

Evo 2 全ゲノム生成 研究の解剖と評価

Stanford大学およびArc Instituteによる技術的マイルストーンと、それに伴うバイオセキュリティ・ガバナンスの構造的分析。



[Generative Biology]

[Biosecurity]

[Policy Framework]

認識のギャップを埋める：ハイプと現実

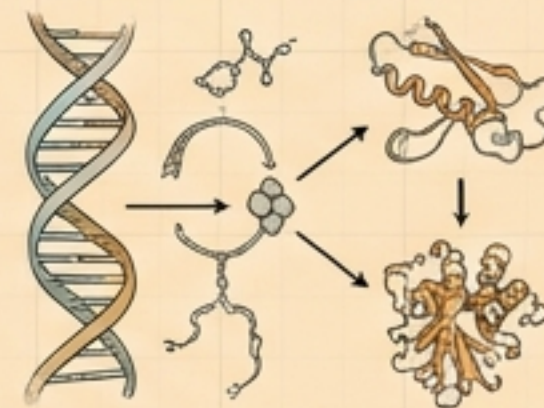
Myth (世間の誤解)

「AIが無から生命を創り出した」

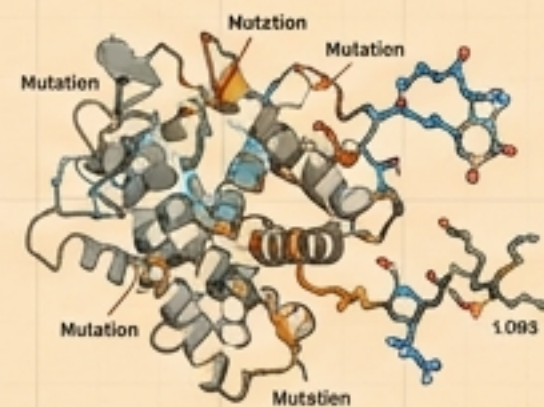
「単なるランダム変異の
組み合わせに過ぎない」

「直ちに人類の脅威となる
病原体が作られる」

Reality (科学的事実)

