

(19) 日本国特許庁(JP)

(12) 公表特許公報(A)

(11) 特許出願公表番号

特表2005-515757

(P2005-515757A)

(43) 公表日 平成17年6月2日(2005.6.2)

(51) Int.Cl. ⁷	F I	テーマコード (参考)
C 1 2 N 15/09	C 1 2 N 15/00	Z N A A 4 B O 2 4
C 1 2 M 1/00	C 1 2 M 1/00	A 4 B O 2 9
C 1 2 Q 1/68	C 1 2 Q 1/68	A 4 B O 6 3
G O 1 N 33/53	G O 1 N 33/53	M
G O 1 N 37/00	G O 1 N 37/00	1 O 2
	審査請求 未請求 予備審査請求 有	(全 188 頁) 最終頁に続く

(21) 出願番号	特願2003-524534 (P2003-524534)	(71) 出願人	598038968 エモリー・ユニバーシティ
(86) (22) 出願日	平成14年8月30日 (2002.8.30)		アメリカ合衆国、30322 ジョージア
(85) 翻訳文提出日	平成16年3月12日 (2004.3.12)		州、アトランタ、リッジウッド・ドライブ
(86) 国際出願番号	PCT/US2002/027886		2009
(87) 国際公開番号	W02003/020220	(74) 代理人	100078282
(87) 国際公開日	平成15年3月13日 (2003.3.13)		弁理士 山本 秀策
(31) 優先権主張番号	60/316,323	(74) 代理人	100062409
(32) 優先日	平成13年8月30日 (2001.8.30)		弁理士 安村 高明
(33) 優先権主張国	米国 (US)	(74) 代理人	100113413
(31) 優先権主張番号	2,356,540		弁理士 森下 夏樹
(32) 優先日	平成13年8月31日 (2001.8.31)	(72) 発明者	ウォラス, ダグラス シー,
(33) 優先権主張国	カナダ (CA)		アメリカ合衆国 ジョージア 30345
			, アトランタ, エコー ドライブ 2
			506
			最終頁に続く

(54) 【発明の名称】 ミトコンドリア生物学発現アレイ

(57) 【要約】

本発明は、ミトコンドリア生物学に關与する遺伝子、ミトコンドリア生物学に關与する遺伝子のためのプローブを含むアレイ、このようなアレイを作製するための方法、およびこのようなアレイを使用する方法を提供する。ヒトおよびマウスのミトコンドリア生物学に關与する遺伝子およびプローブ配列が、提供される。本発明のアレイは、ミトコンドリア生物学遺伝子発現プロファイルを決定するために有用である。ミトコンドリア生物学遺伝子発現プロファイルは、以下に役立つ：生理学的状態の診断上の発現プロファイルを決定すること；生理学的状態を診断すること；生化学経路、遺伝子および生理学的状態に關与する改変体を同定すること；このような生理学的状態を予防および/または処置するのに有用な治療剤を同定すること。

【特許請求の範囲】

【請求項 1】

少なくとも 2 個の単離されたヌクレオチド分子を含有するアレイであって、各分子は、ミトコンドリア生物学に關与する遺伝子の発現産物である核酸分子に、独自にハイブリダイズし得る配列を有する、アレイ。

【請求項 2】

2 つ以上の単離された核酸分子またはスポットを含有するアレイであって、各スポットは、複数の単離された核酸分子を含み、各分子は、ヒトプローブセット番号 1 の配列（配列番号 1 ～ 9 9 4）またはマウスプローブセット番号 2 の配列（配列番号 9 9 5 ～ 3 0 4 0）、および前出の配列に少なくとも 7 0 % の相同性を有する配列からなる群より選択される配列から本質的になる配列を有する、アレイ。 10

【請求項 3】

ガラススライド上に印刷される、請求項 2 に記載のアレイ。

【請求項 4】

約 1 0 より多いスポットを含む、請求項 2 に記載のアレイ。

【請求項 5】

約 2 5 より多いスポットを含む、請求項 2 に記載のアレイ。

【請求項 6】

請求項 2 に記載のアレイであって、ヒトプローブセット番号 1 の配列（配列番号 1 ～ 9 9 4）を有する、全ての単離された核酸分子を含む、アレイ。 20

【請求項 7】

請求項 2 に記載のアレイであって、マウスプローブセット番号 2 の配列（配列番号 9 9 5 ～ 3 0 4 0）を有する、全ての単離された核酸分子を含む、アレイ。

【請求項 8】

コントロール核酸分子（配列番号 3 0 4 1 ～ 3 0 4 4）を含む 1 以上のスポットもまた含む、請求項 2 に記載のアレイ。

【請求項 9】

核酸と接触したサンプルの発現プロファイルを決定するための方法であって、該方法は、以下の工程：

- a) 該サンプルを提供する工程； 30
 - b) 請求項 2 に記載のアレイを提供する工程；
 - c) 選択的ハイブリダイゼーションが可能な条件下で、該アレイを該サンプルと接触させる工程；および、
 - d) 該アレイに対する、該サンプル中の核酸のハイブリダイゼーションを測定して、発現プロファイルを作成する工程、
- を包含する、方法。

【請求項 1 0】

前記サンプルが、マウスまたはヒト由来である、請求項 9 に記載の方法。

【請求項 1 1】

核酸と接触した第一の標識されたサンプルの発現プロファイルを、核酸と接触した第二の差次的に標識されたサンプルに対して決定するための方法であって、該方法は、以下の工程：

- a) 該第一の標識されたサンプルを提供する工程；
- b) 該第二の差次的に標識されたサンプルを提供する工程；
- c) 請求項 2 に記載のアレイを提供する工程；
- d) 選択的ハイブリダイゼーションが可能な条件下で、該アレイを該第一のサンプルと該第二のサンプルとに接触させる工程；
- e) 該アレイに対する、該第一のサンプルと該第二のサンプルのハイブリダイゼーションを測定する工程；および、
- f) 該第一のサンプルのハイブリダイゼーションを該第二のサンプルのハイブリダイゼ 50

ーションと比較して、発現プロフィールを作成する工程、
を包含する、方法。

【請求項 1 2】

前記第二のサンプルが、参照サンプルまたは標準サンプルである、請求項 1 1 に記載の方法。

【請求項 1 3】

エネルギー代謝に関連した生理学的状態の診断上の発現プロフィールを決定するための方法であって、該方法は、以下の工程：

a) 該生理学的状態を有する一人以上の個体の第一の群由来の標識された第一のサンプルを提供する工程；

b) 該生理学的状態を有さない一人以上の個体の第二の群由来の差次的に標識された第二のサンプルを提供する工程；

c) 請求項 2 に記載のアレイを提供する工程；

d) 選択的ハイブリダイゼーションが可能な条件下で、該アレイを該第一のサンプルと該第二のサンプルとに接触させる工程；

e) 該アレイに対する、該第一のサンプルと該第二のサンプルのハイブリダイゼーションを測定する工程；および、

f) 該第一のサンプルのハイブリダイゼーションを該第二のサンプルのハイブリダイゼーションと比較して、該生理学的状態の診断上の発現プロフィールを作成する工程、
を包含する、方法。

【請求項 1 4】

アレイを作製する方法であって、以下：

a) 調製された基材を提供する工程；および、

b) 該基材上の既知の位置に 2 以上のスポットを印刷する工程であって、各スポットは、複数の単離された核酸分子を含み、各分子は、ヒトプローブセット番号 1 (配列番号 1 ~ 994)、マウスプローブセット番号 2 (配列番号 995 ~ 3040)、および前出の配列に少なくとも 70 % の相同性を有する配列からなる群より選択される配列から本質的になる配列を有する、工程、
を包含する、方法。

【請求項 1 5】

請求項 1 4 に記載の方法であって、前記アレイは、ヒトプローブセット番号 1 (配列番号 1 ~ 994) における全ての前記単離された核酸分子を含む、方法。

【請求項 1 6】

請求項 1 4 に記載の方法であって、前記アレイは、マウスプローブセット番号 2 (配列番号 995 ~ 3040) における全ての前記単離された核酸分子を含む、方法。

【請求項 1 7】

複合 I V 型リー症候群を有する第一の個体を診断する方法であって、以下：

複合 I V 型リー症候群を有さない第二の個体由来の第二のサンプル中での遺伝子の発現量と比較して、該第一の個体由来の第一のサンプル中で、ND4、NDL4、ND6、SURF-1、SOD2、70 kD 熱ショックタンパク質、VDAC4、ANT2 およびグルタチオンペルオキシダーゼ 3 からなる遺伝子の発現量の少なくとも約 1.7 倍の減少を検出する工程、
を包含する、方法。

【請求項 1 8】

少なくとも 2 つの単離された核酸分子のライブラリーであって、各分子は、ヒトプローブセット番号 1 (配列番号 1 ~ 994)、マウスプローブセット番号 2 (配列番号 995 ~ 3040)、および前出の配列に少なくとも 70 % の相同性を有する配列からなる群より選択される配列から本質的になる配列を有する、ライブラリー。

【請求項 1 9】

少なくとも 2 つのスポットを含むアレイであって、各スポットは、複数の単離された核酸

10

20

30

40

50

分子を含み、各分子は、ヒトプローブセット番号 1 (配列番号 1 ~ 994) からなる群より選択される配列に少なくとも 70% の相同性を有する配列を含む、アレイ。

【請求項 20】

少なくとも 2 つのスポットを含むアレイであって、各スポットは、複数の単離された核酸分子を含み、各分子は、マウスプローブセット番号 2 (配列番号 995 ~ 3040) からなる群より選択される配列に少なくとも 70% の相同性を有する配列を含む、アレイ。

【発明の詳細な説明】

【技術分野】

【0001】

関連出願についてのクロス・リファレンス

本出願は米国特許出願番号 2001 年 8 月 30 日に出願の第 60 / 316, 323 号に、そして、カナダの特許出願番号 2, 356 (2001 年 8 月 31 日に出願の第 540 号) まで優先権を主張する。そして、その両方は本願明細書において、開示と一致していない範囲を参照することで、これによって、それらの全部に取り入れられる。

【背景技術】

【0002】

ミトコンドリア障害は、合成で 2 種以上の原子価を持つグループのさまざまな組織の精力的な閾値効果および mtDNA 分離の確率論的な性質の違いのために変化している患者の徴候を有する条件である。従って、大部分のミトコンドリア障害は、生化学であるか表現型側面よりむしろそれらの遺伝子によって、最も分類される (Shoffner, J. M., 及び、ウォレス (D. C.) (1995) 「酸化リン酸化疾患、Inherited Disease, C. R. Scriver, A. L. バウデット、W. Sly および D. バレ、編集の Metabolic および Molecular Basis において、(ニューヨーク: マグロウヒル) (pp. 1535 - 1609)、ウォレス (D. C.) (1999) 「人および mouse Science 283 のミトコンドリア疾患: 1482 - 1488」、核遺伝子の突然変異からの多くのミトコンドリア疾患結果およびこれらのサブセットは、ミトコンドリア・ゲノムを不安定にすることにより行うことは公知である。(グレアム (B. その他) アデニン・ヌクレオチドの心臓の / 骨格の筋肉 isoform の不足から生じているミトコンドリア筋疾患および心筋症のためのマウス・モデル・トランスロケータ、[1997 の] ネイチャー Genetics 16: 226 - 234、Shoffner, J. M., 及び、ウォレス (D. C.) 「酸化リン酸化疾患。2 つのゲノムの乱す、[Human Genetics 19 の] Advances: 267 - 330、Zhu, Z. ほか、シトクロム c オキシダーゼの生物発生説に関係している要因がリーの症候群において、変化することをコード化して、SURF1」[1998 の] ネイチャー Genetics 20: 337 - 43)。

【0003】

体細胞遺伝学を使用している洗練された細胞のミトコンドリア機能の分析は、人間のミトコンドリア障害の特徴描写に役立った。臭化エチジウムおよび R - 6 G 治療は、多くの人間の mtDNA 突然変異の母性遺伝および生化学表現型を分析するために pO およびミトコンドリアのない細胞系をつくるために用いた (試験管内で遺伝子の Chomyn (A. その他) は、筋疾患 - 患者ミトコンドリアを有するミトコンドリア DNA のない細胞に、タンパク質合成および呼吸欠陥の中で移る) ([1991 の] Molecular および移動電話 Biology 11): 2236 - 2244、6 月、A. S. その他、transmitochondrial の用途サイブリッド私が離脱する複合体レーバーに遺伝視覚神経障害を生じさせるヌクレオチド一組 14459 および失調症のミトコンドリア DNA - コード化された NADH デヒドロゲナーゼ・サブユニット 6 つの遺伝子突然変異割り当てる) ([1996 の] Molecular および移動電話 Biology 16): 771 - 777、突然変異がミトコンドリア筋疾患、脳障害、乳アシドーシスおよびストロークのようなエピソードと関連させた tRNA Leu (UUR) によ

10

20

30

40

50

って、ミトコンドリア・タンパク質合成および呼吸チェーン活動の欠陥が分離するキング (M. P. その他)」、[1992の] Molecularおよび移動電話 Biology 12: 480 - 490、殴る。1に、その他、mtDNAのない細胞へのリーの症候群に伴う点突発変異が示すmtDNA nt 8993のTG [ATP6]の細胞質の転送ステートIII呼吸およびADP/O比率の減少を有する同時分離、「[1994の] 会報全米科学アカデミー米国91: 8334 - 8338)。作成のサイブリッド同一の核背景、しかし、異なるmtDNA遺伝子型を有する細胞系1つのmtDNA変異体の比較を可能にするさらに核ゲノム多形性の潜在的干渉に。これらのサイブリッド、線は酵素学によって、細胞呼吸または呼吸複合の特定の活動を検定することのような生化学技術を使用して、一般に分析された。表現が研究する若干の遺伝子は、実行されたそれらが、一つであるか小さいグループの遺伝子に、一般にされた (Heddi、A. ほか、ミトコンドリア筋疾患のミトコンドリアDNA表現および核遺伝子の調整された表現度がATPに関係して、「[1993の] J. Biological Chemistry 268: 12156 - 12163、Heddi (A. その他) は、ミトコンドリア疾患患者の組織のエネルギー遺伝子表現の誘導を調整する」[1999の] J Biol Chem 274: 22968 - 76)。

10

【0004】

遺伝子表現は、広範囲に研究された。転写またはRNA低下の変化によるmRNA多量の規則が細胞のタンパク質濃度を調整する決して唯一でない機構であるにもかかわらず、細胞タイプの全ての違いまたは状態がいくつかの遺伝子のmRNA多量の変化と相関していることができて実質的に、(Alizadeh、A. A. ほか、「異なった種類のリンパ腫が遺伝子表現によって、側面図を作ること識別した拡散大きいB細胞」、[2000の] ネイチャー403: 503 - 11、デリシ (J. L. その他) ゲノム・スケール上の遺伝子表現の代謝で遺伝子の制御探索する」([1997の] サイエンス278): 680 - 686、Schena、M. ほか、「補完的なDNA microarrayを有する遺伝子表現パターンの量的モニタリング」[1995の] サイエンス270: 467 - 70、Schena (M. その他) は、ヒトゲノム分析に対応する: 1000の遺伝子のmicroarrayに基づく表現モニタリング」[1996の] Proc Natl Acad Sci USA 93: 10614 - 9、ウォレスD. C. (認可要約&num、2ROLN502328 - 18)、Kerstann (Human Genetics Abstract &num、1484のためのK. W. アメリカの[2000の] 協会)、Kokoszka (Human Genetics Abstract &num、1618年のJ. E. アメリカの[2000の] 協会)、レビー (Human Genetics Abstract &num、1501年のS. E. アメリカの[2001の] 協会)、レビー (S. E. [2000の] 「Mouse Mitochondrialの遺伝子のAlteration) ゲノムおよび遺伝子表現、「博士命題、エモリー大学に対する効果、Coskun (Human Genetics Abstract &num、1616年のP. E. [2000] アメリカ英語協会)、Sligh (Human Genetics Abstract &num、53のためのJ. E. [2000の] American Society)、マードック (Human Genetics Abstract &num、55のためのD. G. アメリカの[2000の] 協会)、S. E. [2000の] Keystone Symposiaアブストラクト119を課す、Wallace, D. C.、エリソンMedical財団、Agingする際のSenior Scholar Award)。

30

40

【0005】

DNA microarray分析は、microarraysがDLBCLの診断を拡大するために用いた拡散大きいB細胞リンパ腫 (DLBCL) を調査するために用いた (拡散大きいB細胞リンパ腫の異なった種類が遺伝子表現によって、側面図を作ること識別したAlizadeh (A. A. その他))」([2000の] ネイチャー403

