

# Claude による ART 発見の内容確認と批評

研究成果と外部評価の検討

調査基準日 2026 年 9 月 24 日

GPT-6 Astra

本研究は、**AI** が公開ゲノムデータから研究価値のある未知の分子システムを見いだした事例として注目に値する。一方、**ART** の生物学的機能や遺伝子編集能力は未実証である。探索研究としての価値は高いが、機能と応用価値の評価には、今後の実験と独立した追試が必要である。[1, pp. 3-14]

本稿では、論文に記載された観察結果、著者の仮説、**AI** の寄与、発表直後の外部評価を区別して検討する。本文中の文献番号は文末の参考文献一覧に対応する。文献[1]のページ番号は、対象論文の PDF に付されたページ番号である。

## 1 調査対象と研究の位置付け

対象論文の正式題名は **Autonomous AI agents discover reverse transcriptases with tandem repeat arrays** である。Peter H. Yoon、Januka S. Athukoralage、Emmanuel Ameisen、Eric Kauderer-Abrams、Nicholas T. Perry、Matthew G. Durrant の 6 名が著者で、所属はいずれも Anthropic と記載されている。[1]

**Claude discovers a novel enzyme system with CRISPR-like repeats** は、2026 年 9 月 23 日に公開された Anthropic の紹介記事の題名である。同社はこの研究を初期成果として紹介し、技術報告をプレプリントとして公表している。公表時点の成果は、機能未解明の分子システムの特徴付けと、**AI** による発見過程の分析である。[1][2]

## 2 論文が示した研究内容

### 2.1 探索の目的と規模

研究者は **Claude Mythos 5** に、逆転写酵素と新しいパートナー遺伝子の組合せを探索させた。逆転写酵素（reverse transcriptase、RT）は、通常、RNA を鋳型として DNA を合成する酵素である。今回の探索では、約 19.4 億のタンパク質クラスターを対象に、約 19.8 万の RT クラスターを抽出し、約 1.1 万の遺伝子座の周辺を調べた。[1, pp. 2-4, 28-30]

初期探索は 119 タスク、949 エージェントセッションから構成され、経過時間は 21.5 時間、合計は約 77 エージェント時間、使用量は 2 億 1,560 万トークンであった。949 は累計セッション数であり、最大同時実行数は 58 である。トークン集計では、キャッシュから読み出した入力トークンが除外されている。[1, pp. 3, 28-30]

## 2 2 ART の構成と実験的な裏付け

探索中のエージェントは、巨大なバクテリオファージのゲノムにある **RT** の上流に、特徴的な **DNA** 反復配列を見いだした。バクテリオファージは細菌に感染するウイルスである。著者らは、反復配列、**RT**、隣接するパートナー遺伝子を含む系統を **ART** (**array-associated reverse transcriptases**) と名付けた。[1, pp. 5-8]

表 1 ART に関する観察結果と解釈の範囲

| 観察対象    | 論文に記載された結果                                                                               | 解釈できる範囲                                           |
|---------|------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------|
| 遺伝子配置   | <b>RT</b> の上流に非コード反復配列があり、下流にパートナー遺伝子を伴う。                                                | 新たな分子システムとして検討する根拠になる。                            |
| 系統的な広がり | <b>95</b> の <b>RT</b> クラスターを <b>ART</b> 系統に分類し、 <b>28</b> 座位で隣接反復配列を検出。                  | 複数の関連配列で共通する特徴。ただし全 <b>95</b> 座位で反復配列を確認したわけではない。 |
| 反復配列    | <b>15~49</b> 塩基の反復が <b>3~21</b> 個あり、その間に主に <b>120~220</b> 塩基の異なる配列が存在。                   | 異なる <b>RNA</b> を複数供給する構成が考えられる。                   |
| 感染時の発現  | <b>SA1</b> ファージ感染 <b>15</b> 分後には、配列由来 <b>RNA</b> がファージ由来 <b>RNA</b> の最大約 <b>8%</b> を占める。 | 感染中に実際に転写される領域である。                                |
| 新たな発現実験 | 大腸菌での発現でも、反復配列に由来する短い <b>RNA</b> を検出。                                                    | 計算上の予測を超えた実験的な裏付けがある。                             |
| 機能の実証   | <b>RT</b> 活性、 <b>RNA</b> の基質性、パートナーとの結合、生理機能は未実証。                                        | 酵素反応とシステムの機能は、今後解明すべき課題である。                       |

表 1 の出典は文献[1]の pp.6-13 である。感染時の解析は、Zhang らによる既存の **RNA** シーケンシングデータ[3]を Yoon らが再解析したものである。新規の大腸菌発現実験と、既存データの再解析は区別して評価する必要がある。[1, pp. 8, 35-36]