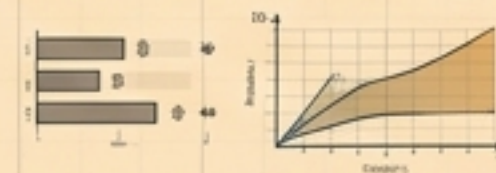


既知の進化空間 (ΦX174近縁)
を足場にした高度な探索に基
づく。



67~392箇所の新規変異を持
ち、遠縁由来のタンパク質が
共存・機能する。

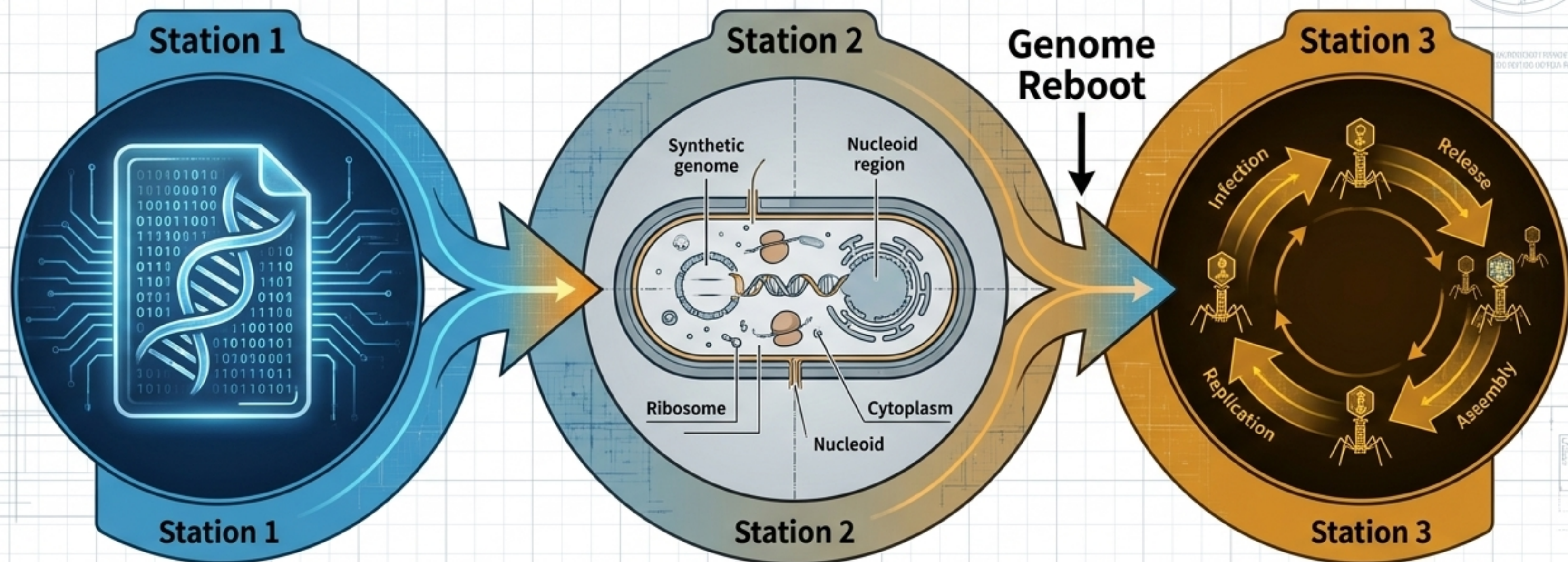
	Indicator	Milestone	Markers
② Risk assessment	●	●	●
③ Carcinogen assay	●	●	●
④ Carcinogen model	●	●	●
⑤ Risk assessment	●	●	●



今回のファージの直接リスク
は低い、モデルの「能力
(Capability)」としてのデュ
アルユースリスクは中~高。

個別パーツの設計から 「システム全体の再起動」へ

ポイント：個別のウイルスタンパク質を別々に発現させたのではない。合成した約5.4 kbの全ゲノムを細菌宿主に導入し、転写・翻訳・DNA複製・カプシド形成・包装まで、自律的なシステムとして「再起動」させたことが最大のマイルストーン。

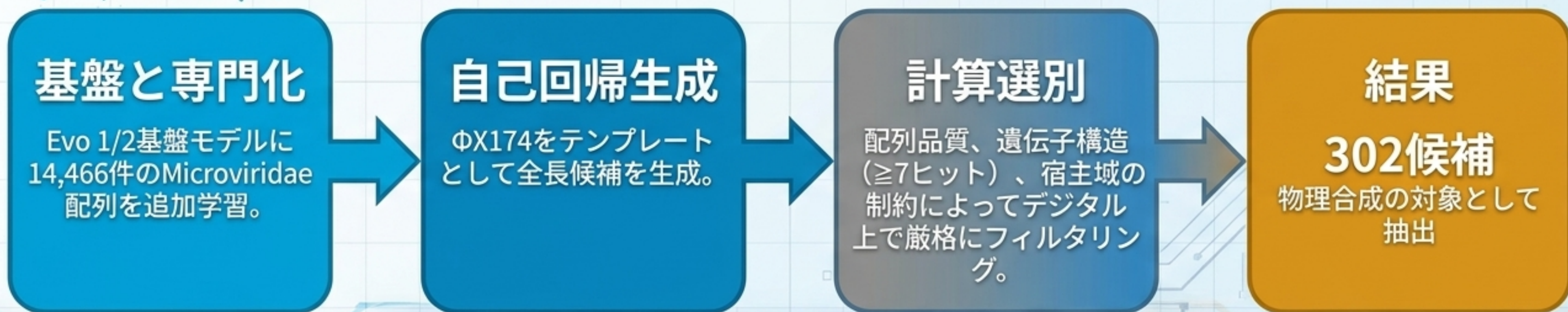


全ゲノム青写真
(Blueprint)

