

令和 2 年 6 月 19 日現在

機関番号：11301

研究種目：挑戦的研究(開拓)

研究期間：2017～2019

課題番号：17H06213

研究課題名(和文)なぜノロウイルスがカキに蓄積するのか？そのメカニズムの解明

研究課題名(英文)Why noroviruses are accumulated in oysters: To unravel the mechanisms

研究代表者

大村 達夫(Omura, Tatsuo)

東北大学・未来科学技術共同研究センター・名誉教授

研究者番号：30111248

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 19,800,000円

研究成果の概要(和文)：本研究は、沿岸域のプランクトンが環境からカキにノロウイルスを運んでいるという仮説を立てて、その検証を行った。カキを養殖している松島湾内の複数地点において動植物プランクトンとカキを採取した。動物プランクトンと植物プランクトンを顕微鏡下の形態観察に基づいてソーティングし、それぞれからノロウイルス遺伝子を検出および定量した結果、一部サンプルからノロウイルスが高い濃度で検出された。動物プランクトンの個体数の割合が高い地点のサンプルほど、ノロウイルス濃度が低下していた。また、カキ中腸線のDNAメタバーコーディング解析を行い、カキが動物および植物プランクトンの双方を捕食していることも確認された。

研究成果の学術的意義や社会的意義

年間一千万人を超える感染性胃腸炎患者数を減少させるには、これまでのワクチンの開発による予防医学的な手法だけでは不可能である。本申請プロジェクトにおけるノロウイルスのカキへの蓄積メカニズムの解明を突破口として、様々な病原ウイルスの自然環境や社会環境での動態を把握し、社会的な取り組みによって感染性胃腸炎流行のトリガーとなる食品や水の汚染を極力防止することが現状を打破するための非常に有効な手段と考える。

研究成果の概要(英文)：The dynamics of norovirus, one of the causative agent of infectious gastroenteritis, in the estuarine environment is not well understood. In this study, based on the hypothesis that planktons in seawater can be the important carrier of norovirus to oysters, field study was conducted. Norovirus GII RNA were detected from sorted zooplankton and phytoplankton samples, and oyster digestive tissues. The maximum concentrations of norovirus GII RNA were 3900 copies/L in plankton samples, 58 copies/individual of zooplankton, and 2000 copies/g of oyster digestive tissues. DNA metabarcoding analysis indicated that oysters prey on zooplankton (phylum Cercozoa and Ciliophora) and phytoplankton (phylum Chlorophyta, and *Rathkea octopunctata*). Correlation of norovirus GII with some specific planktonic species (e.g., *Rathkea octopunctata*, *Sarsia tubulosa*) were found, implying the important roles of such species as potential norovirus carrier.

研究分野：環境水質工学

キーワード：ノロウイルス カキ プランクトン 遺伝子解析 生物濃縮

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

本研究の目的は「ノロウイルスがなぜカキに蓄積するのか？」その謎に挑戦し、それを解き明かすことにある。海域に排出されたノロウイルスがカキに蓄積するメカニズムは明らかになっていない。ノロウイルス等の病原ウイルスは病原細菌と異なり、自然界で増殖できないことから、自然界へ放出された後は自身の存続のため次のヒトへの感染を目指してじっと耐えている。そこに彼らの戦略があり、その戦略を解き明かすことがノロウイルスのカキへの蓄積メカニズムを実証することに繋がると考えている。

2. 研究の目的

本研究では、ノロウイルスの海域での戦略について以下に示す2つの仮説を検証することを目的とする。

仮説(1): ノロウイルスはシルトなどの無機質に吸着・浮遊し、海域の厳しい環境から自身を守り、カキの食餌行動の際に自然に体内に取り込まれ蓄積する。

仮説(2): ノロウイルスは始めに海域の植物プランクトン表面に存在する多糖などの有機質に吸着し、その後、動物プランクトンに摂取されるのをじっと待ち、最終的にカキがその動物プランクトンを摂取することで蓄積する。

