

## 科学研究費助成事業 研究成果報告書

令和 4 年 10 月 25 日現在

機関番号：82111

研究種目：基盤研究(C)（一般）

研究期間：2018～2020

課題番号：18K05513

研究課題名（和文）マルチオミクス解析による地域伝統発酵食品の化学的・微生物学的特徴の解明

研究課題名（英文）Multi-omics study for chemical and microbial characterization of traditional fermented foods

研究代表者

富田 理 (Tomita, Satoru)

国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構・食品研究部門・主任研究員

研究者番号：70758101

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）：本課題は先行研究の少ない地域伝統発酵食品の科学的特徴を明らかにするため、複数の包括的分析手法を併用するマルチオミクス解析を活用し、長野県の「すんき」（赤カブの葉の発酵漬物）の乳酸菌叢と成分組成を解析した。その伝統的製造法（スターター菌を用いない自然発酵）を反映してすんきは試料間の特徴差が非常に大きく、マルチオミクスを用いたことでその多様性の詳細な全体像が明らかとなった。また、菌叢・成分・品質（製品pHおよび嗜好性）には相関性が認められ、高い嗜好性につながる各種指標が見出された。乳酸菌*L. delbrueckii*を用いて、好ましい特徴に最も近づけることのできる発酵漬物の製造方法の開発に至った。

研究成果の学術的意義や社会的意義

マルチオミクス解析を活用することで、研究例の乏しい地域固有の発酵食品に対してもその特徴に関する情報を一挙に得られることが実証された。発酵食品の菌叢・成分・品質の相関性を網羅的に解析することで、野菜漬物の好ましい風味の付与や、発酵工程における不良の発生要因となる細菌種およびその代謝系を効率的に絞り込むことが可能である。このような包括的解析法の活用は、各種の発酵食品の品質や製造安定性の向上に寄与するとともに、各地域の伝統発酵食品を活用した地域創生にもつながることが期待される。

研究成果の概要（英文）：The bacterial community structure and chemical composition of sunki, a traditional fermented pickle of turnip leaves, were characterized by a multi-omics approach based on metagenomics and metabolomics. The results revealed that the composition of lactic acid bacteria and components in sunki varied greatly among samples, reflecting its processing method by spontaneous fermentation. In addition, correlation analyses between microbiota, chemical composition, and product pH indicated that certain bacterial species were responsible for the desirable flavor compounds or for poor pH-lowering. Application of the multi-omics approach to fermented foods may contribute to the improvement of the quality and stability of fermented food production.

研究分野：応用微生物学

キーワード：発酵食品、メタボローム解析、メタゲノム解析、乳酸菌、*Lactobacillus*、マルチオミクス、発酵スターター、嗜好性

科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属します。

## 様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

### 1. 研究開始当初の背景

我が国には工業化されていない地域固有の伝統的発酵食品が多数存在し、「和食文化」の一端を構成している。しかし、過疎化や高齢化による後継者不足は深刻な状況であり、伝統的発酵食品の学術的知見を収集して後世へと食文化を遺すことは急務である。本研究では、木曽地方に固有の伝統的発酵食品「すんき」を研究対象とした。すんきは蕪(カブ)の葉を無塩で漬け込み、自然に増殖した乳酸菌によって発酵を行う無塩発酵漬物である。無塩で製造される野菜漬物は世界的にも極めて珍しいが、その成分や微生物相の多様性に注目して解明に取り組んだ先行研究は見当たらない。また近年、消費者の健康志向によりすんきの需要は増加傾向にある。しかし、生産量の拡大に伴って発酵不良が発生する問題も顕在化しているため、その解決の基礎となる学術的知見も求められている。

すんきの基礎的な研究は主に 1980 年代に報告され、アミノ酸組成などの分析例(板橋ら、*調理科学*, **15**, 1982)がある。それ以降では培養法および非培養法による乳酸菌叢の解析例(Endo et al., *Lett. Appl. Microbiol.*, **47**, 2008)が報告されている。しかし、以下に挙げるようにすんきの成分や菌叢は単一ではなく多様性に富み、非常に複雑であることが強く予想される。1)発酵のスターター菌を加えないため、菌叢の形成が成り行き任せである。2)小規模な漬物樽で室温に任せて製造されるため、菌叢の変動が起こりやすい。3)蕪の品種や栽培法などが様々であるため、原料の状態も大きく異なる。これらの先行研究において少数の試料から得られたデータはすんきの局所的な特徴を捉えており、全体の特徴とは異なっている可能性が大きい。また、成分組成と菌叢の関連性もほとんど検討されていない。

