

令和 3 年 6 月 7 日現在

機関番号：82401

研究種目：基盤研究(A) (一般)

研究期間：2017～2020

課題番号：17H01447

研究課題名(和文) シロアリ腸内微生物群集の網羅的シングルセル解析による複雑性成立機構の解明

研究課題名(英文) Study on symbiotic complex in termite guts through single-cell genomics

研究代表者

大熊 盛也(Ohkuma, Moriya)

国立研究開発法人理化学研究所・バイオリソース研究センター・室長

研究者番号：10270597

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 32,500,000円

研究成果の概要(和文)：複雑ではあるが安定して再現性良く同一の微生物群集が得られるシロアリ腸内の共生微生物群集を主な対象として、細菌にはシングルセルゲノム解析、原生生物にはシングルセルトランスクリプトーム解析を実施して、群集を構成する個々の微生物種の機能と共生機構の解明を行った。二層構造のマイクロカプセルを用いた微量スケールのゲノム増幅により、操作性が簡便でありながら、より高いゲノム完全率が得られる効率的なシングルセルゲノム解析技術の開発にも成功した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

生態系の複雑な微生物群集を構成する個々の微生物種の機能を明らかにすることは、微生物間の相互作用と生態系や群集の成立・維持機構の理解に極めて重要で、ひとつひとつ解明されていくことは学術上に大きな進展である。シングルセルゲノム解析の技術が高度化・効率化される意義も大きく、従来技術と相補的となる。これらの進展により、自然界の生態系の理解と保全、そして、微生物の複合系の効果的な制御や人為構築などの革新的な産業応用技術のための基盤がもたらされる。

研究成果の概要(英文)：Symbiotic microbial community in the gut of termites is complex but stable and conserved among individuals of a species. We performed single-cell genome and transcriptome analyses for the gut bacteria and protists, respectively, and revealed their functions and symbiotic roles. A new efficient technology for single-cell genome analyses with picolitre-scale genome amplification using double-layered microcapsules was successfully developed, which can be easily prepared but attain higher genome completeness.

研究分野：微生物学

キーワード：共生 微生物群集 ゲノム解析 シングルセル 微生物資源 微生物機能

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。

1. 研究開始当初の背景

自然界の生態系の複雑な微生物群集は、多くが培養困難な種で構成されており、網羅的に遺伝情報を解読するメタゲノム解析等の研究が盛んとなっている。メタゲノム解析は、群集全体が有する機能や多様性の度合いを見積もることができる強力な手法である一方で、個々の構成微生物種の機能は十分には解明することができない場合が多く、それぞれの微生物種の機能解明とそれに基づく微生物間の相互作用などに関する本質的な理解は決して進んでいないと思われる。個々の微生物種を分離培養することがもっとも理想的であるが、網羅的な分離培養は不可能である。シングルセルでのゲノム情報解析は、種を特定してゲノム情報を得ることができ、メタゲノム解析と相補的であると期待される。しかしながら、1細胞を出発とするが故に、増幅の偏りが著しく、ゲノムの一部の配列情報しか得られないという短所を有している。このような問題点を改善することができれば、ブレークスルーをもたらす革新的技術となると期待される。

本研究で主な対象とするシロアリ腸内の共生微生物群集は、培養困難な100種以上の微生物種からなる複雑なものである。一方で、宿主シロアリの社会性昆虫としての行動に基づく腸内微生物の個体間での受け渡しにより、世代を超えて安定したものとなっており、再現性よくほぼ同一の微生物群集を研究することができる利点がある。また、リグノセルロースを主成分とする枯死植物の効率良い分解と資源利用に働く微生物群集の有する特徴的な機能についての知見が蓄積している。これまでに、シロアリ腸内微生物群集を培養を介さずに解析して、微生物群集の種多様性や構造と機能に関する研究を進めた結果、セルロース分解性の原生生物（単細胞の真核生物）の細胞内・細胞表層に種特異的に細菌が共生し、それらが腸内で優占する種であることなどを明らかにしてきた。最近ではシングルセルゲノム解析により原生生物の細胞内・表層に共生するいくつかの細菌の機能解明も進めてきた。