3. 研究の方法

(1) プランクトンおよびカキ試料の採取

カキを養殖している内湾の河口から沖に向かった縦断方向に位置する2～5地点において海水200～560Lに含まれる植物および動物プランクトン試料を採取用ネット(目合0.1mmおよび目合0.072mm)をそれぞれ用いて採取した。植物プランクトンの採集には、RIGO社の短円錐型動物プランクトン採取用ネット(目合0.1mm、口径20cm、側長50cm)と短円錐型植物プランクトン採取用ネット(目合0.072mm、口径20cm、側長50cm)を用いた。調査は2018年2月8日、11月6日、12月20日、2019年2月4日、2020年1月23日にそれぞれ行った。プランクトン採取時のばらつきを評価するため、各地点において濃縮試料(約40mL)のレプリケートを3～4本採取した。

また、2018年11月以降の調査においては、5地点のうち1地点で養殖カキも同じ日に採取した。カキ試料からは、ノロウイルスが蓄積されることが知られている中腸腺を取り出し、湿重量を計量したのちに、定量PCRによるノロウイルスの検出および定量、そしてDNAメタバーコーディングによるカキの食性解析のために冷凍保存した。

(2) プランクトン試料の分類と核酸抽出

2018年11月以降の調査においては、採取したプランクトン試料を実態顕微鏡下で、動物、植物プランクトンに形態学的にソーティングした。採取したプランクトン濃縮試料30～100 μ Lにプロセスコントロールとして100 μ LのマウスノロウイルスS7-PP3株濃縮液(およそ 10^8 copies)を添加し、NucliSENS miniMAG(bioMérieux)を用いてキットのプロトコールに従い核酸を抽出した。

(3) カキ中腸腺試料からの核酸抽出

中腸腺試料0.5gを2mLスクリューキャップチューブに分取し、滅菌済みの3.2mmステンレスビーズ1個、100 μ Lのマウスノロウイルス濃縮液、100 μ Lの1mg/mL proteinase K溶液および800 μ Lの滅菌超純水を加え、卓上型ビーズ式破砕機(ShakeMan, BMS-SMN01)を用いて10秒間破砕処理した。その後、サーモミキサーを用いて300rpm、60 $^{\circ}$ Cで15分間インキュベートした。次にチューブを3000 \times g、4 $^{\circ}$ Cで5分間遠心分離し、およそ1mLの上清を採取した。この上清試料(1mL)から、NucliSENS miniMAG(bioMérieux)を用いてキットのプロトコールに従い核酸を抽出した。

(4) ノロウイルスの定量検出および遺伝子型解析

マウスノロウイルス、ノロウイルスGIIのRNA濃度は、既往のプライマー・プローブ¹⁻³⁾、RNA UltraSense One-Step Quantitative RT-PCR System(Thermo Fisher Scientific)、及びLightCycler 480 System II(Roche)を用いたリアルタイムRT-PCR法により定量した。リアル



図1. 宮城県松島湾での調査地点



図2. 宮城県松島湾での調査の様子

タイム PCR 法によりノロウイルス GII 遺伝子が検出された試料に対しては、カプシド N/S 領域を標的とした RT-PCR を行い⁴⁾、塩基配列を解析することで遺伝子型を同定した。

(5) 次世代シーケンサによる微生物群集解析

ノロウイルス遺伝子の検出用に抽出された核酸試料に対し、次世代シーケンシングを使用した微生物群集解析を行った。16S rRNA 遺伝子の V3-V4 領域を対象としたユニバーサルプライマー (341F [CCTACGGGAGGCAGCAG]/ 805R [GACTACCGGATCTAATC]) ならびに 18S rRNA 遺伝子の V4 領域を対象としたユニバーサルプライマー (3NDf [GGCAAGTCTGGTGCCAG] / V4.euk.R1 [GACTACGACGGTATCTRATCTCTTCG]) を用いた。TaKaRa PCR Thermal Cycler Dice により (Takara Bio) 1st PCR を行い、2nd PCR では Nextera XT インデックスプライマー (Illumina, USA) を用いた。PCR 産物は Agencourt AMPure XP PCR ビーズ溶液 (Beckman Coulter) で精製した。2nd PCR 産物を混合して DNA ライブラリを作成後、Agilent 2100 バイオアナライザーにより遺伝子濃度や純度を確認し、Illumina MiSeq (300bp × 2) によりシーケンシングを行った。取得した fastq.gz ファイルについて、16S rRNA では Quantitative Insights into Microbial Ecology (QIIME) を用いた。V3-V4 配列のペアリングやキメラ配列を除去等を行い、RSV (Ribosomal Sequence Variant) から 97% の同一性で OTU (operational taxonomic unit) を取得した。分類の割り当てには、Silva データベースを用いた。18S rRNA では、DADA2 パッケージにより RSV を取得、PR2 を用いて 97% の同一性で OUT を割り当てた。解析には、統計ソフト R を用いた。

