

【公報種別】特許法第17条の2の規定による補正の掲載

【部門区分】第1部門第1区分

【発行日】平成23年4月28日(2011.4.28)

【公表番号】特表2010-522571(P2010-522571A)

【公表日】平成22年7月8日(2010.7.8)

【年通号数】公開・登録公報2010-027

【出願番号】特願2010-501272(P2010-501272)

【国際特許分類】

C 12 N 15/09 (2006.01)

C 12 Q 1/68 (2006.01)

【F I】

C 12 N 15/00 A

C 12 Q 1/68 A

【手続補正書】

【提出日】平成23年3月7日(2011.3.7)

【手続補正1】

【補正対象書類名】特許請求の範囲

【補正対象項目名】全文

【補正方法】変更

【補正の内容】

【特許請求の範囲】

【請求項1】

少コピーニュの核酸セグメントを同定する方法であつて、

(a) 対象ゲノム領域から高頻度および中頻度繰り返し配列を除去し、非繰り返しへノムセグメントを表示するステップ、

(b) 非繰り返しへノムセグメントを、対象領域以外のゲノム領域とのホモロジーに関して検索し、対象としないゲノム領域と相同なセグメントを総て廃棄するステップ、

(c) 非繰り返しへノムセグメントにおいて予測される二次構造モチーフを同定するステップ、および

(d) 前記ステップ(a)、(b)および(c)のうちの少なくとも一つによって同定した非繰り返しへセグメントからプローブを設計し、このプローブを対象ゲノム領域および対象としないゲノム領域と比較してユニークさに関し解析するステップの中から二つ以上のステップを含む方法。

【請求項2】

前記ステップ(a)～(d)の中から少なくとも三つのステップを含む、請求項1に記載の方法。

【請求項3】

前記ステップ(a)の非繰り返しへノムセグメントが1kbより大きいサイズを有する、請求項1または2に記載の方法。

【請求項4】

前記ステップ(c)が熱力学的解析によって行なわれる、請求項1～3のいずれかに記載の方法。

【請求項5】

実施した方法によって得られるゲノムセグメントに対応するPCRプライマーを設計するステップをさらに含む、請求項1～4のいずれかに記載の方法。

【請求項6】

前記PCRプライマーがユニーク配列しか含まないことを確実にするステップをさらに含む、請求項5に記載の方法。

**【請求項 7】**

ハイブリダイゼーション実験に用いられるプローブを選択する方法であって、  
( a ) 対象配列から繰り返し配列を除去して配列セグメントを用意するステップ、  
( b ) 前記配列セグメントを、対象配列を含む領域以外のゲノム領域とそれぞれ比較して  
、前記ゲノム領域のいずれかの箇所とマッチする前記セグメントを総て廃棄し、残ったユ  
ニーク配列を保存するステップ、  
( c ) 前記ユニーク配列を予測される二次構造モチーフに関して評価するステップ、およ  
び  
( d ) 予測される二次構造モチーフを有しない前記ユニーク配列に基づきプローブを選択  
するステップ  
を含む方法。

**【請求項 8】**

前記プローブのための P C R プライマーを設計するステップをさらに含む、請求項 7 に  
記載の方法。

**【請求項 9】**

前記 P C R プライマーがゲノムの他の箇所とマッチしないことを確実にするステップを  
さらに含む、請求項 8 に記載の方法。

**【請求項 10】**

前記ステップ ( c ) が熱力学的解析によって行なわれる、請求項 7 ~ 9 のいずれかに記  
載の方法。

**【請求項 11】**

前記熱力学的解析がギブズ自由エネルギーの式に基づき、そのときギブズ自由エネルギー  
が 0 と 50 との間である、請求項 10 に記載の方法。

**【請求項 12】**

前記ギブズ自由エネルギーの式において  $H < -1000$  、  $S < -3500$  、および  
 $T_m = 37$  である、請求項 11 に記載の方法。

**【請求項 13】**

$T_m$  が 42 以上である請求項 12 に記載の方法。

**【請求項 14】**

$T_m$  が 60 以上である請求項 12 に記載の方法。

**【請求項 15】**

配列番号 1 ~ 57 からなる群から選択される少なくとも 1 つの核酸配列。