

【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 28 年 6 月 23 日 (2016.6.23)

【公表番号】特表 2014-516545 (P2014-516545A)
 【公表日】平成 26 年 7 月 17 日 (2014.7.17)
 【年通号数】公開・登録公報 2014-038
 【出願番号】特願 2014-513170 (P2014-513170)
 【国際特許分類】

C 1 2 N 15/09 (2006.01)

C 1 2 Q 1/68 (2006.01)

【F I】

C 1 2 N 15/00 A

C 1 2 Q 1/68 Z N A A

【誤訳訂正書】
 【提出日】平成 28 年 4 月 27 日 (2016.4.27)
 【誤訳訂正 1】
 【訂正対象書類名】特許請求の範囲
 【訂正対象項目名】全文
 【訂正方法】変更
 【訂正の内容】
 【特許請求の範囲】
 【請求項 1】

サンプル中の複製性 s T T V の存在の検出方法であって、該方法が、

a) 配列番号 4 に記載されているオリゴヌクレオチド F R N A - a に結合する連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間の長さを有するフォワードプライマーまたは配列番号 5 に記載されているオリゴヌクレオチド F R N A - b に結合する連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間の長さを有するフォワードプライマーと、配列番号 6 に記載されているオリゴヌクレオチド R R N A - 1、配列番号 7 に記載されているオリゴヌクレオチド R R N A - 2 または配列番号 8 に記載されているオリゴヌクレオチド R R N A - 3 に結合する連続的な少なくとも 1 4 個の 5' 末端ヌクレオチドの区間の長さを有する少なくとも 1 つのリバースプライマーとを含むプライマーセットを使用して該サンプルの逆転写ポリメラーゼ連鎖反応 (R T - P C R) を行い、

b) 工程 (a) の R T - P C R 増幅結果を検査する工程を含むことを特徴とする、方法。

【請求項 2】

該フォワードプライマーが、配列番号 4 に記載されているオリゴヌクレオチド F R N A - a に結合する連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間の長さを有することを特徴とする、請求項 1 記載の複製性 s T T V の存在の検出方法。

【請求項 3】

該方法が、配列番号 5 に記載されているオリゴヌクレオチドに結合する連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間の長さを有するプローブを使用して工程 (a) の P C R 増幅結果を検査する工程を更に含むことを特徴とする、請求項 2 記載の複製性 s T T V の存在の検出方法。

【請求項 4】

サンプル中の複製性 s T T V の存在の検出方法であって、該方法が、

a) 配列番号 1 に記載されているオリゴヌクレオチド F D N A - T T V に結合する連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間の長さを有するフォワードプライマーと、配列番号 3 に記載されているオリゴヌクレオチド R D N A - T T V - r 2 に結合する連続的な少

なくとも 14ヌクレオチドの区間の長さを有するリバースプライマーとを含むプライマーセットを使用して該サンプルのポリメラーゼ連鎖反応（PCR）を行い、

b) 配列番号 4 に記載されているオリゴヌクレオチド F RNA - a に結合する連続的な少なくとも 14ヌクレオチドの区間の長さを有するフォワードプライマーと、配列番号 6 に記載されているオリゴヌクレオチド R RNA - 1、配列番号 7 に記載されているオリゴヌクレオチド R RNA - 2 または配列番号 8 に記載されているオリゴヌクレオチド R RNA - 3 に結合する連続的な少なくとも 14ヌクレオチドの区間の長さを有する少なくとも 1 つのリバースプライマーとを含むプライマーセットを使用して該サンプルの逆転写ポリメラーゼ連鎖反応（RT-PCR）を行い、

c) 工程 a) および b) の（RT）-PCR 増幅結果を検査する同時工程を含むことを特徴とする、方法。

【請求項 5】

サンプル中の複製性 s T T V の存在の検出方法であって、該方法が、

a) 配列番号 1 に記載されているオリゴヌクレオチド F DNA - T T V に結合する連続的な少なくとも 14ヌクレオチドの区間の長さを有するフォワードプライマーと、配列番号 2 に記載されているオリゴヌクレオチド R DNA - T T V - r 1 に結合する連続的な少なくとも 14ヌクレオチドの区間の長さを有するリバースプライマーとを含むプライマーセットを使用して該サンプルのポリメラーゼ連鎖反応（PCR）を行い、