以上のような背景から、すんきの化学的・微生物学的特徴を真に解明するためには、多検体の網羅的分析を可能とする次世代の分析手法により、その多様性の全体像を俯瞰する必要があると考えられた。近年、機器分析技術の飛躍的な向上により新たな学問分野を切り拓く複数の網羅的分析技術が実用化されている。たとえば、試料中に含まれる全遺伝子情報の一斉分析を行う「メタゲノム解析」や、成分(代謝産物)の一斉分析を行う「メタボローム解析」である。これらの解析手法の活用によるブレイクスルーで、すんきの化学的・微生物学的多様性を一挙に明らかにできると期待された。

### 2. 研究の目的

本研究は以下のことを主な目的として研究を行った。

- 乳酸菌の **16S rDNA** 遺伝子配列を標的としたメタゲノム解析により、すんきの乳酸菌叢の多様性を明らかにする。
- 核磁気共鳴分光(NMR)法とガスクロマトグラフィー質量分析(GC/MS)法を用いたメタボローム解析により、すんきの水溶性・揮発性成分組成の多様性を明らかにする。
- 品質の高いすんきに特有に示される化学的・微生物学的特徴を明らかにすることにより、嗜好性の指標となる成分と菌叢を特定する。

### 3. 研究の方法

#### (1) すんきの化学的・微生物学的特徴の解明

木曽地域の家庭や農産物加工場で生産されたすんきの成分組成・乳酸菌叢を解析し、まず、発酵食品としてのすんきの特徴付ける成分と乳酸菌を同定した。成分分析は、水溶性成分を核磁気共鳴(NMR)法により、揮発性成分を固相マイクロ抽出 - ガスクロマトグラフィー質量分析(SPME-GC/MS)法によりそれぞれ一斉に分析した。測定データから生成したピークテーブルを多変量解析に供し、主成分分析(PCA)等により試料間の特徴差を解析した。乳酸菌叢については、各試料から抽出した総 DNA を鋳型として PCR により細菌 **16S rRNA** 遺伝子の **V3 - V4** 領域を増幅し、試料ごとのインデックス配列を付加して MiSeq によるシーケンス解析に供した。検出したシーケンスリードから **QIIME2** パイプラインを用いて **ASV (amplicon sequence variant)** データを生成し、**UniFrac** - 主座標分析(PCoA)やクラスター解析により乳酸菌叢に基づく各試料のグルーピングを行った。

#### (2) すんきの嗜好性と品質を決定付ける代謝物・微生物マーカーの探索

木曽町にて開催された品評会(すんきコンクール)に出品された **49** 点を試料とし、実験(1)と同様にマルチオミクス解析を実施した。審査員により最優秀と評価されたすんきの特徴付けた成分および菌叢を解析することで、すんきの美味しさに貢献する化学的・微生物学的特徴の絞り込みを試みた。さらに、この結果を基に嗜好性の指標となる代謝物マーカーの候補を選定し、実験(3)での客観的な品質評価に活用した。また、すんきを製造する上で重要な品質指標である **pH** について、乳酸菌叢との相関性を直行部分最小二乗(OPLS)回帰分析により解析した。

#### (3) 成分組成と菌叢に影響を与える微生物学的な変動要因の検討

収集したすんきから **MRS** 寒天培地を用いて乳酸菌を純粋分離し、**16S rDNA** の塩基配列に基づく系統解析あるいは **MALDI Biotyper** を用いた解析によって菌種同定を行った。これらを供

試菌株として、すんきの原料である蕪やその他の漬物野菜の抽出液を用いた *in vitro* 発酵試験を行い、成分組成に与える影響を比較するとともに、上記の代謝物マーカー組成に近い特徴を示す菌株を探索した。この菌株を良風味なすんきの製造に適した発酵スターター候補として、成分組成に大きな影響をもたらす変動要因（原料野菜の種類、発酵温度、食塩濃度、酸素条件など）を分析するとともに、複数の乳酸菌を用いた複合発酵系の検討を行った。

