

2024 年度年次報告書

パンデミックに対してレジリエントな社会・技術基盤の構築

2022 年度採択研究代表者

伊東 潤平

東京大学 医科学研究所

准教授

変異株の超早期捕捉に基づく流行予測法の開発

研究成果の概要

SARS-CoV-2 変異株の適応度(流行拡大能力; 実効再生産数)をスパイクタンパク質配列から予測するAI「CoVFit」を論文化し、長い査読を経て *Nature Communications* に受理された[1]。

季節性インフルエンザウイルス(H3N2 亜型)の抗原性をヘマグルチニンタンパク質の配列から予測するAI「PLANTgen」を開発した。このモデルを用いて、季節性インフルエンザウイルスの抗原性進化の全体像を明らかにし、また免疫逃避株の出現を自動で検出するためのフレームワークを開発した。現在、論文投稿に向けて準備中である。

【代表的な原著論文情報】

1. **Jumpei Ito***, Adam Strange, Wei Liu, Gustav Joas, Spyros Lytras, The Genotype to Phenotype Japan (G2P-Japan) Consortium, Kei Sato*. A Protein Language Model for Exploring Viral Fitness Landscapes. *Nature Communications* 16:4236, 2025.