

基因與科學教育：教育遺傳學的視角

葉庭光^{1、2、*}

¹國立臺灣師範大學 地球科學系

²國立臺灣師範大學 海洋環境科技研究所

摘要

目前的文獻支持「遺傳」是對科學學習影響力最高的因子，影響程度約高於60%。如果我們希望能有效提升學生的科學學習，理論上，將學生的遺傳資訊納入教學規劃的考量，對學生的科學學習應該會有較佳的影響。然而，過去的觀念認為人類無法改變遺傳對我們的影響，而我們對遺傳如何影響學習所知也相當有限。本文試著分享遺傳學的策略與技術、以及在科學教育上可能的應用方向。我們認為遺傳學對於科學教育可以提供積極且正面的啟發，特別是從精準教育以及表觀遺傳的應用角度。其中，表觀遺傳學是晚近遺傳學研究的主流。科學家已經知道有許多表觀遺傳因子可以在不改變基因序列的前提下，改變基因的表現。換句話說，我們可以推想，如果學習者帶有不利於學習的弱勢基因，我們提供的教育策略或許可以透過表觀遺傳，將弱勢基因的表現翻轉。這樣的改變甚至可能遺傳到學習者的下一代。目前教育遺傳學研究領域仍處於相當初期的萌芽階段，具有高度不確定性。但是，唯有站在科學的觀點上積極投入研究，我們才有機會瞭解，可以運用什麼科學教育處方來改善先天的遺傳對科學學習的影響。

關鍵詞：表觀遺傳、教育遺傳學、精準教育

壹、緒論

如何有效提升全民的科學素養，是科學教育領域研究者關心的課題。在此前提下，科學教育研究學者長期致力於相關議題的開發與研究，包括發展科學教育課程、提升教師專業成長、評估教師與學生的能力與特質、科學教育政策發展、學習環境營造、評量工具開發等等。在進行這些研究時，一個總是放在核心的問題是，我們發展的策略，

對學習者的科學學習影響有多大？我們也總是試圖找到影響科學學習的重要因素。在各種可能影響學習者科學學習的因素中，一個經常被忽略，但近年來逐漸引發學術界注意的因子是「遺傳」。近年來的研究文獻顯示，遺傳是對科學學習影響力最大的因子。已有多篇包括雙胞胎研究(twin study)的報告指出，遺傳對「學生科學學業成就」的影響約占了60%，而環境(教學、社會、家庭)約僅占了40% (Haworth et al., 2008; Rimfeld et al.,

*通訊作者：葉庭光，tkyeh@ntnu.edu.tw；ORCID：0000-0002-3093-693X

投稿：2024/1/20，修訂：2024/6/30，接受：2024/6/30，線上出版：2024/08/28

2018)。即使已有充分的證據顯示遺傳很可能是我們目前所知影響科學學習最重要的因素，然而，學者們仍對遺傳學的研究是否能提供科學教育實質的啟發有所疑慮(Asbury & Plomin, 2013)。在過去相當長的一段時間，探索基因與認知能力、學習成效相關性的研究，甚至被視為是將學習者(族群、種族)貼上標籤，具有「政治不正確」的特質(Collins, 2004)。這個觀念導致這個領域的研究進展受到相當的抑制與影響。

近年來新興的「表觀遺傳學」(epigenetics)概念，顛覆了孟德爾遺傳學對人類行為／表現的預測。早期的遺傳學觀念認為一個基因的表現(gene expression)只受該基因上的DNA序列決定。譬如，Apolipoprotein E (ApoE)是一種負責運送血液中的脂質到肝臟的蛋白。過去認為ApoE的活性只受該基因的DNA序列所決定。一般人在ApoE基因上的一個DNA位點——rs429358可能具有不同的核苷酸類型，而這樣的差異將影響到ApoE的活性，進而造成有些人較另一種基因型(genotype)的人更容易產生認知老化的症狀(Davies et al., 2014)。這樣的觀念讓民眾感覺到，人類受到基因影響的部分，是先天被決定的，我們沒有能力去改變。

有趣的是，近年來表觀遺傳學的研究證實了有一些因子(表觀遺傳因子，如microRNA)，能在不改變DNA序列的前提下，引發穩定、長期的基因表現改變，調控我們的行為或認知能力。科學家也發現表觀遺傳因子經常會受到環境因素(如環境壓力、環境化學物質等等)影響，啟動表觀遺傳調控。特別值得注意的是，即使DNA序列沒有發生改變，表觀遺傳調控所導致的行為或能力改變，似乎也能遺傳至下一代(稱之為表觀遺傳的隔代遺傳效應，transgenerational epigenetic

inheritance)。譬如，兒童受到壓力或虐待導致的憂鬱症，很可能在表觀遺傳的作用下，持續遺傳到這個兒童的後代，即使他的後代並未接觸到類似的環境壓力(Franklin et al., 2010; C. Park et al., 2019)。這個現象引發我們進一步想像，我們塑造的學習環境，很有可能透過表觀遺傳作用調控學生的基因表現，進而改善學生的學習。表觀遺傳這個令人振奮的新觀念某種程度上也隱含著下面的猜測：即使我們某個基因的表現原本是不利於學習的，如果我們能找到適當的環境因子來啟動表觀遺傳，就有可能改變這個基因的表現，轉變為有利於學習。甚至，這樣的非基因導致的優勢表現，是可能會遺傳到下一代的。

從適性學習以及表觀遺傳學的角度，基因體學在科學教育上很可能將具有積極的影響力，不過這個領域的研究進展，需要有相當的軟體與硬體技術的支持，以及更多研究學者的投入才有可能看到曙光。在本文中，我們將依據目前的研究證據，從遺傳對人類科學學習的影響開始，逐步介紹基因體學、後基因體時代，以及表觀遺傳學研究取向應用於科學教育研究的現況與未來性。

貳、人類科學學習受遺傳調控的比重

行為遺傳學主要在探討遺傳對於人類行為的影響。在行為遺傳學上，基因型(genotype)與表現型(phenotype)是經常會出現的兩個名詞。基因型反映出我們基因的遺傳特徵，可以是單一基因的遺傳特徵，或是多個基因共同產生的遺傳特徵。這些遺傳特徵通常是因為個體之間DNA的差異所導致。表現型則是指我們表現出來的型態或生理／心理特徵。行為遺傳學家所關心的各種表現

型，包括了生物的各種行為以及可能與這些行為密切相關的各種認知功能，譬如，我們的學業成就、執行功能、推理能力等等。人類的各種表現型經常是由遺傳、環境，以及遺傳與環境的交互作用共同調控。針對每一種表現型，有可能存在著單一基因調控該表現型；也可能是多基因共同控制該表現型。基因對於表現型的影響，很可能會隨著人生長發育、性別差異而有所不同，這些內涵都是行為遺傳學研究的目標。

