

【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18年1月5日(2006.1.5)

【公表番号】特表2005-522981(P2005-522981A)

【公表日】平成17年8月4日(2005.8.4)

【年通号数】公開・登録公報2005-030

【出願番号】特願2003-500299(P2003-500299)

【国際特許分類】

**C 1 2 Q 1/68 (2006.01)**

**C 1 2 Q 1/02 (2006.01)**

**C 1 2 N 15/09 (2006.01)**

【F I】

C 1 2 Q 1/68 Z N A A

C 1 2 Q 1/02

C 1 2 N 15/00 A

【手続補正書】

【提出日】平成17年5月27日(2005.5.27)

【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】

DNA修飾因子に対するゲノムの候補領域の感受性を正確かつ効率的に決定する方法であって、以下のa)～g)：

- a) 該ゲノムを含有する真核細胞の集団からクロマチンを単離すること；
  - b) 単離されたクロマチンの少なくとも1つの部分を、該DNA修飾因子により、DNA鎖の切断が生じる条件下において処理すること；
  - c) 別の部分を、該DNA修飾因子により、改変条件下において処理すること；
  - d) 処理されたDNAをそれらの部分から単離すること；
  - e) 各々の部分からリアルタイムPCRによって単離されたDNAから、該候補領域を、リアルタイムPCRによりプライマーセットを用いて増幅し、シグナルを得ること；
  - f) 各々の単離されたDNA部分内の該候補領域の相対的コピー数を、次の(i)～(iii)：
    - i) 各々が異なる量のDNAを互いに対して固定された割合で含有する複数のDNAサンプルの各々における該候補領域のコピー数を決定し、それにより、第1のコピー数標準曲線を算出し、
    - ii) 各々が異なる量のDNAを互いに対して固定された割合で含有する複数のDNAサンプルの各々における参照領域のコピー数を決定し、それにより、該参照領域のPCR増幅により第2のコピー数標準曲線を算出し、さらに
    - iii) シグナルを該第1の標準曲線および該第2の標準曲線と比較して、各々の単離されたDNAについて候補領域および参照領域のコピー数相対比率を得ること、
  - によって決定すること；並びに、
  - g) 該候補領域の該DNA修飾因子に対する感受性を、該参照領域の感受性に対して相対的に決定すること、
- を含む方法。