

# はじめに

現在、IT 技術は私たちの生活に欠かせないものであり、近年、世界中でプログラミング教育が必要とされてきています。文部科学省が発表している新学習指導要領では、2020 年から日本の小学校でプログラミング教育が必修化されることが明記され、日本でもプログラミング教育の重要度が高まっていることがわかります。

しかし、まだまだ日本の高校生にとって、プログラミングはあまり馴染みがないことかもしれません。そこで私たちは、これまでプログラミングに触れる機会がなかった高校生を対象に、身近な生物のデータを使ってプログラミングの基礎を体験してもらうために、このテキストを作成しました。テキスト内で扱う R 言語は、生物学や経済学など様々な分野のデータの統計解析によく使われる言語です。このテキストの内容では、モミジの葉の形態を統計的に比べる作業を通して、R 言語を用いたプログラミングの基礎を学びます。なかなかプログラミングに手を出ることができなかった高校生にとって、少しでもプログラミングに興味を持つ機会となり、また、勉強を始める助けになれば幸いです。

奈良女子大学 理系女性教育開発共同機構

若林 智美・船越 紫

# 目次

はじめに	1
目次	2
1. モミジの葉形態計測編	3
1.1 モミジってどんな植物？	4
1.2 モミジの種を同定してみよう！	5
1.3 葉形態を測ってみよう！	6
2. 統計解説編	7
2.1 統計ってなに？	8
2.2 統計の基本的な考え方	9
2.3 検定の流れ	11
3. Rの使い方編	15
3.1 Rってなに？	16
3.2 データを取り込んでみよう！	17
3.3 図を書いてみよう！	19
3.4 検定を試してみよう！	21
4. 高校生向け講座の実施記録	24

# 1. モミジの葉形態計測編



# 1.1 モミジってどんな植物？

## 1. 紅葉（こうよう）の主役

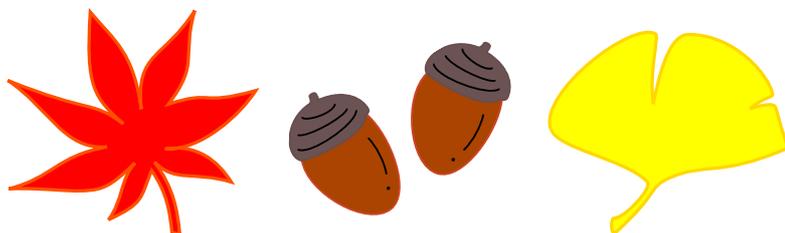
秋に色づく葉をもつ植物として有名なモミジですが、紅葉シーズンには日本各地で綺麗に色づいた葉を見ることができます。庭園や公園などに植えられ、人の手によって様々な品種が作られています。

## 2. 生物学的なモミジ

「モミジ」という言葉をよく耳にすると思いますが、生物学的には「モミジ」という名前の植物は存在しません。一般的に「モミジ」と呼ばれる植物は、“イロハモミジ”と“オオモミジ”の2種に分けられます。学名\*はラテン語でそれぞれ *Acer palmatum*, *Acer amoenum* といいます。この2種はムクロジ科カエデ属に含まれる樹木で、カエデ属に含まれる樹木をまとめて「カエデ」と呼ぶこともあります。分布は東アジアで、イロハモミジは日本や朝鮮半島、中国台湾に、オオモミジは日本や朝鮮半島に自生します。国内の分布では、オオモミジは北海道まで分布するのに対し、イロハモミジの分布の北限は東北までになります。

この講座では、これらの2種のモミジの<sup>ようけいたい</sup>葉形態の違いを材料に、プログラミングや統計を学びます。

\* 生物の学名表記には、決まりがあります。<sup>ぞく しゅ</sup>属と種<sup>にめいほう</sup>の2語で表す方法（二名法）を使って、ラテン語のイタリック体で表記します。



## 1.2 モミジの種<sup>しゆ</sup>を同定してみよう！

### 1. 2種のモミジの違い

イロハモミジ、オオモミジはともに広葉樹で、葉は切れ込みが入った分裂葉<sup>ぶんれつよう</sup>の形をしていることが大きな特徴です。葉の縁を見るとギザギザとした形をしています。このギザギザを「鋸歯<sup>きよし</sup>」と呼び、この鋸歯<sup>きよし</sup>が2種を見分けるポイントです。下の図のように、イロハモミジでは鋸歯<sup>きよし</sup>が重なって「重鋸歯<sup>じゅうきよし</sup>」に、オオモミジでは重ならない「鋸歯<sup>きよし</sup>」の形になっています。

また、果実の形にも違いがあります。2種ともに羽のような「翼果<sup>よくか</sup>」を付け、この翼果<sup>よくか</sup>はヒラヒラと風によって散布されます。下図のように、イロハモミジでは2つの羽が水平に、オオモミジではU字型に並びます。



