

【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21年7月23日(2009.7.23)

【公表番号】特表2009-521905(P2009-521905A)

【公表日】平成21年6月11日(2009.6.11)

【年通号数】公開・登録公報2009-023

【出願番号】特願2007-502097(P2007-502097)

【国際特許分類】

C 12 N 15/09 (2006.01)

C 12 Q 1/68 (2006.01)

C 07 K 14/47 (2006.01)

C 07 K 16/18 (2006.01)

C 12 P 21/08 (2006.01)

【F I】

C 12 N 15/00 Z N A A

C 12 Q 1/68 A

C 07 K 14/47

C 07 K 16/18

C 12 P 21/08

【手続補正書】

【提出日】平成20年3月7日(2008.3.7)

【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】

心筋梗塞(MI)を発症する危険性の変化を有する個体を同定するための方法であって、該方法が、該個体の核酸における配列番号4338、7357、9616、16565、16250、15831、2021、6430、14807および16029からなる群より選択されるヌクレオチド配列のいずれか一つにおいて一塩基多型(SNP)を検出する工程を含み、ここで、該SNPの存在が、該個体におけるMIの危険性の変化と関連する、方法。

【請求項2】

前記危険性の変化が、上昇した危険性である、請求項1に記載の方法。

【請求項3】

前記個体が、これまでにMIを有したことがある、請求項2に記載の方法。

【請求項4】

前記危険性の変化が、減少した危険性である、請求項1に記載の方法。

【請求項5】

請求項1に記載の方法であって：対立遺伝子特異的プローブハイブリダイゼーション、対立遺伝子特異的プライマー伸長、対立遺伝子特異的増幅、配列決定、5'ヌクレアーゼ消化、分子ビーコンアッセイ、オリゴヌクレオチドライゲーションアッセイ、サイズ分析、および一本鎖立体配座多型からなる群より選択されるプロセスにより検出が実施される、方法。

【請求項6】

少なくとも8個の連続したヌクレオチドを含む単離された核酸分子であって、ここで、

該ヌクレオチドの一つが、配列番号4 3 3 8、7 3 5 7、9 6 1 6、1 6 5 6 5、1 6 2 5 0、1 5 8 3 1、2 0 2 1、6 4 3 0、1 4 8 0 7および1 6 0 2 9からなる群より選択されるヌクレオチド配列、またはその相補体のいずれか一つより選択される一塩基多型(SNP)である、核酸分子。

【請求項7】

配列番号127～252のアミノ酸配列のいずれか一つをコードする、単離された核酸分子。

【請求項8】

配列番号127～252からなる群より選択されるアミノ酸配列を含む、単離されたポリペプチド。

【請求項9】

請求項8に記載のポリペプチド、もしくはその抗原結合フラグメントに特異的に結合する、抗体。

【請求項10】

前記抗体が、モノクローナル抗体である、請求項9に記載の抗体。

【請求項11】

増幅されたポリヌクレオチドであって、該増幅されたポリヌクレオチドが、配列番号4 3 3 8、7 3 5 7、9 6 1 6、1 6 5 6 5、1 6 2 5 0、1 5 8 3 1、2 0 2 1、6 4 3 0、1 4 8 0 7および1 6 0 2 9からなる群より選択されるヌクレオチド配列またはその相補体のいずれか一つより選択される一塩基多型(SNP)を含み、ここで、該増幅されたポリヌクレオチドが、約16ヌクレオチドと約1,000ヌクレオチドとの間の長さである、ポリヌクレオチド。

【請求項12】

請求項11に記載の増幅されたポリヌクレオチドであって、ここで、前記ヌクレオチド配列が、配列番号4 3 3 8、7 3 5 7、9 6 1 6、1 6 5 6 5、1 6 2 5 0、1 5 8 3 1、2 0 2 1、6 4 3 0、1 4 8 0 7および1 6 0 2 9からなる群より選択されるヌクレオチド配列のいずれか一つを含む、ポリヌクレオチド。