b) 配列番号 5 に記載されているオリゴヌクレオチド F RNA - b に結合する連続的な少なくとも 14ヌクレオチドの区間の長さを有するフォワードプライマーと、配列番号 6 に記載されているオリゴヌクレオチド R RNA - 1、配列番号 7 に記載されているオリゴヌクレオチド R RNA - 2 または配列番号 8 に記載されているオリゴヌクレオチド R RNA - 3 に結合する連続的な少なくとも 14ヌクレオチドの区間の長さを有する少なくとも 1 つのリバースプライマーとを含むプライマーセットを使用して該サンプルの逆転写ポリメラーゼ連鎖反応（RT-PCR）を行い、

c) 工程 a) および b) の（RT）-PCR 増幅結果を検査する同時工程を含むことを特徴とする、方法。

【請求項 6】

該方法の PCR および / または RT-PCR 反応を行う工程が、少なくとも 1 つの追加的な非 T T V 関連プライマーセットおよび少なくとも 1 つの追加的な非 T T V 関連鋳型を更に含むことを特徴とする、請求項 1 ~ 5 のいずれか 1 項記載の方法。

【請求項 7】

該方法が工程 a) の前に RNA および / または DNA 精製工程を含むことを特徴とする、請求項 1 ~ 6 のいずれか 1 項記載の方法。

【請求項 8】

配列番号 4 に記載されているオリゴヌクレオチド F RNA - a に結合する連続的な少なくとも 14ヌクレオチドの区間の長さを有するフォワードプライマーまたは配列番号 5 に記載されているオリゴヌクレオチド F RNA - b に結合する連続的な少なくとも 14ヌクレオチドの区間の長さを有するフォワードプライマーと、配列番号 6 に記載されているオリゴヌクレオチド R RNA - 1、配列番号 7 に記載されているオリゴヌクレオチド R RNA - 2 または配列番号 8 に記載されているオリゴヌクレオチド R RNA - 3 に結合する連続的な少なくとも 14 個の 5' 末端ヌクレオチドの区間の長さを有する少なくとも 1 つのリバースプライマーとを含むプライマーセット。

【請求項 9】

少なくとも請求項 8 記載のプライマーセットを含むことを特徴とする、複製性 s T T V の存在の検出のための診断試験キット。

【請求項 10】

サンプル中の s T T V s s DNA および s T T V ウイルス複製の存在の同時検出のための診断試験キットであって、該キットが、配列番号 1 に記載されているオリゴヌクレオチド F DNA - T T V に結合する連続的な少なくとも 14ヌクレオチドの区間の長さを有

するフォワードプライマーと、配列番号 3 に記載されているオリゴヌクレオチド R D N A - T T V - r 2 に結合する連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間の長さを有するリバースプライマーとを含むプライマーセット、および配列番号 4 に記載されているオリゴヌクレオチド F R N A - a に結合する連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間の長さを有するフォワードプライマーと、配列番号 6、配列番号 7 または配列番号 8 に記載されているオリゴヌクレオチド R R N A に結合する連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間の長さを有する少なくとも 1 つのリバースプライマーとを含むプライマーセットを含むことを特徴とする、診断試験キット。

【請求項 1 1】

サンプル中の s T T V s s D N A および s T T V ウイルス複製の存在の同時検出のための診断試験キットであって、該キットが、配列番号 1 に記載されているオリゴヌクレオチド F D N A - T T V に結合する連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間の長さを有するフォワードプライマーと、配列番号 2 に記載されているオリゴヌクレオチド R D N A - T T V - r 1 に結合する連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間の長さを有するリバースプライマーとを含むプライマーセット、および配列番号 5 に記載されているオリゴヌクレオチド F R N A - b に結合する連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間の長さを有するフォワードプライマーと、配列番号 6、配列番号 7 または配列番号 8 に記載されているオリゴヌクレオチド R R N A に結合する連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間の長さを有する少なくとも 1 つのリバースプライマーとを含むプライマーセットを含むことを特徴とする、診断試験キット。

