

令和 6 年 4 月 22 日現在

機関番号：32684

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2020～2023

課題番号：20K07022

研究課題名(和文) 環境常在性の病原性真菌であるトリコスポロンの感染機構の解明

研究課題名(英文) Elucidation of the infection mechanism of *Trichosporon asahii*, a pathogenic fungus resident in the environment

研究代表者

松本 靖彦 (Matsumoto, Yasuhiko)

明治薬科大学・薬学部・准教授

研究者番号：60508141

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)：トリコスポロン・アサヒは、免疫力が低下した患者に対して重篤な深在性真菌症を引き起こす病原真菌の一つである。しかし、トリコスポロン・アサヒの病原性関連因子の同定とその機能解析は行われていない。本研究で、カイコを用いて簡便にトリコスポロン・アサヒの病原性を評価できる感染実験系の確立に成功した。また、非相同末端連結による修復機構を欠損した株を親株にすることで高効率に遺伝子欠損株が作製できる遺伝子組換え法を開発した。よって、カイコ感染モデルを用いたトリコスポロン・アサヒの病原性の評価系および迅速簡便な標的遺伝子の欠損株を樹立する技術の構築に成功した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究で、世界で初めてトリコスポロン属真菌の遺伝子組換え法の確立に成功した。さらに、病原真菌であるトリコスポロン・アサヒの感染機構を解明するためのカイコ感染モデルを構築した。これらの技術を組み合わせることで、トリコスポロン・アサヒの感染機構や薬剤耐性機構を分子遺伝学的方法で解明することが可能になった。本研究がトリコスポロン・アサヒに対する抗感染薬の開発に貢献することが期待できる。

研究成果の概要(英文)：Trichosporon asahii is one of the pathogenic fungi that cause severe deep-seated fungal infections in immunocompromised patients. However, the identification of virulence-related factors of *T. asahii* and their functional analysis have not been performed. In this study, we established an experimental infection system using silkworms for evaluating the virulence of *T. asahii*. Moreover, we developed a gene-recombination method for generating the gene-deficient mutants of *T. asahii* using the deficient mutant in the repair mechanism by non-homologous end joining. Therefore, we succeeded in establishing a silkworm infection model for evaluating the virulence of *T. asahii* and an efficient method for generating the gene-deficient mutants.

研究分野：微生物学

キーワード：真菌 病原性 遺伝子組換え カイコ トリコスポロン

1. 研究開始当初の背景

トリコスポロン・アサヒは、環境中に広く分布する担子菌門の真菌であり、ヒトの血液、喀痰、皮膚、糞便、尿からも分離されており、好中球減少症患者に重篤な深在性真菌症を引き起こす病原真菌である(Duarte-Oliveira, C., *et al.*, *Front Cell Infect Microbiol.*, 2017)。病原真菌であるカンジダ・アルビカンスによる深在性真菌症の死亡率が約 40%であるのに対し、トリコスポロン・アサヒによる深在性真菌症の死亡率は約 80%である。また、トリコスポロン・アサヒはエキノキャンディン系抗真菌薬に耐性があり、ミカファンギンで治療中の深在性真菌症の患者で重症化する(Kimura M., *et al.*, *Antimicrob. Agents Chemother.*, 2018)。さらに、アムホテリシン B やフルコナゾールなどのアゾール系抗真菌薬に耐性を持つ株が患者から分離されている。よって、トリコスポロン・アサヒは、その病原性や薬剤耐性の特徴から臨床的に深刻な問題となる病原真菌である。しかし、トリコスポロン・アサヒの宿主感染機構は不明である。トリコスポロン・アサヒの感染機構を研究する上で2つの問題がある。一つは簡便な感染モデルがないこと、もう一つは遺伝子組換え技術が確立されていないことである。

