

(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6月30日(30.06.2022)



(10) 国際公開番号

WO 2022/137760 A1

(51) 国際特許分類:
C12N 15/09 (2006.01) C12Q 1/6869 (2018.01)
C12Q 1/686 (2018.01)

(21) 国際出願番号: PCT/JP2021/038504

(22) 国際出願日: 2021年10月19日(19.10.2021)

(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 2020-216271 2020年12月25日(25.12.2020) JP

(71) 出願人: 株式会社 L o g o m i x (LOGOMIX, INC.) [JP/JP]; 〒1040053 東京都中央区晴海 4-7-4 Tokyo (JP).

(72) 発明者: 相澤 康則 (AIZAWA Yasunori); 〒1528550 東京都目黒区大岡山 2丁目1番1号 国立大学法人東京工業大学内 Tokyo (JP).
山下 仁義 (YAMASHITA Hitoyoshi); 〒1528550 東京都目黒区大岡山 2丁目1番1号 国立大学法人東京工業大学内 Tokyo (JP).

(74) 代理人: 大野 聖二, 外 (OHNO Seiji et al.); 〒1000005 東京都千代田区丸の内一丁目 6番5号 丸の内北口ビル 21階 大野総合法律事務所 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, 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, JP, 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))
- 一 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: METHOD FOR CAUSING LARGE-SCALE DELETIONS IN GENOMIC DNA AND METHOD FOR ANALYZING GENOMIC DNA

(54) 発明の名称: ゲノムDNAに大規模な欠失を生じさせる方法およびゲノムDNAの分析方法

(57) Abstract: The present invention provides a method for causing large-scale deletions of a genome. The present invention provides a method for identifying a gene on a genome that affects the survival of a cell (e.g., a gene essential for survival). The present invention also provides a method for reintroducing a gene essential for survival at another location on a genome and a method for causing even larger deletions to the genome thereby.

(57) 要約: 本発明は、ゲノムの大規模欠失を生じさせる方法を提供する。本発明は、ゲノム上の細胞の生存に影響を与える遺伝子(例えば、生存に必須な遺伝子)を同定する方法を提供する。本発明はまた、生存に必須な遺伝子をゲノム上の他の箇所に再導入する方法、およびそれにより、ゲノムに対してさらに大きな欠失を生じさせる方法を提供する。



WO 2022/137760 A1