

菌類を対象とした進化系統樹の作成に関する授業実践

中里祐香¹⁾・大和政秀²⁾*

¹⁾千葉大学大学院・教育学研究科・修士課程

²⁾千葉大学・教育学部

Making of Fungal Evolutionary Trees in a Classroom Practice

NAKAZATO Yuka¹⁾ and YAMATO Masahide²⁾*

¹⁾Graduate School of Education, Chiba University, Japan

²⁾Faculty of Education, Chiba University, Japan

菌類は学校教育の中で扱われることが少ない生物群である。また、生物の授業において進化系統樹は教科書の中で紹介されているが、系統樹の作成までが実践される例は少ない。そこで本研究では、実際にソフトウェア (MEGA11) を用いてDNAの塩基配列に基づいた進化系統樹を作成し、形態から推定できる系統樹と比較する授業を行うことで、生物、特に菌類の分類についての学習効果とコンピュータを用いた解析に対する受講生の考え方の変化を明らかにした。その結果、菌類の分類について考える視点が、形態や生活様式を中心としたものから系統関係を踏まえたものに変化する等、本授業実践は生物の分類の学習に効果をもたらすことが示された。また、コンピュータを用いた解析については、「難しそう」という理由から不安を抱いていた受講生が多かったが、実際に進化系統樹を作成することで、得られた達成感から不安が解消されるとともに、解析法の学びに対する積極性を育むことができた。

キーワード：菌類 (Fungi), 分子系統樹 (Molecular phylogenetic tree),

分子系統解析 (Molecular phylogenetic analysis), 高等学校生物 (Upper secondary school biology)

1. はじめに

菌類は、キノコ、カビ、酵母などとして一般的に知られる真核生物のグループであり、これらは、私たちの生活にも密接に関係している。例えば、しょうゆやみそなどの発酵食品の製造に菌類が関わっており、私たちの生活をささえている。また、食に関してだけでなく、人類が初めて手にした抗生物質であるペニシリンなどの医薬品や酵素で加工した衣料品などにも利用されており、菌類は我々の生活のパートナーであるといえる (日本菌学会HP)。

学校教育では、中学校第2分野「自然と人間」における自然界のつり合いに関する学習で、菌類は有機物を最終的に分解して無機物にし、自然界の炭素循環等に関わる生物として紹介されている (文部科学省, 2017)。高等学校では、科学と人間生活「人間生活の中の科学」の中で、微生物とその利用について扱いがあり、物質循環における微生物の働きに関連して細菌や菌類を観察し、細胞の形や大きさなどの特徴を見出すことなどが推奨されている (文部科学省, 2018)。しかし、高等学校の生物教育では、現行の学習指導要領の中で、菌類についてあまり触れられておらず、その取り扱い、五界説の中で菌界が紹介され、菌類の例が提示される程度である。そのため、高等学校では菌類の分類についてはほとんど学習されていない。

一方で、生物の系統と進化について、高等学校では、

生物の系統とDNAの塩基配列やタンパク質のアミノ酸配列との関係を学習する。特に、ヘモグロビン α 鎖のアミノ酸配列に関する資料を基に、脊椎動物の系統樹を作成することが推奨されており、その方法として、「対象とする生物として、魚類、両生類、爬虫類、鳥類、哺乳類から1種ずつとし、それらの生物について、形態から推定できる系統樹と現在得られている分子系統樹とに相違がないものを選ぶ。さらに、鳥類と数種の爬虫類について同様の系統樹を作成させ、形態を基に推定される系統樹が分子系統樹と必ずしも一致しない場合があることに気付かせて、その理由などについて考察させることも考えられる。」 (文部科学省, 2018) とある。こうして形態から推定できる系統樹と分子系統樹を比較し、生物の分類や系統、進化について考えることが求められているものの、実際にソフトウェアを用いて分子系統樹を作成する取り組みはほとんど行われていない。そのため、多くの生徒は授業内で提示された分子系統樹が実際にはどのような過程を経て作成されたものであるのかを知らないまま、生物の進化や系統について分子系統樹を用いて学習をしていることになる。

本研究では、アメリカ国立生物工学情報センター (NCBI) からきのこのDNA情報を取得し、授業内でDNA解析ソフトウェアMEGA11 (Tamura et al., 2021) を使用してリボソームRNA遺伝子の小サブユニット領域 (SSU rDNA) の部分塩基配列情報を利用した分子系統樹の作成を行った。MEGAについては、先行研究でも高校生を対象とした分子系統樹作成のための教材として用いられており (Yamanoi et al., 2012)、このソフトウェ

*連絡先著者：大和政秀 myamoto@chiba-u.jp

アの使用により、生徒が研究者のような経験を通して、大進化の概念に対する理解を深めることができる。SSU rDNAは、すべての生物に存在しており、高度可変領域は、種間でその相違が顕著であるため、種の同定に好都合な領域である（新井，1997）。

