

文部科学省と附置研究所・センターとの
定例ランチミーティング
2025/10/10



ウイルス感染症の制御に資するAI技術の開発

東京大学 医科学研究所
システムウイルス学分野（准教授）
伊東潤平

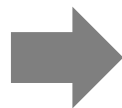


自己紹介: 伊東潤平 (DVM, PhD)

History



獣医学部出身



学部時代は実験に夢中



博士課程から分野転向

- ✓ 生命情報科学
- ✓ ゲノム科学
- ✓ 統計モデリング
- ✓ AI

Mission

ウイルス感染症の制御に資するAI技術の開発



Motto

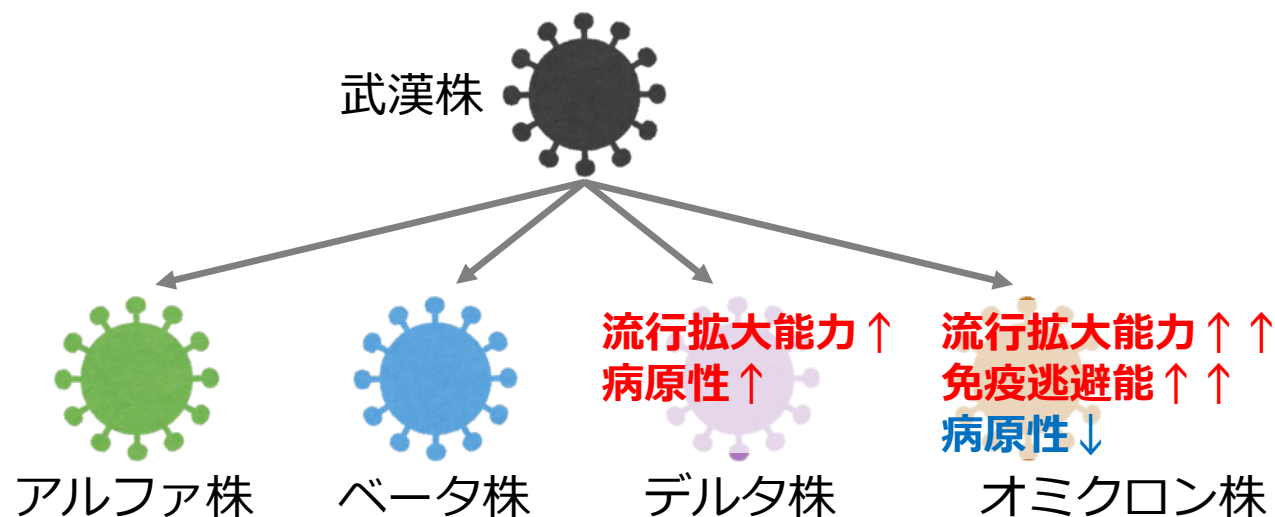
- あったらいなをカタチにする
