

理科（探究生物 I）学習指導案

- 1 日 時 令和 6 年 6 月 20 日（木）第 2 限（9:50~10:40）
- 2 ク ラ ス 2 年 1 組（探究系クラス、生物選択 8 名）
- 3 場 所 生物室
- 4 使用教材 教科書：「高等学校 生物」（啓林館） 副教材：授業プリント
- 5 単 元 第 1 部 生物の進化 第 4 章 生物の系統
- 6 単元の目標

- (1) 基本的な生物の分類方法や系統の推定方法について理解し、生物を正しく分類している。また、塩基配列やアミノ酸配列の情報から分子系統樹を作成する基本的な技能を身に付けている。【知識及び技能】
- (2) 生物が獲得した多様な形質の共通性や多様性を、進化論の考え方と関連付けて考察し表現している。【思考力、判断力、表現力等】
- (3) 生物がもつ形質の共通性や多様性を主体的に見出そうとしている。また、他者と積極的な議論を通して、生物の分類や系統について科学的に探求しようとしている。【学びに向かう力、人間性等】

7 本時の指導と評価の計画

(1) 単元内での位置

第 1 部 生物の進化

第 4 章 生物の系統（全 8 時間）

- |                                 |                           |
|---------------------------------|---------------------------|
| 1 生物の分類 分子系統樹の書き方               | 1 時間                      |
| <b>2 分子系統解析～バイオインフォマティクス入門～</b> | <b>2 時間（本時 1 時間／2 時間）</b> |
| 3 生物の分類                         | 4 時間                      |
| 4 人類の起源と進化                      | 1 時間                      |

(2) 重点目標と評価規準【思考力、判断力、表現力等】

情報技術の発展に伴い重要性が急速に増しつつある、コンピューター上で生物に関する解析を行う学問領域であるバイオインフォマティクスのうち、塩基配列やアミノ酸配列の情報を用いた分子系統解析の実習を通してその有用性と問題点を見出している。特に、従来までの方法である形質をもとにした系統樹と本時で作成した分子系統樹の違いについて、その要因を進化のしくみとの関連を図りながら考察し、表現している。

(3)本時の展開

場面	学習活動	指導上の留意点	具体の評価規準と評価方法
導入	<ul style="list-style-type: none"> <li>・前時に作成した、5種の生物の形質に基づき作成した系統樹を確認させる。</li> <li>・分子系統樹の作成方法について復習する。</li> </ul>		
展開	課題：Web から得た塩基配列情報から、コンピューター上で分子系統樹を作成する		
	<ul style="list-style-type: none"> <li>【実習 1】 mRNA 塩基配列の取得</li> <li>・「National Library of Medicine」から生物の塩基・アミノ酸配列の情報を得られることを伝える。</li> <li>・Teams から 5 種のヘモグロビン <math>\alpha</math></li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>・ 2 人 1 組で実施し、授業プリントを参照して生徒自身で進めさせる。</li> <li>・ プロジェクターに実際に</li> </ul>	

	<p>サブユニット成熟 mRNA 塩基配列情報をダウンロードさせる。 〔課題1〕塩基配列のデータを見て気づいたことを共有させる。</p> <p>【実習2】MAFFTによるマルチプルアラインメントの実施 〔課題2〕翻訳領域（コーディング領域）を特定させる。</p> <p>【実習3】EMBOSS Transeqを用いたアミノ酸配列への翻訳</p> <p>【実習4】分子系統樹の作成 〔課題3〕分子系統樹を記入させる。</p> <p>〔課題4〕分子系統樹と形質に基づく系統樹(前時作成)のうち、どちらが進化の道筋を適切に反映しているか議論させる。</p> <p>〔課題5〕2つの系統樹に違いが生じるのはなぜか考察させる。 〔課題6〕分子系統解析が適応できない場面を考えさせる。</p>	<p>用いるサイトの画面を共有し、生徒が誤った操作を実行することを防ぐ。</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>・同じ遺伝子でも種によって塩基配列が大きく異なることを理解させる。</li> <li>・翻訳領域が正しく特定できていないとこれ以降の実習に支障が出るため、正しく特定できているか確認する。</li> <li>・進化論との関連を図りながら考察するよう促す。</li> </ul>	<p>【知識及び技能】 保存されている mRNA 塩基配列領域に着目して、開始コドンと終始コドンの位置を推定できる。</p> <p>【思考力、判断力、表現力等】</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>・系統樹間で違いが生じた理由を進化論との関連を図りながら説明できる。</li> <li>・各解析方法の適切な利用方法と場面を考えられる。</li> </ul>
まとめ	<ul style="list-style-type: none"> <li>・系統分類に関する議論が現在も科学者の間で続いており、様々な問題点があることに触れる。</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>・次回の授業で、各班で議論したことの共有を行う。</li> </ul>	

