

【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31年3月22日(2019.3.22)

【公表番号】特表2018-518725(P2018-518725A)

【公表日】平成30年7月12日(2018.7.12)

【年通号数】公開・登録公報2018-026

【出願番号】特願2017-547118(P2017-547118)

【国際特許分類】

G 1 6 B 40/00 (2019.01)

C 1 2 Q 1/06 (2006.01)

C 1 2 Q 1/04 (2006.01)

【F I】

G 0 6 F 19/24

C 1 2 Q 1/06

C 1 2 Q 1/04

【手続補正書】

【提出日】平成31年2月7日(2019.2.7)

【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】

サンプル中に存在する分類単位内の微生物の量を推定するためのコンピュータ実装方法であって、

(a) 分類単位内の微生物に対する誤分類率を、前記微生物の既知のゲノムを用いてシミュレートされたリードに基づき推定する；

(b) 分類単位のリストへ分類されるサンプル中のリードの数の測定結果を受信する；

(c) 推定される前記誤分類率を用いて受信される前記測定結果を調節して、サンプル中の各分類単位に属するリードの数を推定する；

(d) 推定される前記各分類単位に属するリードの数を用いて、サンプル中に存在する分類単位から微生物の数を推定する

ように構成されるコンピュータプロセッサを提供するステップを有する、方法。

【請求項2】

前記コンピュータプロセッサがさらに、ゲノム長を用いて正規化し、若しくは分類単位中の微生物のゲノムのG C含量に基づき倍率を乗じ、又は両方を用いて、分類単位内の微生物の数を推定するように構成される、請求項1に記載のコンピュータ実装方法。

【請求項3】

誤分類率を推定するように構成される前記コンピュータプロセッサが、

(a 1) 実験的に決定されるリード長及びシーケンシングエラー率とともに分類単位内の微生物のゲノムを用いてリードをシミュレートする、或いは微生物の既知の組成を伴うサンプルからシーケンスリードを受信する；

(a 2) シミュレートされたリードに対してリード分類アルゴリズムを実行する；

(a 3) 関心のある分類単位のリストへ分類されるシミュレートされたリードのパーセンテージを決定する

ように構成される、請求項1に記載のコンピュータ実装方法。

【請求項4】

受信される前記測定結果を調節するように構成されるコンピュータプロセッサが、分類単位のリストへ分類されるサンプルからのリードの数及び推定される前記誤分類率により決定される連立一次方程式を解くために線形最小二乗法を適用することにより、受信される前記測定結果を調節するように構成される、請求項1に記載のコンピュータ実装方法。

【請求項5】

前記サンプルが微生物の複数の種を有し、前記誤分類率が前記サンプル中の種の各々に対して計算される、請求項1に記載のコンピュータ実装方法。

【請求項6】

前記誤分類率が微生物の複数の種に対するデータを有するデータベース中の種の各々に対して計算される、請求項1に記載のコンピュータ実装方法。

【請求項7】

受信される前記測定結果が前記データベース中の種の各々について受信され、受信される前記測定結果が前記データベース中の種の各々について調節される、請求項6に記載のコンピュータ実装方法。

【請求項8】

前記サンプルからシーケンシングデータを受信するステップをさらに有する、請求項1に記載のコンピュータ実装方法。

【請求項9】

前記誤分類率が関心のある一つ以上の分類ランクから選択される分類単位について推定される、請求項1に記載のコンピュータ実装方法。

【請求項10】

サンプル中に存在する分類単位内の微生物の量を推定するためのコンピュータ実行可能命令を含むコンピュータ可読媒体であって、

(a) 分類単位内の微生物に対する誤分類率を、前記微生物の既知のゲノムを用いてシミュレートされたリードに基づき推定するためのコンピュータ実行可能命令と、

(b) 分類単位のリストへ分類されるサンプル中のリードの数の測定結果を受信するためのコンピュータ実行可能命令と、

(c) 推定される前記誤分類率を用いて受信される前記測定結果を調節して、サンプル中の各分類単位に属するリードの数を推定するためのコンピュータ実行可能命令と、(d) 推定される前記各分類単位に属するリードの数を用いて、サンプル中に存在する分類単位から微生物の数を推定するためのコンピュータ実行可能命令と  
を有する、コンピュータ可読媒体。

【請求項11】

ゲノム長を用いて正規化し、若しくは分類単位中の微生物のゲノムのG C含量に基づき倍率を乗じ、又はその両方を用いて、分類単位内の微生物の数を推定するためのコンピュータ実行可能命令をさらに有する、請求項10に記載のコンピュータ可読媒体。

【請求項12】

誤分類率を推定するためのコンピュータ実行可能命令が、

(a 1) 実験的に決定されるリード長及びシーケンシングエラー率とともに分類単位内の微生物のゲノムを用いてリードをシミュレートする、又は微生物の既知の組成を伴うサンプルからシーケンスリードを受信するためのコンピュータ実行可能命令と、

(a 2) シミュレートされたリードに対しリード分類アルゴリズムを実行するためのコンピュータ実行可能命令と、

(a 3) 関心のある分類単位のリストへ分類されるシミュレートされたリードのパーセンテージを決定するためのコンピュータ実行可能命令と  
を有する、請求項10に記載のコンピュータ可読媒体。

【請求項13】

受信される前記測定結果を調節するためのコンピュータ実行可能命令が、分類単位のリストへ分類されるサンプルからのリードの数及び推定される前記誤分類率により決定される連立一次方程式を解くために線形最小二乗法を適用することにより、受信される前記測

定結果を調節するためのコンピュータ実行可能命令を有する、請求項10に記載のコンピュータ可読媒体。

【請求項14】

前記サンプルが微生物の複数の種を有し、前記コンピュータ実行可能命令が前記サンプル中の種の各々に対して前記誤分類率を計算する、請求項10に記載のコンピュータ可読媒体。

【請求項15】

前記コンピュータ実行可能命令が、微生物の複数の種に対するデータを有するデータベース中の種の各々に対して前記誤分類率を計算する、請求項10に記載のコンピュータ可読媒体。

【請求項16】

前記コンピュータ実行可能命令が前記データベース中の種の各々についてリードの数の測定結果を受信し、前記コンピュータ実行可能命令が前記データベース中の種の各々について受信される前記測定結果を調節する、請求項15に記載のコンピュータ可読媒体。

【請求項17】

前記サンプルに対するシーケンシングデータを受信するためのコンピュータ実行可能命令をさらに有する、請求項10に記載のコンピュータ可読媒体。

【請求項18】

前記誤分類率が関心のある一つ以上の分類ランクから選択される分類単位について推定される、請求項10に記載のコンピュータ可読媒体。