

(19) 日本国特許庁(JP)

(12) 特 許 公 報(B2)

(11) 特許番号

特許第4339427号  
(P4339427)

(45) 発行日 平成21年10月7日(2009.10.7)

(24) 登録日 平成21年7月10日(2009.7.10)

|              |        |           |         |               |
|--------------|--------|-----------|---------|---------------|
| (51) Int.Cl. |        | F I       |         |               |
| C 1 2 N      | 15/09  | (2006.01) | C 1 2 N | 15/00 Z N A A |
| C 1 2 Q      | 1/68   | (2006.01) | C 1 2 Q | 1/68 A        |
| G O 1 N      | 33/569 | (2006.01) | G O 1 N | 33/569 H      |

請求項の数 14 (全 31 頁)

|              |                       |           |                                 |
|--------------|-----------------------|-----------|---------------------------------|
| (21) 出願番号    | 特願平10-177059          | (73) 特許権者 | 594199337                       |
| (22) 出願日     | 平成10年6月24日(1998.6.24) |           | オルソークリニカル ダイアグノスティクス、インコーポレイティド |
| (65) 公開番号    | 特開平11-69987           |           | アメリカ合衆国、ニューヨーク 1465             |
| (43) 公開日     | 平成11年3月16日(1999.3.16) |           | O、ロチェスター、インディゴ クリーク             |
| 審査請求日        | 平成17年6月14日(2005.6.14) |           | ドライブ 100                        |
| (31) 優先権主張番号 | 60/050759             | (74) 代理人  | 100077517                       |
| (32) 優先日     | 平成9年6月25日(1997.6.25)  |           | 弁理士 石田 敬                        |
| (33) 優先権主張国  | 米国 (US)               | (74) 代理人  | 100086276                       |
|              |                       |           | 弁理士 吉田 維夫                       |
|              |                       | (74) 代理人  | 100088269                       |
|              |                       |           | 弁理士 戸田 利雄                       |
|              |                       | (74) 代理人  | 100082898                       |
|              |                       |           | 弁理士 西山 雅也                       |

最終頁に続く

(54) 【発明の名称】 HIV-1 および／または HIV-2 の増幅と検出

(57) 【特許請求の範囲】

【請求項 1】

ヒト免疫不全ウイルス1型(HIV-1)からの核酸を増幅させる方法であって、HIV-1核酸を含む疑いのある試料を、前記HIV-1核酸が増幅されるような条件下で、4つの異なるヌクレオシド三リン酸、耐熱性DNAポリメラーゼおよび少なくとも4つのオリゴヌクレオチドと接触させることを含んで成り、前記少なくとも4つのオリゴヌクレオチドの4つのオリゴヌクレオチドが

- (a) 配列番号1, 3, 7および8のセット;
- (b) 配列番号1, 4, 7および8のセット;
- (c) 配列番号2, 3, 7および8のセット;並びに
- (d) 配列番号2, 4, 7および8のセット

から選ばれる方法。

【請求項 2】

前記少なくとも4つのオリゴヌクレオチドの5つのオリゴヌクレオチドが

- (a) 配列番号1, 2, 3, 7および8のセット;
- (b) 配列番号1, 2, 4, 7および8のセット;
- (c) 配列番号2, 3, 4, 7および8のセット;
- (d) 配列番号1, 3, 4, 7および8のセット;並びに
- (e) 配列番号1, 2, 3, 4, 7および8のセット

から選ばれる、請求項1に記載の方法。

## 【請求項 3】

前記5つのオリゴヌクレオチドが配列番号2, 3, 4, 7および8である、請求項2に記載の方法。

## 【請求項 4】

前記少なくとも4つのオリゴヌクレオチドの6つのオリゴヌクレオチドが配列番号1, 2, 3, 4, 7および8である、請求項1に記載の方法。

## 【請求項 5】

前記耐熱性DNAポリメラーゼが、テルムス・アクアティカスのポリメラーゼ、テルムス・テルモフィラスのポリメラーゼおよびテルモコッカス・リトラリスのポリメラーゼから選ばれる、請求項1に記載の方法。

10

## 【請求項 6】

HIV-1核酸を増幅させて検出する方法であって、

(i) HIV-1核酸を含む疑いのある試料を、前記HIV-1核酸が増幅されるような条件下で、4つの異なるヌクレオシド三リン酸、耐熱性DNAポリメラーゼおよび少なくとも4つのオリゴヌクレオチドと接触させることを含んで成り、前記少なくとも4つのオリゴヌクレオチドの4つのオリゴヌクレオチドが

- (a) 配列番号1, 3, 7および8のセット；
- (b) 配列番号1, 4, 7および8のセット；
- (c) 配列番号2, 3, 7および8のセット；並びに
- (d) 配列番号2, 4, 7および8のセット

20

から選ばれる；

(ii) 前記増幅したHIV-1核酸を変性させて一本鎖核酸にし；そして

(iii) 前記増幅したHIV-1核酸の存否を検出する

ことを含んで成る方法。

## 【請求項 7】

前記検出が、

- (a) 配列番号5および9のセット；
- (b) 配列番号5および10のセット；
- (c) 配列番号6および9のセット；並びに
- (d) 配列番号6および10のセット

30

から選ばれた少なくとも2つのオリゴヌクレオチドプローブを使って行われる、請求項6に記載の方法。

## 【請求項 8】

前記検出が配列番号5, 6, 9および10からなる4つのオリゴヌクレオチドプローブを使って行われる、請求項6に記載の方法。

## 【請求項 9】

前記検出が酵素標識されているかまたは酵素標識することができるプローブを使って行われる、請求項6に記載の方法。

## 【請求項 10】

HIV-1核酸の増幅に有用な診断キットであって、

40

- (i) 配列番号1, 2, 3, 4, 7および8からなるオリゴヌクレオチド；並びに
- (ii) 耐熱性DNAポリメラーゼ

を含んで成る診断キット。

## 【請求項 11】

配列番号5, 6, 9および10からなるオリゴヌクレオチドを更に含んで成る、請求項10に記載の診断キット。

## 【請求項 12】

ヒト免疫不全ウイルス2型(HIV-2)の核酸を増幅させる方法であって、HIV-2核酸を含む疑いのある試料を、前記HIV-2核酸が増幅されるような条件下で、4つの異なるヌクレオシド三リン酸、耐熱性DNAポリメラーゼおよび少なくとも4つのオリ

50

ゴヌクレオチドと接触させることを含んで成り、前記少なくとも4つのオリゴヌクレオチドの4つのオリゴヌクレオチドが

- (a) 配列番号11, 12, 14および16のセット;
- (b) 配列番号11, 12, 15および16のセット;
- (c) 配列番号11, 12, 18および20のセット;
- (d) 配列番号11, 12, 19および20のセット;
- (e) 配列番号14, 16, 18および20のセット;
- (f) 配列番号14, 16, 19および20のセット;
- (g) 配列番号15, 16, 18および20のセット;並びに
- (h) 配列番号15, 16, 19および20のセット

から選ばれる方法。

【請求項13】

次のオリゴヌクレオチドペア:

- (a) 配列番号5および6;
- (b) 配列番号9および10;並びに
- (c) 配列番号21および22

のうちの1つまたは複数を含んで成る、H I V - 1 核酸及び / 又は H I V - 2 核酸を検出するための組成物。

【請求項14】

H I V - 1 核酸と H I V - 2 核酸を同時増幅させる方法であって、H I V - 1 核酸または H I V - 2 核酸を含む疑いのある試料を、前記 H I V - 1 核酸または H I V - 2 核酸が増幅されるような条件下で、4つの異なるヌクレオシド三リン酸、耐熱性 DNA ポリメラーゼ、配列番号7および8 からなるオリゴヌクレオチド、配列番号1, 2, 3および4から選ばれた少なくとも1つのプライマーペア、並びに配列番号11, 12, 14, 15, 16, 18, 19および20から選ばれた少なくとも1つのプライマーペア、と接触させることを含んで成る方法。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】

本発明は、ヒト免疫不全ウイルス (H I V) の増幅と検出のための方法および試験キットに関する。より詳しくは、本発明は、複数のプライマーセットを使用して H I V - 1 の全ての亜型 (M 群および O 群分離株を含む) と H I V - 2 の全ての亜型を増幅させる P C R 法に関する。

【0002】

【従来の技術】

後天性免疫不全症候群 (エイズ; AIDS) およびその原因物質であるヒト免疫不全ウイルス (H I V) の理解は日々進歩している。ヒト免疫不全ウイルスには2つの群、H I V - 1 と H I V - 2 が同定されている。H I V - 1 と H I V - 2 は遺伝学的に関連しているが、それでも別のものである。H I V - 1 と H I V - 2 は共に、異なる分離株間で相当な遺伝的変異性を示す。実際、H I V - 1 は10の亜型 (亜型 A ~ I を含む M 群と、亜型 O を含む O 群) が同定されている。様々な H I V - 1 分離株と H I V - 2 分離株の発表されたヌクレオチド配列から H I V - 1 と H I V - 2 の共通配列が生成されたけれども、H I V - 1 の全分離株間にまたは H I V - 2 の全分離株間に実在する絶対的配列保存領域を見つけることはできない。H I V 分離株間に見られる遺伝的変異性に加えて、H I V の多数のヌクレオチド領域は、それらが H I V - 1 ファミリーと H I V - 2 ファミリーの中にあるのと同じくらい高度に H I V と無関連ウイルスとの間で保存される。これらの事実は、一緒になって、無関連ウイルスを誤って検出することなく H I V - 1 の全 M 群および O 群亜型並びに H I V - 2 の全亜型を効率的に検出するようなポリメラーゼ連鎖反応 (P C R) プライマーおよびプローブをデザインすることを非常に難しくする。