**RNA** が作られることの確認と、それを利用する酵素反応や生物学的機能の確認は、異なる検証段階である。著者ら自身も Discussion で、**RT** が活性を持つこと、配列由来 **RNA** がその基質であること、**RT** とパートナーが相互作用することを示していないと明記している。[1, p. 13]

## 2 3 CRISPR との類似の意味

**CRISPR-like** という表現は、反復配列と異なる配列が交互に並ぶ配置の類似を指す。**ART** では近傍に **cas** 遺伝子が見つからず、配列の長さや近縁ファージ間での保存のされ方も、**CRISPR** とは異なる。**RNA** の交換による標的指定や、**DNA** の切断、挿入、編集が可能であることは実証されていない。[1, pp. 6-9, 13]

著者らは、複数の異なる **RNA** を用いるレトロン様システムという仮説を提示している。レトロンは、**RT** と非コード **RNA**、関連タンパク質からなる系である。**ART** の複数の **RNA** が異なる刺激への応答を可能にするという説明は、今後検証すべき機能仮説として扱う必要がある。[1, pp. 8-9]

### 3 新規性と評価できる点

#### 3.1 既知の手掛かりから新しい系を特徴付けた

2021 年の Korn らの論文は、Marshall ファージの **RT**、その約 200 残基の N 末端領域、上流約 1,200 塩基の非コード領域をすでに記載していた。同論文は、非コード **RNA** の存在や、同時感染する他のファージに対する防御機能の可能性も議論している。[4]

今回の新規性は、こうした既知の手掛かりを発展させ、反復配列、隣接タンパク質、**RNA** 発現を結び付け、**ART** という系統として特徴付けた点にある。基礎となる **RT** そのものの存在を初めて見いだしたと解釈すると、新規性を過大に評価することになる。[1, pp. 6-9, 14][4]

同時期の Li らによる Minerva 研究では、UG27 という別系統の **RT** に関連する非コード **RNA** 配列群が報告されている。Yoon らもこの研究を文献 56 として引用している。**ART** 固有の構成の新規性と、**RT** と複数の **RNA** が組み合わさるという一般的な構成の新規性は、区別して判断すべきである。[1, p. 13][5]

#### 3.2 探索途中の予想外の観察を追究した

研究手法として特に評価できるのは、AI が当初の探索対象から外れる観察を追究したことである。探索の目的は **RT** のパートナータンパク質だったが、エージェントは一つの候補を誤った関連付けとして退けた後、その近縁 **RT** を調べ、上流 **DNA** を直接読み込んで反復に気付いた。その後、反復の計数、既知システムとの比較、文献による新規性の確認へ進んでいる。[1, pp. 3-5, 16]

候補となった 17 のパートナーファミリーのうち 14 は、既知の系、注釈の誤り、単なる近傍遺伝子などとして棄却・保留された。この過程は、候補を大量に生成する能力に加え、自らの仮説を否定しながら別の手掛かりを追う能力を示している。ただし、これらの判定の多くは計算解析上の判定であり、生化学的な機能確認の件数を意味しない。[1, pp. 3, 15, 30]

### 4 科学のおよび方法論的な批評

#### 4.1 機能解明のための実験が残っている

配列保存、遺伝子の共存、**RNA** 発現は、**ART** を追究する十分な理由になる。しかし、保存された触媒モチーフや構造予測だけでは、**RT** 活性を確定できない。**RT** とパートナーの複合体も予測段階にある。**RNA** の生産量が多いことも、特定の生理機能を直接証明するものではない。[1, pp. 6-9, 13]

新規の大腸菌発現実験は、各構成につき 1 培養と Methods に記載されている。独立した反復と別の測定法によって、**RNA** の境界や生成過程を確認することが望ましい。一方、既存の感染時 **RNA** データには各時点 3 培養があり、すべての観察が単一測定に依存しているわけではない。[1, pp. 35-36]

## 4.2 同じ発見に至る探索の安定性に課題がある

著者らは同じ探索を追加で 10 回実行したが、ART の反復配列はすべての再実行で見逃されたと報告している。関連する座位に到達しても、上流 DNA を十分に読み込まなかったことが要因として示されている。これは、AI の探索手順が再発見に至る安定性についての結果である。[1, pp. 8, 10, 38]

最初の発見の価値は認められるが、未知の重要候補を安定して拾い上げる性能は確立していない。また、再実行のログ調査は、元の探索で特定された ART 関連の識別子などを追跡する方法である。この結果から、一般的な発見成功率を単純に算出することも適切ではない。[1, p. 38]