#### 4. 研究成果

##### (1) すんき試料間の化学的・微生物学的特徴差の解明

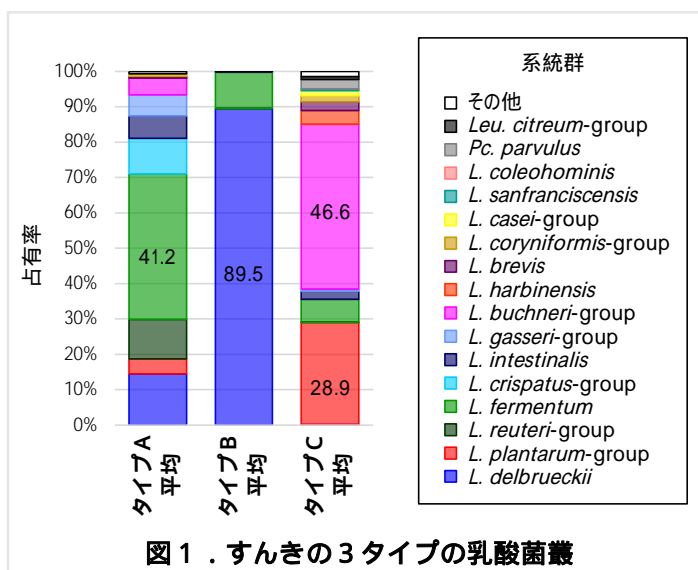
収集したすんきの漬け汁から総 DNA を抽出し、16S rRNA 遺伝子を対象とするメタゲノム解析に供した。十分なリード数が得られた 29 試料（平均リード数 39,785）からは合計で 164 の ASV が抽出され、そのうち 125 (76.2%) が Firmicutes 門に、33 (20.1%) が Proteobacteria 門に属する細菌の配列であった。属レベルでは、164 中 116 の ASV が *Lactobacillus* 属（現在は 23 属に再分類(Zheng et al., *Int J Syst Evol Microbiol* (2020)) に属し、全試料で 92.3%以上の占有率を示した。この結果は、過去の研究と同様に *Lactobacillus* 属乳酸菌がすんきにおいて優勢であることを支持した。さらに、菌種レベルでの情報を得るため、1%以上の占有率を示した 65 ASV の塩基配列から系統解析を行ったところ、多数の乳酸菌種が含まれる少なくとも 16 の系統群 (taxa) へと分類された (表 1)。メタゲノム解析と同じく非培養法である DGGE 法を用いた解析例では、4 家庭のすんきにおいて *L. delbrueckii* 等の 4 菌種が優勢であることが示されていた。本研究のデータは、さらに *L. reuteri*, *L. crispatus*, *L. intestinalis*, *L. gasseri* といった系統群の乳酸菌も試料によって優勢であることが新たに明らかとなった。

表 1. メタゲノム解析によりすんきから検出された主な乳酸菌

検出遺伝子の 乳酸菌種・系統群	検出頻度*	占有率の 最大値	系統群が含む乳酸菌種の候補
<i>L. fermentum</i>	69.0%	70.3%	
<i>L. delbrueckii</i>	37.9%	94.2%	
<i>L. plantarum</i> group	24.1%	83.2%	<i>L. plantarum</i> , <i>L. paraplantarum</i> , <i>L. pentosus</i> , <i>L. fabifermentans</i>
<i>L. buchneri</i> group	24.1%	80.2%	<i>L. buchneri</i> , <i>L. sunkii</i> , <i>L. otakiensis</i> , <i>L. kefir</i> , <i>L. kefir</i> , <i>L. parafarraginis</i> , <i>L. diolivorans</i> , <i>L. hilgardii</i>
<i>L. reuteri</i> group	20.7%	65.4%	<i>L. reuteri</i> , <i>L. antri</i>
<i>L. crispatus</i> group	17.2%	65.2%	<i>L. crispatus</i> , <i>L. gallinarum</i>
<i>L. intestinalis</i>	17.2%	39.6%	
<i>L. gasseri</i> group	17.2%	21.9%	<i>L. gasseri</i> , <i>L. johnsonii</i>
<i>L. harbinensis</i>	3.4%	17.7%	
<i>L. coryniformis</i>	3.4%	11.0%	
<i>L. brevis</i>	3.4%	10.0%	
<i>L. casei</i>	—	4.7%	
<i>L. sanfranciscensis</i>	—	3.3%	
<i>L. coleohominis</i>	—	2.4%	
<i>Leu. citreum</i> group	—	5.3%	<i>Leu. citreum</i> , <i>Leu. holzapfelii</i>
<i>Pc. parvulus</i>	—	6.4%	

