

Sayerは英語でのニックネーム。
本連載では、生物学を中心とする
自然科学の“研究という場”について考えてゆく。

良い名前をつけよう

研究論文の著者名

あるコミック作品に、相手の本当の名前を知るとその人間を殺すことができるという設定があった。馬鹿馬鹿しい話である。本当の名前など、この世には存在しないからだ。戸籍名も、その人の名前の一つにすぎない。恋人のあいだでだけ使っている秘密の名前のほうが、兩人にとっては本当の名前という感覚なのかもしれない。つまり、名前とは人間が勝手に作るものであり、通じればそれでよいのだ。したがって、学術論文を書くときの著者名も、そのために新たに作り上げてなんの問題もない。ペンネーム的なものでよいのだ。

私は学生時代にそう考えて、苗字の英語つづりを“Saitou”とした。最後にuをつけたのである。「斎藤」はよくある苗字なので、少しでも独自性を高めたかったのだが、このもくろみは少しは成功している。斎藤姓の大部分の研究者はSaitoというつづりだからだ。

スタンフォード大学の人類遺伝学者(Cuvalli-Sforza)教授は、論文の名前のイニシャルがL.L.となっているが、片方のLucaはニックネームだ。親がつけたもう片方のLuigiという名前が嫌いで、Lucaの方をわざわざ使っているという。私も、論文には使っていないが、高校時代に考えた

“Sayer”という名前を、この連載だけでなく研究室のサーバー名などいろいろな局面で使っている。

結婚などで苗字が変わる場合も、それ以前から研究論文を発表していた場合には、著者名はもとの苗字を残したほうが、研究者としての一貫性が維持されていだろう。とにかく、最初に論文を発表するときに使った名前を一貫して使ったほうがよい。

遺伝子やタンパク質の名前

新しい遺伝子やタンパク質、あるいは代謝物質を発見できた研究者は幸運だ。その新発見を論文で発表するときには、慎重に名前を考えるべきである。

一般論として、日本人は伝統といえるほど名前のつけ方が下手だ。古くは、鈴木梅太郎が米(イネ)から発見した新しい物質にイネの学名であるOryza sativaからオリザニンと名づけたが、その後ビタミンB1

斎藤成也

(さいとう・なるや) 1957年福井県生まれ。1979年東京大学理学部生物学科人類学課程卒業、1986年テキサス大学ヒューストン校生物学大学院修了(Ph.D.)。1989年東京大学理学部助手、1991年国立遺伝学研究所助教授、2002年同教授。総合研究大学院大学遺伝学専攻、東京大学大学院生物学専攻教授を兼任。日本学術会議会員。専門分野はゲノム進化、人類進化。

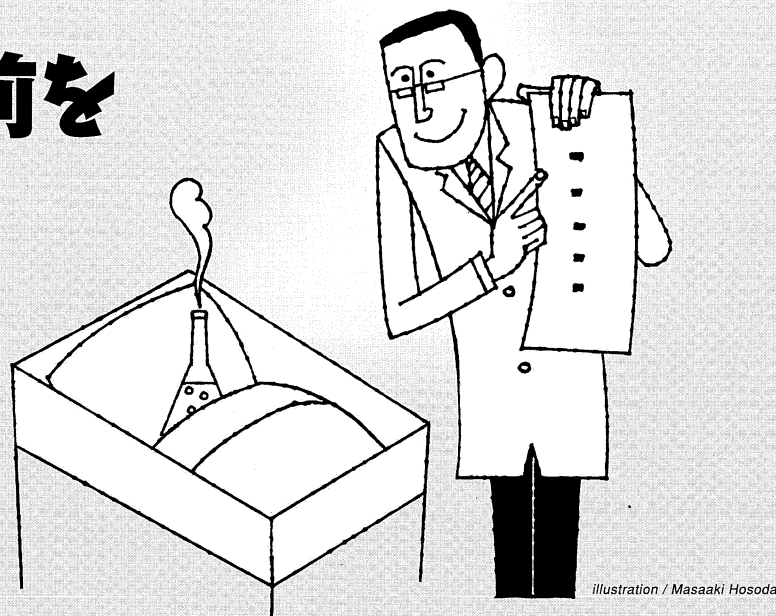


Illustration / Masaaki Hosoda

という名称が一般化していった。インターフェロンも、この物質を最初に発見した長野泰一*1らは「ウイルス抑制因子」と名づけたが、その後イギリスの研究者が独立に同じ物質を発見し、interferonと命名した。

生物の種名の場合には先取権が認められているが、遺伝子やタンパク質などの物質名にはそのような決まりはない。より広く使われたほうが生き残るのである。したがって、自分の発見した物質がどのような機能をもっているのかを、なるべく広範囲に考えて命名したほうがよいだろう。ビタミン(vitamin)とは生命に活力を与えるという、きわめて大きな立場からの命名であり、いっぽうオリザニンはイネから発見されたというだけにとどまる。大風呂敷が時には必要なのである。

遺伝学で最初に記載されたショウジョウバエの突然変異遺伝子はwhiteだが、これを命名したアメリカのモルガンらは、当初、

- *1 長野泰一
ながの・やすいち。1906~1998年。ウイルス学者。東京大学伝染病研究所(現・医学研究所)所長、北里研究所部長を務める。
- *2 BLAST
http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi
- *3
「NANA」は、二人のNANAが偶然に出会うことから始まる、矢沢あい原作のコミック作品。主人公の一人、大崎ナナが「BLAST (BLACK STONES)」のボーカルである。映画化もされた。

