

令和 6 年 5 月 24 日現在

機関番号：35413

研究種目：基盤研究(C)（一般）

研究期間：2020～2023

課題番号：20K02352

研究課題名（和文）NASH憎悪因子である悪玉ミュータンス菌の検出キットの開発

研究課題名（英文）Development of a kit for the detection of bad *S. mutans*, a NASH hate factor

研究代表者

長嶺 憲太郎（Nagamine, Kentaro）

広島国際大学・健康科学部・教授

研究者番号：80412352

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 3,300,000円

研究成果の概要（和文）：本研究では遺伝子増幅法の1つであるLoop-mediated isothermal amplification (LAMP) 法を用いて、*cnm+/pa+*ミュータンス菌を短時間かつ特異的に増幅するプライマーの作製および条件検討を行い、唾液からのミュータンス菌の検出を目的とした。この結果、*cnm*遺伝子および*pa*遺伝子を短時間に特異的に増幅できるプライマーを設計できた。さらに、健常者の唾液を用いて検討した結果、約4人に1人がNASH増悪因子として*cnm+/pa+*ミュータンス菌を保菌している事が明らかとなった。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究では、健常人ボランティアの協力の下、*cnm+/pa+* *S. mutans*の検出および保菌者背景の把握ができるようになり、国内外では初めてとなる研究結果である。また、LAMP法を用いた*cnm+/pa+* *S. mutans*の検出に関する研究も初めてであり、短時間に簡便な検出が可能となれば健康診断等による早期診断が可能となる。すなわち、多くの健常者およびNASH予備軍の人に対して疾病予防として歯科的予防による口腔衛生状態の改善や栄養指導による血管破綻の回避を積極的に行うことができ、将来のQOLの向上に繋がる事が期待できる。

研究成果の概要（英文）：In this study, primers that can amplify *cnm+/pa+* *S. mutans* rapidly and specifically using the loop-mediated isothermal amplification (LAMP) method, one of the gene amplification methods, were prepared and conditions were investigated to detect *S. mutans* in saliva. As a result, the designed primers amplify the *cnm* and *pa* genes specifically in a short time. Furthermore, the results of the study using saliva from healthy subjects revealed that approximately one in four individuals carries *cnm+/pa+* *S. mutans* as a NASH hate factor.

研究分野：分子生物学

キーワード：LAMP う蝕 遺伝子検査 タブレット型培地 ミュータンス菌 *cnm*

## 1. 研究開始当初の背景

近年、食生活の乱れによる肥満が要因となって発症する非アルコール性脂肪性肝疾患 (NAFLD) 患者の増加が問題となっている。NAFLD は単純性脂肪肝と非アルコール性脂肪肝炎 (NASH) に分けられるが、このうち NASH は自覚症状がほとんどなく、その後肝硬変・肝癌へと重症化する非常に厄介な疾患である。近年、この重症化に、う蝕 (虫歯) の原因菌である *Streptococcus mutans* (*S.mutans*) の中でも *cnm* 遺伝子と *pa* 遺伝子を発現している悪玉ミュータンス菌 (*cnm+/pa+ S.mutans*) の関与が報告されるようになってきた。しかしながら、*cnm+/pa+ S.mutans* と NASH との関連についての詳細な検討は殆どされていない。

## 2. 研究の目的

本研究では、唾液中に存在している *cnm+/pa+ S.mutans* を簡便に検出するシステムを構築し、生活習慣と *cnm+/pa+ S.mutans* の有無との関係を明らかにすることにより、栄養指導や歯科予防による口腔衛生状態の改善に役立てることを目的としている。

## 3. 研究の方法

### LAMP 用プライマーの設計

標的遺伝子に対して、3' 末端側と 5' 末端側に各 3 つの領域をそれぞれ規定する。これら 6 つの領域を認識する FIP、BIP、F3、B3 の 4 種類のプライマーに加え、ループプライマーとして LF、LB を設計した。

LAMP 法に用いる為の *cnm* 遺伝子に対するプライマーを 4 種類 (*cnm*1、2、3、4)、*pa* 遺伝子に対するプライマーを 3 種類 (*pa*1、2、3) 設計した。

