



人工智能赋能生物化学与分子生物学 案例教学的探索与实践*

胡莹璐 林依臣 郭俊明 孟小丹**

(宁波大学医学部基础医学院生物化学与分子生物学系, 宁波 315211)

摘要 近年来, 人工智能 (artificial intelligence, AI) 与医学教育的深度融合为生物化学与分子生物学教学开辟了新机遇, 也为突破“蛋白质结构与功能”这一教学难点提供了新路径。本研究以非小细胞肺癌的间变性淋巴瘤激酶 (anaplastic lymphoma kinase, ALK) 基因突变为核心案例, 将AI技术融入案例教学 (case-based learning, CBL), 构建了AI-CBL融合教学模式。该模式整合智能病例生成系统, 基于真实临床数据动态构建ALK突变情境, 将分子生物学知识与临床问题紧密对接, 应用AI蛋白质结构预测工具精准可视化野生型与突变型ALK蛋白的三维结构, 并动态模拟其构象变化导致的功能异常, 同时, 通过虚拟仿真平台模拟ALK基因检测的流程, 弥合理论与实操的鸿沟。由此, 形成了以临床案例驱动、分子结构解析与实验技术验证相结合的多维教学体系。教学实践表明, AI技术提供的三维可视化、动态交互及智能分析功能, 显著提升了学生对分子机制的理解深度、课堂参与度及科研创新能力。该模式贯通了“基础理论-科研思维-临床实践”的培养路径, 为攻克教学难点提供了高效方案, 也为医学教育的智能化转型探索了一条可行路径。

关键词 人工智能, 案例教学, 生物化学与分子生物学, 教学效率, 科研创新能力

中图分类号 C934, G64, R4

DOI: 10.16476/j.pibb.2025.0224

CSTR: 32369.14.pibb.20250224

生物化学与分子生物学是医学和生物学教育体系的核心学科, 是执业医师资格考试的必考科目。生物化学与分子生物学课程包括理论和实验两部分内容, 具有课程理论抽象、教学内容微观、知识体系更新快等特点。

生物化学与分子生物学课程知识点的高度抽象性, 往往使学生难以理解其实际应用价值。针对这一教学难点, 采用临床真实病例为基础的案例教学法 (case-based learning, CBL) 具有显著优势。CBL是一种基于具体案例引导学生进行探究式学习的教学方法。教师以具有代表性、启发性和真实性的案例为载体, 将理论知识融入到案例中, 以此激发学生的学习兴趣 and 好奇心, 促使学生运用所学知识解决实际问题, 从而实现掌握理论知识、训练科研思维和提升实践能力的多重目标^[1]。在生物化学与分子生物学教学中, CBL作为连接“基础理论”和“临床实践”的桥梁, 能够通过案例分析帮助学生深化对抽象的分子机制 (如代谢途径、酶促反应、基因表达等) 的理解。一方面提升学生学

习理论知识的主动性和课堂参与度; 另一方面使学生在理论学习阶段就逐步培养解决临床实际问题的能力, 为未来的临床工作奠定基础。

人工智能 (artificial intelligence, AI) 凭借其强大的数据处理能力和智能交互特性, 正在深度重构医学教育模式。比如基于AI的中国大学MOOC (慕课) 教育平台不仅为学生提供了线上开放课程, 而且实现了在平台上开展虚拟仿真实验。这种智能化的教学转型为培养创新型医学人才提供了核心驱动力^[2]。

目前, AI辅助案例教学已逐步成为主流教学模式, 显著提升了教学资源开发效率。以清华大学研发的AI助教系统为例, 该系统通过智能生成个性化教学案例, 为师生构建了实时交互的智能学习

* 宁波大学教学研究项目 (JYXMXZD2021031) 和宁波市教育科学规划课题 (2020YGH007) 资助。

** 通讯联系人。

Tel: 0574-87609951, E-mail: mengxiaodan@nbu.edu.cn

收稿日期: 2025-05-12, 接受日期: 2025-06-25

支持体系。值得注意的是,这种技术赋能的教学革新已在多学科领域取得突破性进展,初明^[3]在《人工智能赋能免疫学教学变革的思考与展望》中系统论证的AI免疫学教学模型,即为医学教育智能化转型的典型范例。

AI技术在生物化学与分子生物学教学中的应用正在为学科教育创新开辟新路径。然而相较于其他医学学科的应用深度,生物化学与分子生物学领域的AI技术潜力尚未完全释放。本文将以临床肺癌病例为切入点,从蛋白质结构与功能这一重点教学内容着手,阐述AI在蛋白质结构预测、蛋白质结构-功能等可视化教学中的应用潜力。

1 教学设计:人工智能赋能生物化学与分子生物学案例教学——以ALK蛋白结构与功能为例

生物化学与分子生物学主要聚焦蛋白质、核酸、多糖和脂质等四类生物分子,通过“结构-功能”解析揭示其生物学功能。为探究AI技术在生

物化学与分子生物学案例教学中的应用价值,本研究以国家卫生健康委员会十四五规划教材《生物化学与分子生物学》(第10版,人民卫生出版社,ISBN 978-7-117-36336)第一篇第一章中“蛋白质的结构与功能”章节为切入点,聚焦非小细胞肺癌(non-small-cell lung cancer, NSCLC)关键驱动基因——间变性淋巴瘤激酶(anaplastic lymphoma kinase, ALK)基因“钻石突变”的典型案例。ALK突变只占NSCLC的5%左右,但对应的靶向药(比如克唑替尼)效果显著,患者的响应率很高,而且生存期明显延长。因此,ALK基因突变在NSCLC中被誉为“钻石突变”。本文通过整合AI技术构建智能化教学系统,依循案例教学路径,开发出包含五大核心模块的创新教学方案(图1):

a. 利用基于深度学习的ALK突变案例智能生成系统,生成典型临床案例;b. 利用AI工具解析ALK基因突变与NSCLC的关系;c. ALK蛋白三维结构动态预测与可视化平台,实现从氨基酸序列到空间构象的实时模拟,动态解析基因突变与蛋白质构效关系;d. ALK基因虚拟仿真实验模块,支持学生通

