

(19)



Евразийское
патентное
ведомство

(21)

201501004

(13)

A1

(12) ОПИСАНИЕ ИЗОБРЕТЕНИЯ К ЕВРАЗИЙСКОЙ ЗАЯВКЕ

(43) Дата публикации заявки
2017.02.28

(51) Int. Cl. **C12Q 1/68** (2006.01)
C12N 15/11 (2006.01)

(22) Дата подачи заявки
2015.08.03

(54) СПОСОБ НЕИНВАЗИВНОЙ ДИАГНОСТИКИ РАКА ПРЕДСТАТЕЛЬНОЙ ЖЕЛЕЗЫ

(96) **2015000072 (RU) 2015.08.03**

(71) Заявитель:
**ОБЩЕСТВО С ОГРАНИЧЕННОЙ
ОТВЕТСТВЕННОСТЬЮ
"ДЖИНЭКСТ" (RU)**

(72) Изобретатель:
**Тороповский Андрей Николаевич,
Никитин Алексей Георгиевич,
Викторов Денис Александрович,
Жмырко Екатерина Викторовна,
Гордиев Марат Гордиевич (RU)**

(74) Представитель:
Михайлов А.В. (RU)

(57) Изобретение относится к области медицины, точнее - к средствам для выявления онкологических заболеваний простаты. Предложен способ получения ДНК-праймеров и зондов для неинвазивной диагностики рака предстательной железы посредством определения уровня экспрессии гена РСА3 по генетическому материалу из образца мочи пациента. Также предложен набор праймеров и зондов для неинвазивной диагностики рака предстательной железы и способ неинвазивной диагностики рака предстательной железы с использованием этого набора.

201501004

A1

A1

201501004

СПОСОБ НЕИНВАЗИВНОЙ ДИАГНОСТИКИ РАКА ПРЕДСТАТЕЛЬНОЙ ЖЕЛЕЗЫ

ОБЛАСТЬ ТЕХНИКИ, К КОТОРОЙ ОТНОСИТСЯ ИЗОБРЕТЕНИЕ

Изобретение относится к медицине, в особенности к молекулярно-биологическим исследованиям в области выявления онкологических заболеваний и может быть использовано для неинвазивной диагностики рака предстательной железы посредством определения уровня экспрессии гена РСА3 в образце мочи пациента.

УРОВЕНЬ ТЕХНИКИ

Рак предстательной железы - злокачественное новообразование, возникающее из эпителия альвеолярно-клеточных элементов предстательной железы.

Рак простаты – лидер онкологических заболеваний у мужчин: в России наблюдаются около 14 тысяч случаев в год. Рак предстательной железы является причиной почти 10 % смертей от рака у мужчин и одной из главных причин смерти у пожилых мужчин. В США рак предстательной железы является третьей по частоте причиной смерти от злокачественных опухолей.

В настоящее время методами диагностики рака предстательной железы являются:

- исследование уровня простатического специфического антигена (ПСА) крови
- трансректальная эхография (трансректальное ультразвуковое исследование простаты)
- ректальное пальцевое обследование простаты
- биопсия предстательной железы
- магнитно-резонансная томография
- радиоизотопные исследования
- рентгенологические обследования
- компьютерная томография
- ультразвуковое исследование брюшной полости
- урофлюметрия.

Биопсия предстательной железы является весьма точным методом. Однако, поскольку биопсия является инвазивным методом, имеющим определённую травматичность и риск для пациента, её назначают только после получения положительного или сомнительного результата одного или нескольких из следующих исследований:

- трансректальная эхография,
- магнитно-резонансная томография,
- радиоизотопные исследования,
- рентгенологические обследования,
- компьютерная томография,
- ультразвуковое исследование брюшной полости.

Вместе с тем, остальные методы исследований, в том числе определение уровня простатического специфического антигена (ПСА) крови не являются высокоспецифичными и могут давать положительный результат при патологиях предстательной железы незлокачественной этиологии.

Таким образом, в настоящее время сохраняется актуальность в создании метода диагностики рака предстательной железы, обладающего преимуществами перед инвазивными, неинвазивными и малоинвазивными способами по вышеупомянутым критериям, а также по надежности результатов диагностики.

РАСКРЫТИЕ ИЗОБРЕТЕНИЯ

В настоящем тексте использованы следующие сокращения:

ПСА – простатический специфический антиген.

ДНК – дезоксирибонуклеиновая кислота.

РНК – рибонуклеиновая кислота.

ПЦР – полимеразная цепная реакция.

ЭДТА – этелендиаминтетраацетат натрия.

PCA3 – prostate cancer antigen 3.

KLK3 – kallikrein-related peptidase 3.

COMT – catechol-O-methyl transferase.

кДНК – комплементарная дезоксирибонуклеиновая кислота.

dNTP – Deoxyribonucleotide triphosphate.

Задача настоящего изобретения состоит в создании способа определения уровня экспрессии гена PCA3 в образце мочи пациента и диагностического набора для его осуществления, позволяющего проводить неинвазивную диагностику рака предстательной железы по образцу мочи пациента.

Определение уровня экспрессии гена PCA3 предполагает проведение количественного анализа на транскрипт названного гена, то есть его РНК. Из-за низкой воспроизводимости результатов выделения нуклеиновых кислот, необходимо проводить

выравнивание результатов по транскрипту (РНК) другого гена, экспрессия которого относительно стабильна. В качестве такого гена нами выбран KLK3.

Для количественного ПЦР-анализа на определение уровня представленности транскриптов необходима предварительная постановка реакции обратной транскрипции для синтеза первой цепи кДНК, являющейся матрицей для дальнейшей реакции амплификации.

При разработке методик детекции количества копий кДНК с помощью разрушаемых олигонуклеотидных зондов основной проблемой является неспецифичный отжиг праймеров и зондов, в том числе на геномной ДНК, что может приводить к значительным систематическим ошибкам измерения. Для устранения этого явления необходимо выбирать наиболее специфичные по отношению к кДНК комбинации праймеров и зондов и тщательно оптимизировать концентрацию олигонуклеотидов в смеси. С учетом этого для выбранных регионов был проведен дизайн праймеров и зондов, позволивший увеличить специфичность *in silico*.

Отбор праймеров и зондов согласно способу, описанному ниже, позволяет избежать вышеуказанных проблем и создать диагностический набор для неинвазивной ПЦР-диагностики рака предстательной железы на основе определения уровня экспрессии гена РСАЗ в генетическом материале из образца мочи пациента.

Поставленная задача решена благодаря применению способа получения ДНК-праймеров и зондов для неинвазивной диагностики рака предстательной железы посредством определения уровня экспрессии гена РСАЗ по генетическому материалу из образца мочи пациента, в котором используют:

- (а) образец кДНК, соответствующей РНК гена РСАЗ;
- (б) образец кДНК, соответствующей РНК гена KLK3;
- (в) образец кДНК, соответствующей РНК гена СОМТ;
- (г) образец геномной ДНК человека;

характеризующийся тем, что он предусматривает следующие стадии:

(1) синтезируют прямой и обратный праймеры, удовлетворяющие одному или сразу обоим из следующих требований:

(i) один или оба праймера комплементарны экзон-экзонным переходам, длина участка экзона, комплементарного 3'-концу праймера от 10 до 3 нуклеотидов, 3'-конец межэкзонного праймера не комплементарен соответствующему инtronу в геномной ДНК одним или более нуклеотидом, и обязательно последним нуклеотидом 3'-конца,

(ii) между внутриэзонными или межэзонными участками кДНК, комплементарными праймерам, в геномной ДНК присутствует инtron длиной не менее 1000 пар нуклеотидов;

(2) проводят полимеразную цепную реакцию (ПЦР) образца (г) с вышеуказанными праймерами;

(3) отбирают пары праймеров и зонды, обеспечивающие отсутствие реакции на образце геномной ДНК;

(4) проводят полимеразную цепную реакцию с сериями, по меньшей мере, из четырёх 10-кратных разведений образцов (а), (б) и (в);

(5) отбирают пары праймеров и зонды, обеспечивающие эффективность полимеразной цепной реакции выше 65 % и линейность при изменении относительной концентрации образцов (а) (б), (в) выше 0,9.