50

）：503 - 11）。標準の組織学的で形態的な技術がDLBCLのサブセットを定めると共に、配列分析で2つの臨床的に異なったクラスが現れた。これらの2つの新しく発見されるクラスは標準の病理学によって、見分けがつかなかった、しかし、表現分析は何百もの遺伝子の差動の表現度を示した。疾患および臨床結果の進行の違いとのこれらの分子の違いの相互関係は、DLBCLのこれらの2つのクラスが別々の疾患と考えられることができたことを明らかにした（リンパ腫が遺伝子表現によって、側面図を作ることを識別した拡散大きいB細胞の中で、異なったAlizadeh（A. A. その他）はタイプする、「[2000の]ネイチャー403：503 - 11）。

【0006】

ミトコンドリアDNAシーケンスが、あった病理学米国特許番号5,670,320, 5,296,349, 5,185,244および5,494(794)にて説明したように。ミトコンドリア生物学に関する刊行物は、以下から成る：シェッフラーI. E. (1999の) *Mitochondria*、ワイリー-リース、NY、レスティエンヌ、P.、Ed. (1999の) *Mitochondrial Diseases*：モデル、そして、*Methods* (シュプリングー出版)ベルリン、*Enzymology* (2000)の方法322：断面V *Mitochondria*および*Apoptosis*, Academicプレス(CA)、ミトコンドリアおよび*Cell Death* (1999の)プリンストン大学プレス(NJ)、パパス、Ferruccio GおよびTager J Eds. 移動電話Bioenergeticsの(1999の) *Frontiers*：分子の*Biology*、*Biochemistry*、そして、*Physiopathology* (Kluwer Academic/Plenum Publishers) NY、*Pathogenesis*、Kluwer Academic/~Plenum Publishers、NYのLemasters JおよびニエミネンA (2001の) *Mitochondria*、MITOMAP ([http://www.將軍emory.edu/cgi-jin/MITOMAP](http://www將軍emory.edu/cgi-jin/MITOMAP))、ウォレスD. C. (2001)「変性疾患および老化(Novartis財団Symposium 235)のためのミトコンドリア方法：247-266、AgingすることおよびDiseaseのウォレスDC「*Mitochondrial DNA*」(1997年8月)サイエンティフィックアメリカン277：40-47、ウォレスD. C. ほか、「ミトコンドリア生物学、変性疾患および老化」、(1998の) *BioFactors* 7：187-190、Heddi (A. その他)は、「*Mitochondrial Disease Patients of the Tissues of Energy Gene Expression of Induction*を調整する」(1999)。IBC』274：22968-22976、ウォレス(MaおよびMouseのD. C. *Mitochondrial Diseases*)、「(1999の)サイエンス283：1482-1488、サラステ(the findings of the M. 酸性Phosphorylation)」(1999の)サイエンス283：1488-1493、Kokoszka et. al. (関するage-のマウス結果が増加するアポトーシスにおいて、達しているミトコンドリア機能の中で、傾けるSod2(+/-)の増加するミトコンドリア酸性応力)」(2001の)PNAS 98)：2278-2283、ウォレス、D. C. (2001の) *Mental Retardation* および*Developmental Disabilities* 7：158-166、ウォレスD. C. (2001)Am. J. は、Medした。將軍106：71-93、そして、ウォレス(D. C. EuroMit 5つの(2001の)アブストラクト)。

【0007】

ミトコンドリア障害の分析は、伝統的に欠陥の分子で生化学説明から成った(Schoffner、J. M.、そして、ウォレス(D. C.)(1995)「酸化リン酸化疾患、*Inherited Disease*、C. R. Scriver、A. L. Beaudet、W. S. SlyおよびD. バレ、編集の*Metabolic* および*Molecular Basis*において、(ニューヨーク：McGraw 50

- ヒル)。ppに、1535-1609)。酸化リン酸化(OXPHOS)遺伝子表現における変更の限られた数の分析だけは、mtDNA突然変異を収容している人間において、実行された(Heddi(A.その他)は、Mitochondrial Disease PatientsのTissuesのEnergy Gene ExpressionのInductionを調整する)(1999の)JBC 274:22968-22976)。核コード化されたOXPHOSサブユニットの不活化によって、引き起こされるミトコンドリア疾患のマウス・モデルの出現は、組織に特有の表現変化を検討するために実験的な材料を提供した。(マードック(D. G.その他)増加機構アデニン・ヌクレオチドの心臓/筋肉isofornを欠いているマウスの骨格の筋肉の核でミトコンドリア遺伝子のトランスロケータ、「[1999の]」J. Biol.化学274:14429-33。 10

【0008】

核酸配列は、記載されていた。eに、g.特許no.で、米国5,837、832、U.S.5,807、522、米国6,007、987、米国6,110、426、WO 99/05324,99/05591、WO 00/58516、WO 95/11995、WO 95/35505A1、WO 99/42813、JP10503841T2、GR3030430T3、ES2134481T3、EP804731B1、DE69509925C0、CA2192095AA、AU2862995A1、AU709276B2、AT180570、EP 1066506およびAU 2780499。この種の配列は、雑種形成結果を分析するための配列が用意されたサンプル・ヌクレオチドによって、接触するときにコンピュータ化された方法に組み込まれることができるe.g.特許協力条約Publication WO 99/05574および米国特許5,754、524にて説明したように、6228,575、5,593,839、そして、5,856、101。疾患標識のふり分けのための方法は、また、技術にとって公知であるe.g.米国特許6,228、586にて説明したように、6,160,104、6,083,698、6,268,398、6,228,578、そして、6,265、174。 20

【0009】

それらが本願明細書において、開示と一致していなくない程度まで、全ての引例はそれらの全部において、本願明細書において、引用したものとする。上記の文書の引用は、それらの何も関連する従来技術であるという承認でない。 30

【発明の開示】

【課題を解決するための手段】

【0010】

(発明の要旨)

本発明は、ミトコンドリア生物学に関係している遺伝子、ミトコンドリア生物学に関係している遺伝子のための調査を含んでいる配列、この種の配列を作る方法およびこの種の配列を使用する方法のライブラリを提供する。人間およびマウスのミトコンドリア生物学に関係している遺伝子および調査シーケンスは、提供される。本発明の配列は、ミトコンドリア生物学遺伝子表現側面を決定することに役立つ。ミトコンドリア生物学遺伝子表現側面は、エネルギー代謝-関連した生理的状況の表現側面診断を決定することに役立つ、この種の生理的状況を診断すること、生化学経路、遺伝子およびこの種の生理的状況に関係している突然変異を識別すること、この種の生理的状況を予防しておよび/または治療することに役立つ治療的な薬品を識別すること、この種の治療の有効性を評価しておよび/またはモニタすること、そして、人間のエネルギー代謝-関連した生理的状況の動物のモデルを作製して、識別すること。ミトコンドリア生物学に関係していることは公知の全ての遺伝子のための調査を含んでいる配列は提供される。そして、配列と同様にこの種の調査のサブセットを含む。本発明のミトコンドリア生物学表現配列は、すでにミトコンドリア生物学に参加すると認められない遺伝子の調査を含む。 40

【0011】

(発明の詳細な説明)

核で細胞質のミトコンドリア遺伝子間の複合の相互作用を調べる方法は、DNA配列のような配列の使用によって、ある。DNA microarraysは表現が同時に何千もの遺伝子まで模倣する側面のための手段を提供する。そして、遺伝子がしばしばどこで、いつ表されるか知っていることはその生物学的機能に対する洞察を提供する。特定の組織または細胞タイプの遺伝子表現のパターンは、また、その状態または状態に関する詳細な情報を提供できる。

【0012】

現在、DNA microarraysは、遺伝子表現における相関変更をモニタして、分子のレベル上の合成の特徴を調査する最も効率的な方法である。多数の相互関係のある実験からアセンブルされる表現側面は、合成の生物学的特徴の基礎をなしている遺伝子表現パターンとの階層的な結合を決定するために用いる。これらのパターンは、更に複合の障害の分子の基礎を定めるために用いる。

【0013】

ミトコンドリアは、ほぼ1000のタンパク質 - 符号化核DNA (nDNA) およびミトコンドリアDNA (mtDNA) 遺伝子からアセンブルされる。表1に示すように、13のタンパク質 - 符号化ミトコンドリア遺伝子は、公知である。mtDNAのコドン使用表は、公知である。それは、汎用コードと僅かに異なる。実施例、終了の代わりにトリプトファンのためのUGAコード、イソロイシンの代わりにメチオニンのためのAUAコードおよびAGAのための、そして、AGGはアルギニンのための符号化の代わりにターミネータである。

【0014】

表1

【0015】

【表1】

Gene	Map Locus ^a	Abbreviation	Location ^b
NADH dehydrogenase 1	MTND1	ND1	3307-4262
NADH dehydrogenase 2	MTND2	ND2	4470-5511
NADH dehydrogenase 3	MTND3	ND3	10059-10404
NADH dehydrogenase 4L	MTND4L	ND4L	10470-10766
NADH dehydrogenase 4	MTND4	ND4	10760-12137
NADH dehydrogenase 5	MTND5	ND5	12337-14148
NADH dehydrogenase 6	MTND6	ND6	14149-14673
Cytochrome b	MTCYB	Cytb	14747-15887
Cytochrome c oxidase I	MTCO1	COI	5904-7445
Cytochrome c oxidase II	MTCO2	COII	7586-8269
Cytochrome c oxidase III	MTCO3	COIII	9207-9990
ATP synthase 6	MTATP6	ATP6	8527-9207
ATP synthase 8	MTATP8	ATP8	8366-8572

ケンブリッジSequenceと関連して番号をつけられるMitomap (<http://www.jimmyemory.edu/cgi-bin/MITOMAP>) にdefinedする「(Genbank継承no. J01415、そして、アンドルーズその他(1999) (Human Mitochondrial DNAのためのケンブリッジReference SequenceのA ReanalysisおよびRevision

）ネイチャー Genetics 23:147。

【0016】

unigene クラスタ、表されたシーケンスまたはシーケンスに対する使用された herein「gene」refers として、それは転写されて、タンパク質に変換される。使用する従来技術において、他の語、「Health (NIH) の国立 Institutes が有する gene「is」locus」は、cluster「to」が遺伝子クラスタの非冗長な集合にゆだねる term「unigene」を設けた。シーケンスを共有するいくつかの組み継ぎ異型に、DNA の範囲を、転写できる。そして、これらは1つの unigene クラスタに帰属することに指定される。1つの遺伝子から転写されるいくつかの反訳記録の1つの版に対する使用された herein「splice variant」refers として。表される遺伝子に herein「housekeeping gene」refers を使用されるように、ほとんどすべての細胞の類似したレベルはタイプする。

【0017】

関係する herein「genes」を使用されるように、細胞構造および機能（例えば 仲介者代謝、OXPHOS、ミトコンドリア輸送、細胞生物エネルギー論、細胞 biogenesis, cell 自転車制御、DNA 複製、エネルギー、代謝、熱ショック、応力、細胞マトリックス、細胞構造上のタンパク質、タンパク質合成および翻訳制御）に 関係しているミトコンドリア遺伝子および核遺伝子に対するミトコンドリア biology「refers」が形質導入、転写および反動的な転写規則（クロマチン構造）の信号を送 20

【0018】

「mtDNA」means ミトコンドリア DNA。nDNA「means」核 DNA。

【0019】

使用された herein「mitochondrial」生物学として、表現に対する表現 profile「refers」はミトコンドリア生物学に 関係している遺伝子の中で模倣する。そして、例えば、それは、サンプルで、それらの遺伝子に由来する調査により検出される。側面は、サンプルの中でまたはサンプルが引き出されるソースの中であると言われていることができる。標準または制御であるか他のサンプルと関連して正確に計った側面が、もし側面がまた、そうすることができなければ、それぞれに測定されてあっても 30

【0020】

単離された核酸分子の順序集合に対する中古の herein「array」refers またはかなり同一の単離された核酸 molecules。Preferably の複数からなる点として分子は、基板に付着する。各々（基板上の）の位置が公知であることは、そして、各々のアイデンティティがマイクロ目盛り上の known Arrays であることは microarrays と呼ばれていることができるように、点または分子は命 40

【0021】

ここで使用しているように、それが あるコンテキストの外の核酸が自然で発見した an「isolated」核の acid「is」。単離された核酸は、核酸であるいずれが いかなる自然に起こっている核酸分子ものそれと、同一でないか、構造。例えば、項はカバーする：自然の力で起こっているゲノム DNA 分子の一部のシーケンスを有するが、符号化の両方とも側面に並んでいるというわけではない DNA またはその側面に位置する non coding しているシーケンスがそれが自然に起こる有機体のゲノムの分子の中で、分 50

ける (a)、結果として生じる分子がいかなる自然の力で起こっているベクトルもまたはゲノムDNAと同一でないように、核酸はベクトルにまたは原核生物のゲノムDNAまたは方法の真核生物に結合した、(b)断片がポリメラーゼによって、生じた別々の分子(例えばcDNA、ゲノム断片)は、反応を鎖でつなぐ(c)(PCR)、または、規制断片、そして、ある再結合物ヌクレオチド配列は、複合型遺伝子(i. e.)の中で分かれる(d)。(融合タンパク質をコード化している遺伝子)または事実上分からないシーケンスを有する修正された遺伝子。

【0022】

固体基板に配置されるときに、単離された核酸に対する使用された *herein* 'probe' *refers* として、それは他の核酸に交雑することに適している。配列のための調査が、20 - 30ヌクレオチドとして、そして、数千ヌクレオチドもの長い間までショートとしてあることがありえる。調査は、シングルの要素をもつことがありえるか二倍に足止めされることがありえる。調査通常には、ある部分的に周知のシーケンスが使用した最少でが設けられて、存在、不在および/または補足しているシーケンスの量に調査するかまたは問い合わせることように構成されている。本発明の配列に、調査はこの種のシーケンスおよび各々の調査が目標サンプルにつき1種類の核酸だけに実質的に交雑するような厳しさの雑種形成条件の中である。

10

【0023】

ここで使用しているように「核酸のコレクションに *target* 'or' *target sample* 'refers. eに、g. 配列分析のための用意されたサンプルとして使用する逆の転写されてラベルをつけられたcDNA。目標は、配列の調査によって、問い合わせられる。A 'target' 'or' *target sample* 'mayは、結合される用意されたいくつかのサンプルの混成である。例えば、実験的な目標サンプルは、組み合わせられることが可能である異なって、制御サンプルをラベルをつけて、そして、配列(配列の調査によって、*the* 'target' *interrogated*と称する結合されたサンプル)に交雑した。ここで使用しているように、*interrogated* 'meansは試験した。調査が目標(i. e.)に問い合わせることが可能であるように、調査、目標および雑種形成状況は選択される。目標サンプルの補完的なシーケンスに交雑することで。

20

【0024】

健康的であるか不健康な生理的ステートに対する使用された *herein* 'physiological condition' *refers* として。一つ以上の生理的状況の診断のために必要な遺伝子からの調査だけが含まれるように、使用された *herein* 'optimize' として、選択することへの *diagnosis* 'refers' のための配列は配列を確かめる。

30

【0025】

調査を固体基板に適用する方法に対する使用された *herein* 'printing' *refers* としてe. g. または、遺伝子を作るために固体基板に調査の配列を適用することは、欠ける。ここで使用しているように、「標準の顕微鏡と同じ寸法のガラスの小さい部分に対するガラス *slide* 'refersは、摺動する。ここで使用しているように、「調査を基板に取り付けることの配属媒体として役立つことができる物質(例えばポリエステル繊維 *Lysine* .)により準備される基板に、*substrate* 'refersを準備した

40

雑種形成に *herein* 'selective hybridization' *refers* を使用されるように、適当な異体同形のシーケンスだけが縛られたままでありえるように、高い厳しさに和らぐ。調査がそれらが交雑することを目的とするサンプル核酸を目標とするために交雑するだけであるように、選択的な雑種形成は厳しさ状況で実行される雑種形成である。調査および目標のシーケンスに従い、雑種形成状況は、適切に選択的であるために選ばれる。例えば、人間のシーケンスが人間のサンプルに問い合わせるための調査として使われる場合、人間の中性の多形性を考慮に入れて、シーケンスが同一の9

50

9 - 100%についてであるので、選択的な雑種形成が高い厳しさであることがありえた。チンパンジ目標を適用することは人間のシーケンス調査を含んでいる配列に、サンプルを準備するときに、選択的な雑種形成が下部の厳しさである。配列に目標の雑種を作るとは1つの選ばれた雑種形成厳しさで実行されるので、彼らが同じ雑種形成厳しさで適当な目標分子との選択的な雑種形成を受けることができるために、調査は選択される。シーケンス、分子またはその補足に対するヌクレオチド配列識別に対する使用された *herein* *homology* *refers* として。