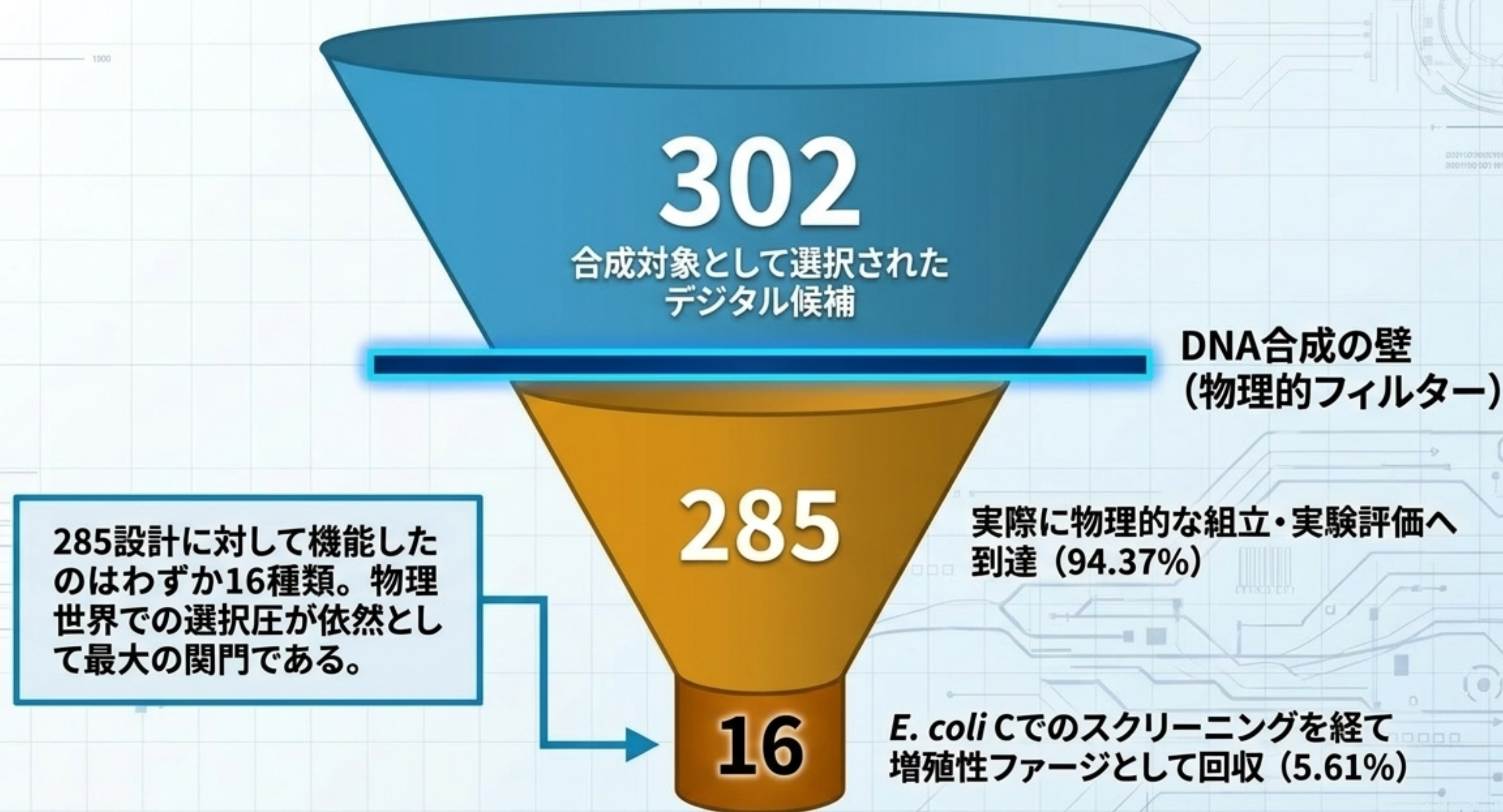
大腸菌 (Host Cell) への導入

自律的な感染・増殖サイクルの起動
(Autonomous Cycle)

ゲノム設計パイプライン：計算による絞り込み



デジタルから物理への歩留まり (Attrition Funnel)



