

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： 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

2. 研究代表者名及び主たる研究参加者名（研究機関名・職名は研究参加期間終了時点）

研究代表者

西浦 博（北海道大学大学院医学研究院 教授）

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）

樋口 知也（情報・システム研究機構統計数理研究所 所長）2014年度-2018年度

中野 慎也（情報・システム研究機構統計数理研究所 准教授）2019年度-2020年度

佐藤 佳（東京大学医科学研究所 准教授）

3. 事後評価結果

○評点：

A+ 非常に優れている

○総合評価コメント：

本プロジェクト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等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を目標とする。

1年追加支援前までの成果としては、①ウイルスの系統樹から異種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を構築し、②インフルエンザのゲノム情報を利用した流行ウイルスと流行度合いの同時予測の基礎研究を行い、特にTajima's Dという中立性のメトリックの時間変化を通じて基本再生産数を推定する新たな手法を提案した。③疫学の観点からは、風疹や麻疹（はしか）および新興感染症であるエボラ出血熱やジカ熱、中東呼吸器症候群（MERS）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し、致死率と死亡リスクの推定、風疹の時空間伝播の捕捉から空間的予防接種の効果検討、ヒトの国際移動データを用いた世界的なジカ熱流行の予測、肺ペスト流行データとヒト移動データのリアルタイム分析に基づく世界的流行のリスク推定などの成果を得た。④これらの時空間伝播の大規模予測モデルをデータ同化技術を基盤に構築した。⑤環境変動とそれに伴う動物生態の動的变化を加味したラッサ熱の予測システムを開発した。⑥疫学情報とゲノム情報を用いた融合研究では、韓国におけるMERSの伝播ネットワーク再構築の事例研究を展開し、ヒト及び野鳥のインフルエンザ伝播動態における遺伝子配列を利用した感染性の推定を発表した。⑦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）の確立を完了した。

疫学情報とゲノム情報の各々の解析に関して当初計画を上回る成果を数多く上げ、国内外の感染対策

にもリアルタイムで貢献したことは高く評価できる。一方で、当初目標の中で特に挑戦的で本プロジェクトの特徴的な課題であっ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関しては、基礎研究は進みつつあるが、具体的な成果には未だ十分には結びついていなかった。これに関しては後述のように延長期間中に大きな進展があった。

研究代表者のリーダーシップが遺憾なく発揮され、世界中を駆け回って、期間中に生じた国内外の重篤な各種感染症の拡大の危機に、リアルタイムで取り組み、新規の解析予測技術を即座に開発すると共に、リアルタイムで適用し、拡大予測やリスク推定をリアルタイムで内外に提供したことは極めて高く評価できる。

本課題は1年追加支援により2020年度に1年間の延長が認められたが、研究代表者が国の新型コロナウイルス感染症の対応のため、研究の実施が困難となったことから新型コロナウイルスの影響に対して1年間の研究期間の延長を行い2021年度に当初の1年追加に対する評価を実施した。

追加支援による延長期間には、インフルエンザウイルスの遺伝子データのデータベースを活用して、集団免疫とウイルス進化の同時予測のための理論基盤を創出し変異における6つの主要位置のアミノ酸の置き換え予測に成功した。加えて、研究代表者は2020年度からの新型コロナウイルス感染症拡大に伴い、厚生労働省クラスター対策班において流行対策に大きく貢献し、本研究の成果に基づいて8割接触削減などの重要な提言を行ってきた。予測精度の改善を目指した新研究にも取り組み、気温、ヒト移動率、流行に対するリスク認識を組み込んだ新しいモデルを構築し、シミュレーションによる実効再生産数の時空間推定を改善している。これらの成果はタイムリーに国際学術誌に公表され、海外からも大きく注目されている。