

「研究者から見た機関リポジトリ」

日 時: 2018 年11 月 29 日(木)

16:00～17:00


場 所: 国立情報学研究所
20 階実習室

東京家政大学

家政学部 栄養学科

教授 森田幸雄

moritay@tokyo-kasei.ac.jp



東京家政大学は、
本年、創立百三十七周年をむかえました。

自己紹介

森田 幸雄 東京家政大学 食品衛生学第二研究室

1979-1985 日本大学 獣医学科・博士前期課程

1994 博士(獣医学) 日本大学より

“豚の非定型抗酸菌症に関する研究”



職歴:

1985-2008 群馬県職員

1985-1993 中央食肉衛生検査所…対米国牛肉輸出を開始

1994-1996 館林保健所……………多数の大規模食品工場が管内にあり

1997-1999 中央食肉衛生検査所…対米国牛肉輸出担当獣医師の一人として
HACCPを導入

2000-2003 衛生環境研究所

2004 新政策課

2005-2008 衛生環境研究所

2009- 東京家政大学 准教授

2013- // 教授

外部研究資金にて研究を実施中…

委員会等

1. 2009/09～ 日本食品微生物学会 編集委員
2. 2009/09～ 飛騨ミート農業協同組合連合会 HACCP委員
3. 2013/04～ 日本獣医学会 評議委員
4. 2013/06～ 公益社団法人 全国食肉学校 非常勤理事
5. 2014/10/31～2020/10/30
群馬県保健福祉部長より 群馬県食品安全審議会 審議委員
6. 2015/06～ 日本獣医師会雑誌学術誌 編集委員
7. 2015/07/06～ 公益財団法人日本食肉生産技術開発センター
食肉処理施設の高度化計画及び高度化基盤整備計画の認定に係る
審査委員
8. 2015/08/01～ 日本HACCPトレーニングセンター 理事
9. 2016/04/01～ スターゼン(株) 衛生管理アドバイザー
10. 2017/01/25～2019/01/24
薬事・食品衛生審議会専門委員 厚生労働大臣より
(2017年01月27日付 動物用医薬品再評価調査会)
11. 2017/03～ 日本ジビエ振興協会 副理事長
12. 2018/06～2019/3/31 国産ジビエ認証委員会
13. 2018/06～2019/3/31 国産ジビエ認証委員会認証部会
14. 2018/09月の第1回開催日～2019/03/31
(公)日本食肉生産技術開発センター 成30年度牛肉処理技術向上事業本委員会
15. 2017/04/01～2019/03/31
静岡県健康福祉部長より 静岡県H29年度食中毒防止対策専門委員会委員

厚生労働科学研究

平成18—20年度

「輸入食品における食中毒菌サーベイランス及びモニタリングシステム構築に関する研究」(分担研究者)

平成21—23年度

「輸入食品の食中毒菌モニタリングプラン策定手法に関する研究」(分担研究者)

平成24—26年度

「と畜・食鳥検査における疾病診断の標準化とカンピロバクター等の制御に関する研究」(分担研究者)

平成27—29年度

「食鳥肉におけるカンピロバクター汚染のリスク管理に関する研究」(分担研究者)

平成29—(31)年度

「食品を介する家畜・家禽疾病のリスク管理に関する研究」(分担研究者)

文部科学省

平成23—25年度

科学研究費補助金(基盤研究(C))「輸入魚介類における多剤耐性菌等の汚染状況」

東和食品研究振興会(平成26年度)

冷凍エビからのサルモネラ保菌状況と分離菌の性状」

私の考え

論文: 複数の審査員の査読あり⇒自分の主張だけでは掲載にならない

研究者として最も評価されるもの⇒最大の情報公開

掲載に際してお金の支払いが多い

(所属学会員なら規定ページまで無料、追加したらお金の支払いあり)⇒その紙面を購入
国際誌ならImpact Factorがある⇒どのくらい他の論文に引用されたかという論文評価

印刷中および掲載論文(2018年:H30年11月18日現在)✧

1. 加藤和子、駒込乃莉子、峯木真知子、森田幸雄、2019年**月、セレウス菌食中毒における赤飯の危害要因、日本家政学雑誌、(投稿中)✧
2. 三浦和行、成田静香、戸田由紀、野市哲也、富田昌俊、森田幸雄、2018年**月、ガス置換包装された食肉の保存性、日本食品微生物学雑誌、35(*)、***-***. (受理、印刷中)✧
3. 森田幸雄、2018年9月、シビエの食肉への利活用と衛生管理、日本食品微生物学雑誌、35(3)、105-111. ✧
4. Kato K, Yoon Y, Umali RS, Boonmar S, Mineki M, Morita Y, 2018年7月, Prevalence of Bacterial Contamination in Samples of Uncooked Rice from Markets and Homes in Asian Countries, The Journal of home economics of Japan日本家政学雑誌、69(7)、496-502.✧
5. Motoya T, Nagasawa K, Matsushima Y, Nagata N, Ryo A, Sekizuka T, Yamashita A, Kuroda M, Morita Y, Suzuki Y, Sasaki N, Katayama K, Kimura H, 2017年12月、Molecular evolution of the VP1 gene in human norovirus GII.4 variants in 1974–2015, Frontiers in Microbiology, Front. Microbiol., 05 December 2017 | <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.02399>✧

IF : 4.019

See 1 citation found by title matching your search:

Front Microbiol. 2017 Dec 5;8:2399. doi: 10.3389/fmicb.2017.02399. eCollection 2017.

