

世界を「数字」で回してみよう(63) 番外編:

1ミリでいいからコロナに反撃したいエンジニアのための“仮想特効薬”の作り方

<https://eetimes.jp/ee/articles/2005/03/news014.html>

私は今、新型コロナウイルスに対して心底腹を立てています。とんでもなく立腹しています。在宅勤務が続くストレスと相まって、もう我慢ならん!と思っています。1ミリでいいから反撃したい。たとえ、その行為がコロナの終息に、直接的には少しも貢献しないとしても、自分が納得するための反撃の手段が欲しい。そう考えていた矢先のことでした。あの“シバタ先生”から、予想の斜め上に行く提案を頂いたのは。

2020年05月03日 19時00分 更新

[江端智一, EE Times Japan]



私は今、新型コロナウイルスに対して心底腹を立てています。とんでもなく立腹しています。1ミリでいいから反撃したい。たとえ、その行為がコロナの終息に、直接的には少しも貢献しないとしても、自分が納得するための反撃の手段が欲しい。そう考えていた矢先のことでした。あの“シバタ先生”から、予想の斜め上に行く提案を頂いたのは。⇒[「世界を『数字』で回してみよう」連載バックナンバー一覧](#)

「コロナのクスリ、作ってませんか」

シバタ先生:「江端さん。新型コロナウイルスのクスリ、作ってませんか？」

江端:「……はい？」

いつも、シバタ(通称、「轢断のシバタ」)先生からのメールは、私を驚かせますが、今回も、予想の斜め上を越えるメールを頂くことになりました。

□

現時点(2020年4月25日現在)で、確認されているだけでも、全世界で感染者数279万人、死亡者数20万人という、今世紀最大の未曾有の大災禍である、新型コロナウイルス感染症。

現時点では、有効な治療薬(ワクチンなど)も、有効な治療方法もなく、免疫力の弱い人を、最悪で数日(最短1日)で殺害し、その一方で免疫力のある人(特に若い人)には、1mmの自覚症状を与えず、ただ、「ウイルスを最大の効果でバラまく」という役割を演じさせる。

一体、どの世界の悪魔が設計したのか？

と叫びたくなる、新型コロナウイルス(COVID-19)。

現在、世界各国の政府は、感染エリアだけではなく、都市、あるいは国家全体を封鎖し、人の外出を禁止し、店舗(一部を除き)も閉鎖させています。今、世界は、細菌兵器や中性子爆弾^{*}を投下されて絶滅したようにさえ見えます。

^{*} 中性子爆弾とは、建築物を中性子が通過し、生物だけを選択的に殺傷することを特徴とする爆弾

もちろん、世界中の研究者が、世界を守る闘いをするために、COVID-19に対抗する特効薬やワクチン開発に全力を注いでいます。

—— 特効薬とワクチンの出し惜しみなんぞすれば、世界全員で心中することになる

という、リアルがあります。

今、人類は、初めて「世界は一つ」を実感しているはずですが ―― 美しくない形ではあります。

そんな中、いきなり「コロナウイルスのクスリ、作ってみませんか？」と言われたら、驚くのは当然です。

□

そりゃ、私だって、「最近の医薬が、コンピュータの計算によって作られる」という話は ―― まあ、話だけですが ―― 知っています。

しかし、それは、室温20℃以下の空冷の地下室の中に鎮座している、巨大なスーパーコンピュータ(スパコン)「富岳」(「京」の後継機)を取り囲んでいる、医薬に精通した白衣のエリートグループ集団のことでしょ ―― 知らんけど。

医薬の計算って、スパコンの計算リソースを目一杯独占しながら、最新のAI技術(×AI)(機械学習とかアニーリングアルゴリズム)とかを使いながら、作るものでしょ ―― 知らんけど。

私なんて ―― 数千円程度のマイクロコンピュータ「ラズパイ」とか、初年度無料のクラウド「AWS(Amazon Web Service)」とかを使って、なんとかITシステムを組み上げて、自宅では16GB程度のメモリ搭載したPCを使って、週末のシミュレーションをして悦に入っている程度の、ショボい週末エンジニアです ―― 残念ながら、それは知っている。

多分、シバタ先生は、そのところ分かっていないんだろうと思います。

うん、まあ、仕方ないんですけどね。それに、まあ、その誤解のおかげで、私がこれまで「いい目」にあってきたのも事実です。

例えば、結婚の報告のために、嫁さんの実家に行った時、『コンピュータを使う仕事をしている』と言っただけで、「不当なほどに高く評価され」、「厚遇された」のは事実です(少なくとも『娘をくれてやるから、一発殴らせろ』というような、古いヒット曲の内容とは無縁でした)。

シバタ先生には、いずれ、コンピュータ業界のヒエラルヒー(階層構造)について、お話ししなければならないなあ ―― てなことを、考えていました。

□

シバタ先生のメールには、コンピュータを使ったクスリの設計を行う手法が記載されていたようですが、

「私の頭では理解できないような、高度な化学物質の構造式が出てくるんだろうなあ」
「面倒くさいアニーリングの温度変化のパラメータを設定しなければならないんだろうなあ」
「PCでの計算に要する時間が、100～200時間くらいはかかるんだろうなあ」

まあ、総じて『まあ、多分、面倒くさいに違いないだろう』と思っていました。

しかし、同時に、ここは踏んぱりどころかもしれない、と考え直しました。

少なくとも、内容が理解できなくても、医薬製造のプロセスを知ることができるだろうと思ったのです。

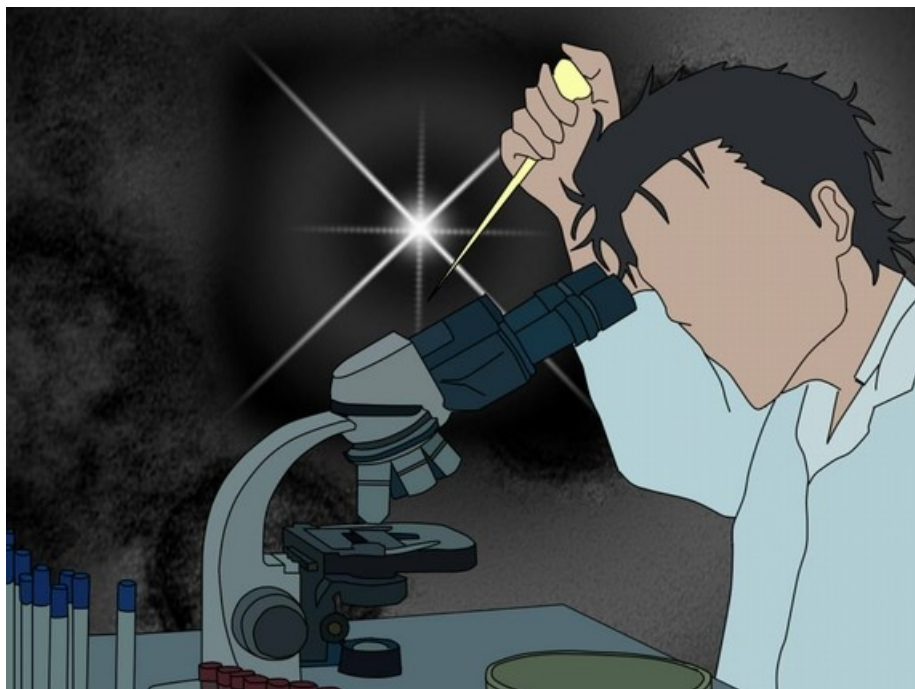
そんでもって、そのプロセスが分かれば、

- (1) そもそもウイルスとはどういうものなのか
- (2) COVID-19は具体的にどういう姿をしているのか
- (3) なぜ、COVID-19は私達を殺せるのか
- (4) では、逆に、どうやれば、私達はCOVID-19を殺せるのか

てなことを知ることができるかもしれない、と思いました。

なにより、私も連日の在宅勤務、自宅待機で、ストレスが限界に達しつつあります。

本気で、こいつ(COVID-19)をぶっ殺してやりたい、という気分になってきています。



本気で、本気でぶっ殺してやる……!!

