

令和 3 年 6 月 9 日現在

機関番号：11301

研究種目：基盤研究(A) (一般)

研究期間：2017～2020

課題番号：17H01299

研究課題名(和文) ノロウイルスの水環境中キャリアーとなる糖鎖分泌細菌の多様性と存在実態の解明

研究課題名(英文) Diversity of polysaccharide-excreting bacteria as carriers of human noroviruses in water environments

研究代表者

佐野 大輔 (Sano, Daisuke)

東北大学・環境科学研究科・准教授

研究者番号：80550368

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 34,100,000円

研究成果の概要(和文)：ノロウイルス感染症を制御するためには、ノロウイルスの生活環を十分に理解する必要がある。そのための鍵を握る存在として、代表者らは血液型決定抗原様物質を介してノロウイルスを特異的に捕捉する腸内細菌が存在することを見出した。本研究では、水環境中における血液型決定抗原分泌細菌の存在実態を解明することで、血液型決定抗原分泌細菌がノロウイルスの水環境中動態に与える影響を評価することを目的とした。環境水中から計63株の血液型決定抗原分泌細菌を単離し、血液型決定抗原分泌に関わる遺伝子の同定を行った。その結果、ガラクトースの代謝に関連する遺伝子などがHBGA分泌関連遺伝子として同定された。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究により、腸内細菌が有する特定の遺伝子がノロウイルス吸着特性を決定する血液型決定抗原分泌に大きく関わっていることが明らかとなった。血液型決定抗原分泌細菌は、ノロウイルスを物理的に捕捉することで太陽光や消毒などの外的な不活化要因からノロウイルスを守っているものと考えられる。本研究で同定したgalU遺伝子等の血液型決定抗原分泌関連遺伝子をマーカーとして用いることで、水環境や水処理過程における血液型決定抗原分泌細菌の量を把握することができれば、水環境中での自然死滅速度や水処理過程における消毒効率を予測することが可能となり、より安全な水利用を実現することが可能であると考えられる。

研究成果の概要(英文)：Infectious disease caused by norovirus is occurring all over the world. In order to control norovirus infectious diseases for which there is no vaccine or medicine, a system that properly combines sanitary engineering technologies such as disinfection based on the life cycle of norovirus needs to be established. As a key to understanding the life cycle of norovirus, we have identified norovirus-binding bacteria that produce histo-blood group antigen (HBGA) -like substance. The purpose of this study was to elucidate the existence of HBGA-secreting bacteria in the aquatic environment and to evaluate the effect of norovirus on the aquatic dynamics of norovirus. A total of 63 HBGA-secreting bacteria were isolated from environmental water, and transposon mutagenesis, gene expression analysis, and Keio collection strains were used to identify genes involved in HBGA secretion. As a result, genes related to the metabolism of galactose were identified as HBGA secretion-related genes.

研究分野：土木衛生工学

キーワード：ノロウイルス 血液型決定抗原 HBGA分泌細菌 水環境中動態

1. 研究開始当初の背景

ノロウイルスによる感染症被害が世界中で発生している。2012 年末、ドイツ東部で患者数 1 万人超のノロウイルス感染症アウトブレイクが生じたが、これは中国からの輸入冷凍イチゴを介したものであり、このイチゴが下水によって栽培されたことが原因であった (Bernard et al., 2014, *Eurosurveillance*, 19(8), 20719)。この事例は、ノロウイルス感染症が先進国における上下水道システム等の衛生工学施設の導入や、個人の衛生レベルでの対処 (手洗い等の徹底) では制御することが困難であること、さらには国際化の進展により様々なモノがノロウイルスのキャリアーとして往来することで、世界中でノロウイルス感染症リスクが生じていることを如実に示している。日本国内におけるノロウイルス分離数は、2000 年以降急増し、2010 年以降は 1 年あたり 2000~4000 件程度の分離数が報告されている。さらに 2014 年から 2015 年にかけて新しい遺伝子型が流行するなど (Yamashita et al., 2015, *Eurosurveillance*, 20(26), 21173)、日本においてもノロウイルス感染症は制御が難しい状況が続いている。ワクチンや特效薬が存在しないノロウイルスの感染症を制御するためには、ノロウイルスの生活環を十分に理解した上で、消毒などの衛生工学技術を適正に組み合わせたシステムを先進国・途上国を問わず導入していくことが求められる。

