

科学研究費助成事業 研究成果報告書

令和 5 年 6 月 9 日現在

機関番号：12614

研究種目：基盤研究(A) (一般)

研究期間：2019～2022

課題番号：19H00949

研究課題名(和文) クルマエビ類病原ウイルスWSSVの病原性メカニズムの分子レベルでの解明

研究課題名(英文) Molecular characterization of virulence mechanisms of shrimp pathogenic virus WSSV

研究代表者

廣野 育生 (Hirono, Ikuo)

東京海洋大学・学術研究院・教授

研究者番号：00270926

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 28,500,000円

研究成果の概要(和文)：WSSVおよび化石ウイルスゲノムをロングPCR法で増幅し、7本のDNA断片として全ゲノムをカバーする領域を得た。クルマエビの細胞への外来DNAの導入を種々試薬やエレクトロポレーション法で試みたが導入した遺伝子の発現はみられなかった。クルマエビの初代培養細胞へのDNAの導入も試みたができなかった。導入した遺伝子を発現させるところに問題があるのかの検討が必要であると思われた。由来の異なるWSSVのゲノムを比較したところ、アミノ酸置換が起こる塩基配列の違いが見られ、複数の遺伝子で病原性の強さと関連することが示唆された。化石ウイルスゲノムにコードされている遺伝子から転写されている配列を得た。

研究成果の学術的意義や社会的意義

WSSV感染症はクルマエビ類養殖における最大の脅威の一つである。WSSV感染症の克服はクルマエビ類養殖の持続的な発展に重要な課題である。本研究ではクルマエビ類を始めとする甲殻類のゲノム中にWSSV類似ウイルスのゲノムが化石化してマルチコピーで存在することを明らかにした。WSSVに類似の現存するウイルスの存在は知られていなかったが、ズワイガニから分離されたウイルスのゲノムを解読し、WSSV近縁のウイルスであることを明らかにした。分離年や地域の異なるWSSVは病原性が異なることがわかり、それらのゲノムを比較解析したところ、WSSVの病原性に関連する可能性がある遺伝子を見つけることができた。

研究成果の概要(英文)：White spot syndrome virus (WSSV) and WSSV like fossilized virus genomes were amplified by the long PCR method to obtain a region covering the entire genome as seven DNA fragments. We attempted to introduce foreign DNA into the cells of the shrimp using various reagents and electroporation methods, but no expression of the introduced genes was observed. We also tried to introduce DNA into primary cultured cells of the shrimp, but were unable to do so. It is necessary to examine whether there is a problem in the expression of the introduced gene. Comparison of genomes of WSSV of different isolates showed differences in sequences where amino acid substitutions occur, suggesting that several genes are associated with virulence intensity. We obtained sequences transcribed from genes encoded in WSSV like fossilized virus genomes.

Translated with www.DeepL.com/Translator (free version)