\*分析試料のうち 10%以上の占有率で出現した試料の割合

さらに、すんきの乳酸菌叢の全体像を明らかにするため、試料間の乳酸菌叢の差異について詳細に比較した。生物群集の多様性を示す Shannon index は 1.19 から 3.92 (平均 2.59) と非常に幅広く、試料により菌叢の複雑さが大きく異なることが予想された。そこで、UniFrac - PCoA とクラスター解析のデータを基に各試料のグルーピングを総合的に考察した結果、29 試料の乳酸菌叢は次の 3 つのタイプに分類されることが明らかとなった (図 1)。タイプ A) *L. fermentum* を占有率約 20%以上、平均 41.2%の優勢種として含み、主に *L. delbrueckii*, *L. crispatus*,



*L. gasseri* などと共に構成される。タイプ B ) *L. delbrueckii* が平均 **89.5%** と非常に顕著な占有率を示す。タイプ C ) *L. fermentum* の占有率が平均 **6.5%** と小さく、代わりに *L. plantarum* と *L. buchneri* により主に構成される (それぞれ平均 **28.9%, 46.6%**)。これらのうちタイプ A は **Shannon index**、試料数、構成菌種数ともに最も大きく、さらにサブタイプが含まれている可能性も示唆された。

同一の試料を **NMR** および **GC/MS** メタボロミクスに供した結果、すんきの試料間における成分組成の多様性には、有機酸 (乳酸、酢酸、コハク酸等)、アミノ酸 (**Ala, Glu, Val, Leu, Ile** 等)、エステル (酢酸エチル、酢酸プロピル)、グルコシノレート分解物 (イソチオシアネート、ニトリル類)、 $\gamma$ -アミノ酪酸、エタノール、マンニトールなど多数の成分が関わっていることが確認された。これらのうち、酢酸、コハク酸、エタノール、**Glu**、酢酸エチルの信号強度には上記の菌叢タイプ間で有意差が示されたことから、すんき中の構成乳酸菌と含有成分との関連性が示された。菌種によって異なる代謝がすんきの成分組成を多様化させており、風味や品質に影響を与えることが強く示唆される。

### (2) すんきの嗜好性と品質を決定付ける代謝物・微生物マーカーの探索

品評会で収集したすんき **49** 点のメタボローム解析を行い、最優秀評価を得た試料の化学的特徴を明らかにすることを試みた。特徴に寄与した主な成分を表 2 に示す。最優秀すんきは試料全体と比較して、相対的に主要有機酸の含有量に優れ、特に旨味を有するコハク酸の含有量の高さが特徴的であることが明らかとなった。

表 2 . 品評会における最優秀すんきの化学的特徴

検出成分	信号強度の順位	信号強度の Zスコア	味・香りへの主な寄与
乳酸	5/49 位	1.27	酸味
酢酸	2/49 位	1.31	酸味・酢漬香
コハク酸	1/49 位	3.30	酸味・旨味
グルタミン酸	4/49 位	1.82	旨味
エタノール	44/49 位	-1.15	
酢酸エチル	46/49 位	-0.89	果実香
アセトイン	26/49 位	-0.44	バター・つわり香
ジアセチル	38/49 位	-0.67	バター・つわり香
1-ペンテン-3-オール	40/49 位	-0.75	青臭さ
4-ペンテニル ITC	18/49 位	0.22	漬菜の香り・辛み
2-フェネチル ITC	2/49 位	1.83	漬菜の香り・辛み