- 作ってあそぼ

Q: ウイルス感染症の制御が難しい原因は？

A: ウイルスが進化し、性質を変化させること

✓ 『変異株』の出現

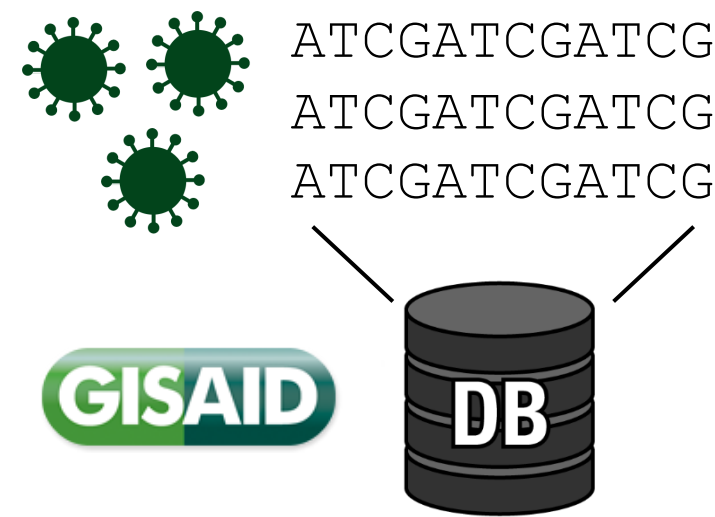
- 免疫逃避能 ↑
- 治療薬抵抗性 ↑
- 流行拡大能力 ↑



相次ぎ出現する変異株の性質・リスクを迅速に評価することが重要
→ 全ての変異株の性質・リスクを実験で評価するのは非現実的

ウイルスゲノム疫学調査

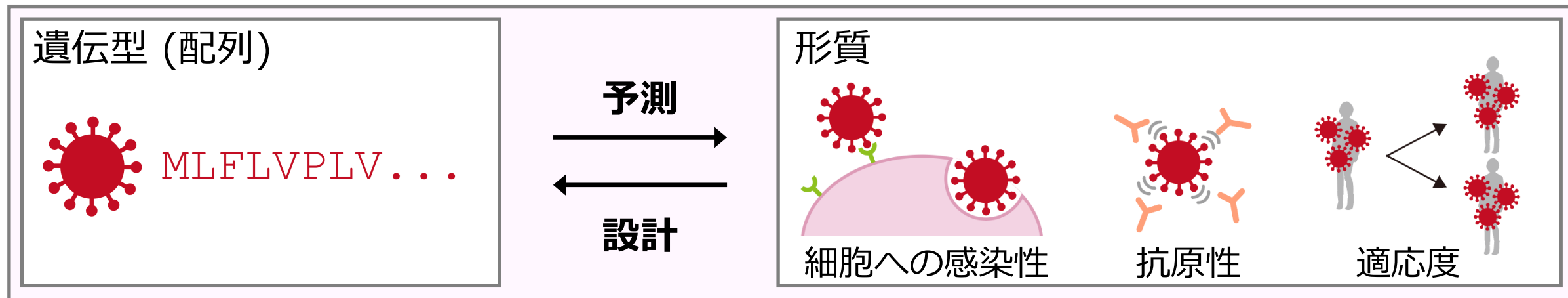
- COVID-19パンデミックを契機に、大規模なウイルスゲノム疫学調査が実施
- >2100万配列が公開
- 超並列実験系により、ウイルスの変異-形質データも蓄積