Поставленная задача решена благодаря тому, что набор для неинвазивной ПЦР-диагностики рака предстательной железы посредством определения уровня экспрессии гена РСАЗ по генетическому материалу из образца мочи пациента, содержит для каждого из трёх генов РСАЗ, KLK3 и СОМТ, по меньшей мере, одну пару из прямого и обратного праймеров, и, по меньшей мере, один соответствующий им зонд, при этом упомянутые праймеры и зонд отвечают тем же требованиям, что и праймеры и зонд, синтезированные и отобранные способом по п.1.

В одном из предпочтительных вариантов вышеописанного набора, размер ампликона, соответствующий парным (прямому и обратному) праймерам, составляет целое число в диапазоне от 60 до 300 пар нуклеотидов, предпочтительно, целое число в диапазоне от 100 до 250 пар нуклеотидов.

Прямой праймер, обратный праймер и зонд для СОМТ предпочтительно выбраны из группы олигонуклеотидов включающей (в строках ниже первым указан прямой праймер, вторым – обратный праймер, третьим - зонд):

SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 13,

SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 13,

SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 33 и

гомологичные им, по меньшей мере, на 95 % олигонуклеотиды.

Прямой праймер, обратный праймер и зонд для KLK3 предпочтительно выбраны из группы олигонуклеотидов включающей (в строках ниже первым указан прямой праймер, вторым – обратный праймер, третьим - зонд):

SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 43,

SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 52, SEQ ID NO: 43,
SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 43,
SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 72, SEQ ID NO: 73,
SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 83 и
гомологичные им, по меньшей мере, на 95 % олигонуклеотиды.

Прямой праймер, обратный праймер и зонд для РСА3 предпочтительно выбраны из группы олигонуклеотидов включающей (в строках ниже первым указан прямой праймер, вторым – обратный праймер, третьим - зонд):

SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 93,
SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 93,
SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 93,
SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 93,
SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 93,
SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 93,
SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 93,
SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 142, SEQ ID NO: 93,
SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 152, SEQ ID NO: 93,
SEQ ID NO: 161, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 93,
SEQ ID NO: 161, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 93,
SEQ ID NO: 161, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 93,
SEQ ID NO: 161, SEQ ID NO: 142, SEQ ID NO: 93,
SEQ ID NO: 161, SEQ ID NO: 152, SEQ ID NO: 93,
SEQ ID NO: 171, SEQ ID NO: 172, SEQ ID NO: 173 и
и гомологичные им, по меньшей мере, на 95 % олигонуклеотиды.

В одном из предпочтительных вариантов вышеописанного набора он дополнительно включает в себя кДНК для осуществления положительного контроля. Положительный контроль позволяет проконтролировать прохождение реакции и снизить вероятность ложноотрицательных результатов.

В еще одном предпочтительном варианте вышеописанного набора он дополнительно включает в себя термостабильную ДНК-полимеразу 10 единиц/мкл.

В другом предпочтительном варианте вышеописанного набора он дополнительно включает в себя водный раствор, содержащий:

приблизительно 67 mM трис-HCl, pH 8,8 при 25 °C,
приблизительно 16,6 mM (NH4)2S04,

приблизительно 6,7 мМ MgCl₂,
приблизительно 6,7 мкм ЭДТА,
приблизительно 170 мкг БСА, и
смесь четырех основных dNTP в концентрации приблизительно 0,2 мМ каждого.

В одном из предпочтительных вариантов вышеописанного набора он дополнительно включает в себя деионизированную воду.

Вышеуказанная задача также решена благодаря тому, что в предлагаемом способе диагностики рака предстательной железы, используют:

- (а) образец мочи пациента;
- (б) набор по любому из пп. 2-9;
- (в) набор, включающий рандомные и/или олигио-дГ и/или специфические праймеры, ревертазу, dNTP и буфер для обратной транскрипции.

При этом предлагаемый способ предусматривает следующие стадии:

- (1) выделяют РНК из образца (а);
- (2) проводят обратную транскрипцию РНК, выделенной на стадии (1) набором (в);
- (3) проводят количественную полимеразную цепную реакцию продуктов обратной транскрипции, полученных на стадии (2), посредством праймеров из набора (б), состоящую из начального плавления и ряда циклов из плавления, отжига и синтеза;
- (4) определяют количество продуктов полимеразной цепной реакции, полученных на стадии (3), посредством флуоресцентной спектрометрии в присутствии зондов из набора (б).

Предпочтительно, когда на стадии (3) вышеописанного способа:

начальное плавление проводят в течение 1÷5 минут при температуре 94÷96 °C, цикл, включающий плавление в течение 10÷30 секунд при температуре 94÷96 °C, проводят 30÷60 раз,

отжиг и синтез при температуре 58÷66 °C осуществляют в течение 30÷60 мин, а детекцию продуктов полимеразной цепной реакции проводят во время стадии отжига.

Желательно, когда обратную транскрипцию в вышеописанном способе проводят 50÷150 единицами ревертазы в течение 30÷90 минут при температуре 36÷43 °C.

Предпочтительно, когда концентрация праймеров в реакционной смеси в вышеописанном способе составляет 400 ± 100 нМ, зондов – 200 ± 50 нМ, а температура отжига – 60 ± 5 °C.

Особенно предпочтительно, когда в качестве диагностического показателя в вышеописанном способе используют соотношение между сигналами от зондов для РСА3 и сигналами от зондов KLK3 и/или СОМТ.

КРАТКОЕ ОПИСАНИЕ ФИГУР

Фиг. 1. Результаты экспериментальной проверки различных концентраций набора праймеров и зондов для региона KLK3, по оси X – значения концентрации праймеров (форварда и реверса), по оси Y – значения эффективности ПЦР (в данном примере используемая концентрация зонда – в два раза меньше концентрации каждого из праймеров).

Фиг. 2. График накопления флуоресценции для региона РСА3. ДНК контролей в реакционной смеси в разведениях: 10^7 , 10^6 , 10^5 , 10^4 .

Фиг. 3. Пример эффективности ($E = 72\%$) амплификации для региона РСА3 с помощью ПЦР в реальном времени. ДНК контролей в реакционной смеси в разведениях: 10^7 , 10^6 , 10^5 , 10^4 .

На Фиг. 4-5 представлены результаты экспериментального определения относительного уровня экспрессии гена РСА3 с выравниванием по гену KLK3.

ОСУЩЕСТВЛЕНИЕ ИЗОБРЕТЕНИЯ

В соответствии с изобретением в качестве молекулярно-генетического маркера рака предстательной железы выбран РНК-транскрипт гена РСА3.

Для проведения количественного анализа этого транскрипта необходимо выровнять результаты его определения относительно транскрипта какого-либо другого гена, экспрессия которого в клетках предстательной железы достаточно стабильна.

В качестве такого гена выбран KLK3.

Для контроля эффективности выделения РНК и в качестве внутреннего контрольного образца выбрана РНК гена СОМТ, относящегося к «генам домашнего хозяйства» (housekeeping genes).

Синтезированы праймеры и зонды для амплификации кДНК участков названных генов.