ノロウイルスの生活環を理解するためには、「感染症患者から放出されてから次の宿主に到達するまでの間、環境中で如何にして感染能力を保持しているのか」という問いに答えることが求められる。その鍵を握る存在として、本研究の代表者らはこれまでの研究において、血液型決定抗原 (histo-blood group antigen : HBGA) 様物質を介してノロウイルスを特異的に捕捉する腸内細菌が存在することを見出した (Miura et al., 2013, *J. Virol.*, 87(17), 9441-9451)。その後、研究代表者らは、HBGA 分泌細菌とノロウイルスが共存することで、精密膜ろ過による除去効率が上昇することも見出した (Amarasiri et al., 2016, *Water Res.*, 95, 383-391)。これらの成果は、HBGA 分泌細菌がノロウイルスを特異的に捕捉することで、日光などの不活化ストレスが存在する水環境中において、ノロウイルスがその感染能力を長期間保持することに貢献可能であることを示している。しかしながら、これまでに HBGA 分泌細菌として報告されたものは限られており、どのような種類の HBGA 分泌細菌が、水環境中のどこにどの程度の量で存在しているのかは明らかにされておらず、また実際に水環境中において HBGA 分泌細菌がノロウイルスのキャリアーとして働いているか否かも定かでない状況にあった。

2. 研究の目的

以上に述べた背景のもと、本研究では、水環境中における HBGA 分泌細菌の存在実態を解明し、HBGA 分泌細菌がノロウイルスの水環境中動態に与える影響を評価することを目的とした。

3. 研究の方法

(1) HBGA 分泌細菌の単離・同定

環境水試料に大腸菌用の特定酵素基質培地粉末を添加し、37 度条件下で一晩振とう培養して得られた菌体に対し、蛍光標識抗 HBGA 抗体による標識を行った。試料液をセルソータに供し、蛍光を呈した集団を再度特定酵素基質培地へとソートし 37 度条件下で一晩振とう培養した。培養液から上記の手順で試料液を作成し、セルソータで検出するという一連の手順を 1 サイクルとし、蛍光を示す集団に顕著な変動が観察された段階で特定酵素基質培地入りの 96 穴プレートへとソートし、その後特定酵素気質寒天培地上へ植菌して単離操作を行った。単離株に対し血液型検査キットによる HBGA 活性試験を行い、HBGA 活性が示された株は 16S rRNA 遺伝子配列解析を行った。(図 1)。

