


 ФЕДЕРАЛЬНАЯ СЛУЖБА  
 ПО ИНТЕЛЛЕКТУАЛЬНОЙ СОБСТВЕННОСТИ
(12) **ЗАЯВКА НА ИЗОБРЕТЕНИЕ**

(21)(22) Заявка: 2018105353, 11.07.2016

Приоритет(ы):

(30) Конвенционный приоритет:  
13.07.2015 US 62/191,684

(43) Дата публикации заявки: 13.08.2019 Бюл. № 23

(85) Дата начала рассмотрения заявки РСТ на  
национальной фазе: 13.02.2018(86) Заявка РСТ:  
IB 2016/054139 (11.07.2016)(87) Публикация заявки РСТ:  
WO 2017/009770 (19.01.2017)Адрес для переписки:  
190000, Санкт-Петербург, БОКС-1125

(71) Заявитель(и):

**КОНИНКЛЕЙКЕ ФИЛИПС Н.В. (NL)**

(72) Автор(ы):

**ЛИН Генри (NL),  
КАМАЛАКАРАН Ситхартхан (NL)**(54) **ОТСЛЕЖИВАНИЕ ИНФЕКЦИЙ В БОЛЬНИЧНЫХ УСЛОВИЯХ**

## (57) Формула изобретения

1. Способ отслеживания распространения инфекции, включающий  
в множестве образцов инфекционного материала, для данных секвенирования каждого  
образца инфекционного материала, определение ожидаемого диапазона изменений во  
времени для патогенного организма;

по меньшей мере для одного образца инфекционного материала, вычисление числа  
мутационных изменений во времени между этим образцом и по меньшей мере одним  
дополнительными образцом инфекционного материала;

для каждого из вычисленных чисел мутационных изменений во времени, определение  
того, находится ли это число мутационных изменений во времени в пределах ожидаемого  
диапазона изменений; и

для каждого из вычисленных чисел мутационных изменений во времени, которые  
находятся в пределах ожидаемого диапазона изменений, маркирование соответствующей  
пары образцов как потенциальной передачи.

2. Способ по п. 1, характеризующийся тем, что ожидаемый диапазон изменений  
определяют путем

построения филограммы секвенированных образцов для идентификации тесно  
связанных образцов; и

вычисления, по меньшей мере для одного из множества образцов инфекционного  
материала, числа изменений во времени между этим образцом и по меньшей мере одним  
тесно связанным образцом, определенным по филограмме.

3. Способ по п. 1, характеризующийся тем, что ожидаемый диапазон измерений определяют по множеству образцов, взятых у одного пациента в разное время или у двух пациентов, между которыми вероятно произошла передача.

4. Способ по п. 2, характеризующийся тем, что построение филограммы включает вычисление попарных расстояний между каждой парой секвенированных образцов и применение матрицы расстояний для построения филогенетического дерева.

5. Способ по п. 1, характеризующийся тем, что определение ожидаемой скорости изменений во времени для патогенного организма включает применение линейной регрессии к данным образцов, которые содержат изменения во времени для различных образцов, и вычисление интервала предсказания.

6. Способ по п. 1, характеризующийся тем, что данные секвенирования указанного образца инфекционного материала получают путем полногеномного секвенирования или таргетного секвенирования.

7. Способ по п. 1, характеризующийся тем, что вычисленное число мутационных изменений между образцами нормируют делением на общее число геномных положений, для которых определен нуклеотид в обоих образцах.

8. Способ по п. 4, дополнительно включающий определение того, какие из указанных образцов инфекционного материала происходят из одного очага, путем осуществления поиска в ширину по филогенетическому дереву образцов с обходом граней с числом изменений в пределах ожидаемого диапазона изменений.

9. Способ по п. 8, дополнительно включающий маркирование пар образцов инфекционного материала, идентифицированных как потенциальная передача, на отображенном филогенетическом дереве секвенированных инфекционных образцов.

10. Способ по п. 9, дополнительно включающий создание множества филогенетических деревьев, где каждое дерево состоит из образцов, маркированных как происходящие из одного очага.

11. Система для отслеживания распространения инфекции, включающая приемное устройство для приема данных секвенирования образцов инфекционного материала;

запоминающее устройство, сконфигурированное для хранения принятых данных секвенирования образцов инфекционного материала; и

процессор, сконфигурированный таким образом, чтобы:  
определять ожидаемый диапазон изменений во времени для патогенного организма;  
по меньшей мере для одного образца инфекционного материала, вычислять число мутационных изменений во времени между этим образцом и по меньшей мере одним дополнительными образцом инфекционного материала;

для каждого из вычисленных чисел мутационных изменений во времени, определять, находится ли указанное число мутационных изменений во времени между образцами в ожидаемом диапазоне изменений; и

для каждого из вычисленных чисел мутационных изменений во времени, которые находятся в пределах ожидаемого диапазона изменений, маркировать соответствующую пару образцов как потенциальную передачу.

12. Система по п. 11, характеризующаяся тем, что сконфигурированный процессор определяет ожидаемый диапазон изменений путем

построения филограммы секвенированных образцов для идентификации тесно связанных образцов;

вычисления, по меньшей мере для одного из множества образцов инфекционного материала, числа изменений во времени между этим образцом и по меньшей мере одним

тесно связанным образом, определенным по филограмме.

13. Система по п. 12, характеризующаяся тем, что сконфигурированный процессор строит филограмму путем вычисления попарных расстояний между каждой парой секвенированных образцов и применения матрицы расстояний для построения филогенетического дерева.

14. Система по п. 11, характеризующаяся тем, что сконфигурированный процессор определяет ожидаемый показатель изменений во времени для патогенного организма с применением линейной регрессии по данным образцов, которые включают изменения во времени для различных образцов, и вычисления интервала предсказания.

15. Система по п. 13, характеризующаяся тем, что процессор дополнительно сконфигурирован для того, чтобы

определять, какие из указанных образцов инфекционного материала происходят из одного очага, путем осуществления поиска в ширину по филогенетическому дереву образцов с обходом граней с числом изменений в пределах ожидаемого диапазона изменений.

R U 2 0 1 8 1 0 5 3 5 3 A

R U 2 0 1 8 1 0 5 3 5 3 A