В целях обеспечения специфичности амплификации по отношению к кДНК и отсутствия реакции на геномной ДНК при выборе последовательности праймеров и зондов учитывают следующие требования:

- один или оба праймера комплементарны экзон-экзонным переходам, длина участка экзона, комплементарного 3'-концу праймера, от 10 до 3 нуклеотидов, 3'-конец межэкзонного праймера не должен быть комплементарен соответствующему инtronу геномной ДНК одним или более нуклеотидом, и обязательно последним нуклеотидом 3'-конца;

и/или

- между внутриэкзонными (или межэкзонными) участками кДНК, комплементарными праймерам, в геномной ДНК присутствует инtron длиной не менее 1000 пар нуклеотидов.

Для оценки характеристики методов флуоресцентной детекции концентрацию праймеров и зондов варьировали в диапазоне: 50, 100, 200, 400, 800 нМ для праймеров и 25, 50, 100, 200, 400 нМ для зондов.

Оценка эффективности амплификации различных комбинаций концентраций праймеров и зондов проводилась с разведениями плазмидных контролей с лигированной синтетической ДНК в реакционной смеси с количеством копий: 10^5 , 10^4 , 10^3 , 10^2 , 10^1 . Использовали образцы плазмидных контролей с лигированной синтетической ДНК (исполнитель «Евроген», Москва).

Для определения специфичности подобранных праймеров к кДНК и отсутствия специфичности по отношению к геномной ДНК использовали образцы геномной ДНК клеточных линий Jurkat (производитель «Thermo Scientific», США).

Использовали исходные стоки плазмидных контролей и геномной ДНК клеточных линий человека Jurkat известных концентраций, а также серии их последовательных разведений.

Концентрацию ДНК измеряли на спектрофотометре NanoVue («HealthCare BioSciences AB», Швеция).

Амплификацию проводили на термоцикlerе DTLite (ООО «ДНК-технология», Москва) в 20 мкл реакционной смеси следующего состава: 70 мМ Трис-HCl, pH 8,8, 16,6 мМ сульфат аммония, 0,01 %-ный Твин-20, 2,0 мМ хлорид магния, 200 нМ каждого dNTP, 50–800 нМ праймеров, 25–400 нМ зондов, 1,0 единиц Таq-ДНК-полимеразы. Условия амплификации фрагмента ДНК: 94 °C/5 мин – первый цикл; 94 °C/10 с, 60 °C/60 с – 50 циклов. Регистрируемое накопление сигнала флуоресценции свидетельствовало о том, что в образце есть кДНК, содержащая последовательность-мишень.

На Фиг. 1 показаны результаты экспериментальной проверки различных концентраций набора праймеров и зондов для региона KLK3, по оси X – значения

концентрации праймеров (форварда и реверса), по оси Y – значения эффективности ПЦР (в данном примере используемая концентрация зонда – в два раза меньше концентрации каждого из праймеров).

Пример результатов экспериментальной проверки характеристик различных концентраций праймеров и зондов приведены в таблице 2 и на Фиг. 1, графики накопления флуоресценции и вычисления эффективности ПЦР для региона РСА3 представлены на фигурах 2, 3.

Аналогичные эксперименты были проведены для всех вариантов праймеров и зондов и их концентраций.

Экспериментальным путем для всех вариантов концентраций праймеров и зондов для всех наборов было установлено, что оптимальной концентрацией праймеров в реакционной смеси является концентрация 400 нМ, зондов – 200 нМ, а температура отжига – 60 °С.

На основе полученных значений параметров ПЦР можно сделать вывод о том, что все наборы праймеров и зондов подходят для проведения анализа и демонстрируют высокие значения эффективности и близкие к единице значения линейности R^2 , что позволяет использовать данные наборы олигонуклеотидов для измерения количества копий кДНК генов РСА3, KLK3 и СОМТ (см. таблицу 3).

На фигурах 4-5 представлены результаты экспериментального определения относительного уровня экспрессии гена РСА3 с выравниванием по гену KLK3.

На основе полученных значений можно сделать вывод о том, что особенно предпочтительными для набора по изобретению являются следующие сочетания праймеров и зондов: СОМТ-6 (III) (СОМТ-F7; СОМТ-R12; СОМТ-Z5); PSA-3 (III) (PSA-F8; PSA-R8; PSA-Z2); РСА3-9 (III) (РСА3-F4; РСА3-RE1; РСА3-Z2); РСА3-3 (II) (РСА3-ex1-F3; РСА3-ex2-R3; РСА3-ex12-FAM3).

Таблица 1. Нуклеотидные последовательности и характеристики праймеров и зондов

Система	Праймер	Длина	Tm	gC%	Последовательность (5'-3')	Экзон 5'	Экзон 3'	Локализация	Продукт на геномной ДНК
COMT-3 (III)	1 COMT-F5	19	59.93	57.89	tggcgtgaaggacaaggtc (SEQ ID NO: 11)	tggcgtgaaggacaag	gtc	ex2-3	160 4804
	2 COMT-R5	20	59.67	55.00	caggeccacattcctccaaga (SEQ ID NO: 12)	caggeccacattc	ctccaaga	ex3-4	
	3 COMT-Z5	20	59.97	70.00	aggaccggtacctgccggac (SEQ ID NO: 13)	-	-	ex3	
COMT-6 (III)	4 COMT-F7	19	59.93	57.89	ctggcgtgaaggacaaggt (SEQ ID NO: 21)	ctggcgtgaaggacaag	gt	ex2-3	162 4806
	5 COMT-R12	18	59.64	61.11	gcagggccacattcctcca (SEQ ID NO: 22)	gcagggccacattc	ctcca	ex3-4	
	6 COMT-Z5	20	59.97	70.00	aggaccggtacctgccggac (SEQ ID NO: 13)	-	-	ex3	
COMT-3 (II)	7 COMT-ex4-F3	17	63.20		ggatggtgtggatttcgct (SEQ ID NO: 31)	-	-	ex4	172
	8 COMT-ex6-	18	62.20		ccacattcctccaagaga	ccacattc	ctccaagaga	ex5-6	

	R3				(SEQ ID NO: 32)					
9	COMT-ex46-FAM3	25	72.00		cacactggacatggtcttcgtac (SEQ ID NO: 33)	-	-	ex5		
PSA-1 (III)	10 PSA-F4	20	59.82	60.00	ctgtctcgatttgtggagg (SEQ ID NO: 41)	-	-	ex2	160	1789
	11 PSA-R4	22	60.03	45.45	gcaagatcacgcctttgtct (SEQ ID NO: 42)	gcaagatcacgcctttg	ttctt	ex2-3		
	12 PSA-Z2	20	59.98	65.00	gcagtctcgccgggtttct (SEQ ID NO: 43)	-	-	ex2		
PSA-2 (III)	13 PSA-F5	20	59.82	60.00	cctgtctcgatttgtggag (SEQ ID NO: 51)	-	-	ex2	162	1791
	14 PSA-R5	22	60.03	45.45	agcaagatcacgcctttgtcc (SEQ ID NO: 52)	agcaagatcacgcctttg	ttcc	ex2-3		
	15 PSA-Z2	20	59.98	65.00	gcagtctcgccgggtttct (SEQ ID NO: 43)	-	-	ex2		
PSA-3 (III)	16 PSA-F8	20	60.39	55.00	ctgggagtgcgagaaggatt (SEQ ID NO: 61)	-	-	ex2	139	1768
	17 PSA-R8	23	59.75	43.48	caagatcacgcctttgtctga (SEQ ID NO: 62)	caagatcacgcctttg	ttcctga	ex2-3		
	18 PSA-Z2	20	59.98	65.00	gcagtctcgccgggtttct (SEQ ID NO: 43)	-	-	ex2		

