبکه‌های اجتماعی، ثبت نام شرکت کنندگان از طریق سامانه ثبت نام دانشگاه صورت گرفت.

جامعه پژوهش ۶۶ نفر از اعضای هیات علمی، فارغ التحصیلان و دانشجویان طیف وسیعی از رشته‌های داروسازی، بیوتکنولوژی پزشکی و دارویی، بیوشیمی، ژنتیک، ایمونولوژی، پزشکی مولکولی و شیمی دارویی بودند که در دوره داکینگ مولکولی ثبت نام کرده بودند و به روش سرشماری وارد مطالعه شدند. در نهایت ۴۲ نفر در پژوهش همکاری کرده و اقدام به تکمیل پرسشنامه ها کردند. وجه اشتراک شرکت کنندگان این دوره طراحی و شناسایی مهارکننده‌های آنزیمی (دارو)، بررسی برهمکنش‌های مولکولی، بهینه‌سازی ساختار، تعیین قدرت مهارکنندگی و انتخاب پذیری در زمینه‌های مختلف تحقیقاتی است.

گام‌های اجرای پژوهش حاضر بر اساس مدل طراحی آموزشی ADDIE[1] تعیین شد. این مدل با مرحله تحلیل آغاز می‌شود و پس از آن مراحل طراحی، توسعه، اجرا و ارزشیابی خواهد بود (۱۰).

گام اول - تحلیل: این گام شامل دو مرحله‌ی تحلیل ویژگی‌های یادگیرنده و تحلیل زمینه یادگیری بود. بنابراین ویژگی‌های عمومی شرکت کنندگان از جمله سن، سطح تحصیلات، پیش نیازهای یادگیری، ترجیحات یادگیری، دانش قبلی در مورد موضوع، نگرش فراگیران نسبت به عناوین دوره و نحوه ارائه آن، ترجیحات آن‌ها در خصوص رویکردهای یادگیری مورد بررسی قرار گرفت. سپس تحلیل زمینه یادگیری شامل تعیین نیازهای آموزشی و توصیف محیط آموزشی انجام گرفت. همچنین محیط آموزش مورد بررسی قرار گرفت و نقاط قوت و ضعف آن برای ارائه دوره آموزشی مشخص شد.

بر اساس یافته‌های گام تحلیل در پژوهش حاضر، جامعه هدف این دوره آموزشی اعضای هیات علمی، فارغ التحصیلان و دانشجویان طیف وسیعی از رشته‌های داروسازی، بیوتکنولوژی پزشکی و دارویی، بیوشیمی، ژنتیک، ایمونولوژی، پزشکی مولکولی، میکروبیولوژی، باکتری شناسی، ویروس شناسی، قارچ شناسی، انگل شناسی، شیمی دارویی را شامل می‌شد، با توجه به کوریکولوم مصوب دوره دکتری تخصصی رشته شیمی دارویی

1 Analyze, Design, Develop, Implement, and Evaluate

طب و تزکیه
زمستان ۱۴۰۳- دوره ۳۳ - شماره ۴

مصوب شورای عالی برنامه ریزی علوم پزشکی، سر فصل‌های این دوره از مواد واحدهای درسی شیمی داروئی پیشرفته ۱ نظری و عملی و واحد شیمی محاسباتی و طراحی دارو می‌باشد. همچنین همان طور که ذکر شده است طراحی محاسباتی دارو از مهارت‌های عملی اختصاصی مورد انتظار دانشجویان این رشته می‌باشد.

گام دوم - طراحی: در این مرحله به تهیه طرح مبسوطی از دوره‌ی آموزشی شامل تعیین اهداف آموزشی، محتوای دوره، تمرین‌ها، استراتژی‌ها و فعالیت‌های یادگیری و نحوه ارزیابی پرداخته شد. عمده‌ترین فعالیت این گام انتخاب محیط آموزشی متناسب با اهداف است.