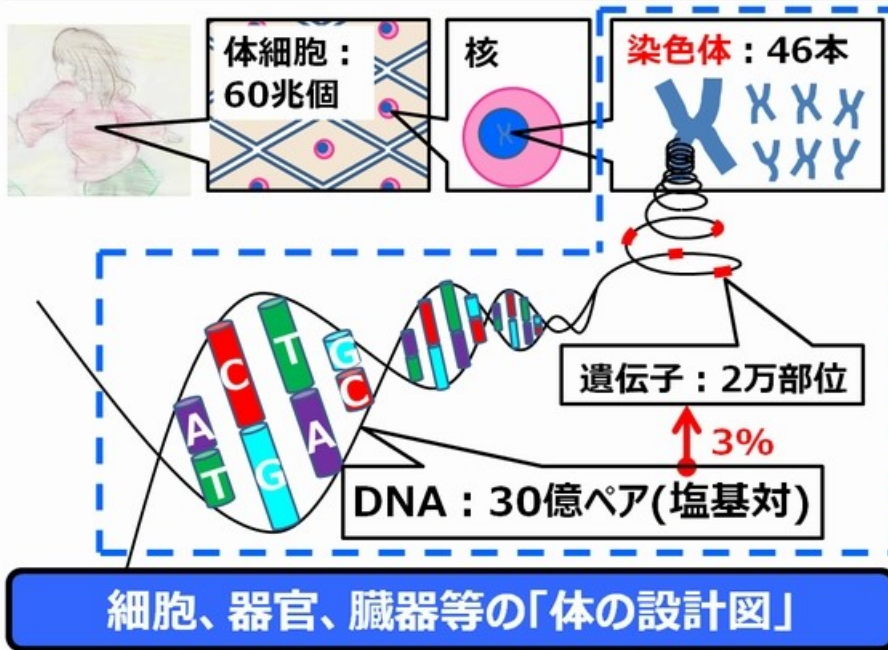
私は、スーパーコンピュータを使わせてもらえるような身分ではありませんが、もし、頭の中で模擬戦(シミュレーション)をやって、やつら(COVID-19)を殲滅(せんめつ)するプロセスがイメージできれば、それだけでも、さぞ気分が良いだろうと思いました。

まずは「RNA」についておさらいする

シバタ先生とのやり取りに入る前に、DNA／RNAについて少しおさらいしてみましょう。

まず前提としてコロナウイルスの遺伝情報(ゲノム)は、RNAでできています。そして、そのRNAの説明に避けることができないDNA(デオキシリボ核酸)について、私(江端)から説明します。

DNAとは何か？



DNAは、ヒトで言えば60兆個にも及ぶ全ての細胞に存在し、DNAの情報に基づいて体の細胞、器官、臓器が作られていく「体の設計図」です。

デオキシリボース、リン酸、塩基から構成される核酸で、塩基はアデニン(A)とグアニン(G)、シトシン(C)とチミン(T)の四種類があります。—— 取りあえず、A,G,C,Tの4文字だけで設計図が書かれている、とだけ覚えて頂ければ十分です。

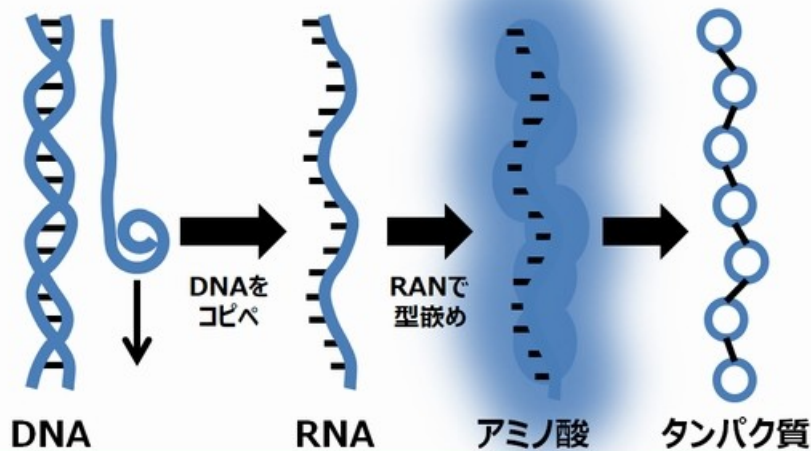
ただ、設計図(DNA)だけあっても仕方ありません。このDNAの部分情報をコピーし、体(タンパク質)を作る役割を持つものがRNAです。RNAには、「伝令RNA(メッセンジャーRNA、mRNA)」「運搬RNA(トランスファーRNA、tRNA)」「リボソームRNA(rRNA)」の3つがありますが、本稿では以後、単にRNAと言った場合は伝令RNAを指します。

RNAをざっくり説明すると、DNAから鑄造された鑄型(金型)のことです。そして、RNAの役割は、この鑄型をアミノ酸に押しつけてタンパク質を作ることです。

つまりRNAが「DNAに書かれた遺伝情報をタンパク質に翻訳、変換する仲介役」という仕事をしているわけです。このDNA、RNA、アミノ酸、タンパク質からなる、この一連のプロセスを、生物の基本原則という意味で「セントラルドグマ」と言います。

セントラルドグマ

遺伝情報は「DNA→(転写)→mRNA→(翻訳)→タンパク質」の順に伝達される、という、分子生物学の概念



「中心教義」という意味(某アニメとは無関係)

ところが、SARS-CoV-2 (COVID-19の病原体であるコロナウイルスの正式名称、以下、SARS-CoV-2で統一します)のゲノムはヒトのようなDNAではなく、RNAで構成されています。

このゲノムRNA上には、ウイルスの構造を支える材料になるタンパク質や、ウイルスを複製するのに必要な酵素がコーディング — 爆薬の材料の製造手法と、爆弾の設計図が記載(後で説明します) — されています。

ヒトの細胞内で材料をタンマリ複製し、これら構造タンパクと脂質の膜でゲノムRNAをくるむと……SARS-CoV-2が再生産されるわけです。このように、最凶にして最悪の性質をもつウイルスを再生産し続ける情報は、全てこのゲノムRNAの上に存在している(記述されている)のです*)。

*) 核酸について: DNAはAGCTですが、RNAはAGCUの4種類です。まあ、ぶっちゃけ、研究者以外は「どっちでもいい」情報です。分かりにくいのでAGCTに統一します。RNAウイルスであるはずのSARS-CoV-2のゲノムの登録も、DNA表記(AGCT)で書かれていますので。

この凶悪ゲノムRNAを持つSARS-CoV-2は、以下のようにして、私たち(の細胞)を殺しに来ます。

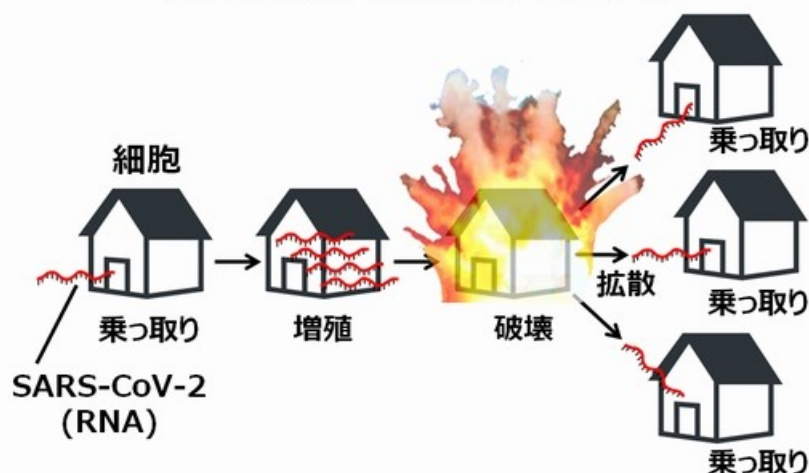
(1) SARS-CoV-2ではウイルスが細胞(宿主細胞と呼ばれる)に付着し、侵入し、細胞内で自分自身であるSARS-CoV-2を大量生産します→「細胞」という家屋に侵入し、占拠して、そこを大量のSARS-CoV-2のレプリカを製造する、コピペ工場に作り変えてしまいます。

(2) ウイルスの遺伝物質は細胞を支配し、強制的にウイルスを複製させます。ウイルスに感染した細胞は、ウイルスによって正常に機能できなくなるため、通常は死にます→細胞という家屋を占拠して、思いのままに使い倒した揚げ句、最後には家屋を破壊します。

(3) 細胞が死ぬと、その細胞から新しいウイルスが放出され、他の細胞に感染します→家屋を爆破する前に、「大量生産したレプリカ(SARS-CoV-2)」をバラまいて、別の家屋(細胞)を乗っ取りに行きます。