						(SEQ ID NO: 43)					
PSA-2 (II)	19	PSA-ex1-F2	17	64.20		gtccgtgaegtggattg (SEQ ID NO: 71)	-	-	ex1	189	
	20	PSA-ex3-R2	18	62.10		atcacgctttgttcctg (SEQ ID NO: 72)	atcacgctttg	ttcctg	ex2-3		
	21	PSA-ex13-FAM2	20	72.50		ccagaacaccgcgcagact (SEQ ID NO: 73)	-	-	ex2		
PSA (I)	22	PSA-ex2-F	18	64.70		ggagtgcgagaaggattc (SEQ ID NO: 81)	-	-	ex2	182	
	23	PSA-ex3-R	18	64.30		atacctggcctgtgtt (SEQ ID NO: 82)	-	-	ex3		
	24	PSA-ex23-FAM	24	69.20		tgcattcaggaaacaaaaggcgatc (SEQ ID NO: 83)	tgcattcaggaa	caaaaaggcgatc	ex2-3		
PCA3-1 (III)	25	PCA3-F3	24	59.35	45.83	gacctgtatgatacagaggtagaa (SEQ ID NO: 91)	gacctgtatgatacagag	gtgagaa	ex1-2	218	19595
	26	PCA3-R2	20	59.15	55.00	ggcatttctcccaggatct (SEQ ID NO: 92)	ggcatttctcccaggat	ct	ex2-3		
	27	PCA3-Z2	24	59.94	54.17	accatctgagggccacacatctgt (SEQ ID NO: 93)	-	-	ex2		
PCA3-2	28	PCA3-F3	24	59.35	45.83	gacctgtatgatacagaggtagaa	gacctgtatgatacagag	gtgagaa	ex1-2	210	19587

(III)						(SEQ ID NO: 91)				(19349)	
	29	PCA3-R3	20	60.25	55.00	tcccaggatctgtgctt (SEQ ID NO: 102)	tcccaggat	ctctgtgctt	ex2-3		
	30	PCA3-Z2	24	59.94	54.17	accatctgaggecacacatctgc (SEQ ID NO: 93)	-	-	ex2		
PCA3-3 (III)	31	PCA3-F3	24	59.35	45.83	gacctgatgatacagaggtagaa (SEQ ID NO: 91)	gacctgatgatacagag	gtgagaa	ex1-2	19585 (19349)	
	32	PCA3-RE1	20	59.82	60.00	ccagggatctgtgcttc (SEQ ID NO: 112)	ccagggat	ctctgtgcttc	ex2-3		
	33	PCA3-Z2	24	59.94	54.17	accatctgaggccacacatctgc (SEQ ID NO: 93)	-	-	ex2		
PCA3-4 (III)	34	PCA3-F3	24	59.35	45.83	gacctgatgatacagaggtagaa (SEQ ID NO: 91)	gacctgatgatacagag	gtgagaa	ex1-2	19586 (19349)	
	35	PCA3-RE2	20	59.82	60.00	cccagggatctgtgcttc (SEQ ID NO: 122)	cccagggat	ctctgtgcttc	ex2-3		
	36	PCA3-Z2	24	59.94	54.17	accatctgaggccacacatctgc (SEQ ID NO: 93)	-	-	ex2		
PCA3-8 (III)	37	PCA3-F4	23	60.05	47.83	aggacctgatgatacagaggta (SEQ ID NO: 131)	aggacctgatgatacagag	gtga	ex1-2	212	19589 (19351)
	38	PCA3-R3	20	60.25	55.00	tcccaggatctgtgctt	tcccaggat	ctctgtgctt	ex2-3		

						(SEQ ID NO: 102)					
	39	PCA3-Z2	24	59.94	54.17	accatctgaggccacacatctgct (SEQ ID NO: 93)	-	-	ex2		
PCA3-9 (III)	40	PCA3-F4	23	60.05	47.83	aggacctgtatgatacagaggta (SEQ ID NO: 31)	aggacctgtatgatacagag	gtga	ex1-2	210	19587 (19351)
	41	PCA3-RE1	20	59.82	60.00	ccagggatctgtgcttcc (SEQ ID NO: 112)	ccagggat	ctctgtgcttcc	ex2-3		
	42	PCA3-Z2	24	59.94	54.17	accatctgaggccacacatctgct (SEQ ID NO: 93)	-	-	ex2		
PCA3-10 (III)	43	PCA3-F4	23	60.05	47.83	aggacctgtatgatacagaggta (SEQ ID NO: 131)	aggacctgtatgatacagag	gtga	ex1-2	211	19588 (19351)
	44	PCA3-RE2	20	59.82	60.00	cccagggatctgtgcttc (SEQ ID NO: 122)	cccagggat	ctctgtgcttc	ex2-3		
	45	PCA3-Z2	24	59.94	54.17	accatctgaggccacacatctgct (SEQ ID NO: 93)	-	-	ex2		
PCA3-11 (III)	46	PCA3-F4	23	60.05	47.83	aggacctgtatgatacagaggta (SEQ ID NO: 131)	aggacctgtatgatacagag	gtga	ex1-2	158	19307
	47	PCA3-R9	21	60.20	47.62	ggggctggaaatgtgcaaaaaa (SEQ ID NO: 142)	-	-	ex2		
	48	PCA3-Z2	24	59.94	54.17	accatctgaggccacacatctgct	-	-	ex2		

						(SEQ ID NO: 93)					
PCA3-12 (III)	49	PCA3-F4	23	60.05	47.83	aggacctgatgatacagaggta (SEQ ID NO: 131)	aggacctgatgatacagag	gtga	ex1-2	164	19313
	50	PCA3-R11	22	59.70	45.45	ttaaaggggctgaaatgtgc (SEQ ID NO: 152)	-	-	ex2		
	51	PCA3-Z2	24	59.94	54.17	accatctgaggccacacatctgct (SEQ ID NO: 93)	-	-	ex2		
PCA3-14 (III)	52	PCA3-F5	23	59.68	52.17	ggacctgatgatacagaggtag (SEQ ID NO: 161)	ggacctgatgatacagag	gtgag	ex1-2	211	19588 (19350)
	53	PCA3-R3	20	60.25	55.00	tccaggatctgtgctt (SEQ ID NO: 102)	tccaggat	ctctgtgctt	ex2-3		
	54	PCA3-Z2	24	59.94	54.17	accatctgaggccacacatctgct (SEQ ID NO: 93)	-	-	ex2		
PCA3-15 (III)	55	PCA3-F5	23	59.68	52.17	ggacctgatgatacagaggtag (SEQ ID NO: 161)	ggacctgatgatacagag	gtgag	ex1-2	209	19586 (19350)
	56	PCA3-RE1	20	59.82	60.00	ccaggatctgtgcttcc (SEQ ID NO: 112)	ccaggat	ctctgtgcttcc	ex2-3		
	57	PCA3-Z2	24	59.94	54.17	accatctgaggccacacatctgct (SEQ ID NO: 93)	-	-	ex2		
PCA3-16	58	PCA3-F5	23	59.68	52.17	ggacctgatgatacagaggtag	ggacctgatgatacagag	gtgag	ex1-2	210	19587

(III)						(SEQ ID NO: 161)				(19350)	
	59	PCA3-RE2	20	59.82	60.00	cccaaggatctctgtgttc (SEQ ID NO: 122)	cccaaggat	ctctgtgttc	ex2-3		
	60	PCA3-Z2	24	59.94	54.17	accatctgaggccacacatctgt (SEQ ID NO: 93)	-	-	ex2		
PCA3-17 (III)	61	PCA3-F5	23	59.68	52.17	ggacctgtatgatacagaggtag (SEQ ID NO: 161)	ggacctgtatgatacagag	gtgag	ex1-2	157	19306
	62	PCA3-R9	21	60.20	47.62	ggggctggaaatgtgcaaaaaa (SEQ ID NO: 142)	-	-	ex2		
	63	PCA3-Z2	24	59.94	54.17	accatctgaggccacacatctgt (SEQ ID NO: 93)	-	-	ex2		
PCA3-18 (III)	64	PCA3-F5	23	59.68	52.17	ggacctgtatgatacagaggtag (SEQ ID NO: 161)	ggacctgtatgatacagag	gtgag	ex1-2	163	19312
	65	PCA3-R11	22	59.70	45.45	ttaaaggggctggaaatgtgc (SEQ ID NO: 152)	-	-	ex2		
	66	PCA3-Z2	24	59.94	54.17	accatctgaggccacacatctgt (SEQ ID NO: 93)	-	-	ex2		
PCA3-3 (II)	67	PCA3-ex1-F3	20	63.00		cctgtatgatacagaggtag (SEQ ID NO: 171)	cctgtatgatacagag	gtgag	ex1-2	103	
	68	PCA3-ex2-R3	22	62.60		cttgctttctagtgtatgtta	-	-	ex2		

