

特許情報は同時に開発動向を示唆する重要なテクノロジー情報でもあります

ガイドブックシリーズのねらい

このガイドブックシリーズでは技術テーマを絞り、特許情報から見た最新のテクノロジー情報をお届けすることをねらいとしています。

編集方針は、絞り込まれた特定の技術テーマに対して下記を意図しております。

- ・最近の出願にあらわれる技術を知る
- ・最近の出願から技術課題を知る
- ・最近の出願企業を知る
- ・自己の課題の相対的位置を知る
- ・発明の出願形態(書き方、内容)を知る

★特許情報は技術者・研究者に役立つテクノロジー情報です

最近の研究開発の成果が反映されたテクノロジー情報です。競合各社の技術者・研究者も、開発に携わる皆様と同じ技術テーマについて、直面する課題や対応技術に取り組んでいます。特許情報は、それぞれが得意とする技術や注力度合い、目指す技術的方向を反映する信頼度の高い技術情報です。

★ガイドブックシリーズでは

特定テーマについて実際の製品開発や改良研究を行っている企業第一線の技術者や研究者を読者として想定しています。直近数年の特許出願に限り、技術テーマを具体的に絞り込んだうえで、特許・技術の双方をみわたすガイドとなる典型例を各巻ごとに70~200件程度、掲載しました。

各巻では、技術的観点（アングル）に従って平明でわかりやすく分類しています。それぞれのアングルには、できるだけ多くの特許情報を盛り込めるように工夫しています。また、巻頭にはガイドマップを載せています。アングルごとに内容を表わす図面を選び、扇形に配置した全体を見渡す俯瞰マップです。目次も兼ねています。さらに詳しく調べる上で役に立つ特許分類（IPC/FI）のガイドもぜひご利用ください。巻末には、収録した特許情報の一覧表を収録しました。

技術と特許の双方をにらんだ実戦的ガイドブックとして、本書をご活用ください。

株式会社ネオテクノロジー

がん診断マーカーの最新技術

本書で取り上げる技術対象

本書はがん診断マーカーに着目し、DNA、RNA、蛋白質・ペプチド、糖鎖および脂質その他の5つに区別して研究者が見ておくべき特許情報69件を厳選しました。がん診断マーカーとしてDNAの変異や同定で診断する方法、RNAの発現・検出で診断する方法、そして蛋白質・ペプチドを分析して解析する診断方法が急速な発展を遂げています。また、糖鎖や脂質等を解析することによって、微量の血液や尿、唾液といった採取しやすいサンプルから迅速解析できる方法が開発されてきています。さらに、がんの臭いから分析するという方法も出てきています。このような技術の進展により、早期がんの診断や治療効果、予後に関する診断もできるようになる可能性が推測されます。本書は、最新のがん診断マーカーの全体動向を知る情報として、また、新しい診断方法開発のための具体的なテーマを考えるヒント等としてご利用いただくことができます。

◆DNA（変異、同定）

DNA解析によるがん種類の特定や、DNA変異の同定による悪性度の判定などの新しい診断方法に特徴がある特許情報を取り上げました。

◆RNA（発現、検出）

RNAの発現パネルやプロファイリングなどの新しい診断方法に特徴がある特許情報を取り上げました。

◆タンパク質・ペプチド

診断のためのマーカーとして、蛋白質やペプチドを用いる新しい診断方法に特徴がある特許情報を取り上げました。

◆糖鎖

がん診断のためのマーカーとして糖鎖を用いる新しい診断方法に特徴がある特許情報を取り上げました。

◆脂質・その他

診断のためのマーカーとして脂質等を用いる新しい診断方法に関する特許情報を取り上げました。

DNA(変異、同定)

アングルの定義

DNA解析によるがん種類の特定や、DNA変異の同定による悪性度の判定などの新しい診断方法に特徴がある特許情報を取り上げました。

IPC	件数	FI	件数
C12Q 1/68 (20060101)	24	C12Q 1/68 A	13
C12N 15/09 (20060101)	18	C12N 15/00 A	11
A61P 35/00 (20060101)	7	C12Q 1/68 ZNAA	6
G01N 33/53 (20060101)	6	A61K 45/00	4
A61K 45/00 (20060101)	4	A61P 35/00	4
以下続く		以下続く	

