

*Дементьева Анастасия Павловна*

## **«СЕРЬЕЗНАЯ» ИГРА FOLDIT КАК СРЕДСТВО НАУЧНОГО ИССЛЕДОВАНИЯ**

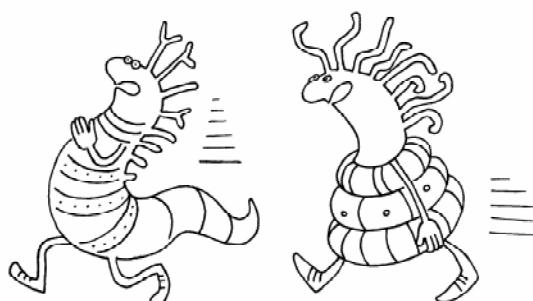
Несмотря на то, что долгое время компьютерные игры вызывали лишь беспокойство и недовольство со стороны родителей и учителей и считались пустыми и несерьезными, в последнее время появляется все больше компьютерных игр, которые можно рассматривать уже как средство достижения «серьезных» целей. Подобные игры применяются в образовательном процессе, научных и социальных исследованиях, политике и обучении различным навыкам.

Понятие «Серьезные игры» точно характеризует суть игр, упомянутых ранее, и объединяет в себе серьезность поставленной задачи, необходимость серьезного подхода к ее решению и экспериментальную свободу игровой активности. Играя в серьезные игры, необходимо применять и аналитическое мышление ученого, и свободу проявления интуиции, воображения и творческого начала. Будучи интересными и увлекательными, серьезные игры в то же время точно отражают

реальное положение вещей, факты и ход событий рассматриваемой области деятельности, будь то политические, экономические, астрономические или биологические процессы. В ходе игры участники примеряют на себя различные роли, решают соответствующие им проблемы, разрабатывают стратегии, принимают решения и могут увидеть непосредственные результаты и последствия своих действий без риска для себя и окружающих.

Аудитория серьезных игр обычно очень разнообразна и включает учеников школ и вузов, специалистов в определенной области деятельности и обычных пользователей ПК.

Не нужно путать серьезные игры с симуляторами, потому что неотъемлемой частью любой игры является элемент соревновательности и возможность выиграть. Кроме того, как и для любых компьютерных игр, для серьезных игр свойственен захватывающий сюжет и система вознаграждений, способствующие мотивации игроков, их обучению и дальнейшему приобретению навыков.



*...неотъемлемой частью любой игры является элемент соревновательности...*

### **«СЕРЬЕЗНАЯ» БИОХИМИЧЕСКАЯ ИГРА FOLDIT**

В 2008 году группа ученых Университета Вашингтона под руководством профессора биохимии Дэвида Бейкера и профессоров информатики и инженерного дела Зорана Поповица и Дэвида Салеси-

на создала компьютерную он-лайн игру, которая может сделать вклад в развитие науки. Эта компьютерная игра называется FOLDIT («Сверни белок»), и девиз проекта – «Решай головоломки для развития науки» (рис. 1). Создатели игры предлагают людям по всему миру, независимо от их возраста и уровня образования, помочь научному прогрессу и поучаствовать в решении одной из самых сложных и важных задач биологии – определить правильную пространственную конфигурацию белка по его первичной последовательности.

Как известно, белки присутствуют в каждой клетке любого живого существа и, находясь внутри этих клеток, позволяют организму функционировать. Все белки различны, но, по существу, каждый белок – это длинная цепь соединенных между собой аминокислот. Аминокислоты представляют собой молекулы, состоящие из атомов углерода, кислорода, азота, серы и водорода. При образовании белка аминокислоты соединяются в неразветвленную цепь, и у каждой аминокислоты есть несколько атомов (называемых боковыми цепями), которые спускаются с основной цепи. Существует 20 видов аминокислот, которые отличаются друг от друга атомами, находящимися на боковых цепях. Эти 20 аминокислот распределяют по группам, в зависимости от их химических свойств: кислые, щелочные, гидрофильные (полярные) и гидрофобные (неполярные).