雙胞胎研究是行為遺傳學研究的重要工具，可以幫助我們瞭解遺傳對行為的影響程度。雙胞胎一般包含了同卵雙生與異卵雙生兩種。同卵雙胞胎在基因上完全相同；而異卵雙胞胎則共享50%的分離基因。當雙胞胎成長在相同環境時，環境對雙胞胎的影響大致是相同的。透過對環境條件的控制，學者們可以運用統計工具來比較同卵雙胞胎與異卵雙胞胎在特定行為表現上的差異，進而推算出遺傳對於特定行為的影響程度(Gielen et al., 2008)。譬如，若在變項控制得宜的實驗中，同卵雙生在某個表現的相似度顯著高於異卵雙生，很可能就反映出這個表現受到遺傳影響的程度較高。Robert Plomin是行為遺傳學領域的卓越學者，他與Haworth及Dale合作，在2008年的*International Journal of Science Education*期刊發表“A twin study into the genetic and environmental influences on academic performance in science in nine-year-old boys and girls”一文。該論文指出，基因(遺傳)對學生「科學學業成就」的影響約占了60%，而環境(教學、社會、家庭)約占了40%。近年來，也已經有越來越多的研究嘗試分析「遺傳」對科學學習的影響，這些文獻幾乎一致顯示，遺傳對科學學習的影響可能高於60% (Rimfeld et al., 2018; Shakeshaft et al., 2013)。Rimfeld等從一萬六千多對雙胞

胎中，徵求6,710位受試者進行學業成就遺傳程度的研究。這些學業成就包含了科學、語文，以及數學。研究結果顯示，遺傳對於不同年齡層受試者的學業成就影響程度，大約占了52 ~ 72%。de Zeeuw等於2015年發表了一個以分析61篇雙胞胎研究為基礎的後設分析，這個研究中包含了5,330對同卵雙生和7,084對異卵雙生的小學生樣本，分析結果顯示，遺傳因素影響閱讀能力約為73%，影響閱讀理解約為49%，影響數學表現約為57%，影響拼字為44%，影響語言為64%，影響學業成就的程度約為66%。上述研究顯示，「遺傳因子」在所有影響科學學習或認知能力的因子中，扮演了最重要的角色。即便如此，我們目前對於遺傳是如何影響科學學習、或遺傳與教學、環境如何進行交互作用所知甚少。

參、早期遺傳學的研究取向

距今不過70年前，華生(James Watson)與克里克(Francis Click)提出DNA雙螺旋的結構，開啟了遺傳和基因體研究的新世代。人類擁有23對不同的染色體，成對的每一條染色體分別由親代細胞複製而來，由近30億個核苷酸排列組成。基因則是位於染色體上，通常是具有功能性的一段核苷酸序列。基因可以透過轉錄與轉譯形成人體的蛋白質。蛋白質是決定人類各種生理機能最關鍵的因子。以學習行為為例，對人類的認知表現影響最直接的，應該屬於神經系統相關的蛋白質。這些蛋白質包括了神經傳遞物質(Dopamine、Glutamate、Serotonin、Acetylcholine、 γ -aminobutyric acid、Epinephrine、Nor-epinephrine等)、以及這些神經傳遞物質的接受器、運輸蛋白、分解酶、離子通道、營養支持蛋白等等。上述

這些蛋白的活性或濃度經常與神經生理、認知表現具有相關性。

我們經常可以發現不同的個體基因中的DNA序列存在些微的差異(單核苷酸多型性, Single-Nucleotide Polymorphism, SNP), 這些SNP的差異有可能會反應在基因的表現上, 導致不同個體受基因調控的蛋白活性或濃度具有落差, 造成生理與行為的差別。以腦源性神經滋養因子(Brain-Derived Neurotrophic Factor, BDNF)為例, BDNF是存在大腦中, 支持神經生長與突觸形成的重要蛋白質, 也是目前被認為與學習記憶高度相關的一個重要因子。rs6265是BDNF基因上一個重要的SNP, 部分人類的rs6265可能帶著A鹼基的核苷酸, 而部分人類可能帶有G鹼基核苷酸。不同rs6265基因型可能會導致BDNF分泌量、運輸能力、以及神經可塑性的差異, 進而影響了不同個體在運動、精神狀態、或認知能力上的表現(Karnik et al., 2010)。

如果研究者嘗試瞭解哪些基因會影響學習者的科學學習, 從探討基因型與表現型間的關聯性著手, 是相當基礎而重要的一種研究取向。建立起基因與特定認知能力間的相關性之後, 研究者將可以持續藉由細胞或動物為研究對象, 設計實驗來確認基因與認知功能的內在神經迴路機制或因果路徑。從學術資料庫的搜尋可以發現, 探討基因型與認知、學習相關性研究取向的論文正快速增加中。譬如, 近10年來, 已經有相當多的研究探討不同基因型與學業成就間的關聯性(Calapoğlu et al., 2011; Selzam et al., 2017; Yeh et al., 2009)。許多研究也觸及探討SNPs與問題解決能力(Grunst et al., 2021; Roussos et al., 2008; Zhang & Zhang, 2016)、後設認知(Lehmann et al., 2023)、學習態度(Frank & Fossella, 2011; Grunst et al.)、情緒(Bevilacqua

& Goldman, 2011)間的關聯。然而, 僅探討SNPs與表現型間相關性的研究取向正慢慢地改變中。這是因為科學家在很早之前就清楚知道這個研究取向最大的挑戰在於我們的行為通常不能以單一基因的變異來解釋。相較於單一基因異常即會導致的疾病(single gene disorders), 人類的各種行為經常同時受到多組基因與環境間交互作用所調控。因此, 當研究者初步發現單一基因型與表現型間的相關時, 不應驟下定論該基因與表現型間的關係, 而應嘗試推估表現型背後的分子生物機轉(mechanism)以及多基因調控遺傳的可能性, 透過細胞模式建立基因如何透過基因表現進行表現型的調控。若研究的行為標的有可能是多基因遺傳, 則需要透過更多基因資料的收集進行分析。這樣的思維將可以避免對於基因與學習行為的相關性研究結果產生以偏概全的解釋。如果我們想對於疾病或行為的機制能有更完整的理解, 需要投入更多的資源進行大量基因型的分析以及與基因型與表現型的相關性研究, 以及後續的細胞與動物實驗, 以獲得更趨近完整的基因資料庫。這個想法催生了由美國官方主導, 自1990年開始推動以解構人類基因序列為目標的跨國性人類基因組計畫(Human Genome Project)。花了十多年的努力, 此計畫於2003年宣告完成(Collins et al., 2003)。同時宣告全球進入後基因體時代。

肆、後基因體時代的研究導向

後基因體時代開啟了基因體學研究典範的轉移, 包括了高通量科技介入以及研究取向的拓展。高通量基因分析技術的開發為基因體學研究大幅躍進的功臣。換句話說, 引領後基因體時代的關鍵, 在於能夠大量、且快速分析基因的技術引入。早期的基因定