					(SEQ ID NO: 172)				
69	PCA3-ex12-FAM3	24	72.30		cctcagatggtaaagttagcagcc (SEQ ID NO: 173)	-	-	ex2	

Таблица 2. Эффективность ПЦР при различных концентрациях праймеров для мишени KLK3, концентрация зонда в два раза меньше концентрации каждого из праймеров

Концентрация прямого праймера, нМ/мкл	Концентрация обратного праймера, нМ/мкл									
	100	200	300	400	500	600	700	800	900	1000
100	60	63	64	66	65	64	63	60	58	55
200	62	70	73	75	83	82	75	73	75	68
300	64	74	83	84	90	84	81	76	73	69
400	65	79	85	91	91	88	86	84	85	78
500	64	80	89	91	91	87	84	82	81	80
600	63	76	88	90	90	85	82	79	78	77
700	62	70	86	89	90	82	80	76	75	74
800	61	70	85	87	89	80	78	75	74	73
900	57	69	79	85	85	79	74	74	73	72
1000	56	66	60	83	80	76	70	69	68	67

Таблица 3. Метрологические характеристики пар праймеров и зондов, характеризующие их пригодность для определения уровня экспрессии гена РСА3

Регион	Эффективность (E)	Линейность (R^2)
COMT-3(III)	93%	0,9786
COMT-6(III)	80%	0,9936
COMT-3(II)	89%	0,9858
PSA-1 (III)	115%	0,9746
PSA-2 (III)	89%	0,9732
PSA-3 (III)	91%	0,9778
PSA-2 (II)	82%	0,9919
PSA (I)	86%	0,9908
PCA3-1 (III)	72%	0,9988
PCA3-2 (III)	72%	0,994
PCA3-3 (III)	97%	0,9825
PCA3-4 (III)	79%	0,9964
PCA3-8 (III)	74%	0,9949
PCA3-9 (III)	78%	0,9904
PCA3-10 (III)	80%	0,9956
PCA3-11 (III)	71%	0,9698
PCA3-12 (III)	75%	0,9789
PCA3-14 (III)	75%	0,9869
PCA3-15 (III)	65%	0,9753
PCA3-16 (III)	66%	0,9814
PCA3-17 (III)	65%	0,9729
PCA3-18 (III)	68%	0,9825
PCA3-3 (II)	69%	0,9884

SEQUENCE LISTING

<110> Общество с ограниченной ответственностью "Джинэкст"
<120> СПОСОБ НЕИНВАЗИВНОЙ ДИАГНОСТИКИ РАКА ПРЕДСТАТЕЛЬНОЙ ЖЕЛЕЗЫ
<130> 201501004/26
<140> 201501004/26
<141> 2015-03-08
<160> 69
<170> PatentIn version 3.5

<210> 1
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1
tggcgtgaag gacaaggtc 19

<210> 2
<211> 20
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 2
cagggccacat tcctccaaga 20

<210> 3
<211> 20
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 3
aggaccggtta cctgccggac 20

<210> 4
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 4
ctggcgtgaa ggacaaggt 19

<210> 5
<211> 18
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 5
gcaggccaca ttcctcca 18

<210> 6
<211> 20
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 6	
aggaccggta cctgccggac	20
<210> 7	
<211> 17	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 7	
gatatgggtgga tttcgct	17
<210> 8	
<211> 18	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 8	
ccacattcct ccaagaga	18
<210> 9	
<211> 25	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 9	
cacactggac atggtcttcc tcgac	25
<210> 10	
<211> 20	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 10	
ctgtctcgga ttgtgggagg	20
<210> 11	
<211> 22	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 11	
gcaagatcac gcttttgttc ct	22
<210> 12	
<211> 20	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 12	
gcagtctgcg gcgggtttct	20
<210> 13	
<211> 20	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	

<400> 13	
cctgtctcg attgtggag	20
<210> 14	
<211> 22	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 14	
agcaagatca cgctttgtt cc	22
<210> 15	
<211> 20	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 15	
gcagtctgcg gcgggtgttct	20
<210> 16	
<211> 20	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 16	
ctgggagtgac gagaaggatt	20
<210> 17	
<211> 23	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 17	
caagatcacg cttttgttcc tga	23
<210> 18	
<211> 20	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 18	
gcagtctgcg gcgggtgttct	20
<210> 19	
<211> 17	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 19	
gtccgtgacg tggattg	17
<210> 20	
<211> 18	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 20	

atcacgcttt	tgttcctg	18
<210>	21	
<211>	20	
<212>	DNA	
<213>	Homo sapiens	
<400>	21	
ccagaacacc	gccgcagact	20
<210>	22	
<211>	18	
<212>	DNA	
<213>	Homo sapiens	
<400>	22	
ggagtgcgag	aaggcattc	18
<210>	23	
<211>	18	
<212>	DNA	
<213>	Homo sapiens	
<400>	23	
ataacctggcc	tgtgtctt	18
<210>	24	
<211>	24	
<212>	DNA	
<213>	Homo sapiens	
<400>	24	
tgcatcagga	acaaaagcgt	24
gatc		
<210>	25	
<211>	24	
<212>	DNA	
<213>	Homo sapiens	
<400>	25	
gacctgatga	tacagaggtg	24
agaa		
<210>	26	
<211>	20	
<212>	DNA	
<213>	Homo sapiens	
<400>	26	
ggcatttctc	ccagggatct	20
<210>	27	
<211>	24	
<212>	DNA	
<213>	Homo sapiens	
<400>	27	
accatctgag	gcccacacatc	24
tgct		

<210> 28
<211> 24
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 28
gacctgatga tacagaggtg agaa 24

<210> 29
<211> 20
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 29
tcccaggat ctctgtgctt 20

<210> 30
<211> 24
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 30
accatctgag gccacacatc tgct 24

<210> 31
<211> 24
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 31
gacctgatga tacagaggtg agaa 24

<210> 32
<211> 20
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 32
ccagggatct ctgtgcttcc 20

<210> 33
<211> 24
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 33
accatctgag gccacacatc tgct 24

<210> 34
<211> 24
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 34
gacctgatga tacagaggtg agaa 24

<210> 35
<211> 20
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 35
cccagggatc tctgtgcttc 20

<210> 36
<211> 24
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 36
accatctgag gccacacatc tgct 24

<210> 37
<211> 23
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 37
aggacctgat gatacagagg tga 23

<210> 38
<211> 20
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 38
tcccagggat ctctgtgctt 20

<210> 39
<211> 24
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 39
accatctgag gccacacatc tgct 24

<210> 40
<211> 23
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 40
aggacctgat gatacagagg tga 23

<210> 41
<211> 20
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 41
ccagggatct ctgtgcttcc 20

