

ワクチンのデータサイエンス：Beyond COVID-19

名古屋大学 大学院理学研究科 理学専攻 生命理学領域 教授 岩見真吾

新興感染症の流行時には、治療薬やワクチンの開発および使用に即時対応が求められる。特に、ワクチンの供給量は限られているため、“優先順位”に関しても厳しい決断が迫られる。通常、WHO の勧告に従って、医療従事者、高齢者、合併症がある人々を優先的に接種する。しかし、個人と集団レベルの防御効果を最大化するため、その他の脆弱な集団を特定し、この集団にも優先接種を同時に行うべきである。また、耐久のある集団を発見することができれば、追加接種を後回しにするなど、限られたワクチンを有効活用できる。一方、新興感染症が終息した後は、大規模なワクチン接種を維持することは困難かもしれないが、流行をコントロールするためには脆弱集団に対して、戦略的かつ継続的なワクチン接種が必要不可欠である。なお、このような脆弱集団や耐久集団は多数派ではないことが予想され、検出には大規模コホートの縦断的なデータセットが必要となる。

本講演では、44.3%の非医療従事者を含む 2,526 人の追跡可能な福島ワクチンコホートの COVID-19 ワクチン接種者から取得したヒト検体および臨床情報の解析結果をデータサイエンティストの立場から報告する。数理モデルや機械学習を中心としたデータ解析アプローチを開発・駆使し、ワクチンにより誘導される液性免疫応答の層別化を行い、脆弱・耐久集団を見つけ出した。特に興味深い点は、Primary 2-dose series のワクチンによる誘導抗体パターンは 6 つの集団に分かれる一方で、Booster ワクチンによる誘導抗体パターンは 4 つの集団に分かれたことである。例えば、Booster ワクチンの前後において、脆弱集団および耐久集団の 50%程度は同じ集団に属するが、残りの 50%程度は別の集団に遷移することがわかった。また、Booster ワクチン前の 6 集団では年齢分布が顕著であった一方で、Booster ワクチン後の 4 集団ではその違いが明らかに失われていた。これらの結果は、脆弱集団および耐久集団を適切に特徴づける要因を見つけ出すことが重要であることを示唆している。また、本講演では、ワクチンに誘導される細胞性免疫との関係についても議論する。

このようにデータサイエンティスト、ウイルス学者、獣医師、感染症医、公衆衛生医が協働して実施する異分野融合研究から得た知見は、COVID-19 に対する今後のワクチン戦略に洞察を与えることに留まらない。特に、COVID-19 のワクチン研究を通じて確立した研究体制とデータ解析基盤は、日本で新たな感染症が流行した際に、ワクチン戦略の最適化に必要な情報・検体を取得するための大規模コホートを速やかに再構築し、更なる流行を阻止する研究を迅速に開始可能にするための礎になる。

略歴

氏名：岩見 真吾（いわみ しんご） 博士（理学）

現職：名古屋大学 大学院理学研究科 理学専攻 生命理学領域 教授

公益財団法人がん研究会 ネクストがん研プロジェクト・客員研究員

京都大学高等研究院 ヒト生物学高等研究拠点（ASHBi）・連携研究者

九州大学マス・フォア・インダストリ研究所・客員教授

理化学研究所数理創造プログラム・客員研究員

学歴・略歴

2007年04月～2009年03月 日本学術振興会・特別研究員 DC1

2009年04月～2009年09月 日本学術振興会・特別研究員 PD（DC1 採用後、PD に変更）

2009年10月～2011年11月 科学技術振興機構「生命現象の革新モデルと展開」さきがけ研究者・専任

2011年11月～2021年03月 九州大学理学研究院生物科学部門・准教授

2015年10月～2016年03月 INSERM, U941, Paris, France, Visiting Professor

2021年04月～現在 名古屋大学大学院理学研究科理学専攻生命理学領域・教授

所属学会

日本数理生物学会

日本数学会

日本エイズ学会

日本癌学会

日本肝臓学会

日本ウイルス学会

日本分子生物学会

日本生態学会

日本薬理学会