【0003】

10

20

30

40

50

【発明が解決しようとする課題】

全ての既知H I V - 1およびH I V - 2亜型を検出する増幅方法を開発しようとする者が直面する課題の1つは、単一設定の増幅条件（例えば塩濃度、温度および増幅時間）下で一緒に使った時に適切に機能するオリゴヌクレオチドプライマーセットの開発である。プライマー - プライマー相互作用およびプライマー - プローブ相互作用の点から適合するプライマーおよび検出プローブを同定することは、更に大きな課題である。従って、H I V - 1および/またはH I V - 2の増幅と検出の場合、理想条件より低い条件下で高度に分岐した亜型または分離株を検出する可能性を最大にする段階が今まだ必要とされている。

【0004】

【課題を解決するための手段】

本発明は上記課題を解決し、そして高度に分岐したH I V - 1および/またはH I V - 2分離株を増幅させて検出する必要手段を提供する。よって、本発明の目的はあらゆる既知のH I V - 1亜型および/またはH I V - 2亜型の検出のための方法および試験キットを提供することである。

本発明の他の目的や利点は本発明の詳細な説明から明白であろう。

【0005】

【発明の実施の形態】

一態様では、本発明はH I V - 1核酸を増幅させる方法に関する。この方法はH I V - 1核酸を含む疑いのある試料を、前記H I V - 1核酸が増幅されるような条件下で、4つの異なるヌクレオシド三リン酸、耐熱性DNAポリメラーゼおよび少なくとも4つのオリゴヌクレオチドと接触させることを含んで成る。前記4つのオリゴヌクレオチドは

- (a) 配列番号1, 3, 7および8のセット;
  - (b) 配列番号1, 4, 7および8のセット;
  - (c) 配列番号2, 3, 7および8のセット; 並びに
  - (d) 配列番号2, 4, 7および8のセット
- から選ばれる。

【0006】

別の態様では、本発明はH I V - 2核酸を増幅させる方法であって、H I V - 2核酸を含む疑いのある試料を、前記H I V - 2核酸が増幅されるような条件下で、4つの異なるヌクレオシド三リン酸、耐熱性DNAポリメラーゼおよび少なくとも4つのオリゴヌクレオチドと接触させることを含んで成る方法に関する。前記4つのオリゴヌクレオチドは

- (a) 配列番号11, 12, 14および16のセット;
- (b) 配列番号11, 12, 15および16のセット;
- (c) 配列番号11, 12, 18および20のセット;
- (d) 配列番号11, 12, 19および20のセット;
- (e) 配列番号14, 16, 18および20のセット;
- (f) 配列番号14, 16, 19および20のセット;
- (g) 配列番号15, 16, 18および20のセット; 並びに
- (h) 配列番号15, 16, 19および20のセット

から選ばれる。

【0007】

更に別の態様では、本発明はH I V - 1標的核酸とH I V - 2標的核酸を同時増幅させる方法に関する。いずれかのH I V核酸を含む疑いのある試料を、H I V - 1標的核酸またはH I V - 2標的核酸が増幅されるような条件下で、4つの異なるヌクレオシド三リン酸、耐熱性DNAポリメラーゼ、配列番号1, 2, 3, 4, 7および8から選ばれた少なくとも1つのプライマーペア、並びに配列番号11, 12, 14, 15, 16, 18, 19および20から選ばれた少なくとも1つのプライマーペア、と接触させることを含んで成る。

【0008】

H I V - 1およびH I V - 2の全亜型を高感度に且つ特異的に検出することができるH I V - 1およびH I V - 2の同時増幅方法の開発は、幾つかの理由により大きな課題である

10

20

30

40

50

：(1) 個々の分離株間の核酸配列レベルでの多様性；(2) 副生成物の生成はアッセイ感度と多分特異性も低下させるだろうから、少なくとも8～10プライマー間のプライマー-プライマー相互作用を最小にする必要があること；(3) 増幅生成物を特異的に検出する必要があること（理論的には増幅プライマーに内在するプローブとのオリゴヌクレオチドハイブリダイゼーションにより達成させるだろう）；および(4) 調製した患者被検物中の阻害剤の存在と試料調製からの標的核酸の非効率的回収の両方を抑制する必要があること。本出願人はそれらの障害を克服し、H I V - 1およびH I V - 2核酸の増幅および/または検出に関する本発明に到達した。

【0009】

本発明において、互いに適合するので組み合わせてH I V - 1およびH I V - 2の配列決定された全分離株を検出することのできる複合同時増幅アッセイの構成要素となることができる、H I V - 1およびH I V - 2のためのプライマーセットを開発した。本発明の方法を使えば、当業者らは高い信頼性でH I V - 1とH I V - 2の両標的核酸を高感度に且つ特異的に増幅および検出することができる。この増幅と検出は、試料調製、増幅および/または検出に問題があると偽陰性結果を示す内部陽性対照（I P C）の存在下で且つ多重化方式で実施することができる。

【0010】

本発明は、H I V - 1および/またはH I V - 2核酸を増幅させる方法に関する。様々に組み合わせて用いると、H I V - 1および/またはH I V - 2の全ての既知分離株からの標的核酸を高感度に且つ特異的に増幅せしめるオリゴヌクレオチドプライマーセットが同

【0011】

H I V - 1

L T R領域プライマー：

GACCAGATCTGAGCCTGGGAGCT（配列番号1）

CTGCTTAAGCCTCAATAAAGCTTGCCTTGA（配列番号2）

GGGTCTGAGGGATCTCTAGTTACCAGAGT（配列番号3）

TGTTCCGGGCGCCACTGCTAGAGA（配列番号4）

【0012】

P O L領域プライマー：

TCGGGTTTATTACAGGGACAGCAGAGA（配列番号7）

CTTGTATTACTACTGCCCTTCCACCTTTCCA（配列番号8）

【0013】

本発明の方法では、H I V核酸を含む疑いのある生物学的試料を、少なくとも4つのオリゴヌクレオチドを含んで成るプライマーセットと接触させることにより、H I V - 1標的核酸を増幅させる。本発明での使用に相当であるプライマーセットとしては、

- (a) 配列番号1, 3, 7および8のセット；
  - (b) 配列番号1, 4, 7および8のセット；
  - (c) 配列番号2, 3, 7および8のセット；並びに
  - (d) 配列番号2, 4, 7および8のセット
- が挙げられるが、それらに限定されない。

【0014】

それらのプライマーセットの4つのオリゴヌクレオチドは、単独でまたは別のH I V - 1もしくはH I V - 2プライマーと組み合わせて使用してもよい。例えば、配列番号2のオ

リゴヌクレオチドを上記プライマーセット(a) または(b) と共に使用することができる。  
好ましいプライマーセットは、

- (a) 配列番号 1, 2, 3, 7 および 8 のセット ;
- (b) 配列番号 1, 2, 4, 7 および 8 のセット ;
- (c) 配列番号 2, 3, 4, 7 および 8 のセット ;
- (d) 配列番号 1, 3, 4, 7 および 8 のセット ; 並びに
- (e) 配列番号 1, 2, 3, 4, 7 および 8 のセット

である。

**【 0 0 1 5 】**

より好ましいのは、配列番号 2, 3, 4, 7 および 8 に相当するオリゴヌクレオチドを含むプライマーセットである。それらのプライマーセットのうちのいずれも、M群およびO群を含む全ての既知 HIV - 1 亜型からの核酸を増幅させるのに用いることができる。

10

**【 0 0 1 6 】**

プライマーセットに加えて、生物学的試料は、該試料中に存在する任意の HIV - 1 核酸が増幅されるような条件下で、4つの異なるヌクレオチド三リン酸および耐熱性 DNA ポリメラーゼのような PCR 試薬とも接触させられる。

**【 0 0 1 7 】**

本発明に従って HIV - 2 標的核酸を増幅せしめるためには、次のオリゴヌクレオチドからプライマーセットが選ばれる :

