

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

2022 年度
年次報告書

伊東 潤平

東京大学 医科学研究所
助教

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

本年度は、新型コロナウイルスのゲノム配列データベースをリアルタイムで監視し、次期流行株の超早期捕捉を行うシステムの開発に取り組んだ。

従来、次期流行株の同定は、1) 進化系統解析等によりウイルス配列を分類することで新たに出現した変異株を同定・定義し、2) 実効再生産数の高い変異株(すなわち次期流行株)を同定する、という2ステップ方式で行われていた。しかし、ステップ1の「ウイルス配列を分類し変異株を定義する」という作業は、これまで専門家による精査に基づき(人力で!)行われていたため、次期流行株同定の律速段階となっていた。

そこで本研究では、専門家による分類作業を必要としない、次期流行株の全自動同定システムの開発に取り組んだ。具体的には、変異株の実効再生産数を、その変異株の持つ変異のパターンから直接予測するベイズ階層モデルを開発した。本モデルを用いると、各変異がウイルスの実効再生産数に与える影響と、任意の変異セットを持つ変異株の実効再生産数を同時に推定することができる。重要なことに、本手法を用いると、(専門家による精査が必要な)ウイルスの詳細な系統分類を行わなくても、実効再生産数の高いウイルスの一群を同定することが可能となる。本手法を用いることで、オミクロン BQ.1.1 株、XBB 株、XBB.1.5 株[1]が同時期に流行していた他の変異株よりも高い実効再生産数を示し、次期流行株となる可能性が高いことを流行の初期段階で明らかにした。

【代表的な原著論文情報】

- 1) Uriu K†, **Ito J**†, Zahradnik J, Fujita S, Kosugi Y, Schreiber G; Genotype to Phenotype Japan (G2P-Japan) Consortium; Sato K. Enhanced transmissibility, infectivity, and immune resistance of the SARS-CoV-2 omicron XBB.1.5 variant. *Lancet Infect Dis.* 2023 Mar;23(3):280-281. doi: 10.1016/S1473-3099(23)00051-8. Epub 2023 Jan 31. PMID: 36736338