きのこの分子系統樹作成については、NCBIからSSU rDNAの塩基配列が取得できる種を選択した。用いた種は全8種（ホンシメジ (*Lyophyllum shimeji*)、ホコリタケ (*Lycoperdon perlatum*)、シイタケ (*Lentinula edodes*)、ショウロ (*Rhizopogon roseolus*)、ヤマドリタケ (*Boletus edulis*)、ツチグリ (*Astraeus hygrometricus*)、キヌガサタケ (*Phallus indusiatus*)、エリマキツチグリ (*Gastrum triplex*)）であり、これらはスーパーマーケットなどで見かける身近で馴染み深いきのこや、一般によく知られているきのこである。また、収斂進化に対する理解を深めるために、形態は似ているが、比較的遠縁である種を含めた。

本研究では、高校生の菌類の分類に対する理解を深めるため、実際にソフトウェアを用いて分子系統樹を作成し、形態から推定できる系統樹と比較することによって、生物の分類の変遷をたどる活動を行うとともに、生物、特に菌類の分類についての学習効果を質問紙調査によって明らかにした。また、コンピュータを用いた解析に対する受講生の考え方の変化を調査した。

2. 調査方法

2-1 調査対象および時期

令和5年8月17日、千葉大学ASCENT Programを受講している高校生18名（男子6名、女子12名）を対象に、3時間の講座を行った。

2-2 授業実践

授業実践の流れは以下の通りである。

- ① 事前質問紙調査
- ② 生物の分類、系統と菌類の分類、系統についての講義
- ③ 形態から推定する系統樹の作成

きのこの和名と画像を載せたプリントを配布し、きのこの形質を記した表（表1）に基づいて、各きのこの形質を記録させた。この時、探求的に取り組めるよう、プリントの画像だけではわかりづらい形質については、コンピュータで検索して表の作成を行うように指示した。次に、各きのこで共通する形質の数を数え、重み付けをしない系統樹を作成させた（例として図1）。

- ④ 分子系統樹の作成

該当するきのこのDNA塩基配列ファイルを配布し、MEGA11を用いて、配列のアライメントを経て、近隣結合法で分子系統樹を作成させた（図2）。こ

表1 形態から推定する系統樹のためのきのこの形質

番号	
①	きのこらしい形のきのこ
②	柄の部分と傘の境界がはっきりしている
③	丸い形のきのこ
④	傘の周りに特殊な構造をもつ
⑤	頂部が尖っている
⑥	傘表面が平滑である
⑦	傘表面に凹凸が見られる
⑧	傘裏面にひだがある
⑨	傘裏面に管孔がある
⑩	柄の表面が平滑である
⑪	柄の表面に凹凸が見られる

