

令和 3 年 5 月 31 日現在

機関番号：15301

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2018～2020

課題番号：18K02255

研究課題名(和文) 質量分析計を用いた皮革製品の簡便な動物種鑑定法の開発

研究課題名(英文) Development of a simple animal species identification method for leather products by a mass spectrometer

研究代表者

波多野 直哉 (Hatano, Naoya)

岡山大学・ヘルスシステム統合科学研究科・特任講師

研究者番号：10332280

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,400,000円

研究成果の概要(和文)：動物革製の製品については、家庭用品品質表示法により雑貨工業品品質表示が定められ、これを一部でも使用したものには、動物種の鑑別が必須とされている。皮革からコラーゲンタンパク質由来のペプチド抽出に成功し、表示対象となる6種動物間でアミノ酸配列に違いのあるペプチドを探索した。これを、各動物種に対応したアミノ酸配列のリファレンスデータとし、動物種間でアミノ酸配列が異なるペプチド部分を組み合わせて判定する「動物種判定システム」を構築した。ブラインドテストでこのシステムの評価を行った結果、鑑別の正答率100%を達成し、簡便かつ精確な「動物種鑑別システムの構築」に成功した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

今回開発した皮革製品の動物種鑑別システムは、ブラインドテストにより、鑑別の正答率100%を達成した。質量分析計を用いることで、超感度に測定でき、外観を損なわない程度のわずかな試料で鑑別が可能となった。今回は表示対象の中でも特に流通量の多い6種の動物種(牛、馬、豚、羊、やぎ、鹿)を対象としたが、本手法は、その他の様々な動物種にも応用できる。製品の偽装表示問題の克服は、消費者の利益保護につながり、安心して豊かな生活を営むことができる社会の実現を可能とする。

研究成果の概要(英文)：For products made of animal leather, the Household Goods Quality Labeling Law stipulates the quality labeling of miscellaneous goods and industrial products, and for those that use even a part of this, it is essential to identify the animal species. We succeeded in extracting peptides derived from collagen protein from leather, and searched for peptides with different amino acid sequences among the 6 species of animals to be displayed. Using this as reference data for the amino acid sequence corresponding to each animal species, we constructed an "animal species determination system" that determines by combining peptide moieties with different amino acid sequences between animal species. As a result of evaluating this system in a blind test, we achieved a correct answer rate of 100% for discrimination and succeeded in constructing a simple and accurate "animal species discrimination system".

研究分野：生化学

キーワード：質量分析 ペプチド 皮革 動物種鑑別

## 1. 研究開始当初の背景

近年、「カシミア100%」表示の繊維製品に、ほとんどカシミアヤギの毛が使われていないものが多数あることが発覚した。顕微鏡による判別難易度が高いヤギの毛が混入しているケースが頻発し、業界で偽装が横行する実態が浮き彫りとなった。公正取引委員会が景品表示法の疑いで調査し、表示の数字に満たないセーターやストールなどが次々と見つかり、百貨店の店頭から対象商品を引き上げる事態に発展し、業界全体の信用不安をもたらす結果となった。

そのため、消費者が安心して豊かな生活を営むことができる社会の実現のため、消費者庁が発足した。この消費者庁の主な法令の一つに家庭用品品質表示法があり、動物革製のかばん・衣料・手袋については、この法令により雑貨工業品品質表示が定められている。そのため、動物革または合成皮革を製品の全てまたは一部に使用して製造した製品については、動物種の鑑別が必要となっている。しかし、鑑別の公定法は無く、試験・検査で一般的に用いられる鑑別方法としては、外観観察(厚さ、大きさ、色や柄、毛並み、艶、感触など)、顕微鏡観察(毛穴配列、断面構造、毛小皮紋理、毛髄質など)、機器分析(元素、成分、染料、薬剤分析など)、DNA鑑別が挙げられる。外観観察は、長年の経験を必要とし、また科学的根拠に乏しく説得力に欠けるという問題がある。顕微鏡観察は主流だが、繊維構造や銀面模様の差が不明瞭な場合等は判別に迷うケースもある。機器分析は、あくまで補助的な方法であり、単独での判別は困難である。DNA鑑別では、皮革製品からDNAを抽出し、PCR(ポリメラーゼ連鎖反応)法を試したが、目的のDNAフラグメントが増幅されないことが多々あった。その原因としては、皮革の製造工程にある石灰脱毛や再石灰漬けで皮繊維をほぐす作業中に、化学薬品によりDNAが損傷することが、PCR増幅による検出を困難にすると考えられた。また、マトリックス支援レーザー脱離イオン化飛行時間型質量分析法(MALDI-TOF-MS)を用いた皮革製品由来のペプチド分析での鑑別法を検討したが、皮革の加工段階での薬剤や染料、なめし剤等の夾雑物が原因で、鑑別制度が劣ることが明らかとなった。