### 健常者唾液サンプル

今回用いたサンプルは、2021 年 4 月から 2022 年 3 月の期間に本学学生に対して研究内容を説明し、同意が得られた 23 名を対象とした。本研究は、広島国際大学臨床研究倫理審査委員会の承認 (倫 21-006) を得て行なった。

### MSB 寒天培地の調整

9g の *mitis salivarius* agar (BD 社) と 15g のスクロース (Wako 社) を混ぜ、蒸留水で 100 mL にメスアップし、オートクレーブ (121、15 min) にかけて。オートクレーブ終了後、固まらない程度に冷めた培地に Tellurite solution を 100  $\mu$ L と Bacitracin (400 U/ml) を 50  $\mu$ L 加えた。攪拌後、シャーレに注ぎ入れ、培地が固まるまで静置した。パスツールピペットの上部 (スポイトを挿す部分) をシャーレ中の MSB 寒天培地に押し当て、タブレット状の MSB 寒天培地を取り出した。

### 唾液の培養

タブレット状の MSB 寒天培地を 2 mL マイクロチューブ (グライナー社製) に入れ、更に、唾液をタブレット状の MSB 寒天培地を覆うまで (150  $\mu$ L)、ピペットマンで入れた。チューブの蓋をして 37 で 24 時間培養した。

### LAMP 法による遺伝子増幅

2.5  $\mu$ L の LAMP 用プライマー (*cnm*1、2、3、4、及び *pa*1、2、3)、1  $\mu$ L の蛍光目視検出試薬 (栄研化学株式会社)、任意の量の 40%PEG、5M ベタイン、DW、1  $\mu$ L の鋳型 DNA または培養した唾液、反応容器として Loopamp 遺伝子増幅試薬 D (栄研化学株式会社) を用いて総量 25  $\mu$ L になるように調整し実験を行った。また、プライマーの特異性を検討するためにミュータンス菌以外の口腔常在菌であるソプリヌス菌 (SS)、ジンジパリス菌 (PG)、カンジダ菌 (CA) を用いた。反応容器にすべての試薬を入れ、PCR 装置 (TaKaRa Thermal Cycler Dice Touch) を用いて 65 でインキュベートし、ゲル撮影装置 (NIPPON Genetics) による紫外線照射で、設定時間ごとに増幅の有無を確認した。

#### 4. 研究成果

##### cnm プライマーの条件検討

cnm1~4 のプライマー全てにおいて PEG の終濃度は 0%、6%、8%、10%とし、増幅確認時間を 45 分から 90 分までを 15 分刻みに確認した。この結果、検出時間が早い順に cnm2 プライマーが PEG 濃度 10%で 45 分、cnm3 プライマーが PEG 濃度 10%で 75 分、cnm1 プライマーと cnm4 プライマーが PEG 濃度 10%で 90 分に確認された (図 1)。

