

微量元素による農産物の産地判別システムにおけるSPHによる絞り込み

佐藤 永欣[†] 上原 稔[‡] 玉岡 迅[†] 下村 謙一郎[†] 山本 浩文[†] 上條 賢一[†]

E-mail: jju@prrc.itakura.toyo.ac.jp, uehara@cs.toyo.ac.jp,
{tamaoka,j,shimomur,yamamoto,kamijo}@itakura.toyo.ac.jp

[†]東洋大学植物機能研究センター [‡]東洋大学工学部情報工学科

近年、農産物の産地偽装が問題となっている。そこで我々は、野菜類の微量元素含有量を蓄積、比較することでその産地を判別する分散型産地判別システムを開発中である。本システムは、各地の出荷団体に配したデータベースに微量元素含有量の分析結果を蓄積し、流通経路上の野菜類の微量元素含有量と比較することで野菜類の産地を判別し、トレーサビリティシステムの情報を検証することを目的としている。本システムでは産地判別を行う際に、該当する野菜の産地のデータベース全てに対してクエリを発行する必要がある。本論文では、Similarity Preserve Hash (SPH) を用いてクエリを発行するデータベース数を減らす手法について述べる。

Site Selection by SPH on Geographical Origin Identification System of Vegetables by Trace Element Analysis

Nobuyoshi Sato[†] Minoru Uehara[‡] Jin Tamaoka[†] Koichiro Shimomura[†]

Hirobumi Yamamoto[†] Kenichi Kamijo[†]

[†]Plant Regulation Research Center, Toyo University

[‡]Dept. of Information and Computer Sciences, Toyo University

Recently, camouflaging of geographical origin of agricultural products is problem. Therefore, we are now developing a geographical origin identification system by analyzing, accumulating and comparing trace elements. This system stores trace element analysis data into databases which located in many farming districts. The system is proposed to confirm geographical origin information on traceability system, by comparing trace elements in farming districts and distribution channel. However, all databases might be queried to identification. In this paper, we describe a method to reduce the number of databases queried by using Similarity Preserve Hash (SPH).

1 はじめに

ここ10年ほど、BSEや輸入野菜の残留農薬問題、産地偽装など、食品の安全や信頼に関わる事件が多発した。2000年のJAS法改正は農産物の原産地表示を義務付けたが、それ以降も産地偽装が発覚している。

BSE問題を直接の契機として、食品トレーサビリティを導入し、農産物の生産者・流通業者を明確化することにより、偽装表示や農薬などの不正使用を防止し、食品の安全性と信頼を確保しようという試みがある[1]。すなわち、生産・加工・流通の各段階で農薬類の使用状況の記録をとり、製品の出自を明らかにすることで産地偽装の防止と安全性を確保し、消費者の信頼を取り戻そうという試みである。食品トレーサビリティシステムでは、流通用パッケージなどにバーコードやRFIDタグによるIDを割り当て、追跡する。また、流通課程での食品の加工や小分けによりIDが再割り当てされることもあるため、パッケージの中身のすり替えや、加工時の不正行為の可能性もある。

そこで我々は、野菜などの農産物にごく微量に含まれる元素の含有量を測定、蓄積、比較することで農産物の産地を判別するシステムを提案した[2][3]。野菜などの植物は土壌中に微量に含まれる金属イオンを生育中に吸収する。土壌の組成は産地や圃場によって違うため、土壌中の微量元素の含有量とこれらを吸収した植物体内の微量元素の含有量は産地や圃場によって異なった特徴を示すと考えられる。本システムでは、各産地の農産物出荷団体などに配したデータベース

に出荷した農産物の微量元素含有量を蓄積し、流通経路上の農産物の微量元素含有量と比較することで産地を判別する。本システムはトレーサビリティシステムと違い、農産物そのものを分析、比較する手法であるため、偽装は困難と考えられる。

本システムは、産地判別の規準となるの測定データそのものの偽装の可能性を最小限に抑えるため、出荷団体に設置したデータベースに、出荷した農産物の微量元素含有量を蓄積する。したがって、流通経路上の農産物の産地を判別する際には、各産地のデータベースに対して、微量元素含有量を問い合わせるクエリが発生する。P2Pなどに代表されるような分散検索システムでは情報、すなわち単語の有無をもとにクエリ送信するかどうか決める。しかし、本システムでは、産地判別に用いる元素のデータは全サイトが持っているため、クエリの対象は同じ作物、品種、近い出荷日のデータを蓄積している全サイトとなる。これは時として膨大な数となる。

