

科学研究費助成事業（科学研究費補助金）研究成果報告書

平成24年5月15日現在

機関番号：13201

研究種目：基盤研究（C）

研究期間：2009～2011

課題番号：21590612

研究課題名（和文）迅速・簡便・安価な敗血症起因菌同定 IT システムの構築

研究課題名（英文）Development of a novel, rapid, easy and affordable identification IT system for pathogens in sepsis

研究代表者

仁井見 英樹（NIIMI HIDEKI）

富山大学・大学病院・助教

研究者番号：50401865

研究成果の概要（和文）：PCRにより起炎菌を高感度・正確に検出するため、我々は新たにバクテリア DNA コンタミフリーの“eukaryote-made *Taq* polymerase”を開発した(*J Clin Microbiol.* 2011 Sep;49(9):3316-20)。また、7つのプライマーセットとリアルタイム PCR, HRM 解析、そして自主開発したウェブベースの起炎菌同定ソフトウェアを用いて、新たな迅速起炎菌同定方法を開発した（国内特許取得、国際特許申請）。更に *eukaryote-made Taq polymerase* と新規同定方法を組み合わせることで、臨床検体提出から僅か3時間で起炎菌を同定出来る迅速同定 IT システムの構築に成功した。

研究成果の概要（英文）：To detect pathogenic bacteria by PCR sensitively and correctly, we newly developed “eukaryote-made” *Taq* polymerase, which is free from bacterial DNA contamination (*J Clin Microbiol.* 2011 Sep;49(9):3316-20). We also developed a novel rapid method to identify pathogenic microorganisms using 7 primer sets, real-time PCR, high resolution melting analysis (RotorGeneQ:QIAGEN), and the original web-based identification software (International patent application:2007). To combine the *eukaryote-made Taq* polymerase and a novel identification method, we developed a rapid identification system of pathogenic microorganisms within 3 hours after collection of patient samples.

交付決定額

（金額単位：円）

| | 直接経費 | 間接経費 | 合計 |
|--------|-----------|-----------|-----------|
| 2009年度 | 1,500,000 | 450,000 | 1,950,000 |
| 2010年度 | 1,000,000 | 300,000 | 1,300,000 |
| 2011年度 | 1,000,000 | 300,000 | 1,300,000 |
| 年度 | | | |
| 年度 | | | |
| 総計 | 3,500,000 | 1,050,000 | 4,550,000 |

研究分野：医歯薬学

科研費の分科・細目：境界医学・病態検査学

キーワード：遺伝子検査学

1. 研究開始当初の背景

敗血症は重篤な全身感染症で、確定診断には血液中の起炎微生物の検出が必須である。近年、医療の高度化に伴い敗血症発症のリスクが増えており、適切な抗菌薬を選択し患者

を救命するためには、血液中の起炎菌を可能な限り迅速に検出・同定することが临床上重要である。しかし、現在の検出法では血液培養ボトルの提出から起炎菌の同定までに少なくとも1日はかかるため、結果が判明する

までの間は経験に基づく治療（empiric therapy）を施行せざるを得なく、盲目的に抗菌薬の選択を余儀なくされていることが臨床的現状である。その結果、広域スペクトルの抗菌薬使用による多剤耐性菌の出現や、抗菌薬の選択ミスにより重篤な患者が致死的となる危険性等、早期の敗血症治療においては未だ重大なリスクを抱えている。

従って社会的にも、そして臨床の現場からも、敗血症の起因菌を早期に同定するシステムの確立が求められている。起因菌を2時間以内に同定するシステム構築が可能ならば、敗血症の早期治療における Evidence-Based Medicine が確立し、上記の問題は解決される。

2. 研究の目的

本研究システムは、インターカレーター法によるリアルタイムPCRを行い、PCR増幅産物の融解曲線分析により求めた融解温度（melting temperature : Tm 値）の組合せを解析することにより、敗血症起因菌の検出・同定を迅速に行う方法である。本研究の起因菌同定 IT（Information Technology）システムを実用的に構築すれば、以下のような現行法の臨床的・社会的問題点を解決することが出来る。