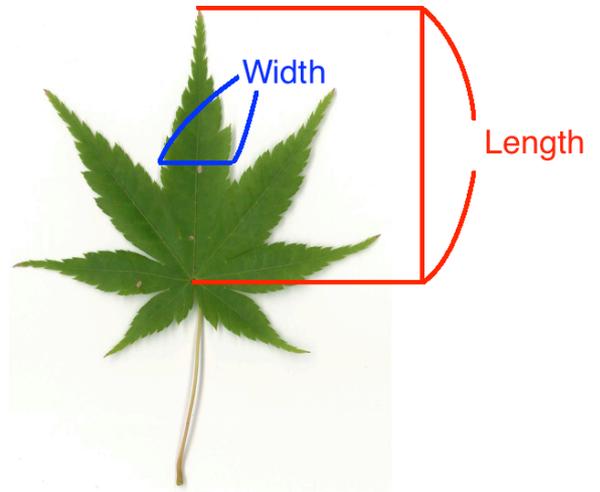
### 2. 実際に見分けてみよう

イロハモミジ、オオモミジは庭や公園などにも植えられています。特徴に注目して、この2種を見分けてみましょう。このテキストでは、イロハモミジ、オオモミジの葉から得られたデータを使って、統計と簡単なプログラミングを学んでいきます。葉の採取には許可が必要な場合がありますので、注意しましょう。

## 1.3 葉形態を測ってみよう！

### 1. 長さを計測する葉の箇所

2種の葉を分けられたところで、葉の縦の長さ (Length) と、裂片 (葉の分裂しているところ) の幅の長さ (Width) を測ってみましょう。右図のように、葉の縦の長さは茎と葉の境目から葉の先までを、裂片の幅は中央の裂片の一番広い部分を測ってください。



### 2. エクセルでデータを入力しよう

葉の形態を測りながら、エクセルを使ってデータを表にまとめましょう。表は下に示す形で、小数点第一位まで入力しましょう。group 列は種名の *palmatum* と *amoenum* の頭文字を取っています。全ての葉の計測が終わったら、“rate” という列を作り、縦横比 (length / width) を計算しましょう。エクセルの関数を使うと楽に計算できます。例えば No.1 のデータの場合、“=C2/D2” と入力します。最後に、“.csv” という形式でデータを保存します。

	A	B	C	D	E
1	No	group	length	width	rate
2	1	a	6.5	1.9	3.42
3	2	a	6.1	1.8	3.39
4	3	a	6.2	1.6	3.88
5	4	a	5.6	1.6	3.50
6	5	a	5.5	1.5	3.67
7	6	p	4.7	1.4	3.36
8	7	p	5.4	1.4	3.86
9	8	p	5	1.3	3.85
10	9	p	5	1.2	4.17
11	10	p	4.6	1.2	3.83

## 2. 統計解説編

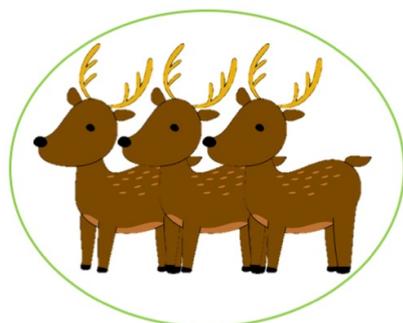


## 2.1 統計ってなに？

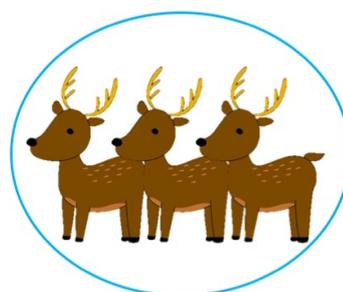
### 1. 統計とは？

私たちは日常的に「統計」という言葉を耳にします。よく考えてみると、この言葉の意味を明確に説明するのは難しいかもしれません。簡単に言えば、「統計」とは“ある事象<sup>じしやう</sup>の性質や傾向を、数量的に明らかにすること”を意味する言葉です。これだけではイメージしにくいと思いますので、例を考えてみましょう。

奈良にはホンシュウジカがたくさん生息していますが、屋久島にのみ分布するヤクシカと比べると体のサイズが大きいとされています。しかし、単に見ただけでは、直感的に違うと感じたとしても、本当に差があるのかどうかを明確に示すことはできません。しかし、それぞれのシカの体サイズ（体高や体重など）を測定し数値化したものを使って、差があるかないかを数量的に検定すれば、“気のせい”なのか、本当に差があるのか、客観的に確かめることができるのです。



ホンシュウジカ



ヤクシカ

### 2. 日常的にどんなところで使うの？

皆さんの身近なところでは、テストの成績なども統計によって分析されています。クラスや学校ごとの点数を比較することで、それぞれの学力の傾向を知ることができますし、また、時間的な変化を知ることができます。それから、ニュースや公共機関のホームページなど、様々な種類の統計検定が世の中のあちこちで使われています。