【請求項13】

配列番号4 3 3 8、7 3 5 7、9 6 1 6、1 6 5 6 5、1 6 2 5 0、1 5 8 3 1、2 0 2 1、6 4 3 0、1 4 8 0 7および1 6 0 2 9からなる群より選択されるヌクレオチド配列のいずれか一つの一塩基多型(SNP)を含む核酸分子に、特異的にハイブリダイズする、単離されたポリヌクレオチド。

【請求項14】

8～70ヌクレオチドの長さである、請求項13に記載のポリヌクレオチド。

【請求項15】

対立遺伝子特異的プローブである、請求項13に記載のポリヌクレオチド。

【請求項16】

対立遺伝子特異的プライマーである、請求項13に記載のポリヌクレオチド。

【請求項17】

請求項13に記載のポリヌクレオチドであって、該ポリヌクレオチドが、表5(配列番号17, 276～17, 377)に記載のプライマー配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列を含む、ポリヌクレオチド。

【請求項18】

核酸中の一塩基多型(SNP)を検出するためのキットであって、該キットが、請求項13のポリヌクレオチド、緩衝剤、および酵素を備える、キット。

【請求項19】

核酸分子中の一塩基多型(SNP)を検出するための方法であって、該方法が、ストリッジメントなハイブリダイゼーション条件下で、配列番号4 3 3 8、7 3 5 7、9 6 1 6、1 6 5 6 5、1 6 2 5 0、1 5 8 3 1、2 0 2 1、6 4 3 0、1 4 8 0 7および1 6 0 2 9からなる群より選択されるヌクレオチド配列のいずれか一つにおいてSNPに特異的

にハイブリダイズする試薬と、試験サンプルとを接触させる工程；ならびにハイブリダイズした二重鎖の形成を検出する工程を包含する、方法。

【請求項 2 0】

請求項1 9に記載の方法であって、以下：対立遺伝子特異的プローブハイブリダイゼーション、対立遺伝子特異的プライマー伸長、対立遺伝子特異的増幅、配列決定、5'ヌクレオゼ消化、分子ビーコンアッセイ、オリゴヌクレオチドライゲーションアッセイ、サイズ分析、および一本鎖立体配座多型からなる群より選択されるプロセスにより検出が実施される、方法。

【請求項 2 1】

改変体ポリペプチドを検出するための方法であって、該方法が、試験サンプル中の配列番号4 3 3 8、7 3 5 7、9 6 1 6、1 6 5 6 5、1 6 2 5 0、1 5 8 3 1、2 0 2 1、6 4 3 0、1 4 8 0 7および1 6 0 2 9からなる群より選択されるヌクレオチド配列のいずれか一つにおける一塩基多型(SNP)によりコードされる改変体ポリペプチドと、試薬とを接触させる工程、および該試薬の該ポリペプチドへの結合を検出する工程を包含する、方法。

【請求項 2 2】

M Iを治療的もしくは予防的に処置するのに有用な薬剤を同定するための方法であって、該方法が、候補薬剤に請求項8に記載のポリペプチドを、該ポリペプチドと該候補薬剤との間に結合複合体を形成させるために適切な条件下で接触させる工程、ならびに該結合複合体の形成を検出する工程を包含し、ここで、該複合体の存在が、該薬剤を同定する、方法。

【請求項 2 3】

M Iに対する処置を受ける必要のある個体の同定を支援するための方法であって、該方法は、4 3 3 8、7 3 5 7、9 6 1 6、1 6 5 6 5、1 6 2 5 0、1 5 8 3 1、2 0 2 1、6 4 3 0、1 4 8 0 7および1 6 0 2 9からなる群より選択される遺伝子のうちのいずれか1つにおいて、該個体由来のサンプル中の1ヌクレオチド多型(SNP)を検出する工程を包含し、ここで該個体は、治療剤により処置されることを特徴とする、方法。

【請求項 2 4】

前記治療剤がスタチンである、請求項2 3に記載の方法。