① 現在の検出法では、採血から同定までの最短時間は、グラム陰性桿菌で8時間、グラム陽性球菌で22時間、グラム陽性桿菌とグラム陰性球菌で42時間、嫌気性菌と真菌で90時間である。従って、結果が判明するまでは経験に基づく治療（empiric therapy）を施行せざるを得なく、盲目的な抗菌薬の選択を余儀なくされている。そのため、患者が致死的となるリスクや、多剤耐性菌の出現を招くなどの臨床的・社会的問題を生じている。本システムは採血から2時間以内に全ての起因菌を同定できるため、上記問題は解決される。

② 起因菌検査における保険診療点数（平成20年度）と実際検査に掛かる金額（人件費除く）を比較すると、現行法では菌が検出されない場合で350円の黒字、一菌種の検出結果で850円の赤字、二菌種の検出結果で2000円の赤字となる。つまり、起因菌検査を行う毎に病院は赤字を増やしているのが現状である。本システムの起因菌検査に掛かる金額は僅か1000円/検体で済むため、起因菌が検出されない場合で850円の黒字、一菌種の検出結果で1950円の黒字、二菌種の検出結果で2350円の黒字となり、上記問題は解決される。

③ 本システムでは、採血→DNA抽出→real-time PCR 施行→ネット上の起因菌同定ソフトウェアにTm値入力、といった簡便なステップで、熟練を要する事無く、誰でも簡単に同定結果・抗菌薬情報を得ることが出来る。

以上、本研究の目的は、既に構築した起因菌同定 IT システム（データベース型起因菌同定ソフトウェア）の評価、および患者血液によるシステムの検証を施行し、期間内に実用化して世に出すことである。

3. 研究の方法

（略称：富山大学附属病院検査部細菌検査室→細菌検査室、富山大学附属病院検査部遺伝子・先進医療支援部門→遺伝子検査室、と記載する。また、全てのステップにおいて、遺伝子・先進医療支援部門の検査技師2名が研究実施に携わる。野手良剛は細菌検査室の主任臨床検査技師である。）

【平成21年度】

【ステップ1】定量出来るシステムの構築

【実施者：研究代表者 仁井見英樹、研究分担者 野手良剛】細菌検査室、および遺伝子検査室（既設）

データベース登録起因菌それぞれの検量線を描く（0.5 McFarland 標準濁度の菌液より DNA 抽出と CFU/ml の測定を同時に行い、DNA を倍々希釈して PCR の測定限界を CFU で換算する）ことで、起因菌同定と共に菌量を定量（CFU/ml）出来るシステムとする。また、PCR の検出限界と臨床データとの相関を導き出す。

【ステップ2】データベースの拡張を図る

【実施者：研究代表者 仁井見英樹、研究分担者 野手良剛】細菌検査室、および遺伝子検査室（既設）

現在、データベース中には富山大学附属病院において一年間に血液培養ボトルから検出された菌種の Tm 値を登録している。本院の陽性検体ストック中に無い病原性起因菌については、他機関（国公立病院、保健所、国立感染症研究所、等）より菌株を入手し、Tm 値を登録することで、データベースの拡張を図る。

【ステップ3】遺伝子検査システムの拡充

【実施者：研究代表者 仁井見英樹、研究分担者 野手良剛】細菌検査室、および遺伝子検査室（既設）

真菌の菌種同定もバクテリアと同様、Tm 値データベースにより同定出来るシステムとする。また、定性検査として、多種類の抗生剤耐性遺伝子の検出系を加え、感染症の流行に即して何時でも検出可能な様にシステムを構築しておく。