## 2.2 統計の基本的な考え方

統計では、基本的な考え方として、以下の言葉や考え方を使用します。これらの考え方を踏まえて、この後の検定の流れを学習すると理解が深まるでしょう。

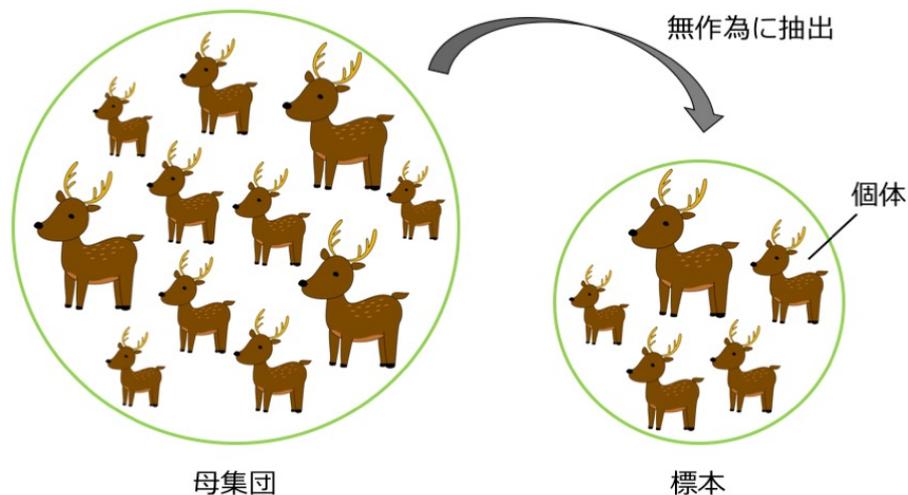
### 1. 母集団と標本

#### A. 母集団

母集団とは、調べる対象としている<sup>こたい</sup>個体の<sup>ぜんたいしゅうごう</sup>全体集合のことを指します。標本から測定されたデータを使って、母集団の特徴を推定します。

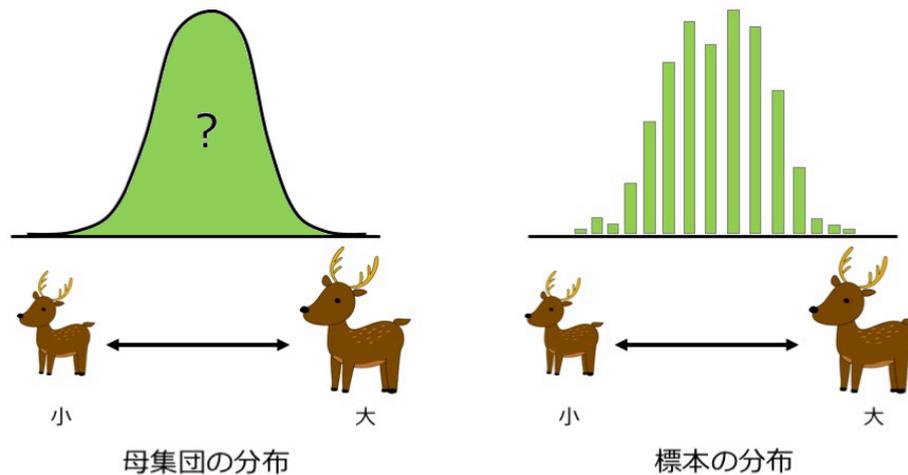
#### B. 標本

標本とは、母集団を調べるためにそこから取り出された部分集合のことを指します。統計では偏って<sup>こたい</sup>個体を選んでしまうことを防ぐため、無作為に抽出する必要があります。



## 2. 確率分布<sup>かくりつぶんぷ</sup>

対象としているデータに対して、その値や階級ごとに出現頻度を表したものを指します。（下図は確率の分布図を示しています。）例えば、ホンシュウジカの体のサイズを対象とした場合、それぞれのサイズの<sup>こたい</sup>個体が集団内にどのくらい存在するのかが示すことができます。



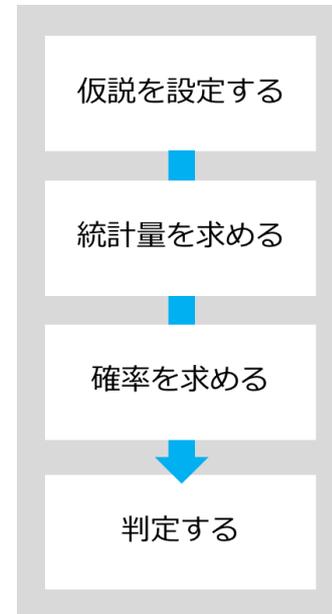
前ページの母集団と標本の説明にあるように、統計では無作為に選ばれた標本を使って、母集団の<sup>かくりつぶんぷ</sup>確率分布の推定を行います。また統計では、標本から得られたデータだけでなく、データから計算された<sup>とうけいりょう</sup>統計量（標本の特徴を要約した数値）についての<sup>かくりつぶんぷ</sup>確率分布もよく使用されます。<sup>かくりつぶんぷ</sup>確率分布には様々な種類があり、<sup>かくりつぶんぷ</sup>どの確率分布に基づいて検定を行うかがとても大事なポイントになります。

## 3. 統計量<sup>とうけいりょう</sup>

<sup>とうけいりょう</sup>統計量とは、標本の特徴を要約した数値のことを指します。標本から得られた数値を元に、検定に使いやすい値を計算して、母集団の特徴の推定や検定に利用します。行う検定の種類により、使用する<sup>とうけいりょう</sup>統計量は様々で、上記にもあるように、それぞれの<sup>とうけいりょう</sup>統計量の確率分布の検定を行う際にとっても重要です。皆さんが計算したことのある平均値や中央値なども、<sup>とうけいりょう</sup>統計量として使われます。