## 2. 研究の目的

外観観察や顕微鏡観察による動物種の鑑別方法は、一つ一つ手作業で行う必要があり、国内で生産される革製品だけでも年間150万点を越えるため(平成27年度)簡便かつ科学的な鑑別手法の確立が急務となっている。そこで本研究では、従来一般的に用いられてきた皮革鑑別方法の課題を解決するため、客観性をもつ科学的な鑑別法を開発することを目的とする。動物革製品に含まれるタンパク質を抽出し、酵素消化したペプチドでの質量分析計による動物種鑑別法の確立を試みる。

この鑑別法の最大の特徴は、質量分析計を用いることにより、超高感度に解析できる点にある。そのため、製品の外観を損なわない程度のわずかな試料で、皮革製品の動物種の鑑別が可能となる。人の手による外観観察・顕微鏡観察では、逐一サンプルを見るため時間がかかる。本法では、同時に多数のサンプルを前処理することが可能であり、簡便かつ科学的客観性の高い方法を確立できる。今回は雑貨工業品品質表示規程にある8種の動物のうち、ほとんどの流通量を占める6種の動物(牛、馬、豚、羊、やぎ、鹿)を対象とするが、履歴の確かなサンプルさえ入手できれば、同じ手法で他の動物種の同定に応用することも可能である。本研究により開発する「質量分析計を用いた皮革製品の動物種鑑別法」を特許化し、特許発明の実施を望む企業との間で特許ライセンス契約を結び、ライセンス料を得ることも考えている。製品の偽装表示問題の克服は、消費者の利益保護につながり、安心して豊かな生活を営むことができる社会の実現を可能とする。

## 3. 研究の方法

本研究では、動物革製品(かばん、衣料、手袋)の表示対象となる動物6種(牛、馬、豚、羊、やぎ、鹿)について、質量分析計での動物種鑑別法の確立を主目的とした。材料としては、流通量の多いクロムなめし革・タンニンなめし革に加え、特にDNA抽出が困難である濃色染色品や仕上げ剤の施されたものであり、かつ履歴が明確な革製品で検討を行った。6種の動物種につき、8サンプル程度の試料を用意し、そのうちの半分の各4サンプル程度を各動物種に特異的なペプチドの探索に用い、残りの半分のサンプルを今回開発した動物種鑑別システムの検証用に用いた。皮革製品サンプルの供給に関しては、この業界で実績のあるカケンテストセンター・大阪事業所の協力を得て、様々な加工処理を施した皮革製品由来であり、かつトレーサビリティが確かなものを準備した。

まず(課題Ⅰ)として、「動物革製品に含まれるタンパク質の抽出・酵素消化処理法の最適化」の検討を行った。加工処理された皮革に含まれるタンパク質の抽出から、酵素(プロテアーゼ)によるペプチド生成に至る過程において、実験条件の検討を行った。評価は、質量分析計で検出されたペプチドの多様性(種類)により判断した。

次に(課題Ⅱ)として、「動物種特異的なペプチドの検索」を行った。各動物革由来のペプチドを質量分析計で解析し、ペプチドのアミノ酸配列を決定し、各動物種特異的な配列を持つペプ

チドを探索した。これまでの研究成果により、加工された皮革からはコラーゲンタンパク質のみが検出されている。今回の研究対象となる6種の動物は、進化学的な見地からは非常に近縁な種を含んでいる。また、コラーゲンタンパク質は、生物にとって重要なタンパク質であり、進化的によく保存されている。例えば、加工された皮革で最もよく抽出されるI型コラーゲンI鎖タンパク質(COL1A1)では、公共のデータベース(NCBI nr: アメリカ国立生物工学情報センター(National Center for Biotechnology Information)で公開されているnr(non-redundant:冗長性の無い)タンパク質データベース)で牛と羊のアミノ酸配列を比較すると、97%も一致している。質量分析計で検出されるアミノ酸配列のカバー率は、100%にはならない(通常多くても50-60%)ことから、動物種特異的なペプチドは、6種の動物全部には見つからないことが予想された。実際これまでの研究結果より、アミノ酸に違いがある場合、単独の1種に認められるケースは少なく、複数の動物種に同時に認められる場合の方が圧倒的に多いことが判明している。また、遺伝子多型(ポリモルフィズム)と呼ばれるアミノ酸配列の個体差が今後検出される可能性も考え、なるべく複数のペプチドで鑑別することが望ましい。