با توجه به اینکه در تمامی رشته‌های اشاره شده در بالا، دانشجویان دروس شیمی آلی و بیوشیمی را به عنوان پیش نیاز دوره می‌گذرانند و در طی پروژه تحقیقاتی نیاز به بررسی برهمکنش‌های پروتئین هدف و لیگاند (دارو، مهارکننده آنزیم، سموم و ...) دارند، سرفصل‌های دوره طراحی گردید. همچنین با توجه به شرایط ویژه کشور در بحران کووید-۱۹، ارائه آموزش‌ها به صورت مجازی در دستور کار برنامه‌های آموزشی قرار گرفت و همین امر باعث شکوفایی برخی قابلیت‌ها در کشور شد که از جمله آن می‌توان به فراگیر شدن و رونق یافتن آموزش مجازی در سراسر کشور اشاره کرد. بنابراین با در دسترس بودن سیستم مدیریت یادگیری[1] نوید این سیستم به عنوان محیط آموزشی انتخاب گردید.

گام سوم - توسعه: در این گام به تعیین و طراحی رسانه‌ها و مواد آموزشی مورد نیاز و تصمیم گیری درباره‌ی فعالیت‌های یادگیری گروهی یا انفرادی و انتخاب پلتفرم مناسب برای ارائه دوره پرداخته شد.

گام چهارم - اجرا: در این گام، آماده‌سازی محیط آموزشی به منظور ارائه دوره آموزشی صورت گرفت. منابع یادگیری سازماندهی و برنامه آموزشی مطابق طرح درس تدوین شده توسط مدرسین مجرب اجرا شد. به منظور تولید محتوا از اعضای هیات علمی با تخصص بیوانفورماتیک و دارای تجارب آموزشی مرتبط، استفاده شد. تولید محتوای الکترونیکی با استفاده از نرم افزارهای کامتازیا[2] و استوری لاین[3] انجام گرفت. سپس محتواهای تدوین شده طبق طرح دوره در سامانه نوید ارائه گردید. در بخش گفتگو به سوالات فراگیران پاسخ داده شد. در پایان دوره نیز یک جلسه رفع اشکال به صورت همزمان در بستر پلتفرم ادوبی کانکت برگزار گردید.

در گام‌های توسعه و اجرا، محققین طرح با تخصص‌های مرتبط بیوانفورماتیک، تکنولوژی آموزشی و فارماکولوژی تلاش کردند با در نظر گرفتن نیازهای فراگیران در طرح دوره به تولید محتوای الکترونیکی بپردازند. آموزش هر مبحث شامل معرفی مختصری از موضوع، نحوه دانلود و نصب نرم افزار، اجرای برنامه و در نهایت تحلیل نتایج و برهمکنش‌ها است. در نهایت محتواهای تولید شده بخش بندی و در قالب ۱۹ محتوا چند دقیقه‌ای به مدت ۲۰۰ دقیقه با فرمت اسکورم آماده گردید. جهت ارزیابی محتوای آماده سازی شده، از چک لیست داوری همتایان محتواهای آموزشی و نظرات دو متخصص مجرب و عضو هیات علمی دانشگاه تربیت مدرس استفاده شد.

از آنجا که فراگیران در طی یادگیری چندین نرم افزار به صورت آفلاین با مشکلات متعددی مواجه خواهند داشت، در بستر نوید علاوه بر پاسخگویی سوالات در بخش پیام‌ها، تالار گفتگو نیز جهت مطرح کردن مشکلات احتمالی در نظر گرفته شد. همچنین چهار هفته پس از ارائه آخرین محتوا جلسه رفع اشکال آنلاین در بستر ادوبی کانکت[4] تشکیل گردید.