SARS-CoV-2による破壊活動

家屋(細胞)を占拠して、自分のレプリカを製造しまくった挙句、
家屋を爆破して、次の家屋を乗っ取る



要するに、SARS-CoV-2ではウイルスが細胞の中で増殖し、細胞を破壊し、また別の細胞を乗っ取り……、ということを繰り返している訳です。

もっとも、これは、ウイルス性の感染症共通のメカニズムです。本来なら、遺伝情報に基づいて細胞の再構成を担うRNAのメカニズムを、細胞の破壊活動に使われてしまうのです。

しかし、現在、C型肝炎・HIVのウイルスに対しては、症状を抑制する薬がありますし、インフルエンザに対しては抗インフルエンザ薬として、現在、タミフル、リレンザ、オセルタミビル、イナビル、ラピアクタ、ゾフルーザ、そしてアビガン(後述)があります。

なぜこれらの薬が、インフルエンザなどに有効に作用するかというと、この凶悪RNAの”コピー”を失敗させる薬効(阻害効果)があるからです。

どんなにRNAが凶悪であったとしても、そのレプリカが不完全であれば、上記の破壊活動ができなくなります。コピーに失敗したRNAは、体内の免疫機能によって粛清されます*)。

*) 上記抗インフルエンザ薬にはRNAの複製以外に作用点のある薬も混じっていますが、今は無視します。

ところが、SARS-CoV-2は ———— どの悪魔が設計したか知りませんが ———— 失敗したコピーを修正する機能を有する酵素(デジタル符号化における、誤り訂正機能のようなもの)を持っているらしいのです、うっとうしいことに。

このコピー修正機能のせいで、既存の抗ウイルス薬が単純にSARS-CoV-2に応用できないようなのです。

つまり、SARS-CoV-2のコピーの妨害をするだけでは足りないのです。SARS-CoV-2そのもの、つまりRNAを切断し、分解し、バラバラに解体しなければ太刀打ちできないのです。

RNAを自在に切断、分解する方法は既知の技術

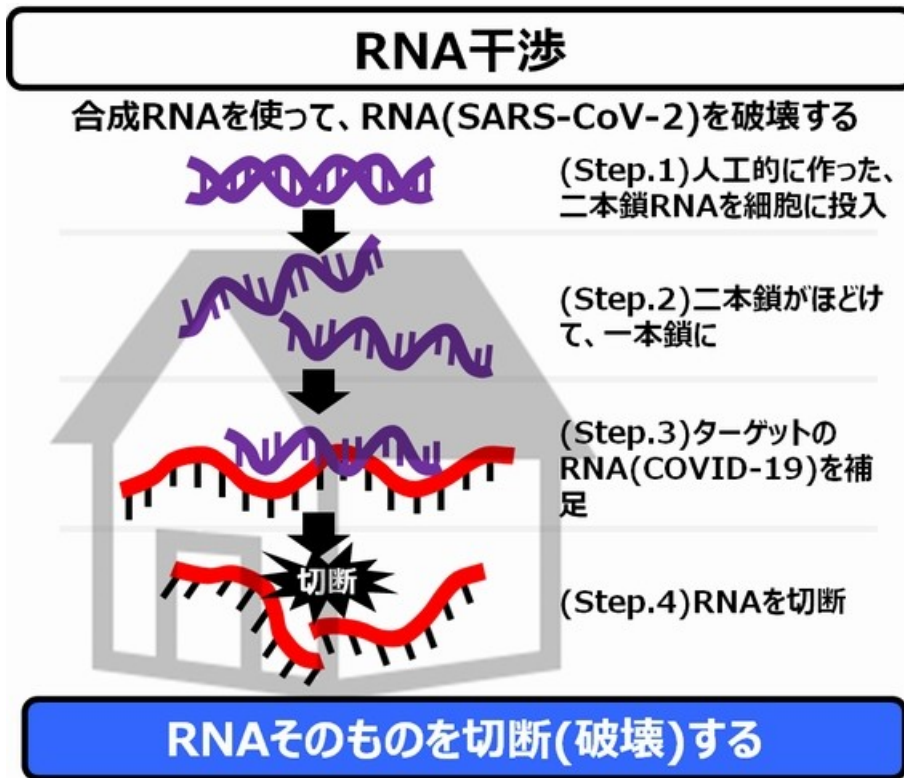
では、ここからはシバタ先生のメール(青い枠内)を引用しながら、お話を進めさせて頂きたいと思います。

細胞の中にあるRNAを自在に切断、分解する方法は、実は既に公知の技術です。

これが、2006年の秋に、アンドリュー・ファイアーとクレイグ・メローによって発見された「RNA干渉」という技術です(ノーベル賞(医学生理学賞)を受賞し、世界中に知れ渡りました)。

この技術を使えば、狙いを定めた特定のRNAを分解し、活動を抑制できるのです。

具体的には、「タンパク質を製造する伝令RNAを破壊することで、目的のタンパク質を作れなくする技術」です。この方法の優れた点は、本家のゲノム上の遺伝子の情報を変えなくても、ターゲットである遺伝子がタンパク質に翻訳されることを「邪魔」することができる点にあります。



この発明以後、「このRNA配列の、この部分を切断したい」「あのRNAの発現量を落としたい」というようなことがほぼ自由自在にできるようになったのです。

さて、RNA干渉を起こす小さなRNA分子(この小さなRNAをsiRNAと言います)をターゲットに対して特異的に設計することで、理学部、工学部、医学部における生命研究の幅は、爆発的に広がりました。

まさにノーベル賞にふさわしい大発見でした。そして、理論上、コロナウイルスのゲノムはRNA干渉技術で分解可能です。

siRNA (small interfering RNA) とは、超短い二本鎖のRNAで、塩基 (A,G,C,T) の対がただか21~23個程度です(後で説明しますが、SARS-CoV-2の塩基対が3万個に比べると、本当に短いです)。

これで、理論上は、伝令RNA (mRNA) をぶっ壊せるようなのです。

思い出して頂きたいのですが、SARS-CoV-2が自分のレプリカを作る時の出発点はゲノムRNAなのです。製造するタンパク質うんぬんは、このRNAあっての話であり、RNAさえ壊せば、ぶっちゃけ「どーでもいい」のです。

つまり

―― ピンポイントの、siRNAを見つけ出せば、SARS-CoV-2のRNAを破壊できる

ということです。

それはさておき、先ほど、SARS-CoV-2は、失敗したコピペを修正する機能を有する酵素を持っている、というお話をしました。

これでは、既存の抗ウイルス薬の仕組みでは対抗できないという話にならないのか、不安になってきましたので、シバタ先生に質問してみました。

「RNA干渉」の話をする前に、まず、C型慢性肝炎治療薬として開発された抗ウイルス薬の一つである「リバビリン」についてお話します。

「RNAを合成する」とは、RNAの鎖を連結する反応を進めていくことなのですが、このリバビリンは、この連結を妨害する働きをします。

ところが、新型コロナウイルス(SARS-CoV-2)は、聞くとところによると([こちらを参照](#))どうやら優秀な校正作用付きの酵素を作り出す遺伝情報をゲノム上に持っているらしいです。

コロナウイルスがRNA鎖を合成するときに、不良材量であるリバビリンを忍び込ませても、検品(酵素の校正作用)でその不良材料(リバビリン)がはじかれてしまうので、正常な製品(次の世代のコロナウイルスゲノム)が完成してしまうのです。おそろべし、コロナウイルス!!*)

(*)ちなみにこのリバビリン、もともと抗インフルエンザ薬として開発されましたが、効果はイマイチでした。SARS-CoV-2だけではなく、インフルエンザウイルスのRNA合成酵素もそこそこの「校正作用」を持っているらしいです。)

つまり、SARS-CoV-2は、自分のレプリカの失敗作品を、自動的に廃棄してしまい、100%の純正製品のみを、せっせと作り続けることができるということですね。

あれ? それでは、「RNA干渉」でもSARS-CoV-2の校正機能付きの酵素に対抗できない、ということになりませんか?