【0026】

使われるように、マウスまたは細胞系に由来するサンプルに対する *herein* *mouse sample* *refers* はマウスに由来した。本願明細書において、使われるように、同様に、「人間または細胞系に由来するサンプルに対する人間の *sample* *refers* は、人間に由来した。サンプルは、好ましくは完全RNAまたはメッセンジャーRNA (mRNA) を含む。数種類の、細胞または一群の細胞からmRNAを含んで、RNAの組合せに対する使用された *herein* *total RNA* *refers* として。ここで使用しているように、mRNA」は、3' poly A尾部を有するメッセンジャーRNAまたはRNAに関連する。ここで使用しているように、それがラベルをつけられたサンプルに対する *a* *prepared sample* *for a* *target* *refers* は、雑種形成を配列する。転写されて、*fluorescently* にラベルをつけられる *a* *prepared sample* *for a* *target* *is* 後退。未知のサンプルまたはデータセットが各々に比較のために標準化されることができ、サンプルまたはデータセットに対する使用された *herein* *standard* *refers* として、それは未知のサンプルに比較のために共通して使う。ここで使用しているように、「実験的なサンプルに対して比較のために使われるサンプルに、*sample* *and* *reference sample* *refer* を制御する。

【0027】

ここで使用しているように、「大腸菌のような有機体に格納されることができる単離された核酸分子に対する *clone* *refers*。クローンは、通常ベクトルおよび挿入物でできている。挿入物は、通常一連の関心を含む。

【0028】

ミトコンドリア疾患のために、現在の生化学で表現型技術の正確さは、技術的で分析的前進がそれに作るさまざまな *disorders* . *Recent* を区別して、診断する際に全く制限されて証明した発明がこれらの配列技術を研究に適用する *DNA microarrays* . *This* のような配列をミトコンドリアにすぐに扱っている何千もの遺伝子の表現パターンを分析して、数量化するために実際の、本発明の配列が含むミトコンドリア *biology* . *The* に関係している遺伝子を含むことは以前ミトコンドリア生物学に参加すると認められない遺伝子のために、徹底調査する専門 *microarrays* の設計で、遺伝子表現。

【0029】

遺伝子または表されたシーケンス、ミトコンドリア生物学の含む仲介者代謝、OXPHOS、輸送、細胞生物エネルギー論、細胞生物発生説、細胞周期制御、DNA複製、エネルギー、代謝、熱ショック、応力、細胞マトリックス、細胞構造上のタンパク質、タンパク質合成および翻訳制御、信号形質導入（転写および転写規則）のような細胞構造および機能で含むクロマチン構造、反動的な酸素種 (ROS) 生物学およびアポトーシス。ミトコンドリア機能の変更は、変性疾患を含んでいる様々な生理的状況を伴う。これらの機能は、多くの変性疾患に関係している。本発明は、人間およびマウスに関係しているシーケンスのコンパイルにミトコンドリア生物学を提供する。

【0030】

シーケンスのための検索データバンクを含むことは相同物のようなミトコンドリア生物学と同様のプロセスに関与している遺伝子に関した様々な技術によって、本発明の配列の遺伝子は、識別された原核遺伝子、そして、細胞が線をひく、そして、動物が表現パター

ンを変えていた遺伝子のために線をひくスクリーニング・ミトコンドリア変異体。関連した遺伝子が一例として、識別されるときに、公知の場合、例えば人間的な種（例えば第2の種のためのマウス、相同物）はそれから第2の種のためのミトコンドリア生物学に關係している遺伝子のリストに含まれた。ミトコンドリア変異体細胞系は、ミトコンドリア生物学に關係している遺伝子の少なくとも一つの突然変異を有する細胞系である。

【0031】

microarraysまたはこの発明の遺伝子小片は、固体基板の周知の位置において、配置される調査から成る。役立つ固体基板は、専門ガラス顕微鏡スライドである。本発明の配列は、いくつかを検出する調査を含んでいる配列または選択された種のミトコンドリア生物学に關係している全ての表されたシーケンスを含む。

10

【0032】

本発明の配列は、ミトコンドリア生物学に關係している遺伝子のための調査と同様に制御調査を含むことができる。本発明の配列に含まれることができる対照は、雑種形成対照およびスキャン対照を含む。規制は、明確であるか負の規制でありえる。1種類の雑種形成制御は、1台のチップ（調査の異なる量を有する各々の点）上の数回ミトコンドリア生物学に關係している遺伝子のための同じ調査を観測している。これは、与えられたシーケンスの調査の量が最適化されるのを許す。あまりに小さい調査を観測することは、データの損失に結果としてなっている最大の雑種形成信号に至ることができる。ジメチルスルホキシド（DMSO）が、負の雑種形成およびスキャン制御として使うことができる。DMSOの点は、信号を与えてはならない。信号がDMSO点にある場合、課題が雑種形成またはスキャン・ステップであることがありえた。人間のおよびマウス・シーケンスを有する十分に低い異体同形を有する設備シーケンスは、負の雑種形成およびスキャン対照として利用できる。設備シーケンスは、いかなる信号も与えてはならない。設備点の信号は雑種形成に関する課題を示すことができた。i. eに、あるいは、スキャン（i. e）については、あまりに低い雑種形成厳しさが使われた。チップは、スキャナに嵌入された不正確な方位。ポリAが、明確な雑種形成 specificity/non特性制御として使うことができる。ポリA点は、常に強度の雑種形成を与えなければならない。ポリA点の信号は、あまり高い雑種形成厳しさの使用の結果ではありえなかった。Cy3またはCy5は結合したPCR、製品は陽スキャン・コントロールでありえる。配列上の点のPCR、製品または蛍光ラベルを含む他のいかなる核酸も常に信号を与えなければならない、そして、このシーケンスがそうする場合、目標の他のいかなるシーケンスも有する異体同形は核酸に含まれるラベルの信号でそこでなければならないだけではない。3倍にされて、ミトコンドリア生物学に關係している遺伝子のための制御調査および調査を、複製できるその他対照を印刷することと、してのチップ上の。配列のための対照を、購入できるストラタジーン（Spot Report™、ラ・ホーヤ、CA、USA）。

20

30

【0033】

周知のように、標準の目標および参照目標は、また、本発明の配列によって、役立つ。問い合わせられる用意されたサンプル目標が本発明の配列に適用されるときに、試験の結果が判断されて、スキャンすることによって。i. eに、そして、記録された。これらの結果は、直接類似した配列を使用している他の試験結果と比較されることができる。しかし、それはずっと正確である含む異なって、用意されたサンプル目標を有する雑種形成混合物の標準の目標にラベルをつける。実験的なサンプル目標の結果はそれから標準化される。その結果、それらは正確に他のサンプル目標の雑種形成の結果と比較されることができる。10の異なる用意されたサンプル目標は、本発明（同時に同じ用意された標準の目標（それから十の結果）に賛成の）の配列に雑種を作られるかどうかサンプル目標は、正確に各々と比較されることができる。比較の用意された参照または制御目標は、また、特に実行されている実験に關係することがありえる。用意された参照目標は、同性、年齢および核背景の動物から、1つの違い（例えば異なる表現型または治療）を除いて、実験的な目標サンプルと同じ細胞タイプに由来する目標サンプルでありえた。適当な参照目標の結果を有する実験的な目標の結果を比較することは、試験されている1つの違いと関連

40

50

する側面を与える。第1のサンプルの雑種形成結果が第2のサンプルの雑種形成結果と比較してあるときに、第1のサンプルの雑種形成結果が判断されて、記録されると共に、比較は起こることができる、または、その後、匹敵することによって、測定されて記録された雑種形成は2つのサンプルの中で結果としてなる。

【0034】

配列上の調査は長く20 - 30ヌクレオチドについてあるいは、それらが引き出される全ての遺伝子またはクローンの長さの同程度短くてもよい。そして、それは数千ベースをしていてもよい。調査シーケンスはそれが交雑する遺伝子の部分と同一でもよい(100%の異体同形を有する)、または、それは突然変異するシーケンスであってもよい。それらが交雑する遺伝子の部分については、変化する調査は、以下を100%の異体同形(例えば約98%の異体同形、約95%の異体同形、約90%の異体同形、約80%の異体同形または約75%の異体同形)未満にする。配列上の全ての調査が同じ雑種形成厳しさについてで、それらの対応する遺伝子に交雑できるように、配列は設計される。通常サンプルに問い合わせるために使用される配列のための調査は、複数の遺伝子、i. e.、反訳記録またはcDNAsに由来する核酸によって、実質的に交雑する反復性シーケンスのようなシーケンスを含まない。配列のための調査は、使用する雑種形成厳しさでユニークでなければならない。統計学的に、全ヒトゲノムにおいて、ユニークであるために、調査は長く少なくとも約15のヌクレオチドでなければならない。ユニークな探測機は、目標につき1種類の核酸によって、交雑することが可能なだけである。厳しさが使用した、それが2つの異なる遺伝子に由来する核酸によって、雑種を作る雑種形成でi. e.である場合調査はユニークでない。関連がある遺伝子。遺伝子に対する調査のシーケンスの異体同形および使用する雑種形成厳しさは、選択されたサンプルを試験するときに、調査がユニークかどうかについて決定するのを助ける。調査も、同じ遺伝子(i. e.)に由来する異なる核酸によって、交雑することができない。組み継ぎ異型。調査のためにも使用するシーケンスの遺伝子の場所は、助ける調査がユニークかどうか決定する選択されたサンプルを試験する。遺伝子の組み継ぎ異型が公知の場合、理想的には、異なるいくつかの調査シーケンスは配列のためのその遺伝子から選択される。そうすると、各々の調査は組み継ぎ異型のうちの1つに由来する核酸に交雑するだけである。参照本発明の配列に役立つ調査のシーケンスは、表3 - 5において、そして、シーケンス・リストにおいて、編集される。表3 - 5台の探測機が引き出される遺伝子シーケンスに由来する他の等価な調査は、また、本発明の配列に役立つ。本発明の配列が、選択的な雑種形成を考慮に入れている雑種形成状況で使われる。選択的な雑種形成の条件で、調査は1つの遺伝子だけから核酸によって、交雑する。配列が2つの目標または2つの用意されたサンプルによって、同時に交雑するときに、各々の調査は各々の用意されたサンプルまたは目標の核酸によって、交雑できる。これらの2つの核酸は同じunigeneクラスタからいつである。そして、調査はある前記、これらの核酸が異なるラベルを含むことができるという事実にもかかわらず、1つの遺伝子を有する交雑する。

【0035】

他の種からミトコンドリア生物学に関係している遺伝子のシーケンスは、それらが配列上の他の調査と同じ雑種形成厳しさについてで交雑する限り、本発明の配列に役立つ調査をするために用いることができる。かなり下部の厳しさ(例えば、それはシーケンスを設置する)で交雑することが可能なだけであるシーケンスは、負の対照として有効である。

【0036】

本発明の配列は、適切に雑種形成厳しさを修正することによって、関連した種のための側面を決定するために利用できる。有機体間のシーケンス異体同形は、従来技術において、周知である。例えば、人間およびチンパンジ・シーケンスは、約98%、同一である。従って、人間の配列は、雑種形成厳しさの適切な引き下げについては、チンパンジの側面図を作ること役立つ。周知のように、雑種形成厳しさは、塩濃度および雑種形成のような雑種形成構成要素を修正することによって、降ろされることができておよび/または温度を洗うことができる。

【0037】

本発明の配列に役立つシーケンスは、他の種のための配列も設計することに役立つ。新しい有機体のための配列を作成するために、すでに他のミトコンドリア生物学配列に役立つことは公知のシーケンスについては、技術にとって公知の方法によって、表されたシーケンス・タグ (ESTs) を含んで、新しい有機体からの周知のシーケンスは、比較される。シーケンス比較は、核酸またはポリペプチド・レベルで実行されることができ、新しい有機体からの相応して類似したシーケンスは、それにより識別されて、新規な有機体のミトコンドリア配列のために選ばれる。本発明の配列上の調査は、また、ライブラリを隠すことのような技術において、標準である分子生物学技術を使用している新規な有機体の配列の候補を識別するための調査として有効である。

10

【0038】

本願明細書において、与えられるシーケンスが補完的なふさを含むために意味される全ては、湧き出る二本鎖ポリヌクレオチド与えられたシーケンスを成る。

【0039】

本発明の Microarrays は、試験される選択された生理的状態の全ての調査診断としてのさらに同じだけに、わずか2台の探測機を含むことができる。本発明の Microarrays は、また、ミトコンドリア生物学に関係している全ての遺伝子のための調査を含むことができる。本発明の配列は、少なくとも約5つの遺伝子、少なくとも約10の遺伝子、少なくとも約25の遺伝子、少なくとも約50の遺伝子、少なくとも約100の遺伝子、少なくとも約500の遺伝子または少なくとも約1000の遺伝子のための調査を含むことができる。マウス配列は少なくとも約950の遺伝子のための調査を含むことができる。そして、人間の配列は少なくとも約600の遺伝子のための調査を含むことができる。本発明の配列は、約5つ以上の点、約10以上の点、約25以上の点、約100以上の点、約500以上の点または約1000以上の点から成ることができる。

20

【0040】

microarrays を使用することは目標の拡大がそばに例えば重要なシーケンスの中で配列する (同じシーケンスの多数のコピーの生成) ことが必要でありえる「PCR、または、転写を逆転させる。核酸が複製されるにつれて、それは電球のように光を発する蛍光ラベルを付け加えられる。ラベルをつけられた核酸は、microarray に導入されて、期間の間反応できる。この核酸は、支持するかまたは雑種を作る、調査が十分に相補的である配列上の調査を有するためにラベルをつけて、拡大する、サンプル核酸。余分の核酸は配列の中で洗い落とされる。そして、調査に結合した核酸だけを残す。蛍光スキャナを有する配列のイメージを得て、ソフトウェアを雑種を作られた配列イメージを分析するために用いることによって、それが決定されることができ、そして、どんな範囲に、遺伝子に入れ換えられるシーケンスがそうであるのであるにせよ、または、配列上の特定の場所で蛍光強度を比較することによって、現れる。信号の強度は、シーケンスがどんな範囲にあるかについて指し示す。表現配列において、高いまばゆい信号は遺伝子の多くのコピーがサンプルに存在することを示す、そして、より低いまばゆい信号は遺伝子がより活発でないことを示す。適当な雑種形成状況および調査を選ぶことによって、この技術は、一つのヌクレオチド多形性 (SNPs) を検出するために、そして、塩基配列決定のために役立つ。microarrays を設計して、使用方法は、連続的に改善されている (Relegio、A. その他 (2002 の) Nuc. Acids. Res. 30 (11): e51、イワサキ (ほか、2002 の) DNA Res. 9、2: 59-62、そして、Lindroos (K. ほか、2002 の) Nuc. Acids. Res. 30、14: E70)。

30

40

【0041】

本発明の配列は、公知技術のいかなる配列合成方法 (例えば観測している技術または強力な位相合成) にもよってなされることができ、好ましくは、本発明の配列は、フォトリソグラフィおよび組合せの化学の組合せを使用している強力な位相合成により合成される。調査選択および配列設計のいくつかのキー素子は、全ての配列の生産に共通である。

50

例えば、調査雑種形成を最適化する戦略は、一定不変に調査精選品の加工に含まれる。特定の pH、塩および温度条件の雑種形成は、温度を溶解させている利益への取得によって、そして、所望の雑種形成挙動と相関する経験的規則を用いて最適化されることができる。コンピュータ・モデルが、調査雑種形成の強度および *concentration* - 依存を予測するために使うことができる。

【0042】

配列（また、DNA *microarrays* または DNA チップと呼ばれている）は、ガラスに一般に高速ロボット工学により製造される「時々ナイロン基板上の、しかし」どの調査のための（*Phimister, B. (1999)*）ネイチャー *Genetics* 215: 1 - 60）、相補型締め具は、周知の識別によって、決定するために用いる。単一の DNA チップの実験は、同時に何千もの遺伝子に関する研究者情報を提供できる。設計におけるいくつかのステップおよび DNA 配列実験の実行がある。多くの戦略は、各々のこれらのステップで調査された：1) DNA タイプ、2) *Chip* 製作、3) *Sample* 準備、4) *Assay*、5) *Readout*、そして、6) *Software*（情報科学）。