「成功率 5.61%」の統計的解釈

$$\frac{16}{285} = 5.61\%$$

Wilson法による95%信頼区間は3.48~8.92%

✖ 誤った解釈

「Evoモデルが任意のプロンプトから5.6%の確率で機能ウイルスを生成する」

✔ 正しい解釈

これは「大量の生成物から事前の計算フィルタを通過した非ランダムな選抜標本」におけるヒット率である。効率の多くは天然配列近傍の探索に由来する。

物理的エビデンス：短いJタンパク質の構造適合

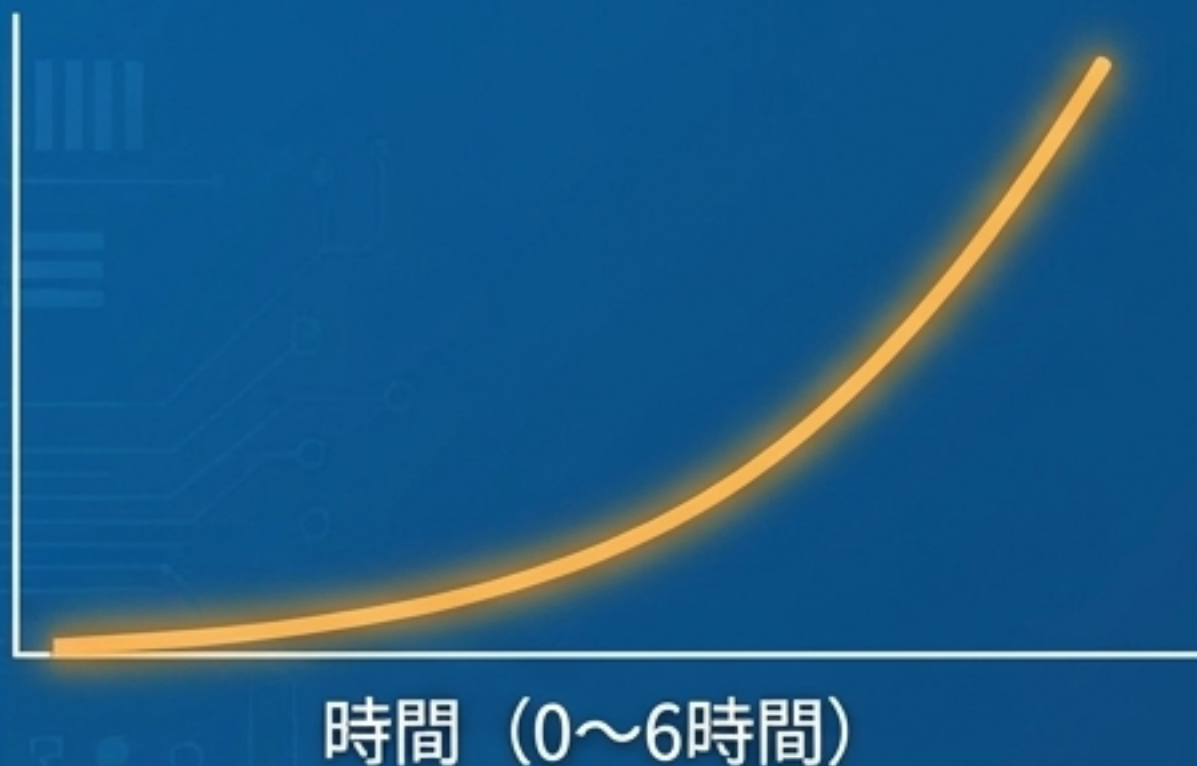
対象: Evo-Φ36

- 観測: 遠縁ファージG4由来の短いDNA包装タンパク質J (25アミノ酸 vs ΦX174の38アミノ酸) を採用。
- 検証: Cryo-EM解析 (EMDB: 2.76 Å map) により、短いJタンパク質がカプシド内に異なる向きで配置・機能することが原子レベルに近い解像度で証明された。



競争的優位性と進化の素材

Fitness (適応度)



Evo-Φ69の競合実験。6時間で16~65倍の cumulative fold change。

※注意：一般的な増殖速度が65倍という意味ではなく、相対頻度の変化指標。

Resistance (耐性突破)

対象: ΦX174耐性 E. coli (waa operon変異)