少し整理してみましょう。先ほどお話した「リバビリン」と「RNA干渉」は、その機能が異なります。

「リバビリン」は、「RNAを合成中に阻害物質(生産ラインに不良材料)を投げ込む、というイメージになります。

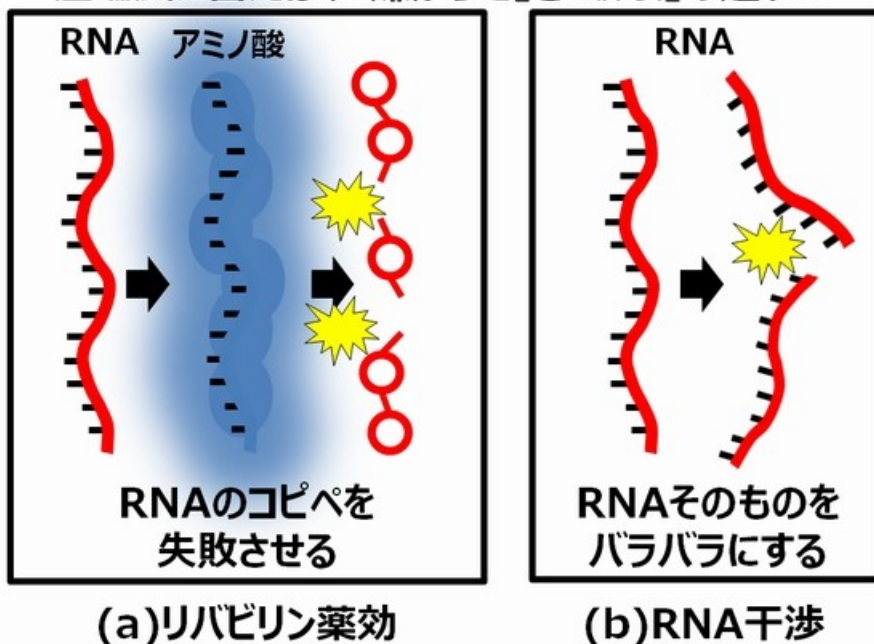
一方、「RNA干渉」では、複製に使用する鋳型そのものを破壊・切断する(生産ラインの設計図を使い物にならなくすることになりますので、不良材料を投げ込む必要もなく、勝負をつけることができます。

つまり、「リバビリン」は「SARS-CoV-2のレプリカ製造の妨害」をしているだけですが、「RNA干渉」は「SARS-CoV-2のレプリカ製造プロセスそのものを破壊する」ということになります。

つまり、「優秀な校正作用付きの酵素」が動き出す前に、本体を破壊してしまうのです。

リバビリン薬効とRNA干渉の違い

江端風に言えば、「嫌がらせ」と「破壊」の違い?



おお！ では、SARS-CoV-2を切断する酵素さえ発見すれば、このパンデミックに人類は勝利することができる訳ですね！

ただ、SARS-CoV-2が、まだ他に何かを仕込んでいる可能性は否定できません。例えば、未知の作用（単にシバタにとって未知or世界的に未知である作用）によって、RNA干渉にさらに干渉する酵素をコロナウイルスが持っている可能性はゼロでは無いと思っています。

あ、やっぱり、そうなんですか。そんな簡単な話ではないんですね――。

しかも、その狙った配列、もしくはその配列とよく似た配列が、ヒトの重要な遺伝子に含まれている可能性も、ちゃんと考えないといけません。

そうしないと、うっかりヒトの重要なRNAを阻害してしまう可能性があるからです。そうなれば、重大な副作用の原因になってしまう……この、「ターゲット以外にも作用してしまうよ」を、オフターゲット効果といいます。

siRNAの長さは約21塩基くらいで、ものすごく短いモノですから、SARS-CoV-2以外の正常な細胞やRNAも攻撃してしまう、とうことですね。

しかし、その一方で、ヒトの全ゲノム解析は既に終了し、メッセンジャーRNA(mRNA)配列も相当既知になっていますので、オフターゲット効果は、設計段階でかなり除外することが(RNA干渉発見当時よりは)可能になってきています。

つまり、コンピュータの中での、新しく作り出したsiRNAの塩基列で、ヒトの全ゲノムを攻撃(シミュレーション)して、人ゲノムに影響が出るものは、候補から外してしまえば良い、ということですね。

でも、それでも、予備実験、動物実験、臨床試験などは必ず必要です。何事も、最終的にはやってみないと分からないのです。

そりゃまあ、いきなり人間に試すことはできませんよね。私も、コンピュータの計算結果と、現実世界の結果が乖離することは、山ほど経験し尽しています。

とはいえ、このSARS-CoV-2の災禍がいつまで続くかは分かりませんが、新薬開発は、人類の存亡をかけた喫緊(きっきん)の課題ですよ。

シバタ先生ほか、先端医療や医薬開発のエンジニアの皆さまの知性と努力に、心から期待しています。

江端さん。他人事のように言ってはなりません。

―――― えっ？

例えば、抗ウイルス活性部位のインシリコによる予測および、抗ウイルス活性物質のインシリコによる設計というものがあります。これは、どちらかというと、江端さんのほうが専門かも知れません。

すみません。全然、知りませんでした。

従来は、試薬を手で混ぜ混ぜしながら実験を進めるwet laboratoryしかありませんでしたが、最近ではコンピュータ上で創薬のコア情報を導き出す、dry laboratoryも重要な分野に成長しています。

インシリコ、つまり、コンピュータープログラム上で、ウイルスが産生する酵素の構造を予測し、その酵素を阻害する可能性のある分子構造を予測することをin-silico screeningとか、in-silico medicineと言うそうです。

……でも、シバタ先生、それはですね……(ここから、冒頭の『医薬の設計製造は、高度な医療知識がある一部のエリートと、スパコンの仕事』という、江端の思い込みが再発動する)

最近は、dry laboratoryの論文も増えてきました。私(シバタ)には、全く手が出せない分野なので、「ほんとに役に立つのかよ」と思った時期もありましたが、、思いも付かない創薬シーズを見つけ出してくれる可能性もあるらしいですし、wet labがdry labと共存する未来は必然のようです。

外から眺めている感じとしては、まだまだ発展途上の分野のようです。門外漢なので、私も用語を知っている程度です。

……はい、分かりました。いずれにしても、これは私の仕事ですね。ちゃんと調査して、後ほどシバタ先生にレポートを提出致します。

コピペするだけで、設計できてしまった……

それでは、早速江端さんにコロナウイルスを分解するsiRNAを設計していただきます。

まず、コロナウイルス (SARS-CoV-2) のゲノム情報を得ます。

[こちらのサイト](#)に、SARS-CoV-2のゲノム情報が公開されています。これは、武漢のオリジナルのウイルスのゲノム情報だったと思います。他にも変異株が続々に登録されていますが、まずは武漢のオリジナルで設計してみましょう。

ページの下の方、というか、一番下、にATGCの4文字が3万文字ほど並んだ配列があります。

これが憎っきコロナウイルスのゲノムの全てです。

この1本鎖RNAをタンパク質と脂質の膜でくるんだらウイルスそのものになる、というわけです。

数字込みでいいので、originの表記の後、「1 attaa……」から、最後の「……aaaaaa」の配列情報をコピーします。

Severe acute respiratory syndrome

29629..29657
/gene="ORF10"
/locus_tag="GU280_gp11"
/inference="COORDINATES:
profile:Rfam-release-14.1:RF0016
/function="Coronavirus 3' UTR psi
29675..29903
29728..29768
/inference="COORDINATES:
profile:Rfam-release-14.1:RF0016
/note="basepair exception: align
implies coordinates 29740:29758 100% homology
basepair, but the homologous positions form a highly
conserved C:G basepair in other viruses, including SARS
(NC_004718.3)"
/function="Coronavirus 3' stem loop II-like motif (s2m)"