【ステップ4】システムの評価（迅速性・感度・特異度）

【実施者：研究代表者 仁井見英樹、研究分担者 北島勲】遺伝子検査室（既設）

実際に患者検体を多数用い、現行法と迅速性・感度・特異度を比較検討する（富山大学倫理委員会にて「患者検体の目的外使用」について承認済）。特に特異度の点においては、

現行の細菌学的検査法による同定結果との相関値を算出する。

研究代表者の開発したデータベース型・起
因菌同定ソフトウェアでは、以下の様な同定
アルゴリズムを用いている。すなわち、7つ
の Tm 値の平均値と、それぞれの Tm 値との
距離を取り、その距離の差がデータベースの
値と最も近いものを起
因菌として同定する
方法である。この方法を用いることで、機器
や Buffer による測定誤差（測定値全体の変
動）を補正できる。アルゴリズムは現行法に
よる同定結果との比較・検証により、適宜、
訂正・改良を繰り返す。

【平成 22～23 年度】

【ステップ 5】データベース型・起 因菌同定 ソフトウェアの 利便性向上に 努める

【実施者：研究代表者 仁井見英樹、研究担
当者 北島勲】遺伝子検査室（既設）

データベース型起
因菌同定ソフト
ウェアには富山
大学附属病院で
一年間に検出し
た敗血症起
因菌の Tm 値デ
ータ・抗菌薬情
報を日本語/英
語で打ち込んで
おり、同じプライ
マーを用いてリ
アルタイム PCR
を行えば、世
界中の誰でも
Web 上で起
因菌の同定、お
よび抗菌薬の選
択が行える IT
システムとなっ
ている。

起
因菌同定ソフト
ウェアには ID,
PASSWORD,更
に英語、日本語
の選択後にア
クセスすること
が出来、未知の
起
因菌の Tm 値の
組合せを入力
すると、距離の
差の最も近い
ものから順に表
示する。つまり
、距離の最も
近いものが起
因菌として同定
される。更に、
インフォメー
ションボタンを
クリックすると
、起
因菌の基本情
報と、選択すべ
き抗菌薬の情
報を同時に得る
ことが出来る
ので、同定結
果を直ぐに臨
床に生かすこと
が可能となる。

更
にソフトウェア
の利便性向上
を図るため、
各病院で使用
している抗菌薬
を事前に製品
名で打ち込む
ことで、選択
すべき抗菌薬
を製品名表示
できるシステム
とすることが、
本
年度の目標である。

【ステップ 6】システムの 実用化

【実施者：研究代表者 仁井見英樹】遺伝子
検査室（既設）

以下のシステム
を構築すること
で、迅速・簡
便・安価な起
因菌同定 IT
システムとして
実用化する。



Web 上で起
因菌同定ソフト
ウェアを公開し
、誰でも簡単に
利用できるシ
ステムとする。P

ライマーと Taq ポリメラーゼに関しては、利
便性を考慮してキット化を検討する。

【ステップ 7】システムの 応用範囲を 広げる

【実施者：研究代表者 仁井見英樹、研究担
当者 野手良剛】細菌検査室、および遺伝子
検査室（既設）

敗血症や胎児感染症など、迅速診断が要求さ
れる感染症のみならず、給水タンク・冷却
塔・加湿器のような人工的な水環境や、温泉
等における微生物汚染の検査、また、家畜の
感染症や食品汚染検査等に応用する。

4. 研究成果

【平成 21 年度】

平成 21 年度は、迅速・簡便・安価な敗血
症起
因菌同定 IT シ
ステムの構築
と共に、以下
の新たな技術
シーズを開発
し、それぞれ
を組み合わせ
て迅速検査の
更なる実用化
を図った。

1. 細菌検出専用として、新たに開発した耐熱性 DNA Polymerase：(株)北海道三井化学との共同開発により、新たな耐熱性 DNA Polymerase を開発した。これにより、偽陽性や感度の問題を解決した（国際特許出願：PCT/JP2010/050443）。