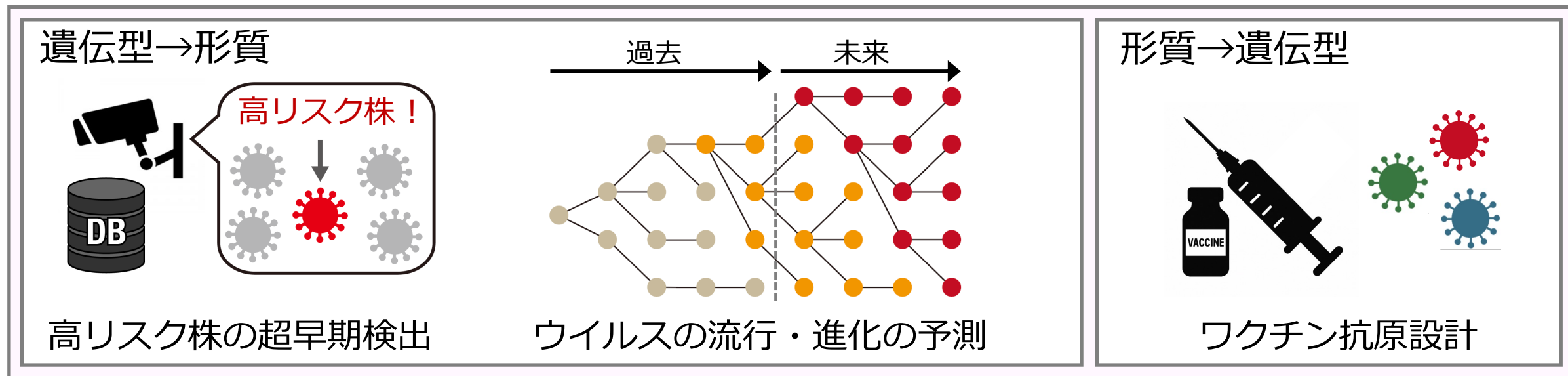
<https://gisaid.org/>

ゲノム配列データに基づきウイルスの性質が予測できれば、リアルタイムリスク評価が可能に

Vision: ウイルスの形質を予測・設計するためのAIの開発



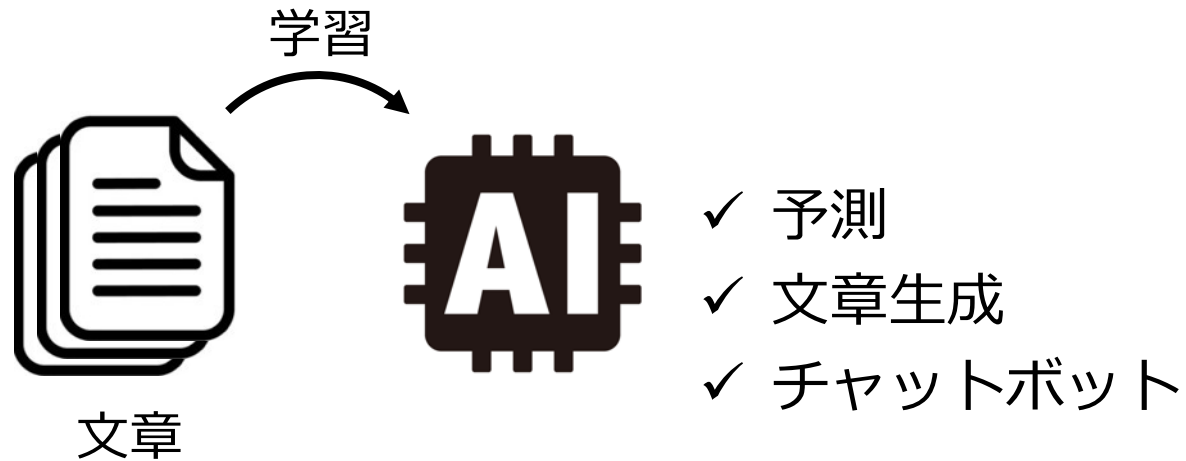
ウイルス感染症制御への応用



手法: タンパク質言語モデル

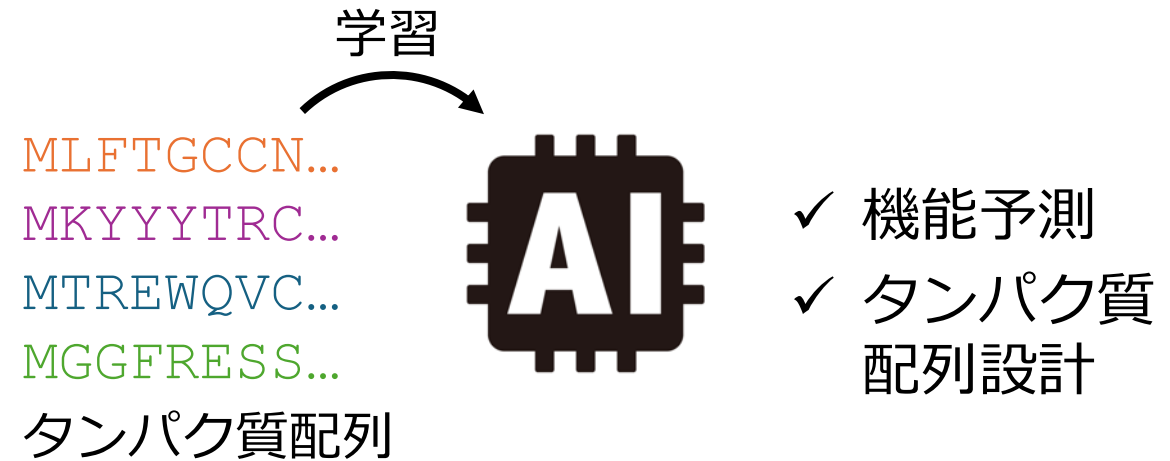
大規模言語モデル (例; ChatGPT)