2. 研究の目的

シロアリ腸内に生息する主要な細菌種、特にセルロース分解性原生生物種の細胞内・細胞表層に共生する細菌について、シングルセルゲノム解析を実施して、それぞれの機能について解明し、細菌種間の機能の差異や異種間での相互作用、共生機構を理解する。原生生物についても、シングルセルでトランスクリプトーム解析を実施して、原生生物種間の機能の差異を明らかにする。これらの研究により、複雑な微生物群集が成立・維持されている機構の理解をめざす。また、シングルセルゲノム解析の問題点である、ゲノム増幅の偏りと不十分なゲノム完全率の改善をめざして、新しい発想での技術開発や技術の高度化を行って、その有効性について検討する。

3. 研究の方法

シロアリ腸内の微生物はFluorescence-activated cell sorting (FACS)によりシングルセルに分離した。原生生物の細胞は、細胞形態で種を見分けつつマイクロマニピュレータを用いて分離した。原生生物の細胞内・表層共生細菌は、同種の原生生物細胞を多数集めた後、FACSで分離した。細菌の全ゲノムはPhi29 DNA polymeraseを用いて増幅し、増幅DNAから16S rRNA遺伝子をPCR増幅して決定した遺伝子配列から細菌種を特定してゲノム情報解析に供した。トランスクリプトーム解析にはQuartz-Seq法を適用した。それぞれゲノム完全率・ゲノムカバー率を細菌・真核生物で保存されている遺伝子の出現頻度から算出し、機能を推定して考察した。

シングルセルゲノム解析のための新しい技術として開発されたアガロースゲルマイクロカプセルの有効性を確認するために、大腸菌、純粋培養した人腸内細菌の20種の混合、およびシロアリ腸内細菌を適宜希釈して確率論的にシングルセルを多く含むカプセルを作成し、ゲノム増幅後にゲノム情報解析を行って、ゲノム完全率を評価した。前2者の場合は純粋培養された細菌種のゲノム情報と比較した。

4. 研究成果

これまでにオオシロアリ腸内の *Eucomonympha* 属原生生物の細胞内に共生するスピロヘータ細菌 (*Treponema intestinalis* と命名) のシングルセルゲノム解析を報告していた。オオシロアリには3種以上の *Eucomonympha* 属原生生物が共生しており、近縁の細胞内共生スピロヘータ細菌を有する *Teronympha* 属の原生生物とあわせ、シロアリ、原生生物、細胞内共生細菌の関係を分子系統学的に解析した。その結果、特に各シロアリ腸内に1種のみが生息するとされている *Teronympha* 属原生生物の場合、3者の系統関係は有意に一致しており、3者間の共種分化が強く示唆された。同一シロアリ種腸内の *Eucomonympha* 属原生生物とその細胞内共生細菌の系統は必ずしも一致せず、共生細菌の交換が腸内で比較的高頻度に生じてきたものと考えられた。*T. teratonymphae* のシングルセルゲノム解析を行なったところ、そのゲノムは *T. intestinalis* よりも縮小化が進んでおり、縮小化に関与するとされるトランスポゾン遺伝子数も異なっていた。共種分化の関係がゲノム進化にも影響していると考えられた。

この他、コウシュンシロアリ腸内の *Devescovina* 属原生生物の細胞表層に付着共生する Bacteroidales 目の細菌、オオシロアリ腸内の原生生物 *Pyrsonympha* sp の細胞表層に共生する複数種のスピロヘータ細菌のシングルセルゲノム解析も行って、機能の推定を行った。さらに、*Trichonympha* 属原生生物の細胞内に共生する *Endomicrobia* 属と *Desulfovibrio* 属細菌、原生生物の細胞表層に共生するスピロヘータに付着する新規系統の細菌 *Margulisbacteria*、*Mastotermes* 属のシロアリとシロアリに近縁なゴキブリの細胞内共生細菌 *Blattabacterium* 等のゲノム解析も共同研究で実施し、機能や進化の考察を行って発表した。

シロアリ腸内からの細菌の分離も行なって、FACS でのシングルセル分離後の培養や、各種培養条件を適用することで多数の新種候補分離株を得た。これらのなかから、新種の乳酸菌 *Lactococcus reticulitermitis*, *Lactococcus termiticola*, *Lactococcus insecticola*, *Lactococcus hodotermopsidis* を提唱し、ゲノム配列情報も決定した。