そこで(課題III)として、アミノ酸配列が異なるペプチド部位を複数組み合わせることで総合的に判断する、「動物種判定システムの開発と検証」を行う。配列に違いのある部分だけをまとめて統合した人工的な6種の動物に対応するアミノ酸配列のリファレンスデータを作成し、これを参照することで該当する動物種をスコア化して判定する鑑別システムを構築した(図1)。検証用のサンプルを本研究で最適化した手法により質量分析計を用いて解析し、ブラインドテストにより動物種鑑別システムの評価を行った。将来的に広く一般的に応用するため、堅牢で正確なシステムを構築し、鑑別の正答率100%を目標とした。

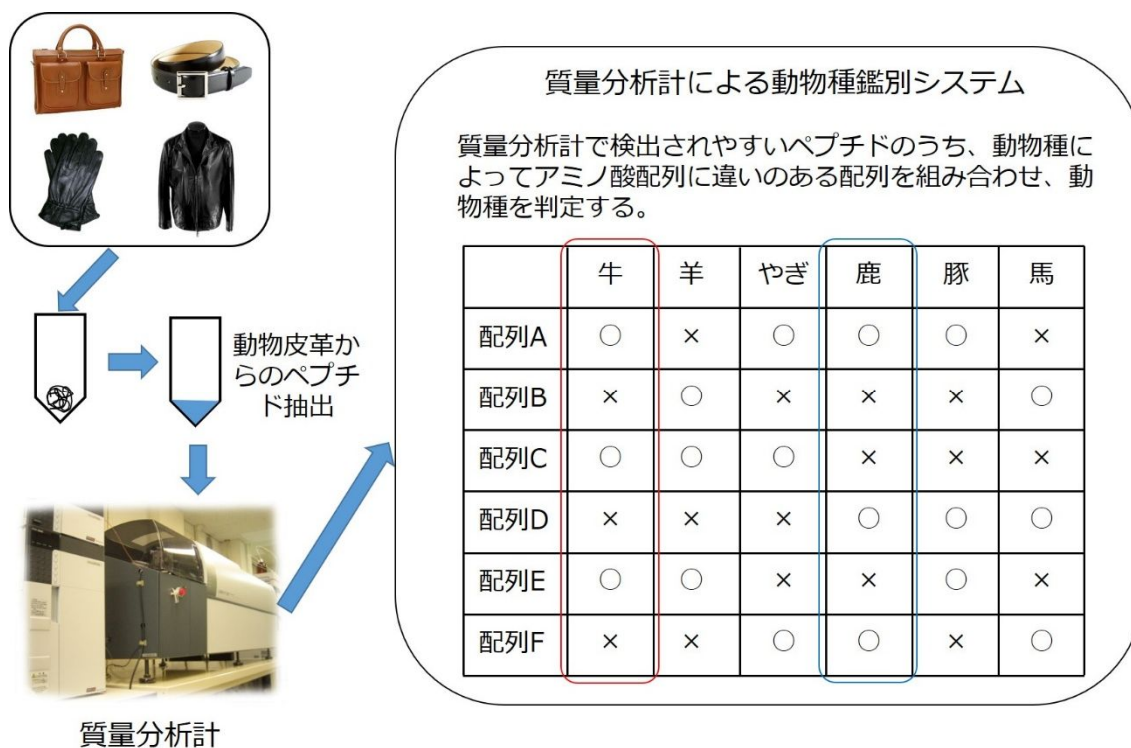


図1. 質量分析計による動物種鑑別システムの全体の流れ

#### 4. 研究成果

##### (1) (課題I) 動物革製品に含まれるタンパク質の抽出・酵素消化処理法の最適化

動物革製品からのタンパク質抽出法・酵素消化処理法の最適化の検討を行った。実際に用いた皮革製品由来の試料の準備として、皮革の脱脂及び粉碎後、凍結乾燥を行った。このサンプルを用いて、(a) タンパク質抽出の温度・時間、(b) 酵素処理時間、(c) 質量分析に供するサンプル量に関する条件検討を行った。その結果、皮革からのタンパク質の抽出及びペプチド断片の作成に最適である条件が判明した。0.5 mg分の試料を秤量し、1.5 mL容量のチューブ(Eppendorf社製、No. 0030120086)に移す。500  $\mu$ Lの25 mM 重炭酸アンモニウム( $\text{NH}_4\text{HCO}_3$ )を加え、60、1,250 rpmで1時間チューブ全体を温めることが可能な振盪器で攪拌し、タンパク質の抽出を行う。10分間室温で静置する。20  $\mu$ gのトリプシン(Promega社、V5111)を、50  $\mu$ Lの25 mM 重炭酸アンモニウムで溶解し、そのうち20  $\mu$ Lをサンプルに加える。37、250 rpmで18時間チューブ全体を温めることが可能な振盪器で攪拌し、ペプチド断片を作成する。この試料(約520  $\mu$ L)を0.22  $\mu$ mフィルター(タカラバイオ社製、SUPREC™-01)を用いて、4、4,900 xgで10分間遠心し濾過した。その後試料を-80で10分間凍結し、EYELA FDU-1200(東京理化工学社製)を用いて、オーバーナイトで真空凍結乾燥した。この試料を100  $\mu$ Lの0.1%ギ酸溶液で溶解し、ボルテックスミキサーで5分間攪拌後、軽く遠心し、5分間ソニケーションを行う。この