膨大な文章データを学習



タンパク質言語モデル

膨大なタンパク質配列データを学習

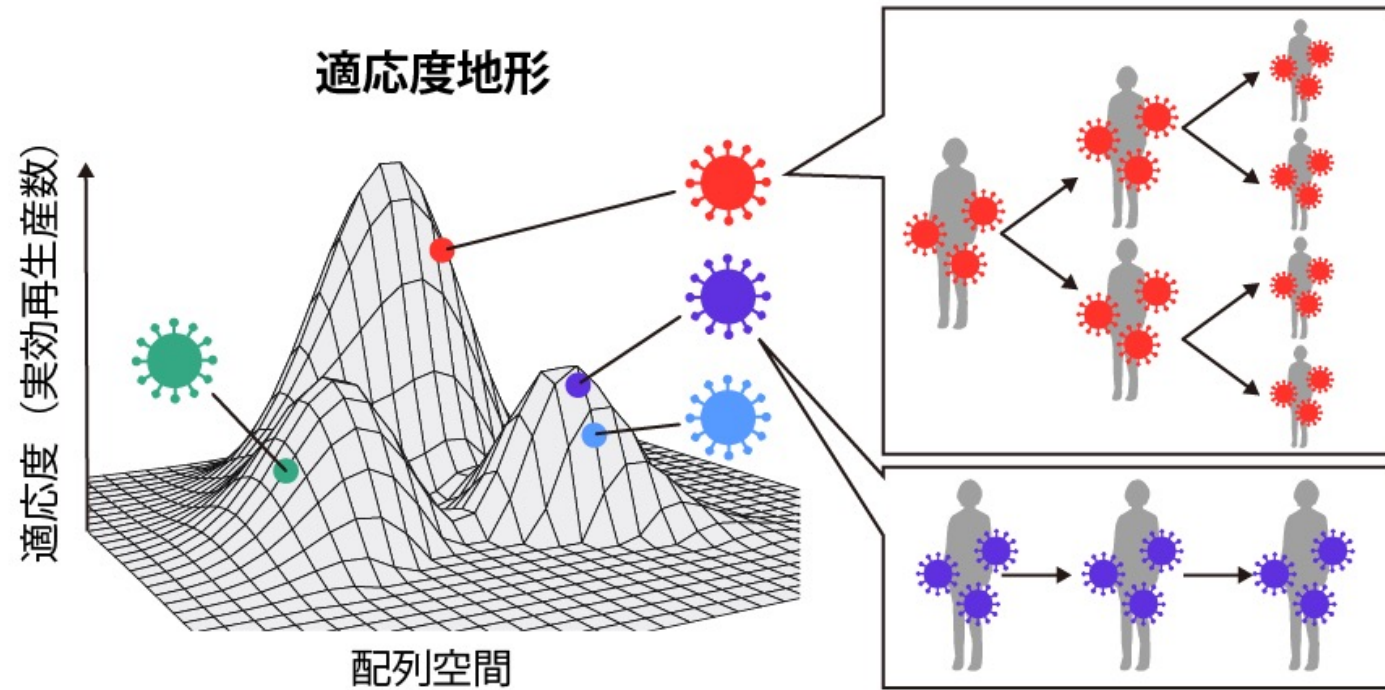


タンパク質の柔軟な遺伝型-形質モデリングが可能に

CoVFit: ウイルスの適応度（流行拡大能力）を予測するAI

SARS-CoV-2 変異株の
スパイクタンパク質

MFVCLFLVPLVTTWFFV
MFVCLFQVPLVSSWFFV
MFVCLFQVRLVSSWFFV
MFVCLFRVPRVSTWFFH



Ito et al., 2025, Nat. Commun.

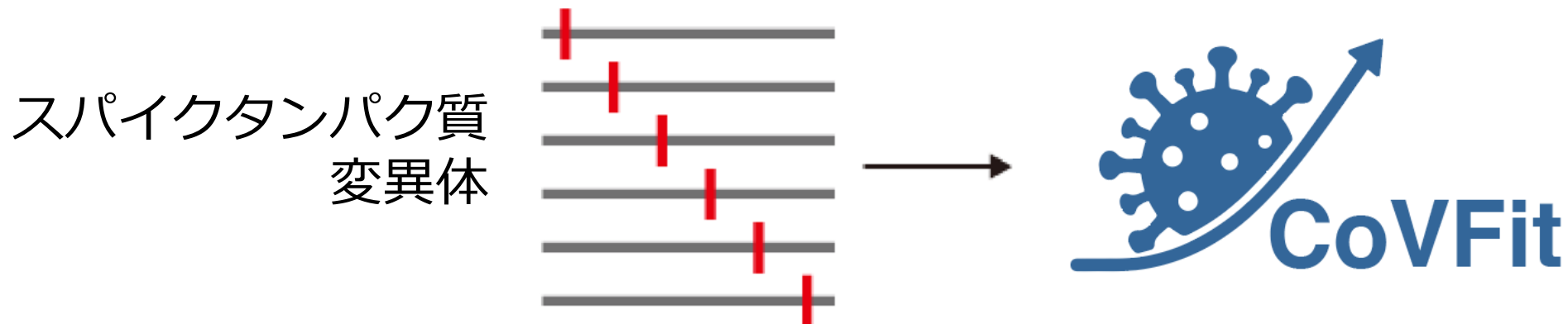
応用:

- ✓ **進化の理解:** 適応度の上昇に寄与する変異の同定
- ✓ **変異株監視:** 適応度の高い「次期流行株」の出現をより早期に同定
- ✓ **進化予測:** ウイルスが次にどの変異を獲得し、進化するか予測