ヤマトシロアリ腸内全体の微生物群集を構成する主要な細菌種約 80 種のシングルセルゲノム解析も行って、細菌種を特定したゲノム情報の網羅的な解釈を行なった。しかし、ゲノム完全率はそれぞれの種間での機能の差異等を推定するには不十分なものであった。そこで、工学系の研究者との共同研究で、アガロース外殻と内部のゾル状構造の2層からなるマイクロカプセルを開発し、シングルセルゲノム解析技術の高度化を進めた。カプセル内の微小スケールの増幅反応により、増幅時の偏りを抑えて高いゲノム完全率を再現性よく達成することができた。様々な細菌を用いた試験でその有効性を確認している。このマイクロカプセルは、比較的強固な外殻を持つが、低分子物質の透過性に優れ、アルカリ変性-中和-酵素反応といった連続した反応をひとつのチューブ内で、多数カプセル同時並行で処理できるという効率的な技術となった。特殊なデバイスなどを必要としない簡便な方法でシングルセルゲノム解析を行えるものでもある。

比較的原生生物種の構成が単純なイエシロアリにおいて、腸内のセルロース分解性原生生物を対象に、培養を介さないシングルセルトランスクリプトーム解析も行なった。原生生物種によって糖質分解酵素遺伝子群の発現に有意な差のあることを見出し、分解機能の違いを推定した。特定種でのみ高発現しているキチン分解利用酵素遺伝子群の2つは、分子系統解析の結果、進化上細菌からの遺伝子水平伝播で獲得したものと推定され、シロアリ外皮窒素源の再利用や病原菌類の分解などの役割を果たすように新機能を獲得して適応進化したものと考察した。十数種もの原生生物種から構成されるヤマトシロアリについても、ほとんどの原生生物種についてシングルセルトランスクリプトーム解析を行って、発現遺伝子の差異を確認している。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計44件（うち査読付論文 43件 / うち国際共著 13件 / うちオープンアクセス 12件）

1. 著者名 Nishimura Yuki, Otagiri Masato, Yuki Masahiro, Shimizu Michiru, Inoue Jun-ichi, Moriya Shigeharu, Ohkuma Moriya	4. 巻 14
2. 論文標題 Division of functional roles for termite gut protists revealed by single-cell transcriptomes	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 The ISME Journal	6. 最初と最後の頁 2449 ~ 2460
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41396-020-0698-z	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 Bourguignon Thomas, Kinjo Yukihiro, Villa-Martin Paula, Coleman Nicholas V., Tang Qian, Arab Daej A., Wang Zongqing, Tokuda Gaku, Hongoh Yuichi, Ohkuma Moriya, Ho Simon Y.W., Pigolotti Simone, Lo Nathan	4. 巻 30
2. 論文標題 Increased Mutation Rate Is Linked to Genome Reduction in Prokaryotes	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Current Biology	6. 最初と最後の頁 3848 ~ 3855.e4
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.cub.2020.07.034	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 該当する
1. 著者名 Takeuchi Mariko, Kuwahara Hirokazu, Murakami Takumi, Takahashi Kazuki, Kajitani Rei, Toyoda Atsushi, Itoh Takehiko, Ohkuma Moriya, Hongoh Yuichi	4. 巻 14
2. 論文標題 Parallel reductive genome evolution in <i>Desulfovibrio</i> ectosymbionts independently acquired by <i>Trichonympha</i> protists in the termite gut	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 The ISME Journal	6. 最初と最後の頁 2288 ~ 2301
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41396-020-0688-1	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 Noda Satoko, Koyama Fumiya, Aihara Chihiro, Ikeyama Nao, Yuki Masahiro, Ohkuma Moriya, Sakamoto Mitsuo	4. 巻 70
2. 論文標題 <i>Lactococcus insecticola</i> sp. nov. and <i>Lactococcus hodotermopsis</i> sp. nov., isolated from the gut of the wood-feeding lower termite <i>Hodotermopsis sjostedti</i>	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology	6. 最初と最後の頁 4515 ~ 4522
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1099/ijsem.0.004309	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 雪 真弘、大熊盛也	4. 巻 37
2. 論文標題 マイクロビオームの一細胞解析技術の現状 (The current state of single-cell analysis for microbiome)	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 実験医学 (Experimental Medicine)	6. 最初と最後の頁 186 ~ 191
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 無
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 Noda Satoko, Aihara Chihiro, Yuki Masahiro, Ohkuma Moriya	4. 巻 6
2. 論文標題 Draft Genome Sequence of <i>Lactococcus</i> sp. Strain NtB2 (JCM 32569), Isolated from the Gut of the Higher Termite <i>Nasutitermes takasagoensis</i>	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Genome Announcements	6. 最初と最後の頁 e00445-18
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1128/genomeA.00445-18	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 Noda Satoko, Sakamoto Mitsuo, Aihara Chihiro, Yuki Masahiro, Katsuhara Megumi, Ohkuma Moriya	4. 巻 68
2. 論文標題 <i>Lactococcus termiticola</i> sp. nov., isolated from the gut of the wood-feeding higher termite <i>Nasutitermes takasagoensis</i>	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology	6. 最初と最後の頁 3832 ~ 3836
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1099/ijsem.0.003068	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 Utami Yuniar Devi, Kuwahara Hirokazu, Igai Katsura, Murakami Takumi, Sugaya Kaito, Morikawa Takahiro, Nagura Yuichi, Yuki Masahiro, Deevong Pinsurang, Inoue Tetsushi, Kihara Kumiko, Lo Nathan, Yamada Akinori, Ohkuma Moriya, Hongoh Yuichi	4. 巻 13
2. 論文標題 Genome analyses of uncultured TG2/ZB3 bacteria in 'Margulisbacteria' specifically attached to ectosymbiotic spirochetes of protists in the termite gut	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 The ISME Journal	6. 最初と最後の頁 455 ~ 467
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41396-018-0297-4	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 該当する

