

Claude が発見した新規酵素システム「ART」

論文の内容確認・批評と評価・評判

対象：Yoon et al. 「Autonomous AI agents discover reverse transcriptases with tandem repeat arrays」
(Anthropic, 2026)

および Anthropic 公式発表「Claude discovers a novel enzyme system with CRISPR-like repeats」 (2026 年 9 月 23 日)

2026 年 9 月 24 日時点

Claude Opus 5.5

凡例

- 本文中の上付き番号 [n] は、文末「参考文献」の番号に対応する。
- 一次ソース（論文本文・公式記事等）で確認した事実には出典番号を付し、筆者の分析・推論・評価には【分析】と明記した。第 4 章・第 6 章は全体が分析である。
- 未検証の URL・情報は、参考文献欄の「確認状況」に明記した。
- 発表から約 1 日時点の情報に基づくため、評価・評判は今後変動しうる。

1. エグゼクティブサマリー

- **主張**：Anthropic は、Claude Mythos 5 で動く自律エージェント群が約 19.4 億のタンパク質クラスターから逆転写酵素（RT）を網羅探索し、RT 上流の非コード領域に並ぶタンデムリピートアレイと専用パートナー遺伝子を伴う新規 RT ファミリー「ART（array-associated RT）」を見出したと発表した^[1,2]。
- **事実関係**：主要数値（949 セッション、119 タスク、2 億 1,560 万トークン、壁時計 21.5 時間、人間の介入なし）は論文本文で確認でき、公式記事の丸めた数値（約 950 エージェント、21 時間、2 億 1,000 万トークン）とも整合する^[1,2]。
- **要注意の不整合**：公式記事は人間の関与を「初期プロンプトとラボ実験に限られた」とするが、論文はキャンペーン後のファミリー定義・系統解析・発現解析を「著者が指示する Claude Science 対話セッション」で行ったと明記する^[1,2]。【分析】自律的と言えるのは異常の検知と初期報告までで、生物学的な特徴づけは人間主導である。

- **最大の弱点**：同一条件での 10 回の再実行では、どのエージェントも RT 上流の DNA を読まず、アレイは全回で見逃された。また、RT 活性・RNA の基質性・パートナーとの相互作用・生物学的機能はいずれも未実証である^[1]。
- **解釈可能性の主張**：アブストラクトは発見を「特定の Myths 5 内部シグナルに帰せられる」とするが、根拠は 1 層のスパース辞書解析で、提示された 2 シグナルは事後選択・DNA 非特異的・因果検証なしである^[1]。【分析】表現が証拠より強い。
- **新規性の位置づけ**：ncRNA・RT・パートナーの三者構成は retron と共通し^[3]、RT 近傍の ncRNA アレイは系統的に無関係な UG27 RT でも別グループが同時期に報告している^[4]。
【分析】ART の新規性は「ジャンボファージ由来 RT+長い N 末端延長+タンデムリピートアレイ+専用パートナー」という組合せの記載にある。
- **評判**：発表 1 日時点で反応は限定的。Feng Zhang の推薦コメント^[2]とテック系メディアの紹介が中心で^[5,6]、一部メディアは機能未説明を理由に過熱を牽制している^[7,8]。専門家コミュニティによる独立検証はこれからである。
- **知財上の示唆**：【分析】米国では AI 関与発明でも発明者は自然人に限られ、2025 年 11 月の改訂ガイダンスで「AI は道具、通常の着想（conception）基準で判断」と整理された^[9,10]。本公表は ART 系技術の先行技術となり、欧州では自社出願の新規性も阻却されうる。調査実務では「生データを直接読ませる」設計が異常検知に効くという知見が示唆的である。

2. 論文・公式発表の内容（確認済み事実）

2.1 発表の概要

Anthropic は 2026 年春に生命科学研究グループを設け、ベイエリアに分子生物学ラボ（BSL-1/2 のみ、ヒト病原体は扱わず、実験はすべて人間が実施）を構築した。本件はその初期成果として、技術レポート（プレプリント）とともに公表された^[2]。論文の著者 6 名は全員 Anthropic 所属である^[1]。