研究分野：魚介類免疫学

キーワード：クルマエビ 病原ウイルス ホワイトスポット病 化石ウイルスゲノム

1. 研究開始当初の背景

クルマエビ類の養殖生産量は世界各地で増加し 2011 年には年間生産量が 400 万トンを超えた。しかし、2012 年頃から新たな微生物感染症急性肝すい臓壊死症 (EMS/AHPND) の蔓延により養殖エビ類の生産量は減少し、2016 年において世界のクルマエビ類生産量は 2011 年の生産量には戻っていない。この EMS/AHPND は中国で 2010 年に最初に報告され、その後、東南アジアに拡散し、その後、メキシコ、アメリカおよびオーストラリアでも本感染症の発生が確認された。このように短期間で感染が広がった理由の一つにクルマエビ類養殖では親エビの成熟にゴカイなどの生き餌を使うが、このゴカイが国境を越えて輸出入され、生き餌のゴカイとともに EMS/AHPND の原因菌である新型腸炎ビブリオが広がったと考えられている。さらに、養殖用の種苗である稚エビも国境をこえて輸出入されており、この稚エビと一緒に微生物感染症が世界同時に拡散した可能性も指摘されている。EMS/AHPND に限らず、微生物感染症が世界各地のクルマエビ類養殖場で発生し、関連産業に経済的な影響を与えている。例えば、日本のクルマエビ養殖の場合、1990 年代にホワイトスポット病 (急性ウイルス血症) が発生し、我が国のクルマエビ産業に多大な経済的被害を与え、生産量が低迷する時期が続いた。ホワイトスポット病の原因となるホワイトスポット病ウイルス WSSV はユニークなウイルスで、近縁のウイルスの存在は知られていない。WSSV は DNA ゲノムウイルスで、ゲノムのサイズは約 300kbp とウイルスとしては大きなゲノムを有している。さらに宿主域が広いことから多くの甲殻類が WSSV の感染を受け、感染した甲殻類は WSSV のキャリアー (リザーバーあるいはベクター) になることが知られている。このことから、WSSV が発生したクルマエビ養殖場の周りに生息する天然の甲殻類は WSSV 陽性となる種があり、これら WSSV 陽性の甲殻類がクルマエビ養殖池に侵入することにより、クルマエビ養殖池でホワイトスポット病が発生することが知られている。クルマエビのホワイトスポット病による被害を抑制するために各地の水産試験場や漁協が協力し、いろいろと工夫した防除策に取り組んで来ている。沖縄県のクルマエビ養殖では久米島の海洋深層水を使用し、親エビを育成するとともに、稚エビの生産も行い、この稚エビを県内のクルマエビ養殖業者が使用することによりホワイトスポット病の発生を抑制して来た。このような対策を行うことにより沖縄県では 1999 年頃から 2014 年頃までほとんどホワイトスポット病の発生はみられなかったが、2015 年頃から沖縄県内の複数のクルマエビ養殖場でホワイトスポット病発生による被害が報告されている。これは、台風によりクルマエビ養殖場が被害を受け、クルマエビ養殖場周辺の天然の甲殻類がクルマエビ養殖池に侵入し、クルマエビが WSSV に感染することにより起こった可能性が考えられている。WSSV は日本のみならず、世界中のクルマエビ類養殖で最も恐れられている微生物感染症である。このようにクルマエビ類養殖で同じ感染症が世界各地で蔓延するのは、先述の通り、種苗生産用の親エビや養殖種苗となる稚エビが国境を越えて移動されることと、親エビの成熟用に使用されている生餌のゴカイや二枚貝も国境を越えて取引され、病原微生物がエビや餌生物とともに拡散することが原因とされている。我が国に未侵入の病原微生物が何時、我が国のクルマエビ養殖場に発生するか分からない状況でもある。このような背景のもと、病原微生物感染症をクルマエビ類の種苗生産場ならびに養殖場から撲滅させる防御対策・技術が世界中で望まれており、対策方法の開発研究は不可欠である。以前はクルマエビ類の細菌感染症に対しては抗菌剤が使用されていたが、薬剤残留や薬剤耐性菌の出現によるヒトの健康に影響を及ぼすことが懸念され、海外大手のクルマエビ類 (多くはバナメイエビ) 養殖業者は自主的に抗菌剤の使用を控えているが、発展途上国の中小規模のクルマエビ養殖業者は抗菌剤を使用している場合もある。抗菌剤の使用による薬剤耐性菌の問題に対しては世界保健機構 WHO が 2015 年に薬剤耐性グローバル・アクション・プラン (世界行動計画) を採択し、薬剤耐性菌撲滅のために One Health の考えを示した。その後、食料農業機構 FAO や国際獣疫事務局 OIE も賛同し、医療分野のみならず、水産、畜産、農業や食品分野において各国政府や国際機関による国際的な取り組みが始められている。これらの取り組みの中で、今年 9 月にバンコクで FAO 主催による水産養殖において抗菌剤の使用量を減らし薬剤耐性菌を発生させないための取り組みについてのワークショップが開催された。このワークショップでは抗菌剤の使

用を減らすためには、魚類養殖ではワクチンの研究が重要で、エビ養殖ではエビの免疫・生体防御機構の研究や病原微生物についてより詳細な研究が重要であると認識された。クルマエビ類のウイルス感染症に対しては有効な薬剤はなく、また、クルマエビ類は無脊椎動物で、ヒトを始めとする脊椎動物が有する獲得免疫を持たないことからワクチンあるいはワクチン様の効果を期待した方法による感染症の防御は困難である。