Molecular Evolution of the VP1 Gene in Human Norovirus GII.4 Variants in 1974-2015.

Motoya T^{1,2}, Nagasawa K³, Matsushima Y⁴, Naqata N¹, Ryo A⁵, Sekizuka T⁶, Yamashita A⁶, Kuroda M⁶, Morita Y⁷, Suzuki Y⁸, Sasaki N², Katayama K⁹, Kimura H^{3,5,10}.

Author information

Abstract

Human norovirus (HuNoV) is a leading cause of viral gastroenteritis worldwide, of which GII.4 is the most predominant genotype. Unlike other genotypes, GII.4 has created various variants that escaped from previously acquired immunity of the host and caused repeated epidemics. However, the molecular evolutionary differences among all GII.4 variants, including recently discovered strains, have not been elucidated. Thus, we conducted a series of bioinformatic analyses using numerous, globally collected, full-length GII.4 major capsid (VP1) gene sequences (466 strains) to compare the evolutionary patterns among GII.4 variants. The time-scaled phylogenetic tree constructed using the Bayesian Markov chain Monte Carlo (MCMC) method showed that the common ancestor of the GII.4 VP1 gene diverged from GII.20 in 1840. The GII.4 genotype emerged in 1932, and then formed seven clusters including 14 known variants after 1980. The evolutionary rate of GII.4 strains was estimated to be 7.68×10^{-3} substitutions/site/year. The evolutionary rates probably differed among variants as well as domains [protruding 1 (P1), shell, and P2 domains]. The Osaka 2007 variant strains probably contained more nucleotide substitutions than any other variant. Few conformational epitopes were located in the shell and P1 domains, although most were contained in the P2 domain, which, as previously established, is associated with attachment to host factors and antigenicity. We found that positive selection sites for the whole GII.4 genotype existed in the shell and P1 domains, while Den Haag 2006b, New Orleans 2009, and Sydney 2012 variants were under positive selection in the P2 domain. Amino acid substitutions overlapped with putative epitopes or were located around the epitopes in the P2 domain. The effective population sizes of the present strains increased stepwise for Den Haag 2006b, New Orleans 2009, and Sydney 2012 variants. These results suggest that HuNoV GII.4 rapidly evolved in a few decades, created various variants, and altered its evolutionary rate and antigenicity.

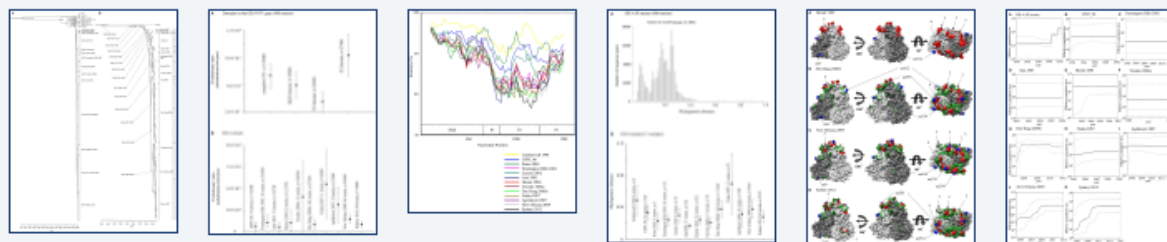
KEYWORDS: GII.4; Norovirus; VP1; bioinformatics; molecular evolution

PMID: 29259596 PMCID: [PMC5723339](#) DOI: [10.3389/fmicb.2017.02399](#)

Free PMC Article



Images from this publication. See all images (6) Free text



Full text links



Save items

☆ Add to Favorites

Similar articles

Molecular Evolution of the RNA-Dependent RNA Polymerase and Capsid G [Front Microbiol. 2017]

Genetic Analysis of Norovirus GII.4 Variant Strains Detected in Outbreaks [PLoS One. 2015]

Characterization of GII.4 noroviruses circulating among children with acute gastroenteritis [Infect Genet Evol. 2016]

Genotype distribution of norovirus around the emergence of Sydney 2012 variant [J Clin Virol. 2015]

Review Molecular epidemiology of noroviruses associated with acute sporadic cases [J Clin Virol. 2013]

See reviews...

See all...

Cited by 2 PubMed Central articles

Genetic characterization of norovirus GII.4 variants circulating in Canada [BMC Infect Dis. 2018]

Molecular epidemiology and spatiotemporal dynamics of norovirus associated with acute gastroenteritis [PLoS One. 2018]

Related information

Articles frequently viewed together

MedGen

References for this PMC Article

Free in PMC

Cited in PMC

Search details

Short
Communication

Correspondence

Yukio Morita
morita-yu@prof.gunma.jpReceived 19 January 2004
Accepted 12 March 2004Genetic diversity of the *dnaJ* gene in the
Mycobacterium avium complexYukio Morita,¹ Soichi Maruyama,² Hidenori Kabeya,² Akira Nagai,¹
Kunihisa Kozawa,¹ Masahiko Kato,³† Takashi Nakajima,⁴ Takeshi Mikami,²
Yasuji Katsube² and Hirokazu Kimura¹¹Gunma Prefectural Institute of Public Health and Environmental Sciences, Maebashi, Gunma, Japan²Laboratory of Veterinary Public Health, Department of Veterinary Medicine, College of Bioresource Science, Nihon University, Fujisawa, Kanagawa, Japan³Department of Podiatrics, Gunma University, School of Medicine, Maebashi, Gunma, Japan⁴Laboratory of Food Microbiology and Hygiene, Takasaki University of Health and Welfare, Takasaki, Gunma, Japan