(4)評価規準 【思考力、判断力、表現力等】の評価

- A 系統樹間の違いを適切に指摘し、本時で扱った生物種の系統樹に対してその違いが生じる要因を進化論との関連を図りながら具体的に説明できている。また、それぞれの系統分類の方法のメリットとデメリットを具体的な場面を想定して記述できている。
- B 系統樹間の違いを適切に指摘し、違いが生じる要因について進化論と関連付けて一般的な説明をしている。それぞれの系統分類の方法の一般的なメリットとデメリットを記述できている。
- C Bに達しない

8 授業者の振り返りと授業改善に向けて

本実習を通して、生物をマクロからマイクロまでの多角的な視点で捉えることの必要性、生物の分子レベルの多様な情報を取得可能であること、一からデータ取得するのではなく既存のデータを活用する研究手法があることを認識させることができた。インターネット接続不良のため【実習3】を行うことができず、既に翻訳済みのデータの配布等が必要となった。また、生徒によりコンピューター操作の習熟に差があり、よりスムーズな進行ができるような体制を整えることも必要と感じた。

9 御高評

## 観点別学習状況の評価事例

### 1 科目・単元・内容

探究生物 I (生物)・生物の進化・生物の系統

### 2 評価の観点

思考力、判断力、表現力等

### 3 評価ポイント

分子系統樹と形質をもとにした系統樹の比較を通して、進化論との関連を踏まえて系統分類の方法のメリットやデメリットを考察できるかを見る。

### 4 評価基準等

十分満足できる (A)	おおむね満足できる (B)	努力を要する (C)
系統樹間の違いを適切に指摘し、その違いが生じる要因を進化論との関連を図りながら具体的に説明できている。また、各系統分類の方法のメリットとデメリットを具体的な場面を想定して記述できている。	系統樹間の違いを適切に指摘し、違いが生じる要因について進化論と関連付けて一般的な説明をしている。また、各系統分類の方法の一般的なメリットとデメリットを記述できている。	系統樹間の違いを指摘できない。またはその違いが生じる要因を説明できない。また、各系統分類法のメリットやデメリットを記述できない。

### 5 評価例

**【評価 B の例】** 分子系統樹によるとマウス・ワニ・ニワトリの共通祖先からマウスとそれ以外の共通祖先に分岐したと読み取れるが、形質による系統樹ではマウス・ワニ・ニワトリの共通祖先からワニとそれ以外の共通祖先に分岐したと読み取れる。形質だけに着目すると、取れんによって形質が類似したものを同じ系統としてしまうリスクがある。また、同義置換を踏まえると、形質の違いが進化の道筋を完全に反映しているとはいえない。分子系統樹はこの問題を回避できるが、核酸、アミノ酸配列が不明な種には適応できない。

→ 系統樹の違いと、書く系統樹のメリット・デメリットを記述できているので、思考力、判断力、表現力等の観点において「おおむね満足できる」状況 (B) と判断できる。

**【評価 A の例】** (評価 B の例に加えて) 例えば、ハイギョは両生類的な形質的特徴を持つ魚など、一概に形質による生物の分類が進化の道すじを反映しない例が挙げられる。形質による分類で恒温動物という共通点からニワトリ・マウスをワニとの共通祖先から分岐したと考えたが、他の形質に着目すればその分岐は結果が異なるかもしれない。しかし、絶滅してしまった種に関して DNA や RNA の塩基配列の情報を得ることは難しく、古生物の分類にこの方法を適応することができないため、形質による判断も必要だろうと考えた。