国内外のクルマエビ類の微生物感染症に関する研究を行なって来ている研究者はクルマエビ類の免疫・生体防御に関連する分子の遺伝子クローニングや、それらの発現解析による研究成果を報告して来ている。しかし、これらの多くは他生物の免疫・生体防御に関連する分子のホモログを解析しているもので、このような分子を解析することで真にクルマエビの病原微生物感染症克服に繋がるものではないと思われる。近年、ゲノム科学研究分野の発展により多くの生物種でそのゲノム配列が読まれ、ゲノム配列情報がツールとして利用され研究が発展して来ている生物種が多数存在している。クルマエビ類のゲノム解析については次世代シーケンサーが出始めた 2010 年頃から世界各地で取り組まれて来ているが、未だにドラフトシーケンスの報告も無い。我々も早くからクルマエビのゲノム解読に取り組んで来ており、クルマエビのゲノムの構造や化学的性質が、すでにゲノムが解読されている生物種に比べてユニークな特徴があることが分かりつつある。我々はクルマエビのゲノムを解読する過程で、クルマエビゲノムに WSSV 類似ウイルスのゲノム断片が多数組み込まれていることをみつけた。さらに、クルマエビ類のみならず他の甲殻類の中にもホワイトスポット病原ウイルスの WSSV に類似のウイルスゲノムが化石ウイルスとして組み込まれていることを明らかにし、少なくとも WSSV 類似ウイルスが 3 種類は存在した(現存しているかもしれない)と思われる結果を得ている。クルマエビ類のある種のゲノムには WSSV 類似の化石ウイルスゲノムが存在しないこともみつけている。複数種のエビを用いて WSSV の感染試験をしたところ、WSSV 類似の化石ウイルスゲノムが存在するエビと存在しないエビの種類で WSSV に対する感受性が異なるという結果を得ている。また、クルマエビの各種臓器・組織・細胞でのトランスクリプトーム解析を行ったところ、WSSV 類似の化石ウイルスゲノムに存在する遺伝子のいくつかから mRNA が転写されていることがわかり、それらはタンパク質をコードする鎖では無い逆鎖の mRNA が転写されていることがわかった。クルマエビに WSSV を人為感染させると、クルマエビゲノムに存在する WSSV 類似の化石ウイルスゲノムにある複数の遺伝子から mRNA が転写誘導されることもわかった。これらの研究成果を基盤とし、クルマエビ類のゲノムに存在する WSSV 類似の化石ウイルスゲノムを復元し、現存する WSSV との比較ウイルス学的な研究を実施することにより WSSV の病原性メカニズムを明らかにできるとともに、WSSV の防除法開発(耐病性育種を含む)に繋がると考え、本研究を計画した。

2. 研究の目的

クルマエビのみならず動物は環境中の微生物に対して免疫・生体防御機構を有している。しかし、ある程度の数の病原微生物が体内に侵入すると宿主の免疫系は病原微生物に対して対応出来なくなる場合や、病原微生物の病原性因子により免疫系が攪乱あるいは抑制されて感染が成立し、発症後、宿主となる動物は死に至る。死に至らない場合でも、病原微生物は不顕性感染の状態となることがあり、いわゆる病原微生物のキャリアーとなる。宿主に侵入する病原微生物の数が、宿主の免疫システムが対応出来る数を超えると感染が成立すると考えられる。しかし、感染が成立する病原微生物数の最小数を感染成立閾値とすると、宿主がその閾値より少ない病原微生物数に暴露された時にみられる免疫応答と、閾値を越えた病原微生物数に暴露された際に起こる免疫応答の違いについては明らかではない。宿主の免疫・生体防御機構は微生物感染症が生息域内で爆発的に広がれば対応できずに個体は死に至る。このことは、通常の免疫・生体防御機構では病原微生物による感染症を抑制できないことを意味している。病原微生物感染症を防除するための研究を進めるには、病原微生物が宿主に感染する際に宿主のどのような分子を利