トリコスポロン・アサヒの病原性を簡便に評価するための実験動物として、カイコに着目した。一般的に、感染症の研究では実験動物としてマウスなどの哺乳動物が用いられる。マウスやラットなどの哺乳動物を用いた場合、感染実験を行うための特別な実験施設が必要であり、また動物実験のための倫理的問題があるため多数の個体を用いた実験が困難である(Matsumoto Y., *Biol. Pharm. Bull.*, 2020)。さらに、マウスを用いてトリコスポロン・アサヒによる感染実験を行う場合、免疫抑制薬の投与が必要であり実験が簡便ではない。これまでに、トリコスポロン・アサヒと同じ担子菌酵母であるクリプトコックス・ネオフォルマンスのカイコ感染モデルが確立されている(Matsumoto Y., *et al.*, *J. Appl. Microbiol.*, 2012)。本研究では、トリコスポロン・アサヒの病原性を簡便に評価できるカイコ感染モデルの構築を試みた。

トリコスポロン・アサヒの遺伝子組換え法を確立するために相同組換え機構と非相同末端結合による修復機構に着目した。標的とする遺伝子を欠損させるためには、相同となる DNA 配列を用いた二重鎖 DNA 切断に対する修復機構の一つである相同組換えが必要である。その他の修復機構に二重鎖 DNA 切断の非相同末端結合がある。二重鎖 DNA 切断の非相同末端結合は、相同組換え領域とは異なるゲノム内の場所にも DNA 領域を挿入してしまう反応であり、相同組換えによる遺伝子欠損株の樹立における効率を低下させる。よって、二重鎖 DNA 切断の非相同末端結合を起こさなくすることで、相同組換えの効率を上昇させることができる。KU70 と KU80 タンパク質は、ヘテロダイマーを形成して非相同末端結合の修復に関わる。いくつかの真菌では、これらのタンパク質をコードする遺伝子が欠損すると人為的な相同組換えの効率が上昇する(Ding Y., *Appl Microbiol Biotechnol.*, 2019)。よって、KU タンパク質をコードする遺伝子の欠損株は、遺伝学的な研究を推進する上で有用な親株となる。本研究では、トリコスポロン・アサヒの効率的な遺伝子組換え技術を開発するために *ku70* 遺伝子欠損株の樹立とその親株としての有用性の検証を試みた。

2. 研究の目的

- (1) トリコスポロン・アサヒの病原性を評価するための感染モデルの開発
- (2) トリコスポロン・アサヒの遺伝子欠損株を樹立するための遺伝学的技術の開発

3. 研究の方法

- (1) トリコスポロン・アサヒの基準株と臨床分離株をカイコに接種し、カイコが死亡する条件を見出す。病原性の定量的な評価のためにカイコの半数が死亡するために必要なトリコスポロン・アサヒの接種菌量である LD₅₀ (Lethal dose 50%)を算出する。
- (2) アグロバクテリウムを用いた遺伝子導入法によりトリコスポロン・アサヒの *ku70* 遺伝子欠損株を樹立する。*ku70* 遺伝子が欠失することでトリコスポロン・アサヒの遺伝子欠損株の取得効率が上昇するか、カルシニューリンのβ-サブユニットをコードする遺伝子(*cnb1* 遺伝子)の欠損で検証する。

4. 研究成果

- (1) トリコスポロン・アサヒの病原性を評価するための感染モデルの開発
トリコスポロン・アサヒの基準株である JCM2466 株を用いて、トリコスポロン・アサヒの接種後に 37°C で飼育することでカイコが死亡した(Fig. 1 上図)(Matsumoto Y., *et al.*, *Sci Rep*, 2020)。この条件をもとに JCM2466 株の LD₅₀ を算出した(Fig. 1 下図) (Matsumoto Y., *et al.*, *Sci Rep*, 2020)。複数の臨床分離株の LD₅₀ を算出し、検討した菌株の中で MPU129 株の LD₅₀ が最も低かった(Fig. 2) (Matsumoto Y., *et al.*, *Sci Rep*, 2021)。以上の結果から、トリコスポロン・アサヒのカイコ感染モデルが確立できたこと、並びにカイコ感染モデルを用いたトリコスポロン・アサヒの定量的な病原性の評価により MPU129 株が高病原性株として同定された。

