

高尾祥丈：藻類学最前線ワークショップ A 「最新！分子系統解析」に参加して

2007年3月23~25日の期間、日本藻類学会第31回大会が神戸大学を会場として開催されました。期間中はあいにくの空模様でしたが、会場の内外では参加者による熱い議論が繰り広げられておりました。私にとっては久しぶりの藻類学会への参加で、懐かしい気分を感じると共に、普段お会いする機会が少なかった方々のお話を伺う事も出来、大いに刺激的でありました。

本大会では藻類学最前線ワークショップが催されました。このワークショップは、藻類学会員がお互いの高度な知識や技術を共有することで、学会全体のレベルアップをはかる事を目的としており、今回は記念すべき第1回目でありました。実は、久しぶりに藻類学会へ参加したのも、このワークショップの受講が大きな目的の一つでした。

ワークショップには2つのコースが用意されており、私は「最新！分子系統解析」に参加しました。講義は二部構成で、前半の概論編を筑波大学の稲垣祐司先生が、後半の実践編を同じく筑波大学の坂口美亜子先生がわかりやすく解説して下さいました。概論では、LBA (Long Branch attraction) によって生じる分子系統推定の誤りについて、Monte Carlo simulationをつかった詳しい解説がなされ、最尤法の有効性とモデル整合の重要性について述べられました。また、最後にどのような場合にモデル不整合による問題(LBA)が生じるのか、その解決には何が重要かというところまで実例を挙げて解説して頂きました。「苦労して準備したデータなのだから、同じくらい丁寧に解析しましょう。」という稲垣先生のお言葉は、当然ではあるけれども非常に重要な、意義深い発言であると感じました。続いて行われた、坂口先生による実践編の講義では、先生が行われた、膨大なデータ解析の一部をご紹介して頂き、前半部では遺伝子をつなげるのではなく分けて解析する separate model の有効性を、後半部では separate model を使った解析について、実際に生じた問題と



ワークショップ A の講演の様子 (稲垣祐司氏)

その解決法を解説して下さいました。また、途中で質問時間を用意して下さいたため、オーバーヒート寸前の私の脳みそは、なんとか態勢を整える事ができ、最後までしっかりと講義を聴くことができました。

今回の講義の結論としては、最尤法 (もしくはベイズ法?) を用いて、複数の遺伝子を、それぞれにあったパラメーターで解析し、統合する方法 (separate model を用いる方法) が最もよいという解説であったと思います。また、遺伝子の中には、あやまった推定へと導くものもあるため、より多くの遺伝子を解析に用いることや、遺伝子の組み合わせを変えることで、遺伝子それぞれの特性を見抜き、形態学的・生理学的特徴からの裏付けも考慮した樹形の評価が必要であるということでありました。私自身、D論のテーマの中で、最尤法による同様の解析を行った経験があるので (遺伝子数はたった2つでしたが)、非常にわかりやすく、当時は漠然と理解していた多くの事を、今回のワークショップによってはっきりと理解できました。参加された方々の多くも、同様の感想をもたれたのではないかと思います。

残念であったのは、原理的にはよく分かったのですが、実際に我々が解析を行う場合、どうすればいいのかが見えにくかった点です。例えば、実際にどういったソフトを使えばいいのか? 最尤法とベイズ法はどう違うのか? モデル選択の妥当性はどのように検討するのか? AU検定は従来のSHテストとどう違うのか? など、「自分で勉強して下さい!」と言われてれば、それまでですが...、こういう機会に教えて頂けると非常に有り難いなと感じました。次回は「実践！分子系統解析」の開催を強く希望いたします。よろしくお願い致します。

最後に、今回のワークショップで、講師を務めて下さいました、筑波大学の稲垣祐司先生、坂口美亜子先生、そして、全体世話人として準備をして下さいました、筑波大学の石田健一郎先生、国立環境研究所の河地正伸氏に感謝致します。

(瀬戸内海区水産研究所)



ワークショップ A の受講風景