用しているのか、感染後に病原微生物は宿主のどのような分子を利用しているのか、さらに、宿主の免疫応答がどのように起きているのかを分子レベルで解明していくことが重要である。本申請研究では、WSSV 類似化石ウイルスについて遺伝子工学を駆使して復元し、WSSV が特異的に保有している遺伝子を化石ウイルスに導入し、WSSV が宿主に感染し、発症するに至るメカニズムを解明するとともに、宿主ゲノムに組み込まれている化石ウイルスゲノムにコードされている遺伝子から転写される mRNA が WSSV 感染に重要なのか、あるいは宿主の免疫・生体防御機構として機能しているのかについて明らかにすることを目的とする。さらに、これらの研究を通してクルマエビ類の WSSV 感染症防除法開発の基盤技術の構築に努める。

本申請研究では化石ウイルスを復元し復活させ、その復元化石ウイルスを用いて WSSV の病原性発揮に重要な分子を解明しようとする学術的に独創的で、本研究は既報の研究のコピー研究のようなものではない。さらに、化石ウイルスゲノムに存在する遺伝子から転写される mRNA の機能を明らかにしようとする研究も、独自性と新規性を有した研究である。本研究を実施することにより、クルマエビ類のウイルス感染症研究をリードする成果が得られると考えている。本研究は水産学研究分野のみならず、広くウイルス学、比較免疫学あるいは分子生物学にも貢献できると考えている。

3. 研究の方法

WSSV ゲノムおよびクルマエビ類ゲノムに存在する WSSV 類似化石ウイルスの増幅とクローン化

WSSV ゲノムおよびクルマエビ類ゲノム中に存在する WSSV 類似ウイルスゲノムを遺伝子工学的に改変するために、ウイルスゲノム DNA をロング PCR で増幅し、クローン化することを試みた。約 300kb のウイルスゲノムの全長を PCR で増幅することは無理であるため、ウイルスゲノムを 6 つの領域に分けてロング PCR で増幅した。PCR 増幅断片についてはそれぞれをベクタープラスミドにクローン化し、DNA 配列の確認を延期配列の決定により確認した。

WSSV の病原性メカニズムの解明のための由来の異なる WSSV の全ゲノム解析と比較

由来の異なる WSSV の全ゲノムを解析し、塩基配列の違いがアミノ酸の置換が起きる変異であるかについて比較解析した。さらに、由来の異なる WSSV の病原性に違うがあるかを、注射感染と浸漬感染により比較した。

WSSV 類似化石ウイルスゲノムに存在する遺伝子から転写される mRNA の機能

WSSV 類似化石ウイルスゲノムにコードされている遺伝子が転写されているのかについてトランスクリプトーム解析を行った。

4. 研究成果

WSSV ゲノムおよびクルマエビ類ゲノムに存在する WSSV 類似化石ウイルスの増幅とクローン化

WSSV および類似化石ウイルスゲノムをロングPCR法を駆使して、7本のDNA断片としてはあるが全ゲノムをカバーする領域を増幅することができた。これらのDNA断片をBACベクターに連結し、両端の塩基配列の確認を行い、得られたクローンがWSSVのものであることが確認できた。しかし、これらを連結して一つの環状ゲノムにするまでには至らなかった。

クルマエビあるいはクルマエビ類の細胞にウイルス DNA を導入して、ウイルスの再生産を行うために、クルマエビ類への DNA 導入法についても検討した。市販の生きた動物への DNA 導入試薬を複数使用したがクルマエビ個体への DNA 導入には至らなかった。さらに、エレクトロポレーション法でも DNA の導入を試みたところ、PCR での導入した遺伝子の検出はできた

が、導入した遺伝子に組み込んでおいた GFP 遺伝子の発現はみられなかった。そこで、クルマエビ類では培養細胞が確立されていないことから、培養細胞の樹立も試みた。クルマエビの体液浸透圧は 800~1000osmol 程度であることから市販の細胞培養用培地では浸透圧が低いことから、2 倍濃度の L15 培地を基本培地とした。甲殻類の体内には D 型アミノ酸が存在することが知られていることから、基本培地に D 型アミノ酸を添加し、さらに 2-メルカプトエタノールを添加した培地を用いた。この培地を用いることによりこれまでのクルマエビ培養細胞ではみられなかった細胞の進展がみられるとともに、生存日数が延びることがわかった。しかし、初代培養細胞への DNA の導入には至らなかった。