コロナウイルス
(SARS-CoV-2)
のゲノム情報

1 attaaaggtt tataccttcc cagtaacaa accaactaac ttctgatctc ttgtagatct
61 gtctctctaa cgaactttaa aatctgtgtg gctgtcactc ggcgtcatgc ttatgcact
121 caccgcatat aaitaataac taattactgt cgttgacagg acacgagtaa ctgctctatc
181 ttctgcaggc tgcctacggt ttcttccgtg ttgcagccga tcatcagcac atctaggttt
241 cgtccgggtg tgaccgaagc gtaagatgga gacccctgtc cctggtttca acgagaaac
301 acacgtccaa ctgactttgc ctgttttaca gtttcgcgac gtctcgtac ttggttttg
361 agactccgtg gaggaggtct tatcagagcc acgtcaacat cttaagatg gcacttgtg
421 cttagtagaa gttgaaaaag gctttttgcc tcaacttgaa cagccctatg ttgtcatcaa
481 acgttcggat gctcgaactg cactctatgg tcatgttatg ttgagctgg tagcagaact
541 cgaagcattt cagtacgttc gtatgtgtga gacacttggt gtccctgtcc ctcatgtgg
601 cgaataacca ttggcttacc gcaaggttct tcttcgtaag aacggtaala aaggagctgg
661 tggccatagt tacggccgcg atctaaagtc atttgactta ggcagcagc ttgacactga
721 tccttatgaa gattttcaag aaaactggaa cactaaacat agcagtggtg ttaccctga
781 actcatgctg gacttaacg gaggggcata cactcgtat gtcatataca acttctgtgg
841 ccctgatggc taccctcttg agtcatttaa agaccttcta gcacgtgctg gtaagcttc
901 atgcactttg tccgaacaac tggactttat tgacactaag aggggtgtat actgctccg
961 tgaacatgag catgaaatg cttgttacac ggaacgttct gaaaagagct atgaattgca
1021 gacacctttt gaaattaaat tggcaagaaa atttgacacc ttcaatggg aatgtccaaa
1081 ttttgtattt cctttaaatt ccatatctc gactattcaa ccaagggttg aaaaagaaaa
1141 gcttgatggc ttatgggtta gatttctc ttgtctatcca gtgcgtcac caaatgaatg
1201 caacaaaatg tgcctttcaa ccttatgaa gttgtggtat ttgtgtgaaa ctatcatgca
1261 gacggcgcat ttgttatg gctcctaa atttgtggc actgagaatt tgaactaaga
1321 aggtgccact acttgtggtt acttaccoca aaatgctgtt gttaaaattt attgtccagc
1381 atgtcacaat tcagaagtag gacctgagca tagctttgcc gaataccata atgaatctgg
1441 cttagaaacc atttctgta aggtgtgtcg cactattgcc tttagaggtc gtgtgtctc
1501 ttatgttgtt tgccataaca agtgcctta ttgggttcca cgtgtagcg ctaacatagg
1561 ttgtaacctt acaggtgttg ttgagaagg ttccgaaggt cttaagtaca accttcttga
1621 aatactccaa aaagagaagc tcaacatcaa tattgttgtt gactttaaac ttaagtgaag
1681 gatcgccatt attttggcat ctttttctgc ttccacaagt gcttttgtgg aaactgtgaa
1741 aggtttggtt tataaagcat tcaacaaaat ttgtgaatcc ttgtgtaatt ttaagttac
1801 aaaaaggaaa gctaaaaaag gtgcctgaaa tattgtgtga cagaatacaa tactgagtc
1861 tcittatgca ttgcatcag aggcgtctcg ttgttagca tcaattttct cccgactct
1921 tgaactgctt caaaattctg tgcgtgtttt acagaaggcc gctataacaa tactagatgg
1981 aatttcacag tattcactga gactcattga tgctatgatg ttacatctg atttgctac
2041 taacacatca gtgtaatgg cctacattac aggtgtgtgt tticagttga cttagcagtg
2101 gctacatgac gctttgaga gctttatgaa gaaactgaaa gcaactgttg attgattga

SARS-CoV-2のゲノム配列。Wordに、そのまんまコピーしたら14ページになりました。

(江端の脳内)

でも、3万塩基対から、クスリとして有用な塩基配列の候補を抽出って……どんなものすごい計算量になるんだろう。

私の作った交通シミュレーションでは、ゲーミングPC(高速処理に特化したPC)でも、合計1万人の人間を1日分移動させるだけで、3時間はかかったくらいだから ——

SARS-CoV-2を攻撃しつつ、他のRNAは攻撃しない —— そんな都合の良い塩基対列を抽出するなら、最初の1つ目の塩基列発見に2〜3日くらいは必要だろうなあ……。

次に、[こちらのサイト](#)を開きます。無料でsiRNAを設計してくれるたくさんあるホームページのうちの1つです。

え? 『無料』? 『たくさんあるホームページの1つ』? dry laboratoryの世界って、そんなに気前いいの?

枠内に、サンプル配列が記載されていますが、これを削除して、先ほどコピーした配列をペーストして、実行(クリック)してください。

はい。

すると、大量のsiRNA配列候補が出力されてきます。

待つこと10秒 —— すごいものが出てきました。

候補となるクスリ(の塩基配列) —— 実に1809種類

*) ちなみに、今回使用したPCは、現在、秋葉原の中古PC店で19800円くらいで販売されている程度のPC(Intel Core i7-4770S CPU 3.10G、メモリ16GB)です。

siDirect version 2.0 result page. [Help](#)

2020-04-26 02:27:20, siDirect v.2.0

Query

Query name:
 Query sequence: 29903 bp
 Functional siRNA selection: Ui-Tel
 Seed-duplex stability - Max Tm: 21.5°C
 Specificity check: Homo sapiens non-redundant database

Effective siRNA candidates

target position	target sequence 21nt target + 2nt overhang	RNA oligo sequences 21nt guide (5'→3') 21nt passenger (5'→3')	functional siRNA selection: Ui-Tel	seed-duplex stability (Tm):		specificity check: minimum number of mismatches against any off-targets:	
				guide	passenger	guide	passenger
26-48	aacaaaccaaccaacttgcgac	UCGAAAGUUGGUUGUUUGUU CAACCAACCAACUUUCGAUC	U	19.7 °C	18.8 °C	[detail]	[detail]
38-60	aacttcgatctcttgtagatct	AUCUACAAGAGAUUGAAAGUU CUUUCGAUCUCUUGAGAUUCU	U	20.3 °C	16.7 °C	[detail]	[detail]
54-76	tagatctgttcttaaacgaact	UUCGUUAGAGAACAGAUUCUA GAUCUGUUCUUAACGAACU	U	16.5 °C	19.2 °C	[detail]	[detail]
59-81	ctgttcttaaacgaacttaaa	UAAAGUUCGUUUGAGAGAACAG GUUCUCUUAACGAACUUUAAA	U	13.3 °C	20.2 °C	[detail]	[detail]
62-84	ttcttaaacgaactttaaaatc	UUUUAAGUUCGUUUGAGAGAA CUCUAAACGAACUUUAAAUC	U	+3.8 °C	14.6 °C	[detail]	[detail]
122-144	acgcagataattaactaactat	UAGUUUUUUUUUUAUCUGCGU GCAGUUAUUUUUAACUAAU	U	4.6 °C	13.1 °C	[detail]	[detail]
123-145	cgcagataattaactaactatt	UUAGUUUUUUUUUUAUCUGCG CAGUUAUUUUUAACUAAU	U	6.3 °C	6.3 °C	[detail]	[detail]
125-147	cagataattaactaactaatc	AAUUAUUUUUUUUUAUCUG GUUUUUUUUUUAACUAAU	U	4.6 °C	-8.0 °C	[detail]	[detail]
162-184	cacgagtaactcgtctatctct	AAGAUAGACGAGUUAUCUGUG CGAGUAAUCUGUUAUCUUCU	U	20.2 °C	21.4 °C	[detail]	[detail]
283-305	tggttcaacgagaaacacacg	UGUUGUUUCUGUUGAAACCA GUUUCACGAGAAACACACG	U	13.3 °C	14.9 °C	[detail]	[detail]
418-440	tggttagtagaagttgaaaaag	UUUUAACUUCUUAAGGCCA GUUAGUAGAAAGUUGAAAAAG	U	14.9 °C	11.3 °C	[detail]	[detail]
419-441	ggcttagtagaagttgaaaaag	UUUUAACUUCUUAAGGCC GUUAGUAGAAAGUUGAAAAAG	U	7.7 °C	11.3 °C	[detail]	[detail]
439-461	aggcttttgctcaactgaac	UCAAGUUGAGGCAACGCGCU GCGUUUUGCCUACUUGAAC	U	16.7 °C	12.5 °C	[detail]	[detail]
440-462	ggcgttttgctcaactgaaca	UUCAAGUUGAGGCAACGCGC CGUUUUGCCUACUUGAAC	U	19.2 °C	21.1 °C	[detail]	[detail]
453-475	aacttgaacgacctatgtgttc	ACACAUAGGCGUUGUUAAGUU CUUGAACGAGCCUUGUGUUC	U	17.9 °C	20.5 °C	[detail]	[detail]
464-486	ccctatgtgtcatcaaacgttc	ACGUUUGAUGAACAUAGGG CUAUGUGUUAUCAAACGUUC	U	21.1 °C	20.4 °C	[detail]	[detail]