2. masked Primer Dimer 法：リアルタイム PCR にて Primer Dimer を非表示とする新たな方法を開発（特許出願：特願 2009-23707）し、高感度なリアルタイム PCR 法を実現した。

3. One Step nested PCR 法：新たな方法の開発（特許出願：特願 2009-23707）により、通常 2 回の PCR を必要とする nested PCR を 1 回の PCR で行うことを可能とし、迅速性を保ちつつ高特異度の遺伝子検査を実現した。

4. 迅速な抗菌薬感受性試験：上記 1～3 の高感度・高特異度なリアルタイム PCR を、液相を利用した感受性試験と組み合わせることにより、通常 3 日以上かかる抗生剤感受性試験を 4～6 時間以内とし、迅速な検査を初めて可能とした（国際特許出願：PCT/JP2010/050443）。

5. 迅速な感染症起
因菌同定 IT シ
ステム (2008 年
度被贈呈テーマ)：Tm 値の組合せを菌のフィンガープリントとしてデータベースと照合することで、未知の起
因菌を迅速・簡便に同定する。更にデータベース型起
因菌同定ソフトウェアを web 上で利用できるように開発し、誰でも迅速・簡便に起
因菌を同定できる IT システムとした。

上記 1～3 の高感度・高特異度な定量システムを用いて敗血症の検査を行い、簡便に高感度な定量結果を得た。また、上記 4、5 の技術である感受性試験と同定法を用いて、敗血

症の迅速な検査・診療体制を構築した。

【平成 22 年度】

平成 22 年度は、研究奨励対象におけるプロトコルの最適化を行うと共に、当院産婦人科との共同研究、“子宮内感染症の迅速検査”を立ち上げ、実用的な運用をスタートした。

1, “Eukaryote-made” thermostable DNA polymerase の開発とその実用化: (株)北海道三井化学との共同開発により、真核生物である酵母を宿主として新たな耐熱性 DNA Polymerase を開発した。現在、耐熱性 DNA Polymerase には細菌ホストの DNA が少なからず混入しており、細菌検出を目的とした PCR では偽陽性や感度低下の原因となる。我々は、細菌とは進化系統的に全く異なる真核生物の酵母を用い、新たに耐熱性 DNA Polymerase を開発することで偽陽性や感度の問題を解決した。真核生物を宿主とした耐熱性 DNA Polymerase の開発は世界初である (国際特許出願: PCT/JP2010/050443)。本酵素を用いることで既存の偽陽性の問題を解決し、高感度なバクテリア検出が可能となる。

2, 迅速起因菌同定システムの高精度化: 測定機器の施行間誤差を無くす方法として、7つの Tm 値が二次元で描く“形”を同定することにより、施行間誤差を消すアルゴリズムを用いた同定ソフトウェアを開発した。

更に、サンプル間の誤差を最小限にするために、温度制御に最も優れる QIAGEN 社の RotorGene Q を新たに導入し、Eva Green と HRM 解析を行うことで、サンプル間の誤差を ±0.05 まで下げることに成功した。

その結果、高精度の同定システムが実現し、50 Trial の Blind Test にて、100% (50/50) の一致率を得た。即ち、本システムで正確に起因菌を同定できることを示した。

3, 迅速起因菌同定システムの自動化: 今後、敗血症検体を扱う場合など、多数検体に対処するために、検体からのバクテリア DNA 抽出、および試薬の分注を全て自動化すべく、新規に機器 (QIAgility, QIAcube) の導入を行った。

4, 子宮内感染症の迅速検査の構築: 早産を予防し、胎児を救命するために、まずは子宮内感染症に本システムを実用化した。通常の検査では通常、3~5日を要するのに対し、本システムでは同定が2時間以内、感受性試験が4~6時間程度で報告可能とした。

