

【目的】Bioinformatics 教育を「eラーニング」システムで実施することの有用性を、学部教育「構造生物学」と大学院演習「物理化学特論」での授業・実践について報告する。講義資料および学生評価に基づいて、問題点も含めて報告する。

【方法】まず、講義では最新の具体的研究報告に基づいて、Bioinformatics と関連付けに心がけた。コンピュータを利用する課題は各自で学習させる「eラーニング」形態で行った。演習「タンパク質構造研究」課し、構造表示プログラム Rasmol, PyMOL, Cn3D, Swiss PDB Viewer および MolScript を使用させた。別途、これらの使用マニュアルも作成し、インターネットで公開し、ハイパーテキストでの学習も可能とした。

【結果および考察】講座所属学生に、これらプログラムのダウンロードからのチュートリアル的な利用マニュアルを作成させた。学部学生(3回生, 54名)には、アミノ酸配列を与え、構造構築機能が簡便である PyMOL が有効であった。大学院学生(3年間に亘り, 105名)には配列類似蛋白の構造比較を可能とする Swiss PDB Viewer と Cn3D を利用させた。前者は構造比較の機能が充実しており、後者は関連文献へのアクセスが便利であり、レポート作成に有用であった。学生のコンピュータへの意欲、技能および環境は、実に多様である。この差を埋めるべく、双方向の電子掲示板を開設し、学生の質問への迅速な対応、広域的伝播かつ記録媒体とした。また、講座所属学生のテクニカルサポートは特に大学院生では有効であった。約半数の学生がコンピュータ媒体のレポート提出を行った。これらのレポートは演者が構築しているたんぱく質図鑑の一環として公開させた。この取り組みへの学生評価を行う予定で、そのまとめも報告する。