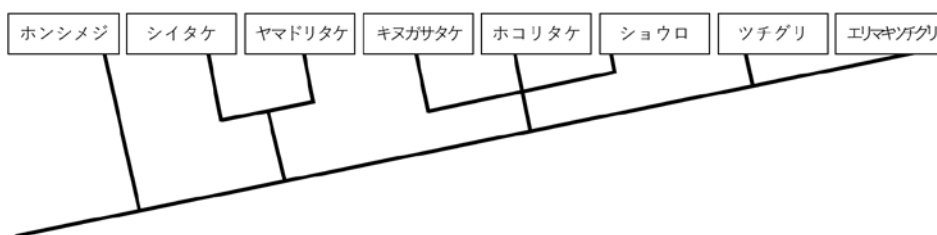


図1 形態から推定した系統樹の例

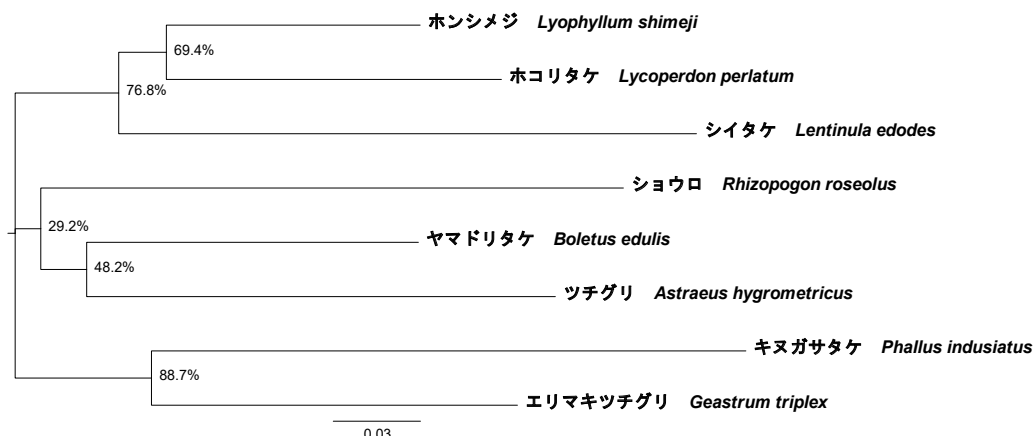


図2 近隣結合法によるきのこの無根系統樹

の際、分岐の支持率としてブーストラップ値を示した。塩基配列ファイルは、あらかじめNCBIから該当するきのこのSSU rDNA領域の部分塩基配列をダウンロードして作成しておいた。配列のダウンロードの方法については、応用という扱いにし、分子系統樹作成後、NCBIからダウンロードする手順を説明した。

- ⑤ 形態から推定した系統樹と分子系統樹の比較検討
- ⑥ 収斂進化、分子系統樹についての講義

ここでは、ムササビとフクロモモンガ、系統樹の作成のために選択したツチグリとエリマキツチグリ等の例を用いて収斂進化について説明した。また、菌類の研究において、ゲノム情報を用いた解析とDNAの一部を用いた解析で分子系統樹の結果が異なった例を挙げ、分子系統解析であっても、得られる結果は系統の推定にすぎないことを説明した。

- ⑦ 事後質問紙調査

系統樹の作成に用いたきのこの種は前述の通りであり、ホンシメジはシメジ科、シイタケはツキヨタケ科、ホコリタケはハラタケ科にそれぞれ属し、これらの科はいずれもハラタケ目に属する。また、ヤマドリタケはイグチ科、ツチグリはディプロクステイス科、ショウロはショウロ科にそれぞれ属し、これらの科はイグチ目に属する。また、キヌガサタケはスッポンタケ目スッポンタケ科、エリマキツチグリはヒメツチグリ目ヒメツチグリ科の菌類である。

2-3 質問紙調査

菌類やその分類について、授業の前後で同様の質問をすることで、学習効果を検討した(表2◎)。また、事前質問紙調査では、講座を受講する以前の菌類についての学習経験、菌類についての知識について確認する問いを用意した(表2)。分子系統解析では、コンピュータを使用するため、事前質問紙調査ではコンピュータの使用状況、コンピュータでの解析に対する不安感、遺伝子を扱う技術についての学習経験、生物の情報解析への興

味の有無についても併せて質問した。事後質問紙調査では、コンピュータでの解析に対する不安感の変化、生物の情報解析への興味の変化、コンピュータを使った解析への意欲について質問した(表3)。さらに、授業内容について、講座で学んだことを質問した(表4)。各問いは、選択肢の他に、それぞれの質問について自由記述で詳細や理由を問う形式にした。事後質問紙調査は、講義の終了直後に実施した。

2-4 統計解析

授業の前後で行った質問紙調査の「菌類の分類」に関する自由記述(表2：設問2)と授業後に行った質問紙調査の「講座を受講して学んだこと」に関する自由記述(表4：設問15)の回答をテキストマイニングにより分析した。自由記述回答のあった受講生全18名の回答を分析対象とし、それぞれについてKH Coder(樋口, 2004)で共起ネットワーク図を作成した。「菌類の分類」に関する自由記述については、得られた共起ネットワーク図から授業実践における受講生の学びを分析し、授業前後での菌類の分類における認識の変化を比較した。「講座を受講して学んだこと」に関する自由記述については、生物または菌類の分類とコンピュータを使った解析からどのような学びを得たのかを分析した。

共起ネットワーク図作成のための集計単位と抽出後の選択設定では、集計単位には「段落」を選択し、品詞による取捨選択は既定値(名詞・サ変名詞・形容動詞・固有名詞・組織名・人名・地名・ナイ形容・副詞可能・未知語・タグ・感動詞・動詞・形容詞・副詞・名詞C)とした(樋口, 2017)。共起ネットワークの設定では、描画する共起関係をJaccard係数によるものとし、強い共起関係ほど濃い線となるように、出現頻度の高い語ほど大きな円となるようにした。

表2 菌類についての設問(事前・事後…◎, 事前…●)

設問	選択肢
1 ◎この中で菌類はどれだと思いますか？菌類だと考えるものをすべて選んで丸をつけてください。 (日本菌学会 菌類ワールドへの誘いより)	A：コウジカビ B：ゾウリムシ C：大腸菌 D：乳酸菌 E：変形菌 F：クラミドモナス G：細胞性粘菌
2 ◎菌類は、動物と植物のどちらに近いと思いますか？理由も教えてください。	動物／植物 (理由は自由記述)
3 ●今まで“菌類”についての授業を受けたことがありますか？“ある”ならば、どのような内容を学習しましたか？	ある／ない (自由記述)
4 ●どんな“菌類”を知っていますか？知っている菌類の名前を教えてください。	(自由記述)