CR1: 1継代で突破

CR2: 2継代で突破



**インサイト: AIは「完成された耐性突破薬」を出力したのではなく、
組換えの素材となる「遺伝的多様性」を供給した。**

エビデンスの強度と独立再現性の壁

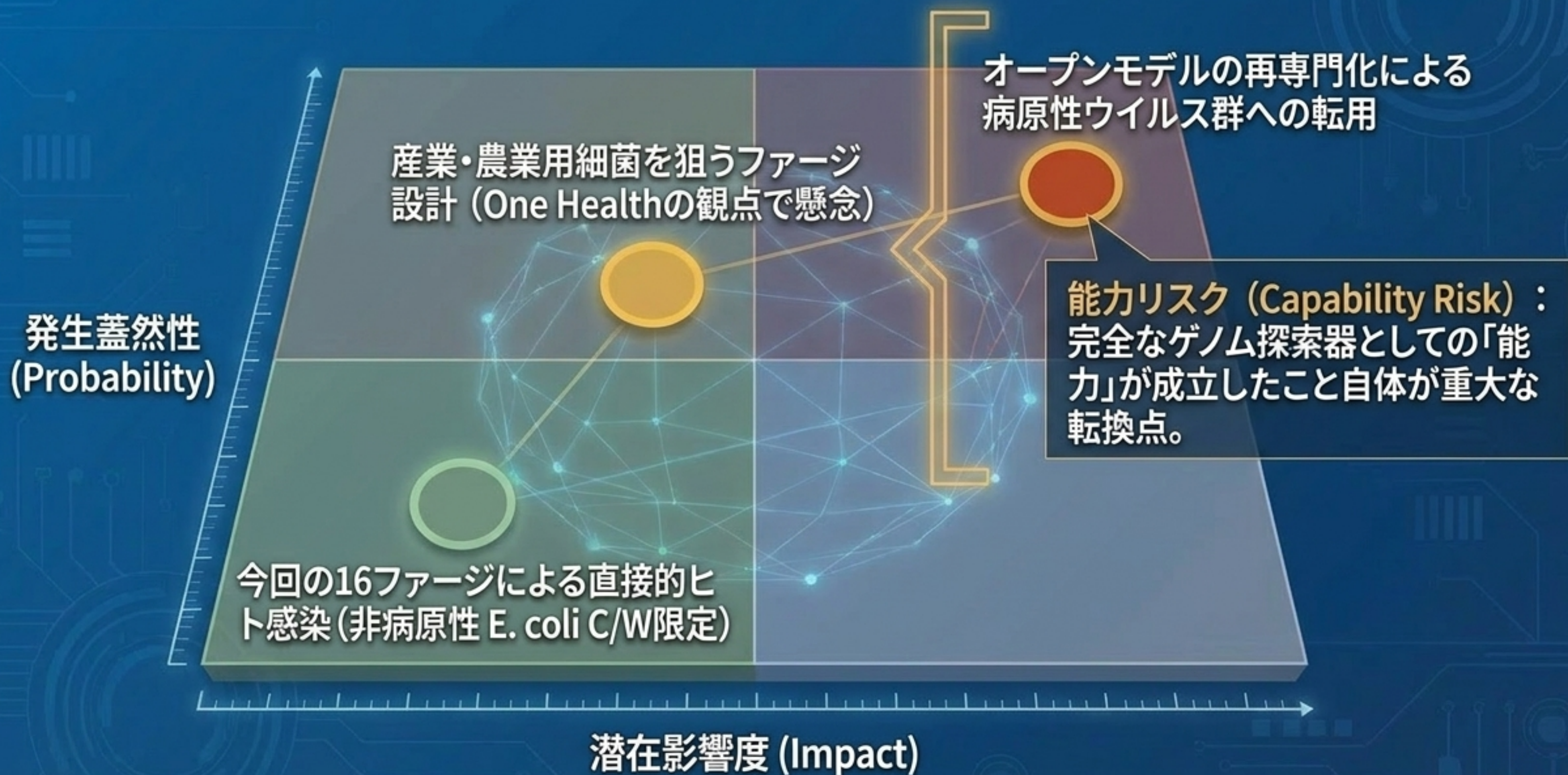
計算（デジタル）と内部検証

高 - 計算再解析可能性: モデルウェイト、コード、生成・失敗配列、EMDB構造データが広く公開済み。
高 - チーム内検証: 配列機能、競争適応度、宿主域、構造など多角的な検証。