「これ、どういう意味だろう？」by 江端

おめでとうございます。抗SARS-CoV-2薬候補がたくさんデザインできました。

ありがとうございます……って、先生、そうじゃなくて(思わず、ノリツッコミをする江端)。

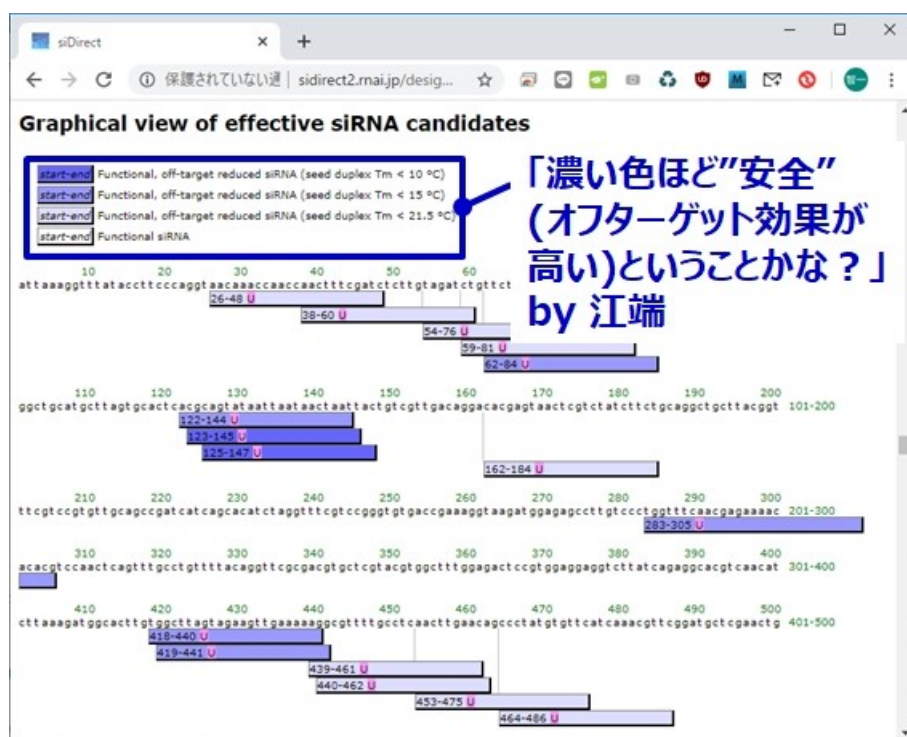
その瞬間、私の頭に浮んだことは、『医薬の設計製造は、高度な医療知識がある一部のエリートと、スパコンの仕事』という言い逃れが、もう使えなくなっているんだなあ』という、隔世の感でした。

しかし、次の瞬間には、Webページに記載されている、江端が見たこともない用語(英語)を、Google翻訳に放り込み、自分なりに推測を始めていました。「まずは内容を理解せねば」と思ったからです。

用語	翻訳結果	意味(江端推測)
siRNA target positions	siRNAターゲット位置	SARS-CoV-2の塩基列(約3万列)の中の、ブッタ切る場所
target sequence	ターゲットシーケンス	SARS-CoV-2中の、攻撃対象の塩基列
RNA oligo sequences	RNAオリゴ配列	クスリ本体の塩基列
functional siRNA selection(Ui-Tei)	機能的siRNA選択	東京大学のProf. Ui-Tei (程教授) のプロトコルで選ばれた、うまく機能しそうなsiRNA(*)
seed-duplex stability (Tm)	シードデュプレックスの安定性	ざっくり言って、2本鎖の安定性。Tmとは melting temperature(融解温度) (*)
specificity check: minimum number of mismatches against any off-targets;	オフターゲットに対抗するミスマッチの最小数	siRNAが標的とは無関係な遺伝子を攻撃する「オフターゲット」を回避する『最小数』(*)

(*) : シバタ先生による詳細解説は[こちら](#)

さらに、画面を下の方にスクロールしてみたら、候補となるクスリ(の塩基配列)が、図示されていました。



「いつの間にか、自宅のPCで、GUIを使って医薬を設計できる時代になっていたんだ」と、今さらながら、自分の”医薬リテラシー”の、あまりの低さに絶望してしまいました。

未来を諦める必要は全くない

あとは、注射なり、吸入なり、これを肺に届けて感染細胞内に届けることができれば、理論上はSARS-CoV-2のゲノムRNAは切断され、増殖できなくなります。

ちなみに、アビガンのターゲットタンパク質の遺伝情報も(当然ではありますが)上記ゲノムに含まれています。

「アビガン」ーアビガンといえば、最近、ニュースで「ある芸能人の方が新型コロナウイルスに感染し、アビガンを処方された後に回復した」とニュースで登場した薬で、もともとは、抗インフルエンザ薬です。

ただし、アビガンが、新型コロナウイルスに対して本当に効果があるかどうかは、現時点では不明（検証中）です。そもそも、新型コロナウイルス感染者の多くは、自然治癒するからです（そももって、無自覚感染者が、海岸やパチンコ店や観光地でウイルスをまき散らす、という事態になっているのは言うまでもありませんね）。

今回の新型コロナウイルス感染症は

- 無自覚
- 味覚障害
- 発熱
- 相当な苦痛を伴う呼吸障害（ただし自力で呼吸可能）
- 自力呼吸が不可能（人工呼吸器なしでは生きられない）
- 強制的に体内から血液を体外から抜き取り、酸素を含めた血液にしたあと体内に再投入（ECMOが必須）
- 死亡

まで、さまざまな症状が報告されています。

もちろん、新型コロナウイルス感染による致死率は2%（測定や推定方法で値はバラバラになります）という、インフルエンザの10～20倍という、恐い感染症です（[参考](#)）。

しかし一方で、私たちが忘れていることは、新型コロナウイルス感染には、「死」の恐怖や、「人工呼吸器」「エクモ」の不足だけではなく、「**激烈な苦痛**」というリスクです（一説には「インフルエンザの高熱なんぞ、比較にならないほどの苦しみ」）。特に呼吸障害の苦痛というのは、尋常ではありません。

私、小児ぜんそくを患ってきましたし、成人になってからも、まれに再発するのですが、「呼吸ができなくなる恐怖と苦しみ」はハンパなものではありません（現在でも、年間1000～2000人の人がぜんそくで亡くなっています）。

ニュースを見ている範囲では、アビガン投与後に「呼吸がラクになった」という話も聞いています。これが、「プラセボ効果」ということはないだろうと思います（思いたい）ので、このような話は、私のような、「ぜんそく」という爆弾を常に抱えている身の上としては、大変な福音でもあるのです。

また、日本国政府が、「アビガン」を「希望する国に所要の量が無償で供与すべく調整を行っている」（4月3日）というニュースもありました。

アビガンが「ゲノムから翻訳されたタンパク質」を阻害するのに対して、RNA干渉技術は、「アビガンのターゲットタンパク質が合成される前の遺伝情報そのもの」をつぶすことができます。

しかも、siRNA分子1個で数百から数千のウイルスゲノムを切断することができる、とされています。

つまり、一発の弾丸で、数百から数千人を一気に殺傷できる「銀の弾丸」ということですね。

もちろん配列によって効率の良し悪し、副作用の出やすいもの、出にくいものがあるので、江端さんに設計していただいたsiRNAの全てが薬に应用可能ではありません。

しかし、実験レベルなら高効率のsiRNAの設計から投与手段まで、その全てが商業化されています。既にそれくらい一般的な技術になっているのです。決してシバタがすごいわけではありません。[一般向け\(?\)の記事](#)が1か月前に出ているくらいです。

ぶっちゃけ、siRNAは大学の研究室なら誰でも通販（外注）で買えますので、市販の吸入装置と組み合わせれば、抗SARS-CoV-2薬は1週間程度で自作できます。

ええっ!本当?*)

*) 本当でした。例えば、[こちらのサイト](#)の79ページに、製品化されているsiRNAの話がてんこ盛りになっていて、大変勉強になりました。値段も、数万円から数十万円まで各種あるようです（ただ、siRNAって、どういう製品で、どういう単位で販売されるのか、そして、どうやって使うのか、私にはさっぱり分かりませんが）。

ただ、配列から副作用の少ないものを選ぶコツが必要ですし、細胞内へ核酸を移行させるために副作用の少ない方法を選択する必要があるので、一般の人は絶対に実行してはいけません。

そりゃそうですね。SARS-CoV-2を破壊できても、そこで別の病気(例:ガン細胞)を作り出してしまっただけではシャレになりません。

もしも私自身が近い将来SARS-CoV-2で挿管する事になったら「このsiRNAを投与してくれ」と教室の同僚に遺言(?)を託して、一人臨床試験を敢行するつもりです。

医師は薬を調合する資格があるので法的にも大丈夫、だったはず(多分)、です。…まあ、半分冗談ですが、その時の気分と死にかけ具合によっては本気で考えようかなあ、と思っています。