審査請求 未請求 請求項の数1 O L 公開請求 (全11頁) (43)公開日 平成29年(2017)1月12日

(51) Int.Cl.		テ-マコード' (参)	F I			(21)特願2016-6770
C12Q 1/48	(2006.01)	4B024	C12Q 1/48	ZNA Z		
C12N 9/99	(2006.01)	4B063	C12N 9/99			(22)平成28年(2016)1月18日
G01N 33/574	(2006.01)		G01N 33/574	A		
C12N 15/09	(2006.01)		C12N 15/00	A		

【Fターム】 4B024 AA12 CA04 HA14
4B063 QA01 QA17 QA19 QQ02
QQ08 QQ27 QQ42 QR07

[続きあり]

(71)出願人 アステラス製薬株式会社 東京都中央区日本橋本町二丁目5番1号
(72)発明者 鈴木 智之(外1名)

(54)【発明の名称】膀胱癌におけるFGFR3変異体の検出法

(57)【要約】

【課題】 FGFR阻害剤耐性膀胱癌の原因である新たな遺伝子変異を解明し、これにより、当該遺伝子変異又は当該変異に基づくタンパク質を検出することによる、被験者におけるFGFR阻害剤耐性膀胱癌の存在を検出する方法及び被験者におけるFGFR阻害剤耐性膀胱癌を診断する方法を提供することを課題とする。

【解決手段】 被験者におけるFGFR阻害剤耐性膀胱癌の存在を検出する方法であって、被験者から得た試料中の、線維芽細胞増殖因子受容体3 (FGFR3) チロシンキナーゼドメインの97番目のバリンからメチオニン又はロイシンへの変異の存在を検出する工程を包含する、方法。

【選択図】 なし

【発明を実施するための形態】

【0014】

《本発明の検出方法》

本発明の検出方法は、被験者におけるFGFR阻害剤耐性膀胱癌の存在を検出する方法であり、被験者から得た試料中のFGFR3のチロシンキナーゼドメインにおける点変異の存在を検出する工程を含む。

【0015】

被験者から得る試料としては、被験者からの採取物(生体から分離した試料)、具体的には、任意の採取された細胞、体液(血液、口腔粘液、循環腫瘍細胞(Circulating tumor cell)、エキソソーム等)、生検された試料等を用いるが、好ましくは生検された試料を用いる。採取した試料からゲノムDNAもしくはRNAを抽出して用いることができ、またその転写産物(ゲノムが転写、逆転写及び翻訳される結果生じる産物;例えば、mRNA、cDNA、蛋白質)を用いることができる。特に、mRNA又はcDNAを調製して用いることが好ましい。

【0016】

[続きあり]

【技術分野】

【0001】

本発明は、膀胱癌におけるFGFRを阻害する薬剤に対する耐性の原因である新たなゲートキーパー変異を同定する方法及び被験者におけるFGFRを阻害する薬剤に対する耐性を有する膀胱癌の出現を検出する方法に関する。

【特許請求の範囲】

【請求項1】

被験者におけるFGFR阻害剤耐性膀胱癌の存在を検出する方法であって、被験者から得た試料中の、線維芽細胞増殖因子受容体3 (FGFR3) チロシンキナーゼドメインの97番目のバリンからメチオニン又はロイシン

への変異の存在を検出する工程を包含する、方法。

(51) Int.Cl.		テ-マコード' (参)	F I		(21)特願2014-33976
C12Q 1/68	(2006.01)	4B024	C12Q 1/68	A	
C12N 15/09	(2006.01)	4B063	C12N 15/00	A	(22)平成26年(2014)2月25日
C12N 15/00	(2006.01)	4H045	C12N 15/00	ZNA	
C07K 19/00	(2006.01)		C07K 19/00		

【Fターム】 4B024 AA11 BA80 CA04 CA20
DA02 EA02 EA04 GA13
4B063 QA01 QA19 QQ42 QQ79

[続きあり]

(71)出願人 アステラス製薬株式会社
(72)発明者 中澤 泰介(外4名)

東京都中央区日本橋本町二丁目5番1号

(54)【発明の名称】 DNA J B 1 - P R K A C A 遺伝子の検出方法

(57)【要約】

【課題】 癌の新たな原因遺伝子であるポリヌクレオチドを解明し、これにより、当該ポリヌクレオチド又はそれにコードされるポリペプチドの検出方法、並びにそのためのプライマーセット、及び検出用キットを提供することを課題とする。