The *Mycobacterium avium* complex (MAC) is associated with various diseases in humans as a zoonosis. The *dnaJ* gene was partially sequenced in Schaefer's 28 reference strains of MAC, 14 human MAC isolates and 22 veterinary isolates. From substitutions affecting 21–32 nucleotides, all strains could be classified into 14 groups. Most nucleotide substitutions did not alter amino acid sequences. Approximately 8% genetic diversity was seen in these strains, which divided into two clusters: cluster I (0.8% genetic diversity), comprising the reference strain serotypes 1–6, 8–11 and 21 and all isolates; and cluster II (7% genetic diversity), comprising the remaining reference strains. Analysis of the *dnaJ* gene in MAC may be useful in epidemiological studies.

Introduction

The *Mycobacterium avium* complex (MAC) can infect various animal hosts, including humans, swine and fowl (Ashford *et al.*, 2001; Pavlik *et al.*, 2000; Thorel *et al.*, 2001). MAC infections are especially likely to be lethal in fowl (Mijs *et al.*, 2002). *M. avium* consists of three subspecies: *M. avium* subsp. *avium*, *M. avium* subsp. *paratuberculosis* and *M. avium* subsp. *silvaticum* (Anz *et al.*, 1970; Thorel *et al.*, 1990). In humans, MAC can infect various tissues including lung, bone marrow and lymph node (Jagadha *et al.*, 1985). Most MAC strains reportedly show multiple drug resistance, impeding treatment of MAC infections (Reddy *et al.*, 1999). Importantly, MAC can cause systemic infections in immunocompromised hosts, including patients with AIDS (Ailly *et al.*, 1999; Jagadha *et al.*, 1985; Pozniak, 2002). Recent reports have demonstrated a relatively increased prevalence of MAC infections in AIDS patients (Pozniak, 2002).

MAC is composed of 28 Schaefer's serotypes, with serotypes 1–3 representing classical *M. avium* and serotypes 4–28

†Present address: Department of Allergy, Gunma Children's Medical Center, 1-1-1 Hokenji, Gunma, Japan.

Abbreviation: MAC, *Mycobacterium avium* complex.The GenBank/EMBL/DDBJ accession numbers for the *dnaJ* sequences of the *M. avium* complex strains are AB097876–AB097880, AB097882–AB097903 and AB109222.

representing classical *Mycobacterium intracellulare* (Wayne & Kubica, 1986). An international working group concerned with mycobacterial taxonomy has classified these into four MAC groups, with serotypes 1–6 and 8–11 belonging to *M. avium*, serotypes 7, 12–20, 23 and 25 belonging to *M. intracellulare*, serotype 27 resembling *Mycobacterium scrofulaceum*, and serotypes 21, 24, 26 and 28 remaining unclassified (Wayne *et al.*, 1993). Serologic determination in MAC is of practical value in epidemiological studies of infections in humans and animals (Schaefer, 1965, 1968; Wayne & Kubica, 1986). Genetic determinations in MAC also may be performed, using species-specific PCR analysis (Comincini *et al.*, 1998; Sola *et al.*, 1996; Thierry *et al.*, 1993; Valente *et al.*, 1997). However, relationships between MAC serotypes and genotypes are poorly understood.

The *dnaJ* gene, which encodes a stress protein, is highly conserved among bacterial genera (Bardwell *et al.*, 1986; Ohki *et al.*, 1986). Members of the *Mycobacteriaceae* possess the *dnaJ* gene, and its sequence in these organisms has proved useful in identification of species (Lathigra *et al.*, 1988; Takewaki *et al.*, 1993, 1994). Accumulating evidence suggests that phylogenetic analyses including the neighbour-joining method or/and the unweighted pair group method are useful for molecular epidemiological analysis in various microorganisms. However, such methods have seen little application in homologue and phylogenetic analyses of the *dnaJ*

The GenBank/EMBL/DDBJ accession numbers for the *dnaJ* sequences of the *M. avium* Complex strains are AB097876–B097880, AB097882– **AB097903** and AB109222.

[Format:](#) Abstract [Send to](#) [J Med Microbiol.](#) 2004 Aug;53(Pt 8):813-7.

Genetic diversity of the dnaJ gene in the Mycobacterium avium complex.

[Morita Y¹](#), [Maruyama S](#), [Kabeya H](#), [Nagai A](#), [Kozawa K](#), [Kato M](#), [Nakajima T](#), [Mikami T](#), [Katsube Y](#), [Kimura H](#).