表3 コンピュータを使った解析についての設問（事前…●，事後…○）

設問	選択肢
5 ●コンピュータを日常生活や学校生活で使う場面がありますか？ “ある”ならば、どのような場面で、何に使用していますか？	ある／ない (自由記述)
6 ●コンピュータを使って解析することに、不安を感じますか？ 理由も教えてください	感じる／感じない (理由は自由記述)
7 ●遺伝子を扱う技術（遺伝子組換え、PCR法、系統解析等）についてこれまで学校の授業等で学習したことがありますか？ “ある”ならば、どのような内容を学習しましたか？特に、“系統解析”について学習した経験があれば、詳しく教えてください。	ある／ない (自由記述)
8 ●生物における実験で、実験室で行うような実験ではない、コンピュータを活用した生物の情報解析（バイオインフォマティクス、生命情報科学）に興味がありますか？ 理由も教えてください。	ある／ない (理由は自由記述)
9 ○実際にコンピュータで解析を行ってみて、コンピュータを使って解析することへの不安は解消されましたか？ 理由も教えてください。	解消された／解消されなかった (理由は自由記述)
10 ○今日の授業を受けてコンピュータを活用した生物の情報解析（バイオインフォマティクス、生命情報科学）への興味が深まりましたか？ 理由も教えてください。	深まった／深まらなかった (理由は自由記述)
11 ○今後、DNA解析を行う機会があれば、コンピュータを使った解析に積極的に取り組みたいと思いますか。	思う／思わない

表4 授業内容についての設問（事後…○）

設問	選択肢
12 ○形態から推定できる系統樹を作成するときに、困難はありましたか？ 理由も教えてください。	あった／なかった (理由は自由記述)
13 ○形態から推定できる系統樹と分子系統樹を比較して、考えたこと等を書いてください。	(自由記述)
14 ○系統関係を考えるときに、分子系統樹は有用であると考えますか？ 理由も教えてください。	有用である／有用でない (理由は自由記述)
15 ○今日の講座で学んだことを書いてください。	(自由記述)

3. 結果と考察

3-1 受講生が作成した形態から推定できる系統樹について

形態から推定できる系統樹の作成では、表1の形質をまとめ、形質に重み付けをしない系統樹を作成した(図3)。その結果、この2例のようにツチグリとエリマキツチグリを近縁だとした系統樹が多数見られた。また、設問12(表4)より、形態から推定できる系統樹の作成

では、「主観的」、「判断基準が難しい」といった意見が多く見られ、作成に困難が多かったことが見受けられた。今回は、実物のきのこではなく、画像で判断したため、形態に関する情報が不十分であり、さらに、菌類やきのこについて知識が乏しいと考えられる高校生を対象としたため、調べる形質の記述に子ども向けの図鑑等にもあるような理解が容易な表現を用いた。その結果、形質の表現が曖昧になったことにも原因があったと考えられる。

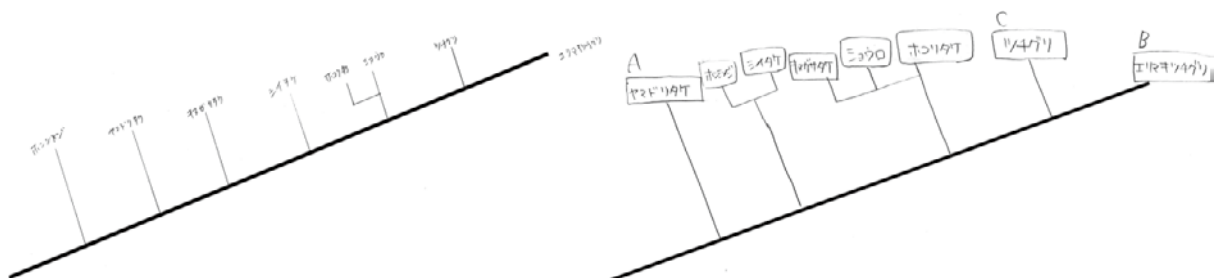


図3 受講生が作成した形態から推定できる系統樹の例

3-2 2つの系統樹の比較による学び

形態から推定できる系統樹と分子系統樹との比較では、分子系統樹について「客観的な結果を手に入れられる」、「より正確である」、「形態から推定できる系統樹は個人差が大きいが分子系統樹は違いがあってもわずかである」という意見が目立った(表4:設問13)。これは、分子系統樹を作成する過程において、分子系統樹は形態から推定できる系統樹と異なり、同じ領域の塩基配列を解析すれば、誰が行っても(解析方法が等しければ)同様の解析結果が得られるということを体験できた結果であると考えられる。また、設問14(表4)にて系統関係を考えるときに「客観性」と「再現性」を理由に分子系統樹は有用であるとした受講生が94.4%(17人/18人中)と大多数であり、分子系統樹の特徴が捉えられていた。有用でないとした1人も「確率をもとに作られているため、必ずしも正しい結果が出ているとはいえない」と理由を述べており、授業後半で分子系統解析の変遷について説明した内容を受けたものと判断できる。そのため、全体として、受講生は2つの系統樹の利点、欠点を踏まえて両者を比較できたと考えられる。