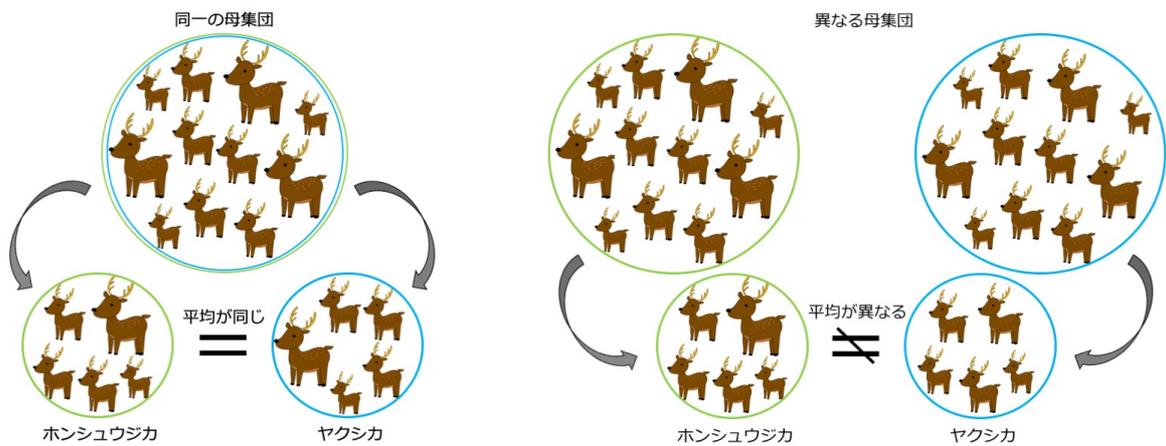
## 2.3 検定の流れ

統計検定には様々な種類がありますが、共通する流れがあります。まず証明しやすくするために“帰無仮説”（証明したい事象を否定するような仮説）を立てます。次に、得られているデータから検定しやすい統計量を求めて、それが生じる確率に基づいて、最初に立てた仮説が正しいのかどうかを判定します（右図）。下記では特に、2グループ間の差の検定の流れを例に説明します。



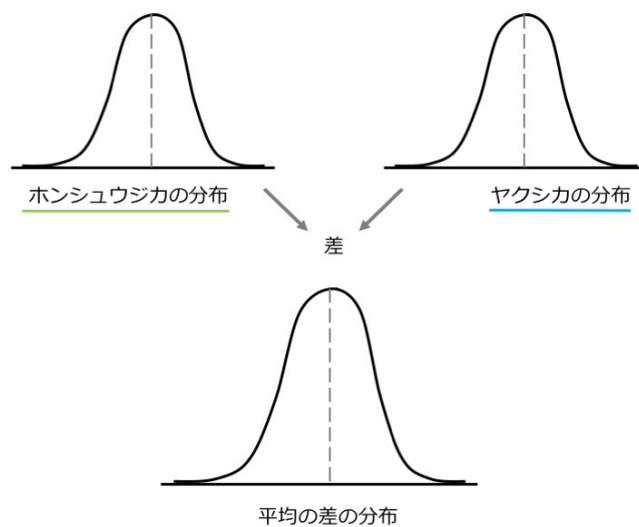
### 1. 仮説を設定する

ある事象を統計的に検定するには、まず明確な仮説を立てる必要があります。また、立てた仮説は証明しやすい形であることが大切です。統計の考え方では、証明したい事象を否定するような仮説を立てます。なぜなら、反証するほうが簡単だからです。例えば、先ほどの2つのシカのグループを比べる時に、「差がある」と仮定すると、その差の程度がわからないので、証明するのは難しくなります。そこで、このグループ間には「差がない」という仮説を立てます。もしこの「差がない」という仮説に何らかの矛盾が起これば、「差がない」ことが否定され、「差がある」ことが示されます。この仮説を“帰無仮説”と呼び、「『データの偏りが偶然生じた』とする確率が無視できるほど低い」ことを証明することで、「差がある」ことを示します。



## 2. <sup>とうけいりょう</sup>統計量を求める

<sup>とうけいりょう</sup>統計量の説明にもあるように、得られているデータを使って、検定しやすい値（<sup>とうけいりょう</sup>統計量）を求めます。<sup>とうけいりょう</sup>統計量はデータの特徴を要約した数値で、統計検定法によって様々な<sup>とうけいりょう</sup>統計量を用います。上記のシカの例では、各グループの体のサイズの平均の差を<sup>とうけいりょう</sup>統計量として使用します。



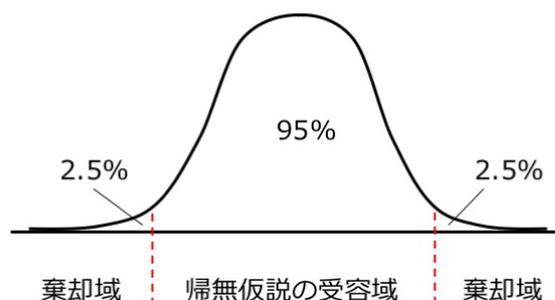
### 3. 確率を求める

計算した統計量が、確率的に十分起こり得るものかどうかを調べます。2グループ間の差を検定する場合、統計量はその値を取り得る確率（“t 値”と呼びます。）をみます。そのグループ間の差がどのくらい起こり得るかは、平均値以外にデータのばらつき（標準誤差）と、データをとったサンプルの数を使って求めることができます。シカの例では、シカの体のサイズの平均値と、グループ内でのばらつきの大きさ、サイズを測ったシカの個体数を使います。

※興味のある人は“標準誤差”や、“t 値”について調べてみてください。

### 4. 判定する

「有意水準」という基準を設定して、統計量の値が偶然のものかどうかを判定します。生物学の分野では、ほとんどの場合で5%の確率を基準とします。2グループの差の検定では、グループ間の平均の差（統計量）が生じる確率が有意水準の5%よりも高い場合（下図の帰無仮説の受容域にあたる場合）、「2つのグループに差がない」という帰無仮説の事象は十分に起こり得ると考えられます。このため、帰無仮説を否定することができません。一方、平均の差（統計量）が同じ母集団から抽出したにしては大きい、つまり下図の両端にあたるような確率が5%以下と低い場合では、「2つのグループに差がない」という帰無仮説を否定することができます。