CoVFitを用いた進化予測

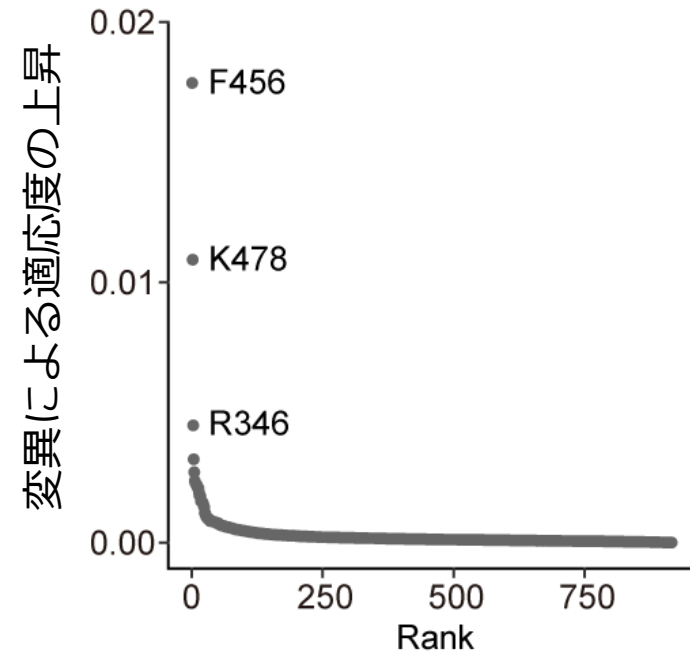
現在の流行株は、次にどの変異を獲得することで適応度を上昇させるか？

1. 流行株のスパイクタンパク質に、計算機上で単一アミノ酸変異を全パターン挿入
2. 適応度に対する変異の効果をCoVFitを用いて予測

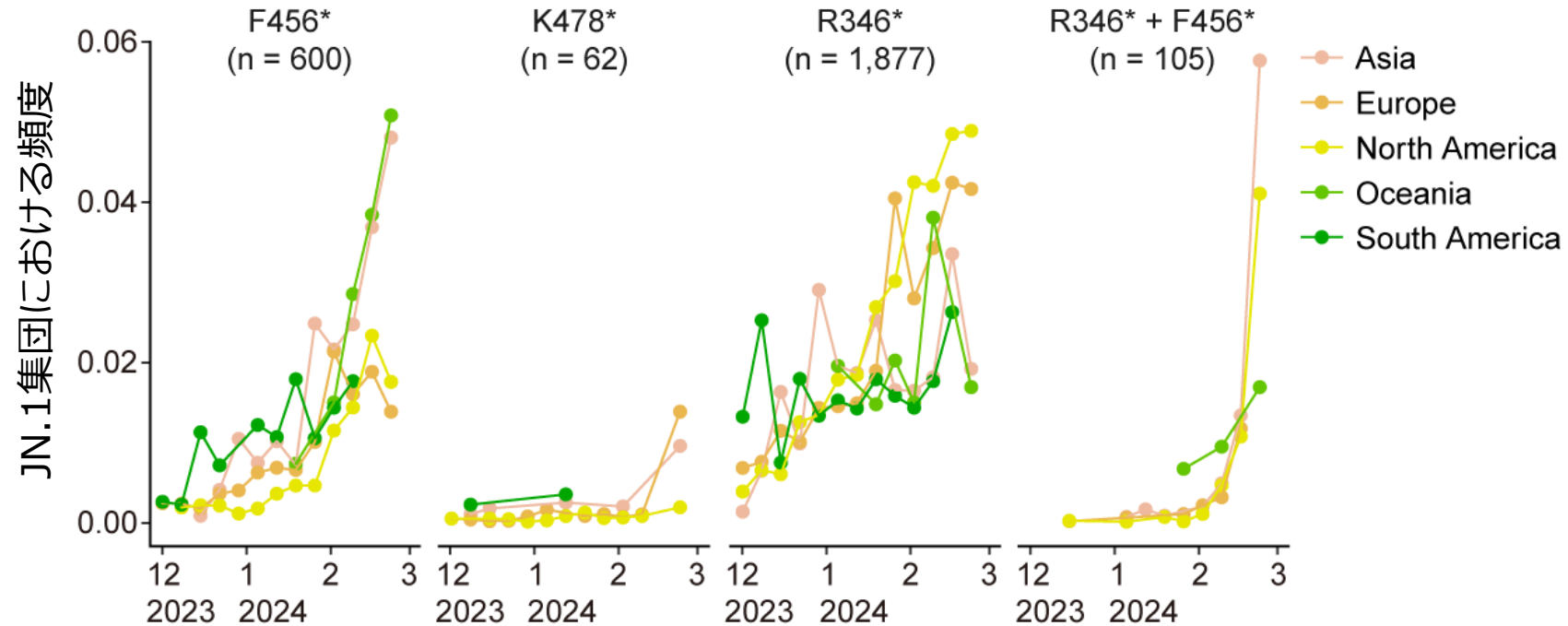


進化予測: CoVFitを用いたシミュレーション

■ JN.1株における変異の 適応度に対する効果



■ ウイルスゲノム疫学データの解析 ✓ 特定の変異を獲得したJN.1子孫株の流行頻度



- アミノ酸残基F456, K478, R346に変異を獲得すると適応度が上昇すると予測
- これらの変異を獲得したJN.1亜株が実際に出現し、急速に流行拡大
- **CoVFitは（1アミノ酸変異による）ウイルス進化を予測可能**