→ **【評価 B の例】** の説明を具体例と結び付けて説明できているため、思考力、判断力、表現力等の観点において「満足できる」状況 (A) と判断できる。

**【評価 C の例】** 系統樹の並び方が違う。形質による分類のしかたは数多くあるが固定化されている。生物間の形質が違うのは DNA に違いがあるからなのに 2 つ系統樹に違いがでるのはなぜだろう。

→ 説明が進化論との関連が図られていないため、思考力、判断力、表現力等の観点において「努力を要する」状況 (C) と判断できる。

**【「努力を要する」状況 (C) と評価した生徒に対する指導の手立て】**

要因として、以下の 3 点が考えられる。

- ① 進化に関する知識が不十分である。 → 進化の仕組みに関する知識と考え方について確認する。
- ② 分子系統樹に関する理解が不十分である。 → 自らの手で分子系統樹を作成する実習を再度実施する。
- ③ コンピューターの操作に不安がある。 → 正しい操作を実行できているか再度確認する。

# 『生物の分類』

◆以下の生物を様々な基準でグループ分けし、その結果を周囲のと共有しよう



- [ ] …識別しやすい形質や生活様式によって分類する方法
- [ ] …生物の進化の道筋に沿った類縁関係により分類する方法

◆脊椎動物を形質によって分類し、系統樹を作る



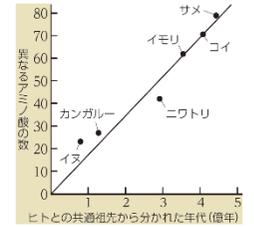
*Cyprinus carpio*    *Xenopus laevis*    *Crocodylus siamensis*    *Gallus gallus*    *Mus musculus*

★次の形質に着目しよう。 ①四肢の有無    ②羊膜の有無    ③体温調節    ④胎盤の有無    ※不明なものは適宜調べて記入。

	四肢	羊膜	体温調節	胎盤
コイ (魚類)				
カエル (両生類)				
ワニ (爬虫類)				
ニワトリ (鳥類)				
ヒト (哺乳類)				

◆系統分類から進化の筋道を推定する

Q: 進化の筋道に沿った分類をするために必要な情報は?



★分子系統樹の作成方法をマスターする

【資料】右表は5種の生物に共通する特定の遺伝子の塩基配列の一部分である。塩基がすべての種で同一の部分は「・」で示した。この情報から分子系統樹を作製し、進化の道筋を考察しよう。  
 ※分子系統樹の作成方法は別紙1を参照すること。  
 ※塩基が置換する速度はどの種でも一定であるとする。

種 A	・ A · T · · · C · A G · · A · C · · · A · A · · G C · T ·
種 B	・ G · C · · · G · A G · · A · C · · · A · A · · G C · T ·
種 C	・ T · A · · · G · G C · · G · A · · · G · G · · G C · T ·
種 D	・ G · G · · · A · T A · · T · G · · · T · G · · A C · T ·
種 E	・ G · G · · · A · C T · · C · T · · · G · T · · A T · A ·

STEP1 種間で異なる塩基数を調べて、下の表にまとめよう。

	種 A	種 B	種 C	種 D	種 E
種 A					
種 B	-				
種 C	-	-			
種 D	-	-	-		
種 E	-	-	-	-	

最も塩基配列が似ている2種が最も近縁だと考えられる。  
 種 A~E の中で最も近縁な組み合わせは…?

STEP2 完成した系統樹を以下に記入しよう。

★別紙 1 分子系統樹の書き方 (非荷重結合法)

例えば、3 種 X, Y, Z において、種間で異なる塩基数をもとに系統樹を作製しよう。なお、種によらず進化速度は一定とする。

	種 X	種 Y	種 Z
種 X	—	2	5
種 Y	—	—	6
種 Z	—	—	—

STEP1 最も近縁な 2 種に着目する

塩基の違いが少ない=最も近縁であると判断し、種 X と種 Y が最も近縁。

種 X と種 Y の異なる塩基が 2 個ということは、共通祖先から種 X に進化する過程で塩基配列が 1 個変化し、共通祖先から種 Y に進化する過程で塩基配列が 1 個変化したことで、結果的に種 X と Y 間で合計 2 個の塩基に違いが生じたと考える。