گام پنجم - ارزشیابی: ارزشیابی دوره در چند مرحله و با استفاده از مدل کرک پاتریک صورت گرفت. این مدل یک

1 Learning Management System (LMS)

2 Camtasia

3 Storyline

4 Adobe connect

چهارچوب چند بعدی برای ارزشیابی دوره‌های آموزشی، پیشنهاد می‌کند و اثربخشی برنامه را در چهار سطح واکنش، یادگیری، رفتار و نتایج مورد ارزیابی قرار می‌دهد (۱۱). در این دوره آموزشی با توجه به محدودیت‌های موجود، ارزشیابی در سطح یادگیری و واکنش (رضایتمندی) قابل انجام بود.

در این مطالعه به منظور رعایت ملاحظات اخلاقی، مجوز لازم از کمیته اخلاق دانشگاه علوم پزشکی هوشمند با کد اخلاق IR.VUMS.REC.1401.014 اخذ گردید و پس از توضیح در خصوص اهداف طرح و کسب رضایت آگاهانه از شرکت کنندگان، پرسشنامه‌های پژوهش تکمیل گردید.

برای ارزشیابی در سطح واکنش، رضایتمندی فراگیران از طریق فرم نظرسنجی الکترونیکی که با استفاده از گوگل فرم ایجاد و لینک آن برای تکمیل در اختیار شرکت کنندگان دوره قرار گرفت. روایی محتوایی آن با استفاده از نظر ۱۰ متخصص یادگیری الکترونیکی و آموزش پزشکی مورد تأیید قرار گرفت و پایایی با استفاده از آلفای کرونباخ ۰/۷۵ بدست آمد. این ابزار دارای مقیاس لیکرت ۵ درجه ای بوده است. همچنین برای اندازه گیری میزان یادگیری فراگیران، پیش آزمون و پس آزمون و انجام داکینگ مولکولی فیتوکمیکال ویتافرین A با انکوژن c-Met و ارسال تصویر برهمکنش به عنوان پروژه نهایی در سامانه نوید تعریف گردید. در این سطح نیز روایی محتوایی آزمون با استفاده از نظر متخصصان بیوانفورماتیک تایید شد.

به منظور تحلیل آماری یافته‌ها از میانگین و انحراف از معیار و برای یافته‌های استنباطی از آزمون تی تست با نرم افزار SPSS 23.0 استفاده شد.

یافته‌ها

در این مطالعه ۴۲ نفر از دانشجویان و اعضای هیات علمی با میانگین و انحراف معیار سن ۳۴/۰۷ و ۳/۱۳ وارد مطالعه شدند که تفاوت آماری معنی داری (p>۰/۰۵) نداشتند.

مقایسه میانگین و انحراف معیار نمرات داکینگ مولکولی دانشجویان قبل و بعد از مداخله آموزشی در جدول ۱ گزارش شده است. همان‌طور که در این جدول قابل مشاهده است، بعد از آموزش، نمره متغیر یادگیری افزایش یافته است. همچنین با توجه به تحلیل داده‌ها به صورت درصدی میزان رضایت افراد از ویژگی‌های دوره در جدول ۲ به صورت مبسوط ارائه شده است. همانطور که در جدول ۲ نشان داده شده، میزان رضایت آزمودنی‌ها بالاتر از میانگین است و بیشترین رضایت مربوط به آزمون‌های تشخیصی و پایانی دوره و کمترین رضایت مربوط به توالی و سازماندهی محتوا بود.

جدول ۱. یافته‌های توصیفی نمره‌های پیش آزمون و پس آزمون فراگیران در متغیرهای پژوهش

متغیر	مرحله	میانگین	انحراف معیار	کمترین	بیشترین
یادگیری (نمرات داکینگ مولکولی)	پیش آزمون	۷/۲۳	۲/۷۶	۲	۱۵
	پس آزمون	۱۴/۰۲	۳/۰۱	۶	۱۹
رضایتمندی	پس آزمون	۲۴/۸۵	۷/۶	۱۰	۳۷