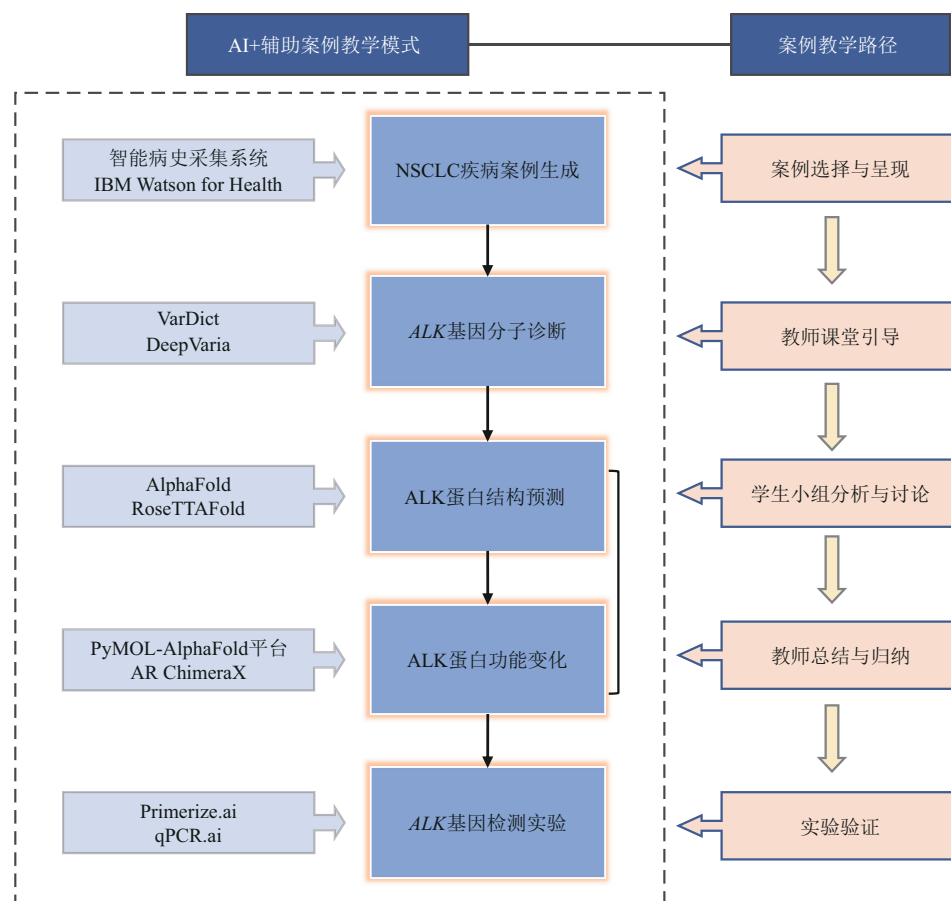


Fig. 1 Instructional design for AI-assisted case-based learning on “structure and function of proteins”

图1 AI辅助“蛋白质的结构与功能”案例教学的教学设计

过参数调整实现 *ALK* 基因特异性检测; e. 个性化学习路径推荐引擎, 依据学习者认知水平自适应推送教学资源。该教学体系把抽象的理论知识转变成了可动手操作的数字模型, 让学生能边学理论、边做实验、边接触临床实践。这样就把学习、研究和实践连成了一个环, 有效地解决了“蛋白质结构与

功能”这个教学难题, 形成了一种把”学、研、用”紧密结合在一起的创新教学方法。结合以上教学设计方案, 表1归纳总结了本教学设计涉及的主要内容(“蛋白质的结构与功能”和“定量聚合酶链反应 (quantitative polymerase chain reaction, qPCR)”)以及AI在教学实践中的应用时间占比。

Table 1 The present teaching design involves the class hour allocation plan for the teaching content
表1 本教学设计涉及授课内容的课时分配方案

章节	教学内容	学时分配/学时	AI+应用时间占比/%
第1章 (蛋白质的结构与功能)	蛋白质的分子构成及其理化性质	1	0
	常见氨基酸结构特点	1	0
	蛋白质一、二、三、四级结构特点 (重点) 和重要化学键	1.5	20
	蛋白质结构与功能的关系 (重点和难点)	2.5	40
第18章 (实验七: 聚合酶链反应)	RNA提取	2	0
	逆转录PCR	2	0
	定量PCR	4	30

2 教学实施: AI辅助的ALK蛋白结构与功能的案例教学

2.1 利用智能病史采集系统生成ALK突变的NSCLC患者典型病例

选择合适的教学案例是顺利开展案例教学的前提条件。临床案例的选取要遵循广泛性、真实性和实用性原则^[4]。本文以宁波大学附属第一医院真实应用的智能病史系统 (IBM Watson for Health) 为教学枢纽, 构建AI赋能的 *ALK* 突变NSCLC患者的典型电子健康记录, 生成符合临床医学本科专业二年级学生认知水平的 *ALK* 基因突变教学案例。同时, 由于每个学生对知识的掌握程度和兴趣方向不同, 教师需要在课前应用 IBM Watson for Health、CaseX 等系统对病例分析报告的语义解析与知识图谱比对, 精准评估学生的临床决策逻辑, 以此来调整案例类型和难度^[5-6]。

智能病史采集系统在案例教学中的应用可以增强教学与临床的相关性, 培养医学专业学生的临床思维, 帮助他们在本科学习阶段提前熟悉AI背景下的临床工作模式。

2.2 借助AI分析ALK基因突变与肺癌的关系

基因突变是癌症发生的核心机制之一。在NSCLC的案例教学中, *ALK* 基因突变导致蛋白质异常这一病理过程具有典型的教学价值。教师在课堂教学中可以应用 VarDict (<https://gitcode.com>) 和 DeepVariant (<https://github.com/google/deepvariant>)

等AI工具展示 *ALK* 基因的突变分析^[7]。此外, 教师还可将 VarDict 和 DeepVariant 等AI分析工具与基因突变检测网站和数据库 (如 TCGA、COSMIC、OncoKB 和 ClinVar 等) (表2) 相结合, 实现对 *ALK* 突变的精准预测及疾病关联分析, 帮助学生深入理解 *ALK* 基因突变与NSCLC的关系^[8]。同时, 以课后作业的形式, 让学生们在课后进一步通过 COSMIC 平台来查询 *ALK* 突变在不同癌症类型中的频率、突变的类型及其临床表现, 加深基因突变与肿瘤发生的理解^[9], 为后续章节 (疾病相关基因、癌症的分子基础及基因诊断和基因治疗) 的学习奠定基础。

