論文名稱

%E8%85%B8%E9%81%93%E6%99%B6%E 7%89%87%E8%88%87%E5%BE%AE%E7% 94%9F%E7%89%A9%E7%A0%94%E7%A9 %B6GPT%E7%94%9F%E6%88%90%E7%8 9%88%E6%9C%ACv2.docx 作者

謝仁豪電機博/GEE

字數 字元計數

3173 Words 3387 Characters

頁面計數 檔案大小

4 Pages 18.5KB

提交日期 報告日期

Nov 2, 2024 10:20 PM GMT+8 Nov 2, 2024 10:20 PM GMT+8

● 9% 整體相似度

各個資料庫所有匹配項的總和,包含重疊來源。

- Crossref 資料庫

• 7% 網路資料庫

• 8% 已提交的工作資料庫

- 6% 出版物資料庫
- Crossref 的張貼內容 資料庫

● 從相似性報告中排除

• 參考書目資料

• 引述材料

=== 生成的「摘要」內容 ===

本研究的主要目標是開發一種大腸器官芯片,以精確模擬人類腸道的生理環境,特別針對傷道微生物群的相關測試。傳統研究方法在模擬腸道屏障功能、氧氣梯度和生物力學刺激方面存在局限性,因此,我們採用了微流控技術、集成生物傳感器和三維細胞培養技術,構建了一個能夠動態模擬腸道環境的器官芯片系統。實驗設計包括選擇人類腸上皮細胞株和代表性腸道微生物進行共培養,並使用微流控系統模擬腸道的流體動力學環境。

關鍵發現包括成功模擬腸道屏障功能,通過 TEER 測量系統觀察到細胞層的高電阻值,證實了芯片在模擬腸道屏障完整性方面的有效性。此外,集成的氧氣傳感器顯示出從腸腔到腸壁的氧氣濃度梯度,達到接近生理條件的氧氣水平,證明系統能夠提供適合微生物共培養的低氧環境。通過 ELISA 測試,我們能夠動態監測細胞因子(如 IL-6 和 TNF- α)的變化,這有助於研究楊道微生物群與宿主免疫系統之間的相互作用。

本研究的創新性在於綜合運用了多種先進技術,提供了一個創新的研究工具,能夠在體外環境中精確模擬腸道的複雜生理條件。這一平台不僅有助於深入理解過道微生物群與宿主之間的相互作用機制,特別是在炎症性腸病的研究中,還推動了器官芯片技術在生物醫學研究中的應用。未來,該芯片可用於個性化醫療和藥物開發,提供一個高效且可控的測試平台,並在食品和營養科學中研究不同飲食對腸道微生物群的影響。

研究背景與目標:

在現代醫學研究中,過過微生物群的研究已成為理解人類健康和疾病的重要領域。過過微生物群不僅在消化過程中扮演關鍵角色,還與宿主的免疫系統、代謝功能以及多種疾病的發展密切相關。然而,傳統的研究方法,如動物模型和靜態細胞培養,往往無法充分模擬人類腸道的複雜生理環境,特別是在模擬腸道屏障功能、氧氣梯度和生物力學刺激等方面存在局限性。因此,開發一種能夠更真實地模擬人類腸道環境的「大腸器官芯片」成為當務之急。

本研究的主要目標是開發一種大腸器官芯片,用於腸道微生物群相關的測試。 具體而言,我們旨在建立一個能夠模擬腸道屏障功能、氧氣梯度和生物力學刺激的微環境,以便更準確地研究腸道微生物群與宿主之間的相互作用。我們的次要目標包括:1)評估該芯片在模擬腸道生理條件方面的有效性;2)測試其在研究腸道炎症反應中的應用潛力。

研究假設是,通過集成多種功能性讀數(如屏障完整性、氧氣濃度和炎症反應的監測),我們可以在大腸器官芯片上成功模擬腸道的生理和病理狀態,從而提

供一個更準確的研究平台。

預期的研究貢獻包括: 1) 提供一個創新的研究工具,能夠在體外環境中模擬腸道的複雜生理條件; 2) 為楊道微生物群與宿主相互作用的研究提供新的見解,特別是在炎症性腸病(如克羅恩病和潰瘍性結腸炎)的研究中; 3) 推動器官芯片技術在生物醫學研究中的應用,為未來的個性化醫療和藥物開發提供支持。