序策略(sanger sequencing)，是將待定序的小片段基因切下來，透過聚合酶連鎖反應(Polymerase Chain Reaction, PCR)進行片段數量增幅，並由雙脫氧核糖核苷酸隨機終止單一片段合成，獲得各種不同片段讀長，以利後續電泳與螢光分析。這個方法受限於我們只能分析相當有限的DNA序列讀長，造成無法準確分析較長的基因序列，除此之外，分析每個SNP的時間長，經常需要數天至數週，且同時間能分析的樣本數相當有限。在技術的限制之下，研究者能採取的研究取向經常是探討個別SNPs與表現型之間的相關性。相對的，2000年後逐漸成熟的高通量技術克服了這個問題。最為研究領域耳熟能詳的高通量分析技術，包括全基因關聯分析(Genome-Wide Association Study, GWAS) (Price et al., 2006)以及次世代定序(Next Generation Sequencing, NGS) (Koboldt et al., 2013; Metzker, 2010)。這兩種技術的演變相當迅速。GWAS首次亮相於2005年，原理是利用基因晶片，快速分析晶片上已建置的SNPs位點。以500K晶片為例，晶片上建置了50萬個SNP位點提供快速分析。GWAS技術挾著快速、準確、大量分析的效能席捲全球。在短時間就能夠分析眾多受試者的大量基因，也促使了許多新興系統分析法以及研究取向的發展。但是分析儀器與費用高昂，除了國家級實驗室或跨國合作單位外，一般實驗室難以負擔。

當許多研究者還在積極思考應如何結合GWAS系統應用於自己的研究時，在2009年10月於全美人類遺傳學大會，以「Impact of Next Generation Sequencing」為主題，賦予新技術NGS系統高度期許(Oetting, 2010; Sharma et al., 2014)。這一個震撼研究者的新產品，立即席捲了各國家級基因體學實驗室基因體分析科技，成為基因體分析的主流。過去科

學家花了10年才能獲得的基因序列定序，運用次世代半導體晶片分析，在數天之內就可以完成全人類基因分析。然而，很快的，被稱之為第三代定序的Nanopore技術平臺(Bayley, 2015)在2017年左右逐漸發展成熟，很快地已經開始挑戰NGS在基因分析技術領域的龍頭地位。Nanopore技術具有讀取較長基因序列、定序速度快、成本較低的優點，最重要的是，此技術可以讀取到表觀遺傳的標記(epigenetic markers)，這是GWAS與NGS技術難以達成的(Y. Liu et al., 2021)。

這股基因體分析技術快速更迭的風潮開啟了研究的新典範。首先，隨著高通量技術的推動，我們已有能力透過全基因體定序掌握人類染色體上變異位點。因此，科學家能夠將研究重心逐漸轉移至探索影響基因轉錄以及調控基因表現的因子，譬如近年來深受重視的非編碼RNA (non-coding RNA, ncRNA)。RNA有很多種類，可以依據基因的訊息編碼蛋白質的RNA (message RNA)稱之為編碼RNA，而不具編碼蛋白質能力的RNA則稱之為非編碼RNA。非編碼RNA又包含microRNA、piRNA、siRNA、snRNA等不同種類。這些因子在DNA轉錄過程扮演關鍵角色，進而調節基因表現，影響人類的生理功能。不過，至今我們對於這些因子的功能與作用機制瞭解仍然相當有限。科學家除了將研究重心拓展至影響基因轉錄以及表現的因子之外，高通量分析平臺提供的大量的基因資訊透過系統生物學的統計、分析與演算，幫助我們建立起遺傳訊息、蛋白質、環境等因子間的系統模型。這些系統模型已經逐漸引導科學家將研究視野從較重視化約觀(reductionism)研究取向(逐步建立基因型與表現型關係的)，逐漸轉換到化約觀與系統觀(從整體系統來思考如何解開基因進行轉錄，調

控蛋白質與生理機制的系統觀) (Mardis, 2008) 並重的研究取向。

近年來已有研究運用GWAS技術於分析學業成就、情緒、各種認知能力與遺傳間的關聯(Benjamin et al., 2014; Davis et al., 2014; Donati et al., 2021)。Donati等使用雅芳孩童與父母縱貫研究資料庫(Avon Longitudinal Study of Parents and Children)，分析英國11歲與14歲學生的遺傳SNPs與英文成績($n = 5983$)、數學成績($n = 6017$)以及科學成績($n = 6089$)的關聯。這個研究使用了Illumina公司的HumanHap550晶片，晶片微陣列上超過550,000個SNPs。研究結果顯示了這三個學科受到高度遺傳的影響，並且找到了4個影響科學學習的基因(MEF2C、BRINP1、S100A1、和S100A13)，以及一個SNP點位(rs952964)。

值得注意的是，運用GWAS技術分析晶片上SNPs與認知能力或學業成就的相關性時，不一定能獲得預期的顯著結果。這是因為GWAS晶片上只能承載有限的SNPs位點分析。目前所知人類的SNPs大約為八千萬個，這個數量遠遠高於現在GWAS晶片所能處理的量。因此，多數市售GWAS晶片上SNPs位點的選擇，經常是從各種基因體相關的資料庫中(譬如National Center for Biotechnology Information, NCBI)，挑選曾經有研究報告指出與疾病的發生具有高度相關的SNPs位點，而不是將所有人類的SNPs納入。值得注意的是，導致我們認知能力差異的SNPs位點並不一定會直接導致疾病的發生，因此，這些教育領域學者較關心，影響認知能力的SNPs有可能不會被收錄於GWAS晶片之中。除此之外，認知能力經常受到多基因與環境交互作用所調控，導致每個基因影響特定認知能力的貢獻可能相對有限，因此，從GWAS分析中雖可以計算出特定認知能力受遺傳影響的程

度，但不容易觀察到單一基因或SNP與特定認知能力間的顯著相關(Fitzgerald et al., 2020)。

在NGS平臺應用於教育領域研究方面，Franić等(2015)徵求了191名高智商與低智商的5 ~ 18歲受試者，運用NGS技術分析位於外顯子(exon)上的168個候選基因上共2,900個變異點與智力間的關聯，在研究中並未發現有意義的相關性存在。Koomar等(2021)徵求350個受試者進行全基因序列掃描，評估遺傳對語言能力的影響。研究結果發現N-deacetylase and N-sulfotransferase 4 (NDST4)以及glutamate ionotropic receptor NMDA type subunit 2A (GRIN2A)基因的變異與語言能力具有顯著相關。值得關注的一點是，相較於傳統定序以及GWAS，運用NGS技術建立學業成就與認知能力的遺傳或分子生物學機制的研究相當少。主要的原因很可能是次世代與第三代定序技術的成熟期距今不過數年，各國政府投入研究經費的方向還是優先著重於具有較高應用價值的生物醫學領域，尚未擴及認知心理學與教育領域。此外，數年前次世代基因定序價格相當高昂，限制了研究的進展。2010年分析一個受試者檢體的全基因定序(Whole Genome Sequencing, WGS)價格大約為五萬美金，目前的價格已降至約新臺幣五萬元，第三代定序平臺Nanopore的定序價格預期還有調降空間。因此，目前在基因分析價格上的友善條件應能促成基因體學應用於社會科學研究的成長。