**H I V - 2**

20

**ENV領域プライマー :**

**CCGGGATAGTGCAGCAACAGCAACA (配列番号11)**

**CCCAGACGGTCAGTCGCAACA (配列番号12)**

**【 0 0 1 8 】**

**L T R領域プライマー :**

**GGGAGGTTCTCTCCAGCACTAGCA (配列番号14)**

**GAGCCCTGGGAGGTTCTCTCCA (配列番号15)**

**GCGACTAGGAGAGATGGGAACACACA (配列番号16)**

30

**【 0 0 1 9 】**

**P O L領域プライマー :**

**TAGACACAGGGGCTGACGACTCAATAGT (配列番号18)**

**CACAGGGGCTGACGACTCAATAGTAGCA (配列番号19)**

**GCCAAAAATGTTGATTGGGGTATCTCCTGTCATTA (配列番号20)**

**【 0 0 2 0 】**

40

本発明の方法では、HIV - 2 核酸を含む疑いのある生物学的試料を、少なくとも4つのオリゴヌクレオチドを含んで成るプライマーセットと接触させることにより、HIV - 2 標的核酸を増幅させる。本発明での使用に相当であるプライマーセットとしては、

- (a) 配列番号 11, 12, 14 および 16 のセット ;
- (b) 配列番号 11, 12, 15 および 16 のセット ;
- (c) 配列番号 11, 12, 18 および 20 のセット ;
- (d) 配列番号 11, 12, 19 および 20 のセット ;
- (e) 配列番号 14, 16, 18 および 20 のセット ;
- (f) 配列番号 14, 16, 19 および 20 のセット ;
- (g) 配列番号 15, 16, 18 および 20 のセット ; 並びに

50

(h) 配列番号15, 16, 19および20のセットが挙げられるが、それらに限定されない。

【0021】

好ましいのは、配列番号11, 12, 14および16に相当するオリゴヌクレオチドを含むプライマーセットである。それらのプライマーセットのいずれも、全ての既知HIV-2亜型からの核酸を増幅させるために用いることができる。

【0022】

プライマーセットに加えて、生物学的試料は、該試料中に存在する任意のHIV-2核酸が増幅されるような条件下で、4つの異なるヌクレオシド三リン酸および耐熱性DNAポリメラーゼのようなPCR試薬とも接触させられる。

【0023】

HIV-1とHIV-2の両方を増幅せしめるためには、生物学的試料を本発明のHIV-1プライマーセットと一緒に本発明のHIV-2プライマーセットと接触させる。好ましくは、生物学的試料を配列番号2, 3, 4, 7, 8, 11, 12, 14および16に相当するオリゴヌクレオチドと接触させる。そのようなプライマーセットの使用により、試料中に存在するどんな既知HIV-1および/またはHIV-2亜型の標的核酸でも増幅させることができる。

【0024】

本発明の方法は、ある場合には、配列番号2, 3および4を含むプライマーセットのように、共通プローブ領域と重なる標的核酸配列を増幅させるために、3つ以上のプライマーを使用する。これは増幅システムの系統(strain)感受性と強固さを最大にする。この新規特徴は、アッセイ方法の系統感受性を増大させ、且つ増幅システムの感受性と強固さを増大させるという結果において各々が別々の利益、例えば大きな増幅効率および分離株間の高い配列相同性を与えるようなプライマーの組合せを考慮に入れる。

【0025】

本発明の1または複数のプライマーセットを使ってHIV-1および/またはHIV-2標的が増幅されれば、増幅させたHIV-1および/またはHIV-2標的核酸に特異的な1または複数のオリゴヌクレオチドプローブを使って、増幅させたHIV標的の存否を検出することができる。当業者は、使用したプライマーセットに応じて、増幅させたHIV-1および/またはHIV-2標的核酸を検出するのに適するオリゴヌクレオチドプローブを容易に同定することができよう。本発明での使用に適当なオリゴヌクレオチドプローブとしては、非限定的に、次のオリゴヌクレオチドが挙げられる：

【0026】

HIV-1

LTR領域プローブ：

CAACAGACGGGCACACACTACT (配列番号5)

GAACAGATGGGCACACACTGCT (配列番号6)

【0027】

POL領域プローブ：

AGCTTTGCTGGTCCTTTCCAAAGTGGG (配列番号9)

AGTTGTGCCGGTCCTTTCCAAATTGGG (配列番号10)

【0028】

10

20

30

40

## H I V - 2

## ENV領域プローブ:

TGGACGTGGTCAAGAGACAACAAGAA (配列番号13)

## LTR領域プローブ:

CCACGCTTGCTTGCTTAAAGACCTC (配列番号17)

【 0 0 2 9 】

## POL領域プローブ:

CCAAAAATAGTAGGGGAATAGGGGATTC (配列番号21)

CACCCCAAAAATAGTAGGTGGGATAGGAGGG (配列番号22)

10

【 0 0 3 0 】

好ましくは、増幅させたH I V - 1およびH I V - 2標的は、配列番号5, 6, 9および10に相当するプローブと、次の組合せ: 配列番号13と17、または13, 21および22、または17, 21および22のいずれかとを使って検出する。

【 0 0 3 1 】

本発明は、プライマー領域に比較して低度の配列保存を有する領域について探査する時は、全ての既知分離株を検出するために複数の重複したプローブを使用する。これにより、一般的には増幅生成物の配列特異的検出に必要なような高度に保存され且つ高度に特異的なプローブ領域によって隔たれていない領域において増幅プライマーをデザインすることが可能である。ある状況では、例えばH I V - 1の場合、全ての既知分離株を高感度で検出するために複数のプローブが必要である。

20

【 0 0 3 2 】

P C Rを使った核酸の増幅と検出のための一般原理および条件は非常に良く知られており、その詳細は米国特許第4,683,195号(Mullis他)、同第4,683,202号(Mullis)および同第4,965,188号(Mullis他)をはじめとする多数の文献中に提供されている。よって、上記技術の教示とその中に与えられる特別の教示を参照すれば、当業者はH I V - 1およびH I V - 2の既知の全亜型を検出するために本発明を実施するのは何ら難しくなく、

30

【 0 0 3 3 】

「生物学的試料」という語は、検出することのできる核酸を含有する細胞もしくはウイルス物質、毛髪、体液または細胞成分を限定的でなく包含する。

「オリゴヌクレオチド」という語は、1または複数のデオキシリボヌクレオチドまたはリボヌクレオチドから成る分子、例えばプライマー、プローブ、および検出しようとする核酸断片のことを言う。

【 0 0 3 4 】

「プライマー」という語は、天然に存在するにせよ合成的に製造されるにせよ、核酸鎖(すなわち鋳型)に相補的なプライマー伸長生成物の合成が誘導されるような条件(そのような条件には、別のP C R試薬の存在、並びに適当な温度およびp Hが含まれる)下に置いた時に合成の開始点として働くことができるオリゴヌクレオチドのことである。

40

【 0 0 3 5 】

プライマーは、最大の増幅効率のために好ましくは一本鎖であるが、所望であれば二本鎖領域を含むことができる。それはD N Aポリメラーゼの存在下で伸長生成物の合成を開始させるのに十分な程長くなければならない。各プライマーの正確なサイズは、意図する使用目的、プライマーの濃度および配列、標的配列の複雑さ、反応温度、並びにプライマーの起源に依存して異なるだろう。本発明で使用するプライマーは通常12~60ヌクレオチドであり、好ましくは16~40ヌクレオチドを有するだろう。より好ましくは、各プライマー

50

は18~35ヌクレオチドを有する。

【0036】

本発明に有用なプライマーは、既知の技術と装置、例えばABI DNA 合成装置 (Applied Biosystemsから入手可能) またはBiosearch 8600シリーズもしくは8800シリーズ合成装置 (Milligen-Biosearch, Inc. から入手可能) を使って調製することができる。この装置を使う手順は周知であり、例えば米国特許第4,965,188号明細書 (Gelfand 他) に記載されている。生物学的源から単離された天然に存在するプライマーも有用であるかもしれない (例えば制限エンドヌクレアーゼ消化物)。一般に少なくとも2つのプライマーのセットが各々の標的核酸に使われる。よって、複数の標的核酸を同時に増幅させるためにプライマーの複数セットを用いることができる。

10

【0037】

本明細書中で用いる時、「プローブ」とは標的核酸の核酸配列に実質的に相補的であり且つ増幅された標的核酸の検出または捕捉に用いられるオリゴヌクレオチドである。

【0038】

本発明では、配列特異的プライマーおよびプローブが提供される。例えば、5'末端か3'末端のいずれかへのヌクレオチドの付加により (前記ヌクレオチドは標的配列に相補的であるかまたは非相補的である)、追加の配列特異的プライマーおよびプローブを調製できることは当業者に明白であろう。そのような組成物は本発明の範囲内である。

【0039】

本発明において使われるプライマーおよび/またはプローブは、所望により標識することができる。当該技術分野で既知の方法を使って、プライマーおよび/またはプローブを特異的結合リガンド (例えばビオチン)、酵素 (例えばグルコースオキシダーゼ、ペルオキシダーゼ、ウリカーゼ、およびアルカリホスファターゼ)、放射性同位体、高電子密度試薬、色素原、蛍光助剤、燐光成分またはフェリチンで標識することができる。好ましくは標識は特異的結合リガンドである。より好ましくは標識はビオチンもしくはその誘導体、ストレプトアビジンもしくはその誘導体、またはハプテンである。