WSSV の病原性メカニズムの解明のための由来の異なる WSSV の全ゲノム解析と比較

WSSV に近縁なズワイガニ由来の現存ウイルス CoNV のゲノム、化石ウイルスと WSSV のゲノム比較解析を行い、WSSV に特異的に存在する遺伝子を特定した。

由来の異なる WSSV のゲノムを解析し比較したところ、アミノ酸置換に影響を及ぼす塩基配列の違いが見られた。人為感染試験の結果、病原性が高い分離株と、そうでない分離株が存在することがわかった。人為感染による病原性の違いと、ゲノム配列の塩基配列や、アミノ酸置換について比較したところ、複数の遺伝子で病原性の強さと関連することが示唆された。

WSSV 類似化石ウイルスゲノムに存在する遺伝子から転写される mRNA

クルマエビの各種臓器・組織・細胞で発現している遺伝子の大規模網羅的解析データより WSSV 類似化石ウイルスゲノムにコードされている遺伝子から転写されている可能性がある配列を得ることができた。化石ウイルスゲノム遺伝子より転写される遺伝子群の中には特定の組織・臓器でのみ転写されている遺伝子が見つかった。

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 7件/うちオープンアクセス 3件）

1. 著者名 Kawato Satoshi, Nishitsuji Koki, Arimoto Asuka, Hisata Kanako, Kawamitsu Mayumi, Nozaki Reiko, Kondo Hidehiro, Shinzato Chuya, Ohira Tsuyoshi, Satoh Noriyuki, Shoguchi Eiichi, Hirono Ikuo	4. 巻 11
2. 論文標題 Genome and transcriptome assemblies of the kuruma shrimp, <i>Marsupenaeus japonicus</i>	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 G3 Genes Genomes Genetics	6. 最初と最後の頁 kab268
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1093/g3journal/jkab268	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 Jaree Phattarunda, Boonchuen Pakpoom, Thawonsuwan Jumroensri, Kondo Hidehiro, Hirono Ikuo, Somboonwiwat Kunlaya	4. 巻 120
2. 論文標題 Transcriptome profiling reveals the novel immunometabolism-related genes against WSSV infection from Fenneropenaeus merguensis	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Fish & Shellfish Immunology	6. 最初と最後の頁 31 ~ 44
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.fsi.2021.11.006	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 Imaizumi Kentaro, Molex Wanlapha, Jitnavee Chakrit, Direkbusarakom Sataporn, Kondo Hidehiro, Hirono Ikuo	4. 巻 554
2. 論文標題 Bacterial and eukaryotic communities in pond water of whiteleg shrimp Litopenaeus vannamei and the bacterial communities of their stomach and midgut	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Aquaculture	6. 最初と最後の頁 738139 ~ 738139
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.aquaculture.2022.738139	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 Imaizumi K, Tinwongger S, Kondo H, Hirono I.	4. 巻 11
2. 論文標題 Analysis of microbiota in the stomach and midgut of two penaeid shrimps during probiotic feeding.	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 9936
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1038/s41598-021-89415-w.	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 Kiataramgul A, Maneenin S, Purton S, Areechon N, Hirono I, Brocklehurst TW, Unajak S.	4. 巻 521
2. 論文標題 An oral delivery system for controlling white spot syndrome virus infection in shrimp using transgenic microalgae.	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Aquaculture	6. 最初と最後の頁 735022
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.aquaculture.	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 Alenton Rod Russel R., Koiwai Keiichiro, Nakamura Rika, Thawonsuwan Jumroensri, Kondo Hidehiro, Hirono Ikuo	4. 巻 203
2. 論文標題 A Hint of Primitive Mucosal Immunity in Shrimp through Marsupenaeus japonicus Gill C-Type Lectin	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 The Journal of Immunology	6. 最初と最後の頁 2310 ~ 2318
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.4049/jimmunol.1900156	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 Kiataramgul Asama, Maneenin Sugunya, Purton Saul, Areechon Nontawith, Hirono Ikuo, Brocklehurst Thanyanan Wannathong, Unajak Sasimanas	4. 巻 521
2. 論文標題 An oral delivery system for controlling white spot syndrome virus infection in shrimp using transgenic microalgae	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Aquaculture	6. 最初と最後の頁 735022 ~ 735022
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.aquaculture.2020.735022	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 Jaree Phattarunda, Boonchuen Pakpoom, Thawonsuwan Jumroensri, Kondo Hidehiro, Hirono Ikuo, Somboonwiwat Kunlaya	4. 巻 120
2. 論文標題 Transcriptome profiling reveals the novel immunometabolism-related genes against WSSV infection from Fenneropenaeus merguensis	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Fish & Shellfish Immunology	6. 最初と最後の頁 31 ~ 44
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.fsi.2021.11.006	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 Kawato Satoshi, Fujishima Shoya, Nozaki Reiko, Kondo Hidehiro, Isshiki Tadashi, Hirono Ikuo	4. 巻 168
2. 論文標題 Genome sequence of Chionoecetes opilio bacilliform virus, a nimavirus infecting the snow crab Chionoecetes opilio	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Archives of Virology	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s00705-023-05731-8	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10件 (うち招待講演 4件 / うち国際学会 5件)

