

科学研究費助成事業 研究成果報告書

令和 5 年 6 月 23 日現在

機関番号：82626

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2020～2022

課題番号：20H02774

研究課題名(和文)大規模ポリマーライブラリを利用した細菌叢メトリクス

研究課題名(英文)Microbiome metrics using large polymer libraries

研究代表者

富田 峻介(Tomita, Shunsuke)

国立研究開発法人産業技術総合研究所・生命工学領域・主任研究員

研究者番号：50726817

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 13,900,000円

研究成果の概要(和文)：腸内細菌叢の解析は、健康管理や疾病治療において極めて重要であると認識されつつある。本研究では、細菌叢の特徴を蛍光性のブロック共重合体群を用いて蛍光パターンに変換し、これをパターン認識技術によって解析することで、細菌叢の状態を簡易かつ迅速に同定できる分析技術“細菌叢メトリクス”の開発を推進した。凝集誘起発光ユニットを有する12種類の異なる構造のブロック共重合体群を新規に合成し、これを用いて分析をしたところ、腸内由来細菌株やの大腸菌株の識別、さらには、腸内細菌叢の分析によりマウスの睡眠障害を検出することに成功した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究により確立された蛍光性ブロック共重合体群とパターン認識技術を組み合わせた細菌叢メトリクス技術は、標準的な腸内細菌叢分析法であるメタゲノム解析とは異なる観点から腸内細菌叢の状態を評価することを可能にするうえ、メタゲノム解析よりも迅速、簡便、かつ安価に実施できるという長所をもつ。ポリマーや解析法を腸内細菌叢分析により適した形に改良し、睡眠障害以外のマウスの健康異常やヒトの糞便試料への適用を推進することで、将来的に個人の健康状態のモニタリングや腸内細菌叢の改善を目的とした食品開発のためのスクリーニング技術など、幅広い分野に広く波及すると期待される。

研究成果の概要(英文)：The analysis of the intestinal microbiota is important in health management and disease treatment. In this study, we developed an analytical technology called “microbiome metrics” which can simply and rapidly identify the state of the microbiota by converting its characteristics into fluorescence patterns using fluorescent block-copolymers and analyzing them with pattern recognition techniques. By employing pattern recognition algorithms to analyze fluorescence response patterns generated using 12 different block-copolymers with aggregation-induced emission units, intestinal bacterial strains, E. coli strains, and even sleep disorders in mice was successfully identified.

研究分野：バイオ分析化学

キーワード：バイオメトリクス パターン認識 ブロック共重合体 マイクロバイオーム 腸内細菌 バイオセンシング

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

細菌の集合は“細菌叢”と呼ばれ、古くから食品等の発酵に利用されてきた。最近では、ヒトの消化器内に生息する細菌叢が様々な疾患と密接に関わっており、細菌叢の組成を改善することによってこれらの疾患を治療できる可能性が明らかになってきている(*Nat. Med.*, 2019, 25, 377)。このように産業や医療分野において重要な細菌叢であるが、現状、細菌叢を効果的に制御することに成功しているとは言い難い。その主な理由は、細菌叢の状態を評価するのに特化した技術が不十分であるためである。例えば、主流の分析法であるメタゲノム解析では、細菌叢中の 16S リボソーム RNA (rRNA) や全ゲノムの配列を解析する。これらは、数百万以上の配列の読み取りにより、千種を超える細菌の検出を可能にする強力な技術である(*Cell*, 2016, 166, 1103)。しかしながら、メタゲノム解析には、高額な次世代シーケンサーや、その使用およびデータ解析のための高度な専門知識に加え、多大な労力と時間を要するため、限られた設備のもとで迅速に細菌叢の状態を把握したい、という産業や医療現場のニーズには必ずしもマッチしていない。また、試料の保管や前処理方法、シーケンシングやデータ解析法に由来するバイアスの影響で、得られる結果が細菌叢の実際の状態とは異なってしまうという問題も指摘されている(*Cell*, 2016, 166, 1103)。