2.3 AI构建ALK蛋白质三维结构

“蛋白质的结构与功能”是《生物化学与分子生物学》(第10版) 第一章的教学内容。本章节主要通过学习蛋白质的一、二、三和四级结构, 使学生理解一级结构是蛋白质高级结构的基础, 而蛋白质空间结构是其发挥功能的关键。传统的蛋白质空间结构教学工具主要是静态的二维图像或模型, 难以让学生直观理解蛋白质的空间特性和动态变化。为了帮助学生理解蛋白质一级结构与空间结构的关系, 本文以 *ALK* 蛋白为例, 从一级结构入手, 应用AI驱动的蛋白质三维结构预测模型, 如 AlphaFold (<https://alphafold.ebi.ac.uk/>) 和 RoseTTAFold (<https://github.com/RosettaCommons/RoseTTAFold>), 高精度模拟出 EML4-*ALK* 融合蛋白的空间结构 (图2)。AlphaFold2 预测的准确性在 CASP14

Table 2 AI-assisted genomics intelligent analysis system
表2 AI基因组学智能解析系统

数据库	网址	主要内容
TCGA (The Cancer Genome Atlas)	https://portal.gdc.cancer.gov/	包含多种癌症类型的基因组学数据集，提供了大量癌症样本的基因组数据、转录组数据、表观基因组数据等
COSMIC (Catalogue of Somatic Mutations in Cancer)	https://cancer.sanger.ac.uk/cosmic/	提供肿瘤样本中体细胞突变信息的数据库，包含了广泛的癌症类型和与癌症相关的突变数据
OncoKB (Oncology Knowledge Base)	https://www.oncokb.org/	癌症基因知识库，提供关于癌症相关基因突变的信息，尤其是与临床治疗相关的突变
ClinVar (ClinVar Database)	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/clinvar/	公共数据库，收录了人类遗传变异的临床意义信息。提供了关于基因变异与疾病相关的注释

A0A0K2YUJ3_HUMAN A0A0K2YUJ3 Tyrosine-protein kinase receptor Created: today at 15:42

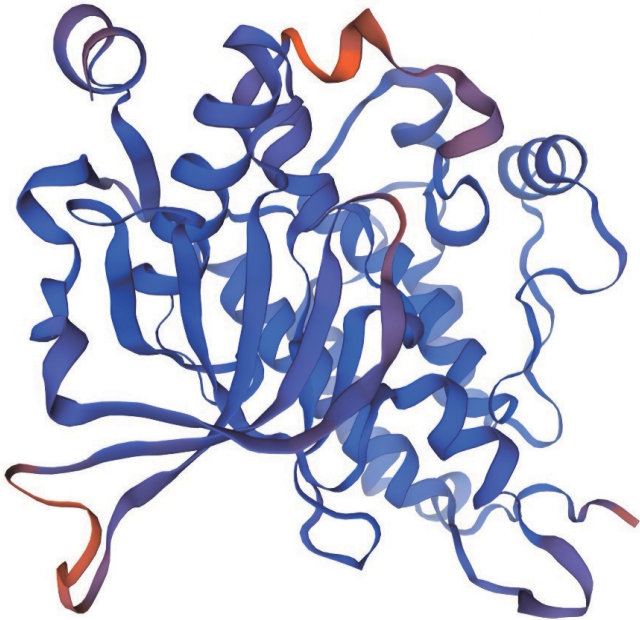
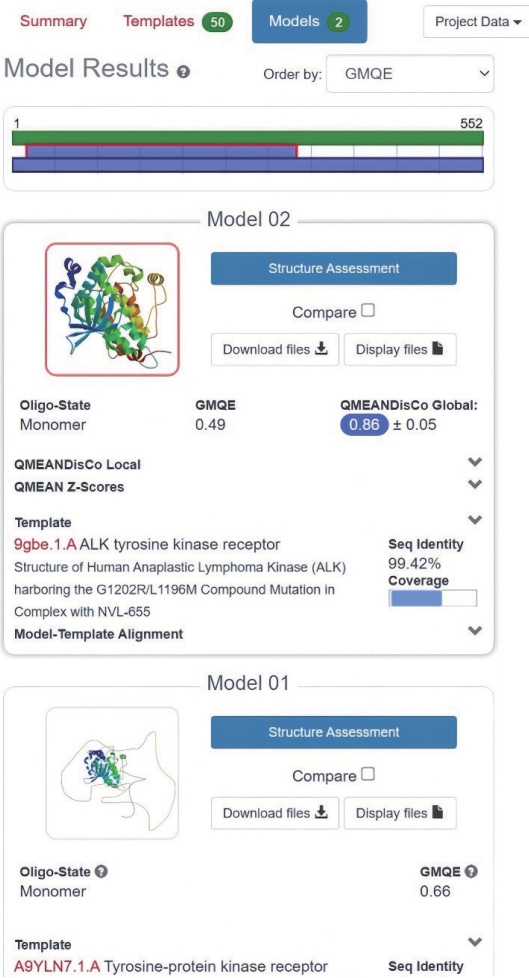


Fig. 2 The SWISS-MODEL platform was used to construct the interface of ALK protein structure

图2 SWISS-MODEL平台构建ALK蛋白结构界面

左侧显示ALK蛋白（UniProt A0A0K2YUJ3）两个预测模型的序列相似性和模型质量评分。Model 02的GMQE为0.49，Model 01的GMQE为0.86；右侧展示Model 02的三维结构。

(Critical Assessment of Structure Prediction) 评估中达到原子级水平 (CASP14 评估中 $\text{RMSD} \leq 1.0 \text{ \AA}$)^[10]。此外, 在课堂中借助 AI 虚拟现实 (virtual reality, VR) 或增强现实 (augmented reality, AR) 技术, 实现蛋白质结构学习可视化。学生能够借助 AI 工具“进入”ALK 蛋白结构内部 (图 3), 沉浸式观察其主链折叠、二级结构 (如 α 螺旋和 β 折叠) 的排列, 以及活性位点的动态变化^[11], 进而充分理解 ALK 激酶结构域、蛋白质-蛋白质相互作用和突变对该蛋白质折叠的影响^[12]。需要注意的是, 在采用 AlphaFold 预测蛋白质结构时, 部分区域会因缺乏足够的同源信息、动态性、序列长度等导致预测不准确或完全无法预测, 称为无序区域 (低置信区)。AlphaFold 会根据每个残基的预测置信度 (predicted local distance difference test, pLDDT) 自动为其着色。如图 3 中的橙色和红色区域代表低置信度, 而蓝色区域代表高置信度。在教学过程中, 教师不仅要引导学生关注 ALK 蛋白的整体三维结构形态, 还应讲解如何利用 AlphaFold 提供的置信度色谱对预测结构进行科学评价。通过分析 pLDDT 值的分布, 学生可以进一步掌握识别蛋白质结构中稳定区域与非稳定区域的方法, 从而提高对预测结构局限性的理解与判断能力。