جدول ۲. میزان درصد رضایتمندی فراگیران از ویژگی‌های دوره آموزشی

ویژگی	درصد رضایت
توالی و سازماندهی محتوا	۵۰٪
سطح دشواری محتوا	۵۷٪
مقدار تمرین و آزمون	۵۲/۵٪
تنوع تمرین‌ها و آزمون‌ها	۵۷٪
پاسخ دهی استاد	۵۷/۲٪
مهارت رایانه‌ای استاد	۵۷/۱٪
بارگزاری در LMS	۵۲/۳٪
آزمون‌های تشخیصی و پایانی	۶۰٪
نحوه ارزیابی	۵۲/۳٪

به منظور بررسی نرمال بودن داده‌ها از آزمون کولموگروف-اسمیرنوف استفاده شد. این آزمون نشان داد که مقدار آماره کولموگروف-اسمیرنوف برای متغیر یادگیری برابر ۱/۱۳، ۰p/۱۵< که در سطح ۰p/۰۵< معنی‌دار نیست. بنابراین، مفروضه نرمال بودن داده‌ها برای متغیر یادگیری رعایت شده است. متغیر یادگیری قدر مطلق تفاوت نسبت‌ها و بیشترین تفاوت مثبت برابر با ۰/۱۱ و تفاوت منفی برابر با ۰/۱۲ بود.

جهت بررسی فرضیه‌های پژوهش از آزمون تی تست جفت شده (زوجی) استفاده شد. با توجه به یافته‌های نمایش داده شده در جدول ۳، بعد از اعمال مداخله روی گروه مداخله، در متغیر یادگیری اختلاف میانگین گروه مداخله ٦/٧٨- است. در حد توصیفی می‌توان گفت که بین دو مرحله گروه مداخله در متغیر یادگیری تفاوت وجود دارد. آماره تی تفاوت بین میانگین‌های دو گروه برابر ١١/٦٠- است که در سطح ۰/۰۰۱ معنی‌دار است و از آن‌جایی که از مقدار تی بحرانی جدول (١t/٩٦=) با درجه آزادی ٤١ در سطح معنی‌داری ۰/۰۰۱ بزرگتر است، بنابراین فرضیه صفر رد می‌شود. در نتیجه، تفاوت بین دو مرحله در گروه مداخله در متغیر یادگیری تأیید می‌شود.

جدول ۳. نتایج آزمون تی تست زوجی تفاوت میانگین متغیر یادگیری در دو مرحله پیش و پس آزمون

متغیر	میانگین زوج	انحراف معیار زوج	خطای استاندارد میانگین	کران بالا	کران پایین	آماره	درجه آزادی	سطح معنی داری
یادگیری	-۶/۷۸	۳/۷۷	۰/۵۸	-۷/۹۶	-۵/۶۰	-۱۱/۶۰	۴۱	۰/۰۰۱

بحث

با آغاز اجرای برنامه‌های تحول و نوآوری در آموزش علوم پزشکی و اختصاص یکی از بسته‌ها به عنوان بسته توسعه آموزش مجازی، گروه هوش مصنوعی دانشگاه علوم پزشکی هوشمند

طب و تزکیه
زمستان ۱۴۰۳- دوره ۳۳ - شماره ۴

نسبت به برگزاری دوره کوتاه مدت طراحی محاسباتی دارو اقدام نمود. اجرای این برنامه، مستلزم برنامه ریزی دقیق بود که با تشکیل جلسات، اولویت‌ها و روند اجرا مشخص گردید و جهت طراحی و اجرا و ارزشیابی دوره در پژوهش حاضر مراحل پنج گانه طراحی آموزشی مدل ADDIE شامل تحلیل، طراحی، توسعه، اجرا و ارزشیابی مورد استفاده قرار گرفت. نتایج نشان داد که پس از اتمام دوره، میزان یادگیری فراگیران به طور معناداری افزایش یافته و رضایتمندی آن‌ها نیز بالاتر از میانگین مطلوب گزارش گردید. به طور خاص، میانگین نمرات یادگیری در آزمون‌های پیش و پس از دوره به وضوح افزایش یافت و بیشترین رضایت مربوط به آزمون‌های تشخیصی و پایانی دوره بود.