【解決手段】 前記検出方法では、DNA J B 1 遺伝子の一部と P R K A C A 遺伝子の一部との融合遺伝子、又はそれにコードされる融合蛋白質を検出する。前記プライマーセットは、DNA J B 1 をコードする部分から設計されるセンスプライマーと、P R K A C A をコードする部分から設計されるアンチセンスプライマーを含む。

【選択図】 なし

【発明を実施するための形態】

【0023】

《本発明の検出方法》

本発明の検出方法には、融合遺伝子の検出方法と、融合遺伝子にコードされる融合蛋白質の検出方法とが含まれる。本発明の融合遺伝子の検出方法又は本発明の融合蛋白質の検出方法は、被験者から得た試料中の、特定のポリヌクレオチド又はポリペプチドの存在を検出する工程を含む。

【0024】

被験者から得た試料としては、被験者からの採取物(生体から分離した試料)、具体的には、任意の採取された細胞、組織、体液(血液、口腔粘液、循環腫瘍細胞(Circulating tumor cell)、エキソソーム等)、生検された試料等を用いるが、好ましくは、生検された試料を用いる。採取した試料からゲノムDNAを抽出して用いることができ、又はその転写産物(ゲノムが転写及び翻訳される結果生じる産物;例えば、mRNA、蛋白質)やmRNAから調製したcDNAを用いることができる。特に、mRNA又はcDNA [続きあり]

【技術分野】

【0001】

本発明は、P R K A C A キナーゼ領域を含む新規の融合遺伝子又は当該融合遺伝子によってコードされる融合蛋白質の検出方法に関する。

【特許請求の範囲】

【請求項1】

被験者から得た試料中の、以下のポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの存在を検出する工程を含む、ドナジェーホモログサブファミリーBメンバー1(DNA J B 1) 遺伝子とプロテインキナーゼサイクリックエーエムピーディペンデントカタリティックアルファ(P R K A C A) 遺伝子との融合遺伝子の検出方法:

配列番号2に示されるアミノ酸配列との同一性が90%以上であるアミノ酸配列を含み、しかも腫瘍形成能を有するポリペプチド。

【請求項2】

前記ポリペプチドが、配列番号2に示されるアミノ酸配列を含み、しかも腫瘍形成能を有するポリペプチド、又は、配列番号2に示されるアミノ酸配列において、1~10個のアミノ酸が欠失、置換、及び/若しくは挿入されたアミノ酸配列を含み、しかも腫瘍形成能を有するポリペプチドである、請求項1に記載の方法。

【請求項3】

前記ポリペプチドが、配列番号2に示されるアミノ酸配列からなるポリペプチドである、請求項1に記載の方法。

RNA(発現、検出)

アングルの定義

RNAの発現パネルやプロファイリングなどの新しい診断方法に特徴がある特許情報を取り上げました。

IPC			件数	FI		件数
C12Q	1/68	(20060101)	18	C12Q	1/68 A	9
C12N	15/09	(20060101)	13	C12Q	1/68 ZNAA	9
A61P	35/00	(20060101)	8	A61P	35/00	8
G01N	33/50	(20060101)	6	C12N	15/00 A	7
A61K	38/00	(20060101)	5	G01N	33/50 P	6
A61P	43/00	(20060101)	5			

審査請求 未請求 請求項の数7 O L

(全13頁)

(43)公開日 平成29年(2017)2月9日

(51) Int.Cl.		テ-マコード' (参)	F I		(21)特願2015-153483
C12Q 1/68	(2006.01)	2G045	C12Q 1/68	A	
G01N 33/50	(2006.01)	4B063	G01N 33/50	P	(22)平成27年(2015)8月3日
C12Q 1/04	(2006.01)		C12Q 1/04		

【Fターム】 2G045 AA26 CB02 DA14 FB02
4B063 QA18 QA19 QQ02 QQ08
QQ10 QQ53 QR08 QR32

[続きあり]

(71)出願人 国立大学法人 東京大学
(72)発明者 長 阪 一 憲 (外1名)

東京都文京区本郷七丁目3番1号

(54)【発明の名称】 ウイルス性婦人科癌の診断方法

(57)【要約】 (修正有)