4. 研究成果

(1) 採取したプランクトン試料

形態学的ソーティングの結果、採取用ネットの目合 (0.1 mm および 0.072 mm) の違いに依らず、動植物プランクトンが混在した形で採取されていることが確認された。ただし、割合としては、0.072 mm 目合ネットの方が植物プランクトンの個体数の割合が全体的に高まっていた。

(2) プランクトンおよびカキ中腸腺試料からのノロウイルス検出

核酸抽出時にプランクトン濃縮試料に添加したマウスノロウイルスの回収率は 1~176% であり、幾何平均値は 39% だった。一部ではマウスノロウイルスの RNA 抽出効率が低い (<10%) 試料も見られたが、試料数としては全体の 8.1% だった。それ以外の試料については、RNA 抽出およびリアルタイム RT-PCR においてロスや阻害が小さいことが確認され、遺伝子の定量検出結果が信頼できると判断した。

ノロウイルス GII は、2018 年 2 月、2018 年 12 月、2019 年 2 月のプランクトン濃縮試料 (採取用ネットの目合 0.1 mm および 0.072 mm) から検出された (表 1)。2018 年 2 月および 12 月は、採取したすべての地点で陽性であり、濃度は海水 1 L あたり最大で 3900 copies/L だった。当該試料は河口地点で採取されており、これまでに報告されている河川水中のノロウイルス GII 濃度の範囲だった。2018 年 2 月は、当該試料を含めて 3 地点からノロウイルス GII の遺伝子型判別のための PCR 産物が取得でき、塩基配列を解析した結果、すべて GII.4 Den Haag 2006b 亜型だった。2018 年 11 月および 2020 年 1 月の濃縮試料は不検出であり、その原因として当該流域においてノロウイルスによる感染性胃腸炎がほとんど発生していない時期だったことが考えられた。

顕微鏡で分類した動物および植物プランクトン試料の一部からは、ノロウイルス GII が検出され、濃度は最大で 58 copies/個体だった。分類した動物および植物プランクトン試料からは初めての検出報告となるが、ノロウイルスがプランクトンの表面に吸着しているのか、動物プランクトンに捕食されているのかは、今後明らかにすべき課題である。カキ中腸腺試料は、2018 年 11 月を除いて、60~80% の個体からノロウイルス GII が検出され、濃度は最大で 2000 copies/g だった。

表 1. ノロウイルス GII の検出数 (上段) と検出濃度 (下段) *

採取月	採取用ネット (目合 0.1 mm)	採取用ネット (目合 0.072 mm)	分類した動物 プランクトン	分類した植物 プランクトン	カキ中腸腺
2018 年 2 月	4/4 1.9~3900	4/4 40~400	-	-	-
2018 年 11 月	0/5 -	0/5 -	1/5 31	0/5 -	不検出
2018 年 12 月	5/5 3.6~250	5/5 9.4~380	1/5 0.19	1/5 14	60% 40~1300
2019 年 2 月	0/2 -	1/2 315	1/2 58	2/2 1.8~16	60% 93~2000
2020 年 1 月	0/5 -	0/5 -	0/5 -	0/5 -	80% 43~1700