そこで、本論文では、類似した入力に対して類似した出力を与えるハッシュ関数である Similarity Preserve Hash (SPH)[4]を用いて、クエリの対象となるサイトを絞り込む手法について述べる。

本論文の構成は以下の通りである。第2章では、関連研究として微量元素分析による農産物産地判別とSPHについて述べる。第3章では本システムの概要を述べ、第4章でSPHによるクエリ対象サイトの絞り込みについて述べる。第5章では評価を述べ、最後にまとめを述べる。

2 関連研究

2.1 微量元素分析による産地判別

微量元素によるワイン [5][6]、コーヒー [7]、茶 [8]、ジャガイモ [9]、オレンジジュース [10] 等の産地判別が主にヨーロッパで研究されてきた。

微量元素の含有量の他に、安定同位対比や有機成分の違いも産地判別に用いている研究もある。その一方で、日本国内では最近になってネギ [11]、タマネギ [12]、玄米 [13] などの微量元素分析等による産地判別の研究が行われているが、体系的な研究は行われていない。

これらの微量元素分析による産地判別の研究では微量元素の含有量の違いを利用した産地判別が可能であることは示されているが、判定・特定するには至っていない。すなわち、産地の違いは判別可能であるが、同定するためには各産地の微量元素含有量のデータの蓄積が必要である。我々は [2][3] において、本システムを提案するとともにシミュレーションを行った。微量元素含有量を各産地で蓄積し、流通経路上の農産物の微量元素含有量との相関係数を計算することにより、農産物の産地判別が可能であることを示した。

2.2 Similarity Preserve Hash

Similarity Preserve Hash (SPH) は類似した入力に対して類似した出力を与えるベクトル空間モデルに基づくハッシュ関数である。通常のハッシュ関数は入力の長さには依存しないが、SPH の特徴を生かすためには、入力は全て任意の固定長である必要がある。すなわち、 m 次元のベクトルを入力する必要がある。SPH では n ビットの出力を得るために n 個のランダムベクトルを用意する。ランダムベクトルを変更すると SPH の値も変わる。したがって、データの蓄積開始後のランダムベクトル変更は高コストである。

m 次元空間内の n 個のランダムベクトル $R_n = (r_{n,1} \dots r_{n,m})$ を生成し、ハッシュ値計算の規準とする。ハッシュ値を計算する対象のベクトル $S = (s_1 \dots s_m)$ とする。 R_n と S のなす角 d_n は以下のように計算できる。

$$d_n = \frac{\sum (s_m - \bar{s})(r_{n,m} - \bar{r}_n)}{\sqrt{\sum (s_m - \bar{s})^2} \sqrt{\sum (r_{n,m} - \bar{r}_n)^2}}$$

ただし、 \bar{s} は $s_1 \dots s_m$ の平均、 \bar{r}_n は $(r_{n,1} \dots r_{n,m})$ の平均である。 d_n を用いて、 S のハッシュ値の n ビット目 h_n は、以下ようになる。

$$h_n = \begin{cases} 1 & d_n \geq 0 \\ 0 & d_n < 0 \end{cases}$$

SPH を検索に用いるときは、クエリのベクトル Q の SPH によるハッシュ値 $SPH(Q)$ を用いて検索する。しかし、 Q と等しいベクトルを検索する場合以外は、ヒットすべきベクトル R の SPH によるハッシュ値 $SPH(Q)$ が必ずしも同じ値を持たないことに注意する必要がある。すなわち、SPH を検索に利用する場合、 $SPH(Q)$ から数ビット程度以内のハミング距離にある全ての $SPH(R)$ が検索すべき範囲となる。ハッシュ値が k ビット幅のとき l ビットハミングすると、 l ビット以内のハミング距離にある全ての $SPH(R)$ の場合の数 a は、 $a = \sum_{i=1}^l k C_i$ となる。 k および l の値によっては