【請求項 1 2】

該試験キットが少なくとも 1 つの追加的な非 T T V 関連プライマーセットおよび少なくとも 1 つの追加的な非 T T V 関連鋳型を含むことを特徴とする、請求項 9 ~ 1 1 のいずれか 1 項記載の診断試験キット。

【誤訳訂正 2】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0 0 1 1

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【0 0 1 1】

本発明の方法においては、以下の方法工程を行うことにより、サンプル内の T T V の検出が行われうる：

a) 配列番号 1 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド F D N A - T T V の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合するフォワードプライマーと、配列番号 2 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド R D N A - T T V - r 1 の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合するリバースプライマーまたは配列番号 3 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド R D N A - T T V - r 2 の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合するリバースプライマーとを含むプライマーセットを使用して、該サンプルのポリメラーゼ連鎖反応 (P C R) を行い、

b) 工程 (a) の P C R 増幅結果を検査する。

【誤訳訂正 3】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0 0 2 0

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【0 0 2 0】

ミスマッチを有するプライマーの使用は通常、それほどストリンジェントではないハイブリダイゼーション条件の使用を必要とする、と認識されるべきである。そしてこれは時には、より低い特異性を招きうる。T T V ゲノムの小さいサイズを考慮すると、これは必ずしも問題となるわけではない。ミスマッチを有するプライマーが非特異的 T T V 配列に

結合する確率は非常に小さい。それでも、配列番号 1、2 または 3 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチドの連続的な少なくとも 14 ヌクレオチドの区間に対して 100%の相補性マッチを含むプライマーが好ましいことは明らかである。

【誤訳訂正 4】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0024

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【0024】

「配列番号に示されている配列を有するオリゴヌクレオチドの連続的な少なくとも 14 ヌクレオチドの区間に結合するプライマー」なる語は、該プライマーが、少なくとも、その配列番号に記載されているオリゴヌクレオチドに結合する連続的な少なくとも 14 ヌクレオチドの区間の長さを有するべきであることを意味する。単なる例示に過ぎないが、FDNA-TTVは、配列番号 1 に示されている配列 c g a a t g g c t g a g t t t a t g c c g c を有していたであろう。したがって、「配列番号 1 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチドの連続的な少なくとも 14 ヌクレオチドの区間に結合するプライマー」は、少なくとも、ヌクレオチド c g a a t g g c t g a g t t t a t g c c g c からの、その順序の連続的な少なくとも 14 ヌクレオチドの区間からなるべきである。しかし、それは、例えば、ヌクレオチド c g a a t g g c t g a g t t t a t g c c g c を含む、そして 5' 末端および / または 3' 末端に 1 以上の追加的なヌクレオチドを有する、より長いプライマーであることが可能であろう。プローブにも同じことが言える（しかし、プローブは、クエンチャー分子が蛍光体をもはや消光しないような長さを有するべきではないことは明らかである；後記を参照されたい）。配列番号 2 に示されているオリゴヌクレオチドは 17 核酸の長さを有するが、この場合もまた、本発明のプライマーまたはプローブのオリゴヌクレオチドは、配列番号 2 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチドに結合する連続的な少なくとも 14 ヌクレオチドの最小長を有するべきである。5' 末端および / または 3' 末端に追加的なヌクレオチドを有するプライマー（またはプローブ）が選択される場合、そのようなヌクレオチドは、該プライマーが結合する相補鎖の 3' および / または 5' フランキング領域に相補的であっても相補的でなくてもよい。幾つかの場合には、種々の RT-PCR サイクルの温度は、プライマーの増加した長さに、そして追加的なヌクレオチドの 1 以上が相補的であることに適合化されるべきである。そしてこの場合も、当業者は、プライマーおよびプローブの配列に基づいて、例えば前記の又は本明細書に記載されている PCR のテキスト（前記を参照されたい）における式を用いて PCR サイクルの種々の工程のための最適な温度条件を決定しうるであろう。