検出濃度は、採取用ネットの濃縮試料は copies/L、分類された動物およびプランクトン試料: copies/個体、

カキ中腸線試料：copies/g として示した。

(3) 動物および植物プランクトンの割合とノロウイルス濃度の関係

サンプル中の動物および植物プランクトンの個体数を形態学的に定量した結果、動物プランクトンの個体数の割合が高いサンプルほどノロウイルス濃度が低下している有意な負の相関が5調査地点中3地点で観察された(図3)。動物プランクトン-植物プランクトン間で食物連鎖を経る中で、ノロウイルス濃度が増加すると仮説を立てて調査を行っていたが、仮説とは対照的な結果となった。生物濃縮の経路には食物連鎖中の捕食被食関係による生物濃縮(間接濃縮)のほかに、物質を経口・経皮から直接摂取する生物濃縮(直接濃縮)が存在する。直接濃縮の影響により、体長や体重の小さい生物の分類群ほど、体内の重金属濃度が増加する現象も報告されている。この現象は、体が小さい生物ほど比表面積(表面積/体積)が相対的に大きく、経皮の直接濃縮による物質の摂取速度が高まるために起こると考えられる。本研究においてはこれまで直接濃縮による影響を考慮していなかった。しかし調査の結果から、動物プランクトン-植物プランクトン間においては、直接濃縮の影響が大きく、ノロウイルス濃度が減少している可能性が示された。

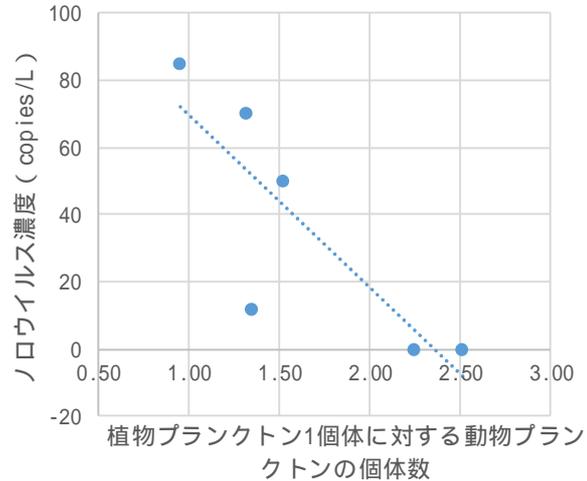


図3 . A 地点において観察された植物プランクトン個体数比とノロウイルス濃度の有意な負の相関(2018年12月)。

(4) カキ中腸線試料ならびに海水プランクトン試料中の微生物叢

カキ中腸線試料中の真核微生物について、リード数が0.1%以下のRSVおよびカキ由来RSV(*Crassostrea gigas*)を取り除き解析した結果、395のRSVが検出され、データベースとの照合により75種が割り当てられた。その中には、動物プランクトンであるCercozoa門やCiliophora門、植物プランクトンであるChlorophyta門が検出された(図4)。カキが海水中のプランクトンを捕食していることを示唆する結果である。カキ中腸線試料と海水プランクトン試料において、共通する真核微生物RSVを抽出した。その結果、*Rathkea octopunctata*、Crustacea XX sp、*Chlamydomonas noctigama*の3種が検出された。*Rathkea octopunctata*とCrustacea XX spは、海水において多く存在していた種であった。一方で、*Chlamydomonas noctigama*は、いずれのサンプルでも希少種であった。プランクトン試料とカキ中腸線試料において重複していた真核生物は3種のみであり、カキ中腸線試料から抽出されたCercozoa門とCiliophora門、Chlorophyta門の真核生物の多くが、海水中には存在しなかった。その要因の一つとして、海水プランクトン試料中において検出された真核生物は、カキ中で検出された真核生物よりサイズが大きいということが挙げられる。プランクトンネットにてプランクトン試料を採取する際に、カキに捕食されるサイズの小さなプランクトンを採取できていなかった可能性がある。

カキ中腸線内における環境と海水中における環境は異なり、カキ中腸線内で検出された真核生物は、陸域土壌や河川氾濫原で検出される真核生物が多く存在していた。例えば、カキ中腸線内で検出されたCercozoa門は土壌表層中でも観測され、実際にカキ中腸線内の微生物群集は、河川氾濫原で採取した土壌試料の微生物群集と比較的高い類似性を示していた。カキは元来干潟にも生息する生物であり、氾濫原や沿岸湿地の底泥などと微生物群集が類似する可能性を示唆している。また、細菌叢に関しては、Bacteroidetes門の細菌、Vibrio属の細菌などのヒトの腸内細菌および病原細菌などがカキ中腸線内において優勢な細菌種であった。