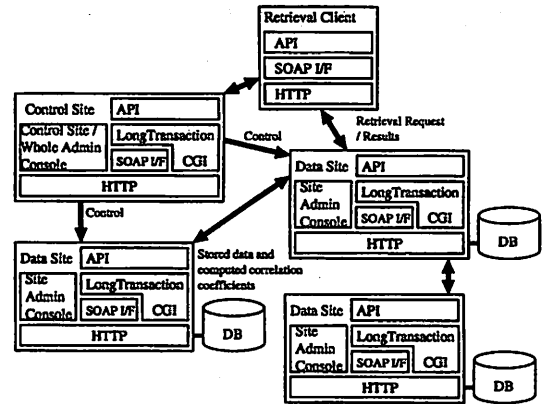


Fig. 1. 分散産地判別システムの概要

組合せが爆発する。我々は、ハミングさせるビットを制限することで、 $a = \sum_{i=1}^l k C_i$ 程度の場合の数で済むことをシミュレーションで確認した。詳しくは後述する。

3 微量元素分析による農産物の産地判別

まず、微量元素含有量を用いた農産物の産地判別手法について述べる。我々が提案した手法は、出荷した農産物と流通経路上の農産物の微量元素含有量のベクトルを比較し、両者の角度がほぼ 0 であれば、産地であると判定する。微量元素含有量はあらかじめ正規化する。ベクトルの比較は相関係数を計算することで行う。

m 種類の元素の測定値のベクトル $S_i = (s_{i,1} s_{i,2} \dots s_{i,m})$ で出荷された農産物の微量元素含有量を表す。 i は出荷された農産物の識別番号とする。流通経路上で入手した農産物の微量元素含有量をベクトル $U = (u_1 u_2 \dots u_m)$ とすると、二つのベクトルの相関係数 $r_{S_i, U}$ は、

$$r_{S_i, U} = \frac{\sum (s_{i,m} - \bar{s}_i)(u_m - \bar{u})}{\sqrt{\sum (s_{i,m} - \bar{s}_i)^2} \sqrt{\sum (u_m - \bar{u})^2}} = \cos \theta_{S_i, U}$$

となる。 $r_{S_i, U}$ が 1 に近い閾値を超えたとき、 S_i と U は同一の圃場で生産されたと判断する。ただし、閾値を超える S_i は複数ある可能性がある。また、 $r_{S_i, U}$ が最大となる S_i が U の産地とは限らない。

流通経路上での不正を最小限に抑えるため、微量元素の含有量は各産地の農家や出荷団体、農業試験場などにおいて測定し、蓄積することが望ましい。そこで、微量元素分析結果を蓄積するデータベースを各地の計算機に分散配置し、相関係数の計算も各地の計算機で並列に実行することで、計算時間の短縮を図る。Fig.1 にこの構成図を示す。微量元素分析結果データベースは、各地の農業試験場など、測定機器を持つ機関に Data Site として分散配置する。また、各産地での不正に対応するため、Control Site を出荷団体の全国組織などに 1 台配置する。各構成要素間の通信は SOAP によるメッセージ交換を用いる。また、この他に検索クライアントがある。

4 SPH によるクエリ対象サイトの絞り込み

ここで、SPH を用いたクエリ対象サイトの絞り込みについて述べる。提案手法は出荷された野菜類の微量元素含有量を分散配置したデータベースに蓄積し、ベクトルとして検索・

比較し、類似したものを検索する。提案手法で取り扱うベクトルは密である。したがって、分散検索のように語で構成された疎ベクトルの語の有無だけを用いて検索対象サイトを絞り込めない。そこで、SPH を用いて類似したベクトルを持つサイトを絞り込む。

産地判別は、基準化したベクトルの比較により行う。したがって、SPH 計算のためのランダムベクトルは基準化したベクトルに合わせて生成する必要がある。一方、生成したランダムベクトルを用いてデータの蓄積を開始した後、ランダムベクトルを変更する場合、全てのデータの SPH を再計算する必要がある。データの蓄積が進むにつれて、ベクトルを基準化するための蓄積データの平均値と標準偏差は変化するが、データ量がある程度多ければほとんど変化しない。したがって、データの蓄積がある程度進んだ時点でランダムベクトルを再生成すれば、以後はランダムベクトルの再生成と SPH 再計算というコストの高い処理は不要と考えられる。