本研究では、我々がこれまでに開発してきた“試料全体が示すパターン情報”を抽出する分析手法である“パターン認識センシング”を活用することで、細菌叢の全体像を効率的に把握する新しい技術“細菌叢メトリクス法”を開発することを目指した。パターン認識センシングとは、分子プローブ群とパターン認識技術を融合させた分析手法である。多様な構造の蛍光性ポリマーを配置したウェルアレイに試料を添加すると、各ウェルで多様な相互作用が起こり、その強弱が蛍光の変化として出力される。各々の応答をひとまとめにすることで、試料の特性を反映した“パターン”が得られる。これをパターン認識技術で処理することで、試料の高精度な同定や分類が可能となる。このアプローチが複雑な組成を示す細菌叢にも適用可能であると着想し、「成分との相互作用を通して試料の全体的な特性情報を得る」という新しい視点を取り入れることで、ゲノム解析に依存しない革新的な細菌叢分析技術を創出できると期待した。

2. 研究の目的

本研究では、細菌叢の情報を迅速かつ効率的に取得するための材料設計法を確立することを第一の目的とした。具体的には、ポリエチレングリコール (PEG) とポリ-L-リジン (PLL) が連結したブロック共重合体を骨格とし、細菌表面の特性に応じて様々な強さで相互作用させるための認識ユニット、そして、ポリマーと細菌の結合情報を蛍光シグナルに変換させるための出力ユニットを導入したブロック共重合体群の設計および合成を試みた、これらのブロック共重合体群を用いて、単離された腸内由来細菌やマウス由来の腸内細菌叢など、様々な細菌サンプルを評価することで、本研究で提案する材料設計が細菌叢の評価に有効かどうかを検証した。

3. 研究の方法

(1) 細菌叢メトリクス法に適したポリマー材料の合成

Poly(ethylene glycol)-*block*-poly-L-lysine (PEG-*b*-PLL) の一部のアミノ基に対して、pentafluorophenyl 4-(1,2,2-triphenylethenyl)benzoate (TPE-OPfp) を修飾した。さらに、TPE を修飾した PEG-*b*-PLL の残りのアミノ基に対して、グアニジウム化、アミノ酸修飾、酸無水物修飾を行い、計 12 種類の凝集誘起発光性のブロック共重合体群を合成した。

(2) 細菌および細菌叢サンプルの調製

本研究で用いた腸内由来の嫌気性細菌 (表 1) は文献に記載の方法で培養した (*Sci Rep*, 2017, 7, 19087)。細菌濃度は 600 nm の光学密度 (OD₆₀₀) の測定によって決定した。細菌は 20% グリセロール中で -80°C で凍結保存した。マウス腸内細菌叢は、オスの C3H-HeN マウス (Japan SLC Inc.) を用いて、文献に記載の方法に基づいて調製した (*PLoS ONE*, 2013, 8, e55452)。マウスは通常のケージ (SW-15, Melquest) および不眠状態を誘発するケージ (SW-15-SD, Melquest) で飼育し、28 日目に排泄された直後の糞便を採取した。採取したサンプルは液体窒素で急速冷凍し、-80°C で保存した。

表 1. ブロック共重合体群の特性評価に使用した腸内由来細菌株。

門	属/種	略表記
Firmicutes	<i>Anaerostipes / caccae</i>	F.A.
	<i>Blautia / hydrogenotrophica</i>	F.B.
	<i>Clostridium / citroniae</i>	F.C.
	<i>Eubacterium / fissicatena</i>	F.E.
	<i>Ruminococcus / gauvreauii</i>	F.R.
	<i>Lactococcus / lactis</i>	F.L.1
	<i>Lactobacillus / helveticus</i>	F.L.2
Bacteroidetes	<i>Bacteroides / dorei</i>	B.B.1
	<i>Bacteroides / oleiciplenus</i>	B.B.2
	<i>Bacteroides / clarus</i>	B.B.3
	<i>Bacteroides / coprophilus</i>	B.B.4
Actinobacteria	<i>Bifidobacterium / faecale</i>	A.B.1
	<i>Bifidobacterium / thermophilum</i>	A.B.2
	<i>Bifidobacterium / longum</i>	A.B.3
Proteobacteria	<i>Escherichia / coli (DH5α)</i>	P.E.1
	<i>Escherichia / coli (JM109)</i>	P.E.2