## 3. R の使い方編

---

## あーる

# 3.1 R ってなに？

### 1. プログラミングってなに？

コマンドと呼ばれる“言葉”を使ってプログラムという“指示”を作り、その指示に従ってコンピューターに処理を行わせることを指します。指示に使う言葉（コマンド）は、私たちが使う言語のように、様々な種類があり、その種類によってスペルや意味合いが異なります。プログラミング言語にはそれぞれに特化した分野や働きがあるため、指示の種類によって適切な言語を選ぶことが大切です。

### 2. R あーるげんご言語

統計計算や図の描画に特化したプログラミング言語です。ニュージーランドの統計学者によって開発され、統計学だけでなく、様々な分野で使われています。無料でダウンロードすることができ、標準で実行できるコマンドの他に、パッケージをインストールすれば、コマンドを新たに取り込むことができます。

### 3. 使い方

詳しくは次ページ以降で説明しますが、あーるR では、基本的に “[コマンド]([オプション])” の形で指示を出します。[オプション]は、使う[コマンド]によって必要な場合とそうでない場合があり、また、設定の仕方もその種類によります。使い方がわからないときは“?[コマンド]”と入力して、使い方を表示させましょう。あーるげんごR 言語では多少の書き方の違いは許容されますので、エラーを恐れず試してみましょう！  
ではコマンドを入力する前に、「その他」から「作業ディレクトリの変更」を選択して、作業をするフォルダ（ディレクトリ）に移動しましょう。

## 3.2 データを取り込んでみよう！

### 1. データの形式に注意！

<sup>ある</sup>Rでは色々な形式のデータを取り込むことができます。よく使用する形式には“.txt”、“.csv”などがあります。コマンドによっては、形式を指定する必要がある場合や、取り込みのできる形式が限られている場合があります。取り込むデータの形式に注意して取り込みましょう。

### 2. 実際に取り込んでみよう！

今回は表データを取り込むコマンド、“*read.table*”を使ってみましょう。オプションとして、“sep”と“header”を入力する事で、取り込むデータの形式やヘッダの有無を指定できます。また、すでに読み込んであるデータから、“*subset*”を使って条件に合うデータのみを取り出してみましょう。ここでは例として、P.6で作成したファイルのデータの読み込み手順を以下に示します。

例) “.csv”形式でヘッダのある [file.name.csv] というファイルの内容を、“momiji”という名前で取り込む。

```
% momiji <- read.table("[file.name.csv]", sep=";", header=T)
```

※ ここでの“%”は入力する行を意味しますので、実際には入力しません。

※ [file.name.csv]には、P.6で作成したファイルの名前を入れてください。

例) “momiji”のうち“group”列が“a”のデータを取り出して  
“momiji\_a”という名前で読み込む。

データ内の特定の列を指すときは、“\$”を使って表します。

```
% momiji_a <- subset(momiji, momiji.$group=="a")
```

☆イロハモミジ (“group”列が“a”) のグループに関するも同様にやってみましょう！

### 3. 取り込んだデータを確認してみよう！

先ほど“momiji”や“momiji\_a”, “momiji\_p”という名前をつけて取り込んだデータの中身を見てみましょう。

例) 表全体を見る。

```
% momiji
```

例) 表の先頭だけを見る。

```
% head(momiji)
```

以下のように表示されましたか？

```
> momiji
  No length width rate group
1  1      6.5   1.9 3.42     a
2  2      6.1   1.8 3.39     a
3  3      6.2   1.6 3.88     a
4  4      5.6   1.6 3.50     a
5  5      5.5   1.5 3.67     a
6  6      4.7   1.4 3.36     p
7  7      5.4   1.4 3.86     p
8  8      5.0   1.3 3.85     p
9  9      5.0   1.2 4.17     p
10 10      4.6   1.2 3.83     p
>
>
> head(momiji)
  No length width rate group
1  1      6.5   1.9 3.42     a
2  2      6.1   1.8 3.39     a
3  3      6.2   1.6 3.88     a
4  4      5.6   1.6 3.50     a
5  5      5.5   1.5 3.67     a
6  6      4.7   1.4 3.36     p
```

## 3.3 図を書いてみよう！

### 1. 散布図

散布図とは、縦横軸にそれぞれ値をとり、点などでデータをプロットした図を指します。（右図に例を示します。）

実際にモミジのデータを使って描いてみましょう

散布図を描くときには“plot”というコマンドを使います。オプションでは、縦と横にどの数値をとるか指定します。

例) “momiji”の“length”列を横軸に、“width”列を縦軸に指定します。

```
% plot(momiji$length, momiji$width)
```

例) “lab”オプションで縦横軸にラベルを表示できます。

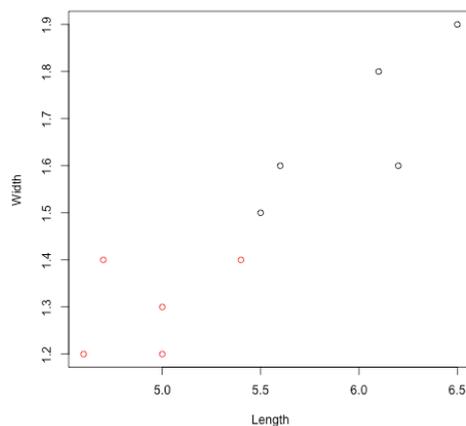
```
% plot(momiji$length, momiji$width, xlab="Length", ylab="Width")
```