まず、ランダムベクトルを生成するため、蓄積データの平均値と標準偏差を計算する手順を述べる。この手順は基準化行列の計算のための平均値・標準偏差の計算にも用いる。

1. 各データの平均の計算

サイト i における元素 e のデータの平均値 $\bar{x}_{i,e}$ は、

$$\bar{x}_{i,e} = \frac{1}{m_i} \sum_{j=1}^{m_i} x_{ije}$$

となる。ここで、 x_{ije} はサイト i における j 番目に蓄積されたサンプルの元素 e の含有量である。 e の各サイトの全てのサンプルの平均値 $\bar{x}_{..e}$ は、

$$\bar{x}_{..e} = \frac{1}{\sum_{i=1}^n m_i} \sum_{i=1}^n m_i \bar{x}_{i,e}$$

となる。 $\bar{x}_{i,e}$ は各サイトローカルのデータのみで計算可能である。各サイトで計算した $\bar{x}_{i,e}$ と m_i を Control Site が収集し、 $\bar{x}_{..e}$ を計算する。

2. 各データの標準偏差の計算

全サイトの元素 e の標準偏差 s_e は、

$$s_e = \sqrt{\frac{1}{\sum_{i=1}^n m_i - 1} \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^{m_i} (x_{ije} - \bar{x}_{..e})^2}$$

$$= \sqrt{\frac{1}{\sum_{i=1}^n m_i - 1} \sum_{i=1}^n d_{ie}}$$

となる。ただし、 $d_{ie} = \sum_{j=1}^{m_i} (x_{ije} - \bar{x}_{..e})^2$ はサイト i における元素 e の残差平方和である。各サイトで d_{ie} を計算したのち、Control Site がこれを収集し、 s_e を計算する。

ランダムベクトル R は $\bar{x}_{..e}$ と s_e に基づき、正規分布するように Control Site が生成し、Data Site に配布する。次に、以下のように蓄積データを正規化し、それぞれの SPH を計算する。

1. サイト i における j 番目のサンプルの基準化ベクトルを $Y_{ij} = (y_{ij1} \ y_{ij2} \ \dots \ y_{ijl})$ とすると、規準化ベクトルの各要素は、元素を e として

$$y_{ije} = \frac{x_{ije} - \bar{x}_{..e}}{s_e}$$

で計算できる。 Y_{ij} はサイト i で各自計算可能である。ここで l は蓄積データの元素数、すなわちベクトルの次元である。

2. サイト i は R を元に Y_{ij} の SPH によるハッシュ値 $\text{SPH}_R(Y_{ij})$ を計算する。 R が新規に生成された場合はサイト i は全ての j の $\text{SPH}_R(Y_{ij})$ を計算する。 j が追加された場合は追加された j に対して $\text{SPH}_R(Y_{ij})$ を計算する。

3. サイト i は $\text{SPH}_R(Y_{ij})$ を Control Site に送る。この時、出荷日時などの絞り込みに有用な属性も送る。Control Site はこれらを記録し、検索に備える。

次に、産地判別の動作を述べる。

1. 検索クライアント c は産地判別をしたい農産物の微量元素分析データのベクトル $U = (u_1 \ u_2 \ \dots \ u_l)$ から SPH によるハッシュ値 $\text{SPH}_R(U)$ を計算する。 U はあらかじめ正規化されている。

2. c は作物名、品種、 $\text{SPH}_R(U)$ と出荷日時を Control Site に送り、絞り込みを依頼する。

3. Control Site は $\text{SPH}_R(Y_{ij})$ の中から $\text{SPH}_R(U)$ と数ビット以内の全ての SPH $h(\text{SPH}_R(U))$ を持つサイト i の集合 S をリストし、 c に回答する。

4. c は $s \in S$ に $h(\text{SPH}_R(U))$ である蓄積データの微量元素含有量 Y_{ij} を得る。

5. c は蓄積データと産地を判別したい農産物の微量元素含有量データの相関係数を以下のように計算する。

$$r_{(Y_{ij}U)} = \frac{\sum_{e=1}^l (u_e - \bar{u})(y_{ije} - \bar{y}_{ij.})}{\sqrt{\sum_{e=1}^l (u_e - \bar{u})^2} \sqrt{\sum_{e=1}^l (y_{ije} - \bar{y}_{ij.})^2}}$$

6. c は適当な閾値 t を越えた $r_{(Y_{ij}U)}$ を持つ i, j を産地判別の結果とする。複数ある場合、品種、産地、日時が一致していれば正当なものとする。一致しない場合は全てをユーザに示す。

