



SUOMI-FINLAND
(FI)

Patentti- ja rekisterihallitus
Patent- och registerstyrelsen

(71) Hakija - Sökande

1. **Lynx Therapeutics, Inc.**, 3832 Bay Center Place, Hayward, CA 94545, USA, (US)

(72) Keksijä - Uppfinnare

1. **Brenner, Sydney**, University of Cambridge, School of Clinical Medicine, Leval 5, Addenbrooke's Hospital, Hills Road, Cambridge CB 2QQ, United Kingdom, (GB)

(74) Asiamies - Ombud: **Ruska & Co Oy**, Runeberginkatu 5, 00100 Helsinki

(54) Keksinnön nimitys - Uppfinningens benämning

Molekyylien merkintäjärjestelmä
Markeringssystem för molekyler

(57) Tiivistelmä - Sammandrag

Tämä keksintö saa aikaan menetelmän molekyyliluokkien tai -osapopulaatioiden seuraamiseksi, tunnistamiseksi ja/tai lajittelemiseksi tarkoitetun menetelmän oligonukleotidileimojen avulla. Tämän keksinnön mukaiset oligonukleotidileimat käsittävät kukin useita alayksiköitä, joiden pituus on 3 - 6 nukleotidia ja jotka valitaan minimaalisesti ristiin hybridisoituvasta joukosta. Tällaiseen joukkoon kuuluva alayksikkö muodostaa kaksois- tai kolmoiskiirteen, jossa on kaksi tai useampia virheitä, samaan joukkoon kuuluvan minkät tahansa toisen alayksikön komplementin kanssa. Tietyssä suoritusmuodossa käytettävissä olevien leimojen määrä riippuu alayksiköiden määrästä leimassa ja alayksiköiden pituudesta. Tämän keksinnön keskeinen kohde käsittää oligonukleotidileimojen käytön polynukleotidien lajittelemiseksi suorittamalla polynukleotideihin kiinnitettyjen leimojen spesifinen hybridisaatio kiinteillä kantajafaaseilla olevien komplementtiensa kanssa. Tämän suoritusmuodon mukaisesti saadaan helposti automaattinen systeemi polynukleotidien käsittelemiseksi ja lajittelemiseksi, joka erityisesti käyttökelpoinen suuren mittakaavan rinnakkaisiin toimenpiteisiin, kuten suuren mittakaavan DNA-sekvensointiin, ja mRNA:n sormenjäljen määrittämiseen, jolloin useita polynukleotideja tai monta saman kohdepolynukleotidin segmenttiä sekvensoidaan samanaikaisesti.

(11) (21) Patenttihakemus - Patentansökan 971473

(51) Kv.lk.6 - Int.kl.6

C 12Q 1/68 // C 12N 15/10

(22) Hakemispäivä - Ansökningsdag 09.04.97

(24) Alkupäivä - Löpdag 12.10.95

(41) Tullut julkiseksi - Blivit offentlig 04.06.97

(86) Kv. hakemus - Int. ansökan PCT/US95/12791

(32) (33) (31) Etuoikeus - Prioritet

13.10.94 US 322348 P

19.12.94 US 358810 P

Denna uppfinning ger till resultat ett förfarande för att spåra, identifiera och/eller sortera molekyllklasser eller -delpopulationer med hjälp av oligonukleotidmärken. Vart och ett av oligonukleotidmärkena enligt denna uppfinning innefattar flera underenheter vilkas längd är 3 - 6 nukleotider och vilka väljs ut ur en minimalt korshybridiserande grupp. En underenhet tillhörande en dylik grupp bildar en dubbel- eller trippelhelix med en eller flera felaktigheter med avseende på komplementet till vilken annan underenhet som helst i samma grupp. Mängden användbara märken i en viss utföringsform beror på hur många underenheter märket innefattar och på underenheternas längd. Ett av denna uppfinnings väsentliga mål är användning av oligonukleotidmärken för sortering av polynukleotider genom att utföra en specifik hybridisation av vid polynukleotiderna fasta märken med deras komplement på fasta bärarfaser. Enligt denna utföringsform erhålles det lätt ett automatiskt system för behandling och sortering av polynukleotider, särskilt användbart för parallella storskaloperationer, såsom för ordnande av DNA i sekvenser i stor skala och för bestämning av mRNA:s fingeravtryck, varvid flera polynukleotider eller flera segment i en och samma målpolynukleotid ordnas i sekvenser samtidigt.