(2) トリコスポロン・アサヒの遺伝子欠損株を樹立するための遺伝学的技術の開発
 高病原性株である MPU129 株から、アグロバクテリウムを用いた遺伝子導入法によりトリコスポロン・アサヒの *ku70* 遺伝子欠損株を分離した (Fig. 3) (Matsumoto Y., et al., *Sci Rep*, 2021). *ku70* 遺伝子欠損株における *cnb1* 遺伝子の欠損効率は、野生株と比べて高く、遺伝子導入条件を最適化することで、薬剤耐性となった形質転換体の 19%が *cnb1* 遺伝子欠損株であった (Table 1) (Matsumoto Y., et al., *Sci Rep*, 2021) (Matsumoto Y., et al., *AMB Express*, 2022)。以上の結果から、*ku70* 遺伝子が欠失することでトリコスポロン・アサヒの MPU129 株の遺伝子欠損株の取得効率が上昇することが明らかになった。さらに、カイコ感染モデルを用いた検証から *cnb1* 遺伝子がトリコスポロン・アサヒの病原性に関与することを見出した (Matsumoto Y., et al., *Sci Rep*, 2022)。

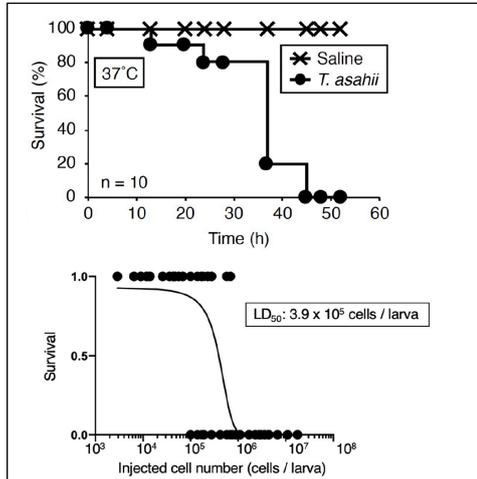


Fig. 1 カイコ感染モデルの確立 (Matsumoto Y., et al., *Sci Rep*, 2020)

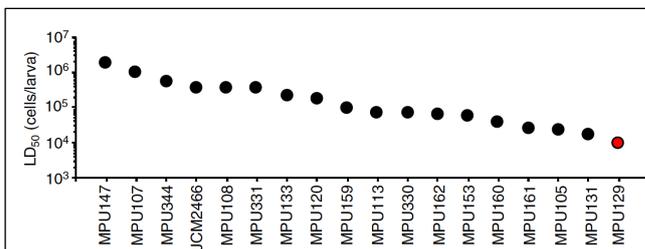


Fig. 2 カイコ感染モデルを用いた LD₅₀ の算出 (Matsumoto Y., et al., *Sci Rep*, 2021)

Strain	Total transformants	Homologous replacement ($\Delta cnb1$)	Efficiency (%) ($\Delta cnb1$ /total transformants)
Wild type	120	0	0%
$\Delta ku70$	21	4	19%

Table 1 *ku70* 遺伝子の欠損による *cnb1* 遺伝子欠損株の取得効率の上昇 (Matsumoto Y., et al., *Sci Rep*, 2021)

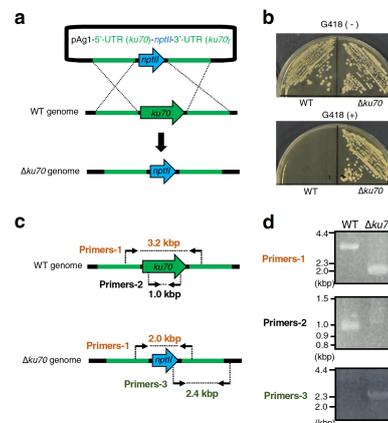


Fig. 3 *ku70* 遺伝子欠損株の樹立 (Matsumoto Y., et al., *Sci Rep*, 2021)

本研究でトリコスポロン・アサヒの病原性を簡便に評価できるカイコ感染モデルを構築し、またトリコスポロン・アサヒの遺伝学的解析の基盤技術になる遺伝子組換え法の開発に成功した。トリコスポロン・アサヒのカイコ感染モデルと遺伝子組換え技術を用いて、分子遺伝学的なアプローチによるトリコスポロン・アサヒの感染機構や薬剤耐性機構の解明に貢献できると期待できる。