また、漬け菜らしい香りを有するイソチオシアネート (**ITC**) の信号強度にも優れていた。反対に、つわり香とも称されるアセトインとジアセチル、および果実香の酢酸エチルの信号強度が相対的に小さかった。したがって、これらの成分の組成が良好なすんきの風味に貢献していることが考えられ、嗜好性品質の指標として利用できると考えられた。

また、すんきは地理的表示保護 (**GI**) 制度によって規格が定められており、良好な乳酸発酵の指標として製品 **pH** が **3.7-4.3** の範囲に低下することが求められる。そこで、製品 **pH** に寄与する乳酸菌を絞り込むため、メタゲノム解析の菌叢データを説明変数および試料 **pH** を目的変数として **OPLS** 回帰分析を行った。その結果、*L. fermentum* の ASV が単独で強く寄与し、**pH** 値とも有意な正の相関を示した (図 2)。これにより、すんきに多数含まれる乳酸菌種のうち *L. fermentum* が発酵の品質に強く関与しており、その占有率が高くなるほど製品 **pH** が高くなることが明らかとなった。特に、その占有率が **40%** を超える試料は過半数が **pH 4.1** を上回っており、すんきの発酵で散見される発酵不良 (**pH** 低下不良) に関係しているのではないかと考えられた。

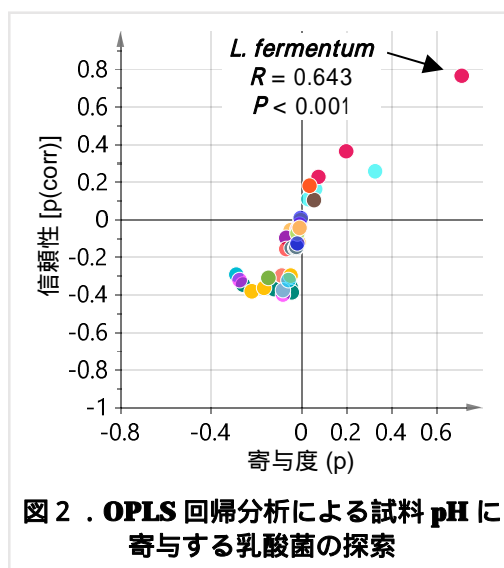


図 2 . OPLS 回帰分析による試料 pH に寄与する乳酸菌の探索

### (3) 成分組成と菌叢に影響を与える変動要因の検討

すんきの好ましい風味と安定的発酵に寄与する発酵スターター乳酸菌の候補を得るため、収集したすんきから **6** 属 **18** 種 **250** 菌株の乳酸菌を純粋分離した (表 3)。これらの中には、先行文献における培養法による菌叢解析で検出されなかった乳酸菌種も複数含まれており、本研究のメタゲノム解析で新たに示された菌叢多様性を支持する分離例となった。

これらの菌株を用いて *in vitro* でカブ菜の抽出液を発酵させてメタボローム解析に供した。水溶性成分組成に基づいて 250 株をグルーピングした結果を図 3 に示す。メタボローム解析を活用することで多数の乳酸菌株の発酵特性を俯瞰し、特徴に寄与する代謝物およびその予想される変換経路を一挙に把握することができた。たとえば、第一の代謝物マーカーであるコハク酸と対をなす代謝物としてリンゴ酸が示されているが、これはコハク酸がフマル酸を介する経路でリンゴ酸から変換されていることを示唆する。