Несмотря на то, что белки – это цепи аминокислот, они редко выстраиваются в прямую линию. В зависимости от своих свойств, аминокислоты начинают взаимодействовать. Гидрофобные аминокислотные остатки слипаются друг с другом и прячутся внутрь белковой молекулы, где нет воды. Гидрофильные же остатки располагаются снаружи, потому что могут находиться в воде, содержащейся в цитоплазме. Противоположно заряженные аминокислоты притягиваются, а одинаково заряженные – отталкиваются. Там, где это возможно, между аминокислотами возникают дисульфидные мостики и водород-

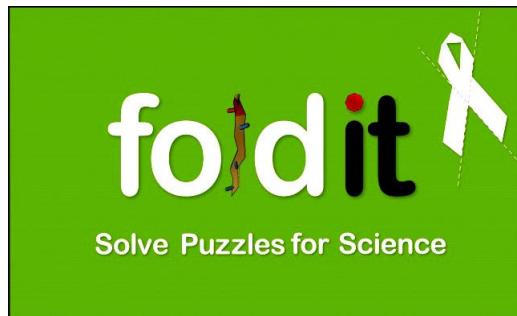


Рис. 1

ные связи. В результате всех этих взаимодействий белковая цепочка начинает изгибаться и сворачиваться и в итоге принимает форму компактного «клубка» – конформацию, при этом некоторые аминокислоты оказываются ближе к центру «клубка», а некоторые с краю, некоторые аминокислоты располагаются близко друг к другу, некоторые – на большом расстоянии (рис. 2).

Каждый вид белка принимает определенную, всегда одинаковую, конформацию. Большинство белков сворачиваются самостоятельно, но иногда требуется свернуть белок так, чтобы он принял определенную форму. При этом каждый белок сворачивается в такую форму, в которой он наиболее стабилен.

Та или иная конформация белка определяет его функции. Например, белок, который расщепляет глюкозу, для того



Рис. 2. Модель белка в игре FOLDIT  
(голубыми пунктирными линиями обозначены гидрогенные связи)



*...иогда требуется свернуть белок, так чтобы он принял определенную форму.*

чтобы клетки могли использовать энергию, содержащуюся в сахаре, имеет такую форму, которая сможет распознать глюкозу и соединиться с ней (как ключ и замок). Затем химически активные аминокислоты, входящие в состав белка, вступят в реакцию с глюкозой и расщепят ее, чтобы высвободить энергию.

На первый взгляд кажется, что вычислить, какую конформацию примет белок, исходя из его аминокислотной последовательности, несложно. Но это не так. Одна-единственная возможная конформация существует только для самых простых белков. Чем белок длиннее, тем больше различных конформаций он может принять, но только одна из них будет верной.

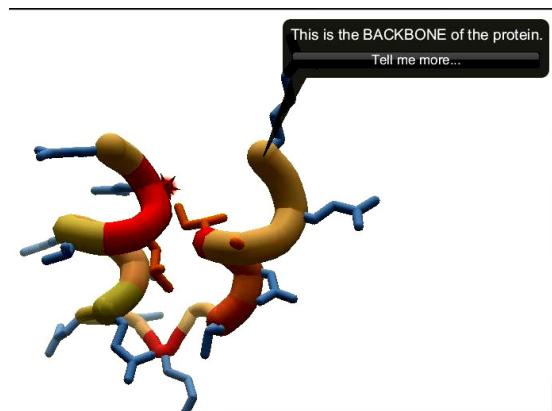


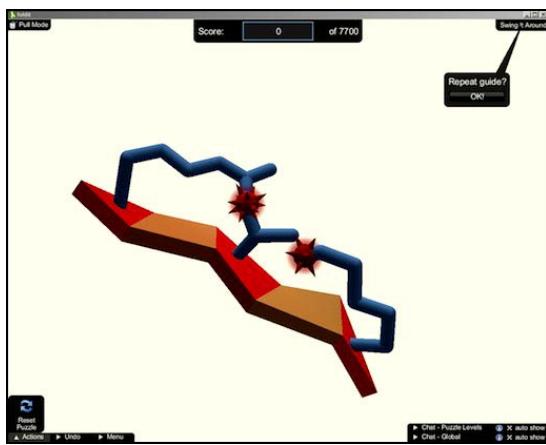
Рис. 3. Модель белка в игре FOLDIT с пояснениями на обучающем уровне

