

坂本節子：藻類学ワークショップI「分子系統解析の基礎と実践」に参加して

藻類学ワークショップI「分子系統解析の基礎と実践」は、日本藻類学会第32回大会初日の2008年3月21日午後1時に東京海洋大学品川キャンパスで開催された。本ワークショップは、藻類学会員相互の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図るとともに、学会から社会や他研究分野へ向けて藻類学に関する情報を発信することを目的としている。昨年度から藻類学会の大会中に開催され、今回は第2回目である。

昨年度に開催された「最新!分子系統解析」というワークショップでは、最新の分子系統解析の手法やモデル不整合の問題などが解説された。実はこのワークショップにも参加したが、分子系統解析に関してほぼ初心者である私には、それぞれの手法の原理や考え方はある程度理解できた一方で、実際にどのようなソフトウェアを使って解析し、出てきた結果の妥当性をどのように判断していくのか、といった具体的なことがわからなかった。ワークショップ世話人の国立環境研究所の河地正伸氏に届いたアンケートには、「分子系統解析に関して素人だが、勉強するよいきっかけになった」、「独力で学ぶには限界があるが、その分野の専門家が説明するので分かりやすかった」といった意見がある一方で、「初心者には難しすぎた」、「大変参考になったが、系統樹をあまりよく理解せずに作成している人には少々内容が高度」、「具体的な手法を指導する形のワークショップが望ましい」といった意見も多く寄せられていた。

今回のワークショップはこれらの意見が反映された形で、分子系統解析の“初心者”を対象として開催された。タイトルに“基礎と実践”とあるように、受講者は各自のパソコンを持ち込んで実際のデータを使って分子系統解析を行い、そこで使われているモデルの原理や利点・欠点などの解説を聞いて理解していくという、How to形式のワークショップだ。講師は甲南大学の本多大輔先生。受講者は30名弱で、若い学生さんからご年配の方までの幅広い年齢層であった。分子系統解析に用いたソフトウェアはClustal X, MEGA 4, PHYLIP, TreeView, TreePuzzleなど、すべてインターネットからフリーで入手できるものである。これだけで自分のデータをすぐに解析できるよ

になるのだ。本多先生が用意してくださったテキストは、ソフトウェアの使用手順だけでなく、そこで設定されるモデルやパラメーターがどのような意味を持っているのかという基本部分を確認しながら解析を進められるように配慮されていて、今は他の参考書よりも有効に活用させてもらっている。

ところで、本稿を書くにあたり、河地氏に寄せられた他の受講者からの意見や感想を紹介して頂いた。「いままで不安を感じつつもやってきた作業に自信が持てた。今回は、今回の発展版として、ベイズ法などについて講義して欲しい」、「今回は、よりベーシックな感があり、初心者にとってはある程度良かったと感じる。テキストも今後有効利用できそうで、有り難い」、「限られた時間だったが、本多先生の周到な準備(テキスト、PowerPoint資料)のお陰で、初心者の私でもそれなりに理解できた」というように、分子系統解析の初心者には大変有意義なワークショップであったことが窺える。私自身も今回のワークショップに参加したことで、高いと感じていた分子系統解析に対するハードルが一気に低くなった。特に、アライメントの取り方や系統樹の信頼性の評価については、これまでの方法を見直すことができたので、コンピューター任せではない系統樹を書くことができそうだ。ところで、ここで少しだけ要望を言わせて欲しい。前回開催された“最新”の解析手法と今回の“基礎”との間にはまだ距離があるように私には思えるのだ。そこで、次の機会には、是非この距離を埋めるようなワークショップが開催されることを期待したい。

最近では、他の学会でも講演を中心としたシンポジウムやワークショップが開催されるようになってきているが、今回のような実践的なワークショップは数少ない試みと思われる。今後もこのような実践的なワークショップの開催を是非実現して欲しい。魅力的なワークショップを継続して開催することは、会員数や学会大会への参加者の増加にもつながることだろう。

最後に、ワークショップの講師を務めていただいた本多先生、世話人としてワークショップの準備やアンケートの取りまとめをしていただいた河地氏に心から感謝の意を表す。

(瀬戸内海区水産研究所)



ワークショップIの受講風景