公式記事によれば、ART の基盤となる RT 自体はジャンボファージで既に同定されていたが、非コード DNA のアレイと機能不明の付随タンパク質という「系の決定的特徴」に初めて気づいたのは Claude とみられる^[2]。実際、ファージ MarsHill の原報は RT を同定し 5' 側の ncRNA を提案したものの、リピートとパートナー遺伝子には触れていない^[1,11]。

2.2 自律研究ハーネスとデータ

- **役割分担**：worker（計画・実行）、supervisor（計画と結果のレビュー、追加タスクの起票）、curator（共有知識ベースへの記録）、editor（報告書の審査）。いずれも Claude Code（Mythos 5）のインスタンスである^[1]。
- **計算環境**：最大 58 並列セッション、60 CPU コア・192 GiB メモリ・GPU なし（構造予測は GPU キュー経由で 19 ジョブ）。約 140 のスキル（手順書）を参照できる^[1]。
- **データベース**：約 1,100 万バイオサンプル（主に Logan、ENA、JGI、NCBI）由来の約 158 億タンパク質を、50%同一性で約 19 億 3,924 万クラスターに集約したもの^[1]。

2.3 探索の規模と成果

表 1 自律キャンペーンの規模と成果

項目	内容
RT 検索	52 の RT プロファイル HMM で候補 3,391,714 件を検出し、203,381 件を保持。 198,290 の RT クラスターを 9 クラスに分類 ^[1]
近傍解析	7,308 アンカーから 10,983 座位を取得し、3,564 のパートナー候補ファミリーを採点 ^[1]
深掘り	17 ファミリー（当初 16+フォローアップで 1 追加） ^[1]
結果	新規 RT 関連パートナーの確認は 3 件（DEDDh エキソヌクレアーゼ×UG6、ThiF アデニル化酵素×retron/CRISPR RT、vWA×retron RT）。14 件は棄却・保留 ^[1] 新規 RT 系統 3 件（ART、TPR 融合 retron RT、RT-DEDDh 融合） ^[1]
報告書	19 本。LLM 審査によるトーナメント評価で ART は 3 位（36 戦 32 勝） ^[1]
規模	119 タスク（うち 98 件はエージェントが起票）、949 セッション、76.9 エージェント時間、2 億 1,560 万トークン、壁時計 21.5 時間、人間の介入なし ^[1]

2.4 ART が見つかった経緯

ある RT は当初、ジャンボファージの RNA ポリメラーゼ β 様サブユニット遺伝子との共起で候補に挙がった。worker（タスク t0010）はこれを遺伝子順序による見かけの関連として棄却したが、ファージ上の retron 様 RT という点に注目し、RT 自体を追跡するフォローアップを起票した^[1]。

後続タスク t0062 の worker は、近縁 RT の上流に長い非コード領域（中央値 940 bp）があることを受け、Logan 由来コンティグの 2,900 nt 配列を直接コンテキストに読み込んだ。そして解析ツールを介さずに「目視でタンデムリピートアレイが見える」と記述し、計数スクリプトで 16 nt リピート 14 コピー（スペーサー 100~200 nt）を確認、文献検索で既知要素に該当しない

ことを確かめて報告した^[1]。論文によれば、このタスクの指示にも研究ブリーフにもリピートやアレイへの言及はなく、既存のリピート検出ツールも実行されていない^[1]。

2.5 ART ファミリーの特徴（人間主導の追加解析）

キャンペーン後の解析は、著者が指示し Claude がコードを書いて実行する対話型の Claude Science（Anthropic の研究者向け AI ワークベンチ）セッションで行われた^[1,12,13]。主な結果は次のとおりである。

- **分布と系統**：培養ジャンボファージとウイルス由来コンティグから 95 の RT クラスター（90%同一性）を同定し、うち 28 座位で RT 直上流にリピートアレイを検出。系統上は retron に隣接するクレードで、アレイもパートナーも持たない姉妹クレードを「NART」と命名^[1]。
- **RT**：ポリメラーゼドメインの前に約 180 残基の N 末端延長を持つ（他クラスは概ね 50 残基以下）。触媒 YxDD モチーフは、配列がその位置まで及ぶ 93 メンバーすべてで保存^[1]。
- **アレイ**：長さ 0.3~4.1 kb、3~21 コピー。リピートは 15~49 nt で約 15 nt の回文コアを含み、スペーサーは 120~220 nt。近縁ファージ間ではスペーサーが順序ごと保存され、近傍に cas 遺伝子はない^[1]。
- **パートナー**：互いに類似性のない 3 タイプ。I 型は 95 座位中 59 座位で約 600 残基、GNAT 様フォールドを 2 つ持つ。II 型はブドウ球菌ファージ系統に限られ約 270 残基、III 型は約 170 残基。構造予測では RT の N 末端延長とパートナーの間に界面が示された（ipTM 約 0.6）^[1]。