10

【0043】

配列技術のための2枚の主な申込み用紙が、ある：1) 遺伝子の表現レベル（多量）の *Determination*、そして、2) シーケンス（遺伝子 / 遺伝子突然変異）の *Identification*。そこで、周知の識別を有する配列された DNA シーケンスの知的所有権に関して、配列技術の2つの異型であるように見える：私が成るフォーマットは、しみがついているガラス使用しているロボットのような固体の表層に固定されて、一組の目標にもさらされる cDNA（500 - 5（000 ベース）長く）を徹底調査する別に、または、混合の。DNA *microarray* と呼ばれている伝統的に、この方法」は、広くスタンフォード大学で開発されたことと思われる。（*R. エキンズおよび F. W. Chu "Microarrays: それらの起源およびアプリケーション"、Biotechnology の [1999 の] Trends、17: 217 - 218*）。フォーマット II はオリゴヌクレオチド（20 - 80 - *mer oligos*）の配列から成る、または、調査が *situ*（オンチップの）において、従来の合成によって、総合したペプチド核酸（PNA）はオンチップ固定することによって、あとに続いた。配列はラベルをつけられたサンプル DNA（雑種を作られる）にさらされる。そして、補完的なシーケンスの識別 / 多量は決定される。この方法、「*GeneChips* の下でその写真蝕刻法で製作された製品を販売する *Affymetrix* 社で、*historically called* DNA チップは、開発された商標。多くの会社は、他の元の位置の合成を使用しているかまたは技術を *depositioning* しているオリゴヌクレオチドに基づくチップを製造している。

20

30

【0044】

配列上の調査は *fluorescently* にラベルをつけられた目標ポリヌクレオチドによって、雑種を作られることが可能である。そして、交雑する配列は蛍光顕微鏡検査を走査することにより走査されることができる。不適当な組合せ内容の範囲を決定して、多形性を識別して、一般の若干の塩基配列決定情報を提供するアルゴリズムによって、蛍光パターンは、それから分析される（*M. チーほか ([1996 の] サイエンス 274) : 610*）。選択性は、離れて非選択的に吸着された材料をすすぐために低い厳しさ洗浄によって、このシステムで産出される。配列要素からの相対的な結合する信号の次の分析は、塩基対不適当な組合せが存在できるところを決定する。この方法はそれから厳しさを最大にするために従来の化学方法に依存する。そして、オートメーション化したパターン認識処理は完全に相補型で部分的に相補型締め具を区別するために用いる。

40

【0045】

装置（例えば標準の核酸 *microarrays* または遺伝子チップ）は、サンプル冗長のデータ処理アルゴリズムおよび用途を必要とする（*i. e.* 同じ種類の変則の統計学的に有意のデータ解釈および回避のための配列要素の多数）提供する半定量分析装置面

50

に固定される目標シーケンスおよびシーケンス間の不適当な組合せの多形性またはレベルの。この種のアルゴリズムおよび統計分析に役立つソフトウェアは、技術にとって公知である。

【0046】

転写のような、最初に *microarrays* を使用することは、後退によって、重要な遺伝子の拡大（同じ遺伝子の多数のコピーの生成）を必要とする。核酸が複製されるにつれて、それは電球のように光を発する蛍光ラベルを付け加えられる。ラベルをつけられた核酸は、*microarray* に導入されて、期間の間反応できる。この核酸は、支持するかまたは、調査が用意されたサンプルの核酸と、十分に相補的である配列上の調査については、雑種を作る。余分の核酸は配列の中で洗い落とされる。そして、調査に結合した核酸だけを残す。蛍光スキャナを有する配列のイメージを得て、ソフトウェアを雑種を作られた配列イメージを分析するために用いることによって、それが決定されることができ、そして、遺伝子はどんな範囲に入れ換えられるまたは、配列上の特定の場所で蛍光強度を比較することによって、シーケンスはある否か。高いまばゆい信号は遺伝子の多くのコピーが用意されたサンプルに存在することを示す、そして、より低いまばゆい信号は遺伝子がより活発でないことを示す。表現は、缶が直接比較されるという異なる状況の下で、さまざまな遺伝子のために水平になるようである癌細胞および通常の細胞に関しては。同様に、どんな遺伝子が薬のような特定の刺激に反応してオン/オフされるかについて決定されることができ。それが疾患経路の遺伝子を識別して、更に薬のいずれの有効性もまたは毒性を予示するので、この種の情報は価値がある。

10

20

【0047】

特定の多形性を検出することは、2台の探測機を使用して達成されることができ。1台の探測機は完全に目標シーケンスと相補的に設計されている。そして、その中心の単一のベース不適当な組合せを除いて同一であるパートナー調査は発生する。*Affymetrix* システムにおいて、これらの調査一組は、*Perfect Match* 調査（PM）および *Mismatch* 調査（mM）と呼ばれている。それらは、生じられる信号の計量および減算を考慮に入れる非特異的である十字 - 雑種形成。雑種形成の違いはパートナーの間で信号を送る、それらの強度比率と同様に、特定の目標多量の、そして、従ってシーケンスのインジケータとして役立つ。

【0048】

配列は、シーケンスの個々のヌクレオチドに問い合わせるために多数の調査に依存できる。目標ベースのアイデンティティは目標位置だけにおいて、変化する4台の同一の探測機を使用して演繹されることができ。そして、各々4つの可能なベースのうちの1つを含む。あるいは、共通配列の存在は、特定の対立遺伝子を表している1、2の調査を使用して試験されることができ。遺伝子型にヘテロである、または、遺伝的にサンプルを調査されて、多くの調査を有する配列は、明確に *genotyping* することに結果としてなって、冗長な情報を提供するために作成されることができ。

30

【0049】

アニール化されることは起こるまで、固体基板および目標（サンプルのヌクレオチド配列）に取り付けられる探測機は雑種形成緩衝液に組み込まれて、適当な温度で保持した。その後で、外来の材料から自由な基板は洗われる。そして、放射能写真、計数している液体火花および/または蛍光によって、例えば公知技術の方法によって、検出および計量を考慮に入れている固定された調査分子に結合される目標上の核酸を残す。改良が雑種形成および検出技術でなされるにつれて、それらは従来技術において、当業者によって、直ちに適用されることができ。周知のように、調査分子および目標分子が2つの分子間の強い *non* - 共有結合を形成することによって、交雑する場合、アニール化されて、ステップを洗うことは高い厳しさの状態の下で、実行される場合、調査および目標核酸が本質的に同一であるかほぼ完全に相補的であると合理的に仮定されることができ。検出可能なラベルは、手段を雑種形成が起こったかどうかについて決定することに提供する。

40

【0050】

50

雑種形成調査としてオリゴヌクレオチドまたはポリヌクレオチドを使用するときに、調査はラベルをつけられることが可能である。本発明の配列において、目標は技術にとって公知の手段によって、その代わりにラベルをつけられることが可能である。目標は、放射性であるか非放射性ラベルについてのラベルがついていることができる。目標は、好ましくは蛍光ラベルを含む。

【0051】

雑種形成の厳しさのさまざまな程度を、使用できる。状況は、より厳しい、より大きい「二重形成のために必要である相補性。厳しさは、温度、調査集中、調査長、イオン強度、時間、などにより制御されることができる。雑種形成実験はしばしば適度の下にへ技術による状況が従来技術において、よく知っている高い厳しさに導かれる。そして、ケラー、G. H. および M. M. Manak (1987の) DNA Probe の実施例のために、そのことはストックトン・プレス、ニューヨーク、NYを記載した。(pp. 169 - 170 (本願明細書に引用したものとする)。しかし、周知のように、塩基配列決定配列は、概して下部の雑種形成厳しさを使用する。

10

【0052】

雑種形成の条件が公知である高い厳しさに、技術を加減する。汚点の高い厳しさ条件の実施例は、5X SSC / 5Xの68のCで交雑しているデンハート液 / 0.1%の特別割引販売、そして、0.2X SSC / 0.1%特別割引販売の室温で、洗濯物。適度な厳しさの条件の実施例は、5X SSC / 5Xの68のCで交雑しているデンハート液 / 0.1%の特別割引販売、そして、3X SSC. の42のCで洗濯物「温度および塩濃度のパラメータは、調査間のシーケンス識別の所望の面を達成して、核酸を目標とするために変化できる。確認する。eに、g. Sambrook その他 (1989) は、下に参照する、または、オスベルその他 (1995) Molecular Biology、ジョン・ワイリー、NY、雑種形成状況の更なるガイダンスのために、NYの Current Protocols。

20

【0053】

溶融する温度は、以下の公式により記載されている (Beltz (G. A. その他) [1983] Enzymology、R. 呉語、L. グロスマンおよび K. Moldave [編集] アカデミック・プレス (ニューヨーク100) の Methods: 266 - 285)。

30

$$T_m = 81.50^{\circ}\text{C} + 16.6 \log [\text{Na}^+] + 0.41 (+G + C) - 0.61 (\% \text{ホルムアミド}) - \text{塩基対のデュプレックスの} 600 / \text{length}.$$

【0054】

洗浄は、次のように概して行われることができる：1X SSPE、0.1%の特別割引販売（低い厳しさ洗浄）および0.2X SSPE (0) の15分の間のTM - 20°Cの一度の15分の間の室温の二度。1%の特別割引販売（適度な厳しさ洗浄）。

【0055】

本発明に役立つ核酸は、Polymerase Chain Reactionによって、つくられることが可能である (PCR) 拡大。PCR、製品はアガロース・ゲル電気泳動により確認されることができる。PCR核酸シーケンスの反復、酵素の、満たされた合成にある。この手順は、周知でこの技術に熟練しているそれらによって、共通して使う (マリス (米国特許数字) を見る 4, 683, 195, 4, 683, 202 および 4, 800, 159、佐伯ほか [1985の]サイエンス 230: 1350 - 1354)。PCR酵素で目標シーケンスの対向するふさに交雑する2冊のオリゴヌクレオチド入門書が側面に並んでいる関心のDNA断片を拡大する用いる。下塗りは、各々の方へ指している3' endsによって、正しい位置に置かれる。それらの補完的なシーケンスに下塗りの中でアニール化されて、テンプレートの熱変性のサイクルを繰り返す、そして、部分の拡大のポリメラーゼ結果が5' endsによって、定義したDNAを有する鍛えられた下塗りの拡張「PCR下塗り。各々の下塗りの拡張製品が他の下塗りのためのテンプレートとして役立つことができるので、各サイクルは本質的に前のサイクルにおいて、生産される

40

50

DNAテンプレートの量を2倍にする。2、3時間のいくつかの100万 - 折り目まで、これは特定の目標断片の指数蓄積に結果としてなる。を用いて耐熱である分離されるDNAポリメラーゼ(例えばTaqポリメラーゼ)から高温細菌aquaticusにThermus、拡大プロセスは、完全に自動化されることができる。使うことができる他の酵素は、当業者にとって公知である。

【0056】

本発明のポリヌクレオチド・シーケンスは、頭を切って短くされることができておおよび/または突然変異した最初のノーカット・シーケンスの断片おおよび/または変異体がノーカット・シーケンスの所望の特徴を保持できる結果になる確かな。より大きい核酸分子から断片を生成することに適している多種多様な規制酵素は、周知である。加えて、Bal 10 31エキソヌクレアーゼがDNAの時間に制御された限られた消化のために、便利に使うことができることは、周知である。CloningしているManiatis(1982の)Molecular参照:Laboratoryマニュアル。冷たい春のハーバールaboratory、ニューヨーク、ページ135-139(本願明細書に引用したものとする)。また、Weiほか(1983の)J. Biolを参照。化学258:13006-13512。Bal 31エキソヌクレアーゼ(共通に、as「erase-a-base」proceduresに関連した)を用いて、通常熟練した職人がヌクレオチドを取り除くことができることからどちらか、または、広い範囲の機能的に主題ヌクレオチド配列に等しい断片を生成する主題核酸の両方の端。当業者は、従来技術において、この 20 ように、最初の分子に沿って全て場所から制御、様々な長さの何百もの断片を生成できる。通常熟練した職人は、通常試験することができてまたはそれらの特徴のための生成された断片を隠すことができて、有用性を決めることができるの本願明細書において、教示されて分解する。変異体シーケンスが容易に産出されることができることは、また、周知である「部位特異的変異誘発。例えば、ラリオノフ、O. A. およびニキフォロフは知る V. G. Genetika 18の(1982の)(3):349-59、そして、Shortle、D. ほか、(1981の)アンヌ。Rev. ジュネ。15:265-94 (両方とも本願明細書に引用したものとする)。熟練した職人は、通常deletion -、挿入または置換 - タイプ突然変異を起こすことができて、野生のタイプ・シーケンスの所望の特徴またはその断片を含むそれらの結果として生じる変異体を識別できる。

【0057】

このように、当業者にとって周知である方法によって、開示されたヌクレオチド配列の突然変異で、insertionalでdeletionalな異型は、直ちに準備されることができる。異型が原物のシーケンスを有する相当なシーケンス異体同形を有する限り、これらの異型が例証された下塗りシーケンスとして同様に使うことができる。ここで 30 使用しているように、相当なシーケンス異体同形は、異型ポリヌクレオチドが調査が引き出されたポリヌクレオチドと同じ容量において、機能することを可能にするのに十分である異体同形に関連する。異体同形は、80%、85%を超える、90%を超えるまたは95%を超えるより大きい。異体同形の程度またはその意図された容量の機能に異型のために必要とされる識別は、シーケンスの意図された使用に依存する。機能において、等価であるかまたはシーケンスの機能を向上させるかまたは一方方法論的な効果を提供するよう 40 に設計されている突然変異で、insertionalでdeletionalな突然変異をすることは、この技術の訓練をされる人の技術の範囲内でよい。

【0058】

2つの核酸のパーセント・シーケンス・アイデンティティは、カーリンでアルチュール(1990の)会報全米科学アカデミーUSA 87のアルゴリズムを使用して決定されることができる:2264-2268(カーリンでアルチュール(1993の)会報全米科学アカデミーUSA 90に記載の修正される):5873-5877。この種のアルゴリズムは、アルチュールほか(1990の)J. MolのNB L A S T およびX B L A S T プログラムに組み込まれる。生物学215: 402-410。所望のパーセント・シーケンス識別を有するヌクレオチド配列を得るために、ヌクレオチドが検索するB L 50

A S Tは、N B L A S Tプログラム、得点 = 100、word length = 12により実行される。比較のためにすき間を作られた配置を得るために、GappedされたB L A S Tが、アルチュールほか(1997の)Nuc lにて説明したように、使われる。酸。物。25:3389-3402。B L A S TおよびGappedされたB L A S Tプログラムを利用するときに、それぞれのプログラム(N B L A S TおよびX B L A S T)のデフォルト・パラメータが使われる。http://www.ncbi.nih.govを参照。

【0059】

クローニング、DNA隔離、拡大および、DNAリガーゼを含んでいる酵素の反応、DNAポリメラーゼ、規制エンドヌクレアーゼなどのために、浄化のための標準の技術本願
10
明細書において、役立つさまざまな分離技術を、そして、人々は知っている。そして、共通に当業者により使用される。多くの標準の技術は、Sambrookほか(1989の)Molecular Cloning (Second Edition)に記載されているコールドスプリングハーバーLaboratory、Plainview、ニューヨーク、CloningしているManiatisほか(1982の)Molecular
、コールドスプリングハーバーLaboratory、Plainview、ニューヨーク、鳥江(編集)(1993)メソジストEnzymol. 218(パート1)、鳥江(編集)(1979)メソジストEnzymol. 68、呉語ほか(編集)(1983)メ
ソジストEnzymol. 100および101、グロスマン、そして、Moldave(20
編集)メソジストEnzymol. 65、Molecular Geneticsのミラー(編集)(1972の)Experiments、コールドスプリングハーバーLaboratory、コールドスプリングハーバー(ニューヨーク)、Gene Manip
ulation、カリフォルニア大学プレス、パークレーの古いPrimrose(19
81の)Principles、Molecular Biologyのシュレイフとウェンシンク(1982の)Practical Methods、第I巻およびIIをC
loningしているグラバー(編集)(1985の)DNA、IRLプレス、オックス
フォード、英国、故郷、そして、ヒギンズNucleic Acids(編集)(1985の)Ac
id Hybridization(IRLプレス)オックスフォード(英国)、Set
lowおよびEngineeringしてGeneticなHollaender(19
79):原理およびMethods(Vols.)1-4、Plenumプレス、ニュー
30
ヨーク、そして、オスベルその他分子生物学、グリーン/ワイリー、ニューヨーク、N
Yの現在の(1992の)プロトコル。使用される所で、省略形および命名法はフィールドにおいて、標準であると考えられて、本願明細書において、引用される人々のような専門
のジャーナルにおいて、共通して使う。

【0060】

本発明の配列はミトコンドリア疾患のための表現サインまたは側面を定めることに役立つ。そして、同じくOXPHOS機能不全、酸性応力、アポトーシスおよび老化から生じる臨床障害を区別する。本発明のmicroarraysは、側面を一般の下にある病態生理学的機構を有するミトコンドリア疾患の全クラスに提供することに役立つ。これらの配列を使用することから得られるデータは、これらの疾患に関係している経路の識別にお
40
いて、そして、これらの疾患を治療するための効率的な療法の設計において、役立つ。