(3) 細菌および細菌叢サンプルの分析

腸内由来細菌株サンプルは解凍後、遠心分離を行って上澄みを除去し、溶媒を置換したものを使用した。腸内細菌叢サンプルはリン酸緩衝生理食塩水に懸濁した後、遠心分離とフィルタを使用して精製した後に、溶媒を置換したものを使用した。150 mM NaCl を含有する 20 mM MOPS 緩衝液 (pH 7.0) または 20 mM 酢酸緩衝液 (pH 5.0) にブロック共重合体 (150 nM) を加えた溶液を、それぞれ 96 穴または 384 穴マイクロプレートに配置した。ここに腸内由来細菌株または大腸菌株 ($OD_{600} = 0.04$) または腸内細菌叢サンプル (20 $\mu\text{g}/\text{mL}$) をそれぞれ加えた後の蛍光強度の変化を、マイクロプレートリーダーを用いて測定し、各サンプルに対する蛍光パターンを得た。得られた蛍光パターンは線形判別分析等の手法によって解析した。

4. 研究成果

腸内細菌叢は、1000 種以上の細菌で構成されるため、その組成は非常に複雑である。こうした腸内細菌叢を判別するための細菌叢メトリクス法を構築する上で重要な点は、2つの特徴を有するポリマー材料の設計であると考えた。第一に、細菌の表面特性、サイズ、形態の差異を認識するための化学的に多様な認識ユニット。第二に、細菌表面とポリマー材料の間の相互作用を光学的な信号に変換するための出力ユニットである。本研究では、細菌の特性を高感度かつ選択的に認識するために、PEG-*b*-PLL を骨格材料として選択した。PEG-*b*-PLL は豊富なアミノ基を有することから、細菌表面との間で多点的に強く相互作用することが可能である一方で、様々な機能を容易に付加することができるという特長がある。出力ユニットとしては、鋭敏な発蛍光型の応答を示す、凝集誘起発光を示す TPE を採用した。PEG-*b*-PLL の一部のアミノ基に TPE を導入した後、残りのアミノ基に対して様々な修飾を加えた。これにより、リポ多糖や脂質、ペプチドグリカン、タンパク質などで構成される細菌表面の複雑な特性を認識し、TPE の発蛍光型の応答として出力できると考えた (図 1)。

合成されたブロック共重合体群の機能を評価するために、まず 16 種類の単離された腸内由来細菌株の識別を行った。これらの細菌株は、腸内に生息する細菌の主要な系統 (*Actinobacteria* 門、*Bacteroidetes* 門、*Firmicutes* 門、および *Proteobacteria* 門) であり、これらは腸内細菌叢の約 97% を占める。ブロック共重合体群と腸内由来細菌株を混合した結果得られた蛍光応答のヒートマップを図 2A に示した。これらの蛍光応答パターンは、細菌種に依存して多様であった。次に、線形判別分析を用いてこれらの蛍光パターンを解析した。多次元の蛍光パターンを二次元空間に圧縮してプロットした判別スコアプロットにおいて、各細菌株の蛍光パターンに対応するクラスターが分離されていることが観察された (図 2B)。交差検証を用いて識別精度を検証したところ、本手法は細菌株の“種”レベルを 100% の精度で特定できることが明らかとなった。さらに、この分析手法は、より上位の分類系統である“門”レベルの特性も同様に識別できることが判明した (図 2C)。