【誤訳訂正 5】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0025

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【0025】

配列番号 1 ~ 8 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチドの連続的な 15、16、17、18、19 または更には 20 以上（配列番号 2 に関しては最大で 17）のヌクレオチドの区間に結合するプライマーが、後の順序のものほど好ましい。なぜなら、それらは sTTV 配列に、より一層選択的にアニールするからである。

【誤訳訂正 6】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0026

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【0026】

配列番号 2 および 5 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチドの連続的な 1 5、1 6、1 7、1 8、1 9 または更には 2 0 以上（配列番号 2 に関しては最大で 1 7）のヌクレオチドの区間に結合するプローブは後の順序のものほど好ましい。なぜなら、それらも s T T V 配列に、より一層選択的にアニールするからである。

【誤訳訂正 7】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0 0 3 2

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【0 0 3 2】

したがって、本発明の第 1 の実施形態は、サンプル中のブタトルクテノウイルス（s T T V）の存在の検出方法に関するものであり、該方法は、a）配列番号 1 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド F D N A - T T V の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合するフォワードプライマーと、配列番号 2 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド R D N A - T T V - r 1 の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合するリバープライマーまたは配列番号 3 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド R D N A - T T V - r 2 の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合するリバープライマーとを含むプライマーセットを使用して該サンプルのポリメラーゼ連鎖反応（P C R）を行い、b）工程（a）の P C R 増幅結果を検査する工程を含むことを特徴とする。

【誤訳訂正 8】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0 0 3 9

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【0 0 3 9】

P C R 産物の存在を検出するための、より効率的かつ選択的な方法は、プローブに基づくリアルタイム P C R である。この方法は基本的には前記 P C R 法に基づいているが、それは、前記 P C R 反応の選択性を超えるレベルの選択性を有する。それは、本発明の、配列番号 1 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド F D N A - T T V の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合するフォワードプライマーと、配列番号 3 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド R D N A - T T V - r 2 の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合するリバープライマーとを含むプライマーセット、および配列番号 2 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド R D N A - T T V - r 1 の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合するプローブの使用に基づいている。オリゴヌクレオチド R D N A - T T V - r 1 の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合するプローブは、そのようなプローブが、それに結合している蛍光体およびクエンチャー分子を有するオリゴヌクレオチドである点で、オリゴヌクレオチド R D N A - T T V - r 1 の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合するプライマーとは異なる。使用される蛍光体もしくはクエンチャー、またはプローブ/クエンチャーの組合せの根拠となる作用メカニズムに関しては、そのようなプローブの幾つかの形態が存在する。単なる一例ではあるが、そのようなプローブは T a q M a n（タックマン）プローブ、S c o r p i o n s（スコルピオンズ）プローブおよび M o l e c u l a r B e a c o n s（モレキュラービーコンズ）プローブ（後記を参照されたい）として商業的に入手可能である。

【誤訳訂正 9】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0 0 4 5

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【 0 0 4 5 】

実際、本明細書に記載されている T a q m a n プローブであるプローブ T T V - r 1 は、配列番号 2 に記載されている D N A 配列に結合するオリゴヌクレオチドであるが、蛍光体およびクエンチャーがそれに結合している。しかし、説明されているとおり（前記を参照されたい）、該プローブはまた、配列番号 2 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド R D N A - T T V - r 1 の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合する、より短い又はより長いオリゴヌクレオチドでありうる。

【誤訳訂正 1 0】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0 0 4 7

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【 0 0 4 7 】

したがって、この実施形態のもう 1 つの好ましい形態は、サンプル中のブタトルクテノウイルス（s T T V）の存在の検出方法に関するものであり、該方法は、

a）配列番号 1 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド F D N A - T T V の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合するフォワードプライマーと、配列番号 3 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド R D N A - T T V - r 2 の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合するリバースプライマーとを含むプライマーセットを使用して該サンプルのポリメラーゼ連鎖反応（P C R）を行い、

b）配列番号 2 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド R D N A - T T V - r 1 の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合するプローブを使用して工程（a）の P C R 増幅結果を検査する工程を含むことを特徴とする。