2.6 発現解析と機能仮説

- **公開データの再解析**：ブドウ球菌ファージ SA1 の感染時系列 RNA-seq では、感染 15 分でアレイ由来 RNA がファージ RNA の最大 8%を占め、再現性のある境界をもつ短鎖 RNA に分かれていた^[1,14]。
- **大腸菌での発現**：天然座位と異種プロモーター構築体をプラスミドで発現させ small RNA-seq を行ったところ、アレイから離散的な短鎖 RNA が得られた（各構築体 1 培養）^[1]。
- **仮説**：retron と同様に ncRNA・RT・パートナーの三者で構成されるが、単一の RNA ではなく複数 RNA の「バンク」を持ち、それぞれが別の複合体を作って異なるトリガーに応答しうる^[1,3,15]。

2.7 再現性・ベンチマーク・内部シグナル解析

- **再実行**：同一ハーネス・同一ブリーフで 10 回再実行。多くの回で ART 座位はサンプルされ、2 回はフォローアップ対象にもなったが、上流 DNA を読んだ例はなく、アレイは全回で見逃された^[1]。
- **固定入力ベンチマーク**：7 モデル×5 レベル×100 試行。採点は著者が選んだ 10 項目で、審査は Mythos 5。上位 4 モデル（Opus 5.5、Mythos 5.1、Mythos 5、Opus 5）と他の 3 モデル（Opus 4.6、Opus 4.8、Sonnet 5）の間に明確な差があった。座位配列をプロンプト内に与えると上位モデルは 90%以上の試行でアレイを記述したが、ファイル+ツール条件では最低 32%（Opus 5、レベル 4）に低下。ファイル条件の試行の 39%は連続 200 nt 以上の配列を一度も読んでいなかった^[1]。
- **内部シグナル**：発見セッションの記録を Mythos 5 に再入力し、1 層の活性をスパース辞書で分解。合成リピートで事前選定した 12 シグナルのうち、対象配列を確認した後に 2 つを提示した。両シグナルは第 3 コピー前後から反応が明瞭になり、コピー内を並べ替えると消失した（signal 1 は 14 中 12 コピー、signal 2 は 14 コピーすべて）。ただし両者とも文字・数字列のリピートにも反応し、DNA 特異的ではない^[1]。

2.8 論文自身が認める限界

RT が活性を持つこと、ユニット RNA がその基質であること、RT とパートナーの相互作用、ファージにとっての機能は、いずれも示されていない^[1]。

3. 一次ソース照合結果

表 2 公式記事・論文・引用文献の照合

照合項目	結果	内容
規模の数値	整合	公式記事は丸めた表現（約 950 エージェント、21 時間、2 億 1,000 万トークン、20 万超の RT、3,500 候補、20 候補） ^[2] 。論文は 949 セッション、21.5 時間、2 億 1,560 万トークン、3,564 ファミリー、19 報告書 ^[1]
人間の関与範囲	表現に差	公式記事は「関与は初期プロンプトとラボ実験に限られた」 ^[2] 。論文はキャンペーン後の解析をすべて著者主導の Claude Science セッションで実施したと記載 ^[1]
機能への含意	表現に差	公式記事は、ART の特徴の組合せはプログラム可能で DNA の切断・複製・貼り付けを行う少数の系にしか見られないと述べる ^[2] 。論文は機能未実証と明記 ^[1] 。【分析】ゲノム編集ツール化の期待を先取りした書き方
MarsHill 原報	整合	RT を同定し 5' ncRNA を提案、リピートとパートナーは未記載 ^[1,11]
SA1 の RNA-seq	整合	Zhang et al. (2022) の感染時系列データ（PRJNA836150） ^[14]