【0061】

本発明の配列は、ミトコンドリア生物学表現側面を決定するために、そして、それらの側面を使用しているサンプル評価のために役立つ。経路、遺伝子および人間の生理的状況の、そして、治療で予防治療を設計して、それらの効果を評価するための動物のモデルを作製することの生理的条件に関係している突然変異を識別するために、本発明の配列は、診断に役立つ。

【0062】

本発明の配列は、有機体(例えば人間、マウスおよび密接に関連した種)のミトコンドリア生物学表現輪郭を決定することに役立つ、この種の有機体の組織および器官、細胞種
50

類のこの種の有機体、そして、細胞系はこの種の有機体に由来した。個人は、胎児（新生児）として乳児（児童）を含むいかなる年齢でも試験されることができる若者、成熟した成人、シニアおよび死亡者。標準の目標を使用して、本発明の配列は、異なる個人または小室のミトコンドリア生物学側面図を比較することに役立つ。

【0063】

本発明の配列は、エネルギー - 代謝関連した生理的状态のような生理的状态と関連する側面を決定することに役立つ。生理的状态は、健康な状況または病的状態でありえる。人間の健康な状況の実施例は、centenariaおよび体育学である。人間の病的状態の実施例は、リー症候群（LS）である。この種の生理的状态については、そして、なしで、個人からの側面を決定して、それらを比較することによって、代表的で生理的状态を記述したミトコンドリア生物学側面が決定されることができ、例えば、なぜならば、実施例4 - 5の人間。表現型または遺伝子型を有する線が実施例13 - 15において、生理的状态と関連した細胞のために、側面は同様に決定されることができ。側面はまた、人間以外の動物のために決定されることができ。そして、実施例8 - 12, 16および19に記載の生理的状态については、マウス圧力を含む。本発明の配列は、実施例20のミトコンドリア生物学に関係している遺伝子の表現度の通常のバリエーションの範囲を決定することに役立つ。本発明の配列が、生理的状态をもつ、そして、のない個人の中で、生理的状态、用意された目標サンプルまたはプールされた用意された目標サンプルと関連する側面を決定するために用いるが、一方類似している時は、本発明の配列に交雑する。用意されたサンプルの雑種形成は、測定されて、可能であるならば、生理的状态と関連する側面を決定するために比較される。周知のように、側面は生理的状态を診断するために必要な調査に関する側面データを含むだけであるために統計分析によって、最適化されることができ。

10

20

【0064】

生理的状态と関連する側面が、それから本発明（実施例7に記載のそのようなもの）の配列を使用している診断または評価のために使うことができる。生理的状态の輪郭を、分析できる。そして、分析は生理的状态の診断のための配列を最適化したものである。生理的状态の診断のための最適化された配列は、最小限に生理的状态のコンテキストおよび他のありそうな診断を除去するのに十分な遺伝子のための調査の表現レベルを変えた一つ以上遺伝子のための少なくとも一つの調査を含む。診断は、生理的状态にかかっているかもしれない個人からのサンプルを集めて、全てのための調査を含んでいる配列を用いて、本発明の配列を用いた用意されたサンプルの輪郭を決定することを含むミトコンドリア生物学に関係している遺伝子または生理的状态の診断のために最適化される配列のために必要であるのと、少なくとも同程度多くの調査を有するより少しの調査。個人のプロフィールはそれから生理的状态の輪郭と比較される。そして、比較は個人が生理的状态にかかっているという可能性を決定するために分析される。本発明の配列が、また、特定の生理的状态を有する疑いがない個人を審査するために使うことができる。サンプルは、この種の個人（準備される）から収集してミトコンドリア個人のプロフィールが配列を使用して決定される生物学である本発明。eに、g、ミトコンドリア生物学に関係している全ての遺伝子のための調査を含んでいる配列。この個人のプロフィールは、それから、個人のプロフィールが診断可能な生理的状态を表すかどうか決定するために、個人が有することができる一つ以上の生理的状态の周知のミトコンドリア生物学輪郭と比較される。実施例16において、示されるにつれて、本発明の配列はまた、他の徴候の体裁の前に生理的状态を表す側面を検出することに役立つ。

30

40

【0065】

側面の、または、関連されて、生理的状态は、また、生理的状态の因果関係に関係している生理的状态および遺伝子に影響を受ける生化学経路を識別することに役立つ。生理的状态の輪郭が遺伝子の表現度の変更を示す場合、その遺伝子は生理的状态を引き起こしている突然変異を識別する塩基配列決定の候補である。側面がいくつかの遺伝子の表現度の変更を示す場合、それらを調整することは公知の遺伝子は生理的状态を引き起こしている

50

突然変異を識別する塩基配列決定の候補である。実施例 3 は、生理的状況と関連する突然変異の識別のための本発明の配列を使用することを記載する。

【0066】

生理的状態の輪郭は、人間の生理的状況の動物のモデルを作製しておよび／または識別することに役立つ。生理的状態の輪郭は、動物の生理的状態を模倣するためにつくる突然変異（例えばノックアウト）のタイプを提案できる。本発明の配列は、また、類似した側面を有する。そして、このように生理的状態と関連する個々の動物を識別するために遺伝子工学によるか他の突然変異する個体群を隠すことに役立つ。

【0067】

本発明の配列を使用して、繰り返し時間にわたってまたはさまざまな環境条件へのこのことにより露出の後、同じ個人は、効果を決定することの側面図を作られることが可能である時間または露出。異なる年齢でまたは異なる環境条件への露出の後、等価な個人はまた、本発明の配列を用いて概略を書かれることができる。そして、それによって、時間または露出の効果を決定する。例えば、特定の遺伝子型の、そして、特定の年齢のマウスの対照群を、比較できる。そして、同じ遺伝子型の一群の実験的なマウスおよび環境障害の影響を決定するために特定の環境危険にさらされた年齢まで、本発明の配列を使用する。有機体と同様に、細胞系は実施例 15 の異なる環境条件への露出の後、側面図を作られることが可能である。本発明の配列は、また、老化の効果を決定することに役立つ。実施例 8 および 19 は、異なる年齢で側面の違いを示す。

10

【0068】

治療は環境条件である。そして、いずれが試験されることができ、効果が本発明の配列を使用する。生理的状態において、影響を受ける経路の識別によって、役立つ治療の識別が生理的状態を有する個人を治療できる。例えば、新しい生理的状況が側面図を作られるにつれて、側面が治療的な薬品の種類の効果のために決定される場合、関連した治療的な薬品は容易に識別されることができ。生理的状態の輪郭は、候補療法を個人を生理的状態で扱うことを見つけるため検査することに役立つ。生理的状態、人間の生理的状態の動物のモデルまたは生理的状態をもつ個人の細胞系典型の有無にかかわらず、個人は候補療法で扱われることができる。サンプル側面図を作る治療（準備される）の後、集める、側面は本発明の、そして、治療の前のまたは治療のない等価な個人または細胞に対する同じ個人のプロフィールと比較した配列を治療の効果を決定するために用いて決定される。生理的状態の影響を逆転させている治療は、それにより識別されることができ。所望の生理的状況を引き起こしている予防治療および治療は、同様に識別されることができ。

20

30

【0069】

本発明の配列は、人口に関しては同様に特定の個人のための治療の効果をモニタすることに役立つ。診断された個人のプロフィールを、決定できると、治療を与えられる個人およびそれから個人のプロフィールが本発明の配列を用いて再び決定した。治療を、修正できる。そして、側面は再テストを受けた、それまで、満足な扱われた側面は得られる。

【0070】

適度にてミトコンドリア生物学に関係しているヒト遺伝子を有する高い厳しさに交雑している調査を含んでいる配列が、密接に関連した種から人間、人間の細胞系および用意されたサンプルから用意されたサンプルを検定するために使われる。適度にてミトコンドリア生物学に関係しているマウス遺伝子を有する高い厳しさに交雑している調査を含んでいる配列が、密接に関連した種からマウス、マウス細胞系および用意されたサンプルから用意されたサンプルを検定するために使われる。本発明の配列は、ミトコンドリア生物学に関係している遺伝子のための調査を使用してなされる。調査は、選ばれることができて、クローンのリストおよび表 3 - 5 のシーケンスからまたは遺伝子がこれらのテーブルにリストされないミトコンドリア生物学に関係していることを表しているシーケンスおよびクローンから発生できる。調査は、核酸合成によって、試験管内で発生できる PCR、公知技術のクローン技術またはその他技術。側面を接することまたはベクトル・シーケンスは

40

50

、調査において、最小化されることができる。Research Genetics クローン (Res Gen / Invitrogen、カールズバッド、CA) から発生する調査を、拡大できるPCR実施例22にて説明したように。任意に、制御調査は、また、本発明の配列のために選ばれる。クローンの実施例および制御調査をするためのシーケンスは、表6 (SEQ ID NOS) にリストされる：3041 - 3044。家事遺伝子が陽対照に選ばれる場合、通常、それらは非対照が徹底調査するのと、同じ種に由来する。家事遺伝子調査は、入手可能であるストラタジーン (点レポート、ラ・ホーヤ) CA、USA。

【0071】

家事遺伝子の実施例は、表2に示される。家事遺伝子は、一般に全ての細胞の表現の一貫した量を有する。本発明の配列を使用して、表2にリストされる25の家事遺伝子の表現度が4つの細胞系、LMEB4、NZB、501-1およびLM(TK)において、比較されたこと - ブドウ糖、ピルビン酸塩およびウリジン (GUP) で補充されるメディアで発達する細胞系。若干の変動性は、細胞系の間であった。家事遺伝子は、また、マウス、CAPおよびNZBの2つの重圧の6つの異なるマウス組織サンプル (脳、心臓、肝臓、腎臓、脾臓および筋肉) において、試験された。変化は、再びあるが、わずかだった。

【0072】

表2

【0073】

【表2】

Description	Functional Class
Actin-gamma	Structural gene
A272 Capping protein	Structural gene
Glyceraldehyde phosphate dehydrogenase	Metabolism-glycolysis
DNA ligase I	DNA repair/synthesis
β -actin	Structural
Alkaline Phosphatase	Unclassified
40s Ribosomal protein S15	Protein synthesis
Hypoxanthine phosphoribosyl transferase (HPRT)	Metabolism-nucleotide
Ribosomal protein L15	Protein synthesis
Ribosomal Protein S29	Protein translation
Acient ubiquinating protein	Metabolism-protein
Glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase	Metabolism-glycolysis
Actin- α (skeletal muscle)	Structural
Murine ornithine decarboxylase	Metabolism-amino acid
calcium binding protein Cab45	Calcium homeostasis
Ribosomal protein L1A	Protein synthesis
RNA splicing protein	RNA processing
Actin-gamma (smooth muscle)	Structural gene
E2F transcription factor	Transcriptional regulation
Ubiquitin	Unclassified
Myosin I	Structural
HPRT	Metabolism-nucleotide
Phospholipase A2 (14-3-3 zeta/delta)	Signal transduction
HPRT	Metabolism-nucleotide
Ribosomal protein L3	Protein synthesis

配列は、固体基板に印刷されることができる。e.g. ガラス顕微鏡スライド。印刷する前に、スライドは基板を実施例23に記載の締め具に提供する準備ができています。配列は、いかなる印刷技術もおよび公知技術の機械を使用して印刷されることができる。印刷することは、調査を基板に配置して、調査を基板に取り付けて、予防する基板をブロックすることが必要である非特異的である、実施例24にて説明したように、雑種形成。

【0074】

本発明の配列を使用している分析に役立つサンプルは、完全RNAサンプルおよびmRNAサンプルを含む。RNAサンプルは、実施例25にて説明したように、準備されることができる。RNAサンプルは、cDNAに転写されて、同時にラベルをつけられる後退である。i. eに、2色蛍光システム（例えば実施例26にて説明したように、Cy3-dCTP/Cy5-dCTP）の1つの部材を有する。適当な配列は、用意されたサンプルによって、雑種を作られて、洗われてあるサンプルの選択および配列の調査を説明している厳しさ。調査シーケンスがそれが問い合わせる遺伝子および調査がより大きい時を有するより高い異体同形を有するときに、雑種形成厳しさはより高くありえる。参照目標、標準の目標または直接の比較の他のサンプル目標は、準備されることができて、同じ配列に同時に交雑した。用意されたサンプルは、雑種形成の間、解体しなくて、ラベルをつけられる。用意されたサンプルは、転写されて、fluorescentlyにラベルをつけられる後退である。

10

【0075】

雑種形成結果は、判断されることができて、器材およびソフトウェアを実施例27にて説明したように、従来技術において、利用でき扱うことを分析した。データを完成させる前に、事前の結果は、公知技術の方法によって、好ましくは正常化される。正常化の実施例は、実施例29に現れる。分析は、有意性の判定を含む。測定は正常化および分析を含むことができる。そして、統計分析を含む。結果として生じるデータは、概してコンピュータ・ファイルに格納される。

20

【0076】

ミトコンドリア生物学表現microarraysは、ミトコンドリア生物学の変更によって、生じる遺伝子表現の変更を検出することに役立つ。Incyte PharmaceuticalsまたはAffymetrixのような会社からの市販の完全ゲノム表現配列が本発明の配列の20倍多くの遺伝子に、10のための調査を含むにもかかわらず、市販の配列は限界を有する。本発明の配列に含まれたいくつかの遺伝子および探測機は、商業配列で利用可能でない。商業配列は、また、非常に高価で大きいそれらから生じることはそうすることができるデータセットであるむしろ扱いにくい分析して、そして、操作する。本発明のより小さい、より焦点に集められた配列によって、ミトコンドリア何百もの遺伝子の表現パターンが迅速かつ効率よくモニタされることができる。この調査は、ミトコンドリア遺伝子と同様に核兵器のための調査を含んで、ミトコンドリア生物学表現研究のための習慣-設計されたmicroarrayがミトコンドリア生物学に関係している遺伝子または代謝状態の他の変化の突然変異から生じている機能の変更によって、生じる遺伝子表現変化の分析のための効果的道具であることを示す。実施例8-12および16-17のマウス組織実験が本発明の配列の整合性を示すと共に、実施例13-17および20の細胞系実験は特に本発明の配列の特性および感度を示す際に有益であった。

30

【0077】

調査を生成するために用いるクローンは、表3-5にリストされる。クローンは、約1kbから約4kbまで変動する。大部分のクローンの挿入物は、5' and 3' endsに配列された。クローンの5' and 3' endsのシーケンスは、800nt通常約200nt乃至約であって、本願明細書において、提供される。調査は、いくつかの方法を経て発生できる。例えば、表3-5にリストされるクローンは商業的に得られることが可能である。そして、挿入物が精製されて、調査として使われる。あるいは、このシーケンス・リストの5' or 3' sequence既知の事実を、合成できるオリゴヌクレオチドを設計するために用いることができ、cDNAを識別するためにライブラリを徹底調査したものである、または、クローンに等しいゲノム・クローンは原物のシーケンスを生成したものである。この新しく識別されたcDNAまたはゲノム等価なクローンは、調査を生成するために用いることができる。あるいは、1台のクローンの5' and 3' endsを表して、シーケンス・リストからの一対のシーケンスは設計するために用いることができるPCR下塗り、使うことができるためにPCR 5' and 3' we

40

50

re が由来した対応するクローンの挿入物に *equivalent* である単離された核酸を拡大する。この単離された核酸が、調査として使うことができる。調査は、サンプルのいかなるシーケンスにもよって交雑するベクトル・シーケンスを含んではならない。設計するための方法 PCR、ライブラリを隠すための下塗りおよび設計オリゴヌクレオチドは、従来技術において、周知である。

【実施例】

【0078】

実施例 1

1つの Human Mitochondrial Biology Array

人間のミトコンドリア生物学配列がなされる EXAMPLES 実施例は、ミトコンドリア生物学に関係している 650 の表されたシーケンスを表すことのクローンをつくる。配列に配置される調査をするために用いるクローンは、SEQ ID NOS を参照する表 3 に示される：1 - 994 は、これらのクローンから 5' and 3' sequences を本願明細書において、記載することを提供した。表 3 において、識別されるクローンは、Human Probe Set & num、1 と呼ばれている一組の調査をするために用いる。制御シーケンスは、また、配置されるこの配列。対照は、空白、DMSO、設備シーケンスに由来する調査、ミトコンドリア生物学に関係していないシーケンス(s) およびポリエステル繊維アデニン(40 - 60 ヌクレオチド長く)を含むが、これに限定されるものではない。

【0079】

表 3

【0080】

【表 3】

SEQ ID NO	ResGen Clone ID	Gene	Complete Gene Name	GenBank	UniGene Cluster ID
1		mtDNA - 12S ribosome	Mitochondrial DNA 12S		
2		mtDNA - 16S ribosome	Mitochondrial DNA 16s		
3		mtDNA - ATP6	Mitochondrial DNA ATP6		
4		mtDNA - ATP8	Mitochondrial DNA ATP8		