ここで、SPH のビット列のうち、をハミングするビットを制限することでハミングした SPH の数を減らす方法について述べる。図 2 に SPH を求める方法の模式図を示す。図 2 において、 Q はクエリとなる微量元素含有量を表すベクトル、 A, B は蓄積されたデータの微量元素含有量のベクトル、 $R_0 \sim R_7$ は SPH を求めるためのランダムベクトルである。

前にも述べたようにベクトル Q の SPH は、 Q とランダムベクトル $R_0 \sim R_7$ の相関係数をそれぞれ $d_0 \sim d_7$ とすると、 Q の SPH の各ビット $h_0 \sim h_7$ は以下のように計算される。

$$h_m = \begin{cases} 1 & d_m \geq 0 \\ 0 & d_m < 0 \end{cases}$$

したがって、図 2 の例では、 Q の SPH は、01110101 となる。また、 Q の近傍のベクトル A の SPH は、01110101 となり Q の場合と一致する。しかし、 A と同程度 Q から離れた近傍のベクトル B の SPH は 01110001 となり、一致しない。 B の場合は、 R_2 の値が異なるが、クエリ Q の近傍のベクトルとしては A と同程度の値であり、検索結果から洩れてはならない。

ここで、 B の SPH の値が異なったのは、 d_2 が負となったためである。つまり、 Q の SPH を求める時、符号が反転しやすい R_n 、すなわち Q とほぼ直交する R_n を優先的にハ

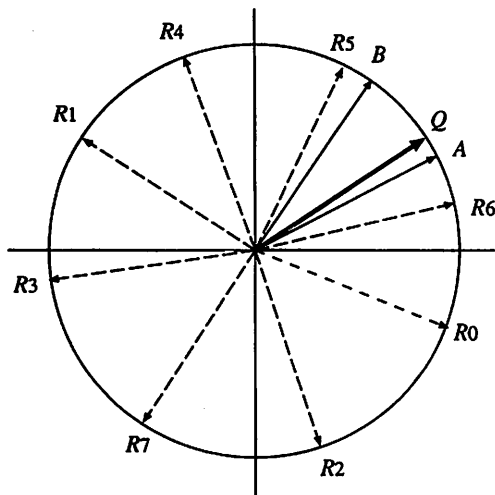


Fig. 2. SPH の模式図

ミングさせれば良い。一方で、 Q と全く直交しないベクトル (図 2 では R_3 、 R_6 など) は Q の近傍の点を探す場合にはハミングさせても意味がない。以上から、 d_n の絶対値が小さい順にハミングさせれば効率が良い。

5 評価

提案した産地判別技法は流通経路上で取得した野菜類の微量元素含有量をクエリとして、各産地の野菜類の出荷時の微量元素含有量との相関係数を計算して比較・検索する方式である。SPH を使用しない場合、蓄積された全ての微量元素分析結果のデータが比較対象となる。SPH を使用する場合、SPH の値に基づいて相関係数が 1 に近くなりそうな各産地の微量元素含有量データだけが比較・検索の対象となる。産地判別の計算の効率化が期待できるが、その反面、比較・検索の対象から洩れるデータが出る恐れがある。

図 3 にクエリの SPH をハミングさせるビット数とヒット件数の関係を示す。ここでは、正規分布に基づいてランダムに生成した 10 万件の 6 元素からなる微量元素含有量蓄積データにたいして、10 万回の検索を行った。検索クエリは蓄積データと同様に生成した。6 次元のベクトル 32 個からなるランダムベクトルにより、32 ビットの SPH によるハッシュ値を生成した。図 3 において、「3 ビットハミング」は検索クエリの SPH から 0 ビットから 3 ビットのハミング距離にあるビット列を用いて検索した結果を示す。なお、ヒットとみなす相関係数の閾値は最も緩い 0.990 を用いた。図 3 より、6 元素、10 万件程度の微量元素含有量データの集合であれば、32 ビットの SPH を用いた時に、クエリの SPH から 3 ビット以内のハミング距離にある蓄積データの SPH を検索対象とすれば十分であるとわかる。なお、この結果は産地判別に用いる元素数や蓄積データの件数に左右されると思われる。蓄積データの件数が少ない場合は、SPH のビット数自体少なくてもよいと考えられる。

図 4 に、10 万件の各クエリに対して 3 ビット以内のハミング距離にある 32 ビットのビット列を列挙し、ハミングしたビット列一つあたりのヒット件数を測定した結果を示す。ほとんどのハミングしたビット列は一つもヒットしない。このことは、クエリの微量元素含有量の SPH から、 n ビット