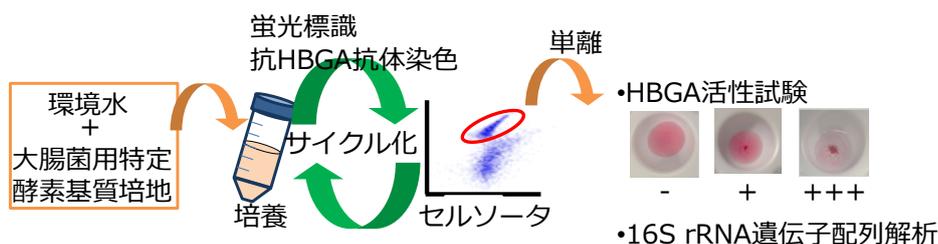


図 1. HBGA 分泌細菌の単離・同定方法の模式図

(2) HBGA 合成遺伝子の同定及び多様性評価

単離された HBGA 分泌細菌株に対し、HBGA 合成遺伝子の同定を行うために3つの技術を適用した。1つ目の技術は Transposon mutagenesis であり、HBGA 分泌細菌単離株に適用して目的遺伝子欠損株を得た。カナマイシン耐性遺伝子を保持するトランスポゾンエレクトロポレーションにより導入し、カナマイシン耐性を得た *Enterobacter cloacae* SENG-6 変異株の選択培養及び単離を行った。トランスポゾンとして EZ:Tn5TM<kan-2>tnp Transposome kit (epicentre 社) を使用した。単離した変異株に由来する HBGA 様抗原検出には、血液型抗原検出キットである ABOsphia (鎌倉テクノサイエンス社) と、Enzyme-linked immuno sorbent assay (ELISA) を行った。これらの試験で抗原発現量が低下していると認められた変異株をストックとして保存した。得られた変異株からゲノム DNA を抽出し、RATE PCR を行った。RATE PCR とは3ステップのシングルプライマーPCRであり、変異株のゲノム DNA において、トランスポゾンが挿入された位置の DNA 断片を増幅させるものである。RATE PCR 後、アガロースゲル電気泳動により PCR 産物の有無を確認した。最後に、得られた PCR 産物の配列を解析することにより、トランスポゾンが挿入された遺伝子の位置を特定した。既往の研究によって明らかになっている *Enterobacter cloacae* SENG-6 株の塩基配列の参照、あるいは BLAST 検索によって、トランスポゾンが挿入された遺伝子領域を特定し、その遺伝子が HBGA 様物質の分泌に与える影響を考察した。

2つ目の技術は遺伝子発現解析である。単離された HBGA 分泌細菌株から、遺伝的に近縁で、HBGA 分泌量が大きく異なる株の組み合わせ (HBGA 高分泌株と HBGA 低分泌株の組み合わせ) を計4組選択した。各株は培養後に mRNA 抽出を行い、得られた mRNA を逆転写反応及び次世代シーケンス解析に供することでトランスクリプトーム解析を行った。

3つ目の技術は特定の遺伝子が1つずつノックアウトされた大腸菌株のコレクションである Keio collection の利用である。Keio collection から糖代謝関連遺伝子がノックアウトされた株を選択して H 抗原活性を確認し、H 抗原活性が低下している株が失っている遺伝子を確認することで、HBGA 合成遺伝子の同定を試みた。

4. 研究成果

(1) HBGA 分泌細菌の単離・同定

下水及び河川水を試料源として139株 (河川水: 55、下水: 84) の HBGA 陽性細菌を単離した。139株すべての単離株に対して HBGA 活性試験を行った結果、23の株で HBGA 活性が観察された。HBGA 活性が観察された23株の 16SrRNA 遺伝子配列解析の結果、22株が *Escherichia* 属、1株が *Serratia* 属であった (表1)。

表1. 単離株の最近縁株名及び HBGA 活性

株名	最近縁株	相同性	HBGA活性		
			A	B	H
WA9	<i>Escherichia coli</i> SLK172	99%	+	+	+
WBB1	<i>Escherichia coli</i> strain 2016C-3936C1	100%	-	++	+++
WE6	<i>Escherichia coli</i> strain 2016C-3936C1	100%	++	++	++
WE7	<i>Escherichia coli</i> strain 2016C-3936C1	100%	+++	+++	+++
WE8	<i>Escherichia coli</i> strain 2016C-3936C1	100%	++	++	++
SE3	<i>Escherichia coli</i> strain CCFM8336	100%	-	++	++
SF9	<i>Escherichia coli</i> SLK172	100%	-	++	++
DA2	<i>Escherichia coli</i> strain M9	100%	-	++	++
EA3	<i>Escherichia coli</i> strain D1	100%	-	++	++
EA8	<i>Escherichia coli</i> strain 06-00048	100%	-	+	++
FA11	<i>Escherichia coli</i> strain RCB456	100%	-	++	++
GA2	<i>Escherichia coli</i> strain 2016C-3936C1	100%	-	++	++
HA2	<i>Escherichia coli</i> SLK172	99%	-	++	++
HA12	<i>Escherichia coli</i> strain RCB456	100%	-	++	++
BB11	<i>Escherichia coli</i> strain S56	100%	-	-	++
BC6	<i>Serratia</i> sp. TSS	100%	+	+++	+++
BD1	<i>Escherichia coli</i> strain S56	100%	-	++	+++
BD2	<i>Escherichia coli</i> strain VTM4R8	99%	-	++	+++
BD5	<i>Escherichia coli</i> SLK172	100%	++	++	++
BE4	<i>Escherichia coli</i> SLK172	100%	-	-	-
BF11	<i>Escherichia coli</i> strain M1	100%	-	++	+++
BG4	<i>Escherichia coli</i> strain CRMY4	100%	-	++	+++
RAB2	<i>Escherichia coli</i> strain GZEC-2	99%	-	-	+
RBE6	<i>Escherichia coli</i> strain GZEC-2	99%	-	+	++