思考パターンが私(江端)に似ています、シバタ先生。

もっとぶっちゃけて言えば、最適配列の計算アルゴリズムはこの数年で飛躍的に進歩していますし、そこから得られたsiRNAと既知の最適吸入法などのドラッグデリバリーシステムとを組み合わせれば、製薬会社が本気を出せば効果がありそうなものだけでも1日で数十の新薬の候補が試験可能な現物として用意できるはずですよ。

あ、これは、私のような「ITエンジニア」が批判されているのかな? 高速計算(組み合わせ最適化)のハードウェアやアルゴリズムは、ITエンジニアの管轄ですから。

ただ、残念なことに、当たり前のことではあるのですが、その後の基礎試験、動物実験、臨床試験、申請など事務手続きで半年以上、量産化までに数カ月……やはり特効薬の登場までには1年ほどは待つことになるのかなあ……と思っています。

なるほど、そういうものですね。毎日、世界中で数百人以上の人が死んでいるのに、なんとももどかしい話です。

現在、製薬会社が、効率の良さそうな配列をピックアップしてガンガン核酸医薬を開発中(のはず)ですよ。

一応、昨日調べたら、最低1社、SARS-CoV-2に対する核酸医薬開発のリリースを確認できました。この市場の混乱の中でも株価が上昇していました。株、持ってませんが。

あとで、こっそり、私にだけ会社名を教えてください。

「医師といえども製薬の素人が1週間で試作品作れる(見込みな)んだぞ、製薬会社本気出してください」

「まさか素人でも設計できるsiRNA配列を特許で囲うようなまねをしていないでしょうね?」

「世界中の製薬会社、協力しあいましょう」

「ぶっちゃけ、この非常時に特許で技術を囲うなよ、共同開発して特許の開放数で利益を分配しろ」

「試験も共通化して時間短縮しろ」

「政治家仕事しろ」

と、心の中で思っております。

後半、口が汚くなってしまいました。製薬会社の方々も、政治家の方々も、きっと新薬開発の効率化のために最善を尽くして頑張っているはずだと信じています。

表現が粗いのは、やはり医師であっても、いや、医師であるからこそ、

人類が手にしている手段が、最大限に最高効率に利用されていない現状

に、焦りがあるのだと受け止めていただければと思います。

(滅多に見られないシバタ先生の激憤に圧倒されて、セリフが出てこない江端)

最後に、上記内容はあくまでシバタの私見です。実際には、開発にあたって私の知らないハードルが数多く存在している

のかもしれませんが。

取りあえず、人類の保有している知の集合は、SARS-CoV-2に対して、RNA干渉技術に限らず多数の対抗手段を実現するだけの能力を秘めていると言うことは、信じて良いと思います。

未来を諦める必要は欠片ありません。

ありがとうございました、シバタ先生。大変感動し、とても勇気が湧いてきました。

私たちは、まだまだ、この闘いを諦めるフェーズではないですね。

「COVID-19共同戦線の可能性」を特許から読み解く

ところで、江端さんにおかれましては、特許に大変詳しい人物であると存じ上げております。

どうでしょう、COVID-19関連の特許権のみ国際的に特例的に開放されてCOVID-19共同戦線が展開される……そんな未来が来る可能性はありますか？

あります。(ようやく、私が知っている内容になりました)

日本国特許法の方では明文化されていませんが、知的所有権の貿易関連の側面に関する協定、通称"Trips協定"において、国際的緊急事態における特許権の超法的(いや、法定されているから法的)措置の記載があったはずで

ええっと、今、見つけました。

Trips 第31条

(b) 他の使用は、他の使用に先立ち、使用者となろうとする者が合理的な商業上の条件の下で特許権者から許諾を得る努力を行って、合理的な期間内にその努力が成功しなかった場合に限り、認めることができる。加盟国は、国家緊急事態その他の極度の緊急事態の場合又は公的な非商業的使用の場合には、そのような要件を免除することができる。ただし、国家緊急事態その他の極度の緊急事態を理由として免除する場合には、特許権者は、合理的に実行可能な限り速やかに通知を受ける。公的な非商業的使用を理由として免除する場合において、政府又は契約者が、特許の調査を行うことなく、政府により又は政府のために有効な特許が使用されていること又は使用されるであろうことを知っており又は知ることができる明らかな理由を有するときは、特許権者は、速やかに通知を受ける。

今回の新型コロナウイルス対策では、国内法(特許法)では、第93条1、2項が適用されると思います。

- 1 特許発明の実施が公共の利益のため特に必要であるときは、その特許発明の実施をしようとする者は、特許権者又は専用実施権者に対し通常実施権の許諾について協議を求めることができる。
- 2 前項の協議が成立せず、又は協議をすることができないときは、その特許発明の実施をしようとする者は、経済産業大臣の裁定を請求することができる。

(江端の解釈)

国家緊急事態に限っては、

(1) 特許権者に使用許諾を求めて、その努力が認められなかった場合は、大臣の裁定で (by 日本国特許法第93条)

or

(2) 上記(1)の「努力」なんぞ無視して構わん (by Trips第31条) ので、
その技術を使っても構わん。

という2通りの解釈が成り立つのですが、日本国特許法は、第26条で「国際法優位」が明文化されていますので、上記(2)の解釈「無視して構わん」で押し通せるはずで

「知的所有権の貿易関連の側面に関する協定」第31条についての情報をありがとうございます。まさに、私の求めていた答えでした。

これこそが、いつも「想定外」の一言で逃げ回っている、どこかの誰かに読んでいただきたい条文でした。

□

前回、江端さんに公開していただいた私のメールでは、私は「未来に対する希望」をほとんど示すことが出来ませんでした(関連記事:「[ある医師がエンジニアに寄せた“コロナにまつわる現場の本音”](#)」)

人によっては私の文章がストレスになったというかたもいらっしゃるのではないかと思います。

今回のメールの出発点は、SARS-CoV-2のゲノムをズタズタに切り裂くsiRNA配列の設計を自分の手で行って頂くことで、「世界にはウイルスに対抗するための知恵があふれている」ことを実感してもらうことが目的でした。

さらに、江端さんのおかげで、(私の理解が正確では無いかもしれませんが)世界が対COVID-19に関連する知的財産権を開放してSARS-CoV-2の根絶に共闘できる法的根拠があることが明らかになりました。

知的財産を開放したことによって生じる各製薬会社への保証や、知的財産の複合として開発された薬の開発権利、そこから得られた利益の分配などなど、解決すべき課題は多いと思いますが、そこは、世界のリーダーの皆さんに調整をお願いしたいと思います。

現状、実際問題としては、特許法の壁や企業の利益追求によって、抗COVID-19薬剤の開発速度は制限されてしまっています。

各国の製薬会社の責任者が知恵を出し合った場合に到達するであろう、考え得る最高速度、最高効率の開発速度よりも、はるかに遅く、さまざまなしがらみによって妨げられているのが現状です。

私は、このような現状に人々が寛容であり続けることは「不可能だ」と考えています。

既に、社会は壊れ始めています。弱いところにしわ寄せが来ています。(COVID-19によって)仕事が無くなることのない医師が言っても、「おまえが言うな」とツッコミを入れられそうですが……。

誰かが、「SARS-CoV-2との戦いは、第三次世界大戦だ」と表現していました。この戦いでは、一部の先進国が一人勝ちすることは許されません。許されてはいけません。許したら、世界が壊れます。

□

では、最後にまとめさせていただきます。

- ・世界にはRNA干渉技術に限らず、SARS-CoV-2の治療に応用可能な技術が各国企業に蓄積されています。
- ・先人が「『想定外の事態が起こりうる』ことを想定」した、法律(条約)もあります。

今こそ、利益や常識の壁を取り払い、世界が一丸となって、最高速度、最高効率でSARS-CoV-2への対抗策を遂行可能な環境を整えるべき時なのではないでしょうか。

企業にとって、特許技術はそれこそ命のように大切なものだということは理解できます。

たった一人、しかもただの医者が訴える内容では無いのかもしれませんが。

ですので、判断はEE Times Japanの読者である技術者の皆さんにして頂きたいと思います。

「この記事をご覧の皆さまは、この提案をどのようにお考えになられるでしょうか？」

自宅PCのスペックで医薬設計が可能になりつつあるという「希望」

後輩:「なんか、今回のコラム、要旨がバラけて感じるなあ、と思ったのですが、ようやく理解しました。お二人の主張点がズれているんですね」

江端:「というと？」

後輩:「江端さんは、『最近のITを使った医薬製造に関する、ソフトウェアエンジニアとしての驚がく』が、メインの主張点ですが、シバタ先生は『人類を救う医薬の開発体制の不整備(×未整備)や権力者のリーダーシップの欠如に対する憤怒』で

