【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６部門第３区分
【発行日】平成21年4月30日(2009.4.30)

【公開番号】特開2006-294014(P2006-294014A)
【公開日】平成18年10月26日(2006.10.26)
【年通号数】公開・登録公報2006-042
【出願番号】特願2006-72392(P2006-72392)
【国際特許分類】
*Ｇ０６Ｆ　19/00　(2006.01)*
*Ｇ０６Ｆ　17/30　(2006.01)*
*Ｇ０１Ｎ　33/53　(2006.01)*
*Ｇ０１Ｎ　33/48　(2006.01)*
*Ｇ０１Ｎ　27/62　(2006.01)*
*Ｇ０１Ｎ　21/78　(2006.01)*
*Ｇ０１Ｎ　27/447　(2006.01)*
*Ｃ１２Ｑ　1/68　(2006.01)*
【ＦＩ】
Ｇ０６Ｆ　19/00　６００
Ｇ０６Ｆ　17/30　１７０Ｆ
Ｇ０１Ｎ　33/53　Ｄ
Ｇ０１Ｎ　33/48　Ｚ
Ｇ０１Ｎ　27/62　Ｖ
Ｇ０１Ｎ　21/78　Ｃ
Ｇ０１Ｎ　27/26　３１５Ｈ
Ｃ１２Ｑ　1/68　Ａ

【手続補正書】
【提出日】平成21年3月12日(2009.3.12)
【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】
異なる特徴を持つ質量分析器による質量分析シグナルパターンを含む生データに基づいて同定したＡｃｃｅｓｓｉｏｎＮｏ、および、Ｉｎｔｅｎｓｉｔｙ比を少なくとも格納したデータベースを備えたコンピュータにおいて、前記コンピュータに、
前記データベースに格納された、異なる質量分析器に基づく、同一のＡｃｃｅｓｓｉｏｎＮｏに関するＩｎｔｅｎｓｉｔｙ比を抽出するステップと、
前記Ｉｎｔｅｎｓｉｔｙ比の値を統合し、統合した値を、前記ＡｃｃｅｓｓｉｏｎＮｏと関連付けて、前記データベースに記憶するステップと、を実行させることを特徴とする解析プログラム。
【請求項２】
さらに、前記データベースが、ＤＮＡアレイに由来するデータに基づくＡｃｃｅｓｓｉｏｎＮｏ、および、Ｉｎｔｅｎｓｉｔｙ比を備え、
前記データベースに格納された、同一のＡｃｃｅｓｓｉｏｎＮｏに関する統合されたＩｎｔｅｎｓｉｔｙ比、および、ＤＮＡアレイに関するＩｎｔｅｎｓｉｔｙ比を抽出するステップと、

前記Ｉｎｔｅｎｓｉｔｙ比の値をノーマライズして、ノーマライズされた値を、前記ＡｃｃｅｓｓｉｏｎＮｏと関連付けて、前記データベースに記憶するステップと、を実行させることを特徴とする請求項１に記載の解析プログラム。

【請求項３】

２Ｄ－ＤＩＧＥを含む画像データであって、スポットの情報を含む画像データを格納したデータベースを備えたコンピュータにおいて、前記コンピュータに、

前記スポットのそれぞれの情報、および、前記コンピュータに接続されたデータベースであって、前記既知のタンパク質のスポットの情報を格納した他のデータベースを参照して、前記スポットの情報と、前記既知のタンパク質のスポットの情報がマッチする場合に、当該スポットの情報として、前記既知のタンパク質のスポットの情報を与え、前記データベースに格納するステップと、

マッチしない場合に、質量分析計による解析を含む他の手法により取得し、前記データベースに格納した、前記スポットの第２の情報に基づいて、前記スポットにかかるタンパク質を同定するステップと、を実行させることを特徴とする解析プログラム。

【請求項４】

前記第２の情報に基づいてタンパク質を同定するステップが、前記コンピュータに接続されたさらに他のデータベースであって、前記他の手法により同定されたタンパク質の情報が格納されたデータベースを検索するステップを含むことを特徴とする請求項３に記載の解析プログラム。

【請求項５】

各種病態を示す患者や疾患モデル動物由来組織、細胞および培養細胞を用いてプロテオーム解析方法によって得られた、電気泳動画像、および、各種異なる特徴をもつ質量分析器による質量分析シグナルパターンを少なくとも含む、生データ、並びに、当該生データに基づいて同定したペプチド・タンパク質ＩＤ、および、定量的データを格納したデータベースを備えたコンピュータにおいて、前記コンピュータに、