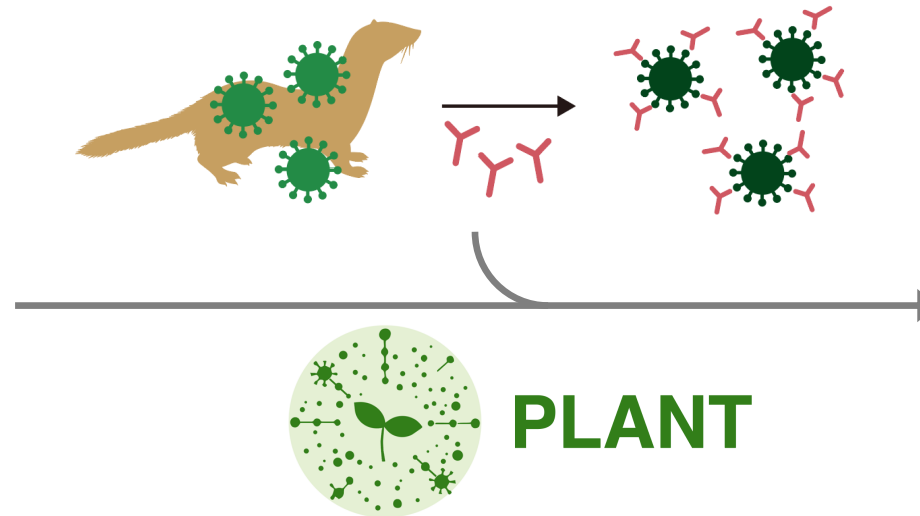
PLANT: ウイルスの抗原性を予測するAI

HAタンパク質配列

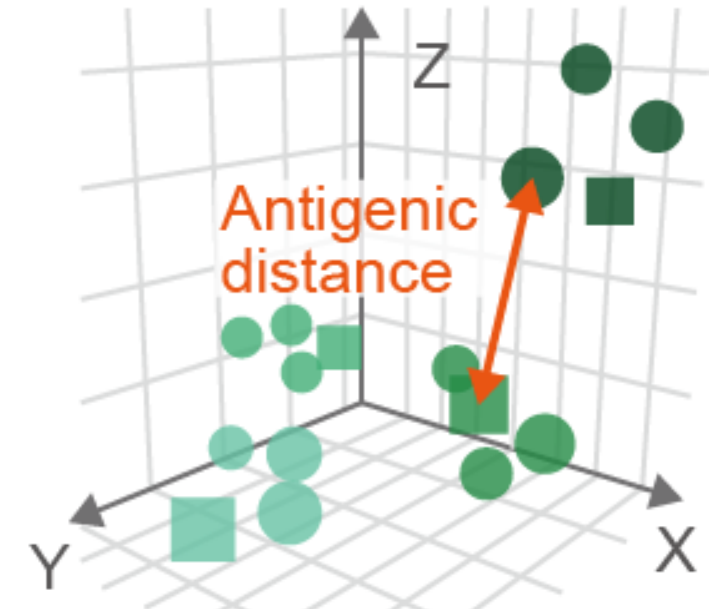


Ito et al., 2025, bioRxiv

抗原性評価実験



抗原地図