照合項目	結果	内容
Evo 2	整合	比較に使われたゲノム言語モデル ^[16] 。公式記事は研究チームの過去業績として同論文を挙げる ^[2]
並行研究	整合	UG27 RT 近傍の ncRNA アレイをゲノム言語モデルで同定 ^[4] 。同論文の著者（D. Li、G. Brixi、B. Hie）は本論文の謝辞で原稿レビュー者として挙げられている ^[1]
公開形態・査読	要留保	Anthropic 自社 CDN でのプレプリント公開 ^[2] 。査読前。確認した範囲では、bioRxiv 等への掲載やコード・データ・ハーネスの公開に関する記載は見当たらない

4. 批評【分析】

4.1 評価できる点

- **スケールと実務性**：21.5 時間で 19 億超のクラスターを網羅し、候補の大半を自ら棄却しながら報告書にまとめる流れは、ゲノムマイニングの一次スクリーニングを大きく省力化している^[1]。
- **不利な事実の開示**：再実行での再現失敗、機能未実証、内部シグナルの DNA 非特異性を論文内で明示している^[1]。
- **挙動の定量化**：発見に至る推論記録を示し、ベンチマークで「生 DNA を読んだか」と検出率の関係を定量化した点は、エージェント評価として有益である^[1]。
- **見落としの具体例**：既報ゲノム（MarsHill）で見落とされていた特徴を拾っており、人手キュレーションのボトルネックを示す事例になっている^[1,11]。

4.2 論点・弱み

(1) 「自律的発見」の頑健性 — 偶然性と再現性

決定的な一手は 1 セッションの行動に依存し、10 回の再実行では再現しなかった^[1]。ART が実在の新規系かという「発見の妥当性」と、同じ系が再び見つかるかという「方法の信頼性」は区別すべきである。現時点で「Claude は自律的に発見できる」は 1 事例による存在証明にとどまる。

(2) 人間主導部分の比重

ファミリー定義、系統解析、発現データ解析、構造比較は、著者が指示するセッションで行われた^[1]。公式記事の「関与は初期プロンプトとラボ実験のみ」という表現^[2]は、論文の方法の記

載より自律性を強く印象づける。

(3) 解釈可能性の主張と証拠のギャップ

アブストラクトの「attributable」は因果関係を含意するが、解析は1層のみ、12候補から2つを事後選択、関連の提示のみで、シグナルを抑制・増強して挙動が変わるかという因果検証はない。元セッションのシステムプロンプトとツール定義は記録に残っておらず、代替定義で再構成されている^[1]。提示シグナルは DNA 非特異的な汎用のリピート検出と読むのが自然で^[1]、「genomic vision」という比喻は DNA 固有の理解というより一般的な反復パターン検出として慎重に解すべきである。

(4) 利益相反と評価設計

著者は全員 Anthropic 所属である^[1]。報告書の順位付けもベンチマークの採点も Mythos 5 が審査しており、Mythos 5 自身が被評価モデルの一つでもある。10 項目の採点基準は ART を知る著者が選んだものである^[1]。LLM 審査の妥当性（自己選好バイアス等）について外部の検証はない。

(5) 反実仮想 — 従来ツールで見つかったか

CRISPR アレイ検出器やタンデムリピート検出器を RT 近傍に系統的に適用していれば、同種のアレイは検出できた可能性が高い。論文は事前定義の特徴に縛られないハーネス設計を強調するが^[1]、専用ツールを組み込んだパイプラインとの比較は示していない。「パイプラインが見逃す異常を AI が拾った」という構図は、比較対象のパイプライン設計次第である。

(6) 生物学的検証の水準と新規性

ラボでの確認は「アレイが短鎖 RNA として発現する」までで、大腸菌実験は各構築体 1 培養である^[1]。RT を伴う防御系では、retron^[3]、UG/Abi 系^[17]、ncRNA から反復遺伝子を合成する系^[18,19]、長鎖 cDNA を合成する系^[20]、ジヌクレオチド反復 DNA を合成する系^[21]など多様な機構が近年報告されており、RT 近傍の ncRNA アレイも UG27 系で並行報告された^[4]。ART は重要な追加だが、現時点では「新規ファミリーの記載と仮説」の段階にある。CRISPR との類似は配列配置の外形に基づくもので、スペーサーが獲得・消失せず近縁ファージ間で保存される点は CRISPR と異なる^[1]。