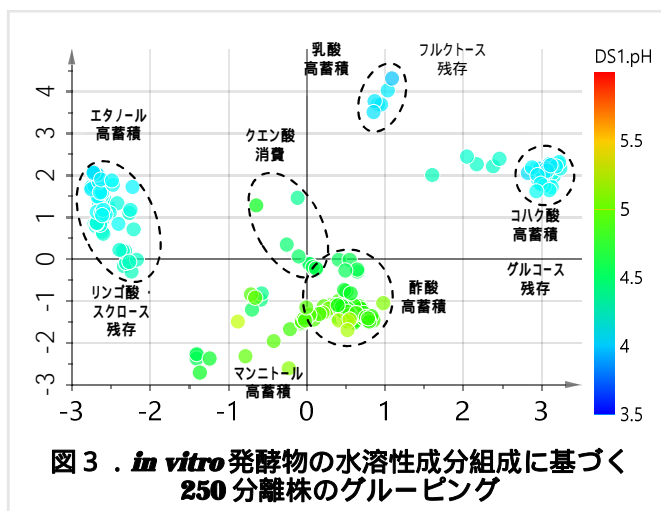


図 3 . *in vitro* 発酵物の水溶性成分組成に基づく 250 分離株のグルーピング

上述の嗜好性の指標となる成分組成および到達 pH に基づいてスターター候補株の選抜を試みた結果、*Lactobacillus delbrueckii* によって発酵を行った場合に、もっとも類似した特徴が得られた。すなわち、pH が良好に低下し、コハク酸およびイソチオシアネートの蓄積量に優れた(図 4)。乳酸や酢酸の高生産、酢酸エチルやジアセチルの低生産なども確認された。代表株として *Lactobacillus delbrueckii* 62-10 株を用いて発酵条件がコハク酸生産量に与える影響を検討したところ、発酵温度は 30-40°C (40°C でより早い)、食塩濃度は 2.0%未満、静置または嫌気条件でもっとも良好となることが明らかとなった。また、この菌株が他の漬物野菜の発酵にも利用できるか同様に検討したところ、すんき用の赤カブ以外にも、白カブ、白菜、キュウリにおいても良好にコハク酸を蓄積した。キャベツにおいても他菌種より優れたコハク酸の蓄積を示したものの、pH の低下に劣る結果となった。

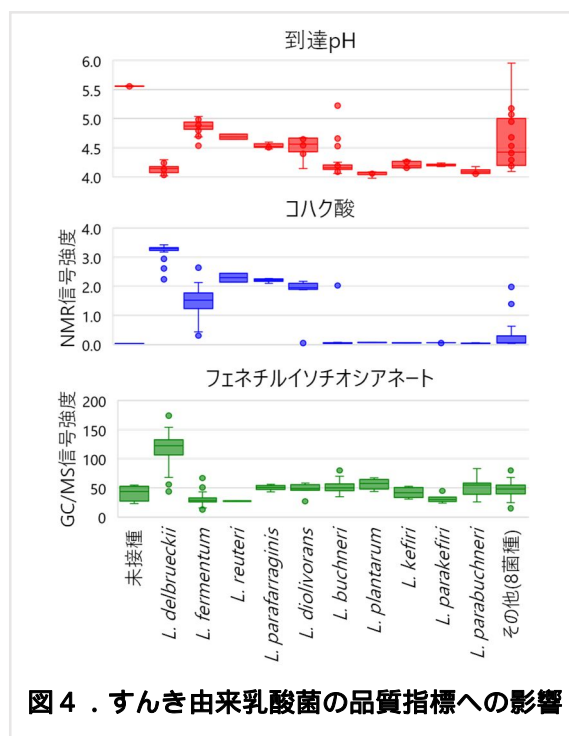


図 4 . すんき由来乳酸菌の品質指標への影響

さらに、すんきの乳酸菌叢が複数種類で構成されていた結果(図 1)に着目し、*Lactobacillus delbrueckii* 62-10 株との併用による複合発酵法を検討した。その結果、*Limosilactobacillus fermentum* との組み合わせにおいて相乗的な発酵促進効果が見出され、それぞれ単独では発酵しにくい原料(特にキャベツ)でも効果的な pH 低下が示された。これは、ヨーグルトにおけるブルガリカス菌とサーモフィラス菌の関係性のように、すんきにおいても異なる乳酸菌種が互いに不足する栄養素を補い合うような共生関係が成立している可能性が考えられた。また、単独発酵にてリンゴ酸非利用性であることが認められた *Lentilactobacillus buchneri* あるいは *Lentilactobacillus parakefiri* 菌株を組み合わせたと、*Lactobacillus delbrueckii* 62-10 株による高いコハク酸蓄積量を維持させながら、酢酸の蓄積を促進させることができた。