<引用文献>

- (1) Duarte-Oliveira, C. et al. The Cell Biology of the *Trichosporon*-Host Interaction. *Front Cell Infect Microbiol* 7, 118 (2017).
- (2) Kimura, M. et al. Micafungin Breakthrough Fungemia in Patients with Hematological Disorders. *Antimicrob. Agents Chemother.* 62, e02183-17 (2018).
- (3) Matsumoto, Y. Facilitating drug discovery in human disease models using insects. *Biol. Pharm. Bull.* 43, 216–220 (2020).
- (4) Matsumoto, Y. et al. Quantitative evaluation of cryptococcal pathogenesis and antifungal drugs using a silkworm infection model with *Cryptococcus neoformans*. *J. Appl. Microbiol.* 112, 138–146 (2012).
- (5) Ding, Y. et al. Increasing the homologous recombination efficiency of eukaryotic microorganisms for enhanced genome engineering. *Appl Microbiol Biotechnol* 103, 4313–4324 (2019).
- (6) Matsumoto, Y. et al. A novel silkworm infection model with fluorescence imaging using transgenic *Trichosporon asahii* expressing eGFP. *Sci Rep* 10, 10991 (2020).
- (7) Matsumoto Y. et al. Development of an efficient gene-targeting system for elucidating infection mechanisms of the fungal pathogen *Trichosporon asahii*. *Sci. Rep.* 11, 18270–18310 (2021).
- (8) Matsumoto Y. et al. A joint PCR-based gene-targeting method using electroporation in the pathogenic fungus *Trichosporon asahii*. *AMB Express* 12, 91 (2022)
- (9) Matsumoto Y. et al. A critical role of calcineurin in stress responses, hyphal formation, and virulence of the pathogenic fungus *Trichosporon asahii*. *Sci. Rep.* 12, 16126 (2022).

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計4件（うち査読付論文 4件/うち国際共著 0件/うちオープンアクセス 4件）

1. 著者名 Matsumoto Yasuhiko, Nagamachi Tae, Yoshikawa Asami, Yamada Tsuyoshi, Sugita Takashi	4. 巻 12
2. 論文標題 A joint PCR-based gene-targeting method using electroporation in the pathogenic fungus <i>Trichosporon asahii</i>	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 AMB Express	6. 最初と最後の頁 91
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1186/s13568-022-01431-9	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 Matsumoto Yasuhiko, Yoshikawa Asami, Nagamachi Tae, Sugiyama Yu, Yamada Tsuyoshi, Sugita Takashi	4. 巻 12
2. 論文標題 A critical role of calcineurin in stress responses, hyphal formation, and virulence of the pathogenic fungus <i>Trichosporon asahii</i>	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 16126
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1038/s41598-022-20507-x	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 Matsumoto Yasuhiko, Nagamachi Tae, Yoshikawa Asami, Yamazaki Hideki, Yamasaki Yusuke, Yamada Tsuyoshi, Sugita Takashi	4. 巻 11
2. 論文標題 Development of an efficient gene-targeting system for elucidating infection mechanisms of the fungal pathogen <i>Trichosporon asahii</i>	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 18270
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1038/s41598-021-97287-3	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 Matsumoto Yasuhiko, Yamazaki Hideki, Yamasaki Yusuke, Tateyama Yuki, Yamada Tsuyoshi, Sugita Takashi	4. 巻 10
2. 論文標題 A novel silkworm infection model with fluorescence imaging using transgenic <i>Trichosporon asahii</i> expressing eGFP	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 10991
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1038/s41598-020-67841-6	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 -

