

【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25年7月4日 (2013.7.4)

【公表番号】特表2012-527245(P2012-527245A)
 【公表日】平成24年11月8日 (2012.11.8)
 【年通号数】公開・登録公報2012-046
 【出願番号】特願2012-512038(P2012-512038)
 【国際特許分類】

C 1 2 Q 1/68 (2006.01)

C 1 2 M 1/00 (2006.01)

C 1 2 N 15/113 (2010.01)

【 F I 】

C 1 2 Q 1/68 A

C 1 2 M 1/00 A

C 1 2 N 15/00 G

【手続補正書】

【提出日】平成25年5月17日 (2013.5.17)

【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】

哺乳類細胞の心臓発生能を決定する方法であって、

a) 前記細胞の 2 つ以上の遺伝子の発現量を収集する、ここで、前記遺伝子の少なくとも一つは、Nkx2.5、Tbx5、MEF2C、GATA4、GATA6、Mesp1、FOG1、FOG2、Flk1、これらの哺乳類における相同体、及びこれらの遺伝子の組み合わせからなる群から選択される、工程と、

b) 心臓発生能指数 (C A R P I) を決定する、ここで、心臓発生能指数 (C A R P I) は、前記細胞の前記 2 つ以上の遺伝子の発現を定量する関数である、工程と、を含む、方法。

【請求項 2】

前記遺伝子の発現は、メッセンジャー R N A s (m R N A s)、マイクロ R N A s などの機能性 R N A、又はこれら組み合わせのレベルで定量される、請求項 1 に記載の方法。

【請求項 3】

前記 m R N A の発現は、Nkx2.5、Tbx5、MEF2C、GATA4、GATA6、Mesp1、FOG1、FOG2、Flk1、これらの哺乳類における相同体、及びこれらの遺伝子の組み合わせからなる群から選択される、少なくとも一つの遺伝子から定量的に測定される、請求項 2 に記載の方法。

【請求項 4】

前記細胞は、体細胞、生殖細胞、臍帯血細胞、心臓前駆細胞、胚性細胞、及びこれらのあらゆる組み合わせからなる群から選択される、請求項 1 ~ 3 のいずれか一項に記載の方法。

【請求項 5】

前記細胞は、遺伝子組み換えされている、請求項 1 ~ 4 のいずれか一項に記載の方法。

【請求項 6】

前記細胞は、検出可能なサルコメアタンパク質を有しない、請求項 1 ~ 5 のいずれか一項に記載の方法。

【請求項 7】

前記 C A R P I は、心臓発生性処置の前後の前記細胞について評価される、請求項 1 ～ 6 のいずれか一項に記載の方法。

【請求項 8】

前記心臓発生性処置は、前記細胞を、細胞の心臓発生能を向上させることができる少なくとも 2 つの心臓発生性物質、を含む組成物に接触させる工程を含む、請求項 7 に記載の方法。

【請求項 9】

前記細胞は、一種類の哺乳類に由来する、請求項 1 ～ 8 のいずれか一項に記載の方法。

【請求項 10】

前記細胞は、哺乳類又は哺乳類群に由来し、該 C A R P I は、定量され、別の哺乳類又は哺乳類群由来の細胞の C A R P I と比較される、請求項 1 ～ 8 のいずれか一項に記載の方法。

【請求項 11】

前記 C A R P I は、下記式：

【数 1】

$$CARPI = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{i=n} \text{RNA level}_i$$

(式中、i は選択した遺伝子を表し、n は選択した遺伝子の全ての番号を表す) を用いて、前記 2 つ以上の遺伝子の発現量の線形平均として計算される、請求項 1 ～ 10 のいずれか一項に記載の方法。

【請求項 12】

前記 C A R P I は、処置の心臓発生能を定量的に評価するために測定される、請求項 1 ～ 11 のいずれか一項に記載の方法。

【請求項 13】

前記 C A R P I は、心機能のパラメータと相関を有する、請求項 1 ～ 12 のいずれか一項に記載の方法。

【請求項 14】

処理装置と、該処理装置と組み合されて 1 つ又は複数のプログラムをコード化するメモリーとを備えるコンピュータ装置であって、

該プログラムは、

a) 哺乳類細胞の 2 つ以上の遺伝子の発現量を収集する工程であって、前記遺伝子の少なくとも一つは、Nkx2.5、Tbx5、MEF2C、GATA4、GATA6、Mesp1、FOG1、FOG2、Flk1、その哺乳類の相同体、及びこれらの遺伝子の組み合わせからなる群から選択される、工程と、

b) 前記 2 つ以上の遺伝子の発現レベルの線形平均として計算される C A R P I を決定する工程と、

c) 前記 C A R P I を表示する工程と、
を含む方法を前記処理装置に実行させる、コンピュータ装置。