【誤訳訂正 1 1】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0 0 5 7

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【 0 0 5 7 】

前記のとおり、適当なフォワードプライマーは R D N A - T T V - r 1 および R D N A - T T V - r 2 に相補的なプライマーである。本発明のそのようなフォワードプライマーは、配列番号 4 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド F R N A - a の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間、または配列番号 5 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド F R N A - b の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合する。

【誤訳訂正 1 2】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0 0 5 8

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【 0 0 5 8 】

リバースプライマーとしては、m R N A のポリ A テールに結合するプライマーが使用される。したがって、そのようなプライマーはポリ T 区間を含むであろう。そのようなプライマーは、好ましくは、少なくとも 1 4 個の連続的な T からなる。ポリ A テールのずれかの部分へのそのようなプライマーのランダムな結合を避けるために、リバースプライマーは、好ましくは、ポリ T 区間の 3' 末端にヌクレオチド G、ヌクレオチド C またはヌクレオチド A を含有する。これはポリ A テールの 5' 末端への該プライマーの特異的結合を可能にするであろう。ポリ A テールの前の最後のヌクレオチドの特性が該ウイルスの配列から判明している場合には、該ポリ T 区間の 3' 末端のヌクレオチドはその最後のヌクレオチドに相補的なものとされうる。該特性が不明である場合には、該ポリ T 区間の 3' 末端に G、C または A のいずれかをそれぞれが有する 3 個のポリ T プライマーの混合物が首尾

よく使用されうる。したがって、本発明のリバースプライマーは少なくとも、配列番号 6 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド RRNA - 1、配列番号 7 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド RRNA - 2 または配列番号 8 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド RRNA - 3 の最も 5' 末端側のヌクレオチドに結合する連続的な少なくとも 14 ヌクレオチドの区間を含む。

【誤訳訂正 13】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0059

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【0059】

単なる一例に過ぎないが、配列番号 6 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド RRNA - 1 の少なくとも 14 個の連続的な 5' 末端ヌクレオチドの区間に結合する本発明のリバースプライマーは、例えば、ヌクレオチド配列 TTTT TTTT TTTT TTTT TTTT A、TTTT TTTT TTTT TTTT TTTT TTTT A または TTTT TTTT TTTT TTTT TTTT TTTT TTTT TTTT TTTT TTTT A を有しうるであろう。

【誤訳訂正 14】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0061

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【0061】

したがって、本発明のもう 1 つの実施形態は、サンプル中の複製性 sTTV の存在の検出方法に関するものであり、該方法は、

a) 配列番号 4 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド FRNA - a の連続的な少なくとも 14 ヌクレオチドの区間に結合するフォワードプライマーまたは配列番号 5 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド FRNA - b の連続的な少なくとも 14 ヌクレオチドの区間に結合するフォワードプライマーと、配列番号 6 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド RRNA - 1、配列番号 7 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド RRNA - 2 または配列番号 8 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド RRNA - 3 の少なくとも 14 個の連続的な 5' 末端ヌクレオチドの区間に結合する少なくとも 1 つのリバースプライマーとを含むプライマーセットを使用して該サンプルの逆転写ポリメラーゼ連鎖反応 (RT - PCR) を行い、

b) 工程 (a) の RT - PCR 増幅結果を検査する工程を含むことを特徴とする。

【誤訳訂正 15】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0062

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【0062】

フォワードプライマーとしては、好ましくは、オリゴヌクレオチド FRNA - a の連続的な少なくとも 14 ヌクレオチドの区間に結合するプライマーが使用される。これは、リアルタイム RT - PCR 反応における RT - PCR 産物の検出のための、オリゴヌクレオチド FRNA - b の連続的な少なくとも 14 ヌクレオチドの区間に結合するプローブの使用を可能にするであろう。

【誤訳訂正 16】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0063

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【 0 0 6 3 】

したがって、この実施形態の好ましい形態は、該フォワードプライマーが、配列番号 4 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド F R N A - a の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合することを特徴とする、本発明による複製性 s T T V の存在の検出方法に関する。