試料を 0.22 μm フィルターを用いて、4、4,900 xg で 10 分間遠心し濾過した。採取した試料のうち 2 μL を LC-MS/MS 解析に用いた。質量分析計としては、高速液体クロマトグラフィーオンタイプ型-飛行時間型質量分析計（島津製作所社製、LCMS-IT-TOF (nanoLC 仕様)）を使用した。分析条件は以下の通りである（表 1）。

表 1. LCMS-IT-TOF での分析条件

HPLC		
カラム	プレカラム キャピラリーカラム	L-column Micro 0.3 mm I.D. X 50 mm, 5 μm (C18) (CERI社製, No. 652450) PicoFrit™ column BioBasic C18 (New Object社製, PF7515-100H052-3P)
溶離液	A: 2% アセトニトリル, 0.1%ギ酸 C: 0.1% ギ酸 (サンプル送着用)	
	時間(min)	B: 95% アセトニトリル, 0.1%ギ酸
溶離液	0-5	2
	5-35	2→40
	35-35.1	40→95
	35.1-40	95
	40-40.1	95→2
	40.1-60	2
流量	300 nL/min	
カラム温度	室温	
質量分析計		
イオン化モード	ESI (+)	
印加電圧	2,500 V	
乾燥ガス流量	1.5 L/min	
注入量	2 μL	
Scan測定	m/z 400-1,500	

上記（表 1）の条件で得られた MS/MS データを、タンパク質同定解析ソフト Mascot (matrixscience 社)を用いて、タンパク質データベース(NCBI nr)で検索を行った。その結果、3 種類のコラーゲンタンパク質(I 型コラーゲン 1 鎖(COL1A1)、I 型コラーゲン 2 鎖(COL1A2)、III 型コラーゲン 1 鎖(COL3A1))由来のペプチドが、確実に数十種類検出されるようになった。また、プレカーサーイオンの m/z 値の誤差範囲を無視して検索する「Error Tolerant Search」を行った結果、コラーゲンタンパク質には、通常のタンパク質とは異なり、ヒドロキシプロリンとヒドロキシリジンが多く含まれることが明らかとなった。そのため、今後の検索にはこれらを翻訳後修飾のパラメータとして付加することにした。

## (2)(課題 II)「動物種特異的なペプチドの検索」

課題 I で最適化した実験条件に基づき、6 種の各動物種に特異的なアミノ酸部位をもつペプチドを検索した。主に 3 種類のコラーゲンタンパク質由来のペプチドが検出された。コラーゲンタンパク質は、生物にとって重要なタンパク質であり、進化的によく保存されていることから、各動物種に特異的なペプチドを検出することは困難であると危惧されたが、動物種間でアミノ酸配列が異なる部位を含むペプチド 16 箇所を決定することができた。