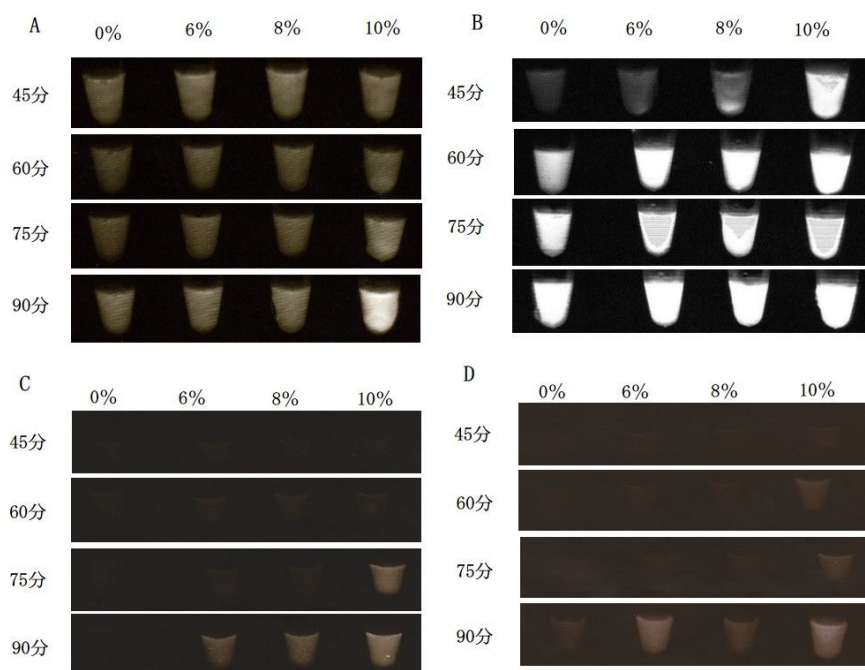


図 1 : cnm プライマーの条件検討

A:cnm1 プライマー、B:cnm2 プライマー、C:cnm プライマー-3、D:cnm4 プライマー。

%値は反応液中の PEG 濃度を示す。

##### pa プライマーの条件検討

pa1 プライマーの PEG 終濃度は 8%に設定し、30 分、35 分、40 分で確認した。pa2 プライマーの PEG 終濃度は 0%、8%、10%とし、30 分から 75 分までを 15 分刻みに確認した。また、pa3 プライマーの PEG 終濃度は 12%とし、40 分から 10 分刻みに確認した。この結果、検出時間が早い順に pa1 プライマーが PEG 濃度 8%で 35 分、pa2 プライマーが PEG 濃度 8%で 45 分、pa3 プライマーが PEG 濃度 12%で 60 分に確認された (図 2)。

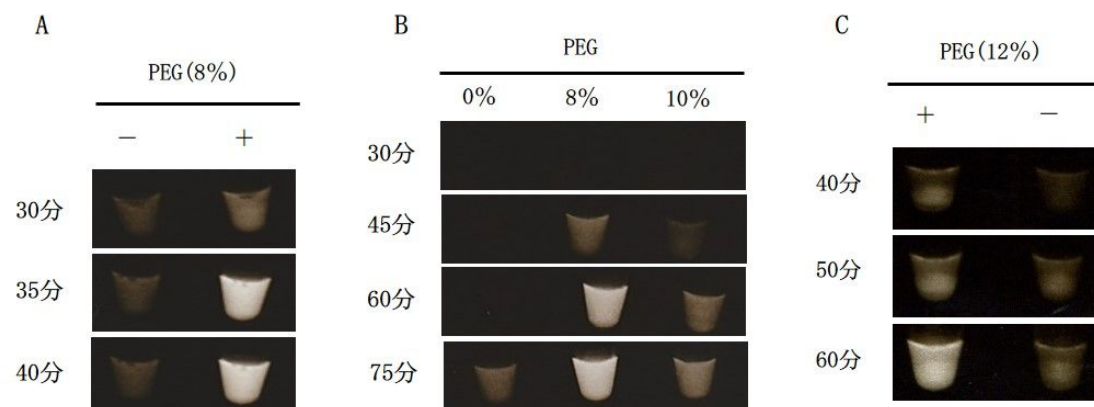


図 2 : pa プライマーの条件検討

A: pa1 プライマー、B: pa2 プライマー、C: pa3 プライマー

-は陰性コントロール (蒸留水)、+は陽性コントロール (103 分子 DNA) を示す。

%値は反応液中の PEG 濃度を示す。

### PEG とベタインの比較

先行研究より、*cnm* 遺伝子の検出は  $10^3$  分子以上で確認されている。しかし、この先行研究はベタインを用いた結果であり、PEG での報告は無い。そこで、今回用いた PEG とベタインを比較して、PEG の有用性がみられるか検討した。この結果、いずれのプライマーにおいても、PEG を用いる事でベタインよりも短時間に検出することが可能であることが分かった(図 3)。また DNA 数の比較では、 $10^3$  分子と  $10^5$  分子とではどちらも PEG 条件下で 45 分に増幅が確認された。