5		mtDNA - COX1	Mitochondrial DNA COX1		
6		mtDNA - COX2	Mitochondrial DNA COX2		
7		mtDNA - COX3	Mitochondrial DNA COX3		
8		mtDNA - CYT B	Mitochondrial DNA CYTb		
9		mtDNA - ND1	Mitochondrial DNA ND1		
10		mtDNA - ND2	Mitochondrial DNA ND2		
11		mtDNA - ND3	Mitochondrial DNA ND3		
12		mtDNA - ND4	Mitochondrial DNA ND4		
13		mtDNA - ND4L	Mitochondrial DNA ND4L		
14		mtDNA - ND5	Mitochondrial DNA ND5		
15		mtDNA - ND6	Mitochondrial DNA ND6		
16	213890	DECRI	2,4-dienoyl CoA reductase	H72937	Hs.81548
17	213890	DECRI	2,4-dienoyl CoA reductase	H72938	Hs.81548
18	588911	OAS1	2',5'-oligoadenylate synthetase 1	AA146773	Hs.82396
19	588911	OAS1	2',5'-oligoadenylate synthetase 1	AA146772	Hs.82396
20	1576254	2',5'-oligoadenylate synthetase 1	2',5'-oligoadenylate synthetase 1	AA954880	Hs.82396
21	1057786	OAS2 (splice-variant)	2'-5'oligoadenylate synthetase 2	AA568217	
22	2190112	A38234	2-OXOGLUTARATE DEHYDROGENASE E1 COMPONENT	AI610813	
23	814444	CRSP9	33 kDa transcriptional co-activator	AA459244	Hs.7558
24	814444	CRSP9	33 kDa transcriptional co-activator	AA459465	Hs.7558
25	896949	HMGCR	3-hydroxy-3-methylglutaryl-Coenzyme A reductase	AA779417	
26	290111	HMGCS1	3-hydroxy-3-methylglutaryl-Coenzyme A synthase 1 (soluble)	N62195	Hs.77910
27	290111	HMGCS1	3-hydroxy-3-methylglutaryl-Coenzyme A synthase 1 (soluble)	N76492	Hs.77910
28	757222	HMGCS2	3-hydroxy-3-methylglutaryl-Coenzyme A synthase 2 (mitochondrial)	AA496148	
29	757222	HMGCS2	3-hydroxy-3-methylglutaryl-Coenzyme A synthase 2 (mitochondrial)	AA496149	
30	109310	HAAO	3-hydroxyanthranilate 3,4-dioxygenase	T80846	
31	109310	HAAO	3-hydroxyanthranilate 3,4-dioxygenase	T80921	
32	1635163	HAAO	3-hydroxyanthranilate 3,4-dioxygenase	AI005031	
33	66564	BDH	3-hydroxybutyrate dehydrogenase (heart, mitochondrial)	T67057	Hs.76893
34	66564	BDH	3-hydroxybutyrate dehydrogenase (heart, mitochondrial)	T67058	Hs.76893
35	838366	HMGCL	3-hydroxymethyl-3-methylglutaryl-Coenzyme A lyase (hydroxymethylglutaricaciduria)	AA458779	Hs.831
36	838366	HMGCL	3-hydroxymethyl-3-methylglutaryl-Coenzyme A lyase (hydroxymethylglutaricaciduria)	AA458172	Hs.831
37	28469	OXCT	3-oxoacid CoA transferase	R13381	
38	28469	OXCT	3-oxoacid CoA transferase	R40897	
39	591540	PHGDH	3-phosphoglycerate dehydrogenase	AA158735	
40	591540	PHGDH	3-phosphoglycerate dehydrogenase	AA159852	
41	266720	PDPK1	3-phosphoinositide dependent protein kinase-1	N22904	

10

20

30

40

42	266720	PDPK1	3-phosphoinositide dependent protein kinase-1	N31292	
43	666169	MTR	5-methyltetrahydrofolate-homocysteine methyltransferase	AA233640	
44	666169	MTR	5-methyltetrahydrofolate-homocysteine methyltransferase	AA233650	
45	814765	AKAP1	A kinase anchor protein, 149kD	AA454947	Hs.78921
46	814765	AKAP1	A kinase anchor protein, 149kD	AA455326	Hs.78921
47	2364633	A32422	A32422	AI744652	
48	2308263	A40487	A40487	AI671604	
49	2240514	AAP1'	AAP1'	AI637909	
50	2266774	ABF2	ABF2	AI590841	
51	36393	ACAT2	acetyl-Coenzyme A acetyltransferase 2 (acetoacetyl Coenzyme A thiolase)	R25823	
52	36393	ACAT2	acetyl-Coenzyme A acetyltransferase 2 (acetoacetyl Coenzyme A thiolase)	R46821	
53	45376	ACAA2	acetyl-Coenzyme A acyltransferase 2 (mitochondrial 3-oxoacyl-Coenzyme A thiolase)	H07926	Hs.32500
54	45376	ACAA2	acetyl-Coenzyme A acyltransferase 2 (mitochondrial 3-oxoacyl-Coenzyme A thiolase)	H08029	Hs.32500
55	262932	ACO2	Aconitase 2, mitochondrial	H99699	Hs.75900
56	366511	No Data	Actin, alpha 1, skeletal muscle	AA026609	
57	366511	No Data	Actin, alpha 1, skeletal muscle	AA026720	
58	867606	ACTB	actin, beta	AA780815	
59	428215	ACTL6	actin-like 6	AA001745	Hs. 103180
60	428215	ACTL6	actin-like 6	AA001815	Hs. 103180
61	896962	ACADS	acyl-Coenzyme A dehydrogenase, C-2 to C-3 short chain	AA676663	Hs.127610
62	298155	ACADM	Acyl-Coenzyme A dehydrogenase, C-4 to C-12 straight chain	N70794	Hs.79158
63	140131	ACADL	acyl-Coenzyme A dehydrogenase, long chain	R66005	Hs.1209
64	140131	ACADL	acyl-Coenzyme A dehydrogenase, long chain	R66006	Hs.1209
65	243100	ACADSB	acyl-Coenzyme A dehydrogenase, short/branched chain	H95792	Hs.81934
66	243100	ACADSB	acyl-Coenzyme A dehydrogenase, short/branched chain	H96140	Hs.81934
67	810358	ACADVL	Acyl-Coenzyme A dehydrogenase, very long chain	AA464163	Hs.82208
68	810358	ACADVL	Acyl-Coenzyme A dehydrogenase, very long chain	AA464228	Hs.82208
69	85450	ACOX2	acyl-Coenzyme A oxidase 2, branched chain	T71713	Hs.9795
70	85450	ACOX2	acyl-Coenzyme A oxidase 2, branched chain	T71782	Hs.9795
71	772304	ANT2	Adenine nucleotide translocator 2 (fibroblast)	AA404486	Hs.79172

10

20

30

40

72	772304	ANT2	Adenine nucleotide translocator 2 (fibroblast)	AA405477	Hs.79172
73	755855	ANT3	adenine nucleotide translocator 3 (liver)	AA496376	Hs.164280
74	755855	ANT3	adenine nucleotide translocator 3 (liver)	AA496654	Hs.164280
75	853570	ANT3	Adenine nucleotide translocator 3 (liver)	AA663439	Hs.164280
76	868757	AK1	Adenylate kinase 1	AA775325	Hs.76240
77	2010933	KAD2 HUMAN	ADENYLATE KINASE ISOENZYME 2	AI361029	
78	40026	ANT1	ADP,ATP CARRIER PROTEIN, HEART/SKELETAL MUSCLE ISOFORM T1	R53337	Hs.2043
79	40026	ANT1	ADP,ATP CARRIER PROTEIN, HEART/SKELETAL MUSCLE ISOFORM T1	R53942	Hs.2043
80	46248	ADPRT	ADP-ribosyltransferase (NAD ⁺ ; poly (ADP-ribose) polymerase)	H09923	Hs.177766
81	46248	ADPRT	ADP-ribosyltransferase (NAD ⁺ ; poly (ADP-ribose) polymerase)	H09924	Hs.177766
82	589276	AFG3L2	AFG3 (ATPase family gene 3, yeast)-like 2	AA147320	Hs.29385
83	589276	AFG3L2	AFG3 (ATPase family gene 3, yeast)-like 2	AA147413	Hs.29385
84	1018253	AIF	AIF	AA570483	
85	855624	ALDH1	aldehyde dehydrogenase 1, soluble	AA664101	Hs.76392
86	47853	ALDH4	aldehyde dehydrogenase 4 (glutamate gamma-semialdehyde dehydrogenase; pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase)	H11346	Hs.77448
87	47853	ALDH4	aldehyde dehydrogenase 4 (glutamate gamma-semialdehyde dehydrogenase; pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase)	H11369	Hs.77448
88	197657	ALDH5	ALDEHYDE DEHYDROGENASE, MITOCHONDRIAL X PRECURSOR	R93550	Hs.169517
89	197657	ALDH5	ALDEHYDE DEHYDROGENASE, MITOCHONDRIAL X PRECURSOR	R93551	Hs.169517
90	1917741	AOX1	aldehyde oxidase 1	AI343711	Hs.81047
91	2154324	AGPS	alkylglycerone phosphate synthase	AI445035	
92	1520618	GABT HUMAN	AMINOBUTYRATE AMINOTRANSFERASE	AA910669	
93	813651	ALAS1	aminolevulinate, delta-, synthase 1	AA447761	Hs.78712
94	813651	ALAS1	aminolevulinate, delta-, synthase 1	AA453691	Hs.78712
95	753346	ALAS2	aminolevulinate, delta-, synthase 2 (sideroblastic/hypochromic anemia)	AA406485	Hs.79103
96	753346	ALAS2	aminolevulinate, delta-, synthase 2 (sideroblastic/hypochromic anemia)	AA410346	Hs.79103
97	248631	AMT	aminomethyltransferase (glycine cleavage system protein T)	N59532	Hs.102
98	248631	AMT	aminomethyltransferase (glycine cleavage system protein T)	N78273	Hs.102
99	1556306	ANT3	ANT3	AA916851	
100	471597	API5L1	API5-like 1	AA035435	Hs.227913
101	471597	API5L1	API5-like 1	AA035436	Hs.227913
102	127032	API2	apoptosis inhibitor 2	R07870	Hs.127799
103	127032	API2	apoptosis inhibitor 2	R07927	Hs.127799

10

20

30

40

104	2285739	API3	apoptosis inhibitor 3	AI628066	
105	927606	ARAL-1	ARAL-1	AA535370	
106	1704180	XNHU DM	ASPARTATE AMINOTRANSFERASE	AI096615	
107	360778	ATM	Ataxia telangiectasia mutated (includes complementation groups A, C and D)	AA016254	Hs.194382
108	360778	ATM	Ataxia telangiectasia mutated (includes complementation groups A, C and D)	AA016988	Hs.194382
109	845519	ATP5C1	ATP SYNTHASE GAMMA CHAIN, MITOCHONDRIAL PRECURSOR	AA644234	Hs.155433
110	813712	ATP5F1	ATP synthase, H ⁺ transporting, mitochondrial F0 complex, subunit b, isoform 1	AA453765	Hs.181101
111	813712	ATP5F1	ATP synthase, H ⁺ transporting, mitochondrial F0 complex, subunit b, isoform 1	AA453849	Hs.181101
112	193106	ATP5G3	ATP synthase, H ⁺ transporting, mitochondrial F0 complex, subunit c (subunit 9) isoform 3	H47080	Hs.429
113	193106	ATP5G3	ATP synthase, H ⁺ transporting, mitochondrial F0 complex, subunit c (subunit 9) isoform 3	H47164	Hs.429
114	487373	ATP5G1	ATP synthase, H ⁺ transporting, mitochondrial F0 complex, subunit c (subunit 9), isoform 1	AA046701	Hs.80986
115	487373	ATP5G1	ATP synthase, H ⁺ transporting, mitochondrial F0 complex, subunit c (subunit 9), isoform 1	AA046489	Hs.80986
116	809876	ATP5G2	ATP synthase, H ⁺ transporting, mitochondrial F0 complex, subunit c (subunit 9), isoform 2	AA455126	Hs.89399
117	809876	ATP5G2	ATP synthase, H ⁺ transporting, mitochondrial F0 complex, subunit c (subunit 9), isoform 2	AA464312	Hs.89399
118	825312	ATP5J	ATP synthase, H ⁺ transporting, mitochondrial F0 complex, subunit F6	AA504540	Hs.73851
119	825312	ATP5J	ATP synthase, H ⁺ transporting, mitochondrial F0 complex, subunit F6	AA504465	Hs.73851
120	392622	ATP5B	ATP synthase, H ⁺ transporting, mitochondrial F1 complex, beta polypeptide	AA708298	Hs.25
121	856650	ATP5D	ATP synthase, H ⁺ transporting, mitochondrial F1 complex, delta subunit	AA669314	Hs.89761
122	1472150	ATP5O	ATP synthase, H ⁺ transporting, mitochondrial F1 complex, O subunit (oligomycin sensitivity conferring protein)	AA873577	Hs.76572
123	2098508	ATP2B2	ATP2B2	A1421603	Hs.89512
124	1753047	ATP50	ATP50	A1184610	
125	1173869	ATP5A1	ATP5A1	AA640573	
126	964121	ATP5C1	ATP5C1	AA507388	
127	1736058	ATP5F1	ATP5F1	A1126623	

10

20

30

40

128	307873	ATP2B4	ATPase, Ca ⁺⁺ transporting, plasma membrane 4	N93024	Hs.995
129	307873	ATP2B4	ATPase, Ca ⁺⁺ transporting, plasma membrane 4	W21376	Hs.995
130	1435103	ATP2A3	ATPase, Ca ⁺⁺ transporting, ubiquitous	AA857542	Hs.5541
131	266312	ATP7B	ATPase, Cu ⁺⁺ transporting, beta polypeptide (Wilson disease)	N26536	Hs.84999
132	266312	ATP7B	ATPase, Cu ⁺⁺ transporting, beta polypeptide (Wilson disease)	N35647	Hs.84999
133	384078	ATP6DV	ATPase, H ⁺ transporting, lysosomal (vacuolar proton pump) 31kD	AA702541	Hs.106876
134	825170	ATP6A1	ATPase, H ⁺ transporting, lysosomal (vacuolar proton pump), alpha polypeptide, 70kD, isoform 1	AA504160	Hs.255352
135	825170	ATP6A1	ATPase, H ⁺ transporting, lysosomal (vacuolar proton pump), alpha polypeptide, 70kD, isoform 1	AA504159	Hs.255352
136	1323203	ATP6B2	ATPase, H ⁺ transporting, lysosomal (vacuolar proton pump), beta polypeptide, 56/58kD, isoform 2	AA877194	Hs.1697
137	461522	ABCB7	ATP-binding cassette, sub-family B (MDR/TAP), member 7	AA705237	Hs.125856
138	1709773	MCX1	ATP-DEPENDENT CLP PROTEASE	AI131257	
139	1467799	KIAA0705	atrophin-1 interacting protein 1	AA883236	Hs.22599
140	852273	AZF1	AZF1	AA772863	
141	2367249	B42665	B42665	AI741963	
142	194384	BTF3	Basic transcription factor 3	R83000	Hs.101025
143	194384	BTF3	Basic transcription factor 3	R82957	Hs.101025
144	342181	BCL2	B-cell CLL/lymphoma 2	W63749	Hs.79241
145	342181	BCL2	B-cell CLL/lymphoma 2	W61100	Hs.79241
146	826182	BCL6	B-cell CLL/lymphoma 6 (zinc finger protein 51)	AA521434	
147	814899	BNIP3L	BCL2/adenovirus E1B 19kD-interacting protein 3-like	AA465697	Hs.132955
148	235938	BAK1	BCL2-antagonist/killer 1	H52672	
149	235938	BAK1	BCL2-antagonist/killer 1	H52673	
150	2125819	BAX	BCL2-associated X protein	AI565203	
151	1916575	BIK	BCL2-interacting killer (apoptosis-inducing)	AI347538	
152	1568561	BCL2L1	BCL2-like 1	AA931820	Hs.180372
153	2297154	BCS1	BCS1	AI670836	
154	813444	BZRP	benzodiazapine receptor (peripheral)	AA455945	Hs.202
155	813444	BZRP	benzodiazapine receptor (peripheral)	AA455554	Hs.202
156	627125	BID	BH3 interacting domain death agonist	AA190401	
157	627125	BID	BH3 interacting domain death agonist	AA190546	
158	1573108	BCKDK	branched chain alpha-ketoacid dehydrogenase kinase	AA970731	Hs.20644
159	756490	BCAT2	branched chain aminotransferase 2, mitochondrial	AA436410	Hs.101408
160	756490	BCAT2	branched chain aminotransferase 2, mitochondrial	AA481353	Hs.101408

