

ウイルス変異予測アルゴリズム

予防・診断・治療薬開発に貢献しパンデミックを防ぐ

概要

SARS-Cov-2に代表される変異速度の早いウイルスについては、変異を起こす度に変異部位を特定し、新しく診断キットやワクチン、治療薬を開発し、その効果の検証をする必要がある。変異パターンを事前に予測することができれば、新変異に対応する診断薬や治療薬を前もって準備することができ、変異が起こった後すぐに診断薬や治療薬を適用できる。

発明者はSARS-Cov-2ゲノムを網羅的に解析し、遺伝子変異の可視化を経て変異の頻発サイトを発見するに至った[1]。

本発明は、ウイルスゲノム配列中の特定部位の変異発生確率を評価する機械学習により、変異発生を予測するプログラムを提供するものである。

プログラム応用例

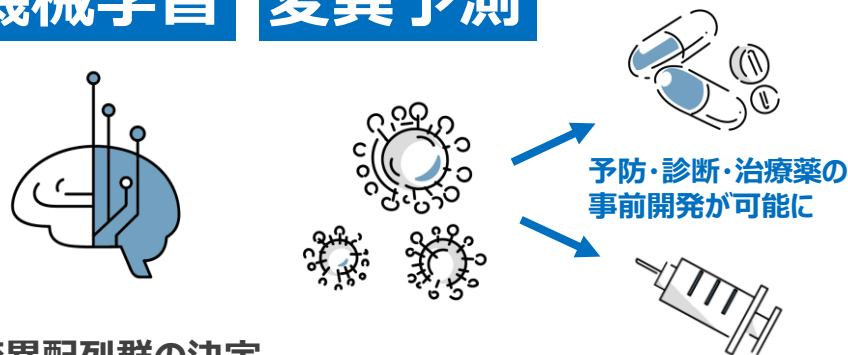
- 予測された変異ウイルスの診断キット作成
- 予測された変異ウイルスの治療薬作成
- 免疫パスポートの認証や取り消し判断

知的財産データ

知財関連番号 : WO2022/019331
110126764(台湾)
発明者 : 小笠原 康悦
整理番号 : T20-434

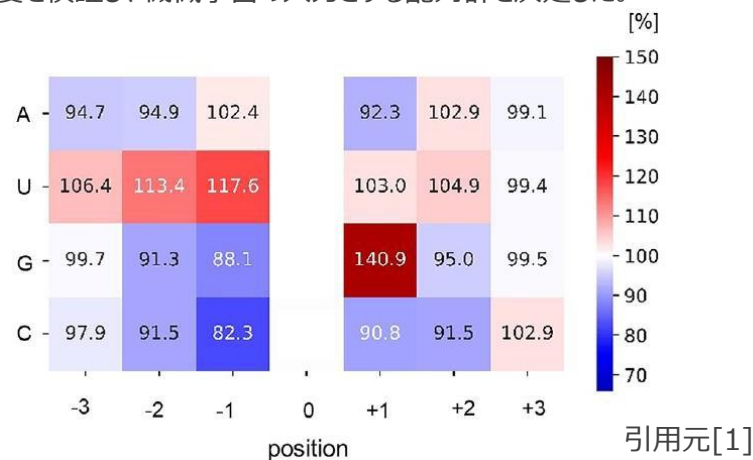
機械学習

変異予測



変異配列群の決定

SARS-Cov-2のゲノムでは、シトシン(C)からウラシル(U)への変異が多く認められた。そこで、C→U変異の±3塩基の配列群におけるそれぞれの塩基の頻度を検証し、機械学習の入力とする配列群を決定した。



関連文献

- 1 [Kosuge et. al., Scientific Reports \(2020\) 10:17766](#)
- 2 [東北大学 プレスリリース・研究成果 2021年10月21日 10:00](#)

お問い合わせ

株式会社東北テクノアーチ

TEL 022-222-3049

お問い合わせフォームは[こちら](#)