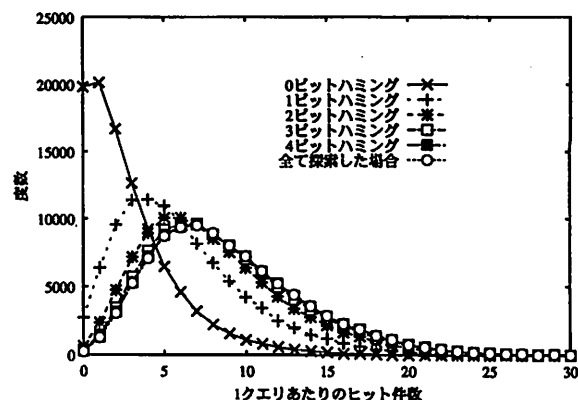


Fig. 3. ハミングビット数とヒット件数

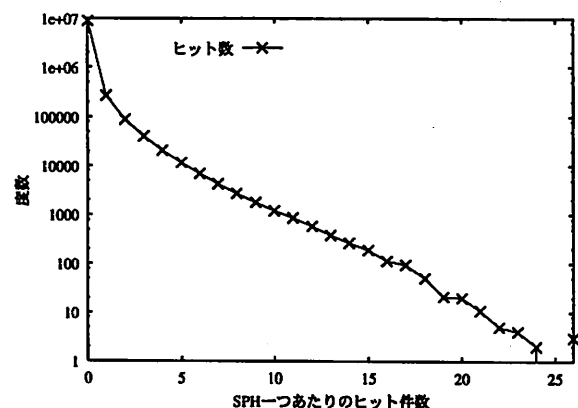


Fig. 4. ハミングビット列あたりのヒット件数

以内のハミング距離にある SPH のうち、ヒットするものはごくわずかであることを示している。

ここで、ハミングするビットを制限することによりハミングした SPH の数を減らし、検索を効率化することについて述べる。表 1 にクエリ Q の SPH の各ビットを、 Q とランダムベクトル R_n のなす角 d_n の絶対値の昇順に並べ替えた時のビット毎のヒット件数を示す。これまで同様、10 万件の蓄積データに対して 10 万個のクエリを検索した結果である。使用した SPH のビット数も同様に 32 ビットである。この結果から、検索時にハミングさせる必要があるのは d_n の絶対値が小さい 14 ビット程度であり、余裕を見ても 16 ビットハミングさせれば良いと考えられる。また、SPH のビット数を増やしたとしても、ランダムベクトルが完全にランダムであれば、SPH のビット数の半分程度をハミングするだけで十分と考えられる。

図 5 にハミングするビットを 16 ビットに制限した場合としない場合、および、SPH を使用しなかった場合の検索時間を示す。これまで同様、10 万件の蓄積データに対して 10 万個のクエリを検索した。SPH による検索は Perl を用いて記述した。SPH を使用しない検索は C 言語により記述したプログラムによるものを示した。Perl を使用した場合は 53 時間、すなわち 190800 秒かかった。ハミングするビットを制限した場合、しなかった場合よりも検索時間が短い、その効果は定数倍にとどまると考えられる。一方で、C 言語で記述した SPH を使用しない検索は高速であるが、Perl で記述した場合の同じ条件で比較すると、SPH を使用

Table 1. ビット毎のヒット数 ($|d_n|$ 昇順)

順位	2ビットハミング	3ビットハミング
0	145788	188104
1	114179	153035
2	78942	113236
3	49277	75827
4	27584	45554
5	14281	25007
6	6812	12345
7	2636	5379
8	1023	2128
9	333	751
10	109	248
11	29	55
12	4	10
13	1	2
14	0	1