(7) 効率とコスト

17 候補のうち確認に至ったのは 3 件で、2 億トークン超を要した^[1]。公式記事も、候補の大半は後続の検討で除外されると述べている^[2]。人手キュレーションの代替というより、専門家によ

る選別を前提とした「高スループットの仮説生成器」と位置づけるのが妥当である。

(8) 他の「AI 科学者」研究との比較

Co-Scientist^[22]、Virtual Lab^[23]、Kosmos^[24]など、自律エージェントによる研究は多数ある。Kosmos は報告内容の約 8 割が独立評価者に正確と判定されたと主張している^[24]。本研究の特徴は、汎用モデルが生配列から異常を検知した過程を推論記録と内部シグナルで示した点と、自社ラボでの初期実験を伴う点にある。ただし、仮説生成が中心で機能実証は人間に依存するという限界は共通する。同時期には OpenAI のナビエーストックス問題に関する発表（査読なし）もあり^[25]、「AI による科学的発見」をめぐる発表競争の文脈で割り引いて読む必要がある。

(9) 再現可能性とデュアルユース

キャンペーンに使われた Mythos 5 は最上位ティアのモデルで、生物学用途ではライフサイエンス専門家向けの審査制プログラム (LSVP) などを通じて提供されている^[2]。ハーネス・データベース・コードの公開も確認できず、外部研究者が同一条件で再現するのは難しい。また、自律エージェントによる大規模配列マイニングは有用な系の発見を加速する一方でデュアルユースの懸念とも地続きであり、Anthropic はラボ運用を BSL-1/2 に限定している^[2]。

5. 評価・評判 (2026 年 9 月 24 日時点)

5.1 肯定的な評価

- **Feng Zhang (MIT/Broad Institute)** : プレプリントを読んだうえで、AI エージェントが生物学的発見に貢献しうる例と評価し、RT に付随する RNA リポートアレイは「genuinely intriguing」で更なる調査に値すると述べた^[2]。【分析】発表と同時に公式記事に掲載された推薦であり、独立の批判的レビューではない。
- **Dario Amodei (Anthropic CEO)** : X 上で、正確な機能・有用性・重要性はまだ不明としつつ、博士課程の学生が成し遂げれば誇れる水準の仕事だと評した^[26]。
- **テック系メディア** : The Next Web、TechCrunch などが大規模自律探索の実証として紹介した^[5,6]。TechCrunch は、湿式実験はすべて人間が行っている点を指摘している^[6]。

5.2 慎重・懐疑的な評価

- **Decrypt** : CEO 自身が機能・有用性・重要性を不明と認めている点を挙げ、「何かを見つけたが、それが何かは分からない」段階での発表だと牽制した^[7]。

- **AlphaSignal**：専用ゲノムマイニングツールとの比較がなく、1 候補では発見ワークフロー全体の優位性を評価できないとし、言えるのは「異常なファージ座位の優先付けを助けた」程度だと指摘した^[8]。

5.3 今後注視すべき点

retron・ファージ防御系の研究者や科学専門誌による独立の論評は、調査時点では確認できなかった。**【分析】** 今後は RT 活性、RNA の基質性、ファージ感染実験などの追試・査読結果が評価を左右する。

6. 知財業務への示唆【分析】

6.1 発明者性

- **米国**：発明者は自然人に限られる^[9]。USPTO は、AI 関与時に Pannu 要素で自然人の「重要な貢献」を判断するとした 2024 年 2 月のガイダンス^[27]を 2025 年 11 月に撤回した。改訂ガイダンスは、AI を実験装置と同様の道具と位置づけ、AI 関与の有無にかかわらず通常の着想（conception）基準で判断し、Pannu 要素は複数の自然人間の共同発明者判断にのみ適用すると整理している^[10,28]。
- **欧州・日本**：DABUS 出願は、欧州（EPO 法律審判部 J 8/20）^[29]、日本（知財高裁令和 7 年 1 月 30 日判決）^[30]でも、発明者が自然人でないことを理由に退けられている。
- **本件への当てはめ**：ART では、異常の検知と初期報告をエージェントが行い、ファミリー定義や発現解析は著者が主導した^[1]。ART 系の用途発明を出願する場合、発明の着想に至る自然人の寄与（仮説の選別、実験設計、機能の同定）を記録で示せるかが鍵になる。改訂ガイダンスの下でも、AI の提案を人間が選り改変した理由の記録化が推奨されている^[10]。

