

(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
2022年9月15日(15.09.2022)



(10) 国際公開番号

WO 2022/190496 A1

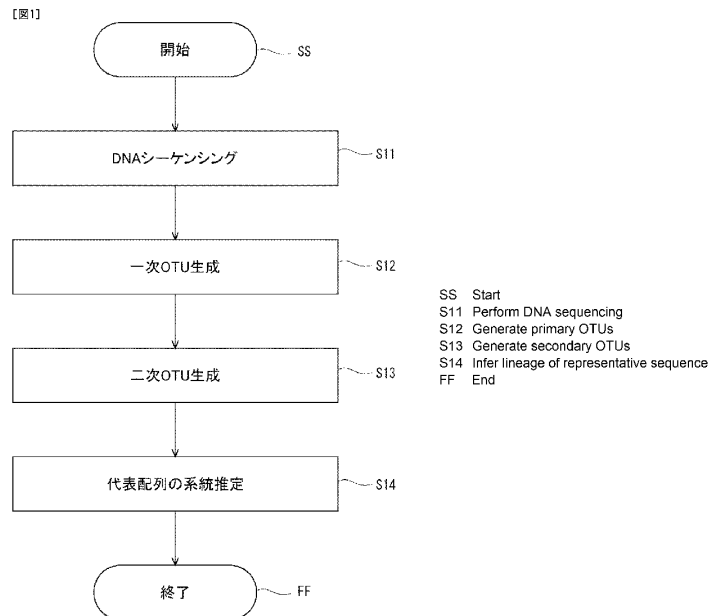
(51) 国際特許分類:
C12Q 1/6869 (2018.01) C12Q 1/02 (2006.01)
C12N 1/20 (2006.01) C12Q 1/686 (2018.01)
(21) 国際出願番号: PCT/JP2021/046237
(22) 国際出願日: 2021年12月15日(15.12.2021)
(25) 国際出願の言語: 日本語
(26) 国際公開の言語: 日本語
(30) 優先権データ:
特願 2021-036093 2021年3月8日(08.03.2021) JP
(71) 出願人: V a r i n o s 株式会社(VARINOS, INC.) [JP/JP]; 〒1350064 東京都江東区青海

1-1-20 ダイバーシティ東京オフィスタワー12階 Tokyo (JP).

(72) 発明者: 荒井 渉(ARAI Wataru); 〒1350064 東京都江東区青海 1-1-20 ダイバーシティ東京オフィスタワー12階 V a r i n o s 株式会社内 Tokyo (JP). 桜庭 喜行(SAKURABA Yoshiyuki); 〒1350064 東京都江東区青海 1-1-20 ダイバーシティ東京オフィスタワー12階 V a r i n o s 株式会社内 Tokyo (JP). 長井 陽子(NAGAI Yoko); 〒1350064 東京都江東区青海 1-1-20 ダイバーシティ東京オフィスタワー12階 V a r i n o s 株式会社内 Tokyo (JP).

(54) Title: METAGENOMIC ANALYSIS OF MICROBIAL FLORA

(54) 発明の名称: 微生物叢のメタゲノム解析



(57) Abstract: In the present invention, base sequences (hereinafter referred to as "sample sequences") obtained by DNA sequencing of a sample that includes microbial flora are clustered, said clustering including the following: grouping together base sequences having 100% homology with the sample sequences to generate primary Operational Taxonomic Units (OTUs); and further clustering the sample sequences to generate secondary OTUs, each comprising a specified center sequence and the sample sequences having homologies equal to or above a specified threshold with the specified

[続葉有]

(74) 代理人: 家入 健 (IEIRI Takeshi); 〒2210835 神奈川県横浜市神奈川区鶴屋町三丁目3番8 アサヒビルディング5階 響国際特許事務所 Kanagawa (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, BW, BY, BZ, CA, CH, CL, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DJ, DK, DM, DO, DZ, EC, EE, EG, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, GT, HN, HR, HU, ID, IL, IN, IR, IS, IT, JO, KE, KG, KH, KN, KP, KR, KW, KZ, LA, LC, LK, LR, LS, LU, LY, MA, MD, ME, MG, MK, MN, MW, MX, MY, MZ, NA, NG, NI, NO, NZ, OM, PA, PE, PG, PH, PL, PT, QA, RO, RS, RU, RW, SA, SC, SD, SE, SG, SK, SL, ST, SV, SY, TH, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VC, VN, WS, 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, ST, 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, KM, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

添付公開書類:

一 国際調査報告 (条約第21条(3))

center sequence. However, the specified threshold is under 100%. For each secondary OTU, the sequence of the primary OTU that has the highest sequence count of all the primary OTUs included in the secondary OTU is designated as a representative sequence of the secondary OTU, and the representative sequence is compared against a database to infer the lineage of the secondary OTU.

(57) 要約: 微生物叢を含むサンプルをDNAシーケンシングして得た塩基配列、以下サンプル配列という、に対して以下を含むクラスタリングを行う: サンプル配列に対して、100%の相同性を有する塩基配列同士をグループ化することで、一次OTU (Operational Taxonomic Unit) を生成すること、さらにサンプル配列に対してクラスタリングを行うことで、所定の重心の配列と、これに対して所定の閾値以上の相同性を有するサンプル配列からなる二次OTUを生成すること。ただし所定の閾値は100%未満である。各二次OTUに含まれる一次OTUの中で最も配列数の多い一次OTUの配列をその二次OTUの代表配列とし、代表配列をデータベースと照合することで、その二次OTUの系統推定を行う。