در مطالعه هرناندز-راموس[1] و همکاران (۱۲) بیان شد که در میان عناصر ضروری طراحی آموزشی یادگیری الکترونیکی که آموزش شیمی محاسباتی و آموزش الکترونیکی مبتنی بر حل مسئله[2] را ادغام می‌کند، موارد زیر برجسته می‌شوند: استفاده از یک سیستم مدیریت یادگیری بصری و با کاربری آسان (به عنوان مثال مودل)، تعریف اهداف یادگیری واضح با استفاده از روش مدولار، توالی موثر در ارائه دانش براساس چارچوب $TSK \rightarrow PSK \rightarrow TPASK$، انتخاب رویکرد یادگیری دانشجو محور، اجرای نظارت و ارزیابی مستمر، ارائه بازخورد سازنده و تضمین مدیریت کارآمد زمان که امکان توسعه دوره آموزش الکترونیکی شیمی محاسباتی را فراهم کرد. در مطالعه حاضر نیز از امکانات سامانه نوید برای ارائه محتوا، پاسخ به پرسش‌های فراگیران در تالار گفتگو و پیام‌ها، برگزاری آزمون و کلاس آنلاین و ارائه بازخورد به تکالیف استفاده شد.

در مطالعه دیگری به دنبال یک رویکرد مبتنی بر ابر، انگلبرگر[3] و همکارانش (۱۳) فعالیت‌های عملی یک دوره در مورد مدل‌سازی و شبیه‌سازی مولکولی را به محیط Google Colaboratory منتقل نمود که منجر به تولید ۱۲ محتوا آموزشی شد که دانشجویان را با موضوعاتی مانند تجزیه و تحلیل فیلوژنتیک، مدل‌سازی مولکولی، اتصال مولکولی آشنا می‌کند. هر یک از این بخش‌ها شامل معرفی مختصری از موضوع، نصب نرم افزار، اجرای ابزارهای مورد نیاز و تجزیه و تحلیل نتایج است و هر مرحله به درستی شرح داده شده است. گروهی از دانش‌آموزان با استفاده از پرسشنامه مقیاس لیکرت، از نظر زمان لازم برای تکمیل، توانایی آنها در درک محتوا و تمرین‌های توسعه‌یافته در هر جلسه، و اهمیت و تاثیر عملی این ابزارهای محاسباتی در تحقیقات مورد ارزیابی واقع گردید. این تحقیق، کاربرد آموزش‌های مبتنی بر وب برای آموزش از راه دور بیوانفورماتیک ساختاری، ثابت نمود که یک ضرورت خاص در طول همه گیری کووید ۱۹ است.

در این پژوهش پرسشنامه‌ای برای سنجش بررسی کیفیت دوره آموزشی برگزار شده، استفاده شد و رضایت شرکت کنندگان در مورد توالی و سازماندهی محتوا، تنوع تمرین ها و آزمون، مهارت مدرسان و ... مورد سنجش قرار گرفت. با توجه به نتایج پرسشنامه اکثریت فراگیران آزمون‌های تشخیصی و پایانی دوره را ارزشمند می‌دانستند.

یک مطالعه اخیر نشان داده است که آموزش داکینگ مولکولی از طریق طراحی بازی‌های آموزشی تاثیر مثبتی بر فرآیند یادگیری فراگیران دارد. گائوکی[4] به همراه تیم تحقیقاتی خود (۱۴) در مطالعه‌ای یک بازی آموزشی به نام ARDock را ارائه کرد که یک بازی داکینگ مولکولی مبتنی بر وب و تعاملی است. ویژگی مبتنی بر وب به چندین شرکت کننده اجازه می‌دهد تا در بازی شرکت کنند و راه حل‌هایی برای مشکلات علمی پیچیده ارائه دهد. در این بازی طراحی شده واقعیت افزوده وارد شده و در نتیجه فرآیند اتصال مولکولی برای فراگیر ملموس گردیده است. همچنین موقعیت نسبی دو مولکول فوراً با عملکرد کاربران به روز می‌شود و قابلیت مکان یابی فضایی را ممکن می‌سازد. برخی