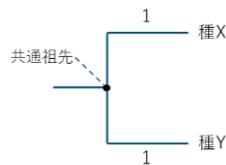


図 1

STEP2 種(XY)と近縁な種に着目する

種 X と Y が枝でつながれたので、種 X と Y を 1 つの種としてとらえ種(XY)と書く。種(XY)と近縁なのは種 Z。

	種(XY)	種 Z
種(XY)	—	5.5
種 Z	—	—

種 X と種 Z の異なる塩基数は 5、種 Y と種 Z の異なる塩基数は 6 であること

から、種 X と Y を 1 つの種とみなした種(XY)と種 Z の間で異なる塩基数は  $11/2=5.5$  個だと考える。

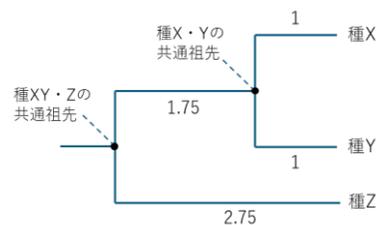
つまり、種(XY)と種 Z の共通祖先から種(XY)に進化する過程で塩基配列が 2.75 個変化し、共通祖先から種 Z に進化する過程で塩基配列が 2.75 個変化したことで、結果的に種(XY)と種 Z で合計 5.5 個の塩基に違いが生じたと考える (図 2)。



図 2

STEP3 図 1 と 2 から樹形図を完成させる。

これまで作成した樹形図を組み合わせることで、種 X・Y・Z の進化の過程を示した分子系統樹が完成する。



# 『分子系統解析～バイオインフォマティクス入門～』

## ◆バイオインフォマティクスとは…？

バイオインフォマティクスとは、コンピュータで解析可能な大規模データを生物から抽出し、情報科学の技術で解析する研究分野である。特に近年、次世代シーケンサー(next generation sequencer; NGS)の発展に伴い、大量の塩基配列の情報をインターネット上で簡単に得られるようになったことで、この分野の重要性が急速に増しつつある。

## ◆インターネット上から塩基配列情報を取得し、分子系統樹を作製する

以下の生物の「ヘモグロビンαサブユニット」のmRNA塩基配列から、系統樹を作製する。



## 【実習1】mRNA塩基配列の取得

(今回は省略。Teamsに必要な塩基配列をアップロードしたので、ダウンロードする)

使用するサイト：The National Center for Biotechnology Information(https://www.ncbi.nlm.nih.gov/)



例えば、検索欄で「Nucleotide」を選択し、「Mus musculus hemoglobin subunit alpha」などと検索すると、多くの情報がヒットする。

このサイトには莫大な数の生物種の、多様な遺伝子の塩基配列、ゲノム情報、タンパク質のアミノ酸配列情報が蓄積されている。

**課題1** 5種のヘモグロビン遺伝子のmRNA配列(別紙1)を見て、気づいたことを共有しよう。

## 【実習2】5種のmRNA配列についてマルチプルアラインメントをおこなう

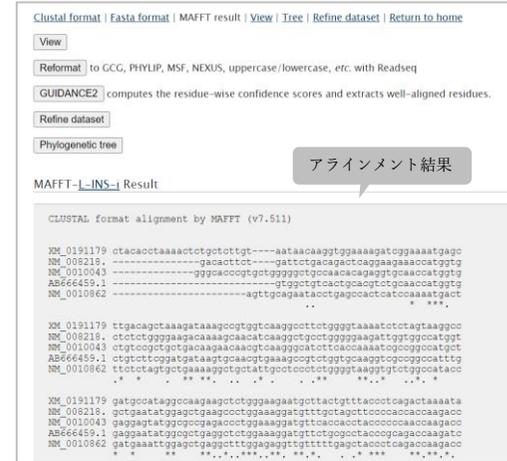
★マルチプルアラインメントとは…？

与えられた複数の塩基配列やアミノ酸配列を、できるだけ類似する部分と同じ位置になるように整理させる操作。

- ①Teamsから「MAFFT(https://mafft.cbrc.jp/alignment/server/)」にアクセス
- ②「ファイルを選択」をクリックし、「ヘモグロビン塩基配列.fasta」を選択し「開く」をクリック
- ③「Submit」をクリック(本来ならばアラインメントに関する様々な設定を行うが、今回はデフォルトのままでもよい)。



④アラインメント結果が表示される(別紙2)。



アラインメントされた5種のヘモグロビンαサブユニット遺伝子塩基配列を見ると、各種の塩基配列が類似する部分が多くなるように整理されていることが分かる。

対応するサイトが縦一列になるように並べられ、5種とも保存されているサイトは「\*」、一部の種で保存されているサイトは「・」、ギャップになっている部分(塩基の欠失などによる)サイトには「-」が表記される。