## ИТАК, КАКИЕ ЗАДАЧИ РЕШАЕТ ИГРА FOLDIT?

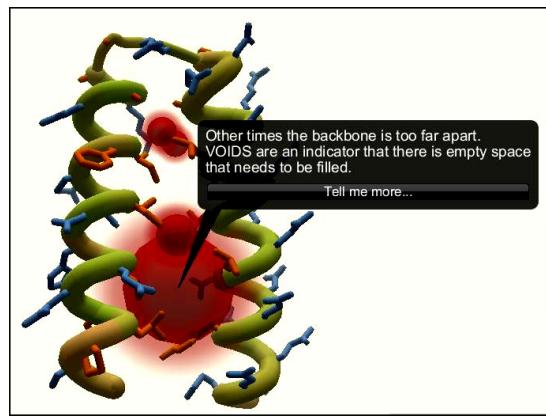
1. Расчет структуры белка: как было описано выше, знание структуры белка позволяет понять, как он работает и как можно воздействовать на него с помощью медицинских средств.

2. Моделирование белков: так как белки являются причиной многих заболеваний, они могут применяться и для их лечения. Создатели FOLDIT надеются, что игроки смогут спроектировать совершенно новые белки, которые могли бы предотвратить или даже вылечить тяжелые заболевания. Например, известно, что именно белки несут ответственность за такие неизлечимые на сегодняшний день заболевания как ВИЧ/СПИД, рак и болезнь Альцгеймера.

Итак, для решения серьезных проблем биохимии профессор Дэвид Бейкер решил привлечь многочисленных пользователей сети Интернет. Задача по проектированию и разработке игры FOLDIT, поставленная перед профессорами информатики и инженерного дела Зораном Поповичем и Дэвидом Салесиным оказалось нелегкой. «В любой обычной компьютерной игре цель известна, и она проектируется так, чтобы вести игрока к достижению этой цели. Что же касается белковых цепей, их правильная конформация и способ ее построения неизвестны» – говорит Попович. Таким образом, отсутствие единственно верного, заранее известного ответа для задачи значительно осложняет разработку игры, но в то же время является неотъемлемой частью любого научного исследования и позволяет игрокам серьезных игр в полной мере проявить способности своего мышления и интуиции. Кроме того, проектирование эффективных и занимательных серьезных игр требует от разработчиков глубокого понимания особенностей обучения участника, его мыслительных процессов, влияния эмоционального состояния игрока на результат и игрового процесса как такового. В дополнение к профессиональному



**Рис. 4.** Обозначение слишком близкого расположения боковых цепей друг к другу (обучающий уровень задачи)



**Рис. 5.** Обозначение слишком далекого расположения цепей друг от друга.

Пример также иллюстрирует систему подсказок на уровне обучения

проектированию игровых моментов, создателям серьезных игр необходимо проводить педагогическую экспертизу, исследования по проектированию интерфейсов и влиянию игры на пользователей.

