

講座名(専門科目名)	生体防御医学(ウイルス情報科学)	教授氏名	伊東潤平
学生への指導方針	高度なデータサイエンスの技術と研究自走能力を身につけた上で、特定の専門分野(例えばウイルス学)の重要課題を特定し、解決することができる人材、アカデミア・企業問わず活躍できる人材の育成を目指します。学生の研究テーマは、研究室で進めているプロジェクトやその関連分野をベースに、各人の興味や希望を尊重した上で決定します。		
学生に対する要望	ウイルス学、情報科学、生命科学、生命情報科学、獣医学、生命工学など、様々なバックグラウンドの方を歓迎します。「ウイルス感染症の制御に役立つ AI 技術の開発」というミッションに共感し、アイデアを実現していきたい方を熱烈に歓迎します。一緒に面白いサイエンスを育みましょう！		
問合せ先	(Tel) 06-6879-8272 (Email) jumpeiito@biken.osaka-u.ac.jp	担当者	伊東潤平
その他出願にあたっての注意事項等	出願前に連絡をお願いします。研究室見学、面談を行います。英語での問い合わせも可能です。Please feel free to contact us in English.		

研究室のミッション

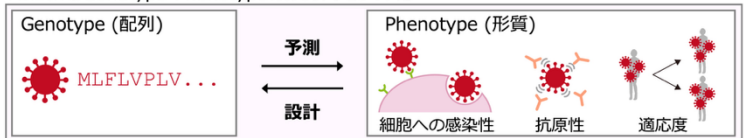
COVID-19 パンデミックを経て、膨大なウイルスゲノム情報やハイスループット実験データが取得され、ウイルス学はビッグデータ時代に突入しました。本研究室では、これらのビッグデータおよび最先端の AI 技術を活用し、ウイルス感染症の制御に貢献するバイオインフォマティクス・AI 技術の開発に取り組んでいます。また、新規技術の開発に加え、その技術を用いた大規模データ解析を通じた新たな知見の創出を目指しています。

研究 1 ウイルスの流行・進化予測する AI 技術の開発とワクチン開発への応用

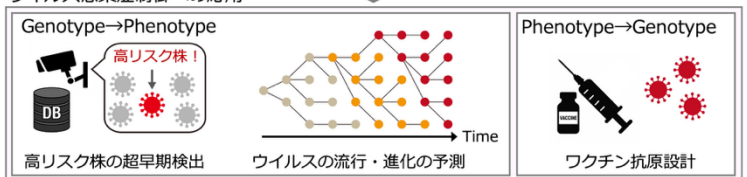
ウイルス感染症の制御が難しい大きな要因の一つは、ウイルスが高い変異率により急速に進化し、その性質を変化させ続ける点にあります。実際、新型コロナウイルスパンデミックでは、免疫逃避能や細胞への感染性を高め、適応度(流行拡大能力)を上昇させた変異株が相次いで出現したことで、流行の制御が困難となりました。本研究室では、タンパク質言語モデルを中心とした最先端の AI 技術を活用し、ウイルスのゲノム配列からウイルスの抗原性や細胞への感染性、流行拡大能力(適応度)等の形質を予測する技術の開発を行っています。また形質予測とは逆に、特定の形質(任意の抗原性等)を付与したウイルスタンパク質をデザインする技術の開発を行っています。そしてこれらの技術を、高リスク変異株の超早期検出、ウイルスの流行・進化予測、ワクチン開発・創薬に応用する研究を展開しています。