【課題】子宮頸癌等の、ウイルス性婦人科癌の診断およびその予後の予測ができる新規の方法の提供。

【解決手段】ウイルス性婦人科癌の患者から採取した細胞における感染ウイルスの転写産物量を、転写開始点ごとに測定する工程、前記感染ウイルスの転写開始点ごとの転写産物量を解析する工程を含み、前記感染ウイルスがヒトパピローマウイルスであり、前記転写産物がヒトパピローマウイルスの前期プロモーターにより制御される少なくとも一つの転写開始点に由来する転写産物及び/又はヒトパピローマウイルスの後期プロモーターにより制御される少なくとも一つの転写開始点に由来する転写産物である、ウイルス性婦人科癌の診断又は予後を予測する方法。

【選択図】なし

【実施例】

【0037】

以下、本発明を実施例によりさらに具体的に説明する。ただし、本発明はこれらの実施例に何ら限定されない。

【0038】

[細胞試料]

本実施例の被検対象となる細胞試料として、HPV16陽性の子宮頸部異形成由来のW12E細胞、軽度異形成に分類される子宮頸部上皮内腫瘍の患者から臨床的に採取した細胞(CIN1: Cervical Intraepithelial Neoplasia 1)、およびHPV16陽性の子宮頸癌由来のSiHa細胞ならびにCaSki細胞の各細胞系統を用いた。

【0039】

[転写産物量の測定および解析]

miRNeasy (Qiagen社製)を用いて、各細胞試料から5 µgのRNAを抽出した。抽出したRNAの質を、バイオアナライザー (Agilent社製)を用いて評価し、RIN (RNA integrity number) > 7.0に標準化した。分光光度計Nano Drop (Thermo SCIENTIFIC社製)を用いた定量により、A260/280およびA260/230のそれぞれの比が1 [続きあり]

【技術分野】

【0001】

本発明は、ウイルス性婦人科癌の診断方法等に関する。

【特許請求の範囲】

【請求項1】

ウイルス性婦人科癌の患者から採取した細胞における感染ウイルスの転写産物量を、転写開始点ごとに測定する工程、
前記感染ウイルスの転写開始点ごとの転写産物量を解析する工程、
を含み、
前記感染ウイルスがヒトパピローマウイルスであり、
前記転写産物がヒトパピローマウイルスの前期プロモ

ーターにより制御される少なくとも一つの転写開始点に由来する転写産物および/またはヒトパピローマウイルスの後期プロモーターにより制御される少なくとも一つの転写開始点に由来する転写産物である、
ウイルス性婦人科癌の診断または予後を予測する方法。

【請求項2】

前記細胞が、ウイルスが感染した組織から採取されたものである、請求項1に記載の方法。

【請求項3】

前記解析する工程が、
前記患者におけるヒトパピローマウイルスの前期プロモーターにより制御される転写開始点群に由来する転写産物の発現量を測定し、
前記患者におけるヒトパピローマウイルスの後期プロモ

ーターにより制御される転写開始点群に由来する転写産物の発現量を測定し、

前記患者の前記各転写開始点群に由来する転写産物の発現量の最大値の比と、前記各転写開始点群に由来する転写産物の発現量の最大値の比についての標準参照値とを比較すること

を含む、請求項1または2に記載の方法。

【請求項4】

前記解析する工程が、

前記患者におけるヒトパピローマウイルスの前期プロモーターにより制御される転写開始点群に由来する転写産物の発現パターンを検出し、

前記患者におけるヒトパピローマウイルスの後期プロモーターにより制御される転写開始点群に由来する転写産物の発現パターンを検出し、

前記患者の前記各転写開始点群に由来する転写産物の発現量のパターンと、前記各転写開始点群に由来する転写

産物の発現量のパターンについての標準参照パターンとを比較すること

を含む、請求項1または2に記載の方法。

【請求項5】

前記転写産物がmRNAである、請求項1～4のいずれか一項に記載の方法。

【請求項6】

前記測定する工程および/または解析する工程を、リアルタイムPCR、RT-PCR、CAGE法、ノーザンブロットティング、マイクロアレイ、免疫測定法、SAGE法、CAGE法、質量分析法および分子間相互作用解析からなる群から選ばれる1種以上の方法を用いて行う、請求項1～5のいずれか一項に記載の方法。

