

(様式2)

平成29年度研究助成(海外渡航費)研究成果報告書

平成30年2月1日

公益財団法人遺伝学普及会 代表理事 殿

貴財団より助成のありました研究の成果を下記のとおり報告します。

海外渡航者氏名 米澤 隆弘



出席学会等名称

開催場所

開催期間 平成29年9月25日～平成29年10月5日

渡航期間 平成29年9月29日～平成29年10月6日

研究成果の概要

インドネシア科学院・海洋研究所(ジャカルタ市)で開催された Molecular Taxonomy Training (Based on Single DNA Barcoding and Metabarcoding)に講師として招聘され、講義と演習を行ってきた。本トレーニングコースは海洋生物の多様性と生態系保全を目的としてユネスコの支援によって開催され、前年度に行われた形態学に基づく分類学的なトレーニングコースに引き続き、分子遺伝学的な分類学とりわけ DNA バーコーディングに力を入れたものであった。参加者としてはアジアの国々の学生・若手研究者を対象としており、インドネシア、パキスタン、シンガポール、中国など9か国から20名が参加した。講師陣もインドネシア、アメリカ、フランス、中国、日本など8か国から15名の参加であった。

私の講義は Phylogenetics1 および Phylogenetics2 と題し、それぞれ2時間程度の座学と演習を行った。具体的には、系統分類とは何か?という内容から始まり、分子系統学の歴史を簡単にレビューし、現在広く使われている主要な方法、すなわち最節約法、近隣結合法、最尤法、ベイズ法についての説明を行った。これらの講義は、全く予備知識のない聴講生を対象としており、最節約原理とは何か?尤度とは何か?ベイズの考え方とは?といった基本的な内容を盛り込んだ。また最節約法や近隣結合法については、聴講者に手計算で系統樹を推定させてみて、現在半ばブラックボックスとしてユーザーたちが用いているプログラムは実際にはどうしているのかを理解してもらった。

プログラムの演習では、様々な機能を盛り込み、ユーザーフレンドリーと定評の高いMEGAをもちいて、実際のデータの解析を行ってもらった。予定では聴講者らが実験で出したシーケンスデータを用いて BLAST 検索などを行わせる予定ではあったが、データ自体が講義までに間に合わなかったことやインターネット上の不具合で実現できなかった。とはいえ塩基配列データを実際にアラインメントし、そのデータから系統樹を推定することが出来たのは学生たちにとって興味を引いたようである。