10

20

30

40

161	740801	BCKDHA	branched chain keto acid dehydrogenase E1, alpha polypeptide (maple syrup urine disease)	AA477298	Hs.78950
162	740801	BCKDHA	branched chain keto acid dehydrogenase E1, alpha polypeptide (maple syrup urine disease)	AA477297	Hs.78950
163	770835	BCKDHB	Branched chain keto acid dehydrogenase E1, beta polypeptide (maple syrup urine disease)	AA427739	Hs.1265
164	770835	BCKDHB	Branched chain keto acid dehydrogenase E1, beta polypeptide (maple syrup urine disease)	AA434304	Hs.1265
165	129431	EST	BRCA2(?)	R11316	Hs.188591
166	129431	EST	BRCA2(?)	R11315	Hs.188591
167	83605	CPS1	carbamoyl-phosphate synthetase 1, mitochondrial	T61078	Hs.50966
168	83605	CPS1	carbamoyl-phosphate synthetase 1, mitochondrial	T61180	Hs.50966
169	1675950	CRHU5	CARBONIC ANHYDRASE V PRECURSOR	AI052226	
170	744417	CRAT	Carnitine acetyltransferase	AA621218	Hs.12068
171	133565	CPT1A	carnitine palmitoyltransferase I, liver	R28631	Hs.29331
172	133565	CPT1A	carnitine palmitoyltransferase I, liver	R32561	Hs.29331
173	415978	CPT1A	carnitine palmitoyltransferase I, liver	W85710	Hs.29331
174	415978	CPT1A	carnitine palmitoyltransferase I, liver	W86378	Hs.29331
175	120106	CASP1	caspase 1, apoptosis-related cysteine protease (interleukin 1, beta, convertase)	T95052	
176	120106	CASP1	caspase 1, apoptosis-related cysteine protease (interleukin 1, beta, convertase)	T95149	
177	30170	CASP3	caspase 3, apoptosis-related cysteine protease	R14760	
178	30170	CASP3	caspase 3, apoptosis-related cysteine protease	R42530	
179	429574	CASP3	caspase 3, apoptosis-related cysteine protease	AA011445	
180	429574	CASP3	caspase 3, apoptosis-related cysteine protease	AA011446	
181	745143	CASP6	caspase 6, apoptosis-related cysteine protease	AA626710	
182	279691	CD2AP	CD2-associated protein	N48329	Hs.30490
183	279691	CD2AP	CD2-associated protein	N49054	Hs.30490
184	1558965	CDC2L	cholinesterase-related cell division controller	AA917769	Hs.155266
185	324885	C11ORF4	chromosome 11 open reading frame 4	W48701	Hs.75859
186	324885	C11ORF4	chromosome 11 open reading frame 4	W48700	Hs.75859
187	1573778	C11ORF13	chromosome 11 open reading frame 13	AA970526	Hs.72925
188	110772	C14ORF2	chromosome 14 open reading frame 2	T90621	Hs.109052
189	110772	C14ORF2	chromosome 14 open reading frame 2	T83147	Hs.109052
190	897448	C2ORF1	chromosome 2 open reading frame 1	AA489478	Hs.14454
191	1060841	CIT1	CITRATE SYNTHASE, MITOCHONDRIAL PRECURSOR	AA568724	
192	310519	F10	COAGULATION FACTOR X PRECURSOR	N98524	Hs.47913

10

20

30

40

193	310519	F10	COAGULATION FACTOR X PRECURSOR	W31088	Hs.47913
194	436062	CPO	coproporphyrinogen oxidase (coproporphyrin, harderoporphyrin)	AA700808	Hs.89866
195	161476	COQ5	COQ5	H25602	
196	161476	COQ5	COQ5	H25556	
197	2338136	COX11.1-11.2	COX11.1-11.2	AI703310	
198	1902314	COX15.1	COX15.1	AI301929	
199	1318021	COX5A	COX5A	AA769095	
200	2326019	COX5B	COX5B	AI688757	Hs.1342
201	2301230	COX5B	COX5B	AI699318	
202	2097122	COX6A1	COX6A1	AI421088	
203	986164	COX6A2	COX6A2	AA548887	
204	2277616	COX6B	COX6B	AI690478	
205	971851	COX7A1	COX7A1	AA515958	
206	937944	COX7A2	COX7A2	AA563616	
207	2019469	CKMT1	creatine kinase, mitochondrial 1 (ubiquitous)	AI369378	Hs.153998
208	795965	CKMT2	Creatine kinase, mitochondrial 2 (sarcomeric)	AA460480	Hs.80691
209	795965	CKMT2	Creatine kinase, mitochondrial 2 (sarcomeric)	AA461048	Hs.80691
210	771327	NIFS	cysteine desulfurase	AA476245	Hs.194692
211	771327	NIFS	cysteine desulfurase	AA476244	Hs.194692
212	196189	CYB5	Cytochrome b-5	R92281	Hs.83834
213	196189	CYB5	Cytochrome b-5	R91950	Hs.83834
214	840894	COX6A1	CYTOCHROME C OXIDASE POLYPEPTIDE VIA-LIVER PRECURSOR	AA482243	Hs.180714
215	840894	COX6A1	CYTOCHROME C OXIDASE POLYPEPTIDE VIA-LIVER PRECURSOR	AA482340	Hs.180714
216	824068	COX5A	cytochrome c oxidase subunit Va	AA490735	
217	824068	COX5A	cytochrome c oxidase subunit Va	AA491224	
218	298965	COX6B	Cytochrome c oxidase subunit VIb	N71160	Hs.174031
219	298965	COX6B	Cytochrome c oxidase subunit VIb	W05541	Hs.174031
220	1472754	COX6B	cytochrome c oxidase subunit VIb	AA872391	Hs.174031
221	838568	COX6C	cytochrome c oxidase subunit VIc	AA456931	Hs.74649
222	838568	COX6C	cytochrome c oxidase subunit VIc	AA457006	Hs.74649
223	1475803	COX7A1	cytochrome c oxidase subunit VIIa polypeptide 1 (muscle)	AA872125	Hs.114346
224	1601947	COX7A2	cytochrome c oxidase subunit VIIa polypeptide 2 (liver)	AI002403	Hs.182684
225	884511	COX7B	cytochrome c oxidase subunit VIIb	AA629999	Hs.75752
226	884480	COX7C	cytochrome c oxidase subunit VIIc	AA629719	Hs.3462
227	1469230	COX8	cytochrome c oxidase subunit VIII	AA862813	Hs.81097
228	160126	COX10	Cytochrome c oxidase subunit X (heme A: farnesyltransferase)	H21868	Hs.77513
229	160126	COX10	Cytochrome c oxidase subunit X (heme A: farnesyltransferase)	H21869	Hs.77513
230	1455394	CYC1	cytochrome c-1	AA865265	Hs.697
231	194949	CYP3A7	Cytochrome P450 IIIA7 (P450-HFLa)	R91078	Hs.172323

10

20

30

40

232	194949	CYP3A7	Cytochrome P450 IIIA7 (P450-HFLa)	R91077	Hs.172323
233	1724630	S14367	CYTOCHROME P450 XIA1	AI183397	
234	85561	CYP2A7	cytochrome P450, subfamily IIA (phenobarbital-inducible), polypeptide 7	T73031	Hs.252937
235	85561	CYP2A7	cytochrome P450, subfamily IIA (phenobarbital-inducible), polypeptide 7	T72259	Hs.252937
236	246619	CYP2C8	Cytochrome P450, subfamily IIC (mephenytoin 4-hydroxylase)	N53136	
237	246619	CYP2C8	Cytochrome P450, subfamily IIC (mephenytoin 4-hydroxylase)	N58566	
238	195712	CYP2C9	Cytochrome P450, subfamily IIC (mephenytoin 4-hydroxylase), polypeptide 9	R89492	Hs.167529
239	195712	CYP2C9	Cytochrome P450, subfamily IIC (mephenytoin 4-hydroxylase), polypeptide 9	R89491	Hs.167529
240	1467195	CYP11B1	cytochrome P450, subfamily XIB (steroid 11-beta-hydroxylase), polypeptide 1	AA884709	Hs.2610
241	149737	EST	Cytochrome P450, subfamily XIX (aromatization of androgens)	H00592	Hs.141142
242	149737	EST	Cytochrome P450, subfamily XIX (aromatization of androgens)	R82738	Hs.141142
243	284620	EST	Cytochrome P450, subfamily XXI (steroid 21-hydroxylase, congenital adrenal hyperplasia)	N64794	Hs.124918
244	284620	EST	Cytochrome P450, subfamily XXI (steroid 21-hydroxylase, congenital adrenal hyperplasia)	N77388	Hs.124918
245	266146	CYP24	cytochrome P450, subfamily XXIV (vitamin D 24-hydroxylase)	N21576	Hs.89663
246	266146	CYP24	cytochrome P450, subfamily XXIV (vitamin D 24-hydroxylase)	N30976	Hs.89663
247	295843	CYP27A1	cytochrome P450, subfamily XXVIA (steroid 27-hydroxylase, cerebrotendinous xanthomatosis), polypeptide 1	N66957	Hs.82568
248	2043415	DAPK1	death-associated protein kinase 1	AI371096	Hs.153924
249	2364396	DEHUH2	DEHUH2	AI740677	
250	125722	DGUOK	deoxyguanosine kinase	R07560	Hs.77494
251	125722	DGUOK	deoxyguanosine kinase	R07506	Hs.77494
252	2096376	S25665	DIHYDROLIPOAMIDE ACETYLTRANSFERASE COMPONENT	AI419467	
253	813648	DLD	dihydrolipoamide dehydrogenase (E3 component of pyruvate dehydrogenase complex, 2-oxo-glutarate complex, branched chain keto acid dehydrogenase complex)	AA453679	Hs.74635
254	813648	DLD	dihydrolipoamide dehydrogenase (E3 component of pyruvate dehydrogenase complex, 2-oxo-glutarate complex, branched chain keto acid dehydrogenase complex)	AA447748	Hs.74635

10

20

30

40

255	271006	DLAT	dihydrolipoamide S-acetyltransferase (E2 component of pyruvate dehydrogenase complex)	N29901	Hs.115285
256	271006	DLAT	dihydrolipoamide S-acetyltransferase (E2 component of pyruvate dehydrogenase complex)	N42953	Hs.115285
257	815564	DLST	Dihydrolipoamide S-succinyltransferase (E2 component of 2-oxo-glutarate complex)	AA456824	Hs.196416
258	815564	DLST	Dihydrolipoamide S-succinyltransferase (E2 component of 2-oxo-glutarate complex)	AA456899	Hs.196416
259	1308945	DIHYDROLIPOAMIDE SUCCINYLTRANSFERASE	DIHYDROLIPOAMIDE SUCCINYLTRANSFERASE	AA748401	
260	1308945	DIHYDROLIPOAMIDE SUCCINYLTRANSFERASE	DIHYDROLIPOAMIDE SUCCINYLTRANSFERASE	AA746285	
261	417385	Dihydroorotate dehydrogenase	Dihydroorotate dehydrogenase	W88472	Hs.125846
262	417385	Dihydroorotate dehydrogenase	Dihydroorotate dehydrogenase	W89035	Hs.125846
263	611027	dihydroorotate dehydrogenase	dihydroorotate dehydrogenase	AA173122	Hs.94925
264	611027	dihydroorotate dehydrogenase	dihydroorotate dehydrogenase	AA173225	Hs.94925
265	884539	DKFZP566D143	DKFZP566D143 protein	AA629804	
266	630013	MSH2	DNA repair protein MSH2	AA219060	Hs.78934
267	630013	MSH2	DNA repair protein MSH2	AA219061	Hs.78934
268	666425	PLCG1	DNA topoisomerase I	AA232856	Hs.317
269	666425	PLCG1	DNA topoisomerase I	AA233029	Hs.317
270	810787	HSPF1	DNAJ PROTEIN HOMOLOG 1	AA481758	Hs.82646
271	810787	HSPF1	DNAJ PROTEIN HOMOLOG 1	AA481022	Hs.82646
272	1914863	DYSF	dysferlin, limb girdle muscular dystrophy 2B (autosomal recessive)	AI310142	Hs.143897
273	773399	DMD	dystrophin (muscular dystrophy, Duchenne and Becker types), includes DXS142, DXS164, DXS206, DXS230, DXS239, DXS268, DXS269, DXS270, DXS272	AA425649	Hs.169470
274	773399	DMD	dystrophin (muscular dystrophy, Duchenne and Becker types), includes DXS142, DXS164, DXS206, DXS230, DXS239, DXS268, DXS269, DXS270, DXS272	AA427831	Hs.169470
275	796197	DMD	Dystrophin (muscular dystrophy, Duchenne and Becker types), includes DXS142, DXS164, DXS206, DXS230, DXS239, DXS268, DXS269, DXS270, DXS272	AA461118	Hs.169470

10

20

30

40

			Dystrophin (muscular dystrophy, Duchenne and Becker types), includes DXS142, DXS164, DXS206, DXS230, DXS239, DXS268, DXS269, DXS270, DXS272		
276	796197	DMD		AA461435	Hs.169470
277	781017	EGR2	early growth response 2 (Krox-20 (Drosophila) homolog)	AA446027	Hs.1395
278	781017	EGR2	early growth response 2 (Krox-20 (Drosophila) homolog)	AA446300	Hs.1395
279	180512	ENC1	ectodermal-neural cortex (with BTB-like domain)	R85090	Hs.104925
280	1744035	A31998	ELECTRON TRANSFER FLAVOPROTEIN ALPHA-SUBUNIT	AI192719	
281	2274670	S32482	ELECTRON TRANSFER FLAVOPROTEIN BETA-SUBUNIT	AI683530	
282	2267229	S62767	ELONGATION FACTOR TU	AI609398	
283	745542	ECHS1	enoyl Coenzyme A hydratase, short chain, 1, mitochondrial	AA626255	Hs.76394
284	344272	EMP3	epithelial membrane protein 3	W73810	Hs.9999
285	344272	EMP3	epithelial membrane protein 3	W73748	Hs.9999
286	253725	EST	EST	N21972	Hs.43052
287	287569	EST	EST	N62122	Hs.83313
288	287569	EST	EST	N78351	Hs.83313
289	489755	EST	EST	AA099554	Hs.246174
290	489755	EST	EST	AA101991	Hs.246174
291	609989	No Data	EST	AA169176	
292	609989	No Data	EST	AA169296	
293	511012	AGPS	EST - putative alkylglycerone phosphate synthase	AA099787	
294	511012	AGPS	EST - putative alkylglycerone phosphate synthase	AA102257	
295	449504	EST	EST, Weakly similar to predicted using Genefinder [C.elegans]	AA777928	Hs.121993
296	47005	EST	ESTs	H09825	Hs.6818
297	47005	EST	ESTs	H09920	Hs.6818
298	79655	EST	ESTs	T62655	Hs.11039
299	79655	EST	ESTs	T62509	Hs.11039
300	126229	EST	ESTs	R06313	Hs.77677
301	126229	EST	ESTs	R06258	Hs.77677
302	129606	EST	ESTs	R16545	Hs.70333
303	129606	EST	ESTs	R16603	Hs.70333
304	165837	EST	ESTs	R86713	Hs.87595
305	165837	EST	ESTs	R86712	Hs.87595
306	248669	EST	ESTs	N59553	Hs.8941
307	248669	EST	ESTs	N78295	Hs.8941
308	254004	EST	ESTs	N22302	Hs.177861
309	254004	EST	ESTs	N75187	Hs.177861
310	259462	LOC54675	ESTs	N29545	Hs.3569
311	290505	EST	ESTs	N67991	Hs.30487
312	290505	EST	ESTs	N80413	Hs.30487
313	341901	EST	ESTs	W61374	Hs.11317
314	429942	EST	ESTs	AA034062	Hs.38750
315	784214	EST	ESTs	AA446865	Hs.14018