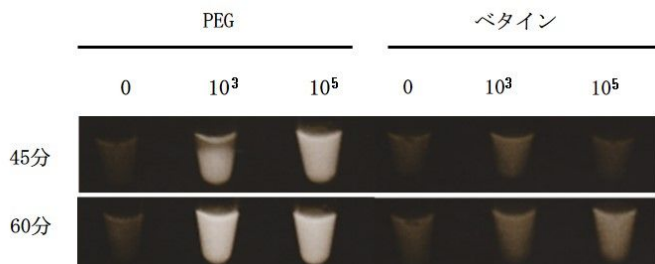


図 3： PEG およびベタインの比較

*cnm2* プライマーを用いた LAMP 反応である。0、 $10^3$ 、 $10^5$  は DNA 分子数を表す。

### プライマーの特異性の検討

今回作製したプライマーが、ミュータンス菌以外の口腔常在菌（ソブリヌス菌、ジンジバリス菌、カンジダ菌）に反応せず、*cnm* 遺伝子と *pa* 遺伝子のみで特異的に反応するかを検討した。なお、標的 DNA は(-)として DW、Positive control(+)として鋳型 DNA は 103 分子を用いた。増幅確認時間は図 1 の結果を元に最初に増幅が確認された時間とし、*cnm2* プライマーは 45 分、*pa1* プライマーは 35 分とした。その結果、両プライマーともにミュータンス菌以外の口腔常在菌の遺伝子は増幅しなかった(図 4)。

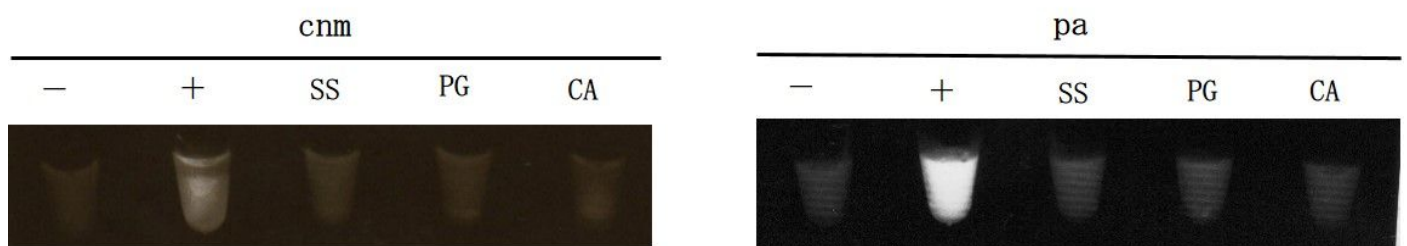


図 4： プライマーの特異性の検討

SS はソブリヌス菌、PG はジンジバリス菌、CA はカンジダ菌を示す。-は陰性コントロール（蒸留水）、+は陽性コントロール（ $10^3$  分子 DNA）を示す。

### 健常者の唾液を用いた遺伝子検出

説明と同意が得られた本学学生の唾液サンプル 23 名分を用いて、*cnm*+/*pa*+ミュータンス菌の保菌率を検討した。この結果、*cnm*+ミュータンス菌の陽性者は 23 名中 7 名であり、陽性率 30.4%であった。また、*pa*+ミュータンス菌の陽性者は 23 名中 20 名であり、陽性率 86.6%であった。さらに、*cnm*+/*pa*-ミュータンス菌の陽性者は 1 名で陽性率 4.3%、*cnm*-/*pa*+ミュータンス菌の陽性者は 14 名で陽性率 60.9%、*cnm*+/*pa*+ミュータンス菌の陽性者は 6 名で陽性率 26.1%という結果になった。(図 5)。