例) “col”オプションで“momiji”の“species”ごとに色を変えてプロットします。

```
% plot(momiji$length, momiji$width, col=momiji$group)
```

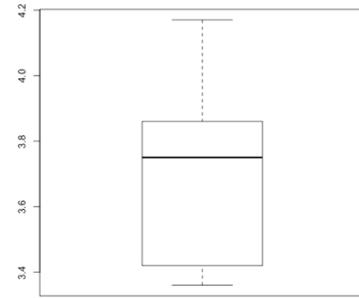
※ 他にもオプションをつけられるので、興味のある人は調べてみましょう。

右のような図が描けましたか？



## 2. 箱ひげ図

箱ひげ図とは、データのばらつきをわかりやすく視覚的に表した図のことです。最小値や最大値、中央値などが示されます。（右図に例を示します。）



ではこちらも実際にモミジのデータを使って描いてみましょう。箱ひげ図を描くときには“`boxplot`”というコマンドを使います。

例) “momiji\_a”の縦横比“rate”の箱ひげ図を描きます。

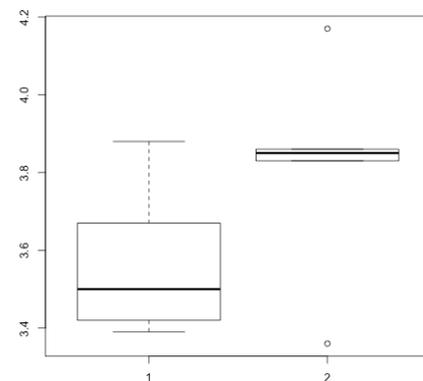
```
% boxplot(momiji_a$rate)
```

例) “momiji\_a”と“momiji\_p”の縦横比“rate”の箱ひげ図を並べて描きます。

```
% boxplot(momiji_a$rate, momiji_p$rate)
```

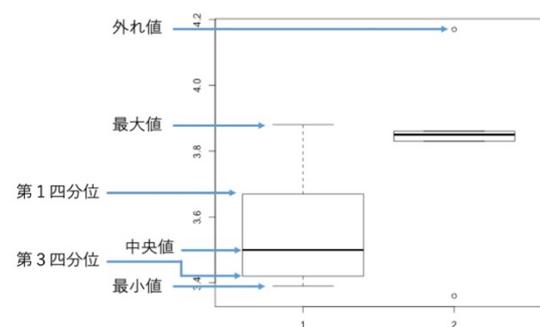
右のような図が描けましたか？

☆ 2 種の間には差はありそうですか？



### ☆箱ひげ図の見方

“○”は極端に他から離れた外れ値を、バーの上  
下はそれぞれ外れ値を除いたデータの最大値、  
最小値を、箱の上下はそれぞれ第1・3四分位  
を、箱の中の仕切りは中央値を示します。



※第1四分位とは、データを大きい順に並べた時に、個数で見て上から4分の1に来る

値を指します。第3四分位は個数で見て上から4分の3に来る値です。

## 3.4 検定を試してみよう！

### 1. 分散の確認 (F 検定)

2つのグループの差を検定するときには、検定するグループの分散（ばらつきを表す統計量の一つ）が等しいかどうかを調べるのが大切です。このため、2グループの差を検定する前に、分散が等しいかどうかを検定します。この検定には、“`var.test`”というコマンドを使ってF検定を行います。

例) “momiji\_a”と“momiji\_p”の縦横比“rate”の分散が等しいかどうかを検定します。

```
% var.test(momiji_a$rate, momiji_p$rate)
```

以下のような表示が出ましたか？

```
> var.test(momiji_a$rate, momiji_p$rate)

F test to compare two variances

data: momiji_a$rate and momiji_p$rate
F = 0.49293, num df = 4, denom df = 4, p-value = 0.5101
alternative hypothesis: true ratio of variances is not equal to 1
95 percent confidence interval:
 0.05132241 4.73433798
sample estimates:
ratio of variances
 0.4929276
```

“p-value”を見てみましょう。この値は帰無仮説が起る確率を示しているのですが、この結果から、帰無仮説として設定している事象は約51%の確率で起こることが示されました。生物学では5%の確率を基準に、帰無仮説が正しいかどうかを判断するのが一般的です。この検定では、「2つのグループの分散が等しい」という事象が約51%、つまり5%よりも高い確率で起こることが示されました。このことから帰無仮説は棄却されず、「分散が等しい」と仮定して次の検定に移ることになります。

一方、上記の事象が起こる確率が5%よりも低い場合、帰無仮説は棄却され、次の検定では「分散が等しくない」ことを仮定して検定を行う必要があります。

※ただし、「分散が等しくない」ことを仮定する検定は、分散が等しい場合にも使うことができるので、最近ではどちらの場合にも「分散が等しくない」ことを仮定する検定を使うことが多いようです。

## 2. 2グループの差の検定 (t検定)

ではいよいよ2つのグループの差を検定してみましょう。2グループの差があるかどうかの検定には、「t.test」というコマンドを使ってt検定を行います。

F検定のところに記述したように、分散が等しい場合でも、分散が等しくないことを仮定した検定が使用できますので、今回は分散が等しくないことを仮定した「ウェルチのt検定」を行います。

※“t.test”コマンドでは、何もオプションを設定しなければ、標準設定でウェルチのt検定を行います。

例) “momiji\_a”と“momiji\_p”の縦横比“rate”に差があるかを検定します。

```
% t.test(momiji_a$rate, momiji_p$rate)
```

