

(12) 特許協力条約に基づいて公開された国際出願

(19) 世界知的所有権機関
国際事務局

(43) 国際公開日
2013年2月14日(14.02.2013)



(10) 国際公開番号
WO 2013/021841 A1

- (51) 国際特許分類:
C12Q 1/68 (2006.01) *C12N 15/09* (2006.01)
- (21) 国際出願番号: PCT/JP2012/069170
- (22) 国際出願日: 2012年7月27日(27.07.2012)
- (25) 国際出願の言語: 日本語
- (26) 国際公開の言語: 日本語
- (30) 優先権データ:
特願 2011-172378 2011年8月5日(05.08.2011) JP
- (71) 出願人(米国を除く全ての指定国について): 株式会社 東芝 (KABUSHIKI KAISHA TOSHIBA) [JP/JP]; 〒1058001 東京都港区芝浦一丁目1番1号 Tokyo (JP).
- (72) 発明者; および
- (75) 発明者/出願人(米国についてのみ): 中村 奈緒子 (NAKAMURA, Naoko) [JP/JP]. 橋本 幸二 (HASHIMOTO, Koji) [JP/JP]. 橋本 みちえ (HASHIMOTO, Michie) [JP/JP]. 源間 信弘 (GEMMA, Nobuhiro) [JP/JP]. 二階堂 勝 (NIKAI, Masaru) [JP/JP].
- (74) 代理人: 蔵田 昌俊, 外 (KURATA, Masatoshi et al.); 〒1050001 東京都港区虎ノ門1丁目12番9号 鈴榮特許総合事務所内 Tokyo (JP).

- (81) 指定国(表示のない限り、全ての種類の国内保護が可能): AE, AG, AL, AM, AO, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BH, BN, BR, BY, BZ, CA, CH, CL, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DO, DZ, EC, EE, EG, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, GT, HN, HR, HU, ID, IL, IN, IS, KE, KG, KM, KN, KP, KR, KZ, LA, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LY, MA, MD, ME, MG, MK, MN, MW, MX, MY, MZ, NA, NG, NI, NO, NZ, OM, PE, PG, PH, PL, PT, QA, RO, RS, RU, RW, SC, SD, SE, SG, SK, SL, SM, ST, SV, SY, TH, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VC, VN, ZA, ZM, ZW.
- (84) 指定国(表示のない限り、全ての種類の広域保護が可能): ARIPO (BW, GH, GM, KE, LR, LS, MW, MZ, NA, RW, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), ユーラシア (AM, AZ, BY, KG, KZ, RU, TJ, TM), ヨーロッパ (AL, AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HR, HU, IE, IS, IT, LT, LU, LV, MC, MK, MT, NL, NO, PL, PT, RO, RS, SE, SI, SK, SM, TR), OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

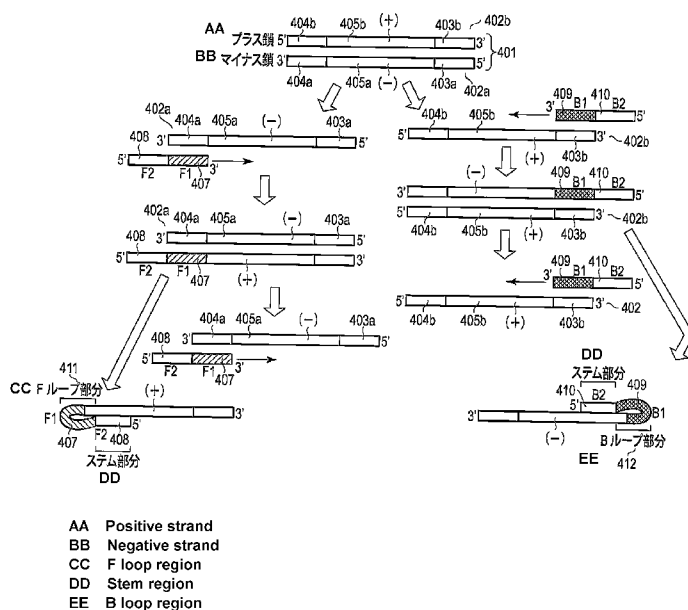
添付公開書類:

- 国際調査報告(条約第21条(3))
- 明細書の別個の部分として表した配列リスト(規則 5.2(a))

(54) Title: NUCLEIC ACID ANALYSIS METHOD

(54) 発明の名称: 核酸解析法

[図4]



(57) Abstract: An embodiment relates to a nucleic acid analysis method for a sample. The nucleic acid analysis method comprises subjecting the sample to an amplification reaction using a first primer and a second primer, reacting an amplification reaction product with a nucleic acid probe, determining the occurrence of hybridization and/or the amount of the hybridization, and determining the presence of a target nucleic acid and/or the abundance of the target nucleic acid in the sample. The amplification product produced using the first primer and/or the second primer forms a stem-loop structure. The nucleic acid analysis on the sample can be achieved by detecting the occurrence of the hybridization between a nucleic acid probe complementary to the sequence for a loop structure and the amplification product and/or abundance of the hybridization.

(57) 要約: 実施形態は検体についての核酸解析法に関する。核酸解析法は、検体を第1のプライマーと第2のプライマーで増幅反応し、増幅反応産物を核酸プローブに反応させ、ハイブリダイズの有無および/または量を測定し、検体中の標的核酸の有無および/または存在量を決定することを含む。第1のプライマーおよび/または第2のプライマーによる増幅産物は、ステムループ構造体を形成する。ループ構造の配列に相補的な核酸プ

ローブと増幅産物とのハイブリダイゼーションの有無および/または存在量を検出することにより検体について核酸解析する。