その後も同じ方法により HBGA 分泌細菌の単離を進め、最終的に計 63 株を得た。各単離株について 16s RNA 配列解析および HBGA 活性測定を行った結果、*Klebsiella* 属の近縁が 16 株、*Enterobacter* 属の近縁が 13 株、*Acinetobacter* 属の近縁が 11 株、*Aeromonas* 属の近縁が 1 株、*Pseudomonas* 属の近縁が 8 株、*Stenotrophomonas* 属の近縁が 4 株、*Raoultella* 属の近縁が 3 株、近縁が見つからなかった株が 7 株得られ、それぞれ HBGA 合成量に差があることが確認された。

(2) HBGA 合成遺伝子の同定及び多様性評価

引き続き HBGA 合成遺伝子の同定を試みた。HBGA 高発現株である *Enterobacter cloacae* SENG-6 に対し Transposon mutagenesis を適用し、得られた変異株の HBGA 発現を ELISA による H 抗原検出により行った。その結果、いくつかの株において H 抗原の発現が有意に添加したことが確認された (図 2)。

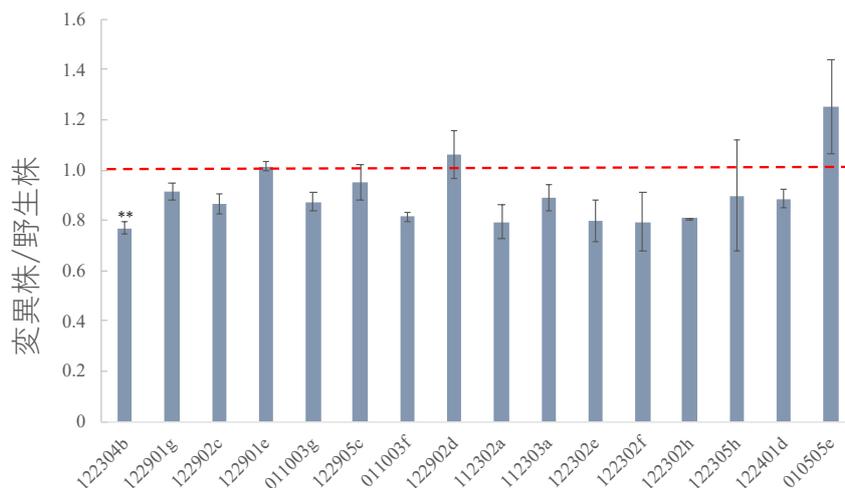


図 2. H 抗原発現量の比較

塩基配列決定及び BLAST による検索の結果、数種の株において、トランスポゾンの挿入によって失われた遺伝子がコードするタンパク質を同定することに成功した。122304B 株が欠損している NAD 依存エピメラーゼ (異性化酵素) や、122305H 株が欠損している糖転移酵素などは、菌体内における多糖の合成に関連する遺伝子である。これらの酵素が HBGA 様物質の合成に直接的に関与しているかは現段階で定かではないものの、*Enterobacter cloacae* SENG-6 の HBGA 様物質は細胞外の多糖中に存在するため、HBGA 様物質の細胞外への分泌にこれらの酵素が間接的に関与している可能性は高いと考えられる。また、抗原の発現量に有意な差があると認められた 122903F 株が失った遺伝子はトランスポセース生成遺伝子であった。122903G 株も同様の結果であることから、この遺伝子は HBGA 様物質分泌との関連性が高いと考えられる。