以下のような表示が出ましたか？

```
> t.test(momiji_a$rate, momiji_p$rate)

Welch Two Sample t-test

data: momiji_a$rate and momiji_p$rate
t = -1.5269, df = 7.1726, p-value = 0.1696
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -0.6149561  0.1309561
sample estimates:
mean of x mean of y
 3.572     3.814
```

こちらも同様に、“p-value”を見てみましょう。仮説が起こる確率は、約 17%でした。つまり、「2つのグループの間に差がない」という仮説を棄却しなかった  
ので、この結果では差があることは示されませんでした。

みなさんの結果はどうになりましたか？

### 3. おまけ

先ほどの<sup>ていけんてい</sup>t検定ですが、<sup>ぼこひげず</sup>箱ひげ図を見ると“momiji\_p”に2つの<sup>はずれち</sup>外れ値があることがわかります。これらの値を除いて検定を行うと、p-valueは約 0.04、つまり  
確率は4%で、2つのグループには差があることが示されました。

```
> t.test(momiji_a$rate, momiji_p2$rate)

Welch Two Sample t-test

data: momiji_a$rate and momiji_p2$rate
t = -3.0019, df = 4.0747, p-value = 0.03894
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -0.52687908 -0.02245425
sample estimates:
mean of x mean of y
 3.572000  3.846667
```

※ <sup>はずれち</sup>外れ値を含んだデータを検定にかけることもできますが、その場合は  
<sup>はずれち</sup>外れ値があることを仮定した「ウィルコクソン検定」が有効です。

生物データから学ぶプログラミング入門

## 4. 高校生向け講座での実施記録



## 高校生シンポジウム 2018

# 生物データから学ぶプログラミング入門

### 1. 講座開催の目的

日本では理科系を専門とする女性の数が少ないという現状がある。高等学校において文理を選択する時点で、すでに理系を選択する女子学生は少なく、理科系科目への興味関心を高めるための対策が必要である。一方で、昨年度、本機構が女子大学生向けに実施したアンケート調査によれば、プログラミングに興味をもつ女子学生の割合が高いという結果が得られている。そこで本プログラムでは、まず、女子高校生を対象にプログラミングの体験を通じて、理科系科目を身近に感じてもらうことを目的とする。さらに、理系を選択する女子学生が少ない理由と解決策や、プログラミング教育に対する意見を、現役の高校生どうして議論し合い、世の中に発信することで、その意見がこれからの教育に反映されることを期待する。

### 2. 活動の概要

開催日：2018年10月27日（土）11:00~17:00, (途中、昼休憩1時間)

会場：奈良女子大学 コラボレーションセンターZ103

参加学生：奈良県内の4つの高校に通う6名の女子高校生が参加した。

以下の項目のうち①、②を当日に、③を後日行った。

- ① 簡単なデータ収集とプログラミングの基礎体験
- ② グループディスカッション
- ③ 当日使用したテキストや活動の様子、議論で出た内容をまとめた冊子の配布、及び Web 上での公開

### 3. 当日の行程

#### ① 行程やデータ収集の説明

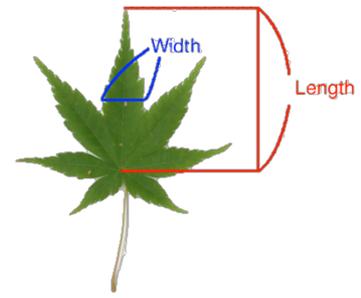
プログラムの概要や当日の行程、どんなデータを収集し、どんな検定を行うかなどを説明した。

#### ② モミジの説明

オオモミジとイロハモミジの特徴や、葉形態・種子形態の違いを説明した。また、事前に大学構内で採取した2種のモミジの葉と種子を配布し、実際に手にとって観察した。

#### ③ 葉形態のデータ収集

あらかじめ人数分用意しておいたオオモミジとイロハモミジの葉を配り、形態の比較と右図に示した2箇所の長さを測定した。定規を用いて2種それぞれの落ち葉5枚（合計10枚）につき計測を行い、Microsoft Excel を用いて表に記録した。



#### ④ 統計を通してのプログラミング

R言語を使用して、2種のモミジの葉形態の2群間比較（ $t$ 検定など）を行った。上記の方法で記録した2つの形態データについて、それぞれ種間での有意な差があるか否かを検定した。データの取り込みから図の描画までを通してRでのプログラミング方法を学んだ。

#### ⑤ 理系選択やプログラミング教育に関するグループディスカッション

参加教員やTAが司会役となり、議題をいくつか出して、参加学生に意見や体験談などを出し合ってもらった。

※意見や議論の内容の詳細は次のセクションにて後述する。

#### ⑥ 講座内容のまとめ

当日に行ったプログラミング体験や、意見交換・議論の内容の振り返りを行った。また、アンケートを実施した。

※アンケートの内容については後のセクションにて後述する。



高校生が葉の長さを計測する様子。

どの生徒も真剣に黙々と取り組んでいた。



和やかなグループディスカッションの様子。

少人数ということもあり、それぞれが積極的に発言していた。

## 4. グループディスカッション

### ① 議題

- ・自分自身や、周囲の人のプログラミングへの印象
- ・プログラミング教育の必要性
- ・（経験者に対して）プログラミング教育を始めたきっかけ
- ・どうしたらプログラミングに興味を持つ人が増えるか 他