1, ウイルスの抗原性・流行・進化予測技術の開発とワクチン・創薬への応用

AIによるGenotype-Phenotypeの双方向モデル化



ウイルス感染症制御への応用

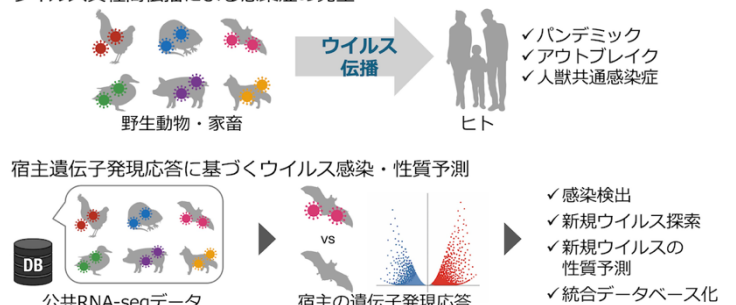


研究 2 ネクストパンデミックウイルス探索のための AI 技術の開発

ウイルス感染症の制御を困難にするもう一つの要因は、動物に由来するウイルスがヒトへ異種間伝播し、新たな感染症を突発的に引き起こしうる点にあります。例えば新型コロナウイルスパンデミックは、キクガシラコウモリが保有していたコロナウイルスに由来すると考えられています。将来のパンデミックに備えるためには、野生動物・家畜が保有するウイルスを網羅的に探索し、その性質を明らかにすることが不可欠です。本研究室では、データベースに蓄積した膨大な RNA-Seq データから、新規ウイルスを網羅的に探索し、その性質やパンデミックリスクを推定する様々なバイオインフォマティクス技術の開発に取り組んでいます。現在は特に、宿主の遺伝子発現応答に基づきウイルス感染を検出、その性質を予測する技術の開発に取り組んでいます。

2, 将来のパンデミックに備えるためのウイルス新規探索・性質予測技術の開発

ウイルス異種間伝播による感染症の発生



当研究室で身につけることができるスキル

- Python や R を用いたプログラミング技術、データサイエンスの汎用技術
- スーパーコンピューターを用いた超大規模計算技術
- Transformer や VAE 等の深層学習モデルの開発技術、ベイズモデリング技術
- 配列解析、RNA-seq 等のバイオインフォマティクス解析技術
- ウイルス学・感染症学の知識
- 英語での科学コミュニケーション

メッセージ

当研究室は 2026 年 4 月に発足したばかりのまだ小さな研究室ですが、最先端のデータサイエンス・AI 技術を駆使してウイルス感染症の課題解決に繋げるというエキサイティングな研究を展開しています。ウイルスに興味のある方も、大規模なウイルスゲノム情報を活用したデータサイエンスに興味のある方も、カジュアルにご連絡ください！

論文、プレプリント

1. Luca Nishimura, Hiroaki Unno, Kyoko Kurihara, Mai Suganami, Junna Kawasaki, Spyros Lytras, Kaho Okumura, Edward C Holmes, **Jumpei Ito***, Kei Sato. Host innate immune response profiling reveals hidden viral infections across diverse animal species. bioRxiv, 2026
2. Spyros Lytras, Adam Strange, **Jumpei Ito***, Kei Sato. Inferring context-specific site variation with evotuned protein language models. NAR genomics and bioinformatics, 2026
3. **Jumpei Ito***, Shusuke Kawakubo, Hiroaki Unno, Adam Strange, Spyros Lytras, Kaho Okumura, Alice Lilley, Ruth Harvey, Nicola Lewis, Kei Sato. Integrative modeling of seasonal influenza evolution via AI-powered antigenic cartography. bioRxiv, 2025
4. A protein language model for exploring viral fitness landscapes. **Jumpei Ito***, Adam Strange, Wei Liu, Gustav Joas, Spyros Lytras, Kei Sato. Nature Communications, 2025
5. Convergent evolution of SARS-CoV-2 Omicron subvariants leading to the emergence of BQ.1.1 variant. **Jumpei Ito**, Rigel Suzuki, Keiya Uriu, Yukari Itakura, Jiri Zahradnik, Kanako Terakado Kimura, Sayaka Deguchi, Lei Wang, Spyros Lytras, Tomokazu Tamura. Nature communications, 2023