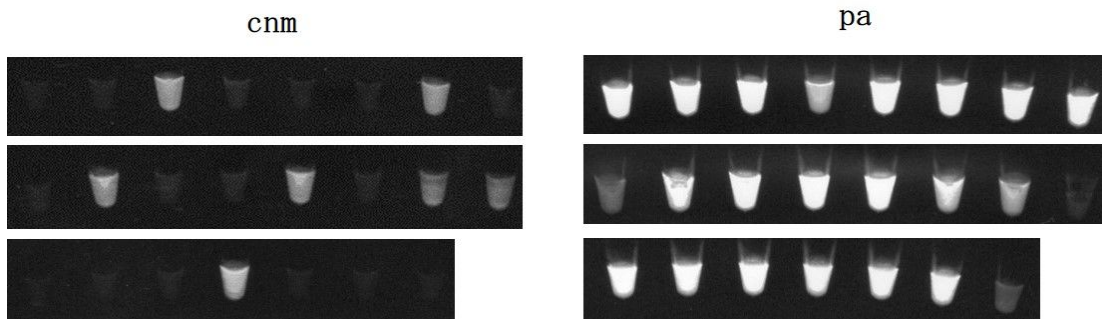


図5：健常者の唾液サンプルを用いた遺伝子検出

cnm は cnm2 プライマー、pa は pa1 プライマーで増幅した。

増幅条件の検討から、PEG 濃度 10% で 45 分に増幅した cnm2、PEG 濃度 8% で 35 分に増幅した pa1 を用いる事で、短時間に遺伝子増幅することが可能である事が明らかとなった。ベタインと PEG の増幅速度の比較では、ミュータンス菌の増幅は従来用いられてきたベタインよりも、PEG を用いる事で増幅時間が短くなる。また、DNA 分子量の違いによる感度の検討では、ベタインでの結果同様に  $10^3$  分子以上で増幅することから、ベタインと PEG の違いによるプライマーの感度に差はない (11)。分子量に対する影響が既存の結果と変わらず、短時間に遺伝子増幅が可能である事から、LAMP 法において PEG はベタインに比べて優れた増粘剤といえる。また、プライマーの特異性の検討から、cnm2 と pa1 はミュータンス菌以外の口腔常在菌（ソブリヌス菌、ジンジバリス菌、カンジダ菌）を増幅しなかったため、特異的なプライマーを作製できたと考える。

健常者の唾液サンプルを用いた結果から、PEG を添加した cnm+ミュータンス菌の陽性率は 30.4%であった。先行研究よりベタインを添加した場合の陽性率は、26.4%であることが分かっている。既存の研究データと比較しても陽性率が大きく乖離しておらず、PEG を用いてもベタインと同様に cnm+ミュータンス菌の検出が可能であるといえる。また、pa+ミュータンス菌の陽性率は 86.6%であった事から、pa 遺伝子は cnm 遺伝子に比べ高い割合で人の口腔内に存在することが明らかとなった。さらに、cnm+/pa+ミュータンス菌の陽性率から、約 4 人に 1 人が NASH の増悪に關与するミュータンス菌を保持している可能性が推察できた。

今後、本研究で確立した検出法を用いて cnm+/pa+ミュータンス菌を早期発見し、積極的な口腔ケアに取り組むことで、NASH の発症予防につながることを期待する。

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 富田翔太、高原優花、鈴木月花、中垣好花、木村留美、長嶺憲太郎	4. 巻 2
2. 論文標題 全身疾患に関わる口腔内ミュータンス菌の検出	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 HIU健康科学ジャーナル	6. 最初と最後の頁 21-30
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	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 長嶺憲太郎、木村留美、北川雅恵	4. 巻 33
2. 論文標題 タブレット型培地を用いた口腔内細菌の遺伝子検出	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 日本臨床微生物学雑誌	6. 最初と最後の頁 25-29
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	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 北川雅恵、田地豪、長嶺憲太郎、二川浩樹	4. 巻 15
2. 論文標題 Lactobacillus rhamnosus L8020タブレットのcnm遺伝子陽性Streptococcus mutans菌数に対する影響	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 日本口腔検査学会雑誌	6. 最初と最後の頁 9-13
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	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 Jun-ichi Takino, Shouhei Miyazaki, Kentaro Nagamine and Takamitsu Horii	4. 巻 22
2. 論文標題 The role of RASGRP2 in vascular endothelial cells	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 International Journal of Molecular Sciences	6. 最初と最後の頁 11129
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.3390/ijms222011129	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 北川雅恵、長嶺憲太郎	4. 巻 9
2. 論文標題 全身疾患に関わる口腔内細菌の遺伝子の遺伝子検査	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Precision Medicine	6. 最初と最後の頁 90(796)-94(800)
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) なし	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 Kitagawa M, Ouhara K, Oka H, Sakamoto S, Yamane Y, Kashiwagi A, Kanamoto R, Miyauchi M, Nagamine K.	4. 巻 185
2. 論文標題 Selective and easy detection of the Porphyromonas gingivalis fimA type II and IV genes by loop-mediated isothermal amplification	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Journal of Microbiol. Methods	6. 最初と最後の頁 106228
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.mimet.2021.106228	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 Masae Kitagawa, Kentaro Nagamine, Hiroko Oka, Kazuhisa Ouhara, Ikuko Ogawa, Hitoshi Komatsuzawa, Hidemi Kurihara	4. 巻 605
2. 論文標題 Rapid detection of the Streptococcus mutans cnm gene by loop-mediated isothermal amplification	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Anal Biochem .	6. 最初と最後の頁 113812
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.ab.2020.113812	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24件 (うち招待講演 0件 / うち国際学会 0件)