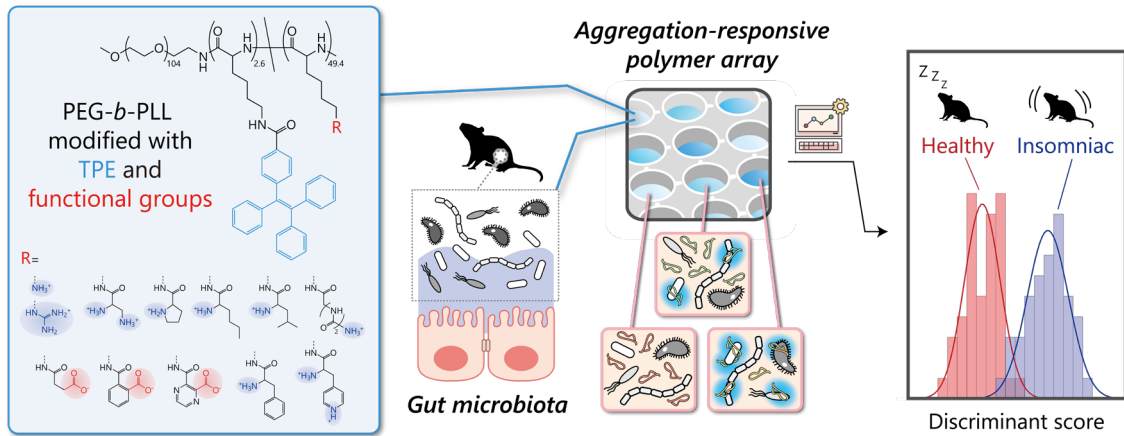


図 1. 細菌叢メトリクス法の模式図。収集したマウスの腸内細菌叢サンプルを、凝集誘起発光性の TPE とさまざまな官能基で修飾した PEG-*b*-PLL ブロック共重合体群と混合することで、腸内細菌叢全体の特徴を反映した蛍光応答パターンが生成される。得られた蛍光応答パターンをパターン認識アルゴリズムを用いて解析することで、マウスの状態を評価できる。

