

(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5月27日(27.05.2022)



(10) 国際公開番号

WO 2022/107814 A1

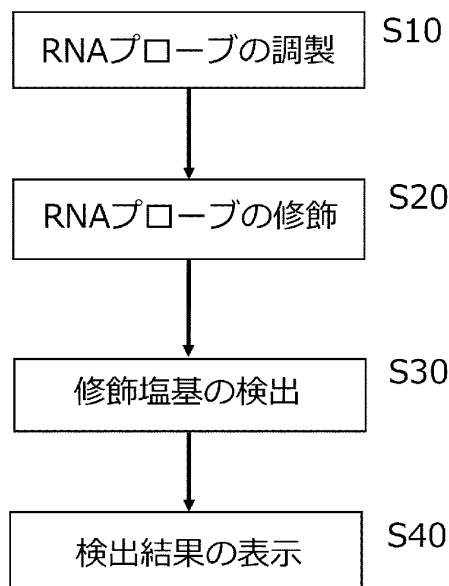
(51) 国際特許分類:
C12Q 1/6806 (2018.01) *C40B 40/06* (2006.01)
C12N 15/09 (2006.01)
(21) 国際出願番号: PCT/JP2021/042250
(22) 国際出願日: 2021年11月17日(17.11.2021)
(25) 国際出願の言語: 日本語
(26) 国際公開の言語: 日本語
(30) 優先権データ:
特願 2020-191550 2020年11月18日(18.11.2020) JP
(71) 出願人:株式会社イクスフォレストセラピューティクス(XFOREST THERAPEUTICS CO., LTD.)
[JP/JP]; 〒6020841 京都府京都市上京区御車道

通清和院口上ル東側梶井町4 4 8 番 5 クリエイションコア京都御車 2 1 4 Kyoto (JP).

(72) 発明者:小松 リチャード 馨(KOMATSU Richard Kaoru); 〒6020841 京都府京都市上京区御車道通清和院口上ル東側梶井町4 4 8 番 5 クリエイションコア京都御車 2 1 4 株式会社イクスフォレストセラピューティクス内 Kyoto (JP). ウルテル ゲオルグ クリスティアン(URTEL Georg Christian); 〒6020841 京都府京都市上京区御車道通清和院口上ル東側梶井町4 4 8 番 5 クリエイションコア京都御車 2 1 4 株式会社イクスフォレストセラピューティクス内 Kyoto (JP). エデレヴァ エフゲニヤ(EDELEVA Evgeniia); 〒6020841 京都府京都市上京区御車道通清和院口上ル東側梶井町4 4 8 番 5 クリエイショ

(54) Title: RNA PROBE FOR MUTATION PROFILING AND USE THEREOF

(54) 発明の名称: 変異プロファイリングのためのRNAプローブ及びその使用



S10 Prepare RNA probe
S20 Modify RNA probe
S30 Detect modified base
S40 Display detection result

(57) Abstract: Provided is a method for analyzing the higher-order structure of RNA, the method including: (a) a step for preparing one or a plurality of RNA probes in which a barcode sequence is imparted to an RNA subject to analysis; (b) a step for bringing the RNA probe and an RNA modifier into contact; and (c) a step for detecting the frequency and position of bases modified in the sequence of the RNA probe obtained in step (b), the barcode sequence having a structure in which reaction with the RNA modifier is inhibited. The method improves the accuracy of detecting mutations, insertions, and

[続葉有]

WO 2022/107814 A1

ンコア京都御車 2 1 4 株式会社イクスフォレストセラピューティクス内 Kyoto (JP).

(74) 代理人: めぶき国際特許業務法人, 外(MEBUKI IP LAW FIRM et al.); 〒4080044 山梨県北杜市小淵沢町 1 0 3 7 番地 5 Yamanashi (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:

- 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))

deletions, etc., of a base introduced when carrying out mutation profiling using an RNA library.

(57) 要約: (a) 解析対象RNAにバーコード配列を付加した1又は複数のRNAプローブを調製する工程、(b) RNAプローブとRNA修飾剤とを接触させる工程、及び(c) 工程(b)で得られたRNAプローブの配列中で修飾を受けた塩基の位置と頻度を検出する工程、を含み、バーコード配列はRNA修飾剤との反応が抑制される構造を有する、RNAの高次構造を解析するための方法を提供する。この方法は、RNAライブラリを用いて変異プロファイリングを行う場合に、導入された塩基の変異、挿入及び欠失等の検出精度を改善する。