3-3 菌類に関する認識の変化

事前質問紙調査の設問3(表2)では、菌類についての授業を受けたことがあると回答した受講生は3人であったが、いずれも中学校の理科の授業で扱っているはずの分解者等としての役割については記述されていなかった。菌類は細菌類とともに自然界の炭素循環等に関わっていることを勉強しているはずであるが、ここで記述されなかったことを考えると、学校教育で扱う内容だけでは菌類についての学習が十分でないと思われる。

設問4(表2)の結果、知っている菌類として「エノキ」や「シイタケ」といったきのこについての回答や「イースト」といった酵母についての回答、「アオカビ」や「コウジカビ」といったカビについての回答が見られた。これらは、私たちの生活と深く関連している菌類であり、菌類が食物や薬に関係していることを理解していると考えられる。しかし、回答の中には「乳酸菌」、「ビフィズ

表5 設問1で各選択肢を選んだ人数

	A	B	C	D	E	F	G
事前	14人	0人	14人	14人	16人	1人	14人
事後	18人	0人	0人	0人	0人	0人	0人

※Aのみが正解の選択肢

ス菌」、「大腸菌」、「納豆菌」、「サルモネラ菌」等の細菌類の名前も見られ、菌類と細菌類について分類や両者の違いを認識できていないことがうかがえる。設問1(表2)でも、同様の結果が得られ、正解である選択肢Aのコウジカビのみを選ぶことができた受講生は1人のみであった。事後質問紙調査では、18人全員がAのみを選択することができ、本授業を受けることで菌類についての理解が深まったといえる(表5)。

3-4 菌類の分類に関する認識の変化

「菌類の分類」に関する自由記述(表2:設問2)から収集されたテキストデータの総抽出語数は、事前質問紙調査では313語、事後質問紙調査では、259語であった。これらのうち、分析に使用した抽出語数は事前質問紙調査では133語(異なり語数は70語)、事後質問紙調査では107語(異なり語数は50語)となった。各共起ネットワーク図には、カテゴリごとに丸囲みを描き加えた。

事前質問紙調査の共起ネットワーク図は、最小出現数2回で描画し(図4)、4つのカテゴリが構成された。カテゴリ①では、「動物」、「活動」のみが接続されたが、これらは「動物は活発に活動する」といった記述で用いられており、菌類と動物を比較するときの視点と判断できる。よって、このカテゴリを「動物との比較の視点」と解釈した。カテゴリ②では、「細胞」、「似る」、「壁」が接続された。これらは「細胞の構造が似ている」や「細胞壁がないと考える」等の菌類の細胞構造を受講生なりに考察したと考えられる文脈に見られたため、このカテゴリを「細胞構造に注目した視点」と解釈した。カテゴリ③では、「光合成」、「行う」、「緑」、「葉」、「動く」が接続された。これらは「(菌類は)動くことができ、