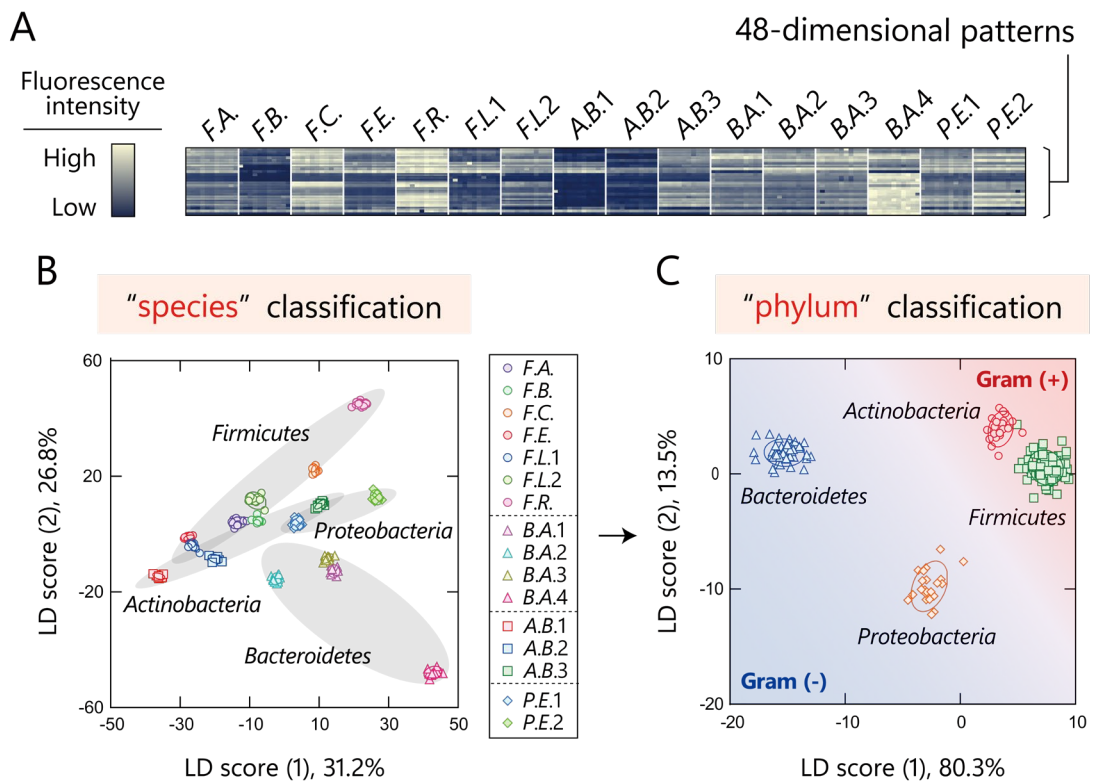


図 2. 腸内由来細菌株の識別。(A) 16 種類の腸内由来細菌株 ($OD_{600} = 0.04$) の蛍光応答パターンのヒートマップ。各分析物について、11 回の独立した測定によって得られた蛍光強度を示している。(B, C) 腸内由来細菌株の判別スコアプロット。(B) 種および(C) 門に基づいて細菌株をラベル付けた。

さらに、本分析法は 8 種類の異なる大腸菌株をも高精度に識別可能であることが明らかとなった (図 3)。同じ種に属する細菌株は、単一の細菌から分化した子孫の集団であり、親細菌と本質的に同じ遺伝的特性を持つ。したがって、16S リボソーム RNA 遺伝子アンプリコンの塩基配列決定など、従来のメタゲノム解析手法による菌株の区別は一般に困難である。したがって、本分析法は、特に工業的に有用な細菌や病原性変異株の診断や管理において、新たな可能性を切り開くものと期待される。

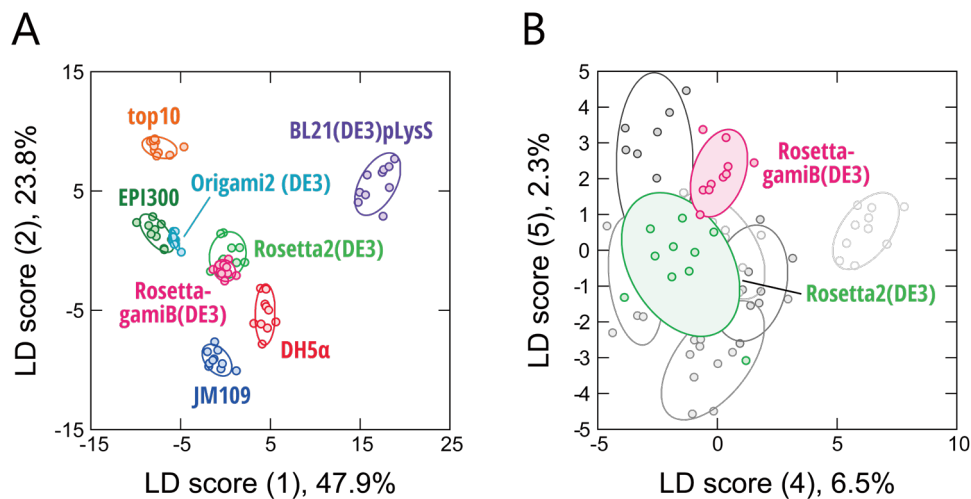


図 3. 大腸菌株の識別。(A, B) 大腸菌株 ($OD_{600}=0.04$) の判別スコアプロット。(A) 第一判別スコア vs. 第二判別スコア。(B) 第四判別スコア vs. 第五判別スコア。なお、(B)では、Rosetta2 (DE3) および Rosetta-gami B (DE3) のみをハイライトした。