【請求項7】

前記ウイルス性婦人科癌が子宮頸癌である、請求項1～6のいずれか一項に記載の方法。

審査請求 有 請求項の数46 O L 外国語出願 (全109頁) (43)公開日 平成29年(2017)3月30日

(51) Int.Cl.	テ-マコード' (参)	F I	(21)特願2016-231391
C12Q 1/68 (2006.01)	4B029	C12Q 1/68	(62)特願2015-94856の分割
C12M 1/00 (2006.01)	4B063	C12M 1/00	原願 平成20年(2008)10月6日
C12N 15/09 (2006.01)		C12N 15/00	(22)平成28年(2016)11月29日
			優(31)562237
			先(32)平成19年(2007)10月5日
			権(33)ニュージーランド(NZ)

【 F ターム 】 4B029 AA07 BB11 CC02 CC03
CC08 FA15
4B063 QA01 QA13 QA19 QQ02

[続きあり]

(71)出願人 パシフィック エッジ バイオテクノロジー* ニュージーランド国、ダニディン、モレー・プレイス *
(72)発明者 アンジョムシヨアー、アーマッド(外3名)

(54)【発明の名称】胃腸癌での増殖の徴候及び予後

(57)【要約】 (修正有)

【課題】患者における癌、特に胃腸癌、例えば胃癌又は結腸直腸癌などのための予後を判断するための方法及びアレイの提供。

【解決手段】胃腸癌の再発を伴わない胃腸癌患者から得られた胃腸サンプル中で1つ又は複数の予後診断用RNA転写物又はそれらの発現産物の発現レベル、ここで、胃腸癌組織サンプル中での全てのRNA転写物もしくはそれらの産物、又はRNA転写物もしくはそれらの発現産物の参照セットの発現レベルに対して正規化されている、を決定する方法、及び当該RNA転写物にハイブリダイズするポリヌクレオチドを含むアレイ。

【選択図】なし

実施例

本明細書に記載する実施例は、本発明の実施態様を例証する目的のためである。分析の他の実施態様、方法、及び型は、分子診断技術における当業者の範囲内であり、本明細書では詳細に記載する必要はない。当技術分野の範囲内の他の実施態様は、本発明の一部と見なされる。

【 0 1 5 6 】

実施例1：細胞培養

実験計画を図1に示す。10の結腸直腸細胞株を培養し、半コンフルエンス及び完全コンフルエンスで回収した。2つの成長段階の遺伝子発現プロファイルを30,000オリゴヌクレオチドアレイで解析し、遺伝子増幅徴候(GPS;表C)を、異なって発現される遺伝子の遺伝子オンロジー分析により同定した。教師なしクラスタリングを次に使用し、GPS発現の類似性に基づき、臨床的結腸直腸サンプルの2つのコホート(コホートA:73オリゴアレイ上の病期I-IV、コホートB:55 Affymetrixチップ上の病期II)を独立的に二分した。Ki-67免疫染色は、コホートA腫瘍からの組織切片でも実施した。これに従い、増殖活性と [続きあり]

【技術分野】

【 0 0 0 1 】

発明の属する技術分野

本発明は、癌、特に胃腸癌の予後を患者において判断するための方法及び組成物に関する。

【特許請求の範囲】

【請求項1】

表A、表B、表C、又は表Dから選択される1つ又は複数の遺伝子を含む、患者において胃腸癌の進行を判断するための予後徴候。

【請求項2】

徴候が、CDC2、MCM6、RPA3、MCM7、PCNA、G22P1、KPNA2、ANLN、APG7

L、TOPK、GMNN、RRM1、CDC45L、MAD2L1、RAN、DUT、RRM2、CDK7、MLH3、SMC4L1、CSPG6、POLD2、POLE2、BCCIP、Pfs2、Trex1、BUB3、FEN1、DRF1、PREI3、CCNE1、RPA1、POLE3、RFC4、MCM3、CHEK1、CCND1、及びCDC37のいずれかから選択される1つ又は複数の遺伝子を含む、請求項1記載の徴候。

【請求項3】

胃腸癌の再発を伴わない胃腸癌患者の長期生存の可能性を予測する方法であって、患者から得られた胃腸サンプル中で1つ又は複数の予後診断用RNA転写物又はそれらの発現産物の発現レベル、ここで、胃腸癌組織サンプル中での全てのRNA転写物もしくはそれらの産物、又

はRNA転写物もしくはそれらの発現産物の参照セットの発現レベルに対して正規化されている、を決定すること；ここで予後診断用RNA転写物は、表A、表B、表C、又は表Dから選択される1つ又は複数の遺伝子の転写物であり；及び