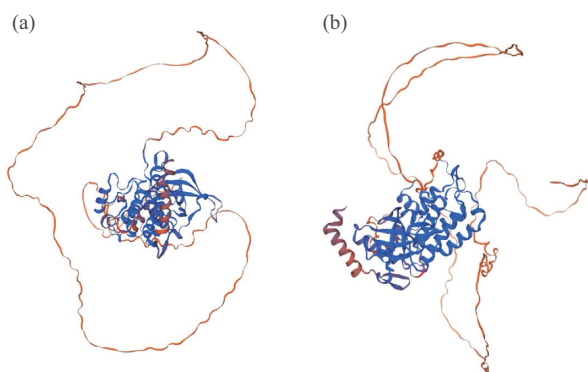


Fig. 3 Different observation surfaces of the three-dimensional structure of ALK protein constructed by SWISS-MODEL

图3 SWISS-MODEL构建的ALK蛋白三维结构不同观测面 (a) 以ALK蛋白激酶功能域为核心的正面观测视角; (b) 侧重蛋白质整体构象与激酶功能域周边柔性连接区的侧视视角。

在此基础上, 将学生分成若干小组, 每组 4~6 人, 各小组围绕 ALK 蛋白结构分析展开分组研讨活动。教师引导组员依次探讨 3 个关键科学问题:

首先解析 ALK 蛋白不同结构层次的功能角色, 重点分析一级结构中致癌突变热点分布规律, 突变对 ALK 蛋白折叠有何影响; 其次探讨二级结构内 α 螺旋与 β 折叠的空间排布特征; 最后分析 ALK 蛋白的哪些结构域对功能具有决定性影响。各小组在教师引导下完成研讨后, 需整合三维结构示意图及 1~3 篇支撑文献形成分析报告, 重点阐明结构-功能关联机制。研讨环节, 通过层层递进的问题引导学生深入思考; 汇报阶段, 则借助小组互评和查文献来验证观点、提升论证能力。这样, 学生既能扎实掌握蛋白质的多级结构知识, 又能有效提升学术表达、团队协作和批判性思维能力。

2.4 AI赋能ALK蛋白质结构-功能关系可视化教学

生物大分子的空间构象体现其功能, 是生物化学与分子生物学的经典理论。理解蛋白质构象与功能的动态关联是分子生物学教学的核心和难点。以 NSCLC 相关的 ALK 蛋白为例, 传统教学模式受限于二维图示和静态模型, 难以展现其酪氨酸激酶活性结构域在突变前后的构象改变, 导致学生对“结构决定功能”的认知停留在抽象层面。AI 技术的引入, 为突破这一教学瓶颈提供了革命性解决方案。

在《生物化学与分子生物学》(第 10 版) 教材第一章第三节“蛋白质构象改变可引起疾病”的学习中, 为了让学生直观地了解 ALK 突变如何影响其酪氨酸激酶活性, 进而影响细胞信号转导这一过程, 我们采用基于深度学习的分子可视化系统 (如 PyMOL-AlphaFold 整合平台 <https://alphafold.ebi.ac.uk/>、<https://pymol.org/>) 实现 ALK 蛋白质结构的动态解析与智能预测^[13]。在教学实践中, 引导学生通过 VR 交互设备实时观测 EML4-ALK 融合蛋白的三维构象。AI 算法不仅重构其高精度原子模型, 更能模拟致癌突变引起的空间构象改变。例如, 当教师演示 L1196M 等关键位点突变时, 系统即时生成该突变体的三维结构预测。为了进一步帮助学生直观理解 ALK 激酶活性区的动态构象变化, 教师可以借助 YASARA 软件 (www.yasara.org) 进行 ALK 蛋白分子动力学模拟。由于分子动力学模拟需要大量计算资源, 特别是为了捕捉到明显的大幅度构象变化, 耗时较长。因此, 在教学实施上, 采用“课前模拟准备+课堂讲解展示”的策略。教师在课前采用 NOVA 力场在水溶剂环境中添加离子以中和电荷; 随后进行体系能量最小化, 并通过正

则系综 (canonical ensemble, NVT) 和等温等压系综 (isobaric-isothermal ensemble, NPT) 实现充分平衡; 最后, 以 2 fs 的时间步长运行总时长 100 ns 的模拟, 并每隔 10 ps 记录一次轨迹数据, 从模拟轨迹中截取关键构象变化片段和代表性结构帧。在课堂授课中, 教师首先讲解分子动力学模拟的基本原理、关键步骤 (如力场选择、溶剂化、平衡、生产模拟) 及具体设置 (如 NOVA 力场、100 ns 时长、2 fs 步长), 强调模拟如何反映 ALK 蛋白在接近生理环境中的动态行为。然后, 教师通过动态播放课前截取的轨迹片段, 同时叠加不同时间点的结构或关键构象参数 (如特定距离、角度变化等), 生动地演示 ALK 激酶活性区在模拟过程中的动态特征、构象转变路径以及可能的稳定状态。这种 AI 赋能的动态可视化, 使学生能够直接“看到”抽象的构象变化过程。

在这部分教学中, 教师还可以在课堂中设置专题讨论环节, 提出以 ALK 蛋白质结构-功能关系为核心的引导性问题供小组开展讨论, 例如: “ALK 蛋白激酶结构域构象变化如何影响其磷酸化信号传递效率?” “从结构角度分析, 第一代 ALK 靶向抑制剂 (如克唑替尼) 是如何与 ALK 蛋白结合发挥疗效的?” 学生以小组为单位自由发言, 提出各自的观点。在此基础上, 教师利用 ChimeraX 的机器学习模块智能分析 ALK 蛋白与克唑替尼等抑制剂的结合口袋特征, 通过分子动力学模拟和计算结合自由能预测药物分子与突变体的结合能力^[14]。具体而言, 使用 AMBER 力场, 设置 NPT (恒温 300 K、恒压 1 atm), 并添加水溶剂和离子以中和体系电荷, 总模拟时间为 100 ns, 模拟 ALK 蛋白的分子动力学行为, 进一步结合 MM-PBSA 方法计算结合自由能, 从而评估药物与突变体结合的热力学稳定性。同时采用 AR 系统通过实时渲染技术, 将结构生物学数据转化为可交互的全息影像, 对比野生型与突变体的药物结合自由能差异, 帮助学生理解 ALK 突变导致药物结合的立体位阻现象。这种多模态、可视化的智能教学, 清晰地展示了“结构变化导致功能异常, 进而找到药物靶点”的完整过程, 使学生充分理解药物如何通过干预 ALK 蛋白结构实现治疗效果, 培养学生基于结构生物学开展精准医疗的创新思维^[15]。