1. 発表者名 Ikuo Hirono
2. 発表標題 Development of preventive methods for shrimp infectious diseases using safe and effective microorganisms.
3. 学会等名 3rd International Control of Aquatic Animal Diseases (CAAD) Symposium 2021 (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 川戸智・西辻光希・有本飛鳥・久田香奈子・川満真由美・野崎玲子・近藤秀裕・新里宙也・大平剛・佐藤矩行・將口栄一・廣野育生
2. 発表標題 クルマエビのドラフトゲノム
3. 学会等名 第21回マリンバイオテクノロジー学会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Thitiporn Thammasorn, Reiko Nozaki, Hidehiro Kondo, and Ikuo Hirono,
2. 発表標題 Characterization of mitotic checkpoint genes and its expression profile during cellular arrest in Kuruma shrimp (Marsupenaeus japonicus) cell culture
3. 学会等名 3rd International Control of Aquatic Animal Diseases (CAAD) Symposium 2021 (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 今泉健太郎・近藤秀裕（海洋大）・Sataporn Direkbusarakom（ワライラック大）・廣野育生
2. 発表標題 タイ王国のパナメイエビ養殖場における池水中およびエビ消化管中の微生物叢の動態
3. 学会等名 令和3年度日本水産学会春季大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Thitiporn Thammasorn、Reiko Nozaki、Hidehiro Kondo、Ikuo Hirono
2. 発表標題 High-throughput genetic screens for the development of continuous shrimp cell line from testicular tissue of Marsupenaeus japonicus
3. 学会等名 令和2年度日本水産学会春季大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Ikuo Hirono
2. 発表標題 Studies on development of prevention methods against shrimp infections diseases
3. 学会等名 International Symposium: The Control of Aquatic Animal Diseases（招待講演）（国際学会）
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 川戸 智、近藤 秀裕、廣野 育生
2. 発表標題 宿主ゲノムに残された足跡が語るエビ病原ウイルスの起源と進化
3. 学会等名 第67回日本ウイルス学会学術集会（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Satoshi Kawato, Reiko Nozaki, Hidehiro Kondo, Ikuo Hirono
2. 発表標題 Genomic footprints unveil the evolution of obscure crustacean virus family
3. 学会等名 国際マリンバイオテクノロジー学会2019 (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Koiwai K, Kondo H, Hirono, I.
2. 発表標題 Molecular characterization of shrimp hemocytes
3. 学会等名 The 14 th International Symposium of the Protein Society of Thailand (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 PattamaPuttirungroj・SatoshiKawato・MihoFurukawa・ReikoNozaki
2. 発表標題 Comparison of virulence in different isolates of Whitespots syndrome virus
3. 学会等名 令和5年度日本水産学会春季大会
4. 発表年 2023年

〔図書〕 計0件

〔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	近藤 秀裕	東京海洋大学・学術研究院・教授	
	(Kondo Hidehiro)		
	(20314635)	(12614)	

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			
タイ	Kasetsart University	Walailak University	タイ水産局	他1機関