- *4 Ensembl
http://uswest.ensembl.org/index.html
- *5 MEGA
http://www.megasoftware.net/
- *6 日本DNAデータバンク
ヨーロッパのEBI(欧州生命情報学研究所)とアメリカのNCBI(国立生物工学情報センター)との三極体制で「DDBJ/EMBL/GenBank 国際DNA塩基配列データベース」を1980年代から構築・運営している。国立遺伝学研究所内に設置されている。英語名(DNA Data Bank of Japan)の略称である「DDBJ」で広く知られている。

- *7 SAKURA
http://sakura.ddbj.nig.ac.jp/
- *8 Prim-Prim
http://sayer.lab.nig.ac.jp/primprim/

普通の英語名詞を遺伝子名に用いることをヨーロッパの研究者から批判されたという。学名にならってラテン語を使うべきだということだった。結局彼らの膨大な研究成果のおかげで、その実用的でそっけない名前が普及していった。現代発生遺伝学では、遺伝子名に凝る人が続出している。自分の大好きなゲームソフトのキャラクターの名前(sonic hedgehog)をつけたり、日系人が日本語の名前(fushi tarazu)をつけたりしている。このような名前は印象に残るので、普及しやすいのだろう。

ソフトウェアやデータベースの名称

新しい機能をもつ遺伝子を見出すのはなかなかむずかしいが、ソフトウェアを開発することは発見ではなく発明なので、比較的簡単である。ちまたにはおびただしい数のソフトウェアが存在する。

相同性検索でもっとも一般的な「BLAST」*2は、“Basic Local Alignment Search Tool”の略称だが、それ自身が突風とか爆破するというやや物騒な単語であり、インパクトがある。そういえば、「NANA」にでてくるバンド名も「BLAST」である*3。

ゲノムデータベース「Ensembl」*4は、イギリスの同じ敷地にある二つの研究所(欧州生命情報学研究所とサンガー研究所)が共同で開発・運営しているもので、単語後半のemblは、欧州生命情報研究所が属している欧州分子生物学研究所(European Molecular Biology Laboratory)の略称になっている。またこの単語の末尾にeをつけたら、アンサンブル、すなわち合奏団とい

う意味になり、二つの研究所の共同作業を象徴していると同時に、ensembleには総体という意味もあるので、そちらにもかけているのであろう。

分子系統樹作成などの統合ソフトウェア「MEGA」*5は、“Molecular Evolutionary Genetic Analysis”の略称だが、もちろんそれ自体が百万を意味する単語である。日本からは、首都大学東京の田村浩一郎教授が開発に加わっている⁽¹⁾。1990年代前半に最初の版が発表され、最近第5版が公開された。とても使いやすいソフトだが、名称の良さも普及に一役買っているだろう。

私が名づけ親になったソフトウェア

ここからは、私が命名に関与したソフトウェアやデータベースについて少し紹介させていこう。日本DNAデータバンク(DDBJ)*6では、塩基配列データの入力システムとして「SAKURA」*7が1995年から使われている。当時、このシステムを命名するためにいくつかの候補が出て、DDBJ内部で投票がおこなわれた。DDBJのある国立遺伝学研究所には桜の品種が多数あり、毎年春には美しい花を咲かせている。そこで、とくに何かの略称ではなく、単にSAKURAという名称に決まり、現在に至っている。

私の研究室で最近開発した大規模塩基配列データの多重整列システムである「MISHIMA」⁽²⁾は、研究室のある静岡県三島市の名称を使っているが、一応“Method for Inferring Sequence History In terms of Multiple Alignment”の略称である。まだ多重整列結果を示すまでにとどまっ

おり、配列の歴史を推定するところまで到達していないので、羊頭狗肉の観がなきにしもあらずだが、このソフトウェアは、以前から私の研究室で計画してきた「ESPER(Evolutionary Sequence ProcessER)」というシステムの一部を構成する予定である。この単語は、ESP(Extra Sensory Perception)を有する人、つまり超能力者を意味し、私が子ども時代からSFなどで慣れ親しんできた単語である。「ESPER」システム発表まで、乞うご期待!

そのほかに、「Prim-Prim」*8というデータベースも公開している。これは、霊長類(Primates)の種内・種間のゲノム多様性を調べるためのPCR Primer候補を多数作成し、それらのリストをダウンロードできるようにしたものである。ポストドクだった河合洋介氏(現在、立命館大学生命科学部生命情報学科)が中心となって作成したものである。霊長類とプライマーが同一のラテン語から由来していることに目をつけて命名したものであり、けっこう気に入っている。

以上、いろいろな例を列挙したが、これらから、名は体を表すことが命名の常道であり、また覚えてもらいやすい単語を使うことが重要であることを納得していただけたと思う。

参考文献
[1] Tamura K, Dudley J, Nei M & Kumar S: “MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0” Mol Biol Evol 24 (2007) 1596-1599
[2] Kryukov K & Saitou N: “MISHIMA - a new method for high speed multiple alignment of nucleotide sequences of bacterial genome scale data” BMC Bioinformatics 11, 142(2010)