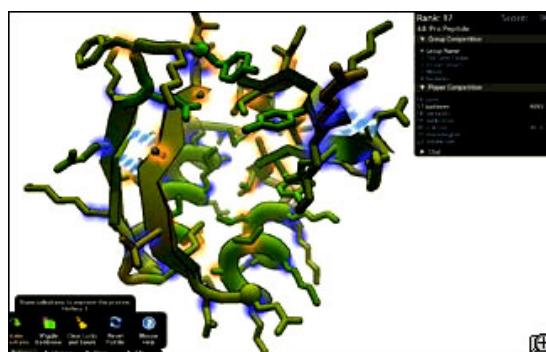
На первых нескольких уровнях игры участники узнают, как выглядят правильные конформации белка, по каким правилам он сворачивается, и знакомятся с инструментами и особенностями игры (рис. 3). Модель белка можно вращать и крутить в трехмерном пространстве, стягивать ее ответвления (называемые боковыми цепями), менять базовую структуру белка (основную цепь) и попытаться установить гидрогенные связи, то есть стабилизировать белок. Необходимой особенностью любой серьезной игры является точное соответствие компьютерной модели реальным свойствам и поведению предмета изучения. Так и в игре FOLDIT графически представлены все химические особенности белка.

Например, существует правило, что белковые цепи должны быть плотно свернутыми, но не слишком, иначе электрические заряды на различных участках боковых цепей будут отталкиваться. Слишком близкое расположение боковых цепей друг к другу обозначается в игре с помощью красных шариков с шипами (рис. 4), которые исчезают, если раздвинуть цепи.

Бывают ситуации, когда цепи располагаются слишком далеко друг от друга. Пустое пространство, которое необходимо заполнить обозначается красными шарами (рис. 5).

После прохождения обучающих уровней участники могут приступать к основному соревнованию (рис. 6), играя по одному или в команде. Чтобы придать игре необходимый для серьезных игр элемент соревновательности и мотивировать игроков к улучшению полученных результатов, существует система оценивания решений и рейтинг игроков по всему миру.

В настоящее время участникам предлагается работать с уже известными создателям конформациями белка, на этом



**Рис. 6.** Пример более сложной задачи основного соревнования



Рис. 7

этапе игры у разработчиков есть возможность отладить программное обеспечение, а также натренировать команды игроков. В скором времени Бейкер и Поповиц планируют ввести в игру такие модели белка, которые еще неизвестны науке, и тогда участники начнут работать над вакциной от ВИЧ и других серьезных и неизлечимых на сегодняшний день заболеваний.

Поповиц говорит, что проектировщики продолжают работать над усовершенствованием игры FOLDIT, и для этого они анализируют игру самых успешных игроков. Профессор химии Массачусетского технологического института Дэйн Уитрап считает, что подобный игровой подход к научным исследованиям оправдан: «Я предполагаю, что если они (создатели игры) подробно проанализируют стратегии успешных игроков, то они смогут автоматизировать эти стратегии и внедрить их в программу расчета структуры белка».

Программа, помогающая рассчитать структуру белка, уже существует – это программа «Розетта» (Rosetta@home) (рис. 7, 8), созданная Дэвидом Бейкером в 2005 году. «Розетта» высчитывает правильную конформацию белка, исходя из его аминокислотной последовательности, или, наоборот, подбирает оптимальную последовательность под структуру искусственно синтезируемого белка. Но и «Розетта» совершает ошибки. «Существует слишком много вариантов строения молекулы, – говорит Бейкер. – Если же увеличивается размер моделируемого белка, то сложность проблемы растет нелинейно, в таком случае компьютерные алгоритмы уже не справляются. Однако люди, используя свои интуитивные возможности, способны получить правильный ответ гораздо быстрее». Когда компьютер не может рассчитать, какой следующий шаг будет самым оптимальным, он начинает менять структуру белка случайным образом. И зачастую люди, работающие с компьютерной моделью, оказываются успешнее самих компьютеров, благодаря своему пространственному мышлению и интуиции.