1. 著者名 Kinjo Yukihiro, Bourguignon Thomas, Tong Kwei Jun, Kuwahara Hirokazu, Lim Sang Jin, Yoon Kwang Bae, Shigenobu Shuji, Park Yung Chul, Nalepa Christine A, Hongoh Yuichi, Ohkuma Moriya, Lo Nathan, Tokuda Gaku	4. 巻 10
2. 論文標題 Parallel and Gradual Genome Erosion in the Blattabacterium Endosymbionts of Mastotermes darwiniensis and Cryptocercus Wood Roaches	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Genome Biology and Evolution	6. 最初と最後の頁 1622 ~ 1630
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/gbe/evy110	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 Yuki Masahiro, Sakamoto Mitsuo, Nishimura Yuki, Ohkuma Moriya	4. 巻 68
2. 論文標題 Lactococcus reticulitermitis sp. nov., isolated from the gut of the subterranean termite Reticulitermes speratus	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology	6. 最初と最後の頁 596 ~ 601
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1099/ijsem.0.002549	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 Noda Satoko, Shimizu Daichi, Yuki Masahiro, Kitade Osamu, Ohkuma Moriya	4. 巻 33
2. 論文標題 Host-symbiont cospeciation of termite-gut cellulolytic protist of the genera Teranympha and Eucomonympha and their Treponema endosymbionts	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Microbes and Environments	6. 最初と最後の頁 26 ~ 33
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1264/jsme2.ME17096	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 Utami Yuniar Devi, Kuwahara Hirokazu, Murakami Takumi, Morikawa Takahiro, Sugaya Kaito, Kihara Kumiko, Yuki Masahiro, Lo Nathan, Deevong Pinsurang, Hasin Sasitorn, Boonriam Warin, Inoue Tetsushi, Yamada Akinori, Ohkuma Moriya, Hongoh Yuichi	4. 巻 33
2. 論文標題 Phylogenetic diversity and single-cell genome analysis of "Melainabacteria", a non-photosynthetic cyanobacterial group, in the termite gut	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Microbes and Environments	6. 最初と最後の頁 50 ~ 57
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1264/jsme2.ME17137	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 該当する

1. 著者名 Yuki Masahiro, Sakamoto Mitsuo, Kuwahara Hirokazu, Hongoh Yuichi, Ohkuma Moriya	4. 巻 5
2. 論文標題 Draft Genome Sequence of <i>Lactococcus</i> sp. Strain Rs-Y01, Isolated from the Gut of the Lower Termite <i>Reticulitermes speratus</i>	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Genome Announcements	6. 最初と最後の頁 e00999-17
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1128/genomeA.00999-17	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 Izawa Kazuki, Kuwahara Hirokazu, Sugaya Kaito, Lo Nathan, Ohkuma Moriya, Hongoh Yuichi	4. 巻 9
2. 論文標題 Discovery of ectosymbiotic <i>Endomicrobium</i> lineages associated with protists in the gut of <i>stolotermitid</i> termites	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Environmental Microbiology Reports	6. 最初と最後の頁 411 ~ 418
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/1758-2229.12549	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 該当する

〔学会発表〕 計31件 (うち招待講演 8件 / うち国際学会 10件)