本研究的創新點在於其綜合運用了多種先進技術,包括微流控技術、集成生物 傳感器和三維細胞培養技術,以構建一個能夠動態模擬腸道環境的器官芯片系 統。這將為腸道微生物群的研究提供一個更為精確和可控的實驗平台。

== 生成的「研究方法」内容 === ### 研究方法

本研究旨在開發一種大腸器官芯片,用於腸道微生物群相關的測試。為達成此 目標,我們將採用多種先進技術,包括微流控技術、集成生物傳感器和三維細 胞培養技術。以下是詳細的實驗方法和步驟。

細胞選擇與培養方法

- 1. **細胞選擇**:選擇人類腸上皮細胞株(如 Caco-2 或 HT29)作為主要細胞來源,這些細胞能夠形成類似於腸道屏障的結構。此外,將共培養免疫細胞(如巨噬細胞)和腸道微生物群中的代表性菌株(如 Bacteroides 和 Lactobacillus)以模擬腸道微生物環境。選擇這些細胞株是基於其在模擬腸道屏障功能和微生物相互作用方面的廣泛應用。
- 2. **培養方法**:使用三維細胞培養技術,將細胞接種於具有微結構(如絨毛結構)的支架上,以模擬腸道的物理結構。建議的細胞濃度為每平方厘米 10⁵至 10⁶ 個細胞,以確保細胞能夠形成緊密的單層。培養過程中需定期更換培養基以維持細胞活性。

儀器設備

- **微流控芯片系統**:用於模擬腸道的流體動力學環境,包括剪切應力和氧氣梯度。選用高精度的微流控設備以確保流體動力學的準確模擬。
- **氧氣傳感器**:集成於芯片中,用於監測氧氣濃度,確保模擬的腸道環境中 氧氣梯度的準確性。
- **生物傳感器**:用於即時監測屏障完整性和炎症反應(如細胞因子釋放),

選擇靈敏度高的傳感器以提高數據的準確性。

- **顯微鏡**:用於觀察細胞形態和標記物染色,建議使用具備高解析度的螢光 顯微鏡。
- **ELISA 設備**:用於定量分析細胞因子和其他生物標記物,選擇高靈敏度的 ELISA 試劑盒以提高檢測準確性。

生物指標收集

- 1. **屏障完整性**:使用 TEER(跨上皮電阻)測量系統來評估細胞層的完整性,確保細胞層的屏障功能。
- **2.** **氧氣濃度**:通過集成的氧氣傳感器進行即時監測,確保氧氣梯度的準確模擬。
- 3. **炎症反應**:收集培養液樣本,使用 ELISA 測試細胞因子(如 IL-6 和 TNF- α)的濃度,以評估炎症反應。
- 4. **染色標記物**:使用免疫熒光染色法標記緊密連接蛋白(如 Zonula Occludens-1)和細胞骨架蛋白(如 F-actin),以觀察細胞結構和功能。

質量控制措施

- **重複實驗**: 每組實驗至少重複三次,以確保數據的可靠性和可重複性。
- **對照組設置**:設置陰性和陽性對照組,以驗證實驗系統的有效性和準確性。
- **數據校準**: 定期校準儀器設備,確保測量的準確性,並使用標準品進行數據校準。

技術難點與解決方案

- 1. **氧氣梯度的精確控制**:由於腸道內的氧氣梯度非常陡峭,需使用精密的 微流控技術來模擬。可通過調整流速和使用氣體滲透性材料來實現,並定期檢 查氧氣傳感器的準確性。
- 2. **微生物共培養的穩定性**: 腸道微生物的共培養可能導致細胞污染或不穩定。可通過優化培養基成分和使用選擇性抗生素來維持微生物的穩定性,並定期檢測微生物的生長狀況。
- 3. **數據的即時監測與分析**:集成多種傳感器可能導致數據過載。可使用自動化數據處理系統來即時分析和存儲數據,並設置數據備份系統以防止數據丟失。

通過上述方法,我們期望能夠成功開發出一種能夠真實模擬人類陽道環境的大陽器官芯片,為湯道微生物群的研究提供一個創新的平台,並促進相關領域的進一步研究。

=== 生成的「預期成果」內容 === ### 預期成果 ###

在本研究中,我們的主要目標是成功開發出一種功能完善的大腸器官芯片,能 夠真實模擬人類腸道的生理環境,特別是在腸道屏障功能、氧氣梯度和生物力 學刺激等方面。具體而言,我們預期的實驗結果包括:

- 1. **腸道屏障功能的精確模擬**:我們預期通過 TEER 測量系統觀察到細胞層的高電阻值,這將表明芯片能夠有效模擬腸道的屏障功能。這一結果將證實我們的芯片在模擬腸道屏障完整性方面的有效性,並提供關鍵數據支持。
- 2. **氧氣梯度的成功再現**:集成的氧氣傳感器預期將顯示出從腸腔到腸壁的氧氣濃度梯度,達到接近生理條件的氧氣水平(低於 0.5%)。這將證明我們的系統能夠提供一個適合微生物共培養的低氧環境,為後續研究提供可靠的實驗基礎。
- 3. **炎症反應的動態監測**:通過 ELISA 測試,我們預期能夠檢測到細胞因子 (如 IL-6 和 $TNF-\alpha$)的動態變化,這將有助於研究楊道微生物群與宿主免疫系統之間的相互作用,特別是在炎症反應的調控方面。

這些結果將對研究領域產生重要貢獻。首先,成功開發的大腸器官芯片將成為一個創新的研究工具,能夠在體外環境中精確模擬腸道的複雜生理條件,為湯道微生物群的研究提供新的實驗平台。其次,這一平台將有助於深入理解湯道微生物群與宿主之間的相互作用機制,特別是在3次症性腸病(如克羅恩病和潰瘍性結腸炎)的病理研究中。

在應用前景方面,這一研究成果將推動器官芯片技術在生物醫學研究中的廣泛應用。未來,該芯片可用於個性化醫療和藥物開發,特別是在篩選和評估針對腸道疾病的新型治療方案時,提供一個高效且可控的測試平台。此外,這一技術還可應用於食品和營養科學中,研究不同意飲食對腸道微生物群的影響,從而促進健康飲食的設計和推廣。

● 9% 整體相似度

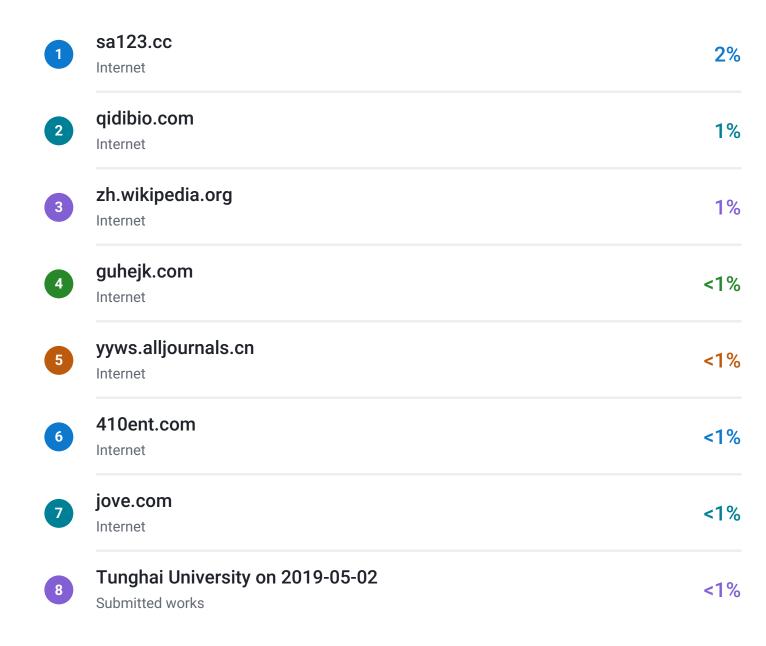
下列資料庫中找到的重要來源:

- 7% 網路資料庫
- Crossref 資料庫
- 8% 已提交的工作資料庫

- 6% 出版物資料庫
- Crossref 的張貼內容 資料庫

重要來源

此提交內容中具有最多匹配項的來源。不會顯示重疊來源。



9	Cui-Ru Li, Nen-Qun Xiao, Zhou-Jin Tan. "Discussion on treatment from Crossref	<1%
10	Min JIANG, Xizhao ZHANG, Yanping YANG, Denghua YIN, Pei DAI, Con Crossref	<1%
11	Pan-Wang Zhang, Chang-Wei Yang, Su-Na Ji, Bing Wang. "Gut microbi Crossref	<1%
12	Tunghai University on 2019-05-02 Submitted works	<1%