す」

江端:「なるほど」

後輩:「まあ、技術者(ITエンジニアと医師)の違いもありますが ― 人間としての格の違いも露呈していますねえ」

江端:「ほっとけ」

後輩:「まあ、今回は、レベルを下げて、江端さんの主張点の方に合わせて、コメントしてあげますよ」

江端:「……『ありがとう』と言えいいのかな」

後輩:「江端さんは、多分、今回、COVID-19を含めたウイルスの感染メカニズムを、読者に伝えたいという気持ちを込めて、このコラムを書いたんですよ」

江端:「今回の、お上(政府や地方自治体)の外出や休業の要請に対して、私は、(珍しく)素直に従っているのだけど、それは、今回の要請が、COVID-19ウイルスの性質を観測した上での、数学 ― といっても初歩の確率論と統計学くらいだけで ― に基づいた施策だからなんだ」

後輩:「……つまり？」

江端:「施策の根拠が、クリアになっていて、私の腹に落ちるものになっていれば、sondemotte、それが科学的であれば『従いやすい』ということ。ただ、安易な納得にはリスクもあるので、注意は必要だけど*)」

*) 国家権力による科学の悪用の例としては、「優生学に基づく人種政策」などがある

後輩:「それで？」

江端:「敵(COVID-19)の実体や戦略(感染メカニズム)を理解しておくことは、きっと『有用』だし、何より、敵(COVID-19)の攻撃方法が事前に分かっているのは、すごく『安心』だよ」

後輩:「まあ、そこまでは良いとしましょう。しかし、残念ですが、今回の江端さんの『ソフトウェアエンジニアとしての驚がく』の方は、ほとんどの読者には伝わりませんよ」

江端:「なんで？」

後輩:「だって、私たちのほとんどは、COVID-19のクスリやワクチンの製造プロセスには、全く興味ないから。私たちの興味は、『クスリ』『ワクチン』そのものですから。特効薬やワクチンが『ある』か『ない』か。『ない』なら、“研究機関、製薬会社、誰でもいいから頑張って作れ! 政府なんとかしろ!”。これだけです」

江端:「……」

後輩:「江端さんの思考形態である『エンジニアリングアプローチ』を、読み手に強要するのは、“暴力”ってもんです」

江端:「……分かった。百歩譲って、『私の想いが、多くの読者に伝わらない』というのは認めよう。だが、エンジニアなら、特に、ITエンジニアであれば、伝わるだろう？」

後輩:「あー、それですが、そっちも正直期待できないと思います」

江端:「何で？」

後輩:「江端さんは、今回の「自宅のPCで、2000塩基の創薬のコア情報を導き出す、dry laboratory」の”アルゴリズム”に驚がくしたんでしょう？つまり、3万塩基のウイルスの塩基列を破壊しつつも、合計60兆塩基を越える人ゲノムの破壊を最小限にする、siRNAの塩基列パターン抽出の”アルゴリズム”ですよ」

江端:「その通り」

後輩:「江端さん。近年のITエンジニアの仕事は、NP困難の『組み合わせ爆発』などで、地獄を見てきた江端さんの仕事とは、そもそも立ち位置からして違うんですよ」

江端:「？」

後輩:「近年のITエンジニアは、クラウド上で、インスタンスを組み合わせる仕事がほとんどですよ。アルゴリズムにしても、OSSのライブラリにあるものを引っ張り込んで、組み込めれば、それで足りるのです」

江端:「……」

後輩:「もちろん、医薬製造のアルゴリズム開発に命をかけているITエンジニア(研究者を含む)もいるでしょうが、そういう人にとっては、江端さんの説明は『簡単過ぎる』し、そうでない人にとっては『難し過ぎる』のです」

江端:「うーん、確かにそうかもしれない。多くの読者にとっては、役に立つコラムにはなっていないかもしれないかなあ」

後輩:「いや、私が思うに、今回のコラムには2つほど意義があります。自宅のPCのスペックで医薬の設計が可能になりつつある、という事実は、COVID-19の終息に向けての人類の大きな希望です。OSSなどで公開された技術が、驚異的なスピードで進歩していくことは、Linux OSをはじめとして、もう世界中の人がよく知っていることです。dry laboratoryであれば、OSSと同じ枠組みで開発できるはずですから」

江端:「もう一つは？」

後輩:「その『驚異的なスピードの進歩』を、どこ、誰が、どのように、邪魔しているか、そして、その邪魔を取り除いて、開発プロジェクトの陣頭指揮を取るべき人間が、いかに『働いていないか』、ということがクリアになる、ということです」

江端:「——おや？ そう来る？ 今回は、『江端さんの主張点の方に合わせる』んじゃなかったっけ？」

後輩:「そこは、それ。私だって、何も考えずに生きているわけではありませんよ —— ですが、この問題、突き詰めて行くと、『誰に(どの職種、どの企業に)銃口が向いていくか』は、江端さんだって気がついてますよね」



Profile

江端智一(えばた ともいち)

日本の大手総合電機メーカーの主任研究員。1991年に入社。「サンマとサバ」を2種類のセンサーだけで判別するという電子レンジの食品自動判別アルゴリズムの発明を皮切りに、エンジン制御からネットワーク監視、無線ネットワーク、屋内GPS、鉄道システムまで幅広い分野の研究開発に携わる。

意外な視点から繰り出される特許発明には定評が高く、特許権に関して強いこだわりを持つ。特に熾烈(しれつ)を極めた海外特許庁との戦いにおいて、審査官を交代させるまで戦い抜いて特許査定を奪取した話は、今なお伝説として「本人」が語り継いでいる。共同研究のために赴任した米国での2年間の生活では、会話の1割の単語だけを拾って残りの9割を推測し、相手の言っている内容を理解しないで会話を強行するという希少な能力を獲得し、凱旋帰国。

私生活においては、辛辣(しんらつ)な切り口で語られるエッセイをWebサイト「[こぼれネット](#)」で発表し続け、カルト的なファンから圧倒的な支持を得ている。また週末には、LANを敷設するために自宅の庭に穴を掘り、侵入検知センサーを設置し、24時間体制のホームセキュリティシステムを構築することを趣味としている。このシステムは現在も拡張を続けており、その完成形態は「本人」も知らない。

本連載の内容は、個人の意見および見解であり、所属する組織を代表したものではありません。

関連記事



[ある医師がエンジニアに寄せた“コロナにまつわる現場の本音”](#)

マスクは、「他人へのウイルス拡散防止」にはなっても、「他人から自分へのウイルス拡散防止」にはならない。こんな非対称的な論理が、なぜ成立するのだろうか――。今回のコラムは、私のこの疑問に対して、現役医師で、私の過去のコラムでも何度もお世話になっている「轢断のシバタ」さんが下さった、1万字以上にも及ぶメールを紹介するものです。



[1/100秒単位でシミュレーションした「飛び込み」は、想像を絶する苦痛と絶望に満ちていた](#)

今回は「飛び込みを1/100秒単位でシミュレーションすること」に挑みます。私が目指すところはただ1つ。このシミュレーションによって「飛び込みによる、想像を絶する苦痛」を浮き彫りにすることで、たった1人だけでも、飛び込みを思いとどまってほしい――。本当にこれだけなのです。



[もはや怪談、「量子コンピュータ」は分からなくて構わない](#)

「業界のトレンド」といわれる技術の名称は、“パスワード”になることが少なくありません。世間はそうしたパスワードに踊らされ、予算がバラまかれ、私たちエンジニアを翻弄し続けています。今回から始まる新連載では、こうしたパスワードに踊らされる世間を一刀両断し、“分かったフリ”を冷酷に問い詰めます。最初のテーマは、そう、今をときめく「量子コンピュータ」です。



[「シュタインズ・ゲート」に「BEATLESS」、アニメのAIの実現性を本気で検証する](#)

前回で最終回を迎えた「Over the AI」ですが、番外編として、私がどうしても、どうしても書きたかったコラムをお届けすることにしました。SFやアニメに登場するAI(人工知能)の実現性です。今回は、「シュタインズ・ゲート」や「BEATLESS」に登場するAIを取り上げ、エンジニアとして、それらの実現性を本気で検証してみました。

Copyright © ITmedia, Inc. All Rights Reserved.

