

西浦 博

北海道大学大学院医学研究院

教授

大規模生物情報を活用したパンデミックの予兆、予測と流行対策策定

## § 1. 研究成果の概要

本研究の目的は、感染症の患者発生データに加えて、病原体の遺伝子情報および実験データを含む大規模生物情報を利用したパンデミックの予兆およびインフルエンザ流行の予測を実現し、それらに基づく最も望ましい感染症対策を明らかにすることである。2018 年度の研究成果の概要を図 1 に示す。病原体のゲノム情報分析を主として専門とする伊藤グループ(北海道大学人獣共通感染症リサーチセンター)はウイルスの系統樹から異種間(トリーブタ間)のインフルエンザ伝播頻度を推定するモデルを確立し、それによってパンデミック発生の予兆を捉えるためのリスクアセスメントの基盤づくりを行った。異種間伝播の頻度推定は、将来的なパンデミックの予兆捕捉を考案する上で鍵となる情報であり、実践的意義の高い研究成果が生み出された。疫学情報の分析を得意にする西浦グループ(北海道大学大学院医学研究院)では、2018 年 5 月に沖縄を起点に流行が拡大した麻疹(はしか)の流行予測をリアルタイムで実施し、患者情報のみに頼らず、ヒト感受性や地理的情報、臨床検査に要する時間の遅れなど多様な情報を加味した上で予測を実装し、その予測可能性の範囲と限界点を明示することができた。4 年度目であった本プロジェクトでは、これら異なるスコープを持って実施されてきた研究が次第に共同研究として統合され、インフルエンザウイルスのゲノム情報に基づく疫学的なパラメータ(伝播能力)の推定研究を同年中に発表することができた。また、当初より目的としてきた疫学モデルと遺伝学モデルの統合に伴う集団免疫と流行株の同時の予測に向けて研究基盤(定式化とそれに伴う計算コード)の確立を完了し、実際に計算実装をするまでに到達した。最終年度に統合モデルで予測可能な未来の時間単位や予測不可能な情報について詳細な評価を実施する計画を立てるまでに至った。上記に加え、樋口グループ(統計数理研究所)と西浦グループでの共同で、風疹の時空間伝播の大規模予測モデルの実装成果を発表した。統計数理研究所および北海道大学医学部内のクラスタを活用しデータ分析を行い、感染症流行の定量的評価に基づいた感染症対策の策定とその最適化に取り組んだ。

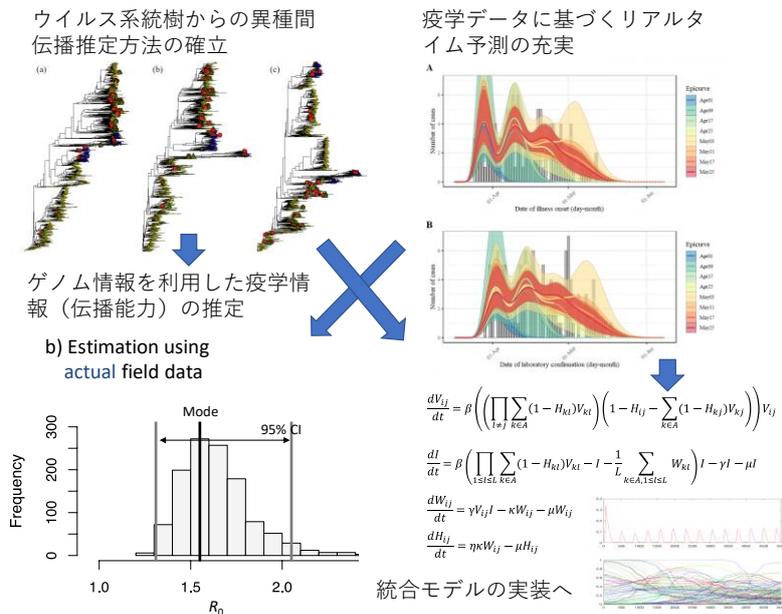


図 1. 2018 年度の顕著な成果の概要. 疫学・ゲノム情報の統合的分析から推定・予測の実装へ【代表的な原著論文】

1. Masaya Saitoh, Hiroshi Nishiura, and Tomoyuki Higuchi. “Reconstructing the transmission dynamics of rubella in Japan, 2012–2013”. PLoS ONE vol. 13, No. 10, e0205889, 2018. doi: 10.1371/journal.pone.0205889
2. Andrei Akhmetzhanov, Yusuke Asai, and Hiroshi Nishiura. “Quantifying the seasonal driver of transmission for Lassa fever in Nigeria”. Philosophical Transactions of the Royal Society B vol. 374, No. 1775, 20180268, 2019. DOI: 10.1098/rstb.2018.0268
3. Yuko Hamaguchi, Takayuki Yamaguchi, and Hiroshi Nishiura. “Estimating the annual risk of tuberculosis infection in Japan from interferon-gamma release assay data”. Journal of Theoretical Biology vol. 460, pp. 125–133, 2018. doi: 10.1016/j.jtbi.2018.10.017

## § 2. 研究実施体制

### (1)「疫学モデリング」グループ

- ① 研究代表者:西浦 博 (北海道大学大学院医学研究院 教授)
- ② 研究項目
  - ・疫学データ・気象データ・移動データの収集と分析
  - ・予測・予兆の実現を想定した疫学モデルの定式化
  - ・リアルタイム予測, 特に移動データを加味したモデルの実装
  - ・予兆の探知, 特にパンデミックのリスク評価
  - ・感染症対策の有効性分析

### (2)「遺伝学モデリング」グループ

- ① 主たる共同研究者:伊藤 公人 (北海道大学人獣共通感染症リサーチセンター 教授)
- ② 研究項目
  - ・遺伝学モデルと疫学モデルの融合
  - ・マイクロ情報を用いたマクロ流行動態のモデル実装
  - ・リアルタイム予測, 特に系統動態のモデル化
  - ・インフルエンザのモデル統合
  - ・予兆の探知, 特に疫学モデルグループと共同でリスク評価モデルの構築

### (3)「データ同化研究」グループ

- ① 主たる共同研究者:樋口 知之 (情報・システム研究機構 統計数理研究所 所長)
- ② 研究項目
  - ・遺伝情報およびヒト移動情報を加味した流行リアルタイム予測(データ同化技術適用)
  - ・推定・同化のための実装と並列計算の実施
  - ・予兆による早期封じ込めのモデル化
  - ・流行予測の社会実装

### (4)「ウイルス学実験」グループ

- ① 主たる共同研究者:佐藤 佳 (東京大学医科学研究所 准教授)
- ② 研究項目
  - ・伝播実験の実施
  - ・病原体マイクロ情報がマクロ現象に果たす機能解明と検証
  - ・伝播実験の研究デザイン
  - ・伝播を規定すると考えられる遺伝子配列の有用性検討