〔学会発表〕 計31件（うち招待講演 3件 / うち国際学会 1件）

1. 発表者名 松本靖彦、長町多恵、吉川麻美、山田剛、杉田 隆
2. 発表標題 病原真菌Trichosporon asahiiにおけるku70遺伝子の欠損による遺伝子欠損株の作製効率の上昇
3. 学会等名 第41回関東医真菌懇話会（東京 [Web]）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Matsumoto Y, Yamada T., and Sugita T
2. 発表標題 A novel silkworm infection model for elucidating the virulence of the fungal pathogen Trichosporon asahii
3. 学会等名 International Union of Microbiological Societies 2022, (Rotterdam [WEB]) (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 松本靖彦、長町多恵、吉川麻美、山田剛、杉田 隆
2. 発表標題 病原真菌Trichosporon asahiiにおける迅速な遺伝子組換え技術の開発
3. 学会等名 第34回微生物シンポジウム（東京）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 杉山悠、松本靖彦、吉川麻美、長町多恵、杉田 隆
2. 発表標題 病原真菌Trichosporon asahiiにおけるHog1を介したストレス応答や病原性の制御
3. 学会等名 第66回日本医真菌学会総会・学術集会（岐阜）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 松本靖彦、吉川麻美、長町多恵、山田 剛、杉田 隆
2. 発表標題 病原真菌Trichosporon asahiiの病原性におけるカルシニューリンの役割
3. 学会等名 第66回日本医真菌学会総会・学術集会（岐阜）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 松本靖彦、山田剛、杉田 隆
2. 発表標題 病原真菌Trichosporon asahiiの感染機構の理解のための遺伝学的手法の開発
3. 学会等名 第95回日本生化学会（名古屋）（招待講演）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 松本靖彦、吉川麻美、長町多恵、杉山悠、山田剛、杉田隆
2. 発表標題 病原真菌Trichosporon asahiiの病原性における カルシニューリン経路の役割
3. 学会等名 第96回日本細菌学会総会（姫路）
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 松本靖彦、山田剛、杉田隆
2. 発表標題 病原真菌Trichosporon asahiiの感染機構の解明に向けた遺伝学的基盤技術の構築
3. 学会等名 日本薬学会第143年会（札幌）（招待講演）
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 杉山悠、松本靖彦、長町多恵、吉川麻美、杉田隆
2. 発表標題 病原真菌Trichosporon asahii のストレス応答や病原性におけるMAPキナーゼHog1による制御
3. 学会等名 日本薬学会第143年会（札幌）
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 小金澤彩智、松本靖彦、金井弘美、杉田隆
2. 発表標題 GTP結合タンパク質Gpa1は、病原真菌Trichosporon asahiiのバイオフィーム形成に寄与する
3. 学会等名 日本薬学会第143年会（札幌）
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 金井弘美、松本靖彦、小金澤彩智、杉田隆
2. 発表標題 病原真菌Trichosporon asahiiの増殖におけるPlc1シグナル伝達経路機構の関与
3. 学会等名 日本薬学会第143年会（札幌）
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 清水 優太、松本 靖彦、吉友 桂、遠藤 寿伶希、杉田 隆
2. 発表標題 病原真菌Trichosporon asahiiのストレス抵抗性における転写因子Crz1の役割
3. 学会等名 日本薬学会第143年会（札幌）
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 中山 メイ、松本 靖彦、米本 歩未、宮本 和夢、倉門 早苗、杉田 隆
2. 発表標題 病原真菌Trichosporon asahiiの窒素飢餓条件の生育におけるオートファジー関連遺伝子atg1の役割
3. 学会等名 日本薬学会第143年会（札幌）
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 吉友桂、松本靖彦、遠藤寿伶希、清水優太、杉田隆
2. 発表標題 病原真菌Trichosporon asahiiの細胞膜や細胞壁の維持におけるMAPキナーゼMpk1の必要性
3. 学会等名 日本薬学会第143年会（札幌）
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 松本靖彦、長町多恵、吉川麻美、山田 剛、杉田 隆
2. 発表標題 病原真菌 Trichosporon asahii の遺伝子欠損株樹立法の開発
3. 学会等名 第 33 回 微生物シンポジウム（Web開催）
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 松本靖彦、山田 剛、杉田 隆
2. 発表標題 GFPを発現する遺伝子組換えTrichosporon asahiiを用いたin vivoでの抗真菌薬の薬効評価
3. 学会等名 第65回日本医真菌学会総会・学術集会（東京都）