【平成 23 年度】

平成 23 年度は、研究奨励対象における起炎菌同定データベースの拡充を行うと共に、バクテリアコロニーや臨床検体を直接使い、

繰り返しシステムの評価と修正を行った。

1, 起炎菌同定データベースの拡充: コロニーからの同定の結果、Distance (データベース中の起炎菌との近似度を数値化したもの) の離れたバクテリアコロニーをデータベース中に存在しないものと判断してピックアップし、DNA を抽出してシーケンスを行い、菌種を同定してデータベースに入れ込んでいく作業を行った。本作業を繰り返すことで、起炎菌同定データベース (起炎菌同定ソフトウェアが動作するデータベース) 中のバクテリアを 102 菌種まで拡充した。

2, 迅速起炎菌同定システムの低コスト化: 起炎菌同定システムを安価なシステムとするために、各ステップの細部の見直しを行った。最も見直したものはシステムのスケールであり、20μL×7の PCR の系を 10μL×7の系に変更した。10μL の系でも安定した同定結果を得ることが出来、試薬代を半分抑えることに成功した。その他、各試薬の見直しを行った結果、1検体あたり 1500 円で、3 時間以内に起炎菌を迅速同定出来るシステムが構築できた。

3, 迅速起炎菌同定システムの評価: 本システムを評価するため、従来法との比較検討を行った。同定結果の一致率は Micro Scan Walkaway 96SI (SIEMENS) と比較して算出し、不一致の場合は Sequencing にてどちらが正しいかを判定した。その結果、100コロニーからの一致率は 90% であり、従来法では嫌気性菌の同定結果に間違いが多かったが、本システムの同定結果は正確であった。また、臨床検体 20 検体で検討した結果、従来法では培養陰性が多かったが、本システムでは全て検出・同定が行われ、結果はシーケンスの結果と一致した。

4, 臨床検体の適用の拡大: 本システムは元々敗血症検査を目的として開発したものだが、血液や羊水検体だけでなく多種検体での同定を試みた。新たに脳脊髄液、肝膿瘍、眼房水、心臓人工弁、喀痰、留置カテーテルのそれぞれを用いて同定を行った。その結果、複数菌が同等量程度に存在すると思われる検体では同定に至らなかったが、上記の全ての検体種において、それぞれ菌種の同定に成功し、シーケンスにて同様の結果を確認した。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

【雑誌論文】 (計 10 件)

① Kitajima I, Niimi H. The establishment of rapid, hypersensitive testing systems for sepsis/SIRS. *Rinsho Byori*. 査読有、60(1), 2012, 46-51.

- ② Niimi H, Mori M, Tabata H, Minami H, Ueno T, Hayashi S, Kitajima I. A novel eukaryote-made thermostable DNA polymerase which is free from bacterial DNA contamination. *Journal of Clinical Microbiology*, 査読有, 49(9), 2011, 3316-20.
- ③ Takano A, Niimi H, Atarashi Y, Sawasaki T, Terasaki T, Nakabayashi T, Kitajima I, Tobe K, Takahara T. A novel Y231del mutation of HFE in hereditary haemochromatosis provides *in vivo* evidence that the Huh-7 is a human haemochromatotic cell line. *Liver International*. 査読有, 31(10), 2011, 1593-7.
- ④ Niimi H. Rapid identification of pathogens – a review of the current views. *医学のあゆみ*, 査読無, Vol.238(12), 2011, 1141-1142.
- ⑤ 仁井見英樹, 北島勲, 先端技術—再生医療—, *遺伝子分析科学* (日本臨床検査同学院), 査読無, 第1版第1刷, 2011, 73-75.
- ⑥ Hagiwara A, Harada K, Hida Y, Kitajima I, Ohtsuka T, Distribution of serine/threonine kinase SAD-B in mouse peripheral nerve synapse. *Neuroreport*. 査読有, 22(7), 2011, 319-25.
- ⑦ Hida Y, Fukaya M, Hagiwara A, Deguchi-Tawarada M, Yoshioka T, Kitajima I, Inoue E, Watanabe M, Ohtsuka T, Prickle2 is localized in the postsynaptic density and interacts with PSD-95 and NMDA receptors in the brain, *Journal of Biochemistry*. 査読有, 49(6), 2011, 693-700.
- ⑧ Shioda N, Beppu H, Fukuda T, Li E, Kitajima I, Fukunaga K. Aberrant calcium /calmodulin-dependent protein kinase II (CaMKII) activity is associated with abnormal dendritic spine morphology in the ATRX mutant mouse brain, *Journal of Neuroscience*. 査読有, 31(1), 2011, 346-58.
- ⑨ 仁井見英樹, 小川智美, 野手良剛, 林史朗, 上野智浩, 原田健右, 北島勲, 遺伝子検査室におけるスプライシング異常の遺伝子診断—ピットフォールとアプローチ方法—, 臨床病理, 査読有, 58巻, 2010, 1162-1168
- ⑩ Hironori Matsuhisa, Naoki Yoshimura, Hideki Niimi, and Fukiko Ichida, Open-heart surgery in an infant with heterozygous factor VII deficiency, *Interact Cardio Vasc Thorac Surg*. 査読有, 10, 2010, 1037-1038.