マルチオミクスの高スループットかつ包括的なアプローチにより、地域伝統発酵食品であるすんきの化学的・微生物学的特徴が詳細に明らかとなった。試料間で非常に多様性に富む乳酸菌叢と、それに伴う成分組成の大きな差異は、無塩条件下での自然発酵に起因していることが強く示唆される。また、これらの特徴差と品質との間に見出された相関性を科学的根拠として、発酵漬物に適した優良なスターター乳酸菌を取得し、その特性を活かした発酵条件および複合発酵系の開発に至った(富田, 特開 2022-127441)。これらの研究成果は、様々な原料野菜を対象とする発酵漬物製造における発酵安定性の向上、嗜好性の改変、保存性(抗カビ等)の向上への貢献が期待できる。また、本研究によって伝統発酵食品研究に対するマルチオミクスの有効性がさらに実証されたと言える。そのさらなる活用によって発酵食品研究が一層加速することを期待したい。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計1件（うち査読付論文 1件/うち国際共著 0件/うちオープンアクセス 0件）

1. 著者名 Tomita Satoru, Watanabe Jun, Nakamura Toshihide, Endo Akihito, Okada Sanae	4. 巻 129
2. 論文標題 Characterisation of the bacterial community structures of sunki, a traditional unsalted pickle of fermented turnip leaves	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Journal of Bioscience and Bioengineering	6. 最初と最後の頁 541 ~ 551
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.jbiosc.2019.11.010	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5件（うち招待講演 0件/うち国際学会 0件）

1. 発表者名 富田理
2. 発表標題 地域伝統発酵食品と微生物のフードメタボロミクス
3. 学会等名 微生物ウィーク2019
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 富田理、渡辺純、中村敏英、遠藤明仁、岡田早苗
2. 発表標題 伝統的無塩発酵漬物「すんき」の乳酸菌叢と成分組成の解析
3. 学会等名 日本農芸化学会2020年度大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 富田理、渡辺純、中村敏英、志水清継、岡田早苗
2. 発表標題 すんきの水溶性・揮発性成分および乳酸菌叢に関する研究
3. 学会等名 日本乳酸菌学会2018年度泊まり込みセミナー
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 富田理、渡辺純、中村敏英、志水清継、岡田早苗
2. 発表標題 すんきの発酵不良に関する要因の探索
3. 学会等名 日本乳酸菌学会2018年度大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 富田理
2. 発表標題 NMRおよびGC/MSメタボロミクスによる発酵食品成分の包括的解析
3. 学会等名 日本農芸化学会2019年度大会
4. 発表年 2019年

〔図書〕 計1件

1. 著者名 福崎 英一郎(監修)、有田 正規、金谷 重彦、新聞 秀一、櫻井 望、及川 彰、馬場 健史、田中 福代、馬淵 良太、根本 直、菊地 淳、飯島 陽子、若山 正隆、大渡 康夫、伊藤 彰敏、楠本 憲一、小川 高宏、玉田 佳大、越智 浩、富田 理、久本 雅嗣、藤村 忍、渡邊 彩乃、奥村 仙示、多々納 浩、立花 宏文、藤村 由紀、溝口 祥子、亀谷 直孝	4. 発行年 2021年
2. 出版社 株式会社エヌ・ティー・エス	5. 総ページ数 -
3. 書名 食品分野におけるメタボリック・プロファイリング活用最前線	

〔出願〕 計1件

産業財産権の名称 発酵漬物の製造方法	発明者 富田 理	権利者 国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究
産業財産権の種類、番号 特許、特開2022-127441	出願年 2021年	国内・外国の別 国内

〔取得〕 計0件

〔その他〕

<p>〔雑誌記事〕                  富田理（2018）, 「NMRおよびGC/MSメタボロミクスによる発酵食品成分の包括的解析」, 日本醸造協会誌, 第113巻11号, p667-678, (公財)日本醸造協会                  富田理（2018）, 「木曾の伝統漬物「すんぎ」と発酵野菜ジュースのメタボローム解析」, 食料, 第57巻, p15-26, (国研)農業・食品産業技術総合研究機構食品研究部門                  富田理（2020）, 「発酵漬物と乳酸菌」, アグリバイオ, 第4巻10号, p23-27, 株式会社北隆館                  富田理（2021）, 「発酵漬物と塩 低塩で活気づく乳酸菌」, 生物工学会誌, 第99巻10号, p546                  富田理（2022）, 「多成分一斉分析を活用した発酵スター乳酸菌の高スループット探索」, 食品と開発, 第59巻12号, インフォーママーケットジャパン株式会社</p>
---

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