胃腸癌の再発を伴わない長期生存の可能性を確立すること

を含む方法。

【請求項4】

少なくとも1つの予後診断用RNA転写物又はその発現産物が、CDC2、MCM6、RPA3、MCM7、PCNA、G22P1、KPNA2、ANLN、APG7L、TOPK、GMNN、RRM1、CDC45L、MAD2L1、RAN、DUT、RRM2、CDK7、MLH3、SMC4L1、CSPG6、POLD2、POLE2、BCCIP、Pfs2、TREX1、BUB3、FEN1、DRF1、PREI3、CCNE1、RPA1、POLE3、RFC4、MCM3、CHEK1、CCND1、及びCDC37のいずれか1つから選択される、請求項3記載の方法。

【請求項5】

少なくとも2つ、少なくとも5つ、少なくとも10、又は少なくとも15の予後診断用RNA転写物又はそれらの発現産物の発現レベルを決定することを含む、請求項3又は請求項4に記載の方法。

【請求項6】

1つ又は複数の予後診断用RNA転写物又はそれらの発現産物の発現増加が、胃腸癌の再発を伴わない長期生存の可能性増加を示す、請求項3～5のいずれか一項記載の方法。

【請求項7】

予測モデルを適用し、予測方法を再発性腫瘍サンプル及び非再発性腫瘍サンプル中での予測徴候の発現レベルに適用することで確立し、胃腸癌の再発を伴わない長期生存の可能性を確立する、請求項3～5のいずれか一項記載の方法。

【請求項8】

予測方法が、線形モデル、サポートベクターマシン、ニューラルネットワーク、分類ツリー及び回帰ツリー、アンサンブル学習法、判別分析、最短距離法、ベイジアン・ネットワーク、独立成分分析からなる群より選択される、請求項7記載の方法。

【請求項9】

胃腸癌が胃癌又は結腸直腸癌である、請求項3～8のいずれか一項記載の方法。

【請求項10】

1つ又は複数の予後診断用RNA転写物の発現レベルが決定される、請求項3～9のいずれか一項記載の方法。

【請求項11】

RNAを患者の固定ワックス包埋胃腸癌組織標本から単

離する、請求項3～10のいずれか一項記載の方法。

【請求項12】

RNAをコア生検組織又は細針吸引細胞から単離する、請求項3～10のいずれか一項記載の方法。

【請求項13】

表A、表B、表C、又は表Dから選択される2つ又はそれ以上の遺伝子にハイブリダイズするポリヌクレオチドを含むアレイ。

【請求項14】

遺伝子：CDC2、MCM6、RPA3、MCM7、PCNA、G22P1、KPNA2、ANLN、APG7L、TOPK、GMNN、RRM1、CDC45L、MAD2L1、RAN、DUT、RRM2、CDK7、MLH3、SMC4L1、CSPG6、POLD2、POLE2、BCCIP、Pfs2、TREX1、BUB3、FEN1、DRF1、PREI3、CCNE1、RPA1、POLE3、RFC4、MCM3、CHEK1、CCND1、及びCDC37の2つ又はそれ以上にハイブリダイズするポリヌクレオチドを含む、請求項13記載のアレイ。

【請求項15】

少なくとも3つ、少なくとも5つ、少なくとも10、又は少なくとも15の遺伝子にハイブリダイズするポリヌクレオチドを含む、請求項13又は請求項14に記載のアレイ。

【請求項16】

遺伝子：CDC2、MCM6、RPA3、MCM7、PCNA、G22P1、KPNA2、ANLN、APG7L、TOPK、GMNN、RRM1、CDC45L、MAD2L1、RAN、DUT、RRM2、CDK7、MLH3、SMC4L1、CSPG6、POLD2、POLE2、BCCIP、Pfs2、TREX1、BUB3、FEN1、DRF1、PREI3、CCNE1、RPA1、POLE3、RFC4、MCM3、CHEK1、CCND1、及びCDC37にハイブリダイズするポリヌクレオチドを含む、請求項13記載のアレイ。