1. 発表者名 長嶺憲太郎, 北川雅恵, 木村留美
2. 発表標題 口腔内細菌の遺伝子検査
3. 学会等名 第34回日本臨床微生物学会総会・学術集会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 長嶺憲太郎, 木村留美
2. 発表標題 cnm+ミュータンス菌の保菌と幼少期の食習慣との関連
3. 学会等名 第45回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 大坪昂平, 北川雅恵, 樋山めぐみ, 前川友紀, 西中村亮, 長嶺憲太郎, 岡本佳明
2. 発表標題 ひまわり歯科での口腔検査実施の現状 -歯科診療所における口腔検査の必要性-
3. 学会等名 第15回日本口腔検査学会総会・学術大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 富田翔太, 高原優花, 木村留美, 北川雅恵, 長嶺憲太郎
2. 発表標題 LAMP法を用いたcnm陽性ミュータンス菌の遺伝子増幅
3. 学会等名 第69回日本栄養改善学会学術総会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 鈴木月花, 中垣好花, 木村留美, 北川雅恵, 長嶺憲太郎
2. 発表標題 LAMP法を用いたcnm及びpa陽性ミュータンス菌の遺伝子検査法の確立
3. 学会等名 第69回日本栄養改善学会学術総会
4. 発表年 2022年



1. 発表者名 木村留美, 長嶺憲太郎
2. 発表標題 cnm遺伝子陽性ミュータンス菌の保菌と幼少期の食環境との関連
3. 学会等名 第69回日本栄養改善学会学術総会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 長嶺憲太郎, 北川雅恵
2. 発表標題 口腔内嫌気性細菌の遺伝子増幅
3. 学会等名 日本薬学会第142年会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 木村留美, 長嶺憲太郎, 北川雅恵
2. 発表標題 幼少期の食環境とcnm陽性ミュータンス菌との関連
3. 学会等名 第24・25回日本病態栄養学会年次学術集会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 長嶺憲太郎, 北川雅恵
2. 発表標題 全身疾患に関わるミュータンス菌およびジンジバリス菌の遺伝子検査
3. 学会等名 第44回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 木村留美, 北川雅恵, 長嶺憲太郎
2. 発表標題 幼少期の食環境が虫歯の原因菌に及ぼす影響
3. 学会等名 第68回日本栄養改善学会学術総会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 長嶺憲太郎, 北川雅恵
2. 発表標題 身疾患に関わる口腔内細菌の遺伝子診断
3. 学会等名 第14回日本口腔検査学会総会・学術大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 北川雅恵, 田地豪, 宮田梨恵, 長嶺憲太郎, 柴秀樹, 二川浩樹
2. 発表標題 Lactobacillus rhamnosus L8020含有タブレットによるStreptococcus mutansの口腔保菌の変化
3. 学会等名 第14回日本口腔検査学会総会・学術大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 長嶺憲太郎, 北川雅恵, 應原一久, 栗原英見
2. 発表標題 口腔内の悪玉ミュータンス菌 (cnm陽性ミュータンス菌) の遺伝子診断
3. 学会等名 第67回日本栄養改善学会学術総会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 北川雅恵, 應原一久, 長嶺憲太郎, 柴秀樹
2. 発表標題 LAMP法によるPorphyromonas gingivalisのfimA遺伝子II型とIV型迅速検出
3. 学会等名 33回日本口腔診断学会 第30回日本口腔内科学会 第13回日本口腔検査学会 合同学術大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 長嶺憲太郎, 應原一久, 岡村友理香, 北川雅恵
2. 発表標題 LAMP法によるPorphyromonas gingivalisのfimA遺伝子II型とIV型の選択的検出
3. 学会等名 第42回 日本分子生物学会年会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 長嶺憲太郎, 應原一久, 北川雅恵
2. 発表標題 唾液を用いたcnm陽性ミュータンス菌の迅速診断
3. 学会等名 日本薬学会第141年会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 瀧野純一, 宮崎翔平, 長嶺憲太郎, 堀隆光
2. 発表標題 TAGEによる血管内皮機能障害に対するRASGRP2の影響
3. 学会等名 日本薬学会第144年会
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 木村留美, 北川雅恵, 長嶺憲太郎
2. 発表標題 タブレット型培地を用いたcnm+ Streptococcus mutansの保菌率調査
3. 学会等名 第35回日本臨床微生物学会総会・学術集会
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 木村留美, 長嶺憲太郎
2. 発表標題 cnm陽性ミュータンス菌の有無と幼少期の食習慣との関係
3. 学会等名 第27回日本病態栄養学会年次学術集会
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 木村留美, 長嶺憲太郎
2. 発表標題 タブレット型培地を用いたcnm+/pa+ Streptococcus mutansの保菌率調査
3. 学会等名 第46回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 長嶺憲太郎, 北川雅恵, 木村留美
2. 発表標題 唾液を用いた口腔内細菌の遺伝子検査
3. 学会等名 第46回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 北川雅恵, 長嶺憲太郎, 應原一久, 宮内俊介, 平井公人, 高柴正悟, 宮内睦美
2. 発表標題 LAMP法による唾液中 Aggregatibacter actinomycetemcomitans簡易検出法の確立
3. 学会等名 第16回日本口腔検査学会総会・学術大会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 今村千裕、小島優、北川雅恵、木村留美、長嶺憲太郎
2. 発表標題 LAMP法を用いた口腔内細菌Porphyromonas gingivalisの検出
3. 学会等名 第70回日本栄養改善学会学術総会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 竹内正義、逆井(坂井)亜紀子、高田尊信、郡山恵樹、古川絢子、瀧野純一、長嶺憲太郎、堀隆光、菊池千草、堀英生、岩尾岳洋、松永民秀
2. 発表標題 ヒトの健康に対するToxic AGEs (TAGE) の影響
3. 学会等名 日本薬学会第143年会
4. 発表年 2023年