(5) 微生物叢とノロウイルスと関係

試料に含まれるノロウイルス濃度とRSVの存在比に対して、スピアマンの順位相関解析を行い、ノロウイルスと相関の高いRSVを検出した。カキ中腸線試料、海水プランクトン試料ごとにスピアマンの順位相関解析を行い、p値が0.05以下、かつノロウイルス濃度と正の相関をもつ種を表2に示した。海水プランクトン試料において相関の高かった*Rathkea octopunctata*および*Sarsia tubulosa*はMollusca門で、海水プランクトン試料中における存在比が高かったプランクトンである。また、海水プランクトン試料では、Arthropoda門の動物プランクトンであるCorycaeus speciosusともノロウイルスは正の相関を示した。カキ中腸線試料においてノロウイルス濃度と正の相関を示したものは見られなかったが、以上のような*Rathkea octopunctata*や*Sarsia tubulosa*などのプランクトン種がノロウイルスのキャリアとして水中を浮遊している

可能性がある。

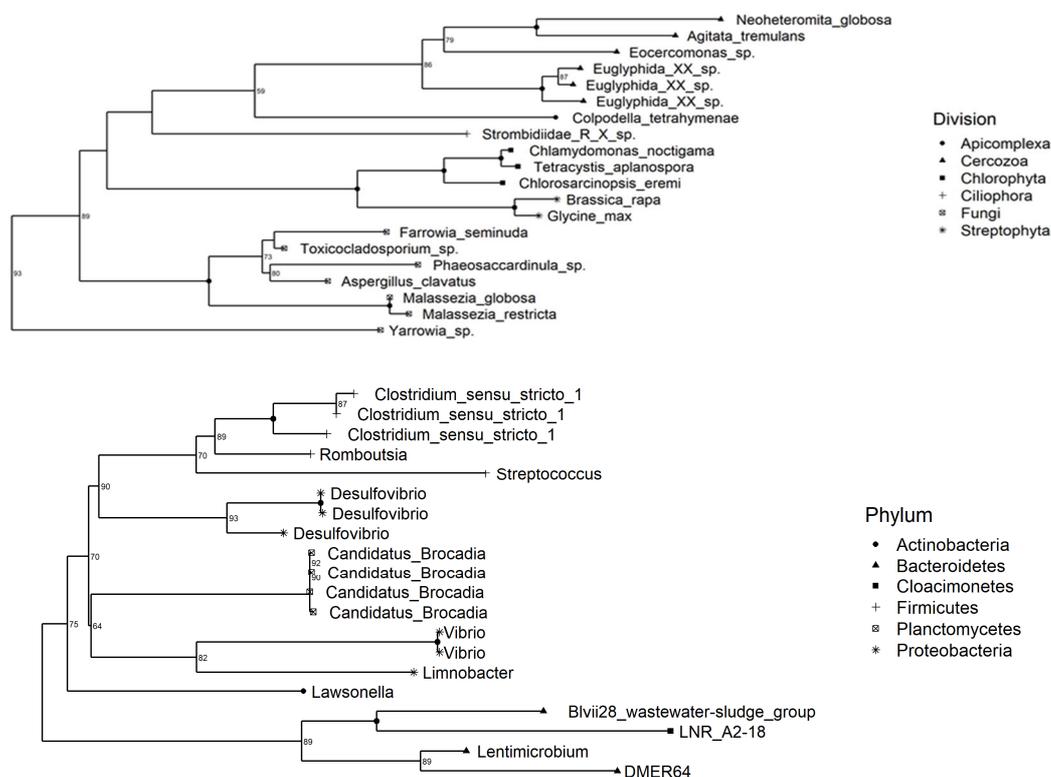


図4 . カキ中腸線内の真核微生物（上図）ならびに細菌（下図）遺伝子についての系統樹解析。真核微生物では、カキ由来 DNA を除き、上位 20 の RSV（存在比合計は 47.5%）を対象とした。細菌では上位 30（存在比合計は 48.5%）を対象とした。

表2. スピアマンの相関解析による、海水試料中でノロウイルスと相関性の高い真核生物の種

Species name	相関係数	p 値
<i>Rathkea_octopunctata</i> (S)	0.51	0.014
<i>Sarsia_tubulosa</i> (S)	0.50	0.015
<i>Corycaeus_speciosus</i> (S)	0.45	0.031