2.5 教师总结与归纳

在章节内容讲授后, 教师需要引导学生简明清

晰地对案例进行回顾, 帮助学生重新熟悉案例全貌, 以提高案例教学的效果。同时, 教师的总结与归纳也尤为重要, 是帮助学生巩固学习成果、深化知识理解、实现知识迁移的重要手段。一方面, 教师收集学生们的讨论成果, 挑选出有代表性的观点和问题进行总结, 适时纠正学生错误的理解并补充遗漏的知识点; 另一方面, 教师需要将案例中涉及的 AI 技术和与蛋白质结构与功能相关的理论知识进行系统化整合, 明确学习中的重点和难点。此外, 教师可以在课后布置一套层层递进的思考题, 帮助学生更深入地构建知识框架。这些题目可以包括: 基因突变会直接影响蛋白质的哪一级结构? 蛋白质一级结构如何决定其空间构象? 临床常用的基因突变检测技术有哪些? 除 ALK 基因外, NSCLC 中还存在哪些驱动基因突变? 设置问题时, 要紧紧围绕教学目标, 注意让问题环环相扣。按照“结构基础—检测技术—疾病关联”的逻辑顺序, 引导学生一步步从分子层面的结构知识, 深入到临床检测方法和疾病发生机制的理解。

2.6 AI优化ALK基因检测实验

生物化学与分子生物学包括理论和实验两部分教学内容。《生物化学与分子生物学》(第 10 版) 第十八章中的 qPCR 是教学大纲中的重点教学内容之一。该实验包括 RNA 的提取、逆转录-PCR (reverse transcription-polymerase chain reaction, RT-PCR) 和 qPCR。实验教学中, 通过 qPCR 扩增 ALK 基因。在 PCR 引物设计、反应条件和结果分析 3 个方面, 利用 AI 工具助力 qPCR 教学。引物设计方面: 指导学生利用基于深度学习的工具 (如 DeepPrime, https://deepcrispr.info/DeepPrime/page/help_web) 来分析基因组数据库, 预测 ALK 上下游引物与模板的结合特异性, 避免非目标序列扩增。同时利用神经网络 (如 IDT OligoAnalyzer: <https://sg.idtdna.com/calc/analyzer> 的 AI 模块) 预测引物二聚体、发夹结构, 自动优化引物 GC 含量和熔解温度 (T_m 值)。反应条件方面: 利用机器学习模型 (如 Thermo Fisher Connect, <https://www.thermofisher.com/us/en/home/digital-science/thermo-fisher-connect.html>) 分析历史实验数据, 推荐最佳退火温度范围。采用 LabOPUSAI 系统模拟不同循环数对产物量的影响, 避免过度扩增导致的非特异性条带。结果分析方面: 利用深度学习模型 (如 qPCR.ai) 识别扩增曲线中的异常波动 (如抑制剂

干扰、模板降解), 并提示优化方案。采用AI工具 (如 QuantStudio Cloud, <https://www.thermofisher.com/cloud>) 通过聚类算法确定 C_q 值阈值, 减少人为判断误差。同时在 *ALK* 基因扩增期间, 指导学生利用虚拟仿真实验平台从第三视角体验 qPCR 全流程, 将抽象实验原理可视化呈现, 加深学生对 qPCR 实验原理的理解。

AI 辅助 qPCR 实验教学, 突破了传统的实验教学瓶颈, 实现了从抽象到具象的认知转化。这不仅提升了实验成功率, 更培养了学生基于数据驱动的分

子诊断思维, 为精准医学人才培养提供了创新范式。

3 教学拓展: AI辅助的ALK蛋白结构与功能案例教学法的推广应用

除了“蛋白质的结构与功能”这一章节, 本课程还可以在核酸、糖类、脂质等相关章节教学中引入 AI 技术, 通过三维结构动态模拟、代谢网络智能推演及基因表达预测模型等工具 (表 3), 直观地呈现生物大分子相互作用与调控过程, 提高教学质量与效率, 强化学生对分子生物学原理的实践转化能力。

Table 3 The application of AI-assisted case-based learning method in the teaching of other chapters related to biological macromolecules

表3 AI辅助的案例教学法在其他生物大分子相关章节教学中的应用

生物大分子	相关疾病	AI辅助工具	教材章节
蛋白质	<i>ALK</i> 突变相关	AlphaFold	第1章: 蛋白质的结构与功能
	非小细胞肺癌	RoseTTAFold	第2章: 酶与酶促反应 第16章: 蛋白质的合成
核酸	镰刀型细胞贫血症	DeepVariant	第3章: 核酸的结构与功能
	亨廷顿病	EpiDeep AI基因组诊断平台	第14章: DNA的合成 第17章: 基因表达调控
糖类	糖尿病	GlycoMine (http://www.structbioinfor.org/Lab/GlycoMine/)	第7章: 糖代谢
		SugarPred AI糖网筛查系统	
脂质	酮症酸中毒	LipidGPT	第8章: 脂质代谢
	动脉粥样硬化	脂质组分析技术平台 (https://phoenix.tsinghua.edu.cn/info/1067/1890.htm)	

4 教学评价

4.1 学生满意度调查与分析

我们向本校 2022 级临床医学两个平行班共 80 名学生发放调查问卷, 调查了解学生在生物化学与分子生物学学习过程中对 AI+教学方式的满意度, 内容包括: a. AI+教学模式是否有助于加深对理论知识的理解; b. 能否激发学习生物化学与分子生物学的兴趣; c. 对 AI+教学模式中的个性化学习推荐是否满意; d. AI+教学模式能否促进对学科前沿知识的理解; e. 对 AI+教学模式的整体满意度; f. 与传统教学模式相比, 更倾向于哪种教学模式。本次调查共发放问卷 80 份, 回收问卷 80 份, 回收率 100%。问卷汇总结果 (图 4) 显示, 学生对于 AI+教学模式满意度更高, 对学生而言该模式能提供更灵活、高效、有趣的学习体验, 激发学习兴趣和深