〔図書〕 計2件

1. 著者名 長嶺憲太郎ら	4. 発行年 2021年
2. 出版社 化学工業社	5. 総ページ数 6
3. 書名 化学工業 LAMP法を用いた口腔内細菌の簡便・迅速診断法の開発	

1. 著者名 Kentaro Nagamine	4. 発行年 2023年
2. 出版社 Science Impact Ltd	5. 総ページ数 2
3. 書名 Impac	

〔出願〕 計5件

産業財産権の名称 2種以上の菌の培養方法及び検出方法	発明者 長嶺憲太郎	権利者 常翔学園広島国際大学
産業財産権の種類、番号 特許、特願2022-065878	出願年 2022年	国内・外国の別 国内

産業財産権の名称 細菌の培養方法及び検出方法	発明者 長嶺憲太郎	権利者 同左
産業財産権の種類、番号 特許、特願2021-082384	出願年 2021年	国内・外国の別 国内

産業財産権の名称 2種以上の菌の培養方法及び検出方法	発明者 長嶺憲太郎	権利者 同左
産業財産権の種類、番号 特許、特願2022-065878	出願年 2022年	国内・外国の別 国内

産業財産権の名称 細菌の培養方法及び検出方法	発明者 長嶺憲太郎	権利者 同左
産業財産権の種類、番号 特許、特願2020-187611	出願年 2020年	国内・外国の別 国内

産業財産権の名称 核酸の分離方法及び増幅方法	発明者 長嶺憲太郎、中山章文、古川彰	権利者 同左
産業財産権の種類、番号 特許、特願2023-212592	出願年 2023年	国内・外国の別 国内

〔取得〕 計0件

〔その他〕

<p>イノベーション・ジャパン2022～大学見本市 Onlineで長嶺教授が研究成果を出展  <a href="http://www.hirokoku-u.ac.jp/health_science/news_nt/20221004/">http://www.hirokoku-u.ac.jp/health_science/news_nt/20221004/</a></p> <p>大学見本市2023～イノベーション・ジャパンで研究成果を出展  <a href="https://www.hirokoku-u.ac.jp/information/2023/49206/49223.html">https://www.hirokoku-u.ac.jp/information/2023/49206/49223.html</a></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
研究 分 担 者	北川 雅恵  (Kitagawa Masae)  (10403627)	広島大学・病院(歯)・助教     (15401)	

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