HBGA 合成遺伝子の同定に関する 2 つ目のアプローチとして、遺伝子発現解析を行なった。遺伝的に近縁で、HBGA 分泌量が大きく異なる株の組み合わせ (HBGA 高分泌株と HBGA 低分泌株の組み合わせ) を計 4 組選択した。各株は培養後に mRNA 抽出を行い、得られた mRNA を逆転写反応及び次世代シーケンス解析に供することでトランスクリプトーム解析を行った。その結果、HBGA 高分泌株において特異的に発現が亢進していた遺伝子として表 2 に示す遺伝子が得られた。

HBGA 合成遺伝子の同定に関する 3 つ目のアプローチとして、特定の遺伝子が 1 つずつノックアウトされた大腸菌株のコレクションである Keio collection を利用した。図 3 には、用いた株間の H 抗原活性の ELISA による比較を示した。結果として、*futT*、*galF*、*galU*、*bglG*、*bglB* 等、フコースやガラクトースなどの HBGA を構成する担当の代謝に関わる遺伝子のノックアウトにより、H 抗原発現量が低下していたことが確認された。特に *galF* 及び *galU* に関しては、その発現量の低下が血液型決定キットによっても確認された。さらに、H 抗原発現量が低下していた株に対し、ノロウイルス GII.6 のウイルス様粒子を用いたウイルス結合実験を行ったところ、*galU* 遺伝子欠損株のノロウイルス吸着能力が有意に低下していたことが明らかとなった (図 4)。

表 2. HBGA 高分泌株において特異的に発現が亢進していた遺伝子

Top 20 upregulated Genes	
Geneid	Description
KPNJ1_04114	Cadaverine/lysine antiporter
KPNJ1_02139	Threonine/serine transporter
KPNJ1_04932	hypothetical protein
KPNJ1_03021	3-hydroxybutyryl-CoA dehydrogenase
KPNJ1_00864	Oxygenase subunit of ring-hydroxylating dioxygenase
KPNJ1_02141	Keto-acid formate acetyltransferase
KPNJ1_01824	Dipeptide transport system permease protein dppC
KPNJ1_03350	Putative cytosolic protein
KPNJ1_03810	Hypothetical protein
KPNJ1_04111	Lysyl-tRNA synthetase
KPNJ1_02916	2'-(5"-triphosphoribosyl)-3-dephospho-CoA synthase
KPNJ1_04942	5-deoxyglucuronate isomerase
KPNJ1_03024	Flavodoxin reductase family protein
KPNJ1_04220	Hypothetical protein
KPNJ1_04933	5-dehydro-2-deoxygluconokinase
KPNJ1_01261	Outer membrane usher protein fimD
KPNJ1_03808	Hypothetical protein
KPNJ1_04943	Malonate-semialdehyde dehydrogenase (acetylating)
KPNJ1_00115	TRNA (Guanosine-2'-O-)-methyltransferase