〔学会発表〕 (計 22 件)

- ① 仁井見英樹, Tm値の組合せを用いた迅速・簡便な敗血症起炎菌同定ITシステムの開発, 第27回日本環境感染学会総会, 2012年2月4日, 福岡
- ② 仁井見英樹, eukaryote-made™ Taq DNA polymeraseの開発による高感度・正確な細菌検出法, 第27回日本環境感染学

- 会総会, 2012年2月3日, 福岡
- ③ 仁井見英樹, Tm値の組合せを用いた迅速・簡便な敗血症起炎菌同定ITシステムの開発, 第23回日本臨床微生物学会総会, 2012年1月22日, 横浜
- ④ 仁井見英樹, "eukaryote-made" Taq DNA polymeraseの開発による高感度・正確な細菌検出法, 第23回日本臨床微生物学会総会, 2012年1月22日, 岡山
- ⑤ 仁井見英樹, "eukaryote-made" Taq polymeraseを用いた正確で迅速な感染症起炎菌同定システムの構築, 第58回日本臨床検査医学会学術集会, 2011年11月18日, 岡山
- ⑥ 仁井見英樹, Huh-7を用いたヘモクロマトーシス病態メカニズムの解析— Key Mediatorの探索 —, 第56回日本人類遺伝学会・第11回東アジア人類遺伝学会, 2011年11月12日, 千葉
- ⑦ 仁井見英樹, "eukaryote-made" Taq polymeraseを用いた高感度・迅速な感染症起炎菌同定システムの構築, 第51回日本臨床化学会年次学術集会, 2011年8月27日, 札幌
- ⑧ 仁井見英樹, スプライシング異常の遺伝子診断—ピットフォールとアプローチ方法—, 遺伝子診療学会 遺伝医学合同学術集会2011, 2011年6月17日, 京都
- ⑨ Niimi H, Highly sensitive detection of bacteria using novel "eukaryote-made" Taq polymerase, IFCC-WorldLab EuromedLab Berlin 2011, 2011年5月18日, Berlin, Germany
- ⑩ 仁井見英樹, 尾川智美, 野手良剛, 林史朗, 上野智浩, 原田健右, 北島勲, 遺伝子検査室におけるスプライシング異常の遺伝子診断—ピットフォールとアプローチ方法—, 第34回北陸臨床病理集談会, 2010年10月16日, 富山
- ⑪ 仁井見英樹, 林史朗, 上野智浩, 原田健右, 北島勲, 遺伝子検査室におけるスプライシング異常の遺伝子診断—ピットフォールとアプローチ方法—, 第42回日本臨床検査自動化学会大会, 2010年10月8日, 神戸
- ⑫ 仁井見英樹, 野手良剛, 北島勲, HFE遺伝子に変異を認めた遺伝性ヘモクロマトーシス症例における病態メカニズムの解析, 第57回日本臨床検査医学会学術集会, 2010年9月12日, 東京
- ⑬ 仁井見英樹, 北島勲, 関節リウマチの病態メカニズムにおけるE1AFの機能解析, 第57回日本臨床検査医学会学術集会, 2010年9月12日, 東京
- ⑭ 仁井見英樹, 林史朗, 上野智浩, 野手良剛, 坂本純子, 吉田郁子, 森田未香, 北島勲, 新たな高感度・高特異度測定技術の開発に