度探索欲望, 揭示了 AI+教学模式的革新潜力。但值得注意的是, 大约 40% 的学生对“AI+教学模式是否促进了对学科前沿知识的理解”以及“是否更倾向于 AI+教学模式”这两个问题选择了“否”。通过后续访谈了解到, 这主要源于几个相互关联的原因。首先, 本科生日常主要精力都放在基础课程学习和应对考试上, 普遍缺乏阅读文献的习惯。当面对前沿知识时, 由于大家的基础知识储备存在差异, 理解上会遇到不同程度的困惑。而 AI 提供的答案往往是标准化的, 难以针对每个人的具体疑问进行个性化解答, 导致理解上的障碍逐渐累积, 因此部分学生们感觉 AI+教学模式在帮助理解前沿知识方面效果并不明显。其次, AI+教学模式在学习方式、节奏和互动形式上与传统教学有很大不同。习惯了被动听讲、等待老师引导的学生, 对这种需要更多主动性的新模式难以快速适应, 面对缺乏清

晰指引的自主学习时常感到无所适从,进而对其效果产生怀疑。最后,目前许多AI+教学实践主要以AI“讲”、学生“听”的单向输出为主,课堂互动

性较低。部分学生觉得无法像传统课堂那样与老师和同学进行即时的讨论、辩论和思想碰撞,所以最终还是更倾向于选择互动性更强的传统教学模式。

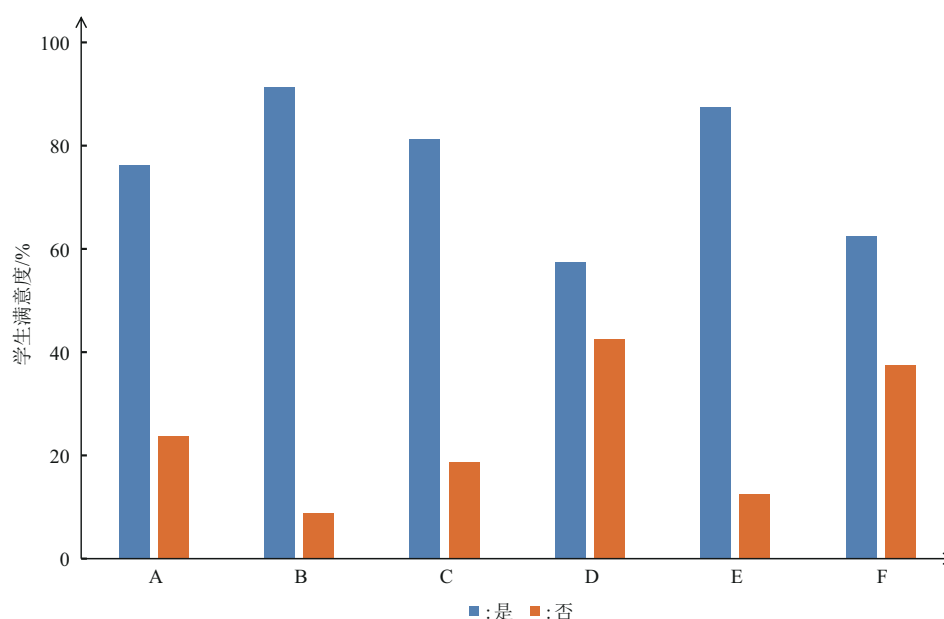


Fig. 4 The questionnaire survey results of students' evaluation of the AI+ teaching mode of Biochemistry and Molecular Biology

图4 学生对生物化学与分子生物学AI+教学模式评价的问卷调查结果

A: 是否对加深理论知识的理解有帮助; B: 是否对激发学习兴趣有帮助; C: 对个性化学习推荐是否满意; D: 是否促进对学科前沿知识的理解; E: 对AI+教学模式整体是否满意; F: 是否更倾向于AI+教学模式。

4.2 教师考量评分

本研究以本校2022级临床医学两个平行班共80名学生作为研究对象,采用前后对照研究设计。教学干预前,采用传统教学模式讲授生物化学与分子生物学;教学干预后,引入基于AI的多模态教学平台并借助AR开展蛋白质结构可视化教学。教师通过课堂综合考量学生课堂表现对比分析了AI+教学模式应用前后学生的课堂表现。结果发现,学生在课堂上表现出更高的主动性与专注力,课堂互动频次明显增加,课堂提问次数由原来的每节课人均1.4次上升至2.7次,课堂主动回答率从35.1%提升至64.9%。此外,学生在随堂测验试题中的正确率由78.1%上升至93.5%(表4),展示出更强的知识迁移与综合分析能力。

4.3 学生科研与创新创业能力的提升

AI+案例教学模式在生物化学与分子生物学课程中的实践显著提升了学生科研创新能力。近5年数据显示,本校医学部本科生承担生物化学与分子生物学相关的科研项目(包括校大学生科研项目、浙江省大学生科技创新活动计划-新苗人才计划和

Table 4 Teacher's feedback form on students' classroom performance

表4 教师对学生课堂表现的考量反馈表

项目	传统教学模式	AI辅助案例教学模式
人均主动提问数/次	1.4	2.7
课堂主动回答率/%	35.1	64.9
随堂测验正确率/%	78.1	93.5

国家级大学生创新创业训练计划)的申报量和立项率持续增长,其中与AI技术的深度融合成为突出特征。典型案例包括:通过AI工具实现肌少症智能诊断的个性化评估系统开发,以及运用分子模拟技术解析肺腺癌细胞耐药机制的基础研究等。这种教学模式更培育出具有实际应用价值的创新成果,例如:“心智科技”团队研发的AI辅助CT诊断系统不仅实现心肺共诊功能升级,更在2024年度浙江省国际大学生创新大赛中斩获金奖。AI技术赋能的生物化学与分子生物学教学改革,有效地把理论教学、科研训练和创新实践这3个环节紧密地连接起来,形成了一条完整的培养路径。这种模式为

培养高水平的医学人才提供了一个可以借鉴的好方法。

5 总结与展望

AI-CBL 融合教学在生物化学与分子生物学教学中的应用优势显而易见 (图 5)。a. 个性化学习支持: AI 技术通过分析学生认知特征生成动态教学案例, 实现知识推送节奏与个体学习能力的精准匹配, 显著提升教学效率。例如, 智能病史采集系统实时整合全球临床数据库, 确保教学案例与学科前沿同步更新, 有效应对生物化学知识体系快速迭代的挑战。b. 微观机制具象化呈现: AI 工具将抽象分子机制转化为可视化模型, 如通过三维动态模拟解析 ALK 蛋白构效关系, 使酶促反应、基因调控等章节的教学内容具象可感, 显著提升学生学习兴趣与知识内化效率。c. 多维能力培养升级: 基于 AI 的虚拟仿真实验平台突破传统教学时空限制, 通过代谢通路动态推演、蛋白质折叠实时观测等交互场景, 同步强化学生的科研思维能力和临床问题解决能力。

