

【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】令和1年6月13日(2019.6.13)

【公表番号】特表2018-528503(P2018-528503A)

【公表日】平成30年9月27日(2018.9.27)

【年通号数】公開・登録公報2018-037

【出願番号】特願2017-566789(P2017-566789)

【国際特許分類】

G 1 6 B 10/00 (2019.01)

G 0 6 Q 50/22 (2018.01)

C 1 2 Q 1/6869 (2018.01)

【F I】

G 0 6 F 19/14

G 0 6 Q 50/22

C 1 2 Q 1/6869 Z

【手続補正書】

【提出日】令和1年5月9日(2019.5.9)

【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】

感染の広がりを追跡する方法において、

複数の感染サンプルにおいて、各感染サンプル配列データに対して、

病原性生物の経時的な変化の予想範囲を決定するステップと、

少なくとも1つの感染サンプルについて、該サンプルと少なくとも1つの追加的な感染サンプルとの間の経時的な突然変異変化の数を計算するステップと、

前記経時的な突然変異変化の計算された数のそれについて、サンプル間の前記経時的な突然変異変化の数が前記変化の予想範囲内にあるかどうかを決定するステップと、

前記変化の予想範囲内にある前記経時的な突然変異変化の計算された数のそれについて、関連付けられるサンプル対を潜在的な伝染としてマークするステップとを有する、方法。

【請求項2】

密接に関連付けられるサンプルを識別するため配列決定されたサンプルの系統発生を構築すること、及び

前記複数の感染サンプルの少なくとも1つについて、前記サンプルと、前記系統発生により決定される少なくとも1つの密接に関連付けられるサンプルとの間の経時変化の数を計算することにより、前記変化の予想範囲が決定される、請求項1に記載の方法。

【請求項3】

前記変化の予想範囲が、時間にわたり同じ患者から採取される、又は伝染した可能性が高い2人の患者から採取される複数のサンプルから決定される、請求項1に記載の方法。

【請求項4】

前記系統発生を構築するステップが、配列決定されたサンプルの各対の間のペアワイズ距離を計算するステップと、距離行列を使用して系統樹を構築するステップとを有する、請求項1に記載の方法。

【請求項5】

異なるサンプルに関する経時変化を含むサンプルデータに線形回帰を使用し、予測区間を計算して、病原性生物の経時的な変化の予想変化率を決定するステップを更に有する、請求項1に記載の方法。

【請求項6】

前記感染サンプル配列データが、完全ゲノム配列決定又は標的配列決定を通して得られる、請求項1に記載の方法。

【請求項7】

前記サンプル間の突然変異変化の計算された数が、両方のサンプルがベースコールを持つゲノム位置の総数で割ることにより正規化される、請求項1に記載の方法。

【請求項8】

前記変化の予想範囲内の複数の変化を伴うエッジを横断するサンプルの系統樹において幅優先探索を行うことにより、前記感染サンプルのどれが同じアウトブレイクに由来するかを決定するステップを更に有する、請求項4に記載の方法。

【請求項9】

配列決定された感染サンプルの表示された系統樹において、潜在的な伝染であると識別された感染サンプルの対をマークするステップを更に有する、請求項8に記載の方法。

【請求項10】

複数の系統樹を作成するステップを更に有し、各樹が、同じアウトブレイクに由来するものとしてマークされたサンプルから構築される、請求項9に記載の方法。

【請求項11】

感染の広がりを追跡するシステムであって、  
感染サンプル配列データを受信する受信機と、  
前記受信された感染サンプル配列データを格納するメモリと、  
プロセッサとを有し、前記プロセッサが、  
病原性生物の経時的な変化の予想範囲を決定し、  
少なくとも1つの感染サンプルについて、該サンプルと少なくとも1つの追加的な感染サンプルとの間の経時的な突然変異変化の数を計算し、

前記経時的な突然変異変化の計算された数の各々について、サンプル間の前記経時的な突然変異変化の数が、前記変化の予想範囲内にあるかどうかを決定し、及び

前記変化の予想範囲内にある前記経時的な突然変異変化の計算された数の各々について、前記関連付けられるサンプル対を潜在的な伝染としてマークする、システム。

【請求項12】

前記プロセッサが、  
密接に関連付けられるサンプルを識別するため、配列決定されたサンプルの系統発生を構築すること、及び

前記複数の感染サンプルの少なくとも1つについて、前記サンプルと前記系統発生により決定された前記少なくとも1つの密接に関連付けられるサンプルとの間の経時変化の数を計算することにより、前記変化の予想範囲を決定する、請求項11に記載のシステム。

【請求項13】

前記プロセッサが、配列決定されたサンプルの各対の間のペアワイズ距離を計算し、距離行列を使用して系統樹を構築することにより、前記系統発生を構築する、請求項11に記載のシステム。

【請求項14】

前記プロセッサが、異なるサンプルについての経時変化を含むサンプルデータに線形回帰を使用し、予測区間を計算して病原性生物についての経時的な変化の予想変化率を決定する、請求項11に記載のシステム。

【請求項15】

前記プロセッサが更に、前記予期される変化範囲における複数の変化を伴うエッジを横切るサンプルの系統樹における幅優先探索を行うことにより、前記感染サンプルのどれが同じアウトブレイクに由来するかを決定する、請求項13に記載のシステム。