よる、感染症迅速検査法の構築, 第57回日本臨床検査医学会学術集会, 2010年9月11日, 東京

⑮ 仁井見英樹, 野手良剛, 上野智浩, 北島勲, *Staphylococcus aureus*の菌体外毒素産生に関する検討, 第17回日本遺伝子診療学会大会, 2010年8月8日, 三重

⑯ 仁井見英樹, 高野敦子, 野手良剛, 高原照美, 北島勲, HFE変異の遺伝性ヘモクロマトーシス症例における病態メカニズムの解析, 第17回日本遺伝子診療学会大会, 2010年8月7日, 三重

⑰ 仁井見英樹, 北島勲, 関節リウマチの病態形成における転写因子E1AFの機能解析, 第17回日本遺伝子診療学会大会, 2010年8月7日, 三重

⑱ 仁井見英樹, 北島勲, 先天性アンチトロンビン欠乏症の遺伝子診断, 第33回日本血栓止血学会学術集会, 2010年4月24日, 鹿児島

⑲ 仁井見英樹, 三崎智範, 北島勲, 慢性関節リウマチの病態形成におけるE1AFの機能解析, 第49回臨床検査医学会東海・北陸支部総会, 2010年3月14日, 名古屋

⑳ Hideki Niimi, Atsuko Takano, Terumi Takahara, and Isao Kitajima, Huh-7; a HFE-mutated hemochromatotic cell line, which suggest the mechanism of Hepcidin expression regulated by HFE ~ BMP6-Smad pathway, TGF- β meeting in Leiden, 2010年9月3日, ライデン (オランダ)

21. 仁井見英樹, 敗血症起因菌の迅速同定システム, 第8回国際バイオフィォーラム, 2009年7月3日, 東京

22. 仁井見英樹, Fastest ID system for detecting septic bacteris. 2009 Bio International Convention. 2009年5月20日, アトランタ (米国)

〔産業財産権〕

○出願状況 (計2件)

名称: 耐熱性 DNA ポリメラーゼを含む酵素調整物およびその製造方法、並びに検出対象生物の検出方法

発明者: 多葉田誉、南洋、仁井見英樹, 北島勲、上野智浩、林史朗、森正之

権利者: 富山大学

種類: 特許

番号: PCT/JP2010/050443

出願年月日: 平成22年1月23日

国内外の別: 外国

名称: 高感度・高特異度なPCR変法

発明者: 仁井見英樹, 上野智浩, 北島勲、林

史朗

権利者: 富山大学

種類: 特許

番号: 特願2009-181755

出願年月日: 平成21年8月4日

国内外の別: 国内

○取得状況 (計1件)

名称: 感染症起因菌の迅速同定方法

発明者: 仁井見英樹、北島勲

権利者: 富山大学

種類: 特許

番号: 特許第4590573号

取得年月日: 平成22年9月24日

国内外の別: 国内

6. 研究組織

(1) 研究代表者

仁井見 英樹 (NIIMI HIDEKI)

富山大学・大学病院・助教

研究者番号: 50401865

(2) 研究分担者

北島 勲 (KITAJIMA ISAO)

富山大学・大学院医学薬学研究部 (医学)・教授

研究者番号: 50214797

(3) 連携研究者

野手 良剛 (NOTE RYOGOU)

富山大学・大学病院・主任臨床検査技師

研究者番号: 60377364