伍、基因體學應用於科學教育的未來發展

行為遺傳科學對教育發展是否能重要的啟發，應是無庸置疑的。從近年來已有越來越多的大型研究團隊投入教育遺傳學的

研究領域，以及回顧型文獻對這個議題的論述，在某種程度上都可以反映學者們對這個研究取向的期待(Asbury & Plomin, 2013; Krapohl et al., 2014)。多數的回顧型文獻的主要論述多著重於討論基因體學的介入可以幫助我們更進一步瞭解學習的機制。在本文中，我們進一步討論較少文獻提及的未來發展方向，包括精準教育(precision education)以及表觀遺傳調控。

一、精準教育

精準醫療(precision medicine)已被視為是未來醫療的主軸(Denny & Collins, 2021; Ginsburg & Phillips, 2018)。傳統上，當醫師診斷出患者罹患的疾病之後，經常會參考、遵循「治療準則」進行治療及處方(譬如華盛頓醫學治療手冊)。這些治療準則經常是透過過去許多科學的實證研究或實驗研究的歸納中產生出來的。然而，在實際的治療過程中，科學家也發現，每個患者對治療策略或藥物的反應並不相同，這導致了醫師在問診的過程中，需要隨時檢視病歷紀錄，依據每位患者對治療或藥物的反應進行處方調整。現在的主流醫療認為，不同個體對於治療反應的差異主要導因於基因的影響。因此，在我們對於基因與環境互動如何調控生理與病理具有充分瞭解的前提之下，透過基因資訊輔助診斷以及處方，將可以大幅度提高對患者的分類和治療的準確性。換句話說，依據患者的基因檢測結果量身訂作「個人化」的醫療處置，將可以獲得最佳療效。譬如，人類cytochrome P450 2D6 (CYP2D6)是一種肝臟中的代謝酶，它參與了相當多藥物的代謝與清除。目前已有相當多的證據支持CYP2D6基因的變異，將導致CYP2D6代謝酶的作用差異而影響藥物代謝速率(Magarbeh et al., 2021)。

換句話說，不同患者會因為CYP2D6基因型的差異，導致特定藥物在他們體內的濃度以及存留時間產生差異，影響藥物對人體的作用與副作用。因此，若醫師能依據患者的基因資訊調整藥物處方的劑量，將對治療效果具有舉足輕重的影響。另一個例子是抗心臟衰竭的藥物BiDil[®]，此藥物並非對任何人都有效，而是僅對非裔族群有效，因此，在醫師開立處方之前，透過基因檢測將有助於治療的有效性(Callier et al., 2022)。

精準教育並非一個新觀念。楊鎮華教授在2019年的IEEE International Conference on Consumer Electronics的研討會中即討論到精準教育的內涵，而*Educational Technology & Society*期刊在2021年也曾以精準教育為主題發表了一系列的論文(Yang, 2021)。教育領域研究學者長期深耕於發展教學策略、營造學習環境、發展評量工具診斷學習者的先備知識、認知能力、動機、信念與學習風格等，這些因子過去較少系統性的整合在教師的課程規劃中(Luan & Tsai, 2021; Yang)。高速執行運算的處理器(如GPU)的開發，大大的拓展了人工智慧、機器學習和深度學習的應用。上述軟、硬體科技也讓精準醫療或精準教育的演算向前大步躍進。如果我們能廣泛收集到大量學習者的各種特質、面對各種教學環境、各種教師特質與教學風格的反應，藉由高速運算與演算法的支援，或許就能針對不同特質的學生提供較佳的教學處方。

精準醫療的基礎建立在各種疾病所導致的症狀、症狀的治療策略、以及相關基因這三者之間的關聯性。由於基因分析以及演算技術推展，特別是快速而低廉的全基因掃描以及分析與決策演算法的開發，精準醫療不但已經成為正式的醫療策略，也被醫學領域賦予高度期待。如果我們將精準醫療中的

「治療」置換成「教育」，或許就比較容易理解本文所提出的「精準教育」概念。疾病所產生的症狀，以及學生所展現出來的各種認知能力或學科成就，都可以視為是一種表現型，而教學策略則可以視為是一種改善認知能力的處方。與精準醫療的概念相似，精準教育的願景是針對學習者的個體差異，提供學習者反應最佳的教學策略。因此，在實施精準教育之前，科學家需儘可能瞭解導致不同個體在認知能力或態度差異的原因，並瞭解不同的教學策略對不同個體的影響。這個過程其實與過去經常被提及的適性化學習很類似，譬如當科學教育者嘗試提升學生的科學閱讀理解能力時，總是會先評估學生的起始能力、先備知識等，依據學生的特色規劃教學策略。與精準醫療一致，精準教育最大的特色在於基因資訊的納入。如同前文所提及，文獻指出人類的認知能力受遺傳的影響程度可能超過50%，將這個因素納入到教育策略的考量中，預期更能夠提出對學習者有效的教學方案。譬如，文獻指出遺傳因素影響閱讀理解能力占比約73%，教師在規劃課程之前，能同時瞭解個別學生因為帶有特定基因型可能導致的學習困難，或知道學生們因帶有特定的基因型而對特定的教學法能夠有最佳的學習效果，相信將更能規劃出有效提升學生科學閱讀理解的教學策略。

二、表觀遺傳

前已述及，表觀遺傳是指在不改變DNA序列的前提下，基因表現仍能受到表觀遺傳因子調控，引發穩定、長期的改變，進而促成我們的行為或認知能力產生改變。基因主要是透過基因的表現調控蛋白質的產生，影響我們的性狀或生理反應。早期遺傳學認為這個過程主要涉及了DNA轉錄(transcription)以及RNA轉譯(translation)。DNA轉錄過程是

以DNA鏈作為模板，生成互補的RNA鏈。接著，將這個RNA鏈中的序列進行解碼，生成對應的胺基酸序列，最後構成蛋白質。在這樣的觀念之中，DNA的表現是以DNA序列為腳本，由DNA的序列影響最終蛋白質的產生。但是這樣的觀念已經被現代的科學家調整重構，目前的學者們發現有許多分子／機轉同時參與在基因表現的過程中。這些分子／機轉並不完全受DNA序列的控制，但是會調控基因的表現，被稱之為表觀遺傳因子。