1. 発表者名 Moriya Ohkuma
2. 発表標題 Single-cell genomics of termite-gut symbionts.
3. 学会等名 Okinawa Institute of Science and Technology Graduate University (OIST) Mini-Symposium "Ecology and Evolution of Termite Gut Microbes" (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Moriya Ohkuma
2. 発表標題 Cultured microbial resources and single-cell genomics of yet-uncultured for integrated symbiology.
3. 学会等名 RIKEN-Japan Society of Symbiosis Joint Symposium "Toward applied symbiosis biology" (招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 雪 真弘、大熊 盛也
2. 発表標題 難培養微生物のシングルセルゲノム解析
3. 学会等名 第52回日本原生生物学会大会（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 雪 真弘、大熊 盛也
2. 発表標題 シロアリ腸内原生生物と細胞内・表面共生細菌間の相互作用
3. 学会等名 日本微生物生態学会第33回大会（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 西村 祐貴，佐藤 渚，大熊 盛也
2. 発表標題 ヤマトシロアリ腸内に共生する原生生物の多様性と機能の解析
3. 学会等名 日本微生物生態学会第33回大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 伊澤 和輝，雪 真弘，吉岡 拓哉，桑原 宏和，大熊 盛也，本郷 裕一
2. 発表標題 原生生物細胞内共生 Endomicrobium 属細菌の宿主環境への適応進化による基幹代謝系の改変
3. 学会等名 日本微生物生態学会第33回大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 雪 真弘, 高島 昌子, 清水 美智留, 加藤 真悟, 大熊 盛也
2. 発表標題 シロアリ腸内から分離された <i>Burkholderia</i> sp. 2 種の比較ゲノム解析
3. 学会等名 日本微生物生資源学会第33回大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Masahiro Yuki, Hirokazu Kuwahara, Satoko Noda, Yuichi Hongoh, Moriya Ohkuma
2. 発表標題 シロアリ腸内に共生する原生生物の <i>Treponema</i> 属細胞内共生細菌の比較ゲノム解析
3. 学会等名 日本微生物生態学会第32回大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Yuki Nishimura, Masato Otagiri, Masahiro Yuki, Michiru Shimi, Nagisa Sato, Shigeharu Moriya, Moriya Ohkuma
2. 発表標題 Single cell transcriptome analyses of symbiotic protists in wood-feeding termites
3. 学会等名 17th International Symposium on Microbial Ecology (ISME17) (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 西村 祐貴, 小田切 正人, 雪 真弘, 守屋 繁春, 大熊 盛也
2. 発表標題 難培養性原生生物におけるシングルセルトランスクリプトーム: シロアリ共生原生生物をモデルとして
3. 学会等名 第13回日本ゲノム微生物学会年会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 雪 真弘、大熊盛也
2. 発表標題 シングルセルゲノム解析によるシロアリ腸内原生生物と細胞内・表面共生細菌の共生関係の解明
3. 学会等名 第50回日本原生生物学会大会第1回日本共生生物学会大会合同大会（招待講演）
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 西村祐貴、小田切正人、雪 真弘、井上潤一、守屋 繁春、大熊 盛也
2. 発表標題 シングルセルトランスクリプトームによりシロアリ腸内原生生物の一種がキチン分解を通して効率的な窒素の利用に資することが示された
3. 学会等名 第50回日本原生生物学会大会第1回日本共生生物学会大会合同大会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 雪 真弘、桑原宏和、河合幹彦、伊澤和輝、Starns David、清水、美智留、野田悟子、本郷裕一、大熊盛也
2. 発表標題 シングルセルゲノム解析から推定された原生生物細胞表面共生細菌のファージ感染耐性機構
3. 学会等名 環境微生物系学会合同大会2017
4. 発表年 2017年

〔図書〕 計0件

〔出願〕 計1件

産業財産権の名称 Method for producing hydrogel microcapsule, kit for producing capsules, and use therefor	発明者 Aoki H, Ohkuma M, Yuki M, 他1名	権利者 同左
産業財産権の種類、番号 特許、PCT/JP2020/010927	出願年 2020年	国内・外国の別 外国

〔取得〕 計0件

〔その他〕

理研ニュース2018年4月号 研究最前線「腸内細菌で健康や環境に貢献する」
<http://www.riken.jp/~media/riken/pr/publications/news/2018/rn201804.pdf>

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
研究協力者	雪 真弘 (Yuki Masahiro)		
研究協力者	西村 祐貴 (Nishimura Yuki)		

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