20

【0040】

「PCR試薬」とは、PCRに不可欠であると考えられる試薬のいずれか、すなわち、各標的核酸のためのプライマーセット、DNAポリメラーゼ、DNAポリメラーゼ補因子、および1または複数のデオキシリボヌクレオシド-5'-三リン酸 (dNTP's) のことである。PCRに使われる他の任意の試薬および材料については後述する。それらの試薬は個別に、試験キットの一部として、または試験装置の試薬室の中に、提供することができる。

30

【0041】

DNAポリメラーゼは、プライマーと鋳型の複合体においてプライマーの3'-ヒドロキシ末端にデオキシヌクレオシド-リン酸分子を付加する酵素であるが、この付加は鋳型依存方式である。一般に、伸長生成物の合成は、新しく合成された鎖の5'から3'方向において、合成が終結するまで進行する。有用なDNAポリメラーゼとしては、例えば、E. coli DNAポリメラーゼI、T4 DNAポリメラーゼ、クレノウポリメラーゼ、逆転写酵素、および当業界で既知の他のものが挙げられる。好ましくは、DNAポリメラーゼはそれが熱に安定であることを意味する耐熱性であり、そして高い温度で、特にDNA鎖のプライミングおよび伸長に使われる高温において優先的に活性である。より詳しくは、耐熱性DNAポリメラーゼは、本明細書中に記載のポリメラーゼ連鎖反応に用いられる高温において実質的に不活性でない。そのような温度は多数の反応条件、例えばpH、ヌクレオチド組成、プライマーの長さ、塩濃度および当業界で既知の他の条件によって異なるだろう。

40

【0042】

多数の耐熱性DNAポリメラーゼが技術の現状において報告されており、それらとしては、米国特許第4,965,188号 (Gelfand 他) および同第4,889,818号 (Gelfand 他) 明細書中に詳述されたものが挙げられる。特に有用なポリメラーゼは様々なテルムス菌種、例え

50

ばテルムス・アクアティカス (Thermus aquaticus)、テルムス・テルモフィラス (Thermus thermophilus)、テルムス・フィリフォルミス (Thermus filiformis) およびテルムス・フラブス (Thermus flavus) から得られるものである。他の有用な耐熱性ポリメラーゼは、テルモコッカス・リテラリス (Thermococcus litoralis)、ピロコッカス・フリオサス (Pyrococcus furiosus)、テルモトガ種 (Thermotoga sp.) および WO-A-89/06691 (1989年7月27日公開) に記載のものをはじめとする様々な生物源から得られる。幾つかの有用な耐熱性ポリメラーゼが市販されており、例えば Perkin Elmer から AmpliTaq (商標)、Tth および UITma (商標)、Stratagene から Pfu、並びに New England Biolabs から Vent および Deep-Vent が市販されている。生物体から天然ポリメラーゼを単離する技術、および組換え技術を用いて遺伝子操作された酵素を生産する技術も多数知られている。

10

## 【0043】

DNAポリメラーゼ補因子とは、酵素の活性がそれに依存する非タンパク質化合物のことである。よって、補因子が存在しなければ酵素は触媒的に不活性である。多数の物質が既知の補因子であり、例えばその非限定例として、マンガンおよびマグネシウムの塩、例えば塩化物、硫酸塩、酢酸塩および脂肪酸塩が挙げられる。塩化マグネシウムおよび硫酸マグネシウムが好ましい。

## 【0044】

PCRに更に必要であるのは、2以上のデオキシリボヌクレオシド-5'-三リン酸、例えばdATP、dCTP、dGTP、dTTPおよびdUTPのうち2以上である。好ましくは4種の一般的三リン酸(dATP、dCTP、dGTPおよびdTTP)と一緒に使用される。

20

## 【0045】

本明細書中に記載のPCR試薬は、標的核酸の増幅を提供するのに適当な濃度で供給されそしてPCRに使われる。増幅に必要なプライマー、DNAポリメラーゼ、補因子およびデオキシリボヌクレオシド-5'-三リン酸の最小量並びに各々の最適範囲は当業界で周知である。DNAポリメラーゼの最小量は通常少なくとも約0.5単位/100µL溶液であり、約2~約25単位/100µL溶液が好ましく、約7~約20単位/100µL溶液がより好ましい。与えられた増幅システムには他の量が有用なことがある。「1単位」は、本明細書中では74で30分間の間に伸長核酸鎖の中に10ナノモルの全ヌクレオチド(dNTPs)を取り込むのに必要とされる酵素活性の量として定義される。増幅に用いる各プライマーの最小量は少なくとも約0.075マイクロモル濃度であり、約0.1~約2マイクロモル濃度が好ましいが、他の量も当業界で公知である。補因子は通常約2~約15ミリモル濃度の量で存在する。各dNTPの量は通常約0.25~約3.5ミリモル濃度である。

30

## 【0046】

PCR試薬は、任意の適当な緩衝剤(多数が当業界で既知である)を使って、約7~約9の範囲内のpHを有する緩衝溶液中に、個別にもしくは種々に組み合わせてまたは全部一緒に供給することができる。

## 【0047】

PCRにおいて使用できる他の試薬としては、例えば、耐熱性DNAポリメラーゼに特異的な抗体が挙げられる。抗体は増幅前に前記ポリメラーゼを抑制するために使用することができる。本発明に有用な抗体は、耐熱性DNAポリメラーゼに特異的であり、約50より低い温度でDNAポリメラーゼの酵素活性を抑制し、そして高い温度で失活する抗体である。有用な抗体としては、モノクローナル抗体、ポリクローナル抗体および抗体断片が挙げられる。好ましくは抗体はモノクローナルである。本発明において有用な抗体は、既知の方法、例えばHarlow他、Antibodies: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor, NY (1988)に記載された方法を使って調製することができる。

40

## 【0048】

代表的なモノクローナル抗体は米国特許第5,338,671号明細書(Scalice他)に記載されている。常用の手順と、アメリカン・タイプ・カルチャー・コレクション(ATCC)(Rockville, MD)に寄託されたハイブリドーマ細胞系HB 11126または11127のいずれかを含む出発材料を使って、当業者は2つのモノクローナル抗体を容易に得ることができる。モノ

50

クローナル抗体は、DNAポリメラーゼに対してモル比約5 : 1 ~ 約500 : 1の量で存在する。

【0049】

増幅された核酸は多数の既知の方法、例えば米国特許第4,965,188号明細書(Gelfand他)に記載の方法で検出することができる。例えば、増幅された核酸はサザンブロット法、ドットブロット技術、または標識プローブを用いる非同位体オリゴヌクレオチド捕捉検出技術を使って検出することができる。あるいは、適当に標識されたプライマーを使って増幅を行い、その標識の検出手順および検出装置を使って、増幅されたプライマー伸長生成物を検出することができる。

【0050】

好ましい態様では、増幅された標的核酸は、検出用に標識されており且つ増幅された標的と直接的または間接的にハイブリダイズすることができるオリゴヌクレオチドプローブを使って検出される。該プローブは可溶性であっても固体支持体に取り付けられてもよい。別の好ましい態様では、標的核酸を増幅させるのに使われるプライマーのうちの1つまたは複数が、例えば特異的結合成分によって標識される。標識プライマーが中に取り込まれている生じたプライマー伸長生成物を、プローブを使って捕捉することができる。該プローブにハイブリダイズした増幅標的の検出は、当業界で周知である適当な検出装置および手順を使って標識付プローブの存在または増幅された標識付標的の存在を検出することにより行うことができる。標識によっては、検出装置を使わずに目で見ることができるものもある。

【0051】

より好ましい態様では、標的核酸を増幅させるのに用いるプライマーの1つまたは複数がビオチンにより標識され、増幅されたビオチン化標的核酸が固体支持体に取り付けられたプローブにハイブリダイズせしめられる。次いで、それらを酸化剤(例えば過酸化水素)および適当な色素形成性組成物の存在下でストレプトアビジン-ペルオキシダーゼ接合体と接触させることにより、結合した標識が検出される。例えば、有用な色素形成試薬として、テトラメチルベンジジンおよびその誘導体、並びにロイコ色素、例えば米国特許第4,089,747号明細書(Bruschi)に記載のトリアリールイミダゾールロイコ色素が挙げられる。

【0052】

本明細書中で時間に関して用いる時、「約」という語は時間限界の±10%を表し、そして温度に関して用いる時、「約」という語は±5 を表す。

下記の実施例は本発明の幾つかの態様を例示するために与えられるのであって、本発明を限定するものであると解釈してはならない。

【0053】

【実施例】

材料と方法：

テルムス・アクアティカス(*Thermus aquaticus*)からの組換えDNAポリメラーゼは既知の手順、例えば欧州特許公開EP-A-0 482 714に記載されたものを使って調製し、これは約250,000単位/mgタンパク質の活性を有した。