目前科學家已發現的表觀遺傳因子包括：(一) DNA的修飾(modification)；(二) RNA的修飾；(三) 組蛋白的修飾(histone modifications)；(四) 非編碼RNA調控。DNA的修飾主要以DNA中的胞嘧啶(cytosine)上部分區域的甲基化(methylation)為主，這個機制被認為與調控DNA轉錄有關，但實際的作用仍不是十分清楚(Maunakea et al., 2010)。目前已有許多研究支持神經細胞DNA的甲基化影響記憶的形成(Day & Sweatt, 2010; Morris & Monteggia, 2014)。RNA的修飾是近10年才開始受重視的研究議題。RNA的修飾通常發生在DNA轉錄之後的轉譯過程中。其樣態相當多元，目前發現包括各種甲基化的修飾高達上百種(N. Liu & Pan, 2015)。目前已有文獻指出RNA的修飾與人類長期記憶的形成有關(Novikov et al., 2021)。組蛋白的修飾包括甲基化、乙醯化、磷酸化、苯甲醯化等等。組蛋白修飾是透過影響染色質的結構以及蛋白質間的相互作用來調控基因表現(J. Park et al., 2022)。目前已有研究指出，組蛋白的修飾參與神經再生以及神經退化疾病的進程(J. Park et al.)。非編碼RNA是一群長度和功能各異的轉錄序列的總稱。人類對這一群分子的種類與影響所知雖然很有限，但是已經知道他們對於細胞生理功能具有關鍵的地位，特別是RNA修飾、訊號傳導、基因表現和蛋白質合成。目前科學家依

據其序列的長短(以200個核苷酸為界)，將非編碼RNA區分為長非編碼RNA以及短非編碼RNA (Loganathan & Doss C, 2023)。這些分子對於人類的生理與心理具有重要影響，譬如，短非編碼RNA中有一群分子稱之為microRNA，主要作用在參與DNA轉錄後的基因表現調控。已有報告指出microRNA與學習成就之間具有關聯性(Lee et al., 2021)。

影響人類性狀以及生理的主要物質是蛋白質。表觀遺傳的證據顯示，在基因表現的過程中，DNA的序列已非唯一影響蛋白質產生的因素，相對的，在這個過程中有許多表觀遺傳因子參與其中，影響表現的結果。值得注意的是，目前已有相當多的文獻指出，這些表觀遺傳因子會受到環境因素所調控。換句話說，如果人們可以影響環境因子，就有可能得以影響基因的表現過程，進一步改變人的表現。目前所知道可以影響表觀遺傳環境因素包括壓力、睡眠、飲食、飲食習慣、有毒化學物質等等。譬如，長期睡眠不足被認為會透過多重表觀遺傳調控，影響人類的認知、記憶、或心血管疾病(Gaine et al., 2018)。

這個結果對於科學教育研究領域而言是相當值得振奮的。即使我們知道學生的科學學習成就可能高達六成是受到遺傳的影響，但是，我們仍然可以透過外在環境去調控表觀遺傳因子，影響基因表現，促成學生表現提升。不可否認的，目前教育整合表觀遺傳的研究還處於相當初期的萌芽階段，相關的研究成果相當有限。Frias-Lasserre等(2018)認為教育環境與壓力將透過表觀遺傳調控影響認知以及心理健康障礙。Raffington等(2023)徵求1,183位年紀介於8 ~ 19歲的受試者，發現受試者的表觀遺傳因子(DNA的甲基修飾)與社經地位、處理速度、執行功能、推理能

力、語文理解、閱讀，以及數學表現具有相關性。Lee等(2019)也提出學業成就與表觀遺傳因子(DNA的甲基修飾)具有顯著相關性。這些先導性研究開啟了透過表觀遺傳調控基因表現，以改變學生的認知能力與科學探究能力的可能。未來相當值得科學教育學者投入的主要方向或許將會是：那些科學教育所運用的策略，會活化／抑制表觀遺傳因子，進而影響學習成效。這個取向的研究需要與分子生物學者共同建立長期追蹤的資料庫，收集學習者在學習過程中的各項指標，較能有效獲得預期成效。

陸、結論

目前的雙胞胎研究支持遺傳是影響科學學習最高的因子。因此，如果我們希望能有效提升學生的科學學習，理論上，將學生的遺傳資訊列入教學規劃的考量，對學生的科學學習應該會有較佳的影響。然而，我們對遺傳如何影響學習所知相當有限。本文嘗試分享遺傳學上主流的研究策略以及未來可能在科學教育上的研究取向供研究者參考。傳統上，較常見的研究典範是從建立基因型(基因上的點變異)與表現型(科學教育關心的素養)間的相關性切入。當研究者發現相關性之後，可以透過細胞實驗、動物實驗、或進一步運用神經影像來建立遺傳調控的機制與因果。這個研究取向的發展從早期昂貴耗時的單一點變異分析技術，進展至現在透過GWAS晶片就可以快速獲得大量SNPs資訊，應該會是科學教育學者切入這個研究領域相當好的起始點。後基因體時代發展出來的次世代與第三世代基因定序技術帶來新的研究典範，也提供了學者們另一種研究取向的選擇。透過大量而快速的基因定序，有助於我們從系統觀來檢視科學學習背後的遺傳、神

經生理與認知功能的機制網絡。在此同時，目前的遺傳學研究也逐漸將研究取向拓展到著重DNA轉錄與DNA的表現過程中，這個過程有相當大的一部分是屬於表觀遺傳學的研究範疇。在這個研究取向上，目前鮮少有教育或科學教育研究者參與，但是，整合遺傳學與教育研究是一個已經逐漸受到矚目，且未來也勢必需要整合的研究領域。本文提出兩個遺傳學對科學教育具有未來性的應用與研究取向，分別是精準教育以及表觀遺傳調控。精準教育描繪出我們能夠依據學習者的特質，準確而有效的提供每一個學習者相應的教學。而表觀遺傳調控則是展望我們的教育策略可以影響表觀遺傳因子，促使認知能力長期而穩定的提升。然而，上述兩項發展必須立基於穩定、高速、廉價的全基因序列分析技術、各種生理與行為變項的有效評量工具、學習行為背後分子、細胞、動物機制的建立，以及演算法的支持。

隨著基因分析平臺技術的躍進以及AI與生物演算支援，目前的環境已經逐漸適合科學教育學者進入教育遺傳學的領域。科學教育學者的介入對於教育遺傳學的進展將扮演關鍵角色。雖然WGS技術已經可以有效提供大量的遺傳資訊，然而，科學教育學者的參與將可以釐清應收集那些師生與環境的變項資訊、應如何編製具有高信、效度的評量工具、應如何徵求受試者，更重要的是如何依據分析結果進一步規劃因應的教學策略，進一步探討這些策略與遺傳之間的關係等等。我們期待透過多元領域學者的投入，能夠幫助我們釐清學生的學習困難，並透過可行的策略改善學習。譬如，如果學習者帶有不利於學習的遺傳風險，我們的教育策略是否有緩衝這個風險的可能？我們是否應該幫助他們藉由其他優勢能力來學習弱勢學科？還是我們有機會改變學生的認知能力？教師與家