## 4.3 自律性の範囲を研究段階ごとに区切る必要がある

最初の計算探索は、人間の介入なしに進んだ。一方、研究課題、データベース、解析ツール、方法ガイド、複数エージェントを管理する仕組みは準備されていた。探索後の解析については、著者が方向を指示し、Claude がコードを書いて実行したと Methods が明記している。[1, pp. 28, 31]

したがって、初期探索の自律性、後続解析における人と AI の協働、実験の実施主体を分けて評価すべきである。Anthropic の説明では、実験室での作業は人間の科学者が行っている。研究全体を完全自律と捉えたと、実際の役割分担を見失う。[1, p. 31][2]

## 4.4 速度と費用対効果の比較条件が不足している

21.5 時間という数値は初期探索に要した経過時間であり、事前の基盤整備、後続解析、実験を含む研究全体の所要時間ではない。熟練研究者が既存の最良の解析手法を使った場合との直接比較も行われていない。したがって、研究時間の短縮率や、専門家に対する優位性を定量的に結論付ける材料は不足している。[1, pp. 28-31]

約 2.156 億トークンには会話や解析作業に伴う入出力が含まれ、DNA 塩基数を表す数値ではない。キャッシュ読出しを除く集計であることも踏まえ、総費用はトークン数だけから判断できない。実務導入では、前処理、計算資源、人間のレビュー、実験まで含めた総時間と総費用を評価する必要がある。[1, pp. 28-30]

## 4.5 発見後のベンチマークは探索全体の試験ではない

発見後の固定入力ベンチマークは、ART 候補をあらかじめ与え、その特徴を説明させる試験である。未知の大規模データから重要な候補を発見する能力とは、測定している課題が異なる。比較対象は Claude の 7 モデルで、採点には Mythos 5 が用いられている。人間や他社モデルとの比較、独立した採点を加えると、評価の説得力が増す。[1, pp. 10-11, 38-39]

上位 4 モデルは、対象 DNA を直接提示した条件では 90% 以上の試行で反復配列を認識した。一方、ファイルとツールを与えた条件では、必要な長さの DNA を読まない試行が多かった。高性能モデルでも原データを十分に読まなければ重要な特徴を見逃す、という実務上の示唆がある。ただし条件間では対象数や情報量も変化しており、ツールの追加そのものが性能を低下させたと一般化することはできない。[1, pp. 10-11, 38-39]

## 4.6 内部信号の分析が示す因果関係は限定的である

**Mythos 5** の内部には、**ART** の反復に応答する信号が確認された。配列の反復を崩すと応答が消える結果は、モデルが反復パターンを捉えたことを支持する。一方、これらの信号は一般の文字列の反復にも応答し、**DNA** 特異的ではない。[1, pp. 12-13, 39-40]

特定の信号を操作して発見能力が変わることまでは示されていないため、科学的判断を生み出した因果機構の解明としては限定的である。一般的なパターン認識が生物学データの分析に役立つという結果と、発見を生み出す内部機構の説明とは区別する必要がある。

## 5 発表直後の評価と評判

2026 年 9 月 24 日時点の公開反応には、研究の方向性を評価するものと、機能未解明の段階で大きな応用可能性を読み取ることに慎重なものが併存する。以下は少数の初期反応であり、科学界の合意や正式な査読評価を表すものではない。

**Feng Zhang** 氏は、**RT** に関連する **RNA** 反復配列に興味深い発見とし、さらに調べる価値があると評価している。これは **Anthropic** の紹介記事に掲載された、プレプリントを読んだ上でのコメントである。有力研究者の肯定的な反応として参考になるが、機能を独立に追試した報告ではない。[2]

**Brett Savoie** 氏は、通常の実験室と **AI** を組み合わせる研究の進め方に注目し、大学の研究室でも実施可能な方向性と評価している。**Savoie** 氏は化学・材料科学と機械学習の接点を研究しており、この投稿は主に研究方法への評価と読むのが適切である。[6][7]

**Stanley Zhou** 氏の公開投稿は、**AI** による科学の加速への期待を示しながら、遺伝子編集分野の専門家がプレプリントをどう評価するかを待つ姿勢である。期待と判断留保を併せ持つ初期反応の一例であり、**ART** の機能を検証した評価ではない。[8]