なお、今回のアラインメントにはmRNAを使用しているが、ウラシルはUの代わりにTが表記として用いられることに注意。

## 課題2

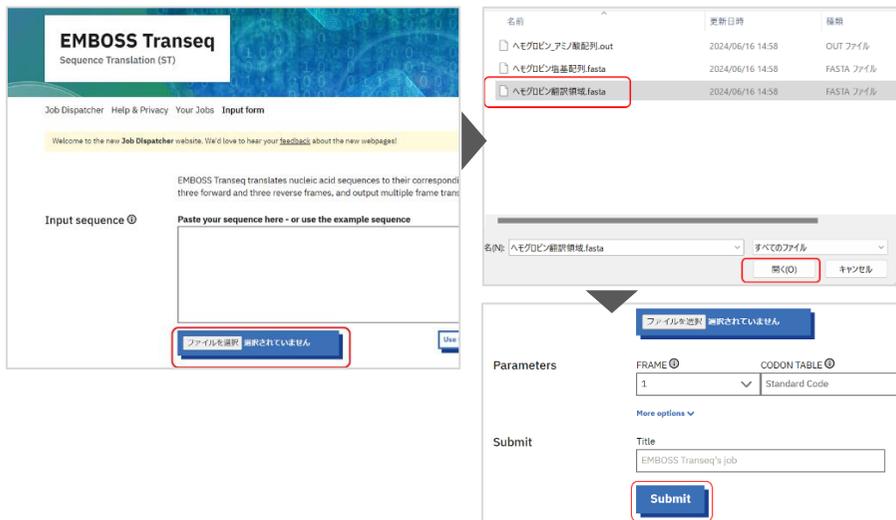
アラインメント結果を見ると、5種の配列がよく保存されている領域(\*や・が多い領域)とそうでない領域があることに気付く。今回用いたmRNA配列には、タンパク質として翻訳される翻訳領域(コーディング領域)の両端に非翻訳領域(untranslated region; UTR)を含んでいる。この領域は翻訳の調節に関わるが、アミノ酸を指定しない。アミノ酸を指定する翻訳領域は開始コドンから終始コドンまでの間である。

5種のmRNA配列のそれぞれからコーディング領域にあたると思われる領域を見つけ、別紙1に蛍光ペンで示そう。これをもとに、「ヘモグロビン翻訳領域.fasta」を開き、非翻訳領域を削除してコーディング領域のみにしたうえで上書き保存しよう。

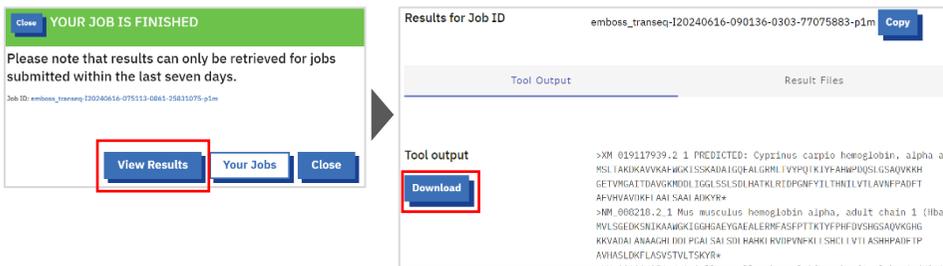
【実習 3】コーディング領域をアミノ酸配列に変換する (翻訳)

課題 2 で作成したコーディング領域の塩基配列をアミノ酸配列に翻訳しよう。

- ① Teams から EMBOSS Transeq ([https://www.ebi.ac.uk/jdispatcher/st/emboss\\_transeq](https://www.ebi.ac.uk/jdispatcher/st/emboss_transeq)) にアクセス。
- ② 「ファイルを選択」を選び、課題 2 で作成した「ヘモグロビン翻訳領域.fasta」を選択し、「開く」をクリック。
- ③ 「Submit」をクリック。



- ④ 「YOUR JOB IS FINISHED」と表示されたら、「View Results」をクリック。
- ⑤ mRNA 配列が翻訳されアミノ酸配列が表示されるので、このファイルをダウンロードする。「Tool Output」の下の「Download」をクリックし、ファイル名を「ヘモグロビンアミノ酸配列」としてデスクトップに保存する。