最後に、ブロック共重合体群を用いた腸内細菌叢の評価を試みた。腸内細菌叢は非侵襲的に採取することが可能であるため、健康状態の定期的なモニタリングへの応用が期待されている。そこで本研究では、マウスの糞便中の腸内細菌叢を本分析法によって解析し、マウスの健康状態を評価できるかどうかを検証した。実験では、8 週齢のマウスを 10 日間、通常の条件下で個別に飼育した後、二つのグループに分けた。一方のグループは通常のケージで引き続き飼育を続け、もう一方のグループは、睡眠の断片化を引き起こすモデルマウス作成用ケージに移して、さらに 28 日間飼育した (図 4A)。採取された糞便サンプルを評価したところ、健康マウスと不眠症マウスの蛍光応答パターンに違いがみられ、交差検証により、マウスの健康状態を高い精度で判別できることが示された (図 4B)。

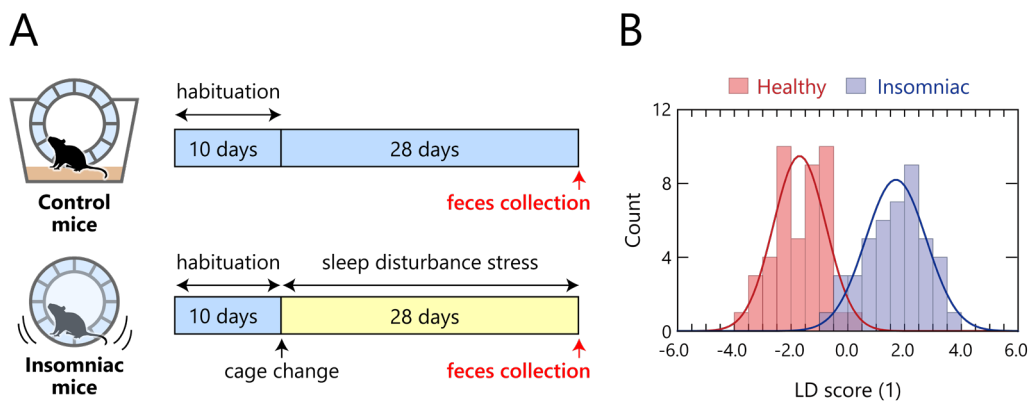


図 4. マウス由来腸内細菌叢の識別。(A) マウスの腸内細菌叢サンプルの採取方法。通常ケージで 10 日間馴化させた後、0 日目に不眠症群のマウスを睡眠障害ケージに移し、28 日後に不眠症群とコントロール群の糞便を採取した。(B) 健康マウスと不眠症マウス ($20 \mu\text{g/mL}$) の腸内細菌叢サンプルの蛍光応答パターン判別スコアのヒストグラム。