【0054】

下記の実施例で使用するプライマーおよびプローブは、既知の出発材料と手順を用いて、Applied Biosystems Model 380B、標準ホスホロアミダイト化学を用いる3カラムDNA合成装置、およびABI 1 μモルスケール・ファーストサイクルプロトコールを使って調製した。ヌクレオシド-3'-ホスホロアミダイトおよびヌクレオシド誘導化細孔制御ガラス支持体はApplied Biosystemsから入手した。プライマーは上記に示した配列を有した。米国特許第4,962,029号明細書に記載の2つのテトラエチレングリコールスパーサーに続いて1つの市販のデュポン社製ビオチンホスホロアミダイトにより、それらの5'末端を機能性にした。米国特許第4,914,210号明細書に記載の2つのテトラエチレングリコールスパーサーに続いて1つのアミノジオール連結基によりプローブの3'末端を機能性に

10

20

30

40

50

した。全ての精製は核酸精製カラムに続いて逆相HPLC技術を使って実施した。デオキシリボヌクレオチド (dNTPs) はSigma Chemical Co.から入手した。

【0055】

幾つかの実験では、ホスホロチオエート含有プライマーを使用した。3 - ヒドロキシル基に関して末位と末位から二番目にホスホロチオエート結合を有するホスホロチオエート含有プライマーは、米国特許第5,003,087号明細書および技術公報添付カタログNo. 40-4036-xx, Glen Research, Sterling, Virginia 中にも記載された方法に従ってH - ホスフエート化学により調製した。

【0056】

ストレプトアビジン - ペルオキシダーゼ接合体溶液は、リン酸塩緩衝化食塩溶液 (24 mM リン酸ナトリウムおよび75 mM 塩化ナトリウム) 中に市販の (Sigma Chemical Co.) ストレプトアビジンと西洋ワサビペルオキシダーゼの接合体、カゼイン (0.5 %) およびメルチオレート (0.5 %) を含んで成る溶液を使用した。接合体安定剤として10 mM の4 - ヒドロキシアセトアニリドを使用した。

【0057】

内部陽性対照 (IPC) 標的は次のようにして調製した。ホスホロアミダイトオリゴヌクレオチド合成により一本鎖合成標的としてIPC配列を調製した。次いでそれを5 制限部位を含むオリゴヌクレオチドプライマーを使って増幅させ、pBluescript II KS(-)プラスミドベクター中に指向性クローニングした。プラスミドを含むE . コリの大規模培養物を以前に記載された通りにアンピシリン選択条件下で増殖させた (Sambrook他, Molecular Cloning: A Laboratory Manual. Cold Spring Harbor Press 1989)。続いて販売業者からの適当な試薬を使ってそして販売業者の手順に従って、プラスミドDNAをQiagenカラム上で精製した。得られた精製プラスミドをTE緩衝液 (10 mM Tris pH 8.0, 1 mM EDTA pH 8.0) 中に再懸濁し、濃度を分光光度測定した (Sambrook他, 1989)。続いてプラスミドを制限酵素ScaIで消化して、完全な標的配列を維持したままでプラスミドを直鎖状にした。全ての標的の系列希釈は、10mg/mlの音波処理済の子牛胸腺DNA (Sigma) を含むTE緩衝液において行った。

【0058】

ロイコ色素分散液は、アガロース (0.5 %)、4, 5 - ビス (4 - ジメチルアミノフェニル) - 2 - (4 - ヒドロキシ - 3 - メトキシフェニル) イミダゾールロイコ色素 (250 μモル濃度)、ジエチレントリアミン五酢酸 (100 μモル濃度)、3 - クロロ - 4 - ヒドロキシアセトアニリド (5ミリモル濃度)、ポリビニルピロリドン (112 ミリモル濃度)、一塩基性リン酸ナトリウム一水和物 (10ミリモル濃度) および過酸化水素 (H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>) (8.82ミリモル濃度) を含んだ。

【0059】

洗浄溶液 (pH 7.4) は、一塩基性リン酸ナトリウム一水和物緩衝剤 (25ミリモル濃度) 中に塩化ナトリウム (373 ミリモル濃度)、(エチレンジニトリロ) 四酢酸二ナトリウム塩 (2.5 ミリモル濃度)、デシル硫酸ナトリウム (38ミリモル濃度) およびエチルセリチオサリチル酸ナトリウム塩 (25マイクロモル濃度) を含んだ。

【0060】

ポリメラーゼ連鎖反応混合物 (75 μL) は、トリス (ヒドロキシメチル) アミノメタン緩衝剤 (10 ~ 18ミリモル濃度、pH 8)、EDTA (0 ~ 0.75ミリモル濃度)、塩化カリウム (50ミリモル濃度)、塩化マグネシウム (4ミリモル濃度)、dATP, dCTP, dGTPおよびdTTP (各0.3 mM)、記載のプライマー (別記しないかぎり各0.4 マイクロモル濃度)、IV型ゼラチン (100 mg/ml)、Taq ポリメラーゼ (16単位/100 μL) およびグリセロール (9.5 %) を含有した。50倍モル過剰 (ポリメラーゼに対して) のTP1-12.2と5倍過剰のTP4-9.2を使用した。

【0061】

捕捉試薬を作製するために、常用の乳化重合技術を使って、ポリ〔スチレン - コ - 3 - (p - ビニルベンジルチオ) プロピオン酸〕 (重量比95 : 5 ~ 98 : 2、平均直径1 μm) が

10

20

30

40

50

ら調製したポリマー粒子（平均直径 1  $\mu\text{m}$ ）にプローブを共有結合で取り付けた。前記粒子の水中懸濁液を 2 - ( N - モルホリノ ) エタンスルホン酸緩衝剤 ( 0.1 モル濃度、pH 6 ) で洗浄し、次いで固形分約 10% になるように懸濁した。緩衝剤 ( 0.1 モル濃度 ) 中に固形分 3.33% に希釈された洗浄済粒子の試料 ( 3.3 ml ) を、1 - ( 3 - ジメチルアミノプロピル ) - 3 - エチルカルボジイミド塩酸塩 ( 84mg / ml 水、2.1 ml ) およびプローブ ( 44.4 OD / ml ナノ純水、983  $\mu\text{L}$  ) と混合した。生じた懸濁液を断続的に混合しながら湯浴中 50 で約 2 時間加熱した後、遠心分離した。(エチレンジニトリロ)四酢酸二ナトリウム塩 ( 0.0001 モル濃度 ) を含むトリス ( ヒドロキシメチル ) アミノメタン緩衝剤 ( 0.01 モル濃度、pH 8 ) で粒子を 3 回洗浄し、そして固形分 4% になるようにその中に再懸濁した。

【 0 0 6 2 】

緩衝剤で固形分 0.25% に希釈したらすぐに、捕捉試薬 ( 1 ~ 2  $\mu\text{L}$  ) を、SURECELL ( 商標 ) 使い捨て試験装置 [ Johnson & Johnson Clinical Diagnostics, Inc. から入手可能 ; これは米国特許第 4,948,561 号明細書 ( HincKley 他 ) に詳細に記載されている ] 中の試験ウエルの微孔質膜 ( LOPRODYNE ( 商標 ) ポリアミド膜、平均ポアサイズ 1.2  $\mu\text{m}$ 、Pall Corp. から ) の限定領域に適用し乾燥させた。他の試薬と材料は、商業源から入手したか、または容易に入手可能な出発材料と常用手順を使って調製した。

【 0 0 6 3 】

実験 :

プライマーの選択 :

本出願人らは、H I V - 1 の高度保存配列領域を同定することにより H I V - 1 および H I V - 2 のための P C R 増幅システムの開発に着手した。次の基準を使って保存領域に対するプライマーをデザインした : ( 1 ) 小さい生成物ほど高い効率で増幅し、有効ポリマーゼ濃度、アニール / 伸長時間または調製される試料の平均サイズの減少に対する感受性が低いので、生成物の長さは 200 ヌクレオチドを越えてはならない ; ( 2 ) プライマーセットは増幅生成物の特異的検出のためにそれらの間に機能的なプローブ領域を持たなければならない ; ( 3 ) プライマーの 3' 末端付近の不正対合 ( ミスマッチ ) は、5' 末端付近の不正対合よりもはるかに好ましくない ; ( 4 ) それらのプライマーは 3' 末端安定性、長さ、G C 含量および別の可能なプライマーやプローブとの相互作用に関する確立されたプライマー開発基準を満たさなければならない。

【 0 0 6 4 】

初めに、次の 11 のプライマーを試験用に選択した :

**GACCAGATCTGAGCCTGGGAGCT**、23マー ( 配列番号 1 )

**GACCAGATCTGAGCCTGGGAGCTC**、24マー ( 配列番号 23 )

**CTGCTTAAGCCTCAATAAAGCTTGCCCTGAG**、31マー ( 配列番号 24 )

**CTGCTTAAGCCTCAATAAAGCTTGCCCTGA**、30マー ( 配列番号 2 )

**GGTCTGAGGGATCTCTAGTTACCAGAGT**、28マー ( 配列番号 25 )

**GGGTCTGAGGGATCTCTAGTTACCAGAGT**、29マー ( 配列番号 3 )

**GGGTCTGAGGGATCTCTAGTTACCAG**、26マー ( 配列番号 26 )

**TGTTCCGGGCGCCACTGCTAGAGA**、23マー ( 配列番号 4 )

**TCCGGTTTATTACAGGGACAGCAGAGA**、27マー ( 配列番号 7 )

**GTATTACTACTGCCCTTCACCTTTCCA**、28マー ( 配列番号 27 )

**CTTGTATTACTACTGCCCTTCACCTTTCCA**、31マー ( 配列番号 8 )

【 0 0 6 5 】

これらのプライマーの多くは、プライマーの 5' 末端、3' 末端または両末端のところの配列を除いて別のプライマー 1 つまたは 2 つと同じである。配列番号 1 と 23 は、H I V -