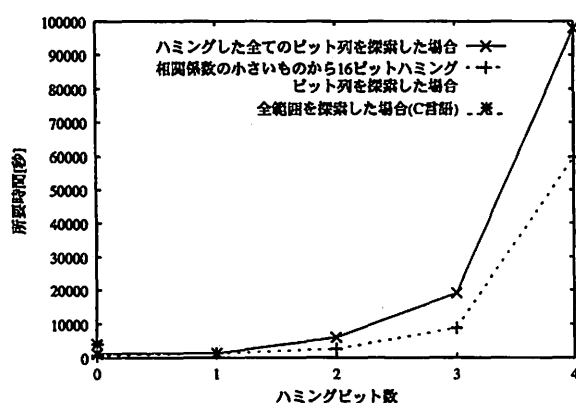


Fig. 5. 検索時間の比較

してハミングするビットを制限しなかった場合よりも2倍の時間がかかっている。

6 まとめ

本論文では微量元素分析による産地判別システムに Similarity Preserve Hash (SPH) を適用し、相関係数を計算する対象を減らす手法について述べた。本システムは、野菜類の各産地に分散配置したデータベースに記録された、出荷した野菜類の微量元素含有量と流通経路でサンプルした野菜類の微量元素含有量の相関係数を計算し、比較することで産地を判別する。SPH を用いることで、相関係数が1に近いサンプル同士の相関係数だけを計算することができるようになり、効率化が期待される。本システムはデータベースが分散しているため、必要なデータベースのみ微量元素含有量を問い合わせることができるようになる。

謝辞

本研究は文部科学省産学連携研究推進事業（平成15年度～平成19年度）により実施された。

参考文献

[1] 社団法人農協流通研究所, 「青果物のトレーサビリティ導入ガイドライン」(2003)
 [2] Nobuyoshi Sato, Minoru Uehara, Jin Tamaoka, Koichiro Shimomura, Hirobumi Yamamoto, Kenichi Kamijo, "A Discrimination System for Identification

of Cultivated Products by Trace Elements Analysis—Using Broccoli as an Example—”, In proc. of 7th International Workshop on Multimedia Network Systems and Applications (MNSA 2005), pp.673–679.

[3] 佐藤永欣, 上原 稔, 玉岡 迅, 下村謙一郎, 山本浩文, 上條賢一, 「微量元素分析による野菜類の分散産地判別システムの検討」, マルチメディア, 分散, 協調とモバイル (DICOMO2005) シンポジウム論文集, pp.773–776
 [4] Moses S. Charikar, “Similarity Estimation Techniques from Rounding Algorithms”, in Proc. of 4th annual ACM Symposium on Theory of computing, pp.380–388. 2002.
 [5] G.J. Martin, C. Guillou, M.L. Martin, M.T. Cabanis, Y. Tep, J. Aerny, “Natural Factors of Isotope Fractionation and the Characterization of Wines”, J. Agric. Food Chem., Vol.36, No.2, pp.316–322 (1988)
 [6] M.J. Baxter, H.M. Crews, M.J. Dennis, I. Goodall, D. Anderson, “The determination of the authenticity of wine from its trace element composition”, Food Chemistry, Vol.60, No.3, pp.443–450 (1997)
 [7] K.A. Anderson, B.W. Smith, “Chemical Profiling to Differentiate Geographic Growing Origins of Coffee”, J. Agric. Food Chem., Vol.50, No.7, pp.2068–2075 (2002)
 [8] P.L. Fernández-Cáceres, M.J. Martín, F. Pablos, A.G. González, “Differentiation of Tea (Camellia sinensis) Varieties and Their Geographical Origin According to their Metal Content”, J. Agric. Food Chem., Vol.49, No.10, pp.4775–4779 (2001)
 [9] K.A. Anderson, B.A. Magnuson, M.L. Tschirgi, B. Smith, “Determining the Geographical Origin of Potatoes with Trace Metal Analysis Using Statistical and Neural Network Classifiers”, J. Agric. Food Chem., Vol.47, No.4, pp.1568–1575 (1999)
 [10] W.A. Simpkins, H. Louie, M. Wu, M. Harrison, D. Goldberg, “Trace elements in Australian orange juice and other products”, Food Chemistry, Vol.71, No.4, pp.423–433 (2000)
 [11] 有山薫, 堀田博, 安井明美, 「ネギの産地判別のための無機元素測定法の確立と予備的検討」, 分析化学, Vol.52, No.11, pp.969–978 (2003)
 [12] 田口陽嗣, 「無機元素組成・含有量調査による青果物の産地判別—ICP-MSによる青果物中の無機元素分析及びタマネギの産地推定—」, 農林水産消費技術センター調査研究報告, No.26, http://www.cfqlcs.go.jp/technical_information/investigation_research_report/pdf/2601.pdf
 [13] 安井明美, 進藤久美子, 「玄米中の無機元素組成による産地判別」, 分析化学, Vol.49, No.6, pp.406–410 (2000)