1 Hernández-Ramos
2 Electronic Problem-Based Learning (e-PBL)
3 Engelberger
4 Gaoqi

از استراتژی‌های ترکیبی این بازی آموزشی را جذاب‌تر کردند به طوری که توانسته کاربران بیشتری را جذب کند و مشارکت مداوم آنها را افزایش دهد. ارزیابی‌های به عمل آمده از کاربران، قابلیت استفاده این بازی را تایید کرده است.

نتیجه‌گیری

نمونه این پژوهش شامل اعضای هیات علمی، فارغ التحصیلان و دانشجویان طیف وسیعی از رشته‌های داروسازی، بیوتکنولوژی پزشکی و دارویی، بیوشیمی، میکروبیولوژی، باکتری شناسی بود، لذا تعمیم نتایج این پژوهش به افراد با رشته‌های دیگر باید با احتیاط صورت گیرد. این پژوهش به صورت مقطعی انجام گرفت و نیاز به پژوهش‌های بیشتری جهت بررسی اثربخشی دوره اجرا شده احساس می‌شود. پیشنهاد می‌شود پژوهش‌های دیگری برای ارزیابی اثرات بلند مدت دوره آموزشی انجام شود. سرعت نامناسب دسترسی به اینترنت و سامانه آموزشی الکترونیکی و آشنایی ناکافی برخی از فراگیران در استفاده از مواد آموزشی دوره موجب ایجاد اختلال در روند آموزش بود. پیشنهاد می‌گردد که تدابیری در راستای افزایش امکان دسترسی به اینترنت و برگزاری دوره‌ای به منظور افزایش سواد رایانه‌ای کاربران اتخاذ گردد. همچنین برگزاری مجازی این دوره در ترکیب با کلاس‌های حضوری یادگیری عمیق تری در دانشجویان و فراگیران ایجاد می‌کند.

تشکر و قدردانی

پژوهشگران بر خود لازم می‌دانند از همه شرکت کنندگان در این پژوهش قدردانی کنند.

حمایت مالی

بدینوسیله از حمایت مالی دانشگاه علوم پزشکی هوشمند با کد طرح ۳۳۹ در انجام این تحقیق کمال تشکر و قدردانی را داریم.

تضاد منافع

هیچ گونه تضاد منافعی وجود ندارد.

