

21N-pm02

第四次革新的手法に基づくインフルエンザ HA の変異予測からユニバーサルワクチン開発は可能となるか？

山本 雄大¹, Arulmozhiraja SUNDARAM^{1,2}, 畑田 峻¹, 中野 祥吾³, 伊藤 創平³, 竹田 誠⁴, ○常盤 広明^{1,2} (¹立教大理, ²AMED, ³静岡県立大食品栄養, ⁴国立感染症研ウイルス第三部)

昨今の人工知能や機械学習などの第四次革新技術の進歩はすさまじく、社会そのものを変革してしまう可能性を秘めている。さらには、高度化した暗号でさえ瞬時に解読できる処理能力の量子コンピュータ開発もそう遠くはないと指摘されている。そこで、ビックデータから如何に有用な情報を取りすかが問題であり、ウイルス学的には、これまでに蓄積された膨大な遺伝子データベースの新たな活用によるフレームシフトが期待されている。実験的なアプローチのみでは不可能とされたウイルス変異などの問題に対しても、最新のデータ駆動科学を駆使することにより、今まさに新たな解決の道筋が見えてきている。RNA ウイルスであるインフルエンザウイルスは容易に変異を起こし、その抗原性を変化させる。これまでに、膜糖タンパク質 Hemagglutinin (HA) における変異と抗原性の変化との相関については多くの解析例があるが、ウイルスに内在する変異可能性や今後の変異に基づく抗原性変化の理論的予測は、未だ困難とされている。そこで本研究では、最近、アンサンブル学習法に基づく新規アミノ酸配列解析手法[1]を用いて、経年変化による HA 中の変異箇所を理論的に予測することで、今後出現すると考えられる新たな HA 配列の人工予測に挑んだ。実際の解析は HA 全長のアミノ酸配列を解析対象とし、抗原性が同様な HA ライブラリを構築した。このライブラリを用いて、既知の抗原性変化を引き起こすアミノ酸残基と連動して変異する残基の特定を行った[2]。さらに、各抗原性を有する HA ライブラリから、変異箇所予測を実行した。さらに異種混合したコンセンサス混合配列から新型 HA の配列予測も行った。

[1] S. Nakano *et al.*, *Biochemistry* 57, 3722-3732 (2018).

[2] B. F. Koel *et al.*, *Science* 342, 976-979 (2013).