(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
2006 年6 月22 日 (22.06.2006)

PCT

(10) 国際公開番号
WO 2006/064964 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/JP2005/023439

(22) 国際出願日: 2005 年12 月15 日 (15.12.2005)

(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 2004-366671
2004 年12 月17 日 (17.12.2004) JP

(71) 出願人 (米国を除く全ての指定国について): 国立大学法人東京大学 (THE UNIVERSITY OF TOKYO) [JP/JP]; 〒1138654 東京都文京区本郷７丁目３番１号 Tokyo (JP). 株式会社ハプロファーマ (HAPLO PHARMA INC.) [JP/JP]; 〒7700037 徳島県徳島市南佐古七番町３番８－１０１号 Tokushima (JP).

(72) 発明者; および
(75) 発明者/出願人 (米国についてのみ): 油谷 浩幸 (ABURATANI, Hiroyuki) [JP/JP]; 〒1138654 東京都文京区本郷七丁目３番１号 国立大学法人東京大学内 Tokyo (JP). 石川 俊平 (ISHIKAWA, Shumpei) [JP/JP]; 〒1138654 東京都文京区本郷七丁目３番１号 国立大学法人東京大学内 Tokyo (JP).

(74) 代理人: 平木 祐輔, 外 (HIRAKI, Yusuke et al.); 〒1050001 東京都港区虎ノ門４丁目3番20号 神谷町MTビル19階 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, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BW, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EC, EE, EG, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KM, KN, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, LY, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NA, NG, NI, NO, NZ, OM, PG, PH, PL, PT, RO, RU, SC, SD, SE, SG, SK, SL, SM, SY, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VC, VN, YU, 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, LS, MW, MZ, NA, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), ユーラシア (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), ヨーロッパ (AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HU, IE, IS, IT, LT, LU, LV, MC, NL, PL, PT, RO, SE, SI, SK, TR), OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

添付公開書類:
— 国際調査報告書

２文字コード及び他の略語については、定期発行される各*PCT*ガゼットの巻頭に掲載されている「コードと略語のガイダンスノート」を参照。

(54) **Title:** METHOD OF IDENTIFYING GENE WITH VARIABLE EXPRESSION

(54) 発明の名称: 発現量多様性を有する遺伝子の同定法

(57) **Abstract:** The invention relates to a method of searching gene polymorphism for the determination of a gene whose expression level is different between alleles and a method of searching gene polymorphism related to phenotype. More specifically, the invention relates to a method of effectively determining a gene whose expression level is different between alleles by utilizing gene polymorphism existing on nuclear RNA.

(57) 要約: 本発明は、アレル間で発現量が異なる遺伝子を判定するための遺伝子多型の検索方法、及び表現型に関与する遺伝子多型の検索方法に関する。より具体的には、本発明は、核内ＲＮＡ上に存在する遺伝子多型を利用して、アレル間で発現量が異なる遺伝子を効率的に判定する方法に関する。

WO 2006/064964 A1