10

20

30

40

50

1 ゲノムの L T R 領域の 1 つの正プライマー領域であり、一方配列番号 24 と 2 は別の L T R 正プライマー領域である。配列番号 25, 3 および 26 は 1 つの L T R 逆プライマー領域を表し、一方配列番号 4 は第二の領域を表す。配列番号 7 は H I V - 1 ゲノムの P O L 領域に対してデザインした唯一の正プライマーであり、一方配列番号 27 と 8 は配列番号 7 と相補することができる逆プライマーである。

【 0 0 6 6 】

これらのプライマーを、PE9600サーモサイクラー上で40サイクルに渡るPCRによって反応液75 ml あたりHIV-1 標的0 コピーまたは15コピーを増幅させ、次いでゲル電気泳動を使って検出することにより試験した。HIV-1 標的DNAは次のようにして調製した。宿主染色体中に組み込まれたポリメラーゼ欠損HIVゲノムの単一コピーを含む8 E 5 細胞 (Folks T.M. 他, J. Exp. Med. 164:280, 1986) を、10%ウシ胎児血清を含む90% RPMI 培地中で増殖させた。典型的なSDS、プロテイナーゼK消化に続くフェノール/クロロホルム抽出およびエタノール沈澱によって、 $2.5 \times 10^9$  細胞 / 1 L 培養物からDNAを調製した。得られた抽出物を塩化セシウム上でバンド沈降せしめ、透析し、抽出し、エタノール沈澱し、そして分析用に10 mM Tris / 1 mM EDTA (pH 8.0) 中に再懸濁した。 $A_{260}$  での光学濃度測定によりDNA含量を計算した。全ての反応は反応液75  $\mu$ L あたり3 mgの子牛胸腺DNAを添加すること以外は上述した通りに実施した。16通りの可能なLTR組合せと2通りの可能なPOL組合せの各々について複製反応を実施した。ゲル結果を第1表に示す。68 のアニール/伸長温度でのHIV-1 標的を含まない対照反応は、配列番号23 / 4 の組合せについて検出可能な副生成物バンドを示した。このため、この組合せはあまり好ましくないプライマーセットである。この副生成物の他には、いずれのアニール/伸長温度でも検出可能な副生成物は本質的に全く観察されなかった。

10

20

【 0 0 6 7 】

選ばれたプライマーを、2つのアニール/伸長温度においてゲルバンド強度の点から更に比較した。配列番号1または23を含む組合せ間にはゲルバンド強度にほとんど差がなかった。配列番号24と2は、異なる逆プライマーと組み合わせた時に互いに同等に機能した。3つの重複する逆プライマーのうち、配列番号3と26は、特に70 のアニール/伸長温度を使った時に、配列番号25よりも良好に機能した。配列番号4を含む全ての組合せが両アニール/伸長温度で良好に増幅させた。配列番号27は配列番号8に比べて非常に貧弱にしか機能しなかった(共に配列番号1と組み合わせた時)。従って、配列番号27に関してはこれ以上試験を行わなかった。

30

【 0 0 6 8 】

【表1】

第1表：可能なH I V - 1 プライマーセットのスクリーニング

| プライマー組合せ<br>配列番号 | 10コピー生成物強度 |      | 標的なし |
|------------------|------------|------|------|
|                  | 68°C       | 70°C | 副生成物 |
| 1 / 25           | ++         | +    | (-)  |
| 1 / 3            | ++         | ++   | (-)  |
| 1 / 26           | ++         | ++   | (-)  |
| 1 / 4            | ++         | ++   | (-)  |
| 23 / 25          | ++         | ++   | (-)  |
| 23 / 3           | ++         | ++   | (-)  |
| 23 / 26          | ++         | ++   | (-)  |
| 23 / 4           | ++         | ++   | W    |
| 24 / 25          | +          | W+   | (-)  |
| 24 / 3           | ++         | +    | (-)  |
| 24 / 26          | ++         | +    | (-)  |
| 24 / 4           | ++         | ++   | (-)  |
| 2 / 25           | +          | W    | (-)  |
| 2 / 3            | ++         | +    | (-)  |
| 2 / 26           | ++         | +    | (-)  |
| 2 / 4            | ++         | ++   | (-)  |
| 7 / 27           | W-         | (-)  | (-)  |
| 7 / 8            | +          | W-   | (-)  |

10

20

ゲルバンド強度：++>+ >W+>W >W->(-)

## 【 0 0 6 9 】

次の実験は、配列番号 7 / 8 プライマーセットと個々の全ての可能な L T R プライマーセットとの同時増幅反応であった。この同時増幅は内部陽性対照 ( I P C ) の存在下で実施した。増幅は、米国特許第 5,089,233 号明細書に記載された自動 P C R プロセッサである、Johnson & Johnson Clinical Diagnostics の P C R アナライザーを使って実施した。次の 3 種類の温度プロフィールを使って、40 サイクルに渡り H I V 標的を増幅させた。

30

## 【 0 0 7 0 】

- (1) 95 で 15 秒間の変性および 68 で 30 秒間のアニール / 伸長；
- (2) 95 で 15 秒間の変性および 66 で 30 秒間のアニール / 伸長；並びに
- (3) 96 で 5 秒間の変性および 68 で 40 秒間のアニール / 伸長。

増幅生成物は上述した通りに検出した。

## 【 0 0 7 1 】

プロフィール 1 は従来技術の条件と見なし、第二のプロフィールはどのプライマー組合せが副生成物を形成する傾向があるかを決定するために使用し、そして第三のプロフィールは合計循環時間を増大させることなく ( アニール / 伸長時間を増加することによって ) 増幅をより強固にする試みであった。全ての反応は、反応液 75 μ L あたり H I V 標的と I P C 標的各々 10 コピーを使って実施した。

40

第三の増幅プロフィールを使った時、特により長い ( > 150 ヌクレオチド ) 生成物を生じるプライマーセットの場合、増幅はより強固であった。この結果は、配列番号 23, 24 および 4 がいずれも副生成物を形成する傾向があることも証明した。従って配列番号 23 と 24 を外した。その後の実験は配列番号 1, 2 および 3 を使って実施した。

## 【 0 0 7 2 】

次に、2 つの H I V - 1 同時増幅システム ( 配列番号 1 / 3 または 2 / 3 と配列番号 7 / 8 との同時増幅 ) の絶対感度を試験した。反応は 40 または 45 サイクル実施した ( 96 で 5

50

秒；IPC 標的およびプライマーの存在下または非存在下のいずれかで68（で40秒）。10，5，2.5，1，0.5および0のHIV 標的レベルを全ての試験条件に対して二重反復で実験した。

【0073】

配列番号2/3を含むシステムは増幅中に生成する副生成物が少なく（特に45サイクルの場合）、両システムとも2.5 コピーほどの少量のHIV-1 標的を一貫して検出できるようであった。IPCの存在下では、配列番号1/3同時増幅システムは、1コピーでは4複製物のうちの2つ、そして0.5 コピーでは4複製物のうちの1つにおいてHIV生成物（一方または両方）を増幅させた。同じ条件下で、配列番号2/3同時増幅システムは、1コピーでは4複製物のうちの3つ、そして0.5 コピーでは4複製物のうちの4つでHIV生成物（HIV-1 もしくは2またはその両方）を増幅させた。この実験で行った標的配列を1つも含まない対照反応は全て外観上陰性であった。

10

【0074】

HIV-1 について要約したのと同じ基準に従って、HIV-2 プライマーを試験用を選んだ。HIV-2 プライマーをデザインする時に考慮した1つの追加の基準は、HIV-1 とHIV-2 の両方のプライマー候補との起こり得る相互作用を最小にすることであった。試験したHIV-2 プライマーの最初のセットを下記に列挙する：