長是否有可能透過環境的營造，調控表觀遺傳，讓學生在認知弱勢的表現逐漸改善，甚至翻轉下一代的能力？這些問題需要多元領域的學者、教師、與受試者長期參與才有可能逐漸明朗。

不可否認的，目前教育遺傳學這個研究領域或許仍未見曙光，且具有高度爭議與不確定。譬如，即便精準醫療已受臨床醫學領域高度重視，但是，實際上我們已經可以運用基因資訊進行精準醫療的醫療策略還相對有限。這是因為透過大量數據進行演算時，是以群眾作為統計分析的背景。一旦要將這樣的演算結果實際運用在個人，並不一定能達到預期效果(Scherz, 2022)，科學家仍然需要先在實驗室中獲得更穩定的證據，或透過臨床進行謹慎觀察才能確保精準醫療的可行性。在精準教育上，預期也會遇到類似的困難，特別是科學教育所關心的高層次認知能力，如系統思考、後設認知，以及問題解決，經常是屬於統整性能力，因此，在比對這些能力的遺傳基礎上，將會具有相當的複雜程度。除此之外，也將會有倫理以及政策、法令的問題會逐漸凸顯出來。但是，唯有站在科學的觀點上投入研究，我們才有機會瞭解，面對從先天上影響我們，並導致學習差異的基因遺傳，我們可以運用什麼科學教育處方來改善。

誌謝

本文蒙國家科學及技術委員會專題計畫經費補助，計畫編號111-2410-H-003-020-MY3，特致申謝。作者衷心感謝一直以來共同協助精緻化本研究概念的學者：張俊彥教授、李銘仁教授、胡忠怡教授、李麗卿博士、林佩蓉小姐、卓映君小姐、黃馨瑩小姐。

參考文獻

- Asbury, K., & Plomin, R. (2013). *G is for genes: The impact of genetics on education and achievement*. Wiley-Blackwell.
- Bayley, H. (2015). Nanopore sequencing: From imagination to reality. *Clinical Chemistry*, 61(1), 25-31. <https://doi.org/10.1373/clinchem.2014.223016>
- Benyamin, B., St Pourcain, B., Davis, O. S., Davies, G., Hansell, N. K., Brion, M.-J. A., Kirkpatrick, R. M., Cents, R. A. M., Franić, S., Miller, M. B., Haworth, C. M. A., Meaburn, E., Price, T. S., Evans, D., Timpson, N., Kemp, J., Ring, S., McArdle, W., Medland, S. E., ..., Visscher, P. M. (2014). Childhood intelligence is heritable, highly polygenic and associated with FN-BP1L. *Molecular Psychiatry*, 19(2), 253-258. <https://doi.org/10.1038/mp.2012.184>
- Bevilacqua, L., & Goldman, D. (2011). Genetics of emotion. *Trends in Cognitive Sciences*, 15(9), 401-408. <https://doi.org/10.1016/j.tics.2011.07.009>
- Calapoğlu, M., Şahin-Calapoğlu, N., Karaçöp, A., Soyöz, M., Elyıldırım, Ü. Y., & Avşaroğlu, S. (2011). Serotonin transporter bi- and triallelic genotypes and their relationship with anxiety and academic performance: A preliminary study. *Neuropsychobiology*, 63(2), 103-111. <https://doi.org/10.1159/000317550>
- Callier, S. L., Payne, P. W., Jr., Akinniyi, D., McPartland, K., Richardson, T. L., Rothstein, M. A., & Royal, C. D. M. (2022). Cardiologists' perspectives on BiDiL and the use of race in drug prescribing. *Journal of Racial and Ethnic Health Disparities*, 9(6), 2146-2156. <https://doi.org/10.1007/s40615-021-01153-x>
- Collins, F. S. (2004). What we do and don't know about 'race', 'ethnicity', genetics and health at the dawn of the genome era. *Nature Genetics*, 36(Suppl. 11), S13-S15. <https://doi.org/10.1038/ng1436>
- Collins, F. S., Morgan, M., & Patrinos, A. (2003). The human genome project: Lessons from large-scale biology. *Science*, 300(5617), 286-290. <https://doi.org/10.1126/science.1084564>
- Davies, G., Harris, S. E., Reynolds, C. A., Payton, A., Knight, H. M., Liewald, D. C., Lopez, L. M., Luciano, M., Gow, A. J., Corley, J., Henderson, R., Murray, C., Pattie, A., Fox, H. C., Redmond, P., Lutz, M. W., Chiba-Falek, O., Linnertz, C., Saith, S., ..., Deary, I. J. (2014). A genome-wide association study implicates the APOE locus in nonpathological cognitive ageing. *Molecular Psychiatry*, 19(1), 76-87. <https://doi.org/10.1038/mp.2012.159>
- Davis, O. S., Band, G., Pirinen, M., Haworth, C. M., Meaburn, E. L., Kovas, Y., Harlaar, N., Docherty, S. J., Hanscombe, K. B., Trzaskowski, M., Curtis, C. J. C., Strange, A., Freeman, C., Bellenguez, C., Su, Z., Pearson, R., Vukcevic, D., Langford, C., Deloukas, P., ..., Spencer, C. C. A. (2014). The correlation between reading and mathematics ability at age twelve has a substantial genetic component. *Nature Communications*, 5, Article 4204. <https://doi.org/10.1038/ncomms5204>