< 引用文献 >

- 1) Kitajima M, Oka T, Takagi H, Tohya Y, Katayama H, Takeda N, Katayama K. Development and application of a broadly reactive real-time reverse transcription-PCR assay for detection of murine noroviruses. J Virol Methods. 169(2), 269-273, 2010.
- 2) Loisy F, Atmar RL, Guillon P, Le Cann P, Pommepuy M, Le Guyader FS. Real-time RT-PCR for norovirus screening in shellfish. J Virol Methods. 123(1), 1-7, 2005.
- 3) Kageyama T, Kojima S, Shinohara M, Uchida K, Fukushi S, Hoshino FB, Takeda N, Katayama K. Broadly reactive and highly sensitive assay for Norwalk-like viruses based on real-time quantitative reverse transcription-PCR. J Clin Microbiol. 41(4), 1548-1557, 2003.
- 4) Kazama S, Masago Y, Tohma K, et al. Temporal dynamics of norovirus determined through monitoring of municipal wastewater by pyrosequencing and virological surveillance of gastroenteritis cases. Water Res. 92, 244-253, 2016.

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計3件（うち査読付論文 3件/うち国際共著 2件/うちオープンアクセス 3件）

1. 著者名 Rachmadi, A., M. Kitajima, K. Watanabe, S. Yaegashi, J. Serrana, A. Nakamura, T. Nakagomi, O. Nakagomi, K. Katayama, S. Okabe, and D. Sano	4. 巻 84(13)
2. 論文標題 Free Chlorine Disinfection as a Selection Pressure on Norovirus	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Applied and Environmental Microbiology	6. 最初と最後の頁 e00244-18
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1128/AEM.00244-18	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 Serrana, J., S. Yaegashi, S. Kondoh, B. Li, C. T. Robinson and K. Watanabe	4. 巻 8
2. 論文標題 Ecological Influence of Sediment Bypass Tunnels on Macroinvertebrates in Dam-Fragmented Rivers by DNA Metabarcoding	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 10185
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1038/s41598-018-28624-2	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 Erika Ito, Jian Pu, Takayuki Miura, Shinobu Kazama, Masateru Nishiyama, Hiroaki Ito, Yoshimitsu Konta, Gia Thanh Nguyen, Tatsuo Omura, Toru Watanabe	4. 巻 8(3)
2. 論文標題 Weekly Variation of Rotavirus A Concentrations in Sewage and Oysters in Japan, 2014-2016	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Pathogens	6. 最初と最後の頁 89
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.3390/pathogens8030089	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

〔学会発表〕 計17件（うち招待講演 3件/うち国際学会 9件）

1. 発表者名 Joeselle Serrana, Yo Miyake, Maribet Gamboa, Kozo Watanabe
2. 発表標題 Comparison of DNA metabarcoding and morphological identification for stream macroinvertebrate biodiversity assessment and monitoring
3. 学会等名 Pest Management Council of the Philippines 51st Anniversary and Annual Scientific Conference (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Joeselle Serrana, Bin Li, Tetsuya Sumi, Yasuhiro Takenon, Kozo Watanabe
2. 発表標題 Sediment Microbial Diversity and Community Composition of Restored Gravel Bars in the Trinity River, California
3. 学会等名 American Society for Microbiology (ASM) Microbe
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 三浦尚之
2. 発表標題 ノロウイルスの水環境中動態：ヒトからカキへ
3. 学会等名 第17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 2018年