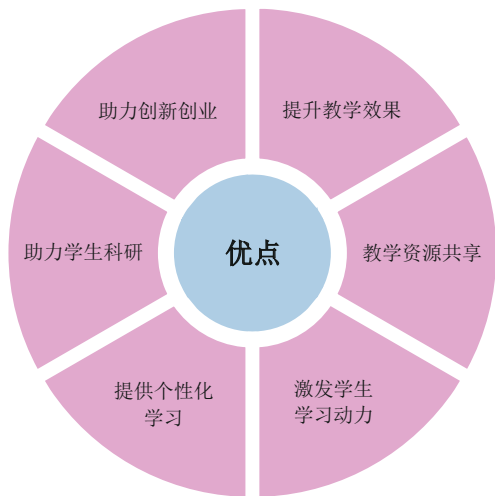


Fig. 5 Advantages of applying AI technology in the case-based teaching of Biochemistry and Molecular Biology
图5 AI技术应用于生物化学与分子生物学案例教学中的优点

然而, AI 技术在生物化学与分子生物学案例教学中的应用也面临着现实挑战。主要体现在以下几方面。a. 技术可靠性局限: 现有 AI 工具依赖历史数据进行预测分析, 在蛋白质结构预测、代谢网络建模等复杂场景中可能产生逻辑偏差, 如部分算法忽视变构效应导致的酶活性误判问题^[16]; b. 教

育主体适应性不足: 教师方面存在技术应用能力断层, 部分教师对 AI 工具的底层逻辑认知不足, 难以有效开展智能化教学设计, 学生方面过度依赖 AI 生成结论可能导致批判性思维弱化, 且存在隐私数据泄露风险; c. 人文维度缺失: 当前 AI 教学系统侧重知识传递效率, 在医患沟通训练、科研伦理判断等软实力培养环节尚未形成有效解决方案。针对这些挑战, 我们可采取相应措施加以应对。对于技术可靠性的局限, 教师在使用 AI 工具快速生成预测模型时, 应明确标注“待人工验证”, 并在后续的实验课程中引导学生利用传统实验数据进行交叉验证。针对师生适应性问题, 一方面, 教学单位应组织系统性的 AI 教学技能培训, 帮助教师提升能力, 另一方面, 教师自身也需主动加强学习和实践, 提升教学水平, 并着重引导学生批判性地看待 AI 输出。同时, 采用校内本地化部署的 AI 平台是保护学生隐私数据安全的有效途径。至于人文维度缺失的问题, 关键在于进行明确的人机分工: 将知识传授等效率性任务交由 AI 处理, 而涉及人文关怀、伦理思辨和沟通训练等体现教育核心价值的环节, 则由人类教师主导, 从而确保教育的温度。

尽管如此, 我们有理由相信 AI 将给生物化学与分子生物学教学带来全新的变革。在理论教学上: AI 可以开发专门的工具, 比如用模拟器帮助学生理解复杂的蛋白质网络, 或者用推演程序模拟人体代谢调控过程。这些工具能把枯燥的知识记忆, 变成解决实际问题的能力。在实验教学上: AI 将助力打造智能实验室。学生可以先在虚拟仿真环境中安全地练习高风险技术 (如 CRISPR 基因编辑), 掌握要领后再进行实际操作。这种“先虚拟、后实操”的模式, 既保障了生物安全, 又能让学生接触最前沿的技术。总之, AI 的融入将重塑教学模式。老师不再是单向传授知识, 而是通过智能工具, 重点培养学生分析和创新的能力。教学方式也将变得多样, 线上线下结合、虚拟现实并用, 构建一个全新的学习生态。这些变化将为培养具有国际竞争力的顶尖医学人才打下坚实基础。

参 考 文 献

[1] 赵晓会, 王宝, 游永鹤, 等. PBL 与 CBL 教学法在病原生物学教学中的应用及成效对比研究. 中国病原生物学杂志, 2025, 20(3): 408-411
Zhao X H, Wang B, You Y H, et al. J Pathog Biol, 2025, 20(3): 408-411