- Day, J. J., & Sweatt, J. D. (2010). DNA methylation and memory formation. *Nature Neuroscience*, 13(11), 1319-1323. <https://doi.org/10.1038/nn.2666>
- de Zeeuw, E. L., de Geus, E. J. C., & Boomsma, D. I. (2015). Meta-analysis of twin studies highlights the importance of genetic variation in primary school educational achievement. *Trends in Neuroscience & Education*, 4(3), 69-76. <https://doi.org/10.1016/j.tine.2015.06.001>
- Denny, J. C., & Collins, F. S. (2021). Precision medicine in 2030—Seven ways to transform healthcare. *Cell*, 184(6), 1415-1419. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.01.015>
- Donati, G., Dumontheil, I., Pain, O., Asbury, K., & Meaburn, E. L. (2021). Evidence for specificity of polygenic contributions to attainment in English, maths and science during adolescence. *Scientific Reports*, 11, Article 3851. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-82877-y>
- Fitzgerald, J., Morris, D. W., & Donohoe, G. (2020). Cognitive genomics: Recent advances and current challenges. *Current Psychiatry Reports*, 22(1), Article 2. <https://doi.org/10.1007/s11920-019-1125-x>
- Franić, S., Dolan, C. V., Broxholme, J., Hu, H., Zemojtel, T., Davies, G. E., Nelson, K. A., Ehli, E. A., Pool, R., Hottenga, J.-J., Ropers, H.-H., & Boomsma, D. I. (2015). Mendelian and polygenic inheritance of intelligence: A common set of causal genes? Using next-generation sequencing to examine the effects of 168 intellectual disability genes on normal-range intelligence. *Intelligence*, 49, 10-22. <https://doi.org/10.1016/j.intell.2014.12.001>
- Frank, M. J., & Fossella, J. A. (2011). Neurogenetics and pharmacology of learning, motivation, and cognition. *Neuropsychopharmacology*, 36(1), 133-152. <https://doi.org/10.1038/npp.2010.96>
- Franklin, T. B., Russig, H., Weiss, I. C., Gräff, J., Linder, N., Michalon, A., Vizi, S., & Mansuy, I. M. (2010). Epigenetic transmission of the impact of early stress across generations. *Biological Psychiatry*, 68(5), 408-415. <https://doi.org/10.1016/j.biopsych.2010.05.036>
- Frías-Lasserre, D., Villagra, C. A., & Guerrero-Bosagna, C. (2018). Stress in the educational system as a potential source of epigenetic influences on children's development and behavior. *Frontiers in Behavioral Neuroscience*, 12, Article 143. <https://doi.org/10.3389/fnbeh.2018.00143>
- Gaine, M. E., Chatterjee, S., & Abel, T. (2018). Sleep deprivation and the epigenome. *Frontiers in Neural Circuits*, 12, Article 14. <https://doi.org/10.3389/fncir.2018.00014>
- Gielen, M., Lindsey, P. J., Derom, C., Smeets, H. J. M., Souren, N. Y., Paulussen, A. D. C., Derom, R., & Nijhuis, J. G. (2008). Modeling genetic and environmental factors to increase heritability and ease the identification of candidate genes for birth weight: A twin study. *Behavior Genetics*, 38(1), 44-54. <https://doi.org/10.1007/s10519-007-9170-3>
- Ginsburg, G. S., & Phillips, K. A. (2018). Precision medicine: From science to value. *Health Affairs*, 37(5), 694-701. <https://doi.org/10.1377/hlthaff.2017.1624>

- Grunst, A. S., Grunst, M. L., Staes, N., Thys, B., Pinxten, R., & Eens, M. (2021). Serotonin transporter (SERT) polymorphisms, personality and problem-solving in urban great tits. *Scientific Reports*, 11, Article 24270. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-03466-7>
- Haworth, C. M. A., Dale, P., & Plomin, R. (2008). A twin study into the genetic and environmental influences on academic performance in science in nine-year-old boys and girls. *International Journal of Science Education*, 30(8), 1003-1025. <https://doi.org/10.1080/09500690701324190>
- Karnik, M. S., Wang, L., Barch, D. M., Morris, J. C., & Csernansky, J. G. (2010). BDNF polymorphism rs6265 and hippocampal structure and memory performance in healthy control subjects. *Psychiatry Research*, 178(2), 425-429. <https://doi.org/10.1016/j.psychres.2009.09.008>
- Koboldt, D. C., Steinberg, K. M., Larson, D. E., Wilson, R. K., & Mardis, E. R. (2013). The next-generation sequencing revolution and its impact on genomics. *Cell*, 155(1), 27-38. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2013.09.006>
- Koomar, T., Casten, L. G., Thomas, T. R., Koh, J.-Y., Hofamman, D., Thenuwara, S., Momany, A., O'Brien, M., Murray, J., Tomblin, J. B., & Michaelson, J. J. (2021). Whole genome sequencing illuminates the developmental signatures of human language ability. *medRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2021.11.22.21266703>
- Krapohl, E., Rimfeld, K., Shakeshaft, N. G., Trzaskowski, M., McMillan, A., Pingault, J.-B., Asbury, K., Harlaar, N., Kovas, Y., Dale, P. S., & Plomin, R. (2014). The high heritability of educational achievement reflects many genetically influenced traits, not just intelligence. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 111(42), 15273-15278. <https://doi.org/10.1073/pnas.1408777111>
- Lee, L.-C., Su, M.-T., Cho, Y.-C., Lee-Chen, G.-J., Yeh, T.-K., & Chang, C.-Y. (2019). Multiple epigenetic biomarkers for evaluation of students' academic performance. *Genes, Brain and Behavior*, 18(5), Article e12559. <https://doi.org/10.1111/gbb.12559>
- Lee, L.-C., Su, M.-T., Huang, H.-Y., Cho, Y.-C., Yeh, T.-K., & Chang, C.-Y. (2021). Association of CaMK2A and MeCP2 signaling pathways with cognitive ability in adolescents. *Molecular Brain*, 14, Article 152. <https://doi.org/10.1186/s13041-021-00858-8>
- Lehmann, M., Plieger, T., Reuter, M., & Ettinger, U. (2023). Insights into the molecular genetic basis of individual differences in metacognition. *Physiology & Behavior*, 264, Article 114139. <https://doi.org/10.1016/j.physbeh.2023.114139>
- Liu, N., & Pan, T. (2015). RNA epigenetics. *Translational Research*, 165(1), 28-35. <https://doi.org/10.1016/j.trsl.2014.04.003>
- Liu, Y., Rosikiewicz, W., Pan, Z., Jillette, N., Wang, P., Taghbalout, A., Foox, J., Mason, C., Carroll, M., Cheng, A., & Li, S. (2021). DNA methylation-calling tools for Oxford Nanopore sequencing: A survey and human epigenome-wide evaluation. *Genome Biology*, 22, Article 295. <https://doi.org/10.1186/s13059-021-02510-z>