**Reddit** の科学系コミュニティにも、発見を歓迎する一方、**CRISPR** との類似から大きな技術的可能性を読み取るのは早い、という反応がある。匿名の公開コメントであり、専門的査読としての重みは持たない。[9]

**Reuters** もこの発表を報じているが、記事は **Anthropic** の発表内容を伝えるものである。報道の広がり、独立した科学的検証は分けて判断する必要がある。[10]

## 6 総合評価と今後の判断材料

本稿の評価は、探索研究としての価値は高く、生物学的な新規性は興味深い一方、機能と応用価値は評価保留、というものである。予想外の観察を追究する探索過程に加え、機能未実証や追加 10 回での未再発見という不利な結果も開示している点を評価する。[1]

今後の判断材料としては、**ART** が行う反応とファージにおける役割の解明、外部研究者による追試、探索条件をそろえた専門家・既存手法との比較が重要である。実用的な遺伝子編集ツールとしての評価には、さらに標的指定の可能性、反応の制御性、編集効率など、用途に即した証拠が必要になる。

研究開発でこの方式を採用する際には、候補発見数だけでなく、実験で確認された有用な発見を、どれだけの総時間・総費用で得られるかを見るべきである。原データにアクセスする手順と、人間による機能検証を含む研究全体の設計が、導入効果を左右すると考えられる。

## 参考文献

ウェブで確認した資料の最終閲覧日 2026 年 9 月 24 日

- [1] Yoon PH, Athukoralage JS, Ameisen E, Kauderer-Abrams E, Perry NT, Durrant MG. Autonomous AI agents discover reverse transcriptases with tandem repeat arrays. Anthropic technical preprint. 2026. 40 pp. 2026 年 9 月 23 日公表。  
<https://www-cdn.anthropic.com/22573675ada52a8ca8a97a1a4b4326b2f208a071.pdf>
- [2] Anthropic. Claude discovers a novel enzyme system with CRISPR-like repeats. 2026 年 9 月 23 日。  
<https://www.anthropic.com/news/claude-discovers-novel-enzyme-system>
- [3] Zhang B, Xu J, He X, Tong Y, Ren H. Interactions between jumbo phage SA1 and Staphylococcus: A global transcriptomic analysis. Microorganisms. 2022;10(8):1590. DOI: 10.3390/microorganisms10081590.  
<https://doi.org/10.3390/microorganisms10081590>  
感染時 RNA データの原報。ART に関する再解析の内容は文献[1]に基づく。
- [4] Korn AM, Hillhouse AE, Sun L, Gill JJ. Comparative Genomics of Three Novel Jumbo Bacteriophages Infecting Staphylococcus aureus. Journal of Virology. 2021;95(19):e02391-20. DOI: 10.1128/JVI.02391-20.  
<https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8428398/>
- [5] Li DB, et al. Coevolutionary mining of prokaryotic non-coding elements with a genome language model. bioRxiv. 2026. Preprint. DOI: 10.64898/2026.09.22.753630.  
<https://www.biorxiv.org/content/10.64898/2026.09.22.753630v1>
- [6] Savoie B. Claude discovers a novel enzyme system. LinkedIn 公開投稿。  
[https://www.linkedin.com/posts/brett-savoie-5a516198\\_claude-discovers-a-novel-enzyme-system-activity-7508601684034772992-fZio](https://www.linkedin.com/posts/brett-savoie-5a516198_claude-discovers-a-novel-enzyme-system-activity-7508601684034772992-fZio)
- [7] University of Notre Dame, College of Engineering. Brett Savoie. 教員紹介。  
<https://engineering.nd.edu/faculty/brett-savoie/>
- [8] Zhou S. Claude discovers a novel enzyme system. LinkedIn 公開投稿。  
[https://www.linkedin.com/posts/stanleyzzhou\\_claude-discovers-a-novel-enzyme-system-activity-7508626259153719298-iB5L](https://www.linkedin.com/posts/stanleyzzhou_claude-discovers-a-novel-enzyme-system-activity-7508626259153719298-iB5L)
- [9] Reddit r/EverythingScience. Claude discovers a novel enzyme system with CRISPR-like repeats \ Anthropic. 公開スレッド中の SelarDorr によるコメント。  
[https://www.reddit.com/r/EverythingScience/comments/1wof301/claude\\_discovers\\_a\\_novel\\_enzyme\\_system\\_with/](https://www.reddit.com/r/EverythingScience/comments/1wof301/claude_discovers_a_novel_enzyme_system_with/)
- [10] Reuters. Anthropic says Claude AI helped discover novel enzyme system. 2026 年 9 月 23 日。Reporting by Aatreyee Dasgupta; Editing by Jonathan Ananda.  
<https://www.reuters.com/business/healthcare-pharmaceuticals/anthropic-says-claude-ai-helped-discover-novel-enzyme-system-2026-09-23/>