

	シーズ名	アシネトバクター属細菌の分子疫学解析
	氏名・所属・役職	金子幸弘・細菌学・教授
<p>&lt;概要&gt;  次世代シーケンスを用いてアシネトバクター属細菌の全ゲノム解析を行い、遺伝的類似性による分子疫学解析を行っている。これまでに13株のドラフトゲノムを解析し、報告している。</p> <p>&lt;アピールポイント&gt;  稀な菌種や、未知の耐性因子およびプラスミドを同定してきた。当教室にはバイオインフォマティクスを得意とする研究者を擁し、独自でも解析可能であり、また、国立感染症研究所とも共同で研究を行っている。</p> <p>&lt;利用・用途・応用分野&gt;  耐性因子やプラスミドデータのリスト化を行い、データベースを構築することで、利用可能性を高める。</p> <p>&lt;関連する知的財産権&gt;  該当せず</p> <p>&lt;関連するURL&gt;  <a href="http://www.med.osaka-cu.ac.jp/bacteriology/">http://www.med.osaka-cu.ac.jp/bacteriology/</a></p> <p>&lt;他分野に求めるニーズ&gt;</p>		
キーワード	ゲノム解析	

	シーズ名	アシネトバクター属細菌の分子疫学解析
	氏名・所属・役職	金子幸弘・細菌学・教授
<p>&lt;概要&gt;  通常の検査室では同定が困難な細菌や真菌について、臨床感染制御学教室と共同で、ゲノム解析を実施し、臨床に還元している。特に、アスペルギルス属真菌の隠蔽種や、他の糸状菌との鑑別が困難なムーコルなどの真菌、菌種同定が難しいカンジダ属真菌、クリプトコックス属真菌、アシネトバクター属細菌などについて、特定領域の塩基配列解析、POT 解析、MLST 解析を実施している。</p> <p>&lt;アピールポイント&gt;  <input type="checkbox"/> 症例報告などに使用する場合には、論文作成も含めて支援</p> <p>&lt;利用・用途・応用分野&gt;  <input type="checkbox"/> 診断の確定  <input type="checkbox"/> 症例報告を含めた解析情報の公開</p> <p>&lt;関連する知的財産権&gt;  該当せず</p> <p>&lt;関連するURL&gt;  <a href="http://www.med.osaka-cu.ac.jp/bacteriology/">http://www.med.osaka-cu.ac.jp/bacteriology/</a></p> <p>&lt;他分野に求めるニーズ&gt;</p>		
キーワード	ゲノム解析、臨床支援	