

【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24年2月23日 (2012.2.23)

【公表番号】特表2008-522604(P2008-522604A)  
 【公表日】平成20年7月3日 (2008.7.3)  
 【年通号数】公開・登録公報2008-026  
 【出願番号】特願2007-544987(P2007-544987)  
 【国際特許分類】

C 1 2 Q 1/68 (2006.01)  
 G 0 1 N 33/53 (2006.01)  
 G 0 1 N 33/543 (2006.01)  
 G 0 1 N 21/78 (2006.01)  
 C 1 2 Q 1/02 (2006.01)  
 C 1 2 M 1/34 (2006.01)  
 C 1 2 M 1/00 (2006.01)

【F I】

C 1 2 Q 1/68 A  
 G 0 1 N 33/53 D  
 G 0 1 N 33/543 5 9 7  
 G 0 1 N 21/78 C  
 C 1 2 Q 1/02  
 C 1 2 M 1/34 A  
 C 1 2 M 1/00 A

【誤訳訂正書】  
 【提出日】平成23年12月27日 (2011.12.27)  
 【誤訳訂正 1】  
 【訂正対象書類名】特許請求の範囲  
 【訂正対象項目名】全文  
 【訂正方法】変更  
 【訂正の内容】  
 【特許請求の範囲】  
 【請求項 1】

S I R S 又は敗血症を検出するためのデータを得るために血液サンプルをスクリーニングする方法であって、

a) R T - P C R によって一組のバイオマーカーの発現を検出する工程、

b) 前記検出の結果を、該結果における構造を識別することができるようにトレーニングされたニューラルネットワーク、又は、主成分解析、判別関数解析、分散分析及び多変量分散分析からなる群から選択される多変量統計解析により解析する工程、  
を含み、発現が R T - P C R によって検出される前記一組のバイオマーカーが、F a s L、M C P - 1、T N F、I L - 1、I L - 6、I L - 8、I L - 10、I N F、及び I N F - からなる群から選択される少なくとも 4 種類からなることを特徴とする方法  
 。

【請求項 2】

少なくとも 7 種のバイオマーカーの発現が検出される請求項 1 に記載の方法。

【請求項 3】

主成分解析及び / 又は判別関数解析を含む多変量統計解析により、前記解析が行われる請求項 1 又は 2 に記載の方法。

【請求項 4】

前記多変量統計解析が、判別関数解析を含む請求項3に記載の方法。

【請求項 5】

前記解析が、ニューラルネットワークにより行われる請求項1又は2に記載の方法。

【請求項 6】

前記ニューラルネットワークが、多層パーセプトロン・ニューラルネットワークである請求項5に記載の方法。

【請求項 7】

前記解析が、80%超の症例において臨床的なSIRS又は敗血症を正確に予測できる請求項3～6の何れか1項に記載の方法。

【請求項 8】

初期段階のSIRS又は敗血症を検出するために血液サンプルをスクリーニングするためのシステムであって、

前記サンプルにおける細胞からRNAを抽出及び精製する手段と、

選択されたRNA配列を逆転写ポリメラーゼ連鎖反応(RT-PCR)により増幅するためのサーマルサイクラーと、

前記RT-PCRの結果を検出及び定量するための手段と、

このような結果を解析できるようにトレーニングされたコンピュータに基づくニューラルネットワークと、

前記ニューラルネットワーク解析の結果がオペレータに伝達され得るディスプレイ手段と、

を含み、前記ニューラルネットワークが、FasL、MCP-1、TNF、IL-1、IL-6、IL-8、IL-10、INF-及びINF-からなる群から選択される少なくとも4種類のバイオマーカーの検出から、70%超の症例においてSIRS又は敗血症を正確に予測できるようトレーニングされていることを特徴とするシステム。

【請求項 9】

SIRS又は敗血症の診断のための診断手段を調製するための、請求項1～7の何れか1項に記載の方法に従う解析又は請求項8に記載のシステムを使用する解析。

【請求項 10】

SIRS又は敗血症の診断のための診断手段を調製するための、請求項1～7の何れか1項に記載の方法又は請求項8に記載のシステムの使用。

【誤訳訂正 2】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0094

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【0094】

本質的に、DFAは分散分析(ANOVA)に対するアプローチにおいて類似している。DFA問題は、一方向解析ANOVA問題と言い換えることができる。即ち、特定の変数の平均に関して、二つの群が相互に有意に異なっているかどうかを問合せることができる。しかし、一つの変数についての平均が異なるグループにおいて有意に異なれば、この変数は、これら群の間を識別すると結論してよいことは明瞭であろう。

【誤訳訂正 3】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0096

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【0096】

多変量を考慮するときには、幾つかの変数のどれが群間の判別に寄与するかを確立することが可能である。このことは、全ての分散及び共分散のマトリックス；同様に、プールされた群内の分散及び共分散のマトリックスを生じる。これらのマトリックスは、次いで

、群の間に何等かの有意差（全ての変数に関して）が存在するか否かを決定するために、多変量F検定を介して比較される。この方法は、多変量分散分析、即ちMANOVAと同一である。MANOVAにおけると同様に多変量検定が行われ、統計的に有意であれば、何れの変数が群に亘って有意に異なる平均を有しているのかが調査される。こうして、複数の変数を用いたコンピュータ処理が更に複雑であっても、主要な理論はそのまま適用される。即ち、観察された平均の差において明らかな、群の間を識別する変数が探索される。