- Loganathan, T., & Doss C, G. P. (2023). Non-coding RNAs in human health and disease: Potential function as biomarkers and therapeutic targets. *Functional & Integrative Genomics*, 23, Article 33. <https://doi.org/10.1007/s10142-022-00947-4>
- Luan, H., & Tsai, C.-C. (2021). A review of using machine learning approaches for precision education. *Educational Technology & Society*, 24(1), 250-266.
- Magarbeh, L., Gorbovsckaya, I., Le Foll, B., Jhirad, R., & Müller, D. J. (2021). Reviewing pharmacogenetics to advance precision medicine for opioids. *Biomedicine & Pharmacotherapy*, 142, Article 112060. <https://doi.org/10.1016/j.biopha.2021.112060>
- Mardis, E. R. (2008). The impact of next-generation sequencing technology on genetics. *Trends in Genetics*, 24(3), 133-141. <https://doi.org/10.1016/j.tig.2007.12.007>
- Maunakea, A. K., Nagarajan, R. P., Bilenky, M., Ballinger, T. J., D'Souza, C., Fouse, S. D., Johnson, B. E., Hong, C., Nielsen, C., Zhao, Y., Turecki, G., Delaney, A., Varhol, R., Thiessen, N., Shchors, K., Heine, V. M., Rowitch, D. H., Xing, X., Fiore, C., ..., Costello, J. F. (2010). Conserved role of intragenic DNA methylation in regulating alternative promoters. *Nature*, 466(7303), 253-257. <https://doi.org/10.1038/nature09165>
- Metzker, M. L. (2010). Sequencing technologies—The next generation. *Nature Reviews Genetics*, 11(1), 31-46. <https://doi.org/10.1038/nrg2626>
- Morris, M. J., & Monteggia, L. M. (2014). Role of DNA methylation and the DNA methyltransferases in learning and memory. *Dialogues in Clinical Neuroscience*, 16(3), 359-371. <https://doi.org/10.31887/DCNS.2014.16.3/morris>
- Novikov, D. A., Beletsky, A. P., & Kolosov, P. M. (2021). The putative role of m6A-RNA methylation in memory consolidation. *Neurochemical Journal*, 15(2), 103-113. <https://doi.org/10.1134/S1819712421020112>
- Oetting, W. S. (2010). Impact of next generation sequencing: The 2009 Human Genome Variation Society Scientific Meeting. *Human Mutation*, 31(4), 500-503. <https://doi.org/10.1002/humu.21210>
- Park, C., Rosenblat, J. D., Brietzke, E., Pan, Z., Lee, Y., Cao, B., Zuckerman, H., Kalantarova, A., & McIntyre, R. S. (2019). Stress, epigenetics and depression: A systematic review. *Neuroscience & Biobehavioral Reviews*, 102, 139-152. <https://doi.org/10.1016/j.neubiorev.2019.04.010>
- Park, J., Lee, K., Kim, K., & Yi, S.-J. (2022). The role of histone modifications: From neurodevelopment to neurodiseases. *Signal Transduction and Targeted Therapy*, 7, Article 217. <https://doi.org/10.1038/s41392-022-01078-9>
- Price, A. L., Patterson, N. J., Plenge, R. M., Weinblatt, M. E., Shadick, N. A., & Reich, D. (2006). Principal components analysis corrects for stratification in genome-wide association studies. *Nature Genetics*, 38(8), 904-909. <https://doi.org/10.1038/ng1847>

- Raffington, L., Tanksley, P. T., Sabhlok, A., Vinnik, L., Mallard, T., King, L. S., Goosby, B., Harden, K. P., & Tucker-Drob, E. M. (2023). Socially stratified epigenetic profiles are associated with cognitive functioning in children and adolescents. *Psychological Science*, 34(2), 170-185. <https://doi.org/10.1177/09567976221122760>
- Rimfeld, K., Malanchini, M., Krapohl, E., Hannigan, L. J., Dale, P. S., & Plomin, R. (2018). The stability of educational achievement across school years is largely explained by genetic factors. *npj Science of Learning*, 3, Article 16. <https://doi.org/10.1038/s41539-018-0030-0>
- Roussos, P., Giakoumaki, S. G., Pavlakis, S., & Bitsios, P. (2008). Planning, decision-making and the COMT rs4818 polymorphism in healthy males. *Neuropsychologia*, 46(2), 757-763. <https://doi.org/10.1016/j.neuropsychologia.2007.10.009>
- Scherz, P. (2022). Life as an intelligence test: Intelligence, education, and behavioral genetics. *Culture, Medicine, and Psychiatry*, 46(1), 59-75. <https://doi.org/10.1007/s11013-021-09747-0>
- Selzam, S., Krapohl, E., von Stumm, S., O'Reilly, P. F., Rimfeld, K., Kovas, Y., Dale, P. S., Lee J. J., & Plomin, R. (2017). Predicting educational achievement from DNA. *Molecular Psychiatry*, 22(2), 267-272. <https://doi.org/10.1038/mp.2016.107>
- Shakeshaft, N. G., Trzaskowski, M., McMillan, A., Rimfeld, K., Krapohl, E., Haworth, C. M. A., Dale, P. S., & Plomin, R. (2013). Strong genetic influence on a UK nationwide test of educational achievement at the end of compulsory education at age 16. *PLoS ONE*, 8(12), Article e80341. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0080341>
- Sharma, M., Krüger, R., & Gasser, T. (2014). From genome-wide association studies to next-generation sequencing: Lessons from the past and planning for the future. *JAMA Neurology*, 71(1), 5-6. <https://doi.org/10.1001/jamaneurol.2013.3682>
- Yang, S. J. H. (2021). Guest editorial: Precision education—A new challenge for AI in education. *Educational Technology & Society*, 24(1), 105-108. [https://doi.org/10.30191/ETS.202101_24\(1\).0008](https://doi.org/10.30191/ETS.202101_24(1).0008)
- Yeh, T.-K., Chang, C.-Y., Hu, C.-Y., Yeh, T.-C., & Lin, M.-Y. (2009). Association of catechol-O-methyltransferase (COMT) polymorphism and academic achievement in a Chinese cohort. *Brain and Cognition*, 71(3), 300-305. <https://doi.org/10.1016/j.bandc.2009.07.011>
- Zhang, S., & Zhang, J. (2016). The association of DRD2 with insight problem solving. *Frontiers in Psychology*, 7, Article 1865. <https://doi.org/10.3389/fpsyg.2016.01865>

Genetics and Science Education: An Educational Genetic Perspective

Ting-Kuang Yeh^{1,2,*}

¹Department of Earth Sciences, National Taiwan Normal University

²Institute of Marine Environmental Science and Technology, National Taiwan Normal University

Abstract

The existing literatures support that “genetics” stands as the most influential factor in scientific learning, carrying an impact of approximately 60%. Theoretically, incorporating students’ genetic information into instructional planning is anticipated to have a more effective impact on their scientific learning. However, historical perspectives have suggested that humans are unable to alter the influence of genetics on us, and our understanding of how genetics shapes science learning remains constrained. This paper aims to present recent strategies and techniques in genetics that could be applied to the field of science education. We believe that genetics can act as a positive catalyst for science education, especially when considered from the perspectives of precision education and epigenetics. Scientists now recognize that epigenetic factors can alter gene expression without changing the gene sequence. We could envision it as follows: if students possess genes that are detrimental to learning, our educational strategies may potentially reverse the expression of these disadvantageous genes through epigenetics, without intervening in the gene sequence. The field of educational genetics research remains fraught with uncertainty. Only through active participation in research can we have the opportunity to comprehend what scientific educational prescriptions we can employ to ameliorate the impact of genetics on our scientific learning.

Key words: Epigenetics, Educational Genetics, Precision Education

* Corresponding author: Ting-Kuang Yeh, tkyeh@ntnu.edu.tw; ORCID: 0000-0002-3093-693X

Received: 2024/1/20, Revised: 2024/6/30, Accepted: 2024/6/30, Available Online: 2024/08/28