Слепой тест показал, что в пяти из десяти предложенных заданий люди справились с задачей лучше, чем «Розетта», в двух случаях победил компьютер, а три случая можно назвать ничьей. Так, разра-

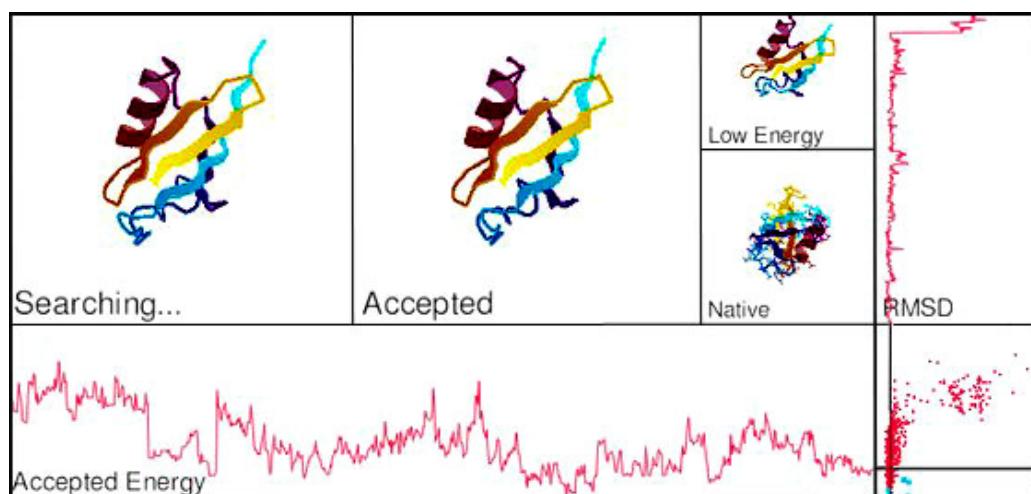
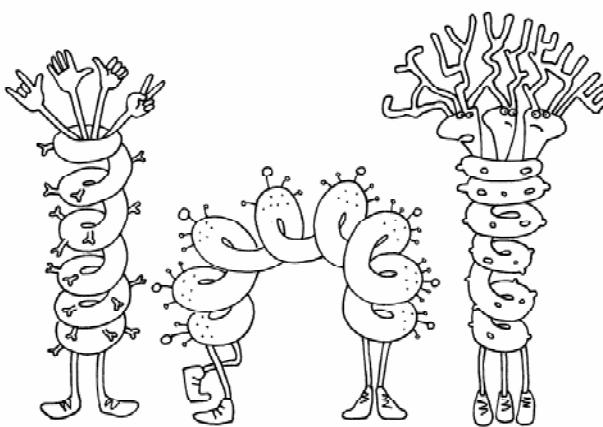


Рис. 8. Пример работы программы Rosetta@home

ботчики полагают, что самым оптимальным способом решения задач является объединение работы программы «Розетта» и FOLDIT. Тогда компьютер будет выполнять несложную работу по первоначальной укладке белковой цепи, а люди будут приступать к задаче уже тогда, когда необходимо применять более сложные рассуждения и интуицию.

Таким образом, возлагая большие надежды на участников проекта FOLDIT, создатели надеются, что игроки этой «серьезной» игры смогут сделать большой вклад в развитие биохимии и создать такие революционные конформации белка, которые коренным образом изменят наше представление о здоровье и современной медицине. Для получения серьезных и важных результатов разработчики игры предоставляют своим участникам все необходимое: чтобы сделать процесс задачи увлекательным и захватывающим, в систему введен общемировой рейтинг, представлены красочные и удобные интерфейсы с 3D моделями белка и разра-



*Если же увеличивается размер моделируемого белка, то сложность проблемырастет неминимо...*

ботана система обучения игроков и постепенное усложнение задач. Внешняя привлекательность и занимательность игры никак не мешает и научно-исследовательской стороне проекта – чистоте и аккуратности проводимых экспериментов, точности предоставляемых данных и возможности проводить собственные уникальные, не предусмотренные заранее исследования.

### **Источники**

1. Clark C. Abt. Serious Games, University Press of America, 2002.
2. Foldit. Официальный сайт <http://fold.it>
3. NESTA <http://www.nesta.org.uk>
4. Serious Game Design <http://seriousgames.msu.edu/>

*Дементьева Анастасия Павловна,  
аспирант кафедры информатики  
математико-механического  
факультета СПбГУ.*