Author information

Abstract

The Mycobacterium avium complex (MAC) is associated with various diseases in humans as a zoonosis. The dnaJ gene was partially sequenced in Schaefer's 28 reference strains of MAC, 14 human MAC isolates and 22 veterinary isolates. From substitutions affecting 21-32 nucleotides, all strains could be classified into 14 groups. Most nucleotide substitutions did not alter amino acid sequences. Approximately 8 % genetic diversity was seen in these strains, which divided into two clusters: cluster I (0.8 % genetic diversity), comprising the reference strain serotypes 1-6, 8-11 and 21 and all isolates; and cluster II (7 % genetic diversity), comprising the remaining reference strains. Analysis of the dnaJ gene in MAC may be useful in epidemiological studies.

PMID: 15272071 DOI: [10.1099/jmm.0.45601-0](#)

[Indexed for MEDLINE]





Using PubMed

[PubMed Quick Start Guide](#)

[Full Text Articles](#)

[PubMed FAQs](#)

[PubMed Tutorials](#)

[New and Noteworthy](#)

Mycobacterium avium complex dnaJ gene, partial cds, serovar:28

GenBank: AB097903.1

[FASTA](#) [Graphics](#)

Search

Go to: ☐

LOCUS AB097903 236 bp DNA linear BCT 26-JUL-2016

DEFINITION Mycobacterium avium complex dnaJ gene, partial cds, serovar:28.

ACCESSION AB097903

VERSION AB097903.1

KEYWORDS .

SOURCE Mycobacterium avium complex sp.

ORGANISM [Mycobacterium avium complex sp.](#)

Bacteria; Actinobacteria; Corynebacteriales; Mycobacteriaceae;

Mycobacterium; Mycobacterium avium complex (MAC).

REFERENCE 1

AUTHORS Morita,Y., Maruyama,S., Kabeya,H., Nagai,A., Kozawa,K., Kato,M., Nakajima,T., Mikami,T., Katsube,Y. and Kimura,H.

TITLE Genetic diversity of the dnaJ gene in the Mycobacterium avium complex

J. Med. Microbiol. 53 (PT 8), 813-817 (2004)

PUBMED [15272071](#)

REFERENCE 2 (bases 1 to 236)

AUTHORS Morita,Y.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (11-DEC-2002) Yukio Morita, Gunma Prefectural Institute of Public Health and Environmental Sciences; 378 Kamioki, Maebashi, Gunma 371-0052, Japan (E-mail: morita-yu@pref.gunma.jp, Tel:81-27-232-4881, Fax:81-27-234-8438)

FEATURES Location/Qualifiers

source 1..236
/organism="Mycobacterium avium complex sp."
/mol_type="genomic DNA"
/strain="9055 Mtthews"
/serovar="28"
/db_xref="taxon:[37162](#)"
/note="Schaefer's reference strain"

gene 13..>236
/gene="dnaJ"

CDS 13..>236
/gene="dnaJ"
/codon_start=1
/transl_table=[11](#)
/protein_id="BAD12806.1"
/translation="MAQREWVEKDFYKELGVSSDASPEEIKRAYRKLARDLHPDANPD
NPAAGERFKAVSEAHNVLSDPKRKEYDETR"

ORIGIN

```
1 gggtgacgcg gcatggccca gctgaatgg gtcgaaaag acttctataa ggagctgggc
61 gtctcctctg acgccagtc cgaagagatc aaacgcgcct atcgcaaatt ggcgcgcgat
121 ctgcaccgag acgccaaccc ggacaatccc gccgccggtg aacgggtcaa agcggtgtcg
181 gagggcgaca acgtgctgtc cgatccggcc aagcgcaagg agtacgacga aaccgcg
```

//

About GenBank

Submission Types

Submission Tools

Update GenBank Records

Search

BLAST

Statistics

Sample Record

Revision History

Sequence IDs

sequence database, an annotated collection of all publicly available DNA sequences ([Nucleic Acids](#) 2). GenBank is part of the [International Nucleotide Sequence Database Collaboration](#), which comprises (J), the European Nucleotide Archive (ENA), and GenBank at NCBI. These three organizations exchange

two months and is available from the [ftp site](#). The [release notes](#) for the current version of GenBank the release and notifications of upcoming changes to GenBank. Release notes for [previous GenBank](#) ank growth statistics for both the traditional GenBank divisions and the WGS division are available from [statistics](#) for both the traditional GenBank divisions and the WGS division are available from each release.

[Record](#) for a *Saccharomyces cerevisiae* gene demonstrates many of the features of the GenBank flat file

and retrieve data from GenBank.

ence identifiers and annotations with [Entrez Nucleotide](#), which is divided into three divisions: collection), [dbEST](#) (Expressed Sequence Tags), and [dbGSS](#) (Genome Survey Sequences).

sequences to a query sequence using [BLAST](#) (Basic Local Alignment Search Tool). BLAST searches