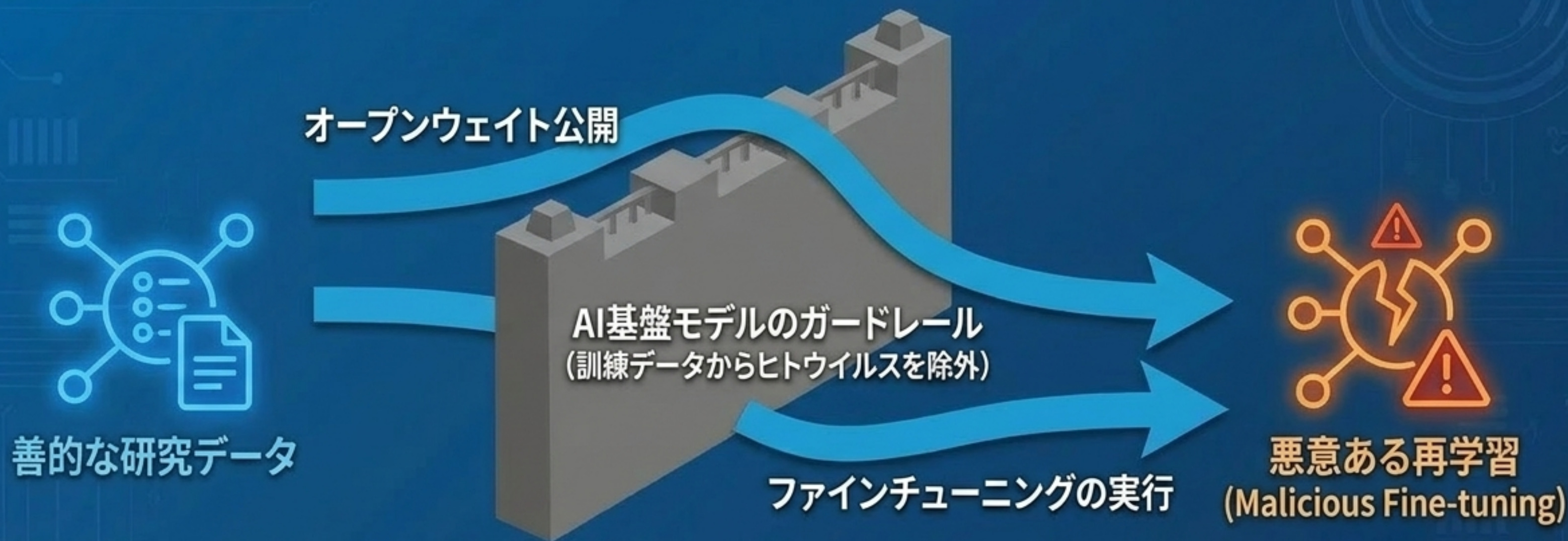
実験（物理）の独立検証

未確認 - 独立ウェットラボ再現性: 2026年8月時点において、別グループによる公開ウェイトからの再生成～物理合成～感染サイクルのend-to-end再現報告は未確認。