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 長町多恵、松本靖彦、吉川麻美、山田 剛、杉田 隆
2. 発表標題 アグロバクテリウムを介する遺伝子導入法を用いた病原真菌Trichosporon asahiiのku70遺伝子欠損株の樹立
3. 学会等名 第65回日本医真菌学会総会・学術集会（東京都）
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 吉川麻美、松本靖彦、長町多恵、山田 剛、杉田 隆
2. 発表標題 エレクトロポレーション法を用いた病原真菌Trichosporon asahiiの遺伝子欠損株の作出
3. 学会等名 第65回日本医真菌学会総会・学術集会（東京都）
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 杉山 悠、松本靖彦、吉川麻美、長町多恵、杉田 隆
2. 発表標題 病原真菌Trichosporon asahiiのストレス抵抗性機構におけるhog1遺伝子の役割
3. 学会等名 第65回日本医真菌学会総会・学術集会（東京都）
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 松本靖彦、長町多恵、吉川麻美、山田剛、杉田隆
2. 発表標題 病原真菌Trichosporon asahiiの感染機構を解明するための遺伝子欠損株の樹立法の確立
3. 学会等名 日本薬学会第142年会（Web開催）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 杉山悠、松本靖彦、長町多恵、吉川麻美、杉田隆
2. 発表標題 病原真菌Trichosporon asahiiのストレス抵抗性に関するhog1遺伝子の役割
3. 学会等名 日本薬学会第142年会 (Web開催)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 松本靖彦、長町多恵、吉川麻美、山田剛、杉田隆
2. 発表標題 病原真菌Trichosporon asahiiにおける高効率な遺伝子組換え技術の開発
3. 学会等名 第95回日本細菌学会総会 (Web開催)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 大久保友隆、張 音実、松本靖彦、加藤隼平、小笠原裕樹、杉田 隆
2. 発表標題 アトピー性皮膚炎への関与が示唆されるDelftia属菌
3. 学会等名 第64回日本薬学会関東支部大会(東京 [web])
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 松本靖彦、倉門早苗、杉田 隆
2. 発表標題 医療器具素材表面でのCandida albicans によるバイオフィルム形成のin vivo 評価システムの開発
3. 学会等名 第64回日本医真菌学会総会・学術集会 (東京)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 長町多恵、松本靖彦、山崎豪己、山崎雄介、吉川麻美、杉田 隆
2. 発表標題 Trichosporon asahii の高病原性臨床分離株の同定のためのカイコ感染モデルの利用
3. 学会等名 第64回日本医真菌学会総会・学術集会（東京）
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 山崎豪己、松本靖彦、山崎雄介、立山祐樹、杉田 隆
2. 発表標題 Trichosporon asahii の感染機構の解明や抗真菌薬の薬効評価のためのカイコ感染モデルの利用
3. 学会等名 第64回日本医真菌学会総会・学術集会（東京）
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 山崎雄介、松本靖彦、山崎豪己、杉田 隆
2. 発表標題 病原真菌Trichosporon asahii の病原性調節機構の比較ゲノム解析による予測
3. 学会等名 第64回日本医真菌学会総会・学術集会（東京）
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 吉川麻美、松本靖彦、長町多恵、山田 剛、杉田 隆
2. 発表標題 病原真菌Trichosporon asahii の遺伝子組み換え法の開発
3. 学会等名 第64回日本医真菌学会総会・学術集会（東京）
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 大久保友隆、松本靖彦、張 音実、杉田 隆
2. 発表標題 Delftia 属細菌のStaphylococcus epidermidis に対するTCA回路の活性化を介した増殖抑制作用
3. 学会等名 第103回日本細菌学会関東支部総会（東京 [web]）
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 松本靖彦、山崎豪己、山崎雄介、立山祐樹、山田 剛、杉田 隆
2. 発表標題 病原真菌Trichosporon asahiiによる感染症に対する抗真菌薬の薬効評価のためのカイコ感染モデルの利用
3. 学会等名 真菌症フォーラム2020学術集会（東京 [web]）
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 松本靖彦
2. 発表標題 細菌学研究者として考えること
3. 学会等名 第94回日本細菌学会総会（岡山 [web]）（招待講演）
4. 発表年 2021年

〔図書〕 計1件

1. 著者名 執筆者：73名、技術情報協会	4. 発行年 2022年
2. 出版社 技術情報協会	5. 総ページ数 553
3. 書名 バイオプロセスを用いた有用性物質生産技術	

〔産業財産権〕

〔その他〕

Researchmap
<https://researchmap.jp/Matsumon1980>
明治薬科大学微生物学研究室
<https://u-lab.my-pharm.ac.jp/~biseibutsu/>

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