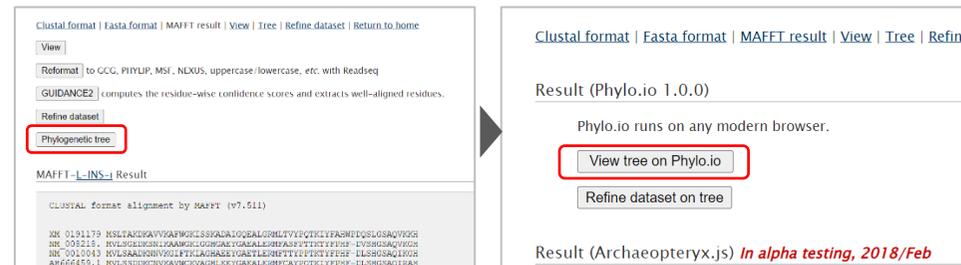
※注意 翻訳されたアミノ酸配列データ内でアミノ酸が 1 文字表記で表現されている。

一文字表記	日本語表記	三文字表記	一文字表記	日本語表記	三文字表記
A	アラニン	Ala	H	ヒスチジン	His
F	フェニルアラニン	Phe	M	メチオニン	Met
K	リシン	Lys	R	アルギニン	Arg
P	プロリン	Pro	W	トリプトファン	Trp
T	トレオニン	Thr	E	グルタミン酸	Glu
C	システイン	Cys	I	イソロイシン	Ile
G	グリシン	Gly	N	アスパラギン	Asn
L	ロイシン	Leu	S	セリン	Ser
Q	グルタミン	Gln	Y	チロシン	Tyr
V	バリン	Val	*	終止コドン	Ter
D	アスパラギン酸	Asp			

【実習 4】5 種のアミノ酸配列についてマルチプルアラインメントを行い、分子系統樹を作製する

【実習 2】と同様に、【実習 3】で作成したアミノ酸配列についてアラインメントを実施し、アミノ酸配列がどの程度保存されているかを明らかにしよう。

- ① Teams から「MAFFT」(<https://mafft.cbrc.jp/alignment/server/>) にアクセス
- ② 「ファイルを選択」をクリックし、「ヘモグロビンアミノ酸配列.out」を選択し「開く」をクリック
- ③ 「Submit」をクリック (本来ならばアラインメントに関する様々な設定を行うが、今回はデフォルトのままでもよい)。
- ④ 下にスクロールすると、アラインメント結果が表示される。このアラインメント結果をもとに分子系統樹を自動作成しよう。アラインメント結果上部の「Phylogenetic tree」をクリック。
- ⑤ (本来様々な設定をすべきところが今回はすべてデフォルトのまま) 「Go!」をクリック。
- ⑥ Result が画面になるので、「View tree on Phylo.io」をクリック。