### ② 意見や議論のまとめ

参加者が6名と少数であったため、全員で円になり上記の議題に対して意見交換を行った。出された意見はTAにホワイトボードに記述してもらい、そこからさらに派生した内容についても話し合っ議論を深めた。

## 5. アンケート結果

最後に6名の参加者にアンケートを実施した。参加人数は少ないながらも、1～3年生、文理にまたがったの参加があった。講義内容に対する満足度は高かったことが伺える（下図に選択解答欄の集計結果を示す）。

質問	選択肢	回答人数	集計グラフ
学年	1年	3	
	2年	2	
	3年	1	
文理	文系	1	
	理系	4	
	どちらでもない	1	
講義は楽しかったですか？	はい	6	
	ふつう	0	
	いいえ	0	
講義の内容はわかりやすかったですか？	はい	6	
	ふつう	0	
	いいえ	0	
講義の分量・スピードは適切でしたか？	はい	5	
	ふつう	1	
	いいえ	0	

また自由解答欄では、講座の内容で印象に残ったこと、今後もプログラミングをしたいかとその理由、グループディスカッションの感想、講座を通してプログラミングへのイメージが変わったかについて記述してもらった。印象に残った内容では、グループディスカッションや実際にプログラミングを体験したことが挙げられた。今後プログラミングをしたいかに関しては、すべての参加者が行いた

いと回答していた。グループディスカッションの感想では、プログラミング経験者・未経験者の間で意見交換でき、また参加者の周囲の生徒が持つプログラミングへの印象なども議論され、それぞれが刺激を受けたようであった。今回の参加者の大半はプログラミング経験者であったため、グループディスカッションを通してプログラミングの印象が変わったかについては、特に変わらないという回答もあった。しかしその一方で、生物学を題材にして R 言語を使用した講座内容であったため、初心者だけでなく経験者にも初めて学ぶ内容が含まれていたようで、講座の内容をレポート作成など今後に生かしたいとの意見も見られた。選択解答欄・自由解答欄を通して、参加者の反応は良好であった。

## 6. 本プログラムを開催して

IT が私たちの社会に必須のものとなり、近年、世界規模でプログラミング教育の必要性が叫ばれている。しかし大学生でも、時には理系の大学院生でも、プログラミングへの苦手意識を持つ学生は多く存在するが、一方で実際に始めてしまえば意外と簡単だと感じる学生も多い。本講座を企画するにあたり、高校生にももっと気軽にプログラミングを学んでほしいと考え、プログラミング未経験の高校生に対しても敷居の低くなるような内容を企画することを念頭に置いた。反省点としては、開催日に他のイベントが重なり参加者が少数となってしまったことが挙げられる。次回以降は、募集する高校生を奈良県内に限定せず、また、開催日を決める際の下調べを徹底する必要がある。

当日は上述のように、本講座にはプログラミング経験者と未経験者の両方の参加があったが、未経験の参加者にも楽しんでもらい、また、講座中の様子やアンケートの結果からプログラミングを学ぶきっかけになったように思う。加えて、グループディスカッションでは、プログラミング教育の必要性や、周囲の生徒の意識に関しても意見交換を行うことができ、参加者は互いに刺激を受けていたように見受けられた。この講座での体験が、講座当日のみにとどまらず、また、参加者の周囲の生徒へ波及性のあるものとなれば幸いである。

## 7. 資料

広報用ポスター

高校生シンポジウム2018 奈良女子大学  
理系女性教育開発共同機構

# 生物データから学ぶ プログラミング 入門

プログラミングを体験してみよう！

情報化する社会で、プログラミングは重要なスキルとなりつつあります。  
“興味はあるけど始めるきっかけがない”  
“聞いたことはあるけどどんなもの？”  
という女子高校生のために、プログラミングの初歩を学ぶ入門講座を開講します。

**参加者  
募集！**

## 10/27 (土) 11:00~17:00

内容	2種のもみじの形態データを使った統計計算を通してプログラミングを体験します。 体験後には、プログラミング教育の必要性などを議論します。 講師：若林智美（奈良女子大学 理系女性教育開発共同機構 特任助教）
会場	奈良女子大学 コラボレーションセンターZ103 近鉄奈良駅から徒歩10分
応募 資格	奈良県内の高校に所属する女子高生 ※プログラミングに関わる知識や経験は必要としません。 ※先着30名を予定しています。
応募 方法	10/14 (日) までに下記アドレスに必要事項を明記の上ご応募ください。 coreofstem@cc.nara-wu.ac.jp / 必要事項: お名前、所属する学校名、学年 ※題名に“高校生シンポジウム2018申し込み”をご記入ください。 ※メールを送信後、1週間以内に返信がない場合は下記までご連絡ください。

お問い合わせ

奈良女子大学 理系女性教育開発共同機構  
〒630-8285 奈良県奈良市北魚屋東町  
TEL: 0742-20-3266 / E-mail: coreofstem@cc.nara-wu.ac.jp  
HP: <http://www.nara-wu.ac.jp/core/>





LADy SCIENCE BOOKLET 21  
生物データから学ぶプログラミング入門

---

2019年3月31日発行

奈良女子大学 理系女性教育開発共同機構

CORE of STEM

Collaborative Organization for Research in women's Education of  
Science, Technology, Engineering, and Mathematics

〒630-8506 奈良市北魚屋東町

コラボレーションセンター Z207

TEL.&FAX 0742-20-3266

ladyscience@cc.nara-wu.ac.jp

---