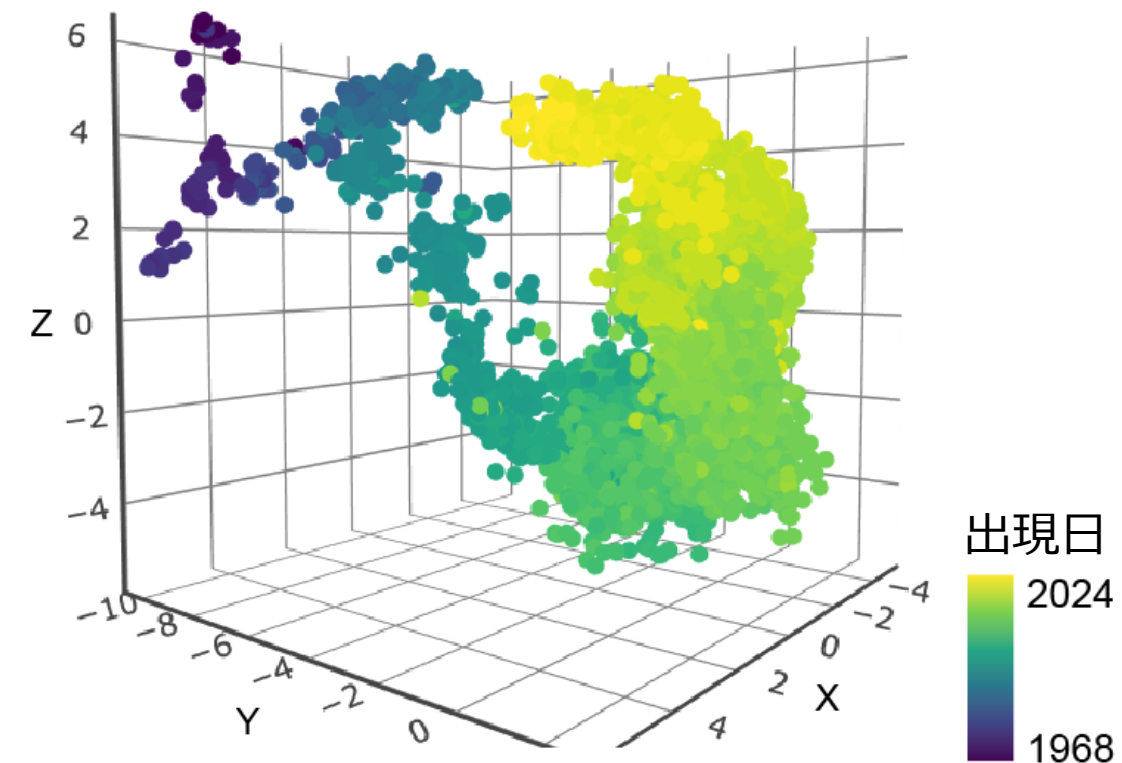


配列に基づき、新規ウイルス株をウイルス株間の
抗原性の違いを表す「抗原地図」に埋め込む

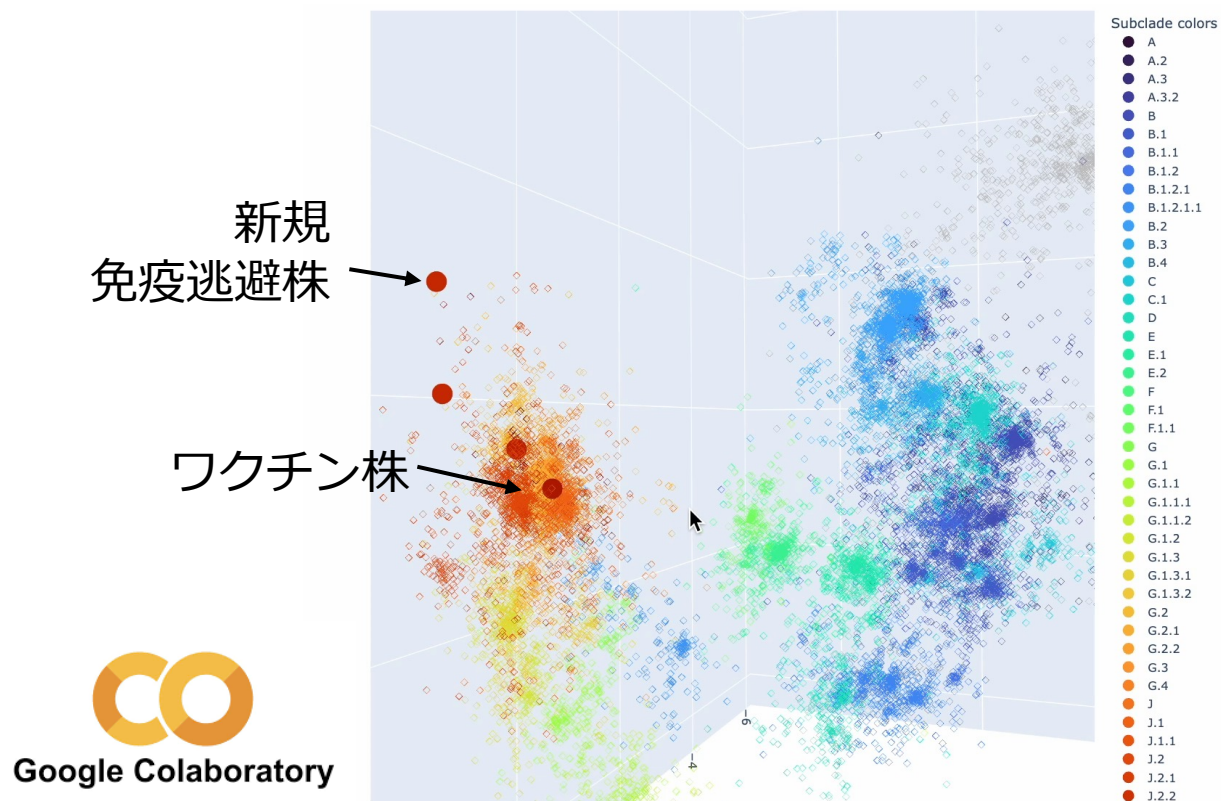
- ✓ ウイルス進化の理解
- ✓ 免疫逃避株の同定
- ✓ ワクチン効果の予測