6.2 特許化可能性と先行技術効果

- 現時点では機能が未実証のため、有用性（産業上の利用可能性）と実施可能要件の充足が大きなハードルになる。
- 本公表（2026 年 9 月 23 日）は、ART の構成（N 末端延長をもつ RT、上流のタンデムリピートアレイ、専用パートナー）と座位情報を開示しており、以後の第三者出願に対する先行技術となる^[1,2]。

表 3 出願前公表の扱い（概要）

法域	自己の公表後に出願する場合の扱い
米国	発明者自身の開示から 1 年以内に出願すれば、その開示は先行技術とならない（35 U.S.C. § 102(b)(1)） ^[31]
日本	特許法 30 条の新規性喪失の例外。公開から 1 年以内に出願し、出願時の申出と 30 日以内の証明書提出が必要 ^[31]
欧州	EPC55 条の救済は明白な濫用と公式国際博覧会の展示（6 か月）に限られ、自己の学術公表は対象外。実質的に猶予なし ^[31]

- Anthropic が公表前に出願しているかは不明である。未出願であれば、欧州などでは自らの公表が権利化の障害になる。第三者が ART 系ツールの権利化を目指すなら、本公表を起点に機能・用途の実証で差別化する必要がある。
- RT 応用技術にはプライム編集^[32]や retron 由来 DNA による編集^[33]などがあり、周辺に既存特許群が厚いと考えられる。ART 系を実用化する際は抵触分析が欠かせない。

6.3 特許調査・IP ランドスケープへの示唆

- **生データを直接読む効果**：DNA を連続 200 nt 以上読んだ試行は検出率が 16～32 ポイント高く、プロンプト内に配列を与えると上位モデルは 90%以上で検出した一方、ツール経由では最低 32%に低下した^[1]。明細書全文、請求項、配列表などの一次テキストを AI に直接読ませる設計は、分類やキーワードの枠外にある先行技術の発見に効く可能性がある。
- **ツールがあると読まない**：ファイル条件の 39%の試行は配列を十分に読んでいなかった^[1]。検索 API だけを与えたエージェントは表層的なヒットで満足しやすい。一次資料の精読を工程として組み込み、読んだ範囲をログで確認するレビューが必要である。
- **非決定性への備え**：10 回の再実行で発見は再現しなかった^[1]。無効資料調査や FTO 調査では、1 回の実行で「存在しない」と判断せず、複数回・複数条件での実行と記録保持を品質管理に組み込むべきである。
- **監督構造の応用**：worker/supervisor の相互レビュー、共有知識ベース、新規性を否定しにくく検証（novelty kill-test）という設計^[1]は、知財部門で AI エージェントを運用する際（調査計画→実行→レビュー→報告）の参考になる。

7. 総括【分析】

本研究は、汎用 LLM エージェントが大規模配列データから人間の見落としした特徴を拾い、新規 RT ファミリーの仮説を提示しうることを示した具体例として意義がある。一方で、再現性の

低さ、生物学的中核が人間主導であること、機能が未実証であること、自社モデルによる自己評価という構造を踏まえると、現状は「AI が自律的に生物学的発見をした」というより「AI が発見の端緒をつくり、人間が特徴づけた」と表現するのが実態に即している。今後は ART の機能の実験的解明と、外部研究者による独立検証が評価を決めることになる。