⑦ 系統樹が表示される。

## 探生物Ⅰ(探究系) 授業プリント12 第4章 生物の系統

**課題3** 実習4で得られた分子系統樹を、以下に書き写そう。

**課題4** 授業プリント11で、同様の5種について形質による分類・系統樹の作成を行った。この系統樹と本時で作成した系統樹の違いを指摘して、どちらが進化の道筋を適切に反映しているのか議論しよう。

**課題5** 形質による分類をもとにした系統樹と分子系統樹に差が生じるのはなぜか。進化論の観点から考察し、その理由を述べよ。

**課題6** 形質による分類・系統樹の作成は可能でも、この実習で行った系統分析・分子系統樹の作成を適応できない場合がある。どのような場合か？

別紙1 5種のヘモグロビン $\alpha$ サブユニットmRNA塩基配列

解析に用いるファイルは「FASTAファイル(拡張子が.fasta)」である。  
「>」の後にその配列の生物名(学名)や何の配列なのかが記されており、2行目以降が配列データになっている。

```
>XM_019117939.2 PREDICTED: Cyprinus carpio hemoglobin, alpha adult 2 (hbaa2), mRNA
CTACACCTAAAACCTCTGCTCTTGTAAATAACAAGGTGGAAAAGATCGGAAAATGAGCTTGACA
GCTAAAGA
TAAAGCCGTGGTCAAGGCCTTCTGGGGTAAAATCTCTAGTAAGGCCGATGCCATAGGCCAAG
AAGCTCTG
GGAAGAATGCTTACTGTTTACCCTCAGACTAAAATATATTTTGTCTATTGGCCTGATCAATCT
CTCGGCT
CTGCCCAAGTGAAGAAACACGGCGAAACTGTGATGGGAGCCATCACTGATGCTGTGGGCAA
ATGGATGA
TCTTATTGGTGGACTGAGCTCCTTGAGTGATCTCCATGCCACAAAGCTCCGCATAGACCCTG
GAACTTC
TACATTCTGACCCATAACATCCTCGTGACTCTTGACAGTTAATTTCCCTGCTGACTTCACCGCA
GAAGTGC
ACGTGGCCGTGGACAAGTTCCTTGCGGCTCTGTCTGCAGCCCTCGCTGATAAATACAGATAA
ACTCATCA
CTCCGGGGCTTCTCGTGATCTGCAAACAGAGGCACTTCAAACGATAAAGCTAAAATATCAG
ATGGAATT
AATAAACTCTATAACAATCAAAA
```

```
>NM_008218.2 Mus musculus hemoglobin alpha, adult chain 1 (Hba-a1), mRNA
GACACTTCTGATTCTGACAGACTCAGGAAGAAACCATGGTGCTCTCTGGGAAGACAAAAGC
AACATCAA
GGCTGCCTGGGGGAAGATTGGTGGCCATGGTGCTGAATATGGAGCTGAAGCCCTGGAAAGG
ATGTTTGT
AGCTTCCCCACCAAGACCTACTTCCCTCACTTTGATGTAAGCCACGGCTCTGCCAGGT
CAAGGGTC
ACGGCAAGAAGGTGCGCGATGCTCTGGCCAATGCTGCAGGCCACCTCGATGACCTGCCCGG
TGCCCTGTC
TGCTCTGAGCGACCTGCATGCCACAAGCTGCGTGTGGATCCCGTCAACTTCAAGCTCCTGA
GCCACTGC
CTGCTGGTGACCTTGGCTAGCCACCACCCTGCCGATTTACCCCCGCGGTGCATGCCTCTCT
GGACAAAT
TCCTTGCTCTGTGAGCACCGTGCTGACCTCCAAGTACCGTTAAGCTGCCTTCTGCGGGGCT
TGCTTCT
GGCCATGCCCTTCTTCTCCCTTGACCTGTACCTCTTGGTCTTTGAATAAAGCCTGAGTAG
GAAGAAA
AAAAAAAAA
```

>NM\_001004376.4 *Gallus gallus* hemoglobin subunit alpha 1 (HBA1), mRNA  
GGGCACCCGTGCTGGGGGCTGCCAACACAGAGGTGCAACCATGGTGCTGTCCGCTGCTGAC  
AAGAACAAC  
GTCAAGGGCATCTTCACCAAATCGCCGGCCATGCTGAGGAGTATGGCGCCGAGACCCTGG  
AAAGGATGT  
TCACCACCTACCCCCAACCAAGACCTACTTCCCCACTTCGATCTGTCACACGGCTCCGCT  
CAGATCAA  
GGGGCACGGCAAGAAGGTAGTGGCTGCCTTGATCGAGGCTGCCAACACATTGATGACATC  
GCCGGCACC  
CTCTCCAAGCTCAGCGACCTCCATGCCACAAGCTCCGCGTGGACCCTGTCAACTTCAAAC  
CCTGGGCC  
AATGCTTCTGTTGGTGGTGGCCATCCACCACCTGCTGCCCTGACCCCGGAGGTCCATGCT  
TCCCTGGA  
CAAGTTCTTGTGCGCCGTGGGCACTGTGCTGACCGCCAAGTACCGTTAAGACGGCACGGTG  
GCTAGAGCT  
GGGGCCAACCCATCGCCAGCCCTCCGACAGCGAGCAGCCAAATGAGATGAAATAAAATCTG  
TTGCATTTG  
TGCTCCA