【 誤 訳 訂 正 1 7 】

【 訂 正 対 象 書 類 名 】 明 細 書

【 訂 正 対 象 項 目 名 】 0 0 6 4

【 訂 正 方 法 】 変 更

【 訂 正 の 内 容 】

【 0 0 6 4 】

配列番号 5 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド F R N A - b の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に基本的には結合するプローブはクエンチャー分子および蛍光体を含む。

【 誤 訳 訂 正 1 8 】

【 訂 正 対 象 書 類 名 】 明 細 書

【 訂 正 対 象 項 目 名 】 0 0 6 5

【 訂 正 方 法 】 変 更

【 訂 正 の 内 容 】

【 0 0 6 5 】

したがって、この実施形態のより好ましい形態は、該方法が、配列番号 5 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド F R N A - b の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合するプローブを使用して工程 (a) の P C R 増幅結果を検査する工程を更に含むことを特徴とする、本発明による複製性 s T T V の存在の検出方法に関する。

【 誤 訳 訂 正 1 9 】

【 訂 正 対 象 書 類 名 】 明 細 書

【 訂 正 対 象 項 目 名 】 0 0 6 7

【 訂 正 方 法 】 変 更

【 訂 正 の 内 容 】

【 0 0 6 7 】

したがって、本発明のもう 1 つの実施形態は、サンプル中の複製性 s T T V の存在の検出方法に関するものであり、該方法は、

a) 配列番号 1 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド F D N A - T T V の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合するフォワードプライマーと、配列番号 3 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド R D N A - T T V - r 2 の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合するリバースプライマーとを含むプライマーセットを使用して該サンプルのポリメラーゼ連鎖反応 (P C R) を行い、

b) 配列番号 4 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド F R N A - a の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合するフォワードプライマーと、配列番号 6 、配列番号 7 または配列番号 8 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド R R N A - 1 、 2 または 3 の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合する少なくとも 1 つのリバースプライマーとを含むプライマーセットを使用して該サンプルの逆転写ポリメラーゼ連鎖反応 (R T - P C R) を行い、

c) 工程 a) および b) の P C R 増幅結果を検査する同時工程を含むことを特徴とする。

【 誤 訳 訂 正 2 0 】

【 訂 正 対 象 書 類 名 】 明 細 書

【 訂 正 対 象 項 目 名 】 0 0 6 8

【 訂 正 方 法 】 変 更

【 訂 正 の 内 容 】

【 0 0 6 8 】

そしてまた、本発明のもう1つの実施形態は、サンプル中の複製性 s T T V の存在の検出方法に関するものであり、該方法は、

a) 配列番号1に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド F D N A - T T V の連続的な少なくとも14ヌクレオチドの区間に結合するフォワードプライマーと、配列番号2に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド R D N A - T T V - r 1 の連続的な少なくとも14ヌクレオチドの区間に結合するリバープライマーとを含むプライマーセットを使用して該サンプルのポリメラーゼ連鎖反応 (P C R) を行い、

b) 配列番号5に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド F R N A - b の連続的な少なくとも14ヌクレオチドの区間に結合するフォワードプライマーと、配列番号6、配列番号7または配列番号8に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド R R N A の連続的な少なくとも14ヌクレオチドの区間に結合する少なくとも1つのリバープライマーとを含むプライマーセットを使用して該サンプルの逆転写ポリメラーゼ連鎖反応 (R T - P C R) を行い、

c) 工程 a) および b) の (R T) - P C R 増幅結果を検査する同時工程を含むことを特徴とする。

【誤訳訂正21】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0076

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【0076】

本発明のもう1つの実施形態は、配列番号1に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド F D N A - T T V の連続的な少なくとも14ヌクレオチドの区間に結合するフォワードプライマーと、配列番号2に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド R D N A - T T V - r 1 の連続的な少なくとも14ヌクレオチドの区間に結合するリバープライマーまたは配列番号3に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド R D N A - T T V - r 2 の連続的な少なくとも14ヌクレオチドの区間に結合するリバープライマーとを含むプライマーセットに関する。