参考文献

- [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 技術レポート (プレプリント、査読前), 2026 年 9 月. <https://www-cdn.anthropic.com/22573675ada52a8ca8a97a1a4b4326b2f208a071.pdf> [確認状況: 本書はユーザー提供 PDF の本文に基づく。CDN 掲載版との同一性は未照合]
- [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> [確認状況: 2026 年 9 月 24 日閲覧・確認]
- [3] Millman A et al. Bacterial retrons function in anti-phage defense. Cell 183(6), 1551–1561.e12 (2020). doi:10.1016/j.cell.2020.09.065 [確認状況: 書誌は論文の参考文献(37)による]
- [4] Li DB et al. Coevolutionary mining of prokaryotic non-coding elements with a genome language model. bioRxiv [Preprint] (2026). doi:10.64898/2026.09.22.753630 [確認状況: 書誌は論文の参考文献(56)による。bioRxiv 掲載は調査段階で確認、本書作成時は未再確認]
- [5] The Next Web. Anthropic says Claude found a new enzyme system with CRISPR-like repeats. 2026 年 9 月 23 日. <https://thenextweb.com/news/anthropic-claude-enzyme-system-crispr-like-repeats> [確認状況: 調査段階で取得。本書作成時は未再確認]
- [6] TechCrunch. Anthropic says its biology lab has already found something big. 2026 年 9 月 23 日. <https://techcrunch.com/2026/09/23/anthropic-says-its-biology-lab-has-already-found-something-big/> [確認状況: 調査段階で取得。本書作成時は未再確認]
- [7] Lanz JA. Anthropic Says Claude Found Something Big in DNA. It Just Doesn't Know What. Decrypt, 2026 年 9 月 23 日. <https://decrypt.co/379128/> [確認状況: URL 末尾が省略されている可能性あり・要確認]
- [8] AlphaSignal. Anthropic's Claude Uncovers a Hidden CRISPR-Like System in Virus DNA. 2026 年 9 月. <https://alphasignal.ai/news/anthropic-s-claude-uncovers-a-hidden-crispr-like-system-in-virus-dna> [確認状況: 調査段階で取得。本書作成時は未再確認]
- [9] Thaler v. Vidal, 43 F.4th 1207 (Fed. Cir. 2022). [確認状況: 改訂ガイダンスの解説記事でも引用を確認]
- [10] USPTO. Revised Inventorship Guidance for AI-Assisted Inventions (2025 年 11 月 26 日公表、同 28 日発効). 解説: Morgan Lewis, USPTO Issues Revised Inventorship Guidance for AI-Assisted Inventions, 2025 年 12 月 3 日. <https://www.morganlewis.com/pubs/2025/12/uspto-issues-revised-inventorship-guidance-for-ai-assisted-inventions> [確認状況: 2026 年 9 月 24 日、解説記事で内容を確認 (官報原文は未確認)]
- [11] Korn AM, Hillhouse AE, Sun L, Gill JJ. Comparative genomics of three novel jumbo bacteriophages infecting Staphylococcus aureus. Journal of Virology 95(19), e02391-20 (2021). doi:10.1128/jvi.02391-20 <https://journals.asm.org/doi/10.1128/jvi.02391-20> [確認状況: 調査段階で確認]
- [12] Anthropic. Claude Science (製品ページ). <https://claude.com/product/claude-science> [確認状況: Anthropic 公式記事内のリンク。ページ内容は未再確認]
- [13] STAT. Anthropic releases Claude Science. 2026 年 6 月 30 日. <https://www.statnews.com/2026/06/30/anthropic->