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected:0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results 							
	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/>	Mycobacterium marseillense strain FLAC0026, complete genome	111	111	100%	1e-21	100%	CP023147.1
<input type="checkbox"/>	Mycobacterium avium complex dnaJ gene, partial cds, serovar:18	111	111	100%	1e-21	100%	AB097893.1
<input type="checkbox"/>	Mycobacterium chimaera strain FLAC0070, complete genome	100	100	100%	2e-18	97%	CP023151.1
<input type="checkbox"/>	Mycobacterium intracellulare strain FLAC0181, complete genome	100	100	100%	2e-18	97%	CP023149.1
<input type="checkbox"/>	Mycobacterium intracellulare strain FLAC0133, complete genome	100	100	100%	2e-18	97%	CP023146.1
<input type="checkbox"/>	Mycobacterium chimaera strain SJ42, complete genome	100	100	100%	2e-18	97%	CP022223.1
<input type="checkbox"/>	Mycobacterium chimaera strain ZUERICH-1 chromosome, complete genome	100	100	100%	2e-18	97%	CP015272.1
<input type="checkbox"/>	Mycobacterium chimaera strain ZUERICH-2 chromosome, complete genome	100	100	100%	2e-18	97%	CP015267.1
<input type="checkbox"/>	Mycobacterium chimaera strain DSM 44623 chromosome, complete genome	100	100	100%	2e-18	97%	CP015278.1
<input type="checkbox"/>	Mycobacterium chimaera strain CDC 2015-22-71, complete genome	100	100	100%	2e-18	97%	CP019221.1
<input type="checkbox"/>	Mycobacterium yongonense strain Asan 36527, complete genome	100	100	100%	2e-18	97%	CP015965.1
<input type="checkbox"/>	Mycobacterium yongonense strain Asan 36912, complete genome	100	100	100%	2e-18	97%	CP015964.1
<input type="checkbox"/>	Mycobacterium colombiense CECT 3035, complete genome	100	100	100%	2e-18	97%	CP020821.1
<input type="checkbox"/>	Mycobacterium chimaera strain Mycobacterium chimaera MC045 genome assembly, chromosom	100	100	100%	2e-18	97%	LT703505.1
<input type="checkbox"/>	Mycobacterium chimaera strain AH16 chromosome, complete genome	100	100	100%	2e-18	97%	CP012885.2
<input type="checkbox"/>	Mycobacterium intracellulare subsp. yongonense 05-1390 chromosome, complete genome	100	100	100%	2e-18	97%	CP003347.1
<input type="checkbox"/>	Mycobacterium indicus pranii MTCC 9506, complete genome	100	100	100%	2e-18	97%	CP002275.1
<input type="checkbox"/>	Mycobacterium sp. MOTT36Y, complete genome	100	100	100%	2e-18	97%	CP003491.1
<input type="checkbox"/>	Mycobacterium intracellulare MOTT-64, complete genome	100	100	100%	2e-18	97%	CP003324.1

論文に記載されている遺伝子情報



論文が受理された時点で公開
誰でも使用できる。



この遺伝子情報を使って誰でも使用で
きるツールを提供しています

遺伝子を読み取ると何の遺伝子か検索
ができます。

デング熱

病原体： フラビウイルス科フラビウイルス属に属するデングウイルス

潜伏期： 2～15日（多くは3～7日）

症 状： 突然の高熱、頭痛、眼（か）痛、顔面紅潮、結膜充血を伴い、
発熱は2～7日間持続（二峰性であることが多い）。
初期症状に続き、全身の筋肉痛、骨関節痛、全身倦怠感を
呈する。
発症後3～4日後、胸部、体幹から始まる発疹が出現し、四
肢、顔面に広がる。症状は1週間程度で回復します。

ごくまれに一部の患者において、発熱2～7日後、血漿漏出
に伴うショックと出血傾向を主な症状とする致死的病態が出
現することがある。 → デング出血熱

デング熱

1. デング熱は森や林、ジャングル、田舎で感染する？
デングウイルスの媒介蚊はヒトの住環境が発生母地で都市部で流行します。
2. 日本国内ではデング熱が流行したことがない？
1942から1945年にかけて、神戸・大阪・広島・呉・佐世保・長崎などで約20万人に上る温帯地域最大のデング熱流行が発生した。
3. デングウイルスを媒介する蚊は日本国内にはいない？
デング熱を媒介する蚊は、ネッタイシマカとヒトスジシマカで、ヒトスジシマカは東北地方以南に生息し夏季には活発に活動している。
4. デングウイルスは猫や犬やネズミに感染する。
デングウイルスは霊長類以外の動物には感染しません！

デング熱

5. デング熱患者（ウイルス血症）の血液を吸血した蚊は7日以上（7日～10日）たたないと感染性を獲得しない。
6. 感染性を獲得しか蚊が生んだ卵がかえって蚊となった場合、その蚊は感染性を有しない
7. ウイルス血症となっている期間は発病日の前日から発症後5日後の約6日間
7. 蚊の成虫の生存期間は約40日
[卵→（数日から1週間）→幼虫→（約10日）→成虫→約40日間生存]

An Imported Dengue Fever Case by Dengue Virus 3 (DENV-3) Infection in Gunma, Japan

Yukio Morita*, Hayato Kogure¹, Mitsuru Sandoh¹, Gihei Kawashima¹, Yoshitake Sato¹,
Sadao Nanba¹, Yoshihiro Shoda², Tomoyuki Suzuki, Masataka Shiono, Masae Shiobara,
Masahiko Kato, Kunihiisa Kozawa, Masahiro Noda³, Nobuhiko Okabe⁴ and Hirokazu Kimura⁴

*Gunma Prefectural Institute of Public Health and Environmental Sciences; ¹Department of
Internal Medicine, General Ota Hospital, Society of Health Insurance of Fuji Heavy Industries, Ltd.;*