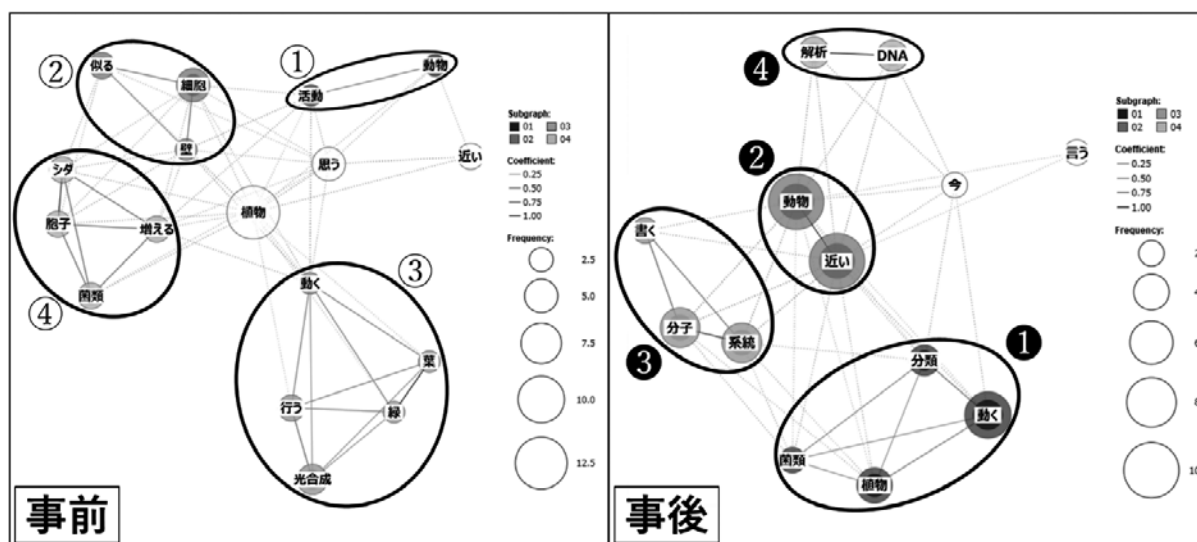


図4 事前および事後質問紙調査による「菌類の分類」に関する共起ネットワーク図

光合成を行うための葉緑体を持たない」といった記述に見られ、菌類と植物を比較するときの視点であるといえる。よって、このカテゴリーを「植物との比較の視点」と解釈した。カテゴリー④では、「シダ」、「孢子」、「増える」、「菌類」が接続された。これらは「菌類もシダ植物と同じように孢子で増える」、「孢子を飛ばすことがコケ植物やシダ植物と似ている」という記述に見られたため、これらの記述は、菌類の生殖方法について動物・植物と比較した結果だといえる。そのため、このカテゴリーを「生殖方法についての視点」と解釈した。

事後質問紙調査の共起ネットワーク図は、最小出現数2回で描画した(図4)。その結果、4つのカテゴリーが構成された。カテゴリー①では、「動く」、「植物」、「分類」、「菌類」が接続されたが、これらは「二界説の分類では動く、動かないで分けていたが」、「菌類は動かないから植物」というような文脈で見られ、動くか動かないかという二界説の考えをもとにした分類をした結果であると考えられる。そのため、このカテゴリーを「二界説による視点」と解釈した。カテゴリー②では、「動物」、「近い」のみが接続された。これらは「菌類はより動物に近い」、「植物よりも動物に近い」という記述に見られた。菌類が動物と植物のどちらに近いかにについて様々な考えに基づく最終的な判断だと捉えることができるため、このカテゴリーを「菌類の分類に対する設問の回答」と解釈した。カテゴリー③では、「分子」、「系統」、「書く」が接続された。これらは「分子系統樹を書いたとき」や「分子系統学的に考えたとき」という記述に用いられており、菌類の分類を考えるとときに分子系統学的な考えを用いたと判断できるため、このカテゴリーを「分子系統学の視点」と解釈した。カテゴリー④では、「DNA」、「解析」のみが接続された。これらは「DNA解析によって」という記述に使われていた。解析手法について考えて分類したと考えられるため、このカテゴリーを「解析手法による視点」と解釈した。

以上、解析した2つの共起ネットワーク図より、両者のカテゴリーを比較すると、事前、事後の質問紙調査では、菌類の分類に関して考えるときの視点が変わったことが読み取れた(表6)。事前質問紙調査では、動物の特徴、植物の特徴、細胞構造、生殖方法といった生物の形態や生活様式に着目し、学校の授業における既習事項や各受講生自身がこれまでに身につけてきた菌類についての認識を駆使して、形態等を比較し、菌類の分類について考察したことが推察できる。一方で、事後質問紙調査では、二界説、分子系統学、解析手法といった分類学の視点を取り入れ、本授業実践で分子系統について学習したことを踏まえ、菌類の分類について考察したことが推察される。

事前質問紙調査では見られなかった分類学の視点が事後質問紙調査で現れたことを考えると、本授業で生物や菌類の分類がどのように変化してきたのか、また、分子系統解析でどのような結果が得られているのかについて学習をしたことにより菌類の分類に関する視点が変わったことが示唆される。よって、本授業実践により、生物、特に菌類の分類について理解が深まり、学習効果が見られたと判断できる。しかし、カテゴリー③とカテゴリー④は、分子系統学やDNA解析という類似した内容が含まれているにも関わらず、これらが異なるカテゴリーに分類された。分子系統解析はDNA塩基配列を用いて系統を解明する解析であり、結びつきが強くなる可能性が高いと考えられるが、この結果を踏まえると、分子系統学とDNA解析という2つの言葉が受講生の認識の中でうまく結びついていなかったと捉えることができる。この点については、授業の中で分子系統解析についてより詳しく解説する必要があると考える。

3-5 コンピュータでの解析に対する考え方の変化

コンピュータの使用に関しては、GIGAスクール構想により中学校のときからタブレットを用い、授業でのICTの活用が増加していることもあり、18人全員が日常生活や学校生活において学校の授業や課題の作成、簡単なプログラミング等の様々なことにコンピュータを用いていると回答した(表3:設問5)。遺伝子を扱う技術については、77.7%(14人/18人中)が学習したことがないと回答しており(表3:設問7)、あると回答した受講生の中でも系統樹を扱ったことがあると回答した受講生は1人のみであった。