>ID001 牛	>ID002 馬
GEPGPA <b>A</b> GLPGPPGER	GEPGPT <b>T</b> GLPGPPGER
GFPGADGVAGPK	GFPGADGVAGPK
GLTGPIGPPGPAGAPGDKGE <b>A</b> GPSGPAGPTGAR	GLTGPIGPPGPAGAPGDKGE <b>T</b> GPSGPAGPTGAR
GETGPAGRPGEVGP <b>P</b> PPGPAGEK	GETGPAGRPGEVGP <b>P</b> PPGPAGEK
SGDRGE <b>T</b> GPAGPAGPIPVGAR	SGDRGE <b>A</b> GPAGPAGPIPVGAR
GIPGP <b>V</b> GAAGATGAR	GIPGP <b>A</b> GAAGATGAR
EGPVGLPGIDGRPGPIGPAGAR	EGPVGLPGIDGRPGPIGPAGAR
GEQGPAGPPGFQGLPGPAGTAGE <b>A</b> GKPGER	GEQGPAGPPGFQGLPGPAGTAGE <b>V</b> GKPGER
GIPGEFGLPGPAGAR	GIPGEFGLPGPAGAR
GPPGESGAAGPT <b>T</b> GPIGSR	GPPGESGAAGP <b>A</b> GPIGSR
GDGGPPG <b>A</b> TGFPGAAGR	GDGGPPG <b>V</b> TGFPGAAGR
GLPGVAGS <b>V</b> GEPGLGIAGPPGAR	GLPGVAGS <b>L</b> GEPGLGIAGPPGAR
GEPGP <b>A</b> GA <b>V</b> GPAGAVGPR	GEPGP <b>V</b> GS <b>V</b> GPAGAVGPR
IGQPG <b>A</b> VGPAGIR	SGQPG <b>T</b> VGPAG <b>V</b> R
GEMGPAGIPGAPGLIGAR	GEMGPAGIPGAPGLIGAR
G <b>A</b> PGPQGGP <b>A</b> PGPLGI <b>A</b> GLTGAR	G <b>S</b> PGPQGGP <b>V</b> PG <b>S</b> GLI <b>G</b> ITGAR

図 2. 動物種間でアミノ酸配列が異なる部位を含むペプチド 16 箇所を統合したデータベース（一部を示す。左側：牛、右側：馬）

(3)(課題III)「動物種判定システムの開発と検証」

(課題II)において、6種の動物種間でアミノ酸配列に違いのあるペプチドを集め、これを各動物種に対応したアミノ酸配列のリファレンスデータとした(図2)。これを参照することで、動物種間でアミノ酸配列が異なるペプチド部分を組み合わせて判定する「動物種判定システム」を構築した。ここでは、表示対象となる動物で流通量のほとんどを占める6種の動物種(牛、馬、豚、羊、やぎ、鹿)を対象とした。具体的には、このリファレンスデータをタンパク質データベースとみなして、タンパク質同定ソフト Mascot を使用した。24種類の検証用のサンプルを準備し、本研究で最適化したサンプル処理法により、ブラインドテストでこの動物種鑑定システムの評価を行った(表2)。鑑別の正答率100%を達成し、一般的に使える簡便かつ正確な「動物種鑑別システムの構築」に成功した。

表2. ブラインドテストの結果

#	判定	スコア	結果	次点	スコア	#	判定	スコア	結果	次点	スコア
1	馬	710	○	羊	125	13	やぎ	761	○	牛	586
2	やぎ	752	○	豚	369	14	豚	905	○	鹿	609
3	羊	716	○	鹿	511	15	鹿	722	○	やぎ	565
4	豚	557	○	鹿	284	16	牛	1113	○	やぎ	815
5	牛	782	○	鹿	642	17	やぎ	564	○	牛	420
6	馬	482	○	鹿	327	18	羊	506	○	鹿	297
7	羊	777	○	豚	368	19	馬	1048	○	羊	273
8	鹿	644	○	やぎ	544	20	羊	683	○	—	—
9	豚	491	○	羊	311	21	牛	716	○	羊	557
10	羊	434	○	牛	326	22	鹿	1151	○	やぎ	890
11	鹿	711	○	やぎ	645	23	豚	884	○	鹿	615
12	牛	865	○	やぎ	694	24	やぎ	677	○	鹿	528