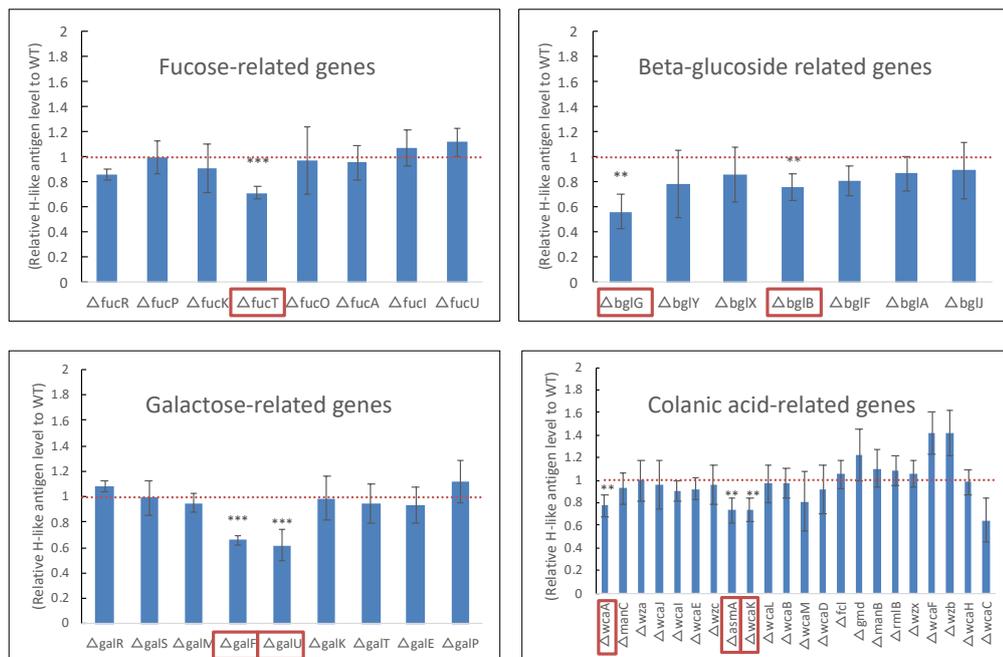


図 3. Keio collection から選択した株における H 抗原活性

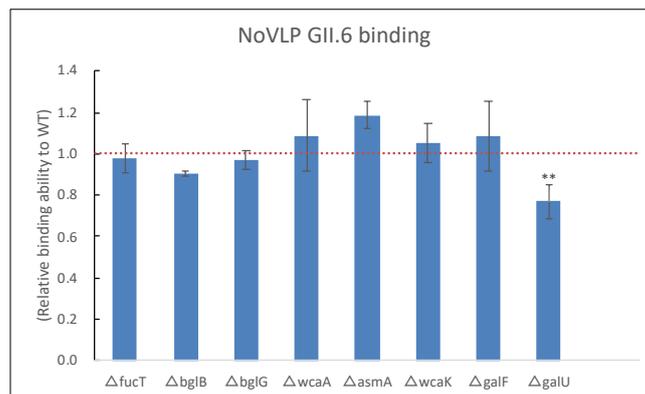


図 4. Keio collection 株のノロウイルス粒子結合性評価

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計9件（うち査読付論文 9件／うち国際共著 4件／うちオープンアクセス 3件）