コンピュータを使って解析を行うことに不安があるかについて、50.0%(9人/18人中)は、「よくわからない」、「コンピュータを使用するが基本操作しかやることがない」等の理由で不安を感じていた(表3:設問6)。受講生は、コンピュータを日常的に使っているため、ある程度の操作には慣れていても、授業等で学習したことのない系統解析という言葉に難しそうな印象を受け、不安に思う受講生が多かったと思われる。一方で、事後質問紙調査の設問9(表3)では、事前質問紙調査(表3:設問6)において不安があると回答した9人のうち、5人は「不安が解消された」、1人は「どちらともいえない」、3人は「解消されなかった」と回答した。不安が解消された理由として「実際に行ってみると意外と簡単で楽しかった」、「そこまで難しくなかった」といった回答が見られ、実際に自分自身で分子系統樹を作成してみること、日常生活でコンピュータを使うように簡単にできるということがわかり、解析という言葉だけを聞いて「難しそう」と考えてしまった先入観を捨てることができた

表6 事前・事後質問紙調査による「菌類の分類」に関する共起関係の変化

事前	事後
①動物との比較の視点	①二界説による視点
②細胞構造に注目した視点	②菌類の分類に対する設問の回答
③植物との比較の視点	③分子系統学の視点
④生殖方法についての視点	④解析手法による視点

と考えられる。「どちらともいえない」、「不安が解消されなかった」と理由としては「ひとりではできるか不安」、「英語が難しかった」、「パソコンがうまく動かなかった」という回答があった。英語表記については、系統樹作成解説用の授業資料内では日本語訳を入れたが、実際に見ているパソコンの画面では英語が表示されているので、困難を感じたと思われる。また、使うパソコンのOSによってはソフトウェアがうまく動作しなかったり、保護者によるアクセス制限により自分のパソコンで作業できなかったりしたことが不安を解消できなかった原因として考えられる。これらに関しては、授業を行う際にパソコンを準備するときの注意点を挙げておく等、改善が必要である。

生物の情報解析についての興味、関心に関しては、設問8(表3)で回答があった17人のうち、64.7%(11人)の受講生が、興味があるとしたものの、38.9%(6人)は、「実験室で行うような実験が好き」、「よくわからない」という理由で興味がないと回答した。しかし、授業後の設問10(表3)では、88.9%(16人/18人中)が生物の情報解析について興味が深まったと回答した。理由としては「触れることができて親近感がわいた」、「実際にどのようにデータ解析を行っているか体験できたため」といった内容が挙げられた。また、どちらともいえないと回答した2人の理由としては、「難しすぎた」、「情報解析を他の分野でも活かせればやってみたい」という内容であった。設問11(表3)に関しても、94.4%(17人/18人中)の受講生が今後積極的にコンピュータを使った解析に取り組みたいとしたことを踏まえると、実際に分子系統樹を作成するという活動が、不安の払拭同様、難しそうという思い込みを取り除き、興味を深めることにつながったと考えられる。

3-6 講座全体を通した学び

「講座を受講して学んだこと」に関する自由記述(表4:設問15)から収集されたテキストデータの総抽出語数は、549語であった。これらのうち、分析に使用した抽出語数は219語(異なり語数は122語)となった。各共起ネットワーク図には、カテゴリーごとに丸囲みを描き加えた。

共起ネットワーク図は、最小出現数2回で描画し、3つのカテゴリーが構成された(図5)。カテゴリーIでは、「系統」、「分類」、「生物」、「分子」、「形態」が接続された。これらは「いかに分子系統で分類できているかを知った」や「分子系統樹を形態系統樹と比較した結果」という文脈に用いられていた。形態から推定できる系統樹と分子系統樹を比較して、分類について考えたと推察できたため、このカテゴリーを「系統樹比較による学び」と解釈した。カテゴリーIIでは、「進化」、「ドメイン」、「用いる」、「近い」、「見る」、「過程」が接続された。これらは「近隣結合法という互いが一番近くなる方法を用いた」、「菌類は真核生物ドメインのオピストコンタに分類」、「生物の進化の過程で同じような形態が見られても必ずしも近い種であるとはいえない」等の記述で見られ、分類の方法や結果、収斂進化など進化の過程について学んだ結果であるといえる。そのため、このカテゴリーを「分類、進化についての学び」と解釈した。カテゴリーIIIでは、「コ