【請求項17】

ポリヌクレオチドがcDNAである、請求項13～16のいずれか一項記載のアレイ。

【請求項18】

cDNAが約500～5000塩基長である、請求項17記載のアレイ。

【請求項19】

ポリヌクレオチドがオリゴヌクレオチドである、請求項13～16のいずれか一項記載のアレイ。

【請求項20】

オリゴヌクレオチドが約20～80塩基長である、請求項19記載のアレイ。

【請求項21】

固体表面がガラスである、請求項13～20のいずれか

一項記載のアレイ。

【請求項22】

胃腸癌の再発を伴わない、胃腸癌と診断された患者の長期生存の可能性を予測する方法であって：

(1) 患者から得られた胃腸癌組織サンプル中で、表A、表B、表C、又は表Dから選択される遺伝子のRNA転写物又は発現産物の発現レベル、ここで、胃腸癌組織サンプル中での全てのRNA転写物又はそれらの発現産物、又はRNA転写物もしくはそれらの産物の参照セットの発現レベルに対して正規化されている、を決定すること；

(2) 工程(1)で得られたデータを統計分析にかけること；及び

(3) 長期生存の可能性が増加又は減少しているかを決定すること；

の工程、

及び胃腸癌の再発を伴わない長期生存の可能性を確立すること

を含む方法。

【請求項23】

少なくとも1つの予後診断用RNA転写物又はその発現産物が、CDC2、MCM6、RPA3、MCM7、PCNA、G22P1、KPNA2、ANLN、APG7L、TOPK、GMNN、RRM1、CDC45L、MAD2L1、RAN、DUT、RRM2、CDK7、MLH3、SMC4L1、CSPG6、POLD2、POLE2、BCCIP、Pfs2、TREX1、BUB3、FEN1、DRF1、PREI3、CCNE1、RPA1、POLE3、RFC4、MCM3、CHEK1、CCND1、及びCDC37のいずれか1つから選択される、請求項22記載の方法。

【請求項24】

統計分析を、Cox比例ハザードモデルを使用することにより実施する、請求項22又は請求項23に記載の方法。

【請求項25】

癌患者についての個別化されたゲノムクスプロファイルを作成する方法であって：(a) 患者から得られた胃腸癌組織から抽出されたRNAを遺伝子発現解析にかけること；(b) 表A、表B、表C、又は表Dのいずれか1つに列挙する胃腸癌遺伝子セットから選択される1つ又は複数の遺伝子の発現レベル、ここで、発現レベルは対照遺伝子に対して正規化され、場合により胃腸癌参照組織セットで見出される量と比較される、を決定すること；及び(c) 遺伝子発現解析により得られたデータをまとめる報告を作成すること、の工程を含む方法。

【請求項26】

胃腸癌組織が胃腸癌細胞を含む、請求項24記載の方法。

【請求項27】

胃腸癌組織が固定パラフィン包埋生検サンプルから得られ

る、請求項24記載の方法。

【請求項28】

RNAが断片化されている、請求項27記載の方法。

【請求項29】

報告が患者の長期生存の可能性の予測を含む、請求項22～28のいずれか一項記載の方法。

【請求項30】

報告が患者の処置法のための推奨事項を含む、請求項22～29のいずれか一項記載の方法。

【請求項31】

(a) 患者から得られた胃腸癌細胞を含むサンプルを、表A、表B、表C、又は表Dのいずれか1つから選択される少なくとも1つの遺伝子のRNA転写物、又はその産物のレベルの定量的分析にかけること；及び(b) 遺伝子、又はそれらの産物の正規化された発現レベルが、定めた発現閾値を上回る場合、胃腸癌の再発を伴わない長期生存の可能性の増加を有する可能性が高い患者を特定すること

を含む予後診断方法。

【請求項32】

少なくとも1つの予後診断用RNA転写物又はその発現産物が、CDC2、MCM6、RPA3、MCM7、PCNA、G22P1、KPNA2、ANLN、APG7L、TOPK、GMNN、RRM1、CDC45L、MAD2L1、RAN、DUT、RRM2、CDK7、MLH3、SMC4L1、CSPG6、POLD2、POLE2、BCCIP、Pfs2、TREX1、BUB3、FEN1、DRF1、PREI3、CCNE1、RPA1、POLE3、RFC4、MCM3、CHEK1、CCND1、及びCDC37のいずれか1つから選択される、請求項31記載の方法。

【請求項33】

遺伝子のRNA転写物のレベルが、2つ又はそれ以上のハウスキーピング遺伝子のRNA転写物又は産物の平均レベルに対して正規化される、請求項31又は請求項32に記載の方法。

