

まえがき

インフルエンザ、エイズ、B/C型肝炎、出血熱など、様々なウイルス感染症が、私達人類の安全で健全な生活を脅かし続けている。インフルエンザウイルスや重症急性呼吸器症候群（SARS）ウイルス等の呼吸器系ウイルスは瞬く間に人々に伝播し、ヒト免疫不全ウイルス（HIV）やB/C型肝炎ウイルス（HBV/HCV）等の性感染症ウイルスは知らない間に人々に感染し、エボラウイルスやマールブルクウイルス等の出血熱ウイルスは極めて高い死亡率で人々を死に至らしめる。人類はこのようなウイルス感染症と闘うために、ウイルス学的手法、免疫学的手法、生化学的手法、分子生物学的手法などを用いて、「ウイルス」を様々な視点から研究し、その正体や弱点を暴くことで、治療法や予防法を確立してきた。また、近年では国内外において、少数ではあるが数理科学の研究者がバイオインフォマティクス学的手法、構造生物学的手法、進化生物学的手法、数理モデル学的手法などを用いてウイルス学へ参入し始めている。これらの手法を用いれば、現在の実験技術では計測不能な事柄を定量化したり予測したりすることが可能になる。すなわち、数理科学が実験学と相補的な融合を果たすことで、従来のウイルス学では踏み込めなかった詳細で革新的な研究を展開することが可能になるのである。

後に詳述するが“HIV感染者におけるウイルス感染が極めて動的なものであり、感染慢性期のウイルス量は日々変化する破壊と再生のダイナミズムのもとで維持されている”と現在では異論のない事実を明らかにしたのは、意外にも数理モデルを用いた融合研究であった [85, 215]。これら2つの論文 [85, 215]

ii まえがき

は、1995年の *Nature* 誌の同巻の連続ページに掲載され、数理モデルを用いた解析がウイルス学の世界で広く認知されるきっかけとなった歴史的な研究である。その後約10年間、特に、HIVやサル免疫不全ウイルス (SIV)、HCVの分野では、治験・臨床データの定量的研究が積極的になされ、大きな成果を残したこともあり [52, 146, 156, 169, 170]、ウイルス感染の数理モデルは、実験学との融合という側面において、その近代的基礎が確立されたように思われる。しかし、その後現在に至るまでは、ウイルス学分野における卓越した実験学と数理科学の融合研究は、達成されていない。

この状況は、嘆くことと同時にチャンスでもあるが、残念ながら日本には、ウイルス感染の臨床・治験・実験データを定量的に扱える専門家がほとんど存在しない。日本では、医学とその他の学問に“不思議な壁”があることに加え、このような黎明期の融合研究分野を学ぶための入門書がないことが原因の1つと考えられる。そこで、本書では、欧米諸国と比較して日本での参入が遅れている数理モデルを用いたウイルス感染の臨床・治験・実験データの定量的解析の話題を中心に取り上げ、基本的な数理モデリングによるデータ解析の手法とそのウイルス学への貢献を解説する。常微分方程式の数理モデルに焦点を当て、歴史的に重要な論文と著者らのオリジナル研究を紹介する日本で初めてとなる計算ウイルス学の入門書である。欧米諸国を中心に繰り返されてきた数理モデルを用いた臨床データの定量的解析、及び、著者らが近年展開している数理モデルを用いたウイルス感染実験データの定量的解析を詳細に説明している。本書で解析される様々なウイルス感染のデータを全て掲載している点も他書にはない特徴である。是非、読者自らこれらのデータを解析することで、データを扱うことの難しさと興味深さを味わっていただきたい。そして、将来、本書を通して、日本でもウイルス学への数理科学研究の参入が促進され、世界を牽引する融合研究が展開されることを期待している。また、本書で主に登場する、インフルエンザウイルス、ヒト免疫不全ウイルス、サル免疫不全ウイルス、サル/ヒト免疫不全ウイルス、及び、C型肝炎ウイルスについて、読者にそのウイルス学的背景に興味をもつ機会を提供するために、各ウイルスの専門家に寄稿いただいたそれぞれのウイルスの歴史的背景や研究背景に関する原稿をコラム形式で紹介する。

執筆には大きな労力と長い時間を要しましたが、本書が世に出て、多くの研究者、特に、若い研究者の目に触れ、彼らの知的欲求を掻き立て、素晴らしい融合研究が行われ、そして、後の世に本書が語り継がれていくことになれば、本当にうれしく思います。最後に、なかなか筆が進まない期間、本当に辛抱強く原稿を待っていただいた共立出版株式会社の赤城圭さんと大谷早紀さんに心から感謝申し上げます。

2016年3月 パリにて

岩見 真吾