²Gunma Prefectural Ota Public Health Center, Gunma; and ³Department of Virology III and

⁴Infectious Disease Surveillance Center, National Institute of Infectious Diseases, Tokyo, Japan

Communicated by Ichiro Kurane

(Accepted November 26, 2007)

Dengue Bulletin – Volume 32, 2008

Imported dengue fever cases in Gunma prefecture, Japan

***Yukio Morita^{a#}, Tomoyuki Suzuki^a, Kunihiisa Kozawa^a, Masahiro Noda^b,
Nobuhiko Okabe^c, Hirokazu Kimura^c***

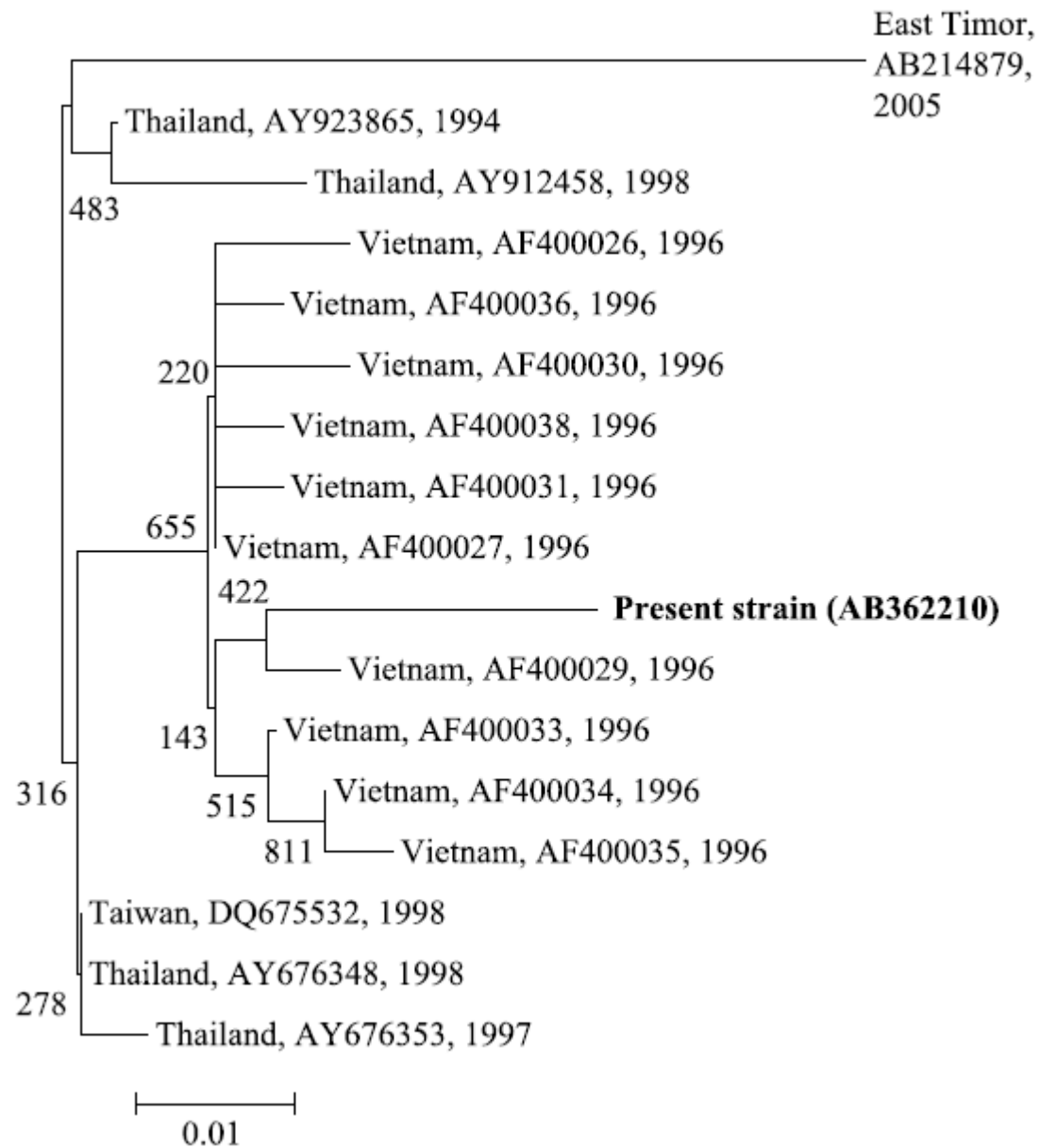
*^aGunma Prefectural Institute of Public Health and Environmental Sciences, 378 Kamioki, Maebashi,
Gunma 371-0052, Japan*

and

Tokyo Kasei University, 1-18-1 Kaga, Itabashi, Tokyo 173-8602, Japan

^bDepartment of Virology III, National Institute of Infectious Diseases, Musashimurayama-shi, Tokyo, Japan