PLANTの抗原地図

■ 配列決定された全ウイルス株を含む抗原地図



■ 新たなウイルス株の抗原性を予測するwebアプリケーション



ウイルスの抗原性進化のリアルタイム追跡が可能に

いま、ウイルスゲノム研究が熱い

- ウイルス学はゲノムデータの最も豊富な生命科学分野のひとつに
- ウイルスの流行・進化予測など、新たなパラダイムの研究が可能に
- ワクチン開発への応用など、社会実装の近さも本分野の魅力の一つ
- **様々な分野の研究者を巻き込みつつ、ウイルス学から生命科学分野にブレイクスルーを起こしたい!!**

社会実装

- ✓ 変異株リスク監視
- ✓ ワクチン株選定

今後もご支援何卒よろしくお願い致します！

謝辞

東大医科研システムウイルス学分野

• Kei Sato

- Naoko Misawa
- Ziyi Guo
- Kaoru Usui
- Wilaiporn Saikruang
- Keiya Uriu
- Yusuke Kosugi
- Shigeru Fujita
- Luo Chen
- Yukun Zhu
- Wenye Li
- Stanley Yo
- Yueying Zhang
- Mizuka Fujiwara
- Eri Raemy
- Mika Chiba
- Kyoko Yasuda
- Tsuki Fukuda
- Tamaki Yoshihara
- Keiko Koizumi
- Mizuho Ota
- Shiho Tanaka
- Eiko Ogawa
- Nanako Kanai

バイオインフォチーム

- Jumpei Ito
- Arnon Plianchaisuk
- Spyros Lytras
- **Shusuke Kawakubo**
- Luca Nishimura
- Jarel Elgin Tolentino
- Ananporn Supataragul
- Moonjong Kang
- **Mai Suganami**
- **Kaho Okumura**
- Hiroaki Unno

G2P-Japan

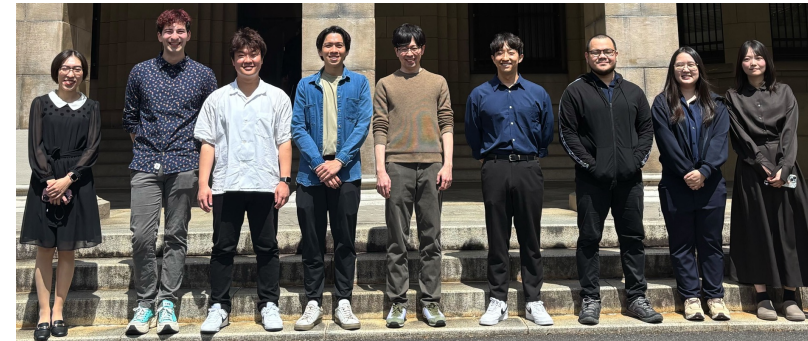
- Takao Hashiguchi
- Takasuke Fukuhara
- Takashi Irie
- So Nakagawa
- Akatsuki Saito
- Keita Matsuno
- Terumasa Ikeda
- Kazuo Takayama
- Kotaro Shirakawa



システムウイルス学分野



佐藤佳 教授



バイオインフォマティクスチーム

研究費

- JST さきがけ
- JSPS 科研費基盤B
- UTOPIA若手研究育成プログラム
- UTOPIA AI研究発掘プログラム
- 東京大学 卓越研究員
- MUFJ ワクチン開発
- シオノギ感染症財団