<210> 42	
<211> 24	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 42	
accatctgag gccacacatc tgct	24
<210> 43	
<211> 23	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 43	
aggacctgat gatacagagg tga	23
<210> 44	
<211> 20	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 44	
cccagggatc tctgtgccttc	20
<210> 45	
<211> 24	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 45	
accatctgag gccacacatc tgct	24
<210> 46	
<211> 23	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 46	
aggacctgat gatacagagg tga	23
<210> 47	
<211> 21	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 47	
ggggctggaa atgtgcaaaa a	21
<210> 48	
<211> 24	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 48	
accatctgag gccacacatc tgct	24
<210> 49	

<211> 23
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 49
aggacctgat gatacagagg tga 23

<210> 50
<211> 22
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 50
tttaaagggg ctggaaatgt gc 22

<210> 51
<211> 24
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 51
accatctgag gccacacatc tgct 24

<210> 52
<211> 23
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 52
ggacctgatg atacagaggt gag 23

<210> 53
<211> 20
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 53
tcccagggat ctctgtgctt 20

<210> 54
<211> 24
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 54
accatctgag gccacacatc tgct 24

<210> 55
<211> 23
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 55
ggacctgatg atacagaggt gag 23

<210> 56
<211> 20

<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 56
ccagggatct ctgtgcttcc 20

<210> 57
<211> 24
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 57
accatctgag gccacacatc tgct 24

<210> 58
<211> 23
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 58
ggacctgatg atacagaggt gag 23

<210> 59
<211> 20
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 59
cccagggatc tctgtgcttc 20

<210> 60
<211> 24
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 60
accatctgag gccacacatc tgct 24

<210> 61
<211> 23
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 61
ggacctgatg atacagaggt gag 23

<210> 62
<211> 21
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 62
ggggctggaa atgtgcaaaa a 21

<210> 63
<211> 24
<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 63
accatctgag gccacacatc tgct 24

<210> 64
<211> 23
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 64
ggacctgatg atacagaggt gag 23

<210> 65
<211> 22
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 65
tttaaagggg ctggaaatgt gc 22

<210> 66
<211> 24
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 66
accatctgag gccacacatc tgct 24

<210> 67
<211> 20
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 67
cctgatgata cagaggtgag 20

<210> 68
<211> 22
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 68
cttgctgtt ctagtgatgt ta 22

<210> 69
<211> 24
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 69
cctcagatgg taaagtgc agcc 24

ФОРМУЛА ИЗОБРЕТЕНИЯ

1. Способ получения ДНК-праймеров и зондов для неинвазивной диагностики рака предстательной железы посредством определения уровня экспрессии гена РСАЗ по генетическому материалу из образца мочи пациента, в котором используют:

- (а) образец кДНК, соответствующей РНК гена РСАЗ;
- (б) образец кДНК, соответствующей РНК гена KLK3;
- (в) образец кДНК, соответствующей РНК гена СОМГ;
- (г) образец геномной ДНК человека;

характеризующийся тем, что он предусматривает следующие стадии:

(1) синтезируют прямой и обратный праймеры, удовлетворяющие одному или сразу обоим из следующих требований:

(i) один или оба праймера комплементарны экзон-экзонным переходам, длина участка экзона, комплементарного 3'-концу праймера от 10 до 3 нуклеотидов, 3'-конец межэкзонного праймера не комплементарен соответствующему инtronу в геномной ДНК одним ли более нуклеотидом, и обязательно последним нуклеотидом 3'-конца,

(ii) между внутриэкзонными или межэкзонными участками кДНК, комплементарными праймерам, в геномной ДНК присутствует инtron длиной не менее 1000 пар нуклеотидов;

(2) проводят полимеразную цепную реакцию (ПЦР) образца (г) с вышеуказанными праймерами;

(3) отбирают пары праймеров и зонды, обеспечивающие отсутствие реакции на образце геномной ДНК;

(4) проводят полимеразную цепную реакцию с сериями, по меньшей мере, из четырёх 10-кратных разведений образцов (а), (б) и (в);

(5) отбирают пары праймеров и зонды, обеспечивающие эффективность полимеразной цепной реакции выше 65 % и линейность при изменении относительной концентрации образцов (а) (б), (в) выше 0,9.

2. Набор для неинвазивной ПЦР-диагностики рака предстательной железы посредством определения уровня экспрессии гена РСАЗ по генетическому материалу из образца мочи пациента, содержащий для каждого из трёх генов РСАЗ, KLK3 и СОМГ, по меньшей мере, одну пару из прямого и обратного праймеров, и, по меньшей мере, один соответствующий им зонд, при этом упомянутые праймеры и зонд отвечают тем же требованиям, что и праймеры и зонд, синтезированные и отобранные способом по п.1.

3. Набор по п.2, характеризующийся тем, что размер ампликона, соответствующий парным (прямому и обратному) праймерам, составляет целое число в диапазоне от 60 до 300 пар нуклеотидов, предпочтительно, целое число в диапазоне от 100 до 250 пар нуклеотидов.

4. Набор по п.2, характеризующийся тем, что в нем прямой праймер, обратный праймер и зонд для СОМТ выбраны из группы олигонуклеотидов включающей (в строках ниже первым указан прямой праймер, вторым – обратный праймер, третьим - зонд):

SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 13,
SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 13,
SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 33 и
гомологичные им, по меньшей мере, на 95 % олигонуклеотиды.

5. Набор по п.2, характеризующийся тем, что в нем прямой праймер, обратный праймер и зонд для КЛК3 выбраны из группы олигонуклеотидов включающей (в строках ниже первым указан прямой праймер, вторым – обратный праймер, третьим - зонд):

SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 43,
SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 52, SEQ ID NO: 43,
SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 43,
SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 72, SEQ ID NO: 73,
SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 83 и
гомологичные им, по меньшей мере, на 95 % олигонуклеотиды.

6. Набор по п.2, характеризующийся тем, что в нем прямой праймер, обратный праймер и зонд для РСА3 выбраны из группы олигонуклеотидов включающей (в строках ниже первым указан прямой праймер, вторым – обратный праймер, третьим - зонд):

SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 93,
SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 93,
SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 93,
SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 93,
SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 93,
SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 93,
SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 93,
SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 142, SEQ ID NO: 93,
SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 152, SEQ ID NO: 93,
SEQ ID NO: 161, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 93,
SEQ ID NO: 161, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 93,

SEQ ID NO: 161, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 93,
SEQ ID NO: 161, SEQ ID NO: 142, SEQ ID NO: 93,
SEQ ID NO: 161, SEQ ID NO: 152, SEQ ID NO: 93,
SEQ ID NO: 171, SEQ ID NO: 172, SEQ ID NO: 173 и
и гомологичные им, по меньшей мере, на 95 % олигонуклеотиды.

7. Набор по любому из пп.2-6, характеризующийся тем, что он дополнительно включает в себя кДНК для осуществления положительного контроля.

8. Набор по любому из пп.2-7, характеризующийся тем, что он дополнительно включает в себя термостабильную ДНК-полимеразу 10 единиц/мкл.

9. Набор по любому из пп.2-8, характеризующийся тем, что он дополнительно включает в себя водный раствор, содержащий:

приблизительно 67 мМ трис-HCl, pH 8,8 при 25 °C,
приблизительно 16,6 мМ (NH₄)₂SO₄,
приблизительно 6,7 мМ MgCl₂,
приблизительно 6,7 мкм ЭДТА,
приблизительно 170 мкг БСА, и
смесь четырех основных dNTP в концентрации приблизительно 0,2 мМ каждого.

10. Набор по любому из пп.2-9, характеризующийся тем, что он дополнительно включает в себя деионизированную воду.