【0075】

CCGGGATAGTGCAGCAACAGCAACA（配列番号11）

20

CCGGGATAGTGCAGCAACAGCAACAG（配列番号28）

CCCCAGACGGTCAGTCGCAACA（配列番号29）

CCCAGACGGTCAGTCGCAACA（配列番号12）

GGGAGGTTCTCTCCAGCACTAGCA（配列番号14）

CCCTGGGAGGTTCTCTCCAGCA（配列番号30）

GAGCCCTGGGAGGTTCTCTCCA（配列番号15）

GCGACTAGGAGAGATGGGAACACACA（配列番号16）

30

CTGTTCCGGGCGCCAACCTGCTA（配列番号31）

CTGCACCTCAATTCTCTCTTTGGAAAAGACCAGTA（配列番号32）

GCACCTCAATTCTCTCTTTGGAAAAGACCAGTA（配列番号33）

TAGACACAGGGGCTGACGACTCAATAGT（配列番号18）

CACAGGGGCTGACGACTCAATAGTAGCA（配列番号19）

GCCAAAAATGTTGATTGGGGTATCTCCTGTCA（配列番号20）

GCCAAAAATGTTGATTGGGGTATCTCCTGTCA（配列番号34）

40

【0076】

HIV-2 DNAを調製するために、HIV-2のHut78 NIH-Z株に感染した10E8細胞を、SDSおよびプロテイナーゼKで処理し、次いでフェノール/クロロホルム抽出し、そしてエタノール沈澱し、得られた抽出物を分析用に10 mM Tris / 1 mM EDTA pH 8.0中に再懸濁した。

【0077】

個々のHIV-2プライマーを、次の2つの異なる増幅プロフィール：

(1) 68 のアニール / 伸長温度で40サイクル；および

(2) 62 のアニール / 伸長温度で5サイクル

に続いて68 のアニール / 伸長温度で35サイクルを用いて、配列番号1，2，3，26，4

50

、7および8のH I V - 1プライマーと共に使った場合の副生成物を形成する能力についてスクリーニングした。二番目のプロフィールは、標的の不正対合の影響を最小にする条件下でどのプライマーセットが副生成物形成を最小にできるかを決定する試験のために選んだ。条件1を使った時に配列番号7および8と共に強い副生成物を形成したどのプライマーも即座に捨てた。何故なら、それらのプライマーは同時増幅アッセイに最小にしか必要でないからである。この基準のために捨てたのは配列番号30および31のただ2つのプライマーであった。プライマーの残りを、様々な基準に基づいて狭めていった。H I V - 1プライマーと配列番号20により形成される副生成物が非常に低レベルであったために配列番号34よりも配列番号20を選んだ。配列番号11と12は副生成物をあまり生じず、更に確立された基準にも良く適合するために、配列番号28と29よりも配列番号11と12を選んだ。配列番号32と33は、増幅条件2の下で配列番号20または34のいずれかと併用した時に比較的貧弱な増幅であったために捨てた。残ったH I V - 2プライマーセット（配列番号11 / 12、14 / 16、15 / 16、18 / 20および19 / 20）は全て、次のプライマー：配列番号2、3、7および8（各々0.4  $\mu$ M）、IPC-F1（0.2  $\mu$ M）およびIPC-R1（0.2  $\mu$ M）を含む系において、反応あたり10コピーのH I V - 2標的レベルで非常に良好に増幅させ且つ良く見えるゲルバンドを与える。上記の増幅条件1を使用した時のそれらの増幅システムによる副生成物形成はいずれも非常に少ない。増幅条件2を使用した時には有意な副生成物形成があるが、しかし特定の生成物がゲル上にまだ非常に良く検出可能である。

【0078】

プローブ選択：

H I V - 1およびH I V - 2のような多分岐のゲノムを扱う時には、2つのプライマーを使った各領域の増幅および1つのオリゴヌクレオチドプローブを使った各領域の検出を可能にするのに十分なほどに保存されている3つの領域を同定することはしばしば困難である。生成物の長さを最小にする必要があるシステムでは、プローブ特異性が損なわれ得る程度にまでプロービングの緊縮性を減らさない限り、この問題は作業を不可能にする程度にまで悪化する。この問題を避けるために、本出願人は、アッセイ特異性を傷つけることなく、全ての既知配列変異体の検出を可能にするために多重プローブを使用するシステムを開発した。

【0079】

配列番号2と3により形成される生成物を探査するために、プローブは長さがわずか34ヌクレオイドの領域にはまらなければならない。この領域中の最も保存された配列は配列番号5のプローブの配列である。

**プローブ： CAACAGACGGGCACACACTACT（配列番号5）**

この配列はH I V - 1分離株の大部分に高度に保存されており、該プローブと分離株配列のこの領域との間には1個以下のヌクレオチドの相違しかない。しかしながら、この領域には2～5個の変異を有する幾つかの分岐配列がある。将来それらの配列から更に分岐した配列を検出する能力を最大にするために、配列番号6の追加のプローブをデザインした。

**プローブ： GAACAGATGGGCACACACTGCT（配列番号6）**

【0080】

H I V - 1 P O Lの場合、遭遇する変異の最大数および苛酷性を最小にするように使用する両プローブを変更した。これを達成するために、デザインした両プローブはいずれの既知分離株配列とも等しくない。2つのプローブを使うことにより、任意の既知分離株に対して遭遇する変異の最大数を5から3に減らした。加えて、残りの変異の大部分はプローブの片側末端の付近に置かれ、かくしてハイブリダイゼーションした時のそれらの影響が小さくなる。H I V - 1 P O Lプローブの配列を下記に示す：

**AGCTTTGCTGGTCCTTTCCAAAGTGGG (配列番号9)**

**AGTTGTGCCGGTCCTTTCCAAATTGGG (配列番号10)**

**【0081】**

記載した上記状況は、2つのプローブを使用するHIV-2 POLシステム用に選ばれた配列についても同様である。しかしながら、この状況は、2つのプローブに相補的な領域は重複しているけれども位置が同一でないという点で幾らか異なっている。これは、HIV-2の2つの亜型間で配列が非常に異なるので必要な熱安定性を獲得するためにプローブの位置を変更しなければならないという事実のためである。この2つのプローブを使うと、全ての既知HIV-2配列は亜型特異的HIV-2プローブに比較して多くて2個のヌクレオチド相違を有する。2つのHIV-2 POLプローブ配列を下記に示す：

**CCAAAAATAGTAGGGGAATAGGGGATTC (配列番号21)**

**CACCCCAAAAATAGTAGGTGGGATAGGAGGG (配列番号22)**

**【0082】**

上述した同時増幅システムを、HIV-1およびHIV-2試料に対して試験した。比色検出に用いる検出プローブは下記のものであった：

**HIV-1 LTR生成物：**

**CAACAGACGGGCACACACTACT (配列番号5)**

**GAACAGATGGGCACACACTGCT (配列番号6)**

**HIV-1 POL生成物：**

**5'-AGCTTTGCTGGTCCTTTCCAAAGTGGG (配列番号9)**

**5'-AGTTGTGCCGGTCCTTTCCAAATTGGG (配列番号10)**

**【0083】**

**HIV-2 POL生成物：**

**CCAAAAATAGTAGGGGAATAGGGGATTC (配列番号21)**

**CACCCCAAAAATAGTAGGTGGGATAGGAGGG (配列番号22)**

**HIV-2 LTR生成物：**

**CCACGCTTGCTTGCTTAAAGACCTC (配列番号17)**

**HIV-2 ENV生成物：**

**TGGACGTGGTCAAGAGACAACAAGAA (配列番号13)**

**【0084】**

始原型M群およびO群分離株を含む5種類の培養増幅したHIV-1分離株を試験した。試験した同時増幅システムは全て、配列番号7/8プライマーセット、内部陽性対照プライマーセット、並びに次の4つのHIV-1 LTRプライマーセットのうちの1つ：配列番号1/3、1/4、2/3および2/4を含んだ。HIV-1特異的プライマーセットはいずれも試験した全ての分離株を検出した。標的DNAの系列希釈は、配列番号2/3および2/4プライマーセットが最も感受性のLTRプライマーセットであることを証明した。配列番号2/4プライマーセットは多分岐のO群分離株に対して最も感受性であるように見えた。

**【0085】**

2種類の培養増幅したHIV-2分離株も試験して様々なHIV-2プライマーセットの性能を評価した。どの反応も配列番号11/12プライマーセット、並びに次の4つのLTR

10

20

30

40

50

- または P O L - 特異的 H I V - 2 プライマーセットのうちの 1 つ : 配列番号 18 / 20、19 / 20、14 / 16 および 15 / 16 を含んだ。全てのプライマーセットが、試験した高い方の標的レベルで両標的の増幅をもたらした。H I V - 2 標的の系列希釈は L T R プライマーセットが最も感受性であることを示唆した。

【 0 0 8 6 】

15 の培養増幅した H I V - 1 O 群分離株、H I V - 1 に感染したアフリカ人患者からの 17 の凍結した患者細胞ペレット ( 高レベルの配列非相同性を含むであろう )、および 12 の培養増幅した H I V - 2 分離株を試験することにより、様々な同時増幅システムの系統感受性を更に評価した。15 の O 群分離株は全て配列番号 7 / 8 プライマーセットと配列番号 1 / 4、2 / 3 および 2 / 4 の L T R プライマーセットにより検出された。しかしながら、3 つの分離株が配列番号 1 / 3 プライマーセットにより見落とされた。L T R システムの場合、数個の O 群分離株は 2 つの L T R プローブのうちの 1 つ ( O 群と U 分離株に最も相同であり且つチンパンジーウイルス HIV1-CPZgab に最も相同であるプローブ ) だけに陽性であった。これらの結果は、単一の標的に対して 2 つの検出プローブを使用することにより観察される改善を証明した。上述のアフリカ人患者細胞ペレットの場合には、3 つの H I V - 1 システム ( 配列番号 2 / 3、2 / 4 および 7 / 8 ) 全てが陽性であったが、しかし配列番号 2 / 3 システムがこの実験で最高の感受性のシステムであるらしく、試験した標的 D N A の最高レベルでも 2 つの複製物のうち 1 つしか検出しなかったため配列番号 7 / 8 セットは最低の感受性であるように見えた。