一致したペプチドが多い、またそのペプチドの MS/MS データのピーク的一致度が高いほどスコアが高くなる。最もスコアの高いものを候補とした。2番目に高いものを次点としたが、そのスコア差が100未満のものは、サンプル#11に限られ、特に判断に迷うサンプルはなかった。

## 5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計7件（うち査読付論文 7件/うち国際共著 0件/うちオープンアクセス 6件）

1. 著者名 Doi Seita, Fujioka Naoki, Ohtsuka Satomi, Kondo Rina, Yamamoto Maho, Denda Miwako, Magari Masaki, Kanayama Naoki, Hatano Naoya, Morishita Ryo, Hasegawa Takafumi, Tokumitsu Hiroshi	4. 巻 96
2. 論文標題 Regulation of the tubulin polymerization-promoting protein by Ca <sup>2+</sup> /S100 proteins	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Cell Calcium	6. 最初と最後の頁 102404
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.ceca.2021.102404	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 Yamamoto Maho, Kondo Rina, Hozumi Haruka, Doi Seita, Denda Miwako, Magari Masaki, Kanayama Naoki, Hatano Naoya, Morishita Ryo, Tokumitsu Hiroshi	4. 巻 11
2. 論文標題 Identification and Biochemical Characterization of High Mobility Group Protein 20A as a Novel Ca <sup>2+</sup> /S100A6 Target	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Biomolecules	6. 最初と最後の頁 510
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/biom11040510	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 Itoh Ryo, Hatano Naoya, Murakami Momoko, Mitsumori Kosuke, Kawasaki Satoko, Wakagi Tomoka, Kanzaki Yoshino, Kojima Hiroyuki, Kawaai Katsuhiko, Mikoshiba Katsuhiko, Hamada Koichi, Mizutani Akihiro	4. 巻 11
2. 論文標題 Both IRBIT and long-IRBIT bind to and coordinately regulate Cl <sup>-</sup> /HCO <sub>3</sub> <sup>-</sup> exchanger AE2 activity through modulating the lysosomal degradation of AE2	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 5990
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-021-85499-6	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 Sekiya Reina, Nagano Tatsuya, Moriyama Tatsuya, Kishi Toshiyuki, Shinke Haruko, Yano Erika, Hatano Naoya, Katsurada Masahiro, Umezawa Kanoko, Katsurada Naoko, Hori Suya, Hazeki Nobuko, Fukunaga Atsushi, Yamamoto Masatsugu, Kamiryo Hiroshi, Shinohara Masakazu, Kobayashi Kazuyuki, Kotani Yoshikazu, Nishimura Yoshihiro	4. 巻 50
2. 論文標題 Occupational respiratory allergy to lettuce in lettuce farmers	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Clinical & Experimental Allergy	6. 最初と最後の頁 932 ~ 941
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/cea.13682	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 Ohtsuka Satomi, Ozeki Yui, Fujiwara Moeno, Miyagawa Tomoyuki, Kanayama Naoki, Magari Masaki, Hatano Naoya, Suizu Futoshi, Ishikawa Teruhiko, Tokumitsu Hiroshi	4. 巻 59
2. 論文標題 Development and Characterization of Novel Molecular Probes for Ca <sup>2+</sup> /Calmodulin-Dependent Protein Kinase Kinase, Derived from ST0-609	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Biochemistry	6. 最初と最後の頁 1701 ~ 1710
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1021/acs.biochem.0c00149	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 Takabatake Shota, Fukumoto Yusei, Ohtsuka Satomi, Kanayama Naoki, Magari Masaki, Sakagami Hiroyuki, Hatano Naoya, Tokumitsu Hiroshi	4. 巻 525
2. 論文標題 Phosphorylation and dephosphorylation of Ca <sup>2+</sup> /calmodulin-dependent protein kinase kinase at Thr144 in HeLa cells	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Biochemical and Biophysical Research Communications	6. 最初と最後の頁 251 ~ 257
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.bbrc.2020.02.056	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 Nakamura Akihiro, Komatsu Masaru, Ohno Yuki, Noguchi Nobuyoshi, Kondo Akira, Hatano Naoya	4. 巻 9
2. 論文標題 Identification of specific protein amino acid substitutions of extended-spectrum $\beta$ -lactamase (ESBL)-producing Escherichia coli ST131: a proteomics approach using mass spectrometry	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 8555
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-019-45051-z	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 -

〔学会発表〕 計0件

〔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
---------	---------------------------	-----------------------	----

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
---------	---------