References

1. Javadi M, Eslami K, Mojtahedzadeh R, Zolfaghari M, Gholami K, Ostad S, et al. Instructional design and delivery of a virtual short course of pharmaceutical care and evaluating participants' satisfaction. J Med Edu Dev. 2015;10(1):84-91.
2. Tabatabai S. COVID-19 impact and virtual medical education. J Adv Med Educ Prof. 2020;8(3):140.
3. Kimber TB, Chen Y, Volkamer A. Deep learning in virtual screening: Recent applications and developments. Int J Mol Sci. 2021;22(9).
4. Varela-Rial A, Majewski M, De Fabritiis G. Structure based virtual screening: Fast and slow. WIREs Comput Mol Sci. 2022;12(2):e1544.
5. Meng XY, Zhang HX, Mezei M, Cui M. Molecular docking: a powerful approach for structure-based drug discovery. Curr Comput Aided Drug Des. 2011;7(2):146-157.
6. Danishuddin M, Khan AU. Structure based virtual screening to discover putative drug candidates: necessary considerations and successful case studies. Methods. 2015;71:135-145.
7. Norgan AP, Coffman PK, Kocher J-PA, Katzmann DJ, Sosa CP. Multilevel parallelization of AutoDock 4.2. J Cheminf. 2011;3:1-9.
8. Sofi-Karim M, Bali AO, Rached K. Online education via media platforms and applications as an innovative teaching method. Educ Inf Technol. 2023;28(1):507-523.
9. Sousa MJ, Marôco AL, Gonçalves SP, Machado AD. Digital learning is an educational format towards sustainable education. Sustainability. 2022;14(3):1140.
10. Spatioti AG, Kazanidis I, Pange J. A Comparative study of the ADDIE instructional design model in distance education. Information. 2022;13(9):402.
11. Kirkpatrick DL. The Four Levels of Evaluation. In: Brown SM, Seidner CJ, editors. Evaluating Corporate Training: Models and Issues. Dordrecht: Springer Netherlands; 1998. p. 95-112.
12. Hernández-Ramos J, Rodríguez-Becerra J, Cáceres-Jensen L, Aksela M. Constructing a novel e-learning course, educational computational chemistry through instructional design approach in the TPASK framework. Educ Sci. 2023;13(7):648.
13. Engelberger F, Galaz-Davison P, Bravo G, Rivera M, Ramírez-Sarmiento CA. Developing and implementing cloud-based tutorials that combine bioinformatics software, interactive coding, and visualization exercises for distance learning on structural bioinformatics. J Chem Educ. 2021;98(5):1801-1807.
14. He G, Sun F, Hu D, Lu X, Guo Y, Lai S, et al. AR-Dock: a web-AR based real-time tangible edugame for molecular docking. In E-Learning and Games: 10th International Conference, Edutainment 2016, Hangzhou, China, April 14-16, 2016, Revised Selected Papers 10 2016 (pp. 37-49). Springer International Publishing.

Design and Implementation of a Virtual Modular Course on Computational Drug Design and its Effectiveness on Learning and Satisfaction of Learners

Shima Aliebrahimi[1], Seyed Shahriar Arab[2], Golchehreh Ahmadi[3], Vahideh Montazeri[4], Manijeh Hooshmandja[5,6*]

Abstract

Objective: This research investigates the impact of a virtual modular course on computational drug design on participant learning and satisfaction.

Methods: This is an applied study of the developmental design type, designed, implemented, and evaluated at the Smart University of Medical Sciences in April 2022 and August 2023, with each cycle lasting three months. A needs assessment was performed through a literature review, and expert consultations to design the course. Educational content was developed using the ADDIE instructional design model to empower the target audience. The study sample consisted of 66 participants, including postgraduate students and faculty members in pharmacy and other related fields involved in pharmaceutical science. Ultimately, 42 participants completed the questionnaires using a census sampling method. Data were analyzed using SPSS 23.0 through descriptive (mean and standard deviation) and inferential (t-test) statistics.

Results: Findings indicated a significant increase in the learners' knowledge after the training. Additionally, participants' satisfaction levels were above average, indicating overall course effectiveness.

Conclusion: The design, implementation, and evaluation of the short-term course on computational drug design, based on the ADDIE model, enhanced participant knowledge in molecular docking and improved satisfaction with the course.

Keywords: Empowerment, Learning, Satisfaction, Evaluation, Computational Drug Design, Molecular Docking

1. Assistant Prof., Artificial Intelligence in Medical Sciences Research Center,Department of Artificial Intelligence, Smart University of Medical Sciences, Tehran, Iran
2. Associate Prof., Department of Biophysics, Faculty of Biological Sciences, Tarbiat Modares University, Tehran, Iran
3. Ph.D. student, Department of e-Learning in Medical Sciences, Smart University of Medical Sciences, Tehran, Iran
4. Assistant Prof., Artificial Intelligence in Medical Sciences Research Center,Department of Artificial Intelligence, Smart University of Medical Sciences, Tehran, Iran hoshmand.66@gmail.com
5*. Corresponding author. Assistant Prof., Department of E-Learning in Medical Sciences, Virtual School and Center of Excellence in E-Learning, Shiraz University of Medical Sciences, Shiraz, Iran
6. Department of Educational Technology in Medical Sciences, Smart University of Medical Sciences, Tehran, Iran