以上のように、細菌に適したポリマー材料を開発し、それらを用いることで細菌やその集団である腸内細菌叢を高精度に識別できる技術“細菌叢メトリクス”の開発に成功した。本手法は、従来のアンプリコンシーケンス解析とは異なるアプローチを用いて細菌叢を特徴付けることができる。さらに、従来の方法に比べて、迅速で手軽かつ低コストで実施できるため、将来的には個人の健康状態を評価する用途などへの応用が期待される。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計12件（うち査読付論文 10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 Tomita Shunsuke, Kusada Hiroyuki, Kojima Naoshi, Ishihara Sayaka, Miyazaki Koyomi, Tamaki Hideyuki, Kurita Ryoji	4. 巻 13
2. 論文標題 Polymer-based chemical-nose systems for optical-pattern recognition of gut microbiota	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Chemical Science	6. 最初と最後の頁 5830 ~ 5837
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1039/D2SC00510G	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 Sugai Hiroka, Tomita Shunsuke, Ishihara Sayaka, Shiraki Kentaro, Kurita Ryoji	4. 巻 58
2. 論文標題 Damage-free evaluation of cultured cells based on multivariate analysis with a single-polymer probe	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Chemical Communications	6. 最初と最後の頁 11083 ~ 11086
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1039/D2CC03308A	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 OKADA Hiroki, MIMURA Masahiro, TOMITA Shunsuke, KURITA Ryoji	4. 巻 37
2. 論文標題 Affinity Diversification of a Polymer Probe for Pattern-recognition-based Biosensing Using Chemical Additives	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Analytical Sciences	6. 最初と最後の頁 713 ~ 719
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.2116/analsci.20SCP23	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 Tomita Shunsuke	4. 巻 -
2. 論文標題 Chemical tongues: biomimetic recognition using arrays of synthetic polymers	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Polymer Journal	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41428-022-00636-w	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 Tomita Shunsuke, Ishihara Sayaka, Kurita Ryoji	4. 巻 10
2. 論文標題 A polymer-based chemical tongue for the non-invasive monitoring of osteogenic stem-cell differentiation by pattern recognition of serum-supplemented spent media	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Journal of Materials Chemistry B	6. 最初と最後の頁 7581 ~ 7590
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1039/D2TB00606E	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 Tomita Shunsuke, Sugai Hiroka, Ishihara Sayaka, Hosokai Takuya, Kurita Ryoji	4. 巻 49
2. 論文標題 A Biomimetic Sensor Array Based on a Single Fluorescent Block-copolymer for the Pattern Recognition of Proteins	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Chemistry Letters	6. 最初と最後の頁 1447 ~ 1451
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1246/cl.200438	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 Okada Mari, Sugai Hiroka, Tomita Shunsuke, Kurita Ryoji	4. 巻 20
2. 論文標題 A Multichannel Pattern-Recognition-Based Protein Sensor with a Fluorophore-Conjugated Single-Stranded DNA Set	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Sensors	6. 最初と最後の頁 5110 ~ 5110
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/s20185110	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 Sugai Hiroka, Tomita Shunsuke, Ishihara Sayaka, Yoshioka Kyoko, Kurita Ryoji	4. 巻 92
2. 論文標題 Microfluidic Sensing System with a Multichannel Surface Plasmon Resonance Chip: Damage-Free Characterization of Cells by Pattern Recognition	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Analytical Chemistry	6. 最初と最後の頁 14939 ~ 14946
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1021/acs.analchem.0c02220	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 Tomita Shunsuke, Kurita Ryoji	4. 巻 33
2. 論文標題 Pattern-recognition-based Identification of Proteases and Their Complexes by a One-component Array Composed of a Dansyl-modified Charged Polymer	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Sensors and Materials	6. 最初と最後の頁 233 ~ 233
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.18494/SAM.2021.3074	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 OKADA Hiroki, MIMURA Masahiro, TOMITA Shunsuke, KURITA Ryoji	4. 巻 37
2. 論文標題 Affinity Diversification of a Polymer Probe for Pattern-recognition-based Biosensing Using Chemical Additives	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Analytical Sciences	6. 最初と最後の頁 713 ~ 719
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.2116/analsci.20SCP23	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 富田 峻介	4. 巻 234
2. 論文標題 味覚の仕組みを模倣して複雑なバイオ試料を判別するセンシング技術	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Bio九州	6. 最初と最後の頁 10 ~ 14
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 TOMITA Shunsuke, SUGAI Hiroka, MINAMIKI Tsukuru, KURITA Ryoji	4. 巻 88
2. 論文標題 Molecular array device and multivariate analysis for biological fluids	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Denki Kagaku	6. 最初と最後の頁 262 ~ 271
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.5796/denkikagaku.20-TE0006	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 -