1. 発表者名 三浦尚之，鈴木知美，儀間ありさ，越後信哉，秋葉道宏
2. 発表標題 病原ウイルスの表流水中存在形態を考慮した 汚染指標に関する検討
3. 学会等名 第53回日本水環境学会年会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Elreedy, A., Fujii, M, Tawfik A.
2. 発表標題 Industrial Wastewater as a Feedstock for Fermentative Biohydrogen Production Enhanced by Addition of Different Metal Nanoparticles
3. 学会等名 Water and Environment Technology Conference 2018 (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Fu, Q.L., Fujii M.
2. 発表標題 Iron Uptake Kinetics of Bloom-Forming Cyanobacteria
3. 学会等名 Water and Environment Technology Conference 2018 (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Ismail, S., Elsamadony, M., Fujii, M, Tawfik A.
2. 発表標題 The Effect of 1,4-Dioxane Inhibition on The Activity, Performance and Recovery on Anaerobic Ammonium Oxidation (Anammox) Process
3. 学会等名 Water and Environment Technology Conference 2018 (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Awfa, D., Ateia, M., Fujii, M., Yoshimura, C.
2. 発表標題 Simple Fabrication of Economically-Viable Magnetic Carbon Nanotubes-TiO ₂ Composite for Degradation of Organic Pollutants
3. 学会等名 IWA World Water Congress, 2018 (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Fujii, M.
2. 発表標題 Increased toxin production by metal induced oxidative stress for freshwater cyanobacterium <i>Microcystis aeruginosa</i>
3. 学会等名 6th Australian & New Zealand Cyanobacteria Workshop
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Fu, Q., L., Fujii, M., Yeung, A. C. Y., and Waite, T. D.
2. 発表標題 Iron Uptake Kinetics of Bloom-Forming Cyanobacteria
3. 学会等名 6th Australian & New Zealand Cyanobacteria Workshop (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 中谷鴻太、藤井学
2. 発表標題 湖沼水質が藍藻毒生成と微生物多様性に及ぼす影響
3. 学会等名 第5回環境水質工学シンポジウム
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Ann, V., Ung, P., Uk, S., Kodikara, D., Siev, S., Peng, C., Yuk, S., Sann, S., Khanal, R., Tan, R., Hul, S., Miyanaga, K., Fujii, M., Yoshimura, C., Tanji, Y.,
2. 発表標題 Primary Result of Relationship between Microbial Communities and Water Quality in a Large Tropical Lake
3. 学会等名 The 3rd International Symposium on Conservation and Management of Tropical Lakes (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 那須川康平、藤井学
2. 発表標題 水性藍藻類の細胞酸化ストレスならびに毒素生成に及ぼす水質因子の影響
3. 学会等名 第53回日本水環境学会年会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Takayuki Miura, Arisa Gima, Marina Tokuyasu, Michihiro Akiba
2. 発表標題 Two-year monitoring of norovirus and rotavirus present in suspended and dissolved forms in drinking water sources in Japan
3. 学会等名 20th Symposium on Health-Related Water Microbiology (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 三浦尚之
2. 発表標題 水環境におけるノロウイルスの挙動と養殖カキを原因とする食中毒対策
3. 学会等名 農林水産省令和元年度食品安全に係る科学セミナー (招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Fu, Q-L., Fujii, M.
2. 発表標題 Comparative Performance of Formularity and Two Automated Bath Algorithms for Formula Assignment of Organic Matter with Other Methods
3. 学会等名 Water and Environment Technology Conference (WET2019) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 藤井学, 吉村千洋
2. 発表標題 沿岸域における鉄と有機物の動態に関する研究
3. 学会等名 第22回日本水環境学会シンポジウム (招待講演)
4. 発表年 2019年

〔図書〕 計2件

1. 著者名 Carvajal, T. M., H. T. Ho, L. F. T. Hernandez, K. M. Viacrusis, D. M. Amalin, and K. Watanabe	4. 発行年 2019年
2. 出版社 Springer	5. 総ページ数 159
3. 書名 Health in Ecological Perspectives in the Anthropocene	

1. 著者名 藤井学、夏池真史、伊藤紘晃、吉村千洋	4. 発行年 2019年
2. 出版社 農林統計協会	5. 総ページ数 368
3. 書名 第2章開放性内湾の持続可能な利用と海洋環境の実現を目指して 2.3 森は海の恋人か(「里海管理論-きれいで豊かで賑わいのある持続的な海」 柳哲雄編)	

〔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	藤井 学 (Fujii Manabu) (30598503)	東京工業大学・環境・社会理工学院・特任准教授 (12608)	
研究分担者	三浦 尚之 (Miura Takayuki) (70770014)	国立保健医療科学院・その他部局等・主任研究官 (82602)	
研究分担者	渡辺 幸三 (Watanabe Kozo) (80634435)	愛媛大学・理工学研究科(工学系)・教授 (16301)	

6. 研究組織（つづき）

	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	佐野 大輔 (Sano Daisuke) (80550368)	東北大学・工学研究科・准教授 (11301)	