【誤訳訂正22】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0077

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【0077】

本発明のもう1つの実施形態は、配列番号4に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド F R N A - a の連続的な少なくとも14ヌクレオチドの区間に結合するフォワードプライマーまたは配列番号5に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド F R N A - b の連続的な少なくとも14ヌクレオチドの区間に結合するフォワードプライマーと、配列番号6に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド R R N A - 1、配列番号7に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド R R N A - 2 または配列番号8に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド R R N A - 3 の少なくとも14個の連続的な5'末端ヌクレオチドの区間に結合する少なくとも1つのリバープライマーとを含むプライマーセットに関する。

【誤訳訂正23】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0078

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【0078】

本発明の更にもう1つの実施形態は、配列番号2に示されている配列を有するオリゴヌ

クレオチド R D N A - T T V - r 1 の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間、または配列番号 5 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド F R N A - b の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合するプローブに関する。

【誤訳訂正 2 4】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0 0 8 0

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【0 0 8 0】

したがって、この実施形態の第 1 形態は、サンプル中のブタトルクテノウイルス (s T T V) の存在の検出のための診断試験キットであって、該キットは少なくとも、配列番号 1 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド F D N A - T T V の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合するフォワードプライマーと、配列番号 2 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド R D N A - T T V - r 1 の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合するリバープライマーまたは配列番号 3 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド R D N A - T T V - r 2 の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合するリバープライマーとを含むプライマーセットを含むことを特徴とする。

【誤訳訂正 2 5】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0 0 8 1

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【0 0 8 1】

この実施形態の好ましい形態においては、s T T V の存在の検出のための診断試験キットは、配列番号 2 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド R D N A - T T V - r 1 の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合するプローブを更に含む。

【誤訳訂正 2 6】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0 0 8 2

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【0 0 8 2】

また、もう 1 つの実施形態は、サンプル中の複製性 s T T V の存在の検出のための診断試験キットに関するものであり、該キットは、配列番号 4 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド F R N A - a の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合するフォワードプライマーまたは配列番号 5 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド F R N A - b の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合するフォワードプライマーと、配列番号 6 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド R R N A - 1、配列番号 7 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド R R N A - 2 または配列番号 8 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド R R N A - 3 の少なくとも 1 4 個の連続的な 5 ' 末端ヌクレオチドの区間に結合する少なくとも 1 つのリバープライマーとを含むプライマーセットを含むことを特徴とする。

【誤訳訂正 2 7】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0 0 8 3

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【0 0 8 3】

この実施形態の好ましい形態においては、複製性 s T T V の存在の検出のための診断試

験キットは、配列番号 5 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド F R N A - b の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合するプローブを更に含む。

【誤訳訂正 2 8】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0 0 8 5

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【0 0 8 5】

更にもう 1 つの実施形態は、サンプル中の s T T V s s D N A および s T T V ウイルス複製の存在の同時検出のための診断試験キットに関するものであり、該キットは、配列番号 1 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド F D N A - T T V の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合するフォワードプライマーと、配列番号 3 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド R D N A - T T V - r 2 の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合するリバープライマーとを含むプライマーセット、および配列番号 4 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド F R N A - a の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合するフォワードプライマーと、配列番号 6、配列番号 7 または配列番号 8 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド R R N A の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合する少なくとも 1 つのリバープライマーとを含むプライマーセットを含むことを特徴とする。

【誤訳訂正 2 9】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0 0 8 6

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【0 0 8 6】

更にもう 1 つの実施形態は、サンプル中の s T T V s s D N A および s T T V ウイルス複製の存在の同時検出のための診断試験キットに関するものであり、該キットは、配列番号 1 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド F D N A - T T V の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合するフォワードプライマーと、配列番号 2 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド R D N A - T T V - r 1 の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合するリバープライマーとを含むプライマーセット、および配列番号 5 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド F R N A - b の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合するフォワードプライマーと、配列番号 6、配列番号 7 または配列番号 8 に示されている配列を有するオリゴヌクレオチド R R N A の連続的な少なくとも 1 4 ヌクレオチドの区間に結合する少なくとも 1 つのリバープライマーとを含むプライマーセットを含むことを特徴とする。