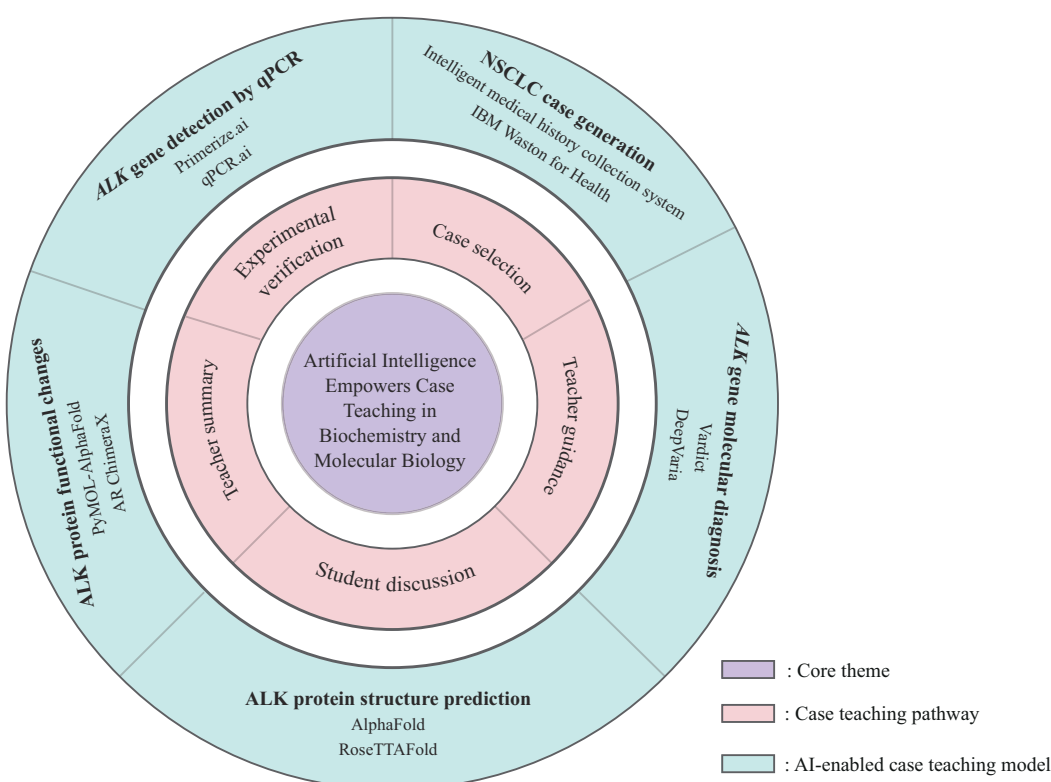
- [2] 连超群,黄桦,张强,等.人工智能在生物化学与分子生物学教学中的运用及探讨.河北北方学院学报:自然科学版,2024,40(6):51-54
Lian C Q, Huang H, Zhang Q, *et al.* J Hebei N Univ Nat Sci Ed, 2024,40(6):51-54
- [3] 初明.人工智能赋能免疫学教学变革的思考与展望.中国免疫学杂志,2025,41(6):1281-1285
Chu M. Chin J Immunol, 2025,41(6):1281-1285
- [4] 韦苇,康巍,赵阳,等.CBL教学法联合课程思政在医学影像学住培中的应用探索.中国继续医学教育,2025,17(3):77-80
Wei W, Kang W, Zhao Y, *et al.* China Continuing Med Educ, 2025,17(3):77-80
- [5] Yao S, Wang R, Qian K, *et al.* Real world study for the concordance between IBM Watson for Oncology and clinical practice in advanced non-small cell lung cancer patients at a lung cancer center in China. Thorac Cancer, 2020,11(5):1265-1270
- [6] Carlon M K J, Cross J S. Knowledge tracing for adaptive learning in a metacognitive tutor. Open Educ Stud, 2022,4(1):206-224
- [7] Reshetnyak A V, Rossi P, Myasnikov A G, *et al.* Mechanism for the activation of the anaplastic lymphoma kinase receptor. Nature, 2021,600(7887):153-157
- [8] Forbes SA, Beare D, Gunasekaran P, *et al.* COSMIC: exploring the world's knowledge of somatic mutations in human cancer. Nucleic Acids Res, 2015,43(database issue):D805-D811
- [9] Sondka Z, Dhir N B, Carvalho-Silva D, *et al.* COSMIC: a curated database of somatic variants and clinical data for cancer. Nucleic Acids Res, 2024,52(d1):D1210-D1217
- [10] Baek M, DiMaio F, Anishchenko I, *et al.* Accurate prediction of protein structures and interactions using a three-track neural network. Science, 2021,373(6557):871-876
- [11] Jumper J, Evans R, Pritzel A, *et al.* Highly accurate protein structure prediction with AlphaFold. Nature, 2021,596(7873):583-589
- [12] 陈波, 阚连娣, 叶发青, 等. 间变性淋巴瘤激酶在治疗非小细胞肺癌中的作用及潜在医学应用. 中国药理学通报, 2024,40(3):415-420
Chen B, Kan L D, Ye F Q, *et al.* Chin Pharmacol Bull, 2024,40(3):415-420
- [13] 张颖, 葛芳, 罗志敏. AI赋能生物化学教学研究——基因突变的功能效应预测. 大学化学, 2025,40(3):277-284
Zhang Y, Ge F, Luo Z M. Univ Chem, 2025,40(3):277-284
- [14] 田红霞, 张绪超. 非小细胞肺癌第三代ALK抑制剂洛拉替尼的耐药机制及其相关研究进展. 循证医学, 2024,24(3):178-192
Tian H X, Zhang X C. J Evid Based Med, 2024,24(3):178-192
- [15] 周小芹, 刘慧珍, 王婷, 等. 人工智能赋能医学领域的挑战与发展方向. 中国胸心血管外科临床杂志, 2025,32(2):244-251
Zhou X Q, Liu H Z, Wang T, *et al.* Chin J Clin Thorac Cardiovasc Surg, 2025,32(2):244-251
- [16] 庄舒婷, 袁明洲, 林信富, 等. 生成式人工智能在病理生理学基于案例/问题教学中的应用探讨. 中国当代医药, 2024,31(34):114-118, 125
Zhuang S T, Yuan M Z, Lin X F, *et al.* China Mod Med, 2024,31(34):114-118, 125

Exploration and Practice of Artificial Intelligence Empowering Case-based Teaching in Biochemistry and Molecular Biology*

HU Ying-Lu, LIN Yi-Chen, GUO Jun-Ming, MENG Xiao-Dan**

(School of Basic Medical Sciences, Health Science Center, Ningbo University, Ningbo 315211, China)

Graphical abstract



Abstract In recent years, the deep integration of artificial intelligence (AI) into medical education has created new opportunities for teaching *Biochemistry and Molecular Biology*, while also offering innovative solutions to the pedagogical challenges associated with protein structure and function. Focusing on the case of anaplastic lymphoma kinase (*ALK*) gene mutations in non-small-cell lung cancer (NSCLC), this study integrates AI into case-based learning (CBL) to develop an AI-CBL hybrid teaching model. This model features an intelligent case-generation system that dynamically constructs *ALK* mutation scenarios using real-world clinical data, closely linking molecular biology concepts with clinical applications. It incorporates AI-powered protein structure

* This work was supported by grants from Ningbo University Teaching and Research Project (JYXMXZD2021031) and Ningbo Educational Science Planning Project (2020YGH007).

** Corresponding author.

Tel: 86-574-87609951, E-mail: mengxiaodan@nbu.edu.cn

Received: May 12, 2025 Accepted: June 25, 2025

prediction tools to accurately visualize the three-dimensional structures of both wild-type and mutant ALK proteins, dynamically simulating functional abnormalities resulting from conformational changes. Additionally, a virtual simulation platform replicates the *ALK* gene detection workflow, bridging theoretical knowledge with practical skills. As a result, a multidimensional teaching system is established—driven by clinical cases and integrating molecular structural analysis with experimental validation. Teaching outcomes indicate that the three-dimensional visualization, dynamic interactivity, and intelligent analytical capabilities provided by AI significantly enhance students' understanding of molecular mechanisms, classroom engagement, and capacity for innovative research. This model establishes a coherent training pathway linking “fundamental theory-scientific research thinking-clinical practice”, offering an effective approach to addressing teaching challenges and advancing the intelligent transformation of medical education.

Key words artificial intelligence, case-based learning, biochemistry and molecular biology, teaching efficiency, research innovation capability

DOI: 10.16476/j.pibb.2025.0224

CSTR: 32369.14.pibb.20250224