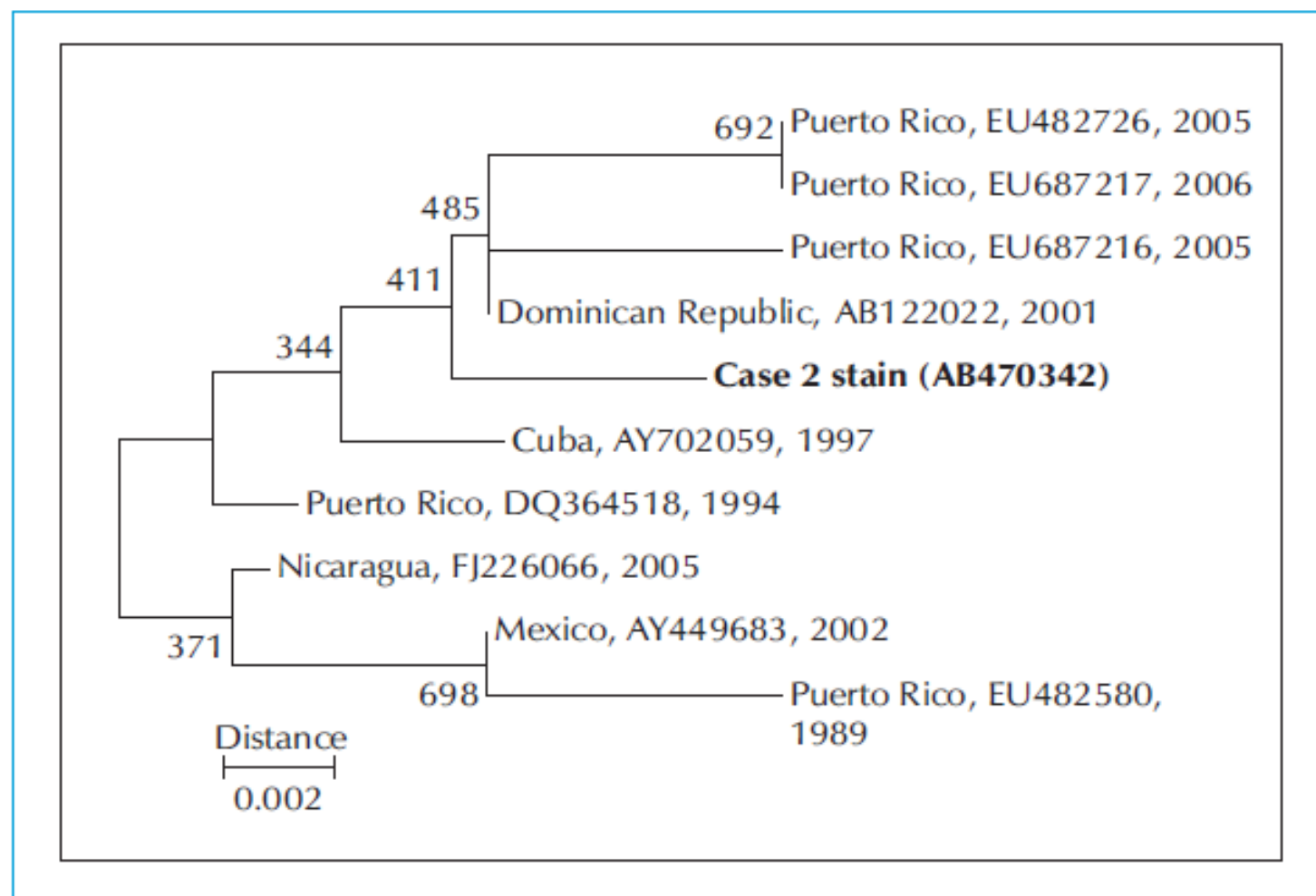
*^cInfectious Disease Surveillance Center, National Institute of Infectious Diseases,
Musashimurayama-shi, Tokyo, Japan*



デングウイルス3型 ・ ベトナムからの輸入感染例

Figure 2: Phylogenetic tree based on the E sequences of DENV-2

[Phylogenetic distance was calculated using Kimura's two-parameter method, and the tree was plotted using the neighbor-joining method. Numbers at each branch indicate the bootstrap values of the clusters supported by that branch. Inscriptions indicate the country where the dengue virus gene was detected, GenBank accession numbers, and collection year.]



PubMedは米国国立医学図書館が無料で提供するデータベース
どこでも検索可能 論文だけでなく遺伝子情報等多くのデータベース保有

- ☐ [Molecular Evolution of the VP1 Gene in Human Norovirus GII.4 Variants in 1974-2015.](#)
 1. Motoya T, Nagasawa K, Matsushima Y, Nagata N, Ryo A, Sekizuka T, Yamashita A, Kuroda M, **Morita Y**, Suzuki Y, Sasaki N, Katayama K, **Kimura H**.
Front Microbiol. 2017 Dec 5;8:2399. doi: 10.3389/fmicb.2017.02399. eCollection 2017.
PMID: 29259596 **Free PMC Article** 
[Similar articles](#)
- ☐ [Molecular evolution of the capsid gene in human norovirus genogroup II.](#)
 2. Kobayashi M, Matsushima Y, Motoya T, Sakon N, Shigemoto N, Okamoto-Nakagawa R, Nishimura K, Yamashita Y, Kuroda M, Saruki N, Ryo A, Saraya T, **Morita Y**, Shirabe K, Ishikawa M, Takahashi T, Shinomiya H, Okabe N, Nagasawa K, Suzuki Y, Katayama K, **Kimura H**.
Sci Rep. 2016 Jul 7;6:29400. doi: 10.1038/srep29400.
PMID: 27384324 **Free PMC Article** 
[Similar articles](#)
- ☐ [A food-borne outbreak of gastroenteritis due to genotype G1P\[8\] rotavirus among adolescents in Japan.](#)
 3. Mizukoshi F, Kuroda M, Tsukagoshi H, Sekizuka T, Funatogawa K, **Morita Y**, Noda M, Katayama K, **Kimura H**.
Microbiol Immunol. 2014 Sep;58(9):536-9. doi: 10.1111/1348-0421.12176.
PMID: 25040046 **Free Article** 
[Similar articles](#)
- ☐ [Triplex real-time polymerase chain reaction assay for detection and quantification of norovirus \(GI and GII\) and sapovirus.](#)
 4. Niwa S, Tsukagoshi H, Ishioka T, Sasaki Y, Yoshizumi M, **Morita Y**, **Kimura H**, Kozawa K.
Microbiol Immunol. 2014 Jan;58(1):68-71. doi: 10.1111/1348-0421.12107.
PMID: 24117901 **Free Article** 
[Similar articles](#)