1. 著者名 Zheng Ji, Xiaochang C. Wang, Limei Xu, Chongmiao Zhang, Cheng Rong, Andri Taruna Rachmadi, Mohan Amarasiri, Satoshi Okabe, Naoyuki Funamizu, Daisuke Sano	4. 巻 8
2. 論文標題 Fecal source tracking in a wastewater treatment and reclamation system using membrane bioreactor evidenced by molecular epidemiology of multiple waterborne gastroenteritis viruses	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Pathogens	6. 最初と最後の頁 170
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.3390/pathogens8040170	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 該当する
1. 著者名 Andri Rachmadi, Masaaki Kitajima, Tsuyoshi Kato, Hiroyuki Kato, Satoshi Okabe, Daisuke Sano	4. 巻 54
2. 論文標題 Required chlorination doses to fulfill the credit value for disinfection of enteric viruses in water: A critical review	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Environmental Science and Technology	6. 最初と最後の頁 2068-2077
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1021/acs.est.9b01685	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 該当する
1. 著者名 Mohan Amarasiri, Masaaki Kitajima, Akiho Miyamura, Ricardo Santos, Silvia Nunes Monteiro, Takayuki Miura, Shinobu Kazama, Satoshi Okabe, Daisuke Sano	4. 巻 221
2. 論文標題 Reverse transcription-quantitative PCR assays for genotype-specific detection of human noroviruses in clinical and environmental samples	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 International Journal of Hygiene and Environmental Health	6. 最初と最後の頁 578-585
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.ijheh.2018.02.008	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する
1. 著者名 Eisuke Ito, Takaaki Sato, Daisuke Sano, Etsuko Utagawa, Tsuyoshi Kato	4. 巻 10
2. 論文標題 Virus particle detection by convolutional neural network in transmission electron microscopy images	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Food and Environmental Virology	6. 最初と最後の頁 201-208
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1007/s12560-018-9335-7	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Mohan Amarasiri, Daisuke Sano	4. 巻 11
2. 論文標題 Specific interactions between human norovirus and environmental matrices: Effects on the virus ecology	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Viruses	6. 最初と最後の頁 224
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/v11030224	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Mohan Amarasiri, Hiroki Kawai, Masaaki Kitajima, Satoshi Okabe, Daisuke Sano	4. 巻 印刷中
2. 論文標題 Specific interactions of rotavirus HAL1166 with Enterobacter cloacae SENG-6 and their contribution on rotavirus HAL1166 removal	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Water Science and Technology	6. 最初と最後の頁 印刷中
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) なし	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Mohan Amarasiri, Masaaki Kitajima, Thanh H. Nguyen, Satoshi Okabe, Daisuke Sano	4. 巻 121
2. 論文標題 Bacteriophage removal efficiency as a monitoring tool for virus log reduction in the operation of wastewater reclamation: Review	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Water Research	6. 最初と最後の頁 258-269
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.watres.2017.05.035	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Yifan Zhu, Hiroki Kawai, Satoshi Hashiba, Mohan Amarasiri, Masaaki Kitajima, Satoshi Okabe, Daisuke Sano	4. 巻 25
2. 論文標題 The effect of GD1a ganglioside-expressing bacterial strains on murine norovirus infectivity	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Molecules	6. 最初と最後の頁 4084
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/molecules25184084	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Mohan Amarasiri, Etsuko Utagawa, Daisuke Sano, Kazuhiko Katayama	4. 巻 82
2. 論文標題 Identification of novel norovirus polymerase genotypes from pediatric fecal samples collected between the year 1997 and 2000 in Japan	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Infection, Genetics and Evolution	6. 最初と最後の頁 104313
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.meegid.2020.104313	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

〔学会発表〕 計16件 (うち招待講演 3件 / うち国際学会 9件)