〔学会発表〕 計15件（うち招待講演 8件 / うち国際学会 0件）

1. 発表者名 富田 峻介
2. 発表標題 Chemical tongue: 味覚の模倣によって試料の特徴を捉えるバイオ分析ツール
3. 学会等名 第74回日本生物工学会大会（招待講演）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 富田 峻介
2. 発表標題 機械学習と分子アレイを融合した高精度バイオセンシング技術
3. 学会等名 第20回 産総研・産技連LS-BT合同研究発表会（招待講演）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 富田 峻介
2. 発表標題 多変量解析ソフトウェアを利用したバイオ分析データのビジュアル化入門
3. 学会等名 第81回分析化学討論会（招待講演）
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 富田 峻介
2. 発表標題 Chemical tongue: ヒトの味覚を模倣したバイオ試料認識技術
3. 学会等名 奈良県立医科大学V-iCliniX講座 2021年度セミナー（招待講演）
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 富田 峻介
2. 発表標題 Polymer-based chemical tongue : ヒトの味覚を模倣したバイオ試料認識ツール
3. 学会等名 2021年度北海道高分子若手研究会 (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 菅井祥加, 富田峻介, 石原紗綾夏, 栗田僚二
2. 発表標題 日本分析化学会第70年会
3. 学会等名 蛍光団修飾ポリリジンを用いたパターン認識に基づく培養細胞の非破壊的評価
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Shunsuke Tomita, Hiroyuki Kusada, Naoshi Kojima, Sayaka Ishihara, Koyomi Miyazaki, Hideyuki Tamaki, Ryoji Kurita
2. 発表標題 Polymer-based Biomimetic Sensing Systems for the Recognition of Gut Microbiome
3. 学会等名 第31回日本MRS年次大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Shusnuke Tomita, Ryoji kurita
2. 発表標題 Chemical tongue: Biomimicry sensing of complex bioanalytes using arrays of nanomaterials and polymers
3. 学会等名 Pacifichem2020
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 富田 峻介
2. 発表標題 第3回タタバイオ分子クラブ
3. 学会等名 Chemical tongue: 味覚を模倣して複雑なバイオ試料を味わう技術 (招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 菅井祥加, 富田峻介, 石原紗綾夏, 吉岡恭子, 栗田僚二
2. 発表標題 表面プラズモン共鳴の特徴パターンを出力するマルチチャネル型チップによる培養細胞の非破壊的評価
3. 学会等名 第80回分析化学討論会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 富田峻介, 菅井祥加, 三村真大, 石原紗綾夏, 白木賢太郎, 栗田僚二
2. 発表標題 DNAの交差応答性を利用したタンパク質の特徴パターン情報の出力
3. 学会等名 第69回高分子学会年次大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 富田峻介
2. 発表標題 高分子ライブラリを用いた生体模倣センシングシステムの構築
3. 学会等名 高分子学会 関東支部 茨城地区活動講演会 (招待講演)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Shunsuke Tomita
2. 発表標題 Pattern-recognition-based Biomimetic Sensing Systems Using Polymer Libraries
3. 学会等名 第30回日本MRS年次大会（招待講演）
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 菅井祥加, 富田峻介, 石原紗綾夏, 吉岡恭子, 栗田僚二
2. 発表標題 表面プラズモン共鳴の応答パターンを出力可能なマイクロ流体デバイスによる細胞評価
3. 学会等名 2020年度細胞アッセイ研究会シンポジウム
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 菅井祥加, 富田峻介, 石原紗綾夏, 吉岡恭子, 栗田僚二
2. 発表標題 パターン認識に基づいて細胞を評価するセンサチップの開発
3. 学会等名 S A Tテクノロジー・ショーケース 2021
4. 発表年 2021年

〔図書〕 計1件

1. 著者名 菅井 祥加、富田 峻介	4. 発行年 2020年
2. 出版社 東京化学同人	5. 総ページ数 6
3. 書名 相分離生物学の全貌（現代化学増刊46），白木 賢太郎 編	

〔産業財産権〕

〔その他〕

Bio/synthetic polymer hub
<https://staff.aist.go.jp/s.tomita/>

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	菅井 祥加 (Sugai Hiroka) (10905566)	筑波大学・数理物質系・助教 (12102)	
研究分担者	湯本 勲 (Isao Yumoto) (30358303)	国立研究開発法人産業技術総合研究所・生命工学領域・研究部門付 (82626)	
研究分担者	宮崎 歴 (Koyomi Miyazaki) (70358125)	国立研究開発法人産業技術総合研究所・生命工学領域・研究部門長 (82626)	

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