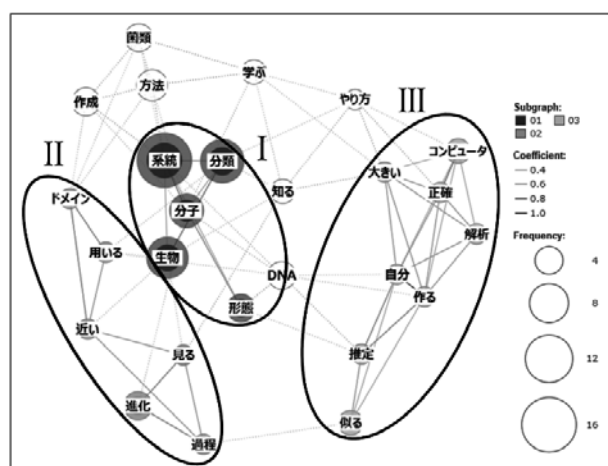


図5 「講座を受講して学んだこと」に関する共起ネットワーク図

ンピュータ」、「似る」、「大きい」、「正確」、「解析」、「自分」、「作る」、「推定」が接続された。これらは「コンピュータの解析は正確性が高いが難しい」や「自分たちの視点をもとに系統樹を作ると個人差が大きく出る」、「分子系統学的に推定できる系統樹で自分が作ったもの」、「見た目似ていても遠縁」のような文脈に使われていた。形態から推定できる系統樹と分子系統樹の作成において考えたことを中心に両者の比較をした結果をまとめたと考えられるため、このカテゴリーを「系統樹作成による学び」と解釈した。

以上より、本授業での学びとして、「系統樹比較による学び」、「分類、進化についての学び」、「系統樹作成による学び」が挙げられた。系統樹作成および系統樹の比較は、生物の分類方法の変遷をたどるという観点から本授業において特に重要視した実践であり、これらの活動が生物、菌類の分類の学習の学びに効果的であったことが示唆された。

4. 結論と今後の展望

本研究では、高校生を対象にソフトウェアを用いて分子系統樹を作成し、形態から推定できる系統樹と比較する授業において、生物、特に菌類の分類についての学習効果とコンピュータでの解析に対する考え方の変化を調査した。その結果、菌類の分類について考える視点が形態や生活様式を中心としたものから系統関係を踏まえたものに変化する等、生物の分類の学習に効果があることが明らかになった。また、コンピュータを用いた解析について、「難しそう」という理由から不安を抱いていた受講生が多かったが、実際に分子系統樹を作成することで得られた達成感とともに不安が解消され、解析への積極性を育むことができた。

一方で、ほとんどの受講生は分子系統樹の良さについて、形態から推定できる系統樹と比較して考えられていたものの、「形態で分類するのは良くない」という、分類に形態を用いることが不適切であるかのような記述がわずかに見られた。確かに、分子系統樹は形態の比較ではわからないような系統関係を明らかにすることができ、

信頼性が高いと考えられる。しかし、分子系統樹を利用することで、形態形質の進化がより科学的に議論できるだけでなく、形態形質そのものの見方も深まると考えられることから(村上, 1996), 今後同様の授業を行う際には、分子系統樹を利用して形態を見るというような視点も取り入れ、分類に関する理解を深める授業づくりを考えていく必要がある。

また、本研究で作成された分子系統樹について、一部ブートストラップ値が低い分岐が見られた。より信頼性の高い分子系統樹を教材として用いるため、DNA塩基配列の領域や解析対象とする種については、更なる検討が必要であるといえる。

謝 辞

国立研究開発法人科学技術振興機構「グローバルサイエンスキャンパス」の支援を受けて実施した千葉大学ASCENT Programにて講義を行う機会を提供して下さった野村純教授、質問紙調査にご協力いただいた受講生の皆様に感謝いたします。

参考文献

新井正 (1997) 微生物の分子系統分類学の進歩と命名.

日本医真菌学会雑誌, 38: 135-140

樋口耕一 (2004) テキスト型データの計量的分析—2つのアプローチの峻別と統合—. 理論と方法, 19: 101-115

樋口耕一 (2017) 言語研究の分野におけるKH Coder活用の可能性. 計量国語学, 31: 36-45

文部科学省 (2017) 中学校学習指導要領 (平成29年告示) 解説 理科編.

文部科学省 (2018) 高等学校学習指導要領 (平成30年告示) 解説 理科編 理数編.

村上哲明 (1996) 形態進化の理解のために分子系統樹はいかに役立つか. PLANT MORPHOLOGY, 8: 15-20
日本菌学会 菌類ワールドへの誘い. <https://www.mycology-jp.org/html/invitation.html>, 2023年10月10日確認

Tamura K, Stecher G, Kumar S (2021) MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 11. *Molecular Biology and Evolution*, 38: 3022-3027

Yamanoi T, Takemura M, Sakura O, Kazama T (2012) Development and Evaluation of an Activity to Teach Molecular Phylogeny, Deep Time and Classification Systems for Japanese High School Students. *The Asian Journal of Biology Education*, 6: 13-25