11. Способ диагностики рака предстательной железы, в котором используют:

- (а) образец мочи пациента;
- (б) набор по любому из пп. 2-9;
- (в) набор, включающий рандомные и/или олгио-dT и/или специфические праймеры, ревергазу, dNTP и буфер для обратной транскрипции, характеризующийся тем, что он предусматривает следующие стадии:
 - (1) выделяют РНК из образца (а);
 - (2) проводят обратную транскрипцию РНК, выделенной на стадии (1) набором (в);
 - (3) проводят количественную полимеразную цепную реакцию продуктов обратной транскрипции, полученных на стадии (2), посредством праймеров из набора (б), состоящую из начального плавления и ряда циклов из плавления, отжига и синтеза;
 - (4) определяют количество продуктов полимеразной цепной реакции, полученных на стадии (3), посредством флуоресцентной спектрометрии в присутствии зондов из набора (б).

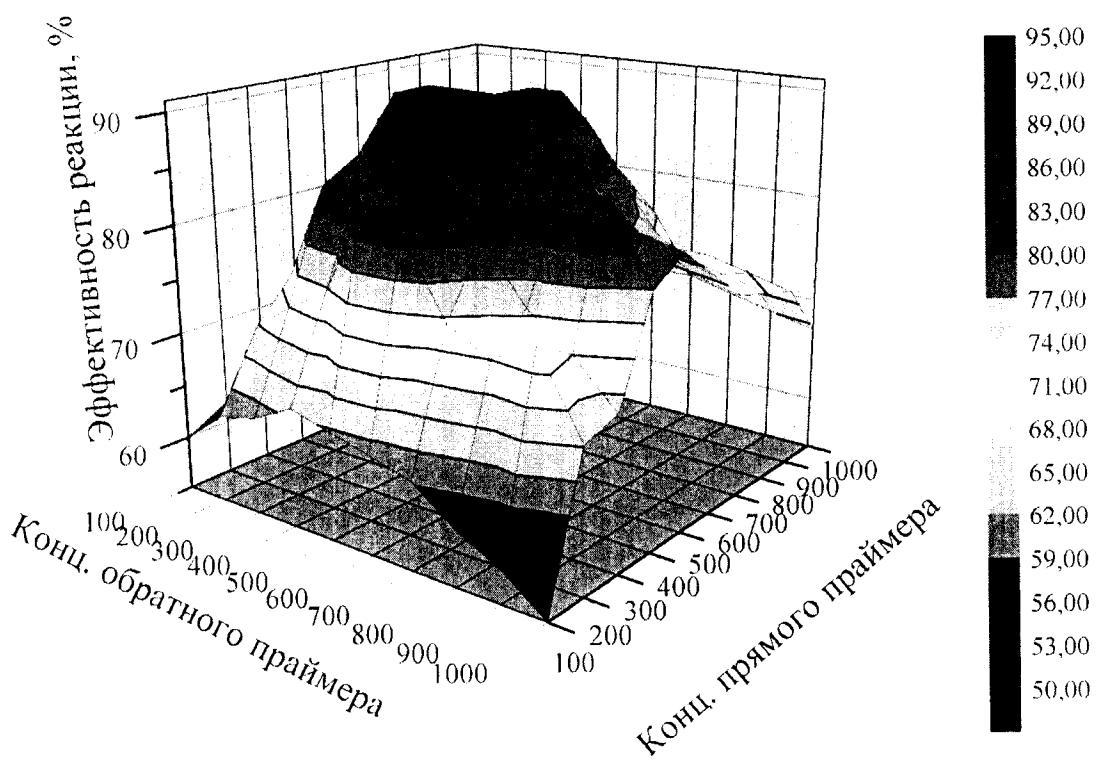
12. Способ по п.11, характеризующийся тем, что на стадии (3) начальное плавление проводят в течение 1÷5 минут при температуре 94÷96 °C, цикл, включающий плавление в течение 10÷30 секунд при температуре 94÷96 °C, проводят 30÷60 раз,

отжиг и синтез при температуре 58÷66 °C осуществляют в течение 30÷60 мин, а детекцию продуктов полимеразной цепной реакции проводят во время стадии отжига.

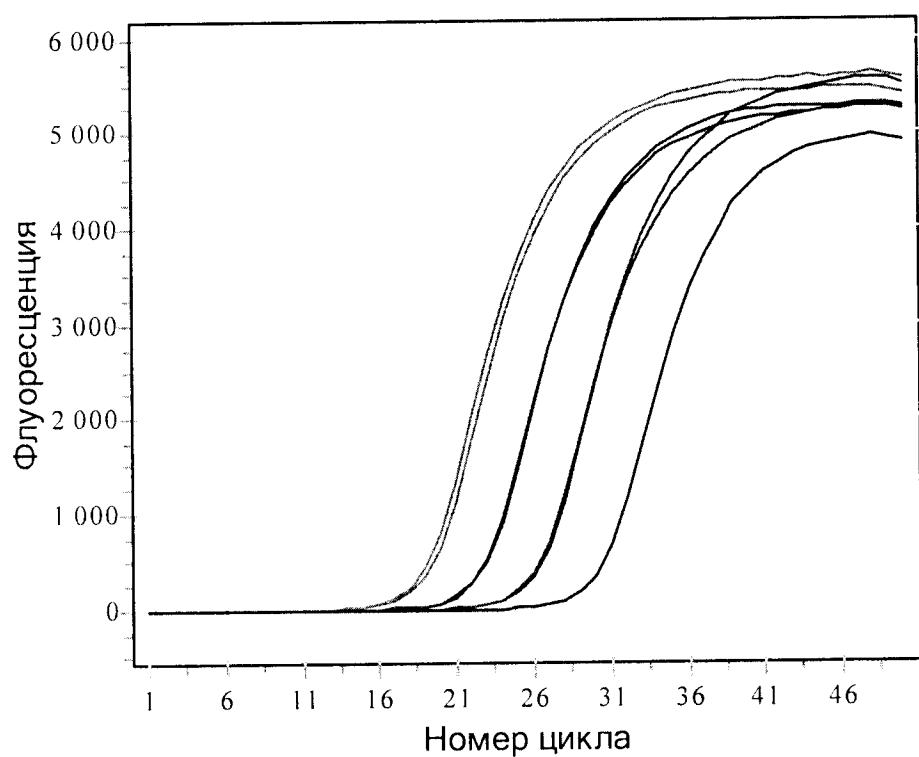
13. Способ по любому из пп.11 или 12, характеризующийся тем, что в нем обратную транскрипцию проводят 50÷150 единицами ревертазы в течение 30÷90 минут при температуре 36÷43 °C.

14. Способ по любому из пп.11-13, характеризующийся тем, что в нем концентрация праймеров в реакционной смеси составляет 400 ± 100 нМ, зондов – 200 ± 50 нМ, а температура отжига – 60 ± 5 °C.

15. Способ по любому из пп.11-14, характеризующийся тем, что в нем в качестве диагностического показателя используют соотношение между сигналами от зондов для РСА3 и сигналами от зондов KLK3 и/или СОМТ.