【 0 0 8 7 】

12 の培養増幅した H I V - 2 分離株のうちの 1 つは、試験した全てのプライマーセットに対して陰性であった。この試料はラボで用いる対照プライマーセットでも陰性であり、このことは、試料中に H I V - 2 D N A が全く存在していなかった可能性があることを示す ( 幾つかの H I V - 2 分離株は十分に培養しないことは周知である )。他の 11 分離株は E N V プライマーセットおよび両 L T R プライマーセットを用いた時に陽性であった。対照的に、配列番号 18 / 20 および 19 / 20 セットはそれぞれ 11 の分離株のうち 2 つおよび 11 の分離株のうち 1 つを見落としたりした。

【 0 0 8 8 】

【 配列表 】

**配列番号 : 1**

**配列の長さ : 23**

**配列の型 : 核酸**

**鎖の数 : 一本鎖**

**トポロジー : 直鎖状**

**配列の種類 : Genomic DNA**

**配列 :**

**GACCAGATCT GAGCCTGGGA GCT**

**23**

【 0 0 8 9 】

10

20

30

40

配列番号：2

配列の長さ：30

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：Genomic DNA

配列：

CTGCTTAAGC CTCAATAAAG CTTGCCTTGA

30

【0090】

10

配列番号：3

配列の長さ：29

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：Genomic DNA

配列：

GGGTCTGAGG GATCTCTAGT TACCAGAGT

29

【0091】

20

配列番号：4

配列の長さ：23

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：Genomic DNA

配列：

TGTTCCGGGCG CCACTGCTAG AGA

23

【0092】

30

配列番号：5

配列の長さ：22

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：Genomic DNA

配列：

CAACAGACGG GCACACACTA CT

22

【0093】

10

配列番号：6

配列の長さ：22

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：Genomic DNA

配列：

GAACAGATGG GCACACACTG CT

22

【0094】

20

配列番号：7

配列の長さ：27

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：Genomic DNA

配列：

TCGGGTTTAT TACAGGGACA GCAGAGA

27

【0095】

30

配列番号：8

配列の長さ：31

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：Genomic DNA

配列：

CTTGTATTAC TACTGCCCTC TCACCTTCC A

31

【0096】

10

配列番号：9

配列の長さ：27

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：Genomic DNA

配列：

AGCTTTGCTG GTCCTTCCA AAGTGGG

27

【0097】

20

配列番号：10

配列の長さ：27

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：Genomic DNA

配列：

AGTTGTGCCG GTCCTTCCA AATTGGG

27

【0098】

30

配列番号 : 11

配列の長さ : 25

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

配列 :

CCGGGATAGT GCAGCAACAG CAACA

25

【 0 0 9 9 】

10

配列番号 : 12

配列の長さ : 21

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

配列 :

CCCAGACGGT CAGTCGCAAC A

21

【 0 1 0 0 】

20

配列番号 : 13

配列の長さ : 26

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

配列 :

TGGACGTGGT CAAGAGACAA CAAGAA

26

【 0 1 0 1 】

30

配列番号 : 14

配列の長さ : 24

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

配列 :

10

GGGAGGTTCT CTCCAGCACT AGCA

24

【 0 1 0 2 】

配列番号 : 15

配列の長さ : 22

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

トポロジー : 直鎖状

20

配列の種類 : Genomic DNA

配列 :

GAGCCCTGGG AGGTTCTCTC CA

22

【 0 1 0 3 】

配列番号 : 16

配列の長さ : 26

配列の型 : 核酸

30

鎖の数 : 一本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

配列 :

GCGACTAGGA GAGATGGGAA CACACA

26

【 0 1 0 4 】

配列番号 : 17

配列の長さ : 25

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

配列 :

10

CCACGCTTGC TTGCTTAAAG ACCTC

25

【 0 1 0 5 】

配列番号 : 18

配列の長さ : 28

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

トポロジー : 直鎖状

20

配列の種類 : Genomic DNA

配列 :

TAGACACAGG GGCTGACGAC TCAATAGT

28

【 0 1 0 6 】

配列番号 : 19

配列の長さ : 28

配列の型 : 核酸

30

鎖の数 : 一本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

配列 :

CACAGGGGCT GACGACTCAA TAGTAGCA

28

【 0 1 0 7 】

配列番号 : 20

配列の長さ : 35

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

配列 :

10

GCCAAAAATG TTGATTGGGG TATCTCCTGT CATTA

35

【 0 1 0 8 】

配列番号 : 21

配列の長さ : 30

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

トポロジー : 直鎖状

20

配列の種類 : Genomic DNA

配列 :

CCAAAAATAG TAGGGGAAT AGGGGATTC

30

【 0 1 0 9 】

配列番号 : 22

配列の長さ : 31

配列の型 : 核酸

30

鎖の数 : 一本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

配列 :

CACCCCAAAA ATAGTAGGTG GGATAGGAGG G

31

【 0 1 1 0 】

配列番号 : 23

配列の長さ : 24

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

配列 :

GACCAGATCT GAGCCTGGGA GCTC

24

【 0 1 1 1 】

10

配列番号 : 24

配列の長さ : 31

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

配列 :

CTGCTTAAGC CTCAATAAAG CTTGCCTTGA G

31

【 0 1 1 2 】

20

配列番号 : 25

配列の長さ : 28

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

配列 :

GGTCTGAGGG ATCTCTAGTT ACCAGAGT

28

【 0 1 1 3 】

30

配列番号 : 26

配列の長さ : 26

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

配列 :

GGGTCTGAGG GATCTCTAGT TACCAG

26

【 0 1 1 4 】

10

配列番号 : 27

配列の長さ : 28

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

配列 :

GTATTACTAC TGCCCCTTCA CCTTTCCA

28

【 0 1 1 5 】

20

配列番号 : 28

配列の長さ : 25

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

配列 :

CGGGATAGTG CAGCAACAGC AACAG

25

【 0 1 1 6 】

30

配列番号 : 29

配列の長さ : 22

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

配列 :

CCCCAGACGG TCAGTCGCAA CA

22

【 0 1 1 7 】

10

配列番号 : 30

配列の長さ : 22

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

配列 :

CCCTGGGAGG TTCTCTCCAG CA

22

【 0 1 1 8 】

20

配列番号 : 31

配列の長さ : 22

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

配列 :

CTGTTCGGGC GCCAACCTGC TA

22

【 0 1 1 9 】

30

配列番号 : 32

配列の長さ : 35

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

配列 :

CTGCACCTCA ATTCTCTCTT TGGAAAAGAC CAGTA

35

【 0 1 2 0 】

10

配列番号 : 33

配列の長さ : 33

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

配列 :

GCACCTCAAT TCTCTCTTTG GAAAAGACCA GTA

33

【 0 1 2 1 】

20

配列番号 : 34

配列の長さ : 32

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

配列 :

GCCAAAAATG TTGATTGGGG TATCTCCTGT CA

32

30

## フロントページの続き

- (74)代理人 100081330  
弁理士 樋口 外治
- (72)発明者 ジョン ウェスリー バッカス  
アメリカ合衆国, カリフォルニア 92129, サン ディエゴ, ピア カバロ ロジョ 128  
65
- (72)発明者 スーザン メリッサ アトウッド  
アメリカ合衆国, ニューヨーク 14620, ロチェスター, ランスデイル ストリート 47
- (72)発明者 アン エリザベス ケイジー  
アメリカ合衆国, ニューヨーク 14617, ロチェスター, ウィノナ ブールバード 399
- (72)発明者 エリック ブライス ラズムッセン  
アメリカ合衆国, ウィスコンシン 53719, マディソン, アpartment 309, ティンバ  
ーレイク トレイル 7329
- (72)発明者 トマス ジョセフ カミンズ  
アメリカ合衆国, ニューヨーク 14526, ペンフィールド, ヘンダーソン ドライブ 83

審査官 吉田 知美

- (56)参考文献 国際公開第91/008308(WO, A1)  
特表平04-507043(JP, A)  
特開平06-319597(JP, A)  
特開平08-242898(JP, A)  
特表平04-505558(JP, A)  
特表平08-508404(JP, A)  
米国特許第05576176(US, A)  
特表平05-503422(JP, A)  
特表平05-501957(JP, A)  
特開平02-131576(JP, A)  
国際公開第88/008449(WO, A1)  
国際公開第89/009815(WO, A1)  
AIDS Res. Hum. Retroviruses, 1993年, Vol.9, No.4, p.315-320

## (58)調査した分野(Int.Cl., DB名)

C12N 15/49  
C12Q 1/68-1/70  
GenBank/EMBL/DDBJ/GeneSeq