>AB666459.1 *Crocodylus siamensis* HBA mRNA for hemoglobin subunit alpha, complete cds  
GTGGCTGTCACTGCACGTCTGCAACCATGGTGCTGTCTTCGGATGATAAGTGCAACGTGAAA  
GCCGTCTG  
GTGCAAGGTCGCCGGCCATTTGGAGGAATATGGCGCTGAGGCTCTGGAAAGGATGTTCTGCG  
CCTACCCG  
CAGACCAAGATCTACTTCCCGCACTTCGACCTGAGCCACGGCTCCGCCCAGATCCGGGCCC  
ACGGCAAGA  
AGGTGTTTGCCGCTCTGCATGAAGCTGTCAACCACATCGATGACCTTCCAGGGGCTTTGTGC  
AGGCTGAG  
CGAGCTGCATGCCACAGCCTGCGGGTAGATCCCGTCAACTTCAAATTTCTGGCCCAGTGCG  
TCCTGGTG  
GTTGTGGCCATTACCACCCGGGCTCCCTGACTCCGGAGGTCCATGCCTCTCTGGACAAGTT  
CCTGTGTG  
CCGTGTCTCCGTGCTGACCTCCAAGTACCGTTAGACGGCAGCCCTGGCCCGGCTGGGCTC  
CGAGCCGCC  
AGCCAGTTTCCGCACCGAGAAGCAACCCAAATGTTCTGAAATAAAACCCTGCTGCCCTTGGT  
GCCACC

>NM\_001086277.2 *Xenopus laevis* hemoglobin subunit alpha 2 L homeolog (hba2.L), mRNA  
AGTTGCAGAATACCTGAGCCACTCATCCAAAATGACTTTCTCTAGTGCTGAAAAGGCTGCTAT  
TGCCTCC  
CTCTGGGGTAAGGTGTCTGGCCATACCGATGAAATTGGAGCTGAGGCTTTGGAGAGGTTGTT  
TTTGAGCT  
ACCCTCAGACCAAGACCTACTTCAGCCATTTTGACCTGAGCCATGGCTCTAAGGATCTCCGT  
TCTCATGG  
AGGAAAAGTGGTGAAGGCCATTGGAAATGCTGCCACTCACATAGATGACATTCCCATGCTC  
TGTCCGCT  
CTCAGTGACCTGCATGCCTTCAAACATAAAAGTTGATCCCGGAAACTTCAAACATGCTGTCCCA  
TGCCATCC  
AAGTGACTCTGGCTATCCACTTCCCTGCTGAATTCAATGCTGATGCACAAGCTGCCTGGGAC  
AAGTTCCT  
CGCCGTTGTCTCCGCTGTTCTGGTTTCCAAGTACAGATAAACAACGAAAGGCAAATGATGAA  
TATACAGT  
TTCGGGTGTTCCACGCCCTTAAACCAGTGGCAATTGATTCATCAATAAAGCTTTAAACTCATT  
TTAAAAA  
AA  
AAAAAAA  
AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

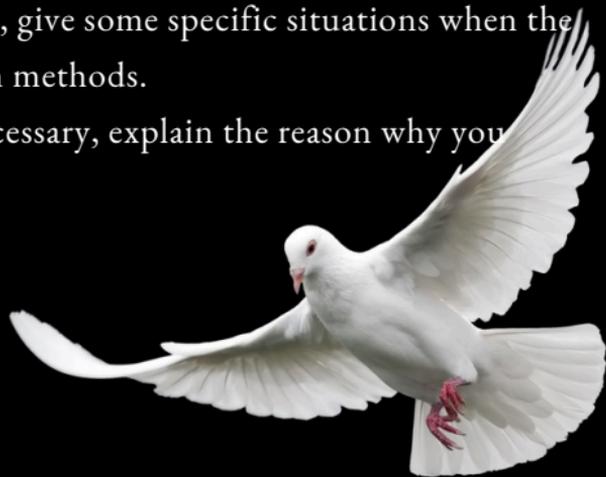
# *Make a presentation about the following topic in English!*

## Topic1

Is the classification strategy using trait differences necessary in today's society?

Include the following contents in your presentation

- Explain advantages and disadvantages of the classification through the BSC concept.
- If you think that the strategy is necessary, give some specific situations when the strategy can outweigh other classification methods.
- If you think that the strategy is NOT necessary, explain the reason why you think so.



*Make a presentation about the following topic in English!*

Topic2

Are there any species that have yet to be classified clearly?

Include the following contents in your presentation

- Give some specific examples of non-classified species.
- Explain the reasons why it is difficult to classify the species.
- Think over methods for classifying the species clearly and suggest the methods.

