

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： 超高感度ウイルス計測に基づく感染症対策データ基盤

2. 研究代表者名及び主たる共同研究者名

研究代表者

有田 正規（情報・システム研究機構国立遺伝学研究所 教授）

主たる共同研究者

阿部 貴志（新潟大学工学部 教授）

植竹 淳（北海道大学北方生物圏フィールド科学センター 准教授）

大森 亮介（北海道大学人獣共通感染症国際共同研究所 准教授）

鈴木 治夫（慶應義塾大学 環境情報学部 准教授）

本多 了（金沢大学 理工研究域 教授）

松浦 俊一（産業技術総合研究所 化学プロセス研究部門 主任研究員）

3. 事後評価結果

○評点：

A+ 非常に優れている

○総合評価コメント：

本研究課題は、新規の超高感度ゲノム増幅技術を活用し、様々な都市環境からのウイルス検出及びゲノム解読の技術を確立し、それらデータを公的データベースへの登録・公開を通じて広く研究者が利用しやすい環境を整備するとともに、そのデータ活用例として流行予測モデルの構築を目指した。

メソポーラスシリカにDNA増幅酵素を固定化した新規のMSE-PCR法により、1分子レベルの新型コロナウイルス（SARS-CoV-2）RNAを増幅検出できる超高感度RT-PCR技術を開発し、現行法に対して約100倍の高感度化を達成し、論文発表及び特許出願を行った。当該技術は常温長期保管が可能で、低温管理が困難な発展途上国での感染症診断にも有用な技術として期待される。SARS-CoV-2の国内での流行を継続的にゲノムサーベイランスし、感染拡大が懸念される亜系統を対象にデルタ株AY.29やオミクロン株の4つの亜系統をPANGO命名委員会へ提案、登録した。新規亜系統をPANGO命名委員会へ提案する国内研究者は少なく、国際的な新型コロナウイルスゲノム研究コミュニティに対し、日本のプレゼンスを示す一役を担った。感染症対策にオープン・サイエンスを取り入れることができていない日本からの顕著な貢献であったと評価できる。また、地域行政と協力し、下水サーベイランスから全数把握の新規感染者数と高い相関が得られること、先取りして流行を検知可能であることなどを示し、自治体において現実的な社会実装を展開したことも高く評価できる。

研究チーム内の異分野融合や領域内外との広範な連携は特筆すべきであり、そのアクティビティを平時の臨床検査、創薬研究、環境ゲノム調査へ転用・継続し、次のパンデミック危機の到来時には、直ちに対応できる柔軟な体制として継続していくことを期待する。