データベースに格納されたデータを同一言語に変換し、融合させるステップと、

ネットワークを介してアクセス可能な公開された他のデータベースを検索するステップと、

特異的タンパク質群を抽出し、これらの機能を予測し病態を解析するステップと、を実行させることを特徴とする解析プログラム。

【請求項６】

複数のＬＣ－ＭＳショットガン法を適用して得た、ＭＳスペクトルデータを格納する、ＭＳスペクトルデータベースを備えたコンピュータにおいて、前記コンピュータに、

タンパク質を同定するステップと、

前記タンパク質の同定により得られた解析結果を、データベースに格納するステップと、

データベースに格納された解析結果と、タンパク相互機能解析システムおよび生物情報統合プラットフォームとを、ネットワークを介しリンクさせて融合するステップと、を実行させることを備えたことを特徴とする解析プログラム。

【請求項７】

論理的スペクトルを格納したデータベースを備えたコンピュータにおいて、前記コンピュータに、

安定同位体標識ＬＣ－ＭＳショットガン法を適用して得た生データを、既存の条件にて作成したペプチドピークリストと、前記データベースに格納された理論的スペクトルとの間の類似性に基づいて、ペプチドを同定するステップと、

安定同位体標識されたペアのピークの強度差から、前記ペプチドを含むタンパク質含有相対量を決定するステップと、

特定の組織・細胞に特異的に出現したタンパク質群を分類するステップと、を実行させることを特徴とする解析プログラム。

【請求項８】

ＤＮＡアレイ、および／または、リアルタイムＰＣＲを含む、異なる性質の分析によるｍＲＮＡ定量的発現解析データ、および、２次元電気泳動、ＬＣ－ＥＳＩ－ＭＳ／ＭＳショットガン法、および／または、ＬＣ－ＭＡＬＤＩ－ＭＳ／ＭＳショットガン法を含む、異なる手法を用いたプロテオミクスによる定量的データを格納したデータベースを備えたコンピュータにおいて、前記コンピュータに、

前記データベースに格納されたデータのそれぞれについて、ディファレンシャルディスプレイを含む、同一のアルゴリズムによる解析を施すステップを実行させることを特徴とする解析プログラム。

【請求項９】

さらに、前記コンピュータが、

前記データベースを異なる他のデータベースとリンクされ、前記コンピュータに

前記データベースに格納された、前記解析を施された結果である解析データについて、前記リンクされた異なる他のデータベースに格納された情報に基づいて解析するステップを実行させることを特徴とする請求項８に記載の解析プログラム。

【請求項１０】

２Ｄ－ＤＩＧＥを含む画像データであって、スポットの情報を含む画像データ、および、翻訳後修飾構造を含むタンパク質情報を格納したデータベースを備えたコンピュータにおいて、前記コンピュータに、

前記画像データ中のスポットと、前記データベースからの翻訳後修飾構造を含むタンパク質情報とを関連付け、当該関連付けを、前記データベースに格納するステップを実行させることを特徴とする解析プログラム。

【請求項１１】

前記コンピュータに、

作成した統合データベースの情報を分析装置の解析プラットフォームにリバースインプットし、再解析するステップを実行させることを特徴とする請求項５ないし９の何れか一項に記載の解析プログラム。

【請求項１２】

ｍＲＮＡは、ＤＮＡアレイおよび／またはリアルタイムＰＣＲ、可溶化タンパク質は、２Ｄ－ＤＩＧＥを含む蛍光標識２次元電気泳動および／またはＩＣＡＴ、ｉＴＲＡＱを含む安定同位体標識法のＬＣ－ＭＳショットガン法を用いて、同時進行で、方式の定量的ディファレンシャルディスプレイによるデータを一元化して解析することを特徴とする請求項８に記載の解析プログラム。

【請求項１３】

分子ネットワークを記憶したデータベースを備えたコンピュータにおいて、前記コンピュータに、

分子統合データに基づいて、前記データベース中の分子ネットワークを検索するステップと、

病態で特異的に活性化あるいは特異的に失活しているなどの病態組織・細胞特異的シグナルカスケードを抽出するステップと、を実行させることを特徴とする解析プログラム。