

【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26年9月18日(2014.9.18)

【公表番号】特表2012-507988(P2012-507988A)
 【公表日】平成24年4月5日(2012.4.5)
 【年通号数】公開・登録公報2012-014
 【出願番号】特願2011-534924(P2011-534924)
 【国際特許分類】

C 1 2 Q 1/68 (2006.01)
 G 0 1 N 33/50 (2006.01)
 C 0 7 K 16/22 (2006.01)
 C 1 2 N 15/09 (2006.01)

【F I】

C 1 2 Q 1/68 A
 G 0 1 N 33/50 P
 C 0 7 K 16/22 Z N A
 C 1 2 N 15/00 A

【誤訳訂正書】

【提出日】平成26年7月30日(2014.7.30)

【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】

滲出性AMD患者が高親和性の抗VEGF抗体を用いた治療の利益を得る見込みが増加しているかどうかを予測する方法において、rs17611に対応する補体C5因子遺伝子(C5)I802Vアレルにおける前記患者から単離したサンプルの遺伝子多型のスクリーニングを含み、ここで、対応する遺伝子型がAA又はAGを含む場合、該患者は、前記治療の利益を得る見込みが増加している方法。

【請求項2】

前記抗VEGF抗体がハイブリドーマATCC(登録商標)HB10709によって産生されるモノクローナル抗VEGF抗体A4.6.1として同一のエピトープに結合する、請求項1の方法。

【請求項3】

前記抗VEGF抗体が、次の重鎖相補性決定領域(CDR)アミノ酸配列：CDRH1(GYDFTHYGMN；配列番号：1)、CDRH2(WINTYTGEPTYAADFKR；配列番号：2)及びCDRH3(YPYYYGTSHWYFDV；配列番号：3)を含む重鎖可変ドメイン並びに次の軽鎖CDRアミノ酸配列：CDRL1(SASQDI SNYLN；配列番号：4)、CDRL2(FTSSLHS；配列番号：5)及びCDRL3(QQYSTVPWT；配列番号：6)を含む軽鎖可変ドメインを有する、請求項2の方法。

【請求項4】

前記抗VEGF抗体がY0317の重鎖可変ドメイン及び軽鎖可変ドメインを有する請求項3の方法。

【請求項5】

前記抗VEGF抗体がラニピツマブである、請求項1の方法。

【請求項 6】

対応する遺伝子型が A A を含む請求項 1 から 5 の何れか一項の方法。

【請求項 7】

対応する遺伝子型が A G を含む請求項 1 から 5 の何れか一項の方法。

【請求項 8】

滲出性 A M D 患者が、r s 1 7 6 1 1 に対応する C 5 I 8 0 2 V アレルにおける A / G 遺伝子多型を含む遺伝子多型領域に特異的にハイブリダイズすることができる第一のオリゴヌクレオチド及び第二のオリゴヌクレオチドを含む、抗 V E G F 抗体を用いた治療の利益を得る見込みが増加しているかどうかを予測するためのキット。

【請求項 9】

前記第一のオリゴヌクレオチドが第一のプライマーであって、第二のオリゴヌクレオチドが第二のプライマーである請求項 8 のキット。

【請求項 10】

前記第一のオリゴヌクレオチドが第一のプローブであって、第二のオリゴヌクレオチドが第二のプローブである請求項 8 のキット。

【請求項 11】

前記第一のオリゴヌクレオチド及び前記第二のオリゴヌクレオチドを、I 8 0 2 V C 5 アレルにおける A / G 遺伝子多型を含む C 5 遺伝子の一部を増幅するために用いてもよい請求項 8 または 9 のキット。

【請求項 12】

患者が滲出性 A M D 又は G A を伴う非滲出性 A M D を発症する見込みが増加しているかどうかを予測する方法において、r s 1 7 6 1 1 に対応する C 5 I 8 0 2 V アレルにおける前記患者から単離したサンプルの遺伝子多型のスクリーニングを含み、ここで、対応する遺伝子型がアレル T (i l e) 含む場合、該患者は、A M D を発症する見込みが増加している方法。

【誤訳訂正 2】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0 0 0 6

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【0 0 0 6】

一態様では、本発明は、滲出性 A M D 患者が高親和性の抗 V E G F 抗体を用いた治療の利益を得る見込みが増加しているかどうかを予測する方法において、r s 1 0 6 1 1 7 0 に対応する補体 H 因子遺伝子 (C F H) Y 4 0 2 H アレルにおける前記患者から単離したサンプルの遺伝子多型のスクリーニングを含み、ここで、対応する遺伝子型が C C 又は C T を含む場合、該患者は、前記治療の利益を得る見込みが増加している方法を提供す。他の態様では、滲出性 A M D 患者が抗 V E G F 抗体を用いた治療の利益を得る見込みが増加しているかどうかを予測する方法において、r s 1 7 6 1 1 に対応する補体 C 因子遺伝子 (C 5) I 8 0 2 V アレルにおける前記患者から単離したサンプルの遺伝子多型のスクリーニングを含み、ここで、対応する遺伝子型が A A 又は A G を含む場合、該患者は、前記治療の利益を得る見込みが増加している方法を提供す。更に他の態様では、滲出性 A M D 患者が抗 V E G F 抗体を用いた治療の利益を得る見込みが増加しているかどうかを予測する方法において、r s 1 0 4 9 0 9 2 4 に対応する H T R A 1 A 6 9 S アレルにおける前記患者から単離したサンプルの遺伝子多型のスクリーニングを含み、ここで、対応する遺伝子型が G T を含む場合、該患者は、前記治療の利益を得る見込みが増加している方法を提供す。幾つかの実施態様では、該方法は更に抗 V E G F 抗体を用いた患者の治療を含む。