私の考え

著書: 査読は無い。編集者が責任をもってチェック⇒ある程度の自己主張ができる
研究者としてはほとんど評価されない⇒研究者? 専門家としての義務
掲載し、販売部数に応じて執筆料が支払われる

著書(2018 年:H30 年 11 月 18 日現在)⇐

1. 森田幸雄, 2018 年 9 月 11 日発行, 実用ポケット 食品衛生微生物辞典, 幸書房, ISBN-10: 4782104294、ISBN-13: 978-4782104293⇐
2. 森田幸雄, 2016 年 3 月発行, 第 4 章 4.1 食中毒の概要、4.2 食中毒の発生状況、4.3 微生物による食中毒、4.4 人獣共通感染症 P47-98、第 9 章衛生行政と関連法規 9.3HACCP の普及 P222-225、図解、食品衛生学第 5 版食べ物の健康、食の安全性、257、(株)講談社 ISBN978-4-06-139844-3⇐
3. 森田幸雄, 2014 年 10 月発行, 1-7 培養法 p57-58, 5 病原微生物 p367-379, 食品危害要因物質・その実態と検出法, 544, (株)テクニクスシステム⇐
ISBN:978-4-924728-71-4⇐
4. 森田幸雄, 2014 年 4 月発行, 第 4 章 3 抗酸菌による人獣共通感染症p105-108, 獣医公衆衛生学Ⅱ, 322, 文永堂⇐
ISBN:978-4-8300-3251-6 ⇐

私の考え

専門雑誌：査読があるものもあり。依頼原稿は通常査読は無い。

編集者がチェック⇒自己主張ができる

研究者としてはほとんど評価されない⇒研究者？専門家としての義務

掲載について執筆料が支払われる

専門雑誌(2018年：H30 年11月18日現在)⇩

1. 森田幸雄、2018年12月、腸管出血性大腸菌による食中毒の発生要因と発生予防のための検査、月刊HACCP、2*(12)、***-***。(投稿済み)⇩
2. 森田幸雄、2018年11月、食鳥処理場・食肉加工工場におけるカンピロバクター対策、月刊食品工場長、259、22-26. ⇩
3. 森田幸雄、木村博一、2018年03月、HACCP総論―食肉・食鳥肉のゼロレランスによる微生物制御―、感染制御と予防衛生、2(1)、28-33(査読済み).⇩
4. 森田幸雄、2018年02月、ジビエの衛生管理とジビエ処理施設に要求されるもの、獣医畜産新報、71(2)、99-103. ⇩
5. 森田幸雄、2017年10月、ジビエの衛生管理、食と健康、730、48-55. ⇩
6. 森田幸雄、木村博一、2017年9月、ノロウイルス制御とHACCP、感染制御と予防衛生、1(1)、31-36(査読済み).⇩
7. 木村博一、長澤耕男、森田幸雄、吉住あゆみ、水越文徳、藤田清貴、2017年9月、ヒトノロウイルス感染症の疫学・分子疫学に関する最新の知見、感染制御と予防衛生、1(1)、12-18(査読済み).⇩
8. 森田幸雄、加藤千晶、2017年7月、食品表示の今昔、月間フードケミカル、33(7)、118-123. ⇩

私の専門

「食肉衛生」・・・ HACCP、 ジビエ、 ハラルなど

「食中毒・感染症」………… カンピロバクター、サルモネラ、
狂犬病、ノロウイルスなど

私は研究者としては二流です。

しかし、大学卒業後の24年間の行政経験＋9年間の大学経験が私の大学教授としての糧です。

多くの友人が世界中にいます＝インターネットの普及

インターネットの普及によって情報（特に公表論文等のタイトル）は無料で検索が可能

ただ、著作権等々があり、内容を見るにはお金を支払うことが、論文・学術雑誌を出版する会社求めている場合あり

機関リポジトリしていただければ、私はとても助かります

私が思っていること

大学教員は(専門の)情報公開を実施するのは
“あたりまえ”

情報公開したものが論文・専門誌・雑誌・新聞
↑ 評価

積極的に機関リポジトリをしていただければ、多くの情報を公開でき、入手できる

「情報(仕事・人)は公開しているところに集まってきます」