バイオセキュリティリスクの分離評価

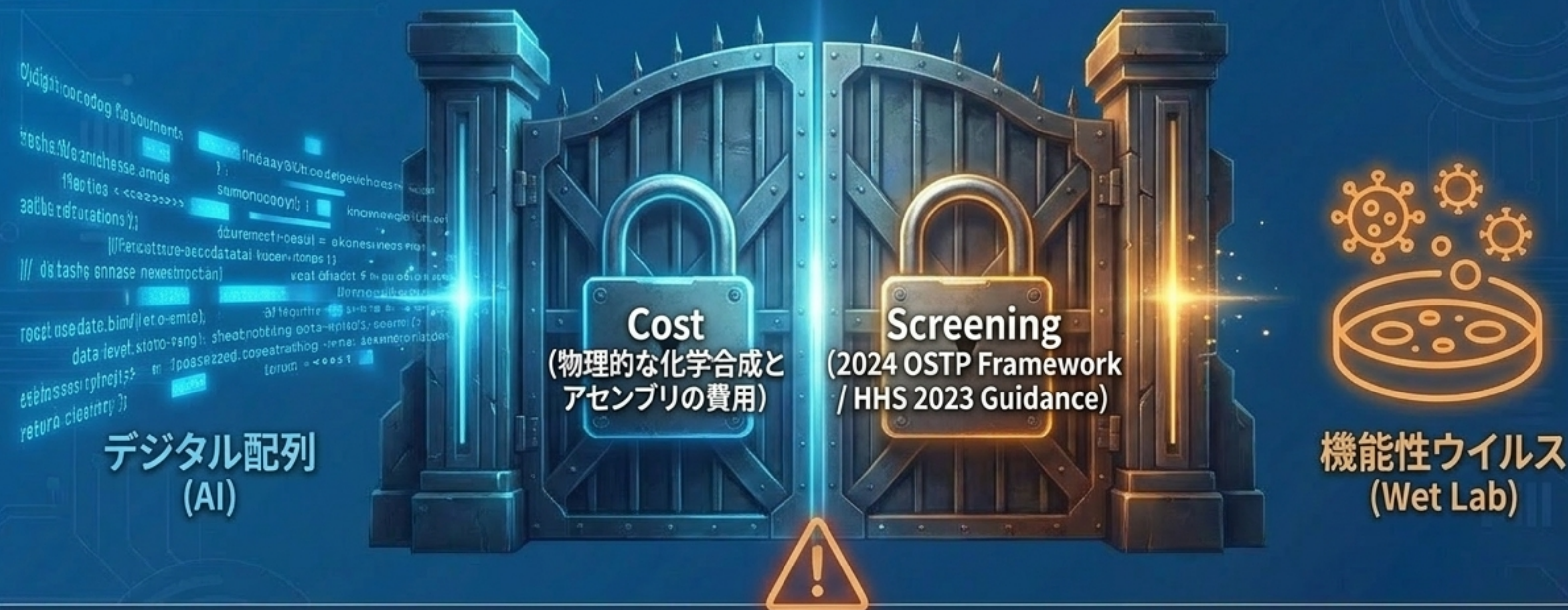


「訓練データからの病原体除外」の限界



研究者によるガードレール設計は有意義である。しかし、結論として、アクセス制限のないオープンモデルにおいて、初期のデータ除外は「恒久的な技術的封じ込め」としては機能しない。

最大の摩擦点：DNA合成というチョークポイント



中長期的課題: 天然ゲノムから大きく逸脱した新規配列が生成された場合、既存の文字列一致スクリーニングを回避される懸念がある。機能ベースのスクリーニングへの移行が必要。

段階的ガバナンス・アーキテクチャ (3層防衛)

Layer 1: Model
(AI層)

Layer 2: Synthesis
(物理合成層)

Layer 3: Experiment
(実験層)



危険能力の評価、ハイリスクモデルの段階的アクセス制御。

独立したプロバイダーによる顧客確認と機能ベースの配列スクリーニング。

IBC (組織内バイオセーフティ委員会) による、能力拡張を含めた制度的レビューと封じ込め。

※WHOのShared Responsibilityに基づく階層構造

ポリシー・コール・トゥ・アクション:5つの推奨事項

1.

検証可能性の維持

失敗データ・評価コード・ベース
ライン成果は原則公開する。

2.

段階的アクセス

ハイリスクな実行レシピ・病原体
特化モデルへのアクセスを制限
する。

3.

物理スクリーニングの強化

AIモデル側の安全策に依存せず、
DNA合成時の独立した審査を必
須化する。

4.

審査基準のアップデート

IBC審査において「モデルの潜在
能力（デュアルユース性）」を評
価項目に追加する。

5.

出版ガバナンス

論文受理時、科学的結論と「悪
用を容易にする実行情報」を区
別するプランを要求する。

統合的視座：生成的生物学の未来



Conclusion: Evo 2は「生命の創造」ではなく「生命設計ツールの不可逆的な進化」である。技術を止めるのではなく、境界 (Boundary) をデザインせよ。