1. 発表者名 Daisuke Sano
2. 発表標題 Risk management of waterborne infectious diseases in the SDG era
3. 学会等名 Tohoku University Environmental Studies Seminar 2019 (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 佐野大輔
2. 発表標題 水インフラとノロウイルス進化
3. 学会等名 第18回ウイルス学夏の学校「みちのくウイルス塾」(招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Sital Uprety, Mohan Amarasiri, Bipin Dangol, Daisuke Sano, Thanh H. Nguyen
2. 発表標題 Impact of Water, Sanitation, and Hygiene (WASH) interventions on the bacterial pathogen load in households in rural Nepal
3. 学会等名 20th IWA Symposium on Health Related Water Microbiology (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Syun-suke Kadoya, Osamu Nishimura, Hiroyuki Kato, Daisuke Sano
2. 発表標題 Predictive Water Microbiology: Hierarchical Bayesian Modelling for Forecasting Virus Disinfection Efficiency
3. 学会等名 WEF-EESS Conference on Advancement in Water and Wastewater Treatment and Reuse (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Mohan Amarasiri, Masaaki Kitajima, Satoshi Okabe, Daisuke Sano
2. 発表標題 Water Science and Technology
3. 学会等名 IWA World Water Congress & Exhibition 2018 (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Mohan Amarasiri, Peiyi Yang, Masaaki Kitajima, Yasuhiro Kasahara, Satoshi Okabe, Daisuke Sano
2. 発表標題 Identification of bacterial genes for producing norovirus-binding glycoconjugate
3. 学会等名 6th ISFEV Conference (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Masaaki Kitajima, Seiya Hirano, Akihiro Okamoto, Daisuke Sano, Hisashi Satoh, Satoshi Okabe
2. 発表標題 Electrochemical and colorimetric DNA aptasensor technologies for rapid norovirus detection
3. 学会等名 19th International Symposium on Health-Related Water Microbiology (国際学会)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Mohan Amarasiri, Hiroki Kawai, Masaaki Kitajima, Satoshi Okabe, Daisuke Sano
2. 発表標題 Removal of rotavirus by microfiltration in the presence of HBGA-positive bacteria
3. 学会等名 第4回環境水質工学シンポジウム
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Mohan Amarasiri, Hiroki Kawai, Masaaki Kitajima, Satoshi Okabe, Daisuke Sano
2. 発表標題 Histo-blood group antigen (HBGA) positive bacteria in the mixed liquor reduces the human rotavirus concentration in membrane filtration effluent
3. 学会等名 Water and Environment Technology Conference 2017 (国際学会)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Mohan Amarasiri, Masaaki Kitajima, Satoshi Okabe, Daisuke Sano
2. 発表標題 Human enteric virus removal from wastewater: Design and operational monitoring of multiplebarrier system and virus removal efficiency improvement using specific interaction
3. 学会等名 第20回日本水環境学会シンポジウム
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 吉原光、北島正章、佐野大輔、岡部聡、高橋正宏、佐藤久
2. 発表標題 DNAアプタマーを用いた簡易ノロウイルス検出法の開発
3. 学会等名 平成29年度全国会議 (水道研究発表会)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 小島友祐、モハン・アマラシリ、佐野大輔
2. 発表標題 腸内細菌の組織血液型決定抗原様物質分泌関連遺伝子に関する研究
3. 学会等名 平成29年度土木学会東北支部技術研究発表会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 河合大樹、北島正章、岡部聡、佐野大輔
2. 発表標題 共存細菌との結合が水系感染症ウイルスの感染効率に与える影響
3. 学会等名 第52回日本水環境学会年会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 佐野大輔
2. 発表標題 健康を支える土木
3. 学会等名 土木の日イベントinぐんま記念講演（招待講演）
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Wakana Oishi, Ikuo Kato, Osamu Nishimura, Daisuke Sano
2. 発表標題 Natural inactivation kinetics modeling of a waterborne enteric virus in surface water by sparse regression and hierarchical Bayesian estimation
3. 学会等名 Water Environment and Technology Conference 2020 (国際学会)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Yifan Zhu, Wakana Oishi, Chikako Maruo, Masaaki Kitajima, Daisuke Sano
2. 発表標題 Gastroenteritis patient prediction based on wastewater-based epidemiology and dynamic modeling
3. 学会等名 Water Environment and Technology Conference 2020 (国際学会)
4. 発表年 2020年

〔図書〕 計1件

1. 著者名 Seiya Hirano, Daisuke Sano, Satoshi Okabe, Masaaki Kitajima	4. 発行年 2017年
2. 出版社 Nova Science Publisher	5. 総ページ数 16
3. 書名 Aptamer: The Potential Application to Norovirus Research, Diagnosis, and Therapeutics, Noroviruses: Outbreaks, Control and Prevention Strategies	

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	北島 正章 (Kitajima Masaaki) (30777967)	北海道大学・工学研究院・助教 (10101)	
研究分担者	片山 和彦 (Katayama Kazuhiko) (60342903)	北里大学・感染制御科学府・教授 (32607)	
研究分担者	大村 達夫 (Omura Tatsuo) (30111248)	東北大学・工学研究科・教授 (11301)	

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8 . 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------