

10年後も、同じことを考えている

前野 慎太郎

(山口大学中高温微生物研究センター)

最近、5年後、10年後に何を研究しているのだろう、と考える機会がありました。ところが、考えてみてもよく分かりません。今やりたい研究はいくつもあるのですが、どれも5年もかからず終わりそうなのです。解析したいデータがあり、書きたい論文があり、その先に試してみたいこともあります。しかし、それらを一つずつ並べてみても、「これを10年間研究します」と言えるものはなかなか見つかりません。

研究者にとって「継続」は大切なことだと言われます。一つの研究対象を長く追いつけ、少しずつ知識を積み重ねていく。そんな研究者の姿には憧れがあります。一方で、自分のこれまでを振り返ってみると、あまり継続しているようには見えません。学生の頃、私は乳酸菌を研究していました。自然界から菌を分離し、培地に生えてきたコロニーを拾い、その性質を一つずつ調べていました。そのうち微生物の設計図ともいえるゲノムを読むようになり、いくつもの菌のゲノムを比べるようになりました。比べているうちに、「どこまで似ていれば同じ種類なのか」という細菌の分類が気になり始めました。最近では、土や腸内などに含まれるDNAをまとめて読み、そこにどんな微生物がいるのかを調べるメタゲノム解析にも手を出しています。こうして並べてみると、ずいぶん落ち着きのない研究者です。

乳酸菌からゲノムへ、ゲノムから分類へ、そしてメタゲノムへ。研究対象だけを見れば、ずいぶん遠くまで来ました。それなのに、自分では同じところをぐるぐる回っているような感覚があります。同じ場所に戻ってきたように見えて、前とは少し違う角度から眺めている、そんな感じです。なぜだろうと考えてみると、昔から同じようなことが気になっているからなのかもしれません。「せっかくこれだけあるのだから、もう少し何か分からないだろうか」どうも私は、昔からそんなことを考えているようです。

私は本を読み返すことと散歩が好きです。学生の頃に読んだ本を何年か経ってから開いてみると、以前は何とも思わなかった一文が妙に気になることがあります。本に書かれている文章が変わったわけではありません。変わったのは、それを読む自分の方です。知っていることが増え、興味を持つことが変わり、以前とは違う問いを持って読む。そのため、同じ本なのに違うものが見えてきます。また、10年来歩いていなかった生まれ育った街を歩くと、道はほとんど変わっていないのに、以前とは違うと

ころが目に入ることがあります。

研究データにも、少し似たところがあります。

現在、世界中には膨大な数の微生物のゲノムが公開されています。ヒトの腸内、土壌、海、食品、動植物などから得られたデータも蓄積されています。一度論文になったデータも、その後データベースの中に残り続けます。ではそれらは、一度解析されたら役目を終えるのでしょうか。私はそうは思いません。数年前にはなかった解析方法が使えるようになることもあります。新しい微生物が発見され、分類の仕方そのものが変わることもあります。そして何より、同じデータでも、別の問いを持って眺めれば違うものが見えてきます。

同じ本を読み返すように、同じデータを読み返すことができるのです。私自身の研究も、最近はそのようなことが増えてきました。例えば、細菌はゲノムがどれくらい似ているかを比べて、「同じ種類らしい」「これは違う種類らしい」と判断することがあります。ところが、たくさん比べていると、どうしてもきれいに線を引けないものが出てきます。そういうものが、私は気になります。細菌を見分けるために長い間使われてきた遺伝子について調べていても、よく似た別の種類をうまく見分けられないことがあります。すると今度は、「このものさしを、すべての細菌に同じように使ってよいのだろうか」と考え始めます。もちろん、これまでの方法が間違っているわけではありません。新しい情報が増えたからこそ、昔から使ってきた方法をもう一度眺め直せるようになったということです。見直してみれば、以前の方法がとてもよくできていたと分かることもあれば、少し苦手なところが見つかることもあります。

研究は、新しいものを見つけることだけではないのだと思います。すでにあるものを並べ直したり、違う角度から眺めたりすることで、初めて見えてくるものもあります。

データだけではなく、生きた菌株も同じです。世界中の研究機関には、これまで多くの研究者が分離してきた微生物が保存されています。何十年も前に誰かが分離した菌を、今の技術で調べることで新しいことが分かる場合があります。ある人が菌を分離し、別の人がそのゲノムを読み、また別の人が比較する。研究材料やデータは人から人へ引き継がれ、そのたびに新しい問いに使われていきます。

最近興味を持っているメタゲノム解析でも、似たことを考えています。世界中で公開されているデータを見ていると、「これだけ多くの人がデータを取ってくれたのだから

ら、もっといろいろなことが分かるのではないか」と思います。ただし、データがたくさんあれば自然界がそのまま見えるわけでもありません。どこから試料を採ったのか。どんな微生物がすでに知られているのか。どんな方法で分類したのか。それによって、私たちに「見える」微生物は変わります。するとまた、「今まで使ってきたものさしで、本当に見たいものが見えているのだろうか」と考え始めます。

振り返ってみると、学生の頃から気になるものはあまり変わっていないのかもしれませんが。乳酸菌を培養していたときは、少し変わった菌が出てくると気になりました。ゲノムを比べるようになってからは、他とは少し違うゲノムが気になります。細菌を分類すれば、きれいに二つに分かれる集団より、その間にいる菌が気になります。そして大量の公開データを見るようになると、みんなによく見えている微生物より、そこにいるはずなのにうまく見えていない微生物が気になります。

研究対象はずいぶん変わりました。でも、見ている場所はそれほど変わっていなかったようです。また同じところに戻ってきました。ただ、前とは少し違う景色が見えています。そう考えると、5年後、10年後に何を研究しているのか分からないことも、それほど気にならなくなります。

今考えている研究の多くは、おそらく10年もかからずに答えが出ます。一つ答えが出れば、そこからまた別の疑問が生まれるでしょう。その疑問を追いかけているうちに、今とは違う微生物を研究しているかもしれませんし、今はまだ存在しない方法を使っているかもしれません。それでも、一つの問いに答えることが研究の終わりとは限りません。その答えによって、次に何を疑えばよいのかが分かることがあります。一冊の本を読み終えたことで次に読みたい本が見つかり、何年か後に最初の本を読み返せば、以前とは違うところが気になる。研究も、その繰り返しなのかもしれません。私が学生だった頃に解析したデータは、今もデータベースに残っています。当時とは比較にならないほど多くのデータが、今ではその周りに蓄積されています。今もう一度調べれば、当時とは違うことが分かるでしょう。そして、今私が解析しているデータも、10年後には誰かがもっとよい方法で読み直しているかもしれません。できれば、その誰かが自分であっても面白いと思います。

研究を始めた頃には、将来自分が細菌のゲノムや分類を研究しているとは思っていませんでした。今も、10年後に何を研究しているのかは分かりません。それでも、その頃もきっと、誰かが残した菌株や、世界中の研究者が公開したデータを眺めながら、「せっかくこんなにあるのだから、もう少し何か分からないだろうか」と考えているような気がします。何を研究しているかは、今とは違うかもしれません。でも、もし

10 年後も同じことを考えているのなら、それも一つの「継続」なのかもしれません。

そして、もしまったく違うことを考えていたとしても、それはそれでいいのかもしれません。一つの問いから次の問いへと進み、研究することそのものを続けていられたのなら、それもまた「継続」なのでしょう。