- [release-claude-science-ceo-dario-amodei/](#) [確認状況：調査段階で取得。本書作成時は未再確認]
- [14] Zhang B, Xu J, He X, Tong Y, Ren H. Interactions between jumbo phage SA1 and *Staphylococcus*: A global transcriptomic analysis. *Microorganisms* 10(8), 1590 (2022). doi:10.3390/microorganisms10081590 (RNA-seq データ：BioProject PRJNA836150) <https://www.mdpi.com/2076-2607/10/8/1590> [確認状況：調査段階で確認]
- [15] Bobonis J et al. Bacterial retrons encode phage-defending tripartite toxin–antitoxin systems. *Nature* 609(7925), 144–150 (2022). doi:10.1038/s41586-022-05091-4 [確認状況：書誌は論文の参考文献(38)による]
- [16] Brixi G et al. Genome modelling and design across all domains of life with Evo 2. *Nature* 652(8112), 1349–1361 (2026). doi:10.1038/s41586-026-10176-5 <https://www.nature.com/articles/s41586-026-10176-5> [確認状況：書誌は論文の参考文献(49)による。公式記事に研究チームの過去業績としてリンクあり]
- [17] Mestre MR et al. UG/Abi: a highly diverse family of prokaryotic reverse transcriptases associated with defense functions. *Nucleic Acids Research* 50(11), 6084–6101 (2022). doi:10.1093/nar/gkac467 [確認状況：書誌は論文の参考文献(43)による]
- [18] Tang S et al. De novo gene synthesis by an antiviral reverse transcriptase. *Science* 386(6717), eadq0876 (2024). doi:10.1126/science.adq0876 [確認状況：書誌は論文の参考文献(41)による]
- [19] Wilkinson ME, Li D, Gao A, Macrae RK, Zhang F. Phage-triggered reverse transcription assembles a toxic repetitive gene from a noncoding RNA. *Science* 386(6717), eadq3977 (2024). doi:10.1126/science.adq3977 [確認状況：書誌は論文の参考文献(42)による]
- [20] Song X-Y et al. Bacterial reverse transcriptase synthesizes long poly(A)-rich cDNA for antiphage defense. *Science* 388(6753), eads4639 (2025). doi:10.1126/science.ads4639 [確認状況：書誌は論文の参考文献(45)による]
- [21] Deng P, Lee H, Armijo C, Wang H, Gao A. Protein-templated synthesis of dinucleotide repeat DNA by an antiphage reverse transcriptase. *Science* 392(6804), 1274–1281 (2026). doi:10.1126/science.aed1656 [確認状況：書誌は論文の参考文献(46)による]
- [22] Gottweis J et al. Accelerating scientific discovery with Co-Scientist. *Nature* 655(8122), 487–496 (2026). doi:10.1038/s41586-026-10644-y [確認状況：書誌は論文の参考文献(21)による]
- [23] Swanson K, Wu W, Bulaong NL, Pak JE, Zou J. The Virtual Lab of AI agents designs new SARS-CoV-2 nanobodies. *Nature* 646(8085), 716–723 (2025). doi:10.1038/s41586-025-09442-9 [確認状況：書誌は論文の参考文献(23)による]
- [24] Mitchener L et al. Kosmos: An AI scientist for autonomous discovery. arXiv:2511.02824 [Preprint] (2025). <https://arxiv.org/abs/2511.02824> [確認状況：書誌は論文の参考文献(30)による。「約 8 割」の数値は調査段階で確認、本書作成時は未再確認]
- [25] OpenAI. On the Navier–Stokes Millennium Prize Problem. 2026 年 9 月 8 日（企業報告、査読なし）。
<https://openai.com/index/navier-stokes-solution/> [確認状況：論文の参考文献(53)記載の URL。本書作成時は未確認]
- [26] Amodei D. X (旧 Twitter) への投稿 (@DarioAmodei), 2026 年 9 月 23 日。 [確認状況：投稿 URL 未特定・原文未検証（調査段階の二次情報に基づく）]
- [27] USPTO. Inventorship Guidance for AI-Assisted Inventions. 89 Fed. Reg. 10043 (Feb. 13, 2024). [確認状況：2025 年 11 月の改訂ガイダンスにより撤回]
- [28] Lerner David. USPTO Revises Guidance on Inventorship of AI-Assisted Inventions. 2025 年 12 月。
<https://www.lernerdavid.com/news-successes/deciphered/uspto-revises-guidance-on-inventorship-of-ai-assisted-inventions> [確認状況：2026 年 9 月 24 日閲覧・確認]
- [29] 欧州特許庁 法律審判部 (Legal Board of Appeal) 審決 J 8/20 (DABUS 事件), 2021 年 12 月 21 日。 [確認状況：書誌情報は筆者の知見による。原文は本書作成時未再確認]

- [30] 知的財産高等裁判所 令和 7 年 1 月 30 日判決 (DABUS 事件、控訴棄却) . [確認状況: 書誌情報は筆者の知見による。原文は本書作成時未再確認]
- [31] 35 U.S.C. § 102(b)(1); 特許法 (昭和 34 年法律第 121 号) 第 30 条; 欧州特許条約 (EPC) 第 55 条. [確認状況: 条文の趣旨を要約。詳細は各法令原文を参照]
- [32] Anzalone AV et al. Search-and-replace genome editing without double-strand breaks or donor DNA. *Nature* 576(7785), 149–157 (2019). doi:10.1038/s41586-019-1711-4 [確認状況: 書誌は論文の参考文献(31)による]
- [33] Lopez SC, Crawford KD, Lear SK, Bhattarai-Kline S, Shipman SL. Precise genome editing across kingdoms of life using retron-derived DNA. *Nature Chemical Biology* 18(2), 199–206 (2022). doi:10.1038/s41589-021-00927-y [確認状況: 書誌は論文の参考文献(33)による]