【請求項34】

ハウスキーピング遺伝子が、グリセルアルデヒド-3-リン酸デヒドロゲナーゼ(GAPDH)、Cyp1、アルブミン、アクチン、チューブリン、シクロフィリンヒポキサンチンホスホリボシルトランスフェラーゼ(HRPT)、L32、28S、及び18Sからなる群より選択される、請求項33記載の方法。

【請求項35】

サンプルを、検出限界を上回り存在する全ての遺伝子の包括的遺伝子発現解析にかける、請求項31～34のいずれか一項記載の方法。

【請求項36】

遺伝子のRNA転写物のレベルが、アッセイされた全ての遺伝子又はそのサブセットのRNA転写物又は産物の

平均シグナルに対して正規化される、請求項3 1～3 5のいずれか一項記載の方法。

【請求項37】

RNA転写物のレベルを定量的RT-PCRにより測定し、そしてシグナルがCt値である、請求項3 1～3 6のいずれか一項記載の方法。

【請求項38】

アッセイされた遺伝子が少なくとも50又は少なくとも100の癌関連遺伝子を含む、請求項3 6記載の方法。

【請求項39】

患者がヒトである、請求項3 1～3 8のいずれか一項記載の方法。

【請求項40】

サンプルが固定パラフィン包埋組織(FPET)サンプル、又は新鮮もしくは凍結組織サンプルである、請求項3 1～3 9のいずれか一項記載の方法。

【請求項41】

サンプルが、細針、コア、又は他のタイプの生検からの組織サンプルである、請求項3 1～3 9のいずれか一項記載の方法。

【請求項42】

定量分析が定量的RT-PCRにより実施される、請求項3 1～4 1のいずれか一項記載の方法。

【請求項43】

定量分析が遺伝子の産物を定量することにより実施される、請求項3 1～4 1のいずれか一項記載の方法。

【請求項44】

産物が免疫組織化学により又はプロテオミクス技術により定量される、請求項3 1～4 1のいずれか一項記載の方法。

【請求項45】

患者が、胃腸癌の再発を伴わず、長期生存の可能性増加を有することを示す報告を作成する工程をさらに含む、請求項3 1～4 4のいずれか一項記載の方法。

【請求項46】

請求項3、25、及び3 1のいずれか一項記載の方法の実施に適する、(1)抽出緩衝液/試薬及びプロトコール；(2)逆転写緩衝液/試薬及びプロトコール；ならびに(3)定量的RT-PCR緩衝液/試薬及びプロトコールの1つ又は複数を含むキット。

(補正済み)

IPC/FIガイド

IPC/FIガイド

深掘した調査を行う上でのガイドとしてもご利用いただけます。深掘調査には特許分類 IPC（国際特許分類）や日本特許庁独自の FI（ファイルインデックス）を使うと便利です。この IPC/FI ガイドでは、本書で実際にとりあげた全アングルの特許情報に用いられている IPC と FI を抽出し、掲載しています。実際の公報に付与されている IPC と FI を知り、それに基づいて類似の公報を探る場合の手がかりとしてご利用いただくことを目的としています。IPC、FI の説明は「特許情報プラットフォーム」をご参照ください。

「特許情報プラットフォーム」<https://www.j-platpat.inpit.go.jp/>

がん診断マーカーの最新技術 上位 5 位の IPC/FI

- ・ 頻出度上位 5 位までを掲載しています。
- ・ IPC は発明情報、付加情報の区別なく集計しています。
- ・ FI は公報フロントページではなく、審査経過情報に付与されている FI を記載しています。編集時点で審査経過情報の無いものは除いています。

DNA(変異、同定):26 件

IPC	件数	FI	件数
C12Q 1/68 (20060101)	24	C12Q 1/68 A	13
C12N 15/09 (20060101)	18	C12N 15/00 A	11
A61P 35/00 (20060101)	7	C12Q 1/68 ZNAA	6
G01N 33/53 (20060101)	6	A61K 45/00	4
A61K 45/00 (20060101)	4	A61P 35/00	4
以下続く		以下続く	

RNA(発現、検出):19 件

IPC	件数	FI	件数
C12Q 1/68 (20060101)	18	C12Q 1/68 A	9
C12N 15/09 (20060101)	13	C12Q 1/68 ZNAA	9
A61P 35/00 (20060101)	8	A61P 35/00	8
G01N 33/50 (20060101)	6	C12N 15/00 A	7
A61K 38/00 (20060101)	5	G01N 33/50 P	6
A61P 43/00 (20060101)	5		