

TSUBAME 共同利用 令和 6 年度 学術利用 成果報告書

利用課題名 ウイルスの形質および進化予測法の開発

英文: Development of methods for predicting virus phenotypes and evolution.

伊東 潤平

Jumpei Ito

東京大学医科学研究所

The Institute of Medical Science, The University of Tokyo

<https://www.ims.u-tokyo.ac.jp/SystemsVirology/>

邦文抄録(300 字程度)

ウイルスは著しい速度で進化することで抗原性を変化させ、宿主の獲得免疫から逃避する。そのため、効果的なワクチンを供給するためには、ウイルスの抗原性変化に基づき、最新の流行株に対して有効なワクチン株を選定する必要がある。ウイルスの抗原性は中和試験等により評価できるが、理論的には抗原タンパク質の配列のみから予測可能であると考えられる。本研究では、ウイルスの配列情報に基づいた抗原性監視体制と、より効率的なワクチン株選定戦略の樹立に向けて、季節性インフルエンザウイルスを対象に抗原性予測 AI モデル「PLANT」を開発した。

英文抄録(100 words 程度)

Viruses evolve at a remarkable rate, altering their antigenicity to evade the host's acquired immunity. Therefore, to supply effective vaccines, it is necessary to select vaccine strains that are effective against the latest circulating strains based on antigenic changes in the virus. The antigenicity of a virus can be evaluated through neutralization assays and other methods, but theoretically, it should be possible to predict antigenicity solely from the sequence of the antigenic protein. In this study, we developed the antigenicity prediction AI model "PLANT" for seasonal influenza viruses, aiming to establish an antigenicity surveillance system based on viral sequence information and a more efficient vaccine strain selection strategy.

Keywords: 5つ程度

AI, Virus, Vaccine development

背景と目的

ウイルスは著しい速度で進化することで抗原性を変化させ、宿主の獲得免疫から逃避する。そのため、効果的なワクチンを供給するためには、ウイルスの抗原性変化に基づき、最新の流行株に対して有効なワクチン株を選定する必要がある。ウイルスの抗原性は中和試験等により評価できるが、理論的には抗原タンパク質の配列のみから予測可能であると考えられる。

概要

本研究では、ウイルスの配列情報に基づいた抗原性監視体制と、より効率的なワクチン株選定戦略の樹立に向けて、季節性インフルエンザウイルスを対象

に抗原性予測 AI モデル「PLANT」を開発した。

結果および考察

本モデルの学習には、大規模ゲノムデータベース GISAID に登録されている季節性インフルエンザウイルス H3N2 亜型のヘマグルチニン(HA)タンパク質配列と、英国クリック研究所 Worldwide Influenza Centre lab より提供を受けた中和試験のデータを用いた。PLANT の予測性能を評価するため、学習に用いていない新規変異株を用いて抗原性の予測を行ったところ、中和試験により実測された値と高い一致性を示した。これらの結果は、PLANT が配列情報のみに基づき、未知の変異株の抗原性を高い精度で予測できることを示している。

まとめ、今後の課題

現在、PLANT を用いたウイルス進化解析を進めている。本研究成果をまとめたプレプリントを、2025 年上半中にプレプリントとして公開予定である。