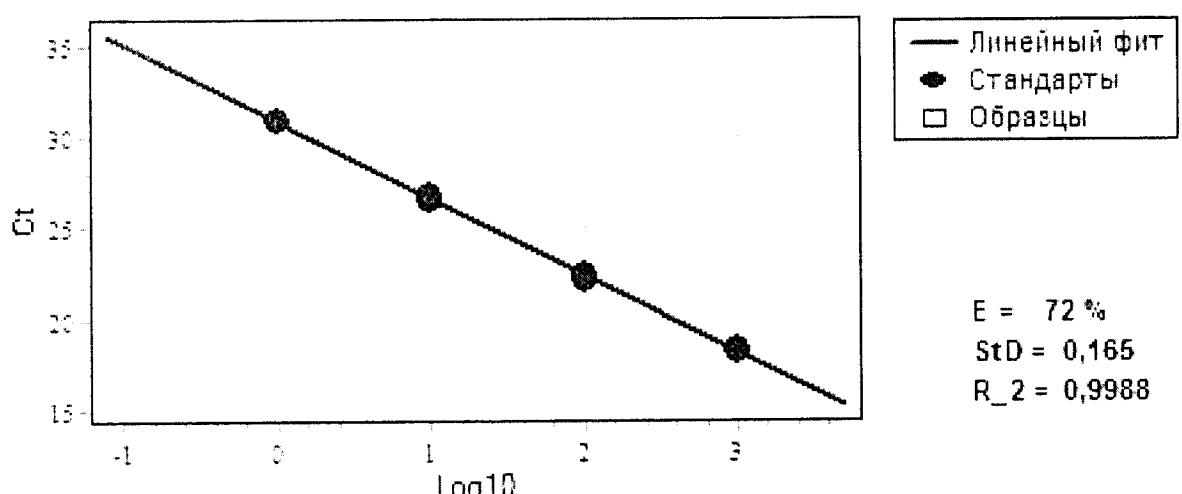


Фиг. 1

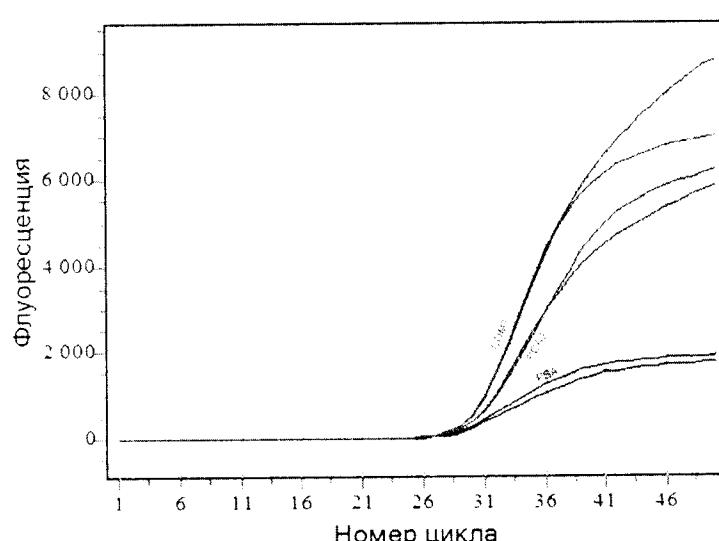


Фиг. 2

$$Y = 30,887 - 4,244 \cdot X$$

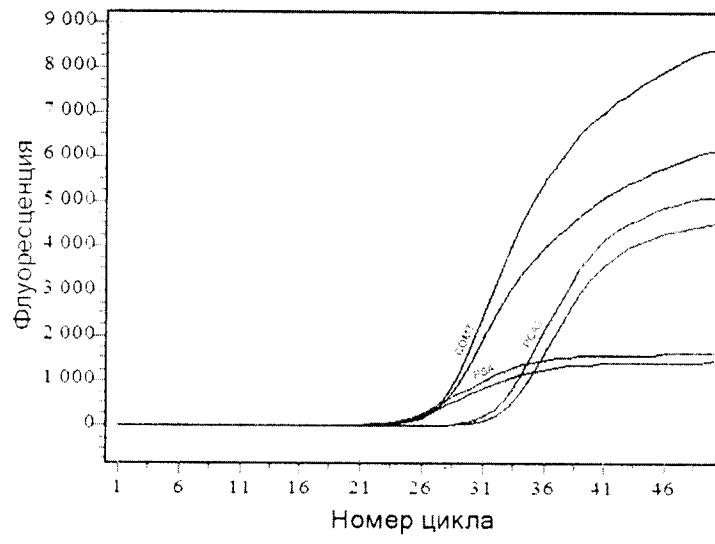


Фиг. 3



Пороговый цикл			Относит. уровень PCA3/KLK3	Результат
СОМТ	KLK3	PCA3		
29,50	28,30	29,60	406,126198	+

Фиг. 4



Пороговый цикл			Относит. уровень PCA3/KLK3	Результат
COMT	KLK3	PCA3		
27,00	24,20	32,00	4,487103	-

Фиг. 5

ЕВРАЗИЙСКОЕ ПАТЕНТНОЕ ВЕДОМСТВО

ОТЧЕТ О ПАТЕНТНОМ
ПОИСКЕ(статья 15(3) ЕАПК и правило 42
Патентной инструкции к ЕАПК)Номер евразийской заявки:
201501004

Дата подачи: 03 августа 2015 (03.08.2015) Дата испрашиваемого приоритета:

Название изобретения: Способ неинвазивной диагностики рака предстательной железы

Заявитель:

ОБЩЕСТВО С ОГРАНИЧЕННОЙ ОТВЕТСТВЕННОСТЬЮ "ДЖИНЭКСТ"

 Некоторые пункты формулы не подлежат поиску (см. раздел I дополнительного листа) Единство изобретения не соблюдено (см. раздел II дополнительного листа)А. КЛАССИФИКАЦИЯ ПРЕДМЕТА ИЗОБРЕТЕНИЯ: C12Q 1/68 (2006.01)
C12N 15/11 (2006.01)

Согласно Международной патентной классификации (МПК) или национальной классификации и МПК

Б. ОБЛАСТЬ ПОИСКА:

Минимум просмотренной документации (система классификации и индексы МПК)

C12Q 1/68, C12N 15/11

Другая проверенная документация в той мере, в какой она включена в область поиска:

В. ДОКУМЕНТЫ, СЧИТАЮЩИЕСЯ РЕЛЕВАНТНЫМИ

Категория*	Ссылки на документы с указанием, где это возможно, релевантных частей	Относится к пункту №
Y	VAANANEN Riina-Minna. Quantitative analysis of novel prostate cancer markers in tissue. Painosalama Oy - Turku, Finland 2014, p.1-98, especially pp. 32-55, table 6	1-3, 7-15 4-5
Y	YE Jian et al. Primer-BLAST: A tool to design target-specific primers for polymerase chain reaction. BMC Bioinformatics, 2012, 13, 134, doi:10.1186/1471-2105-13-14, pp. 1-11	1-3, 7-15
Y	SARAMAKI Outi R. et al. Genetic aberrations in prostate cancer by microarray analysis. Int. J. Cancer, 2006, 119, pp. 1322-1329	1-3, 7-15
A	GROSKOPF Jack et al. APTIMA PCA3 Molecular Urine Test: Development of a Method to Aid in the Diagnosis of Prostate Cancer. Clinical Chemistry, 2006, 52, 6, pp. 1089-1095	1-15

 последующие документы указаны в продолжении графы В данные о патентах-аналогах указаны в приложении

* Особые категории ссылочных документов:

"A" документ, определяющий общий уровень техники

"E" более ранний документ, но опубликованный на дату подачи евразийской заявки или после нее

"O" документ, относящийся к устному раскрытию, экспонированию и т.д.

"P" документ, опубликованный до даты подачи евразийской заявки, но после даты испрашиваемого приоритета

"D" документ, приведенный в евразийской заявке

"T" более поздний документ, опубликованный после даты

приоритета и приведенный для понимания изобретения

"X" документ, имеющий наибольшее близкое отношение к предмету поиска, порочащий новизну или изобретательский уровень, взятый в отдельности

"Y" документ, имеющий наибольшее близкое отношение к предмету поиска, порочащий изобретательский уровень в сочетании с другими документами той же категории

"&" документ, являющийся патентом-аналогом

"L" документ, приведенный в других целях

Дата действительного завершения патентного поиска: 20 мая 2016 (20.05.2016)

Наименование и адрес Международного поискового органа:

Федеральный институт

промышленной собственности

РФ, 125993, Москва, Г-59, ГСП-3, Бережковская наб., д. 30-1. Факс: (499) 243-3337, телеграф: 114818 ПОДАЧА

Уполномоченное лицо :

O. N. Шанова

Телефон № (499) 240-25-91