10

20

30

40

316	784214	EST	ESTs	AA446980	Hs.14018
317	898222	EST	ESTs	AA598602	Hs.13434
318	1636741	ESTs	ESTs	AI017846	Hs.169539
319	113206	EST	ESTs, Highly similar to ARGINYL-TRNA SYNTHETASE, MITOCHONDRIAL PRECURSOR [Saccharomyces cerevisiae]	T83996	Hs.15395
320	113206	EST	ESTs, Highly similar to ARGINYL-TRNA SYNTHETASE, MITOCHONDRIAL PRECURSOR [Saccharomyces cerevisiae]	T83997	Hs.15395
321	825386	ATP5JD	ESTs, Highly similar to ATP SYNTHASE D CHAIN, MITOCHONDRIAL [Bos taurus]	AA504246	Hs.64593
322	782439	ATP5I	ESTs, Highly similar to ATP SYNTHASE E CHAIN, MITOCHONDRIAL [Cricetulus longicaudatus]	AA431433	Hs.85539
323	782439	ATP5I	ESTs, Highly similar to ATP SYNTHASE E CHAIN, MITOCHONDRIAL [Cricetulus longicaudatus]	AA431836	Hs.85539
324	434968	ATP5E	ESTs, Highly similar to ATP SYNTHASE EPSILON CHAIN, MITOCHONDRIAL PRECURSOR [Bos taurus]	AA700688	Hs.177530
325	82874	EST	ESTs, Highly similar to ATPASE INHIBITOR, MITOCHONDRIAL PRECURSOR [Rattus norvegicus]	T69273	Hs.241336
326	82874	EST	ESTs, Highly similar to ATPASE INHIBITOR, MITOCHONDRIAL PRECURSOR [Rattus norvegicus]	T69348	Hs.241336
327	290753	CS	ESTs, Highly similar to CITRATE SYNTHASE, MITOCHONDRIAL PRECURSOR [Sus scrofa]	N67639	Hs.239760
328	290753	CS	ESTs, Highly similar to CITRATE SYNTHASE, MITOCHONDRIAL PRECURSOR [Sus scrofa]	W01297	Hs.239760
329	731308	CS	ESTs, Highly similar to CITRATE SYNTHASE, MITOCHONDRIAL PRECURSOR [Sus scrofa]	AA416759	Hs.239760
330	731308	CS	ESTs, Highly similar to CITRATE SYNTHASE, MITOCHONDRIAL PRECURSOR [Sus scrofa]	AA416746	Hs.239760
331	283943	EST	ESTs, Highly similar to ELONGATION FACTOR G, MITOCHONDRIAL PRECURSOR [Rattus norvegicus]	N50802	Hs.41066
332	283943	EST	ESTs, Highly similar to ELONGATION FACTOR G, MITOCHONDRIAL PRECURSOR [Rattus norvegicus]	N55159	Hs.41066
333	359723	EST	ESTs, Highly similar to ELONGATION FACTOR G, MITOCHONDRIAL PRECURSOR [Rattus norvegicus]	AA011122	Hs.41066
334	359723	EST	ESTs, Highly similar to ELONGATION FACTOR G, MITOCHONDRIAL PRECURSOR [Rattus norvegicus]	AA010761	Hs.41066

10

20

30

40

335	430733	EST	ESTs, Highly similar to HYPOTHETICAL 16.5 KD PROTEIN IN PAS8-EGT2 INTERGENIC REGION [<i>Saccharomyces cerevisiae</i>]	AA677960	Hs.3585
336	1114960	ETFDH	ESTs, Highly similar to HYPOTHETICAL 29.2 KD PROTEIN IN PHD1-PTM1 INTERGENIC REGION [<i>Saccharomyces cerevisiae</i>]	AA602015	Hs.30661
337	1030791	EST	ESTs, Highly similar to HYPOTHETICAL 44.9 KD PROTEIN IN ERG7-NMD2 INTERGENIC REGION [<i>Saccharomyces cerevisiae</i>]	AA609009	Hs.63304
338	950700	PP	ESTs, Highly similar to INORGANIC PYROPHOSPHATASE [<i>Bos taurus</i>]	AA608572	Hs.184011
339	322218	EST	ESTs, Highly similar to ISOLEUCYL- TRNA SYNTHETASE, MITOCHONDRIAL [<i>Saccharomyces cerevisiae</i>]	W37993	Hs.55609
340	322218	EST	ESTs, Highly similar to ISOLEUCYL- TRNA SYNTHETASE, MITOCHONDRIAL [<i>Saccharomyces cerevisiae</i>]	W37992	Hs.55609
341	417801	LOC51264	ESTs, Highly similar to MITOCHONDRIAL 60S RIBOSOMAL PROTEIN L2 PRECURSOR [<i>Saccharomyces cerevisiae</i>]	W88752	Hs.7736
342	417801	LOC51264	ESTs, Highly similar to MITOCHONDRIAL 60S RIBOSOMAL PROTEIN L2 PRECURSOR [<i>Saccharomyces cerevisiae</i>]	W88848	Hs.7736
343	753602	EST	ESTs, Highly similar to MITOCHONDRIAL CARRIER PROTEIN RIM2 [<i>Saccharomyces cerevisiae</i>]	AA479944	Hs.42484
344	753602	EST	ESTs, Highly similar to MITOCHONDRIAL CARRIER PROTEIN RIM2 [<i>Saccharomyces cerevisiae</i>]	AA478847	Hs.42484
345	629916	TIM17B	ESTs, Highly similar to MITOCHONDRIAL IMPORT INNER MEMBRANE TRANSLOCASE SUBUNIT TIM17 [<i>Saccharomyces cerevisiae</i>]	AA219179	Hs.19105
346	629916	TIM17B	ESTs, Highly similar to MITOCHONDRIAL IMPORT INNER MEMBRANE TRANSLOCASE SUBUNIT TIM17 [<i>Saccharomyces cerevisiae</i>]	AA219178	Hs.19105
347	191826	EST	ESTs, Highly similar to MITOCHONDRIAL RNA SPLICING PROTEIN MRS3 [<i>Saccharomyces cerevisiae</i>]	H40449	Hs.34401
348	191826	EST	ESTs, Highly similar to MITOCHONDRIAL RNA SPLICING PROTEIN MRS3 [<i>Saccharomyces cerevisiae</i>]	H40448	Hs.34401

10

20

30

40

349	70201	EST	ESTs, Highly similar to MITOCHONDRIAL RNA SPLICING PROTEIN MSR4 [Saccharomyces cerevisiae]	T50082	Hs.34401
350	70201	EST	ESTs, Highly similar to MITOCHONDRIAL RNA SPLICING PROTEIN MSR4 [Saccharomyces cerevisiae]	T50019	Hs.34401
351	488386	EST	ESTs, Highly similar to MITOCHONDRIAL RNA SPLICING PROTEIN MSR4 [Saccharomyces cerevisiae]	AA046639	Hs.34401
352	488386	EST	ESTs, Highly similar to MITOCHONDRIAL RNA SPLICING PROTEIN MSR4 [Saccharomyces cerevisiae]	AA046778	Hs.34401
353	611467	NDUFS6	ESTs, Highly similar to MITOCHONDRIAL TRIFUNCTIONAL ENZYME ALPHA SUBUNIT PRECURSOR [Homo sapiens]	AA176453	Hs.49767
354	611467	NDUFS6	ESTs, Highly similar to MITOCHONDRIAL TRIFUNCTIONAL ENZYME ALPHA SUBUNIT PRECURSOR [Homo sapiens]	AA176931	Hs.49767
355	179336	SDHA	ESTs, Highly similar to SUCCINATE DEHYDROGENASE [Homo sapiens]	H50345	Hs.469
356	179336	SDHA	ESTs, Highly similar to SUCCINATE DEHYDROGENASE [Homo sapiens]	H50378	Hs.469
357	843335	SUCLG1	ESTs, Highly similar to SUCCINYL- COA LIGASE [Rattus norvegicus]	AA485965	Hs.7043
358	843335	SUCLG1	ESTs, Highly similar to SUCCINYL- COA LIGASE [Rattus norvegicus]	AA489575	Hs.7043
359	825229	LOC51017	ESTs, Highly similar to CGI-113 protein [H.sapiens]	AA504139	Hs.19077
360	825229	LOC51017	ESTs, Highly similar to CGI-113 protein [H.sapiens]	AA504401	Hs.19077
361	814271	Est	ESTs, Highly similar to CGI-116 protein [H.sapiens]	AA459002	Hs.18885
362	814271	Est	ESTs, Highly similar to CGI-116 protein [H.sapiens]	AA459222	Hs.18885
363	811062	LOC51629	ESTs, Highly similar to CGI-69 protein [H.sapiens]	AA485441	Hs.237924
364	811062	LOC51629	ESTs, Highly similar to CGI-69 protein [H.sapiens]	AA485607	Hs.237924
365	417803	EST	ESTs, Highly similar to hypothetical protein [H.sapiens]	W88753	Hs.166406
366	417803	EST	ESTs, Highly similar to hypothetical protein [H.sapiens]	W88859	Hs.166406
367	878316	ESTs	ESTs, Highly similar to small zinc finger- like protein [H.sapiens]	AA670296	Hs.109571
368	504689	EST	ESTs, Moderately similar to 3- OXOACYL-[ACYL-CARRIER- PROTEIN] SYNTHASE II [Escherichia coli]	AA149172	Hs.55781

10

20

30

40

369	504689	EST	ESTs, Moderately similar to 3-OXOACYL-[ACYL-CARRIER-PROTEIN] SYNTHASE II [Escherichia coli]	AA149171	Hs.55781
370	238907	D6S52E	ESTs, Moderately similar to ABC1 PROTEIN PRECURSOR [Saccharomyces cerevisiae]	H67876	Hs.243960
371	238907	D6S52E	ESTs, Moderately similar to ABC1 PROTEIN PRECURSOR [Saccharomyces cerevisiae]	H67202	Hs.243960
372	435314	EST	ESTs, Moderately similar to 5-AMINOLEVULINIC ACID SYNTHASE MITOCHONDRIAL PRECURSOR, ERYTHROID-SPECIFIC [H.sapiens]	AA699919	Hs.114018
373	839027	EST	ESTs, Moderately similar to CGI-24 protein [H.sapiens]	AA487499	
374	839027	EST	ESTs, Moderately similar to CGI-24 protein [H.sapiens]	AA487715	
375	321354	EST	ESTs, Moderately similar to MSG1-related protein [H.sapiens]	W32403	Hs.18349
376	321354	EST	ESTs, Moderately similar to MSG1-related protein [H.sapiens]	W32980	Hs.18349
377	824911	EST	ESTs, Weakly similar to /prediction	AA489022	Hs.5080
378	824911	EST	ESTs, Weakly similar to /prediction	AA489118	Hs.5080
379	85384	EST	ESTs, Weakly similar to anon2A5 [D.melanogaster]	T71965	Hs.10964
380	85384	EST	ESTs, Weakly similar to anon2A5 [D.melanogaster]	T72105	Hs.10964
381	757265	EST	ESTs, Weakly similar to aralar1 [H.sapiens]	AA426113	Hs.183047
382	490753	FLJ20420	ESTs, Weakly similar to head-elevated expression in 0.9 kb [D.melanogaster]	AA133166	Hs.6693
383	343555	EST	ESTs, Weakly similar to mitochondrial inner membrane protease 1 [S.cerevisiae]	W69379	Hs.62669
384	343555	EST	ESTs, Weakly similar to mitochondrial inner membrane protease 1 [S.cerevisiae]	W69378	Hs.62669
385	198312	KIAA0719	ESTs, Weakly similar to MITOCHONDRIAL PRECURSOR PROTEINS IMPORT RECEPTOR [Neurospora crassa]	R94191	Hs.21198
386	198312	KIAA0719	ESTs, Weakly similar to MITOCHONDRIAL PRECURSOR PROTEINS IMPORT RECEPTOR [Neurospora crassa]	R94290	Hs.21198
387	511257	KIAA0719	ESTs, Weakly similar to MITOCHONDRIAL PRECURSOR PROTEINS IMPORT RECEPTOR [Neurospora crassa]	AA088722	Hs.21198
388	511257	KIAA0719	ESTs, Weakly similar to MITOCHONDRIAL PRECURSOR PROTEINS IMPORT RECEPTOR [Neurospora crassa]	AA088799	Hs.21198

10

20

30

40

389	324651	EST	ESTs, Weakly similar to MITOCHONDRIAL RESPIRATORY FUNCTION PROTEIN 1 [<i>Saccharomyces cerevisiae</i>]	W47099	Hs.19513
390	324651	EST	ESTs, Weakly similar to MITOCHONDRIAL RESPIRATORY FUNCTION PROTEIN 1 [<i>Saccharomyces cerevisiae</i>]	W47223	Hs.19513
391	429222	EST	ESTs, Weakly similar to MSF1 PROTEIN [<i>S.cerevisiae</i>]	AA004210	Hs.3945
392	429222	EST	ESTs, Weakly similar to MSF1 PROTEIN [<i>S.cerevisiae</i>]	AA007411	Hs.3945
393	754537	EST	ESTs, Weakly similar to myosin beta heavy chain, cardiac and skeletal muscle [<i>H.sapiens</i>]	AA406291	
394	754537	EST	ESTs, Weakly similar to myosin beta heavy chain, cardiac and skeletal muscle [<i>H.sapiens</i>]	AA421979	
395	897557	EST	ESTs, Weakly similar to myosin beta heavy chain, cardiac and skeletal muscle [<i>H.sapiens</i>]	AA497024	Hs.179817
396	897557	EST	ESTs, Weakly similar to myosin beta heavy chain, cardiac and skeletal muscle [<i>H.sapiens</i>]	AA489606	Hs.179817
397	812169	EST	ESTs, Weakly similar to PROBABLE MITOCHONDRIAL 40S RIBOSOMAL PROTEIN S5 [<i>S.cerevisiae</i>]	AA456042	Hs.7807
398	208531	EST	ESTs, Weakly similar to PUTATIVE MITOCHONDRIAL CARRIER YBR291C [<i>Saccharomyces cerevisiae</i>]	H61979	Hs.7994
399	208531	EST	ESTs, Weakly similar to PUTATIVE MITOCHONDRIAL CARRIER YBR291C [<i>Saccharomyces cerevisiae</i>]	H61978	Hs.7994
400	435509	tRNA ^{leu}	ESTs, Weakly similar to similar to leucyl-tRNA synthetase [<i>C.elegans</i>]	AA701379	
401	43662	EST	ESTs, Weakly similar to similar to mitochondrial carrier protein [<i>C.elegans</i>]	H05645	Hs.21262
402	43662	EST	ESTs, Weakly similar to similar to mitochondrial carrier protein [<i>C.elegans</i>]	H05644	Hs.21262
403	53385	EST	ESTs, Weakly similar to Similar to NAD(P) transhydrogenase, mitochondrial [<i>C.elegans</i>]	R16231	Hs.106620
404	53385	EST	ESTs, Weakly similar to Similar to NAD(P) transhydrogenase, mitochondrial [<i>C.elegans</i>]	R16232	Hs.106620
405	84880	EST	ESTs, Weakly similar to VISC PROTEIN [<i>Escherichia coli</i>]	T74882	Hs.12239
406	84880	EST	ESTs, Weakly similar to VISC PROTEIN [<i>Escherichia coli</i>]	T74939	Hs.12239
407	845419	FANCA	Fanconi anemia, complementation group A	AA644129	Hs.86297
408	624634	FDX1	ferredoxin 1	AA187349	Hs.744
409	624634	FDX1	ferredoxin 1	AA188427	Hs.744
410	365149	FECH	ferrochelatase (protoporphyrin)	AA025142	Hs.26

10

20

30

40

411	365149	FECH	ferrochelatase (protoporphyrin)	AA025157	Hs.26
412	1469138	FGA	Fibrinogen, A alpha polypeptide	AA865707	Hs.90765
413	131839	FOLR1	folate receptor 1 (adult)	R24635	Hs.73769
414	131839	FOLR1	folate receptor 1 (adult)	R24530	Hs.73769
415	146605	FPRL1	formyl peptide receptor-like 1	R80041	Hs.99855
416	146605	FPRL1	formyl peptide receptor-like 1	R79948	Hs.99855
417	490600	FOSL2	FOS-like antigen 2	AA101617	Hs.155210
418	490600	FOSL2	FOS-like antigen 2	AA101616	Hs.155210
419	279790	FMR1	Fragile X mental retardation 1	N48355	Hs.89764
420	279790	FMR1	Fragile X mental retardation 1	N49132	Hs.89764
421	669419	FRDA	Friedreich ataxia	AA253413	Hs.95998
422	669419	FRDA	Friedreich ataxia	AA253388	Hs.95998
423	469412	FH	Fumarate hydratase	AA026917	Hs.75653
424	469412	FH	Fumarate hydratase	AA026918	Hs.75653
425	842839	FUS	fusion, derived from t(12;16) malignant liposarcoma	AA486284	
426	842839	FUS	fusion, derived from t(12;16) malignant liposarcoma	AA489305	
427	81289	ACTG2	Gamma-actin, enteric smooth muscle form	T60048	Hs.77443
428	288663	GJB1	gap junction protein, beta 1, 32kD (connexin 32, Charcot-Marie-Tooth neuropathy, X-linked)	N62394	
429	288663	GJB1	gap junction protein, beta 1, 32kD (connexin 32, Charcot-Marie-Tooth neuropathy, X-linked)	N79360	
430	2338827	GCDH_HUMAN	GCDH_HUMAN	AI693352	
431	66534	GCKR	glucokinase (hexokinase 4) regulatory protein	T67007	Hs.89771
432	66534	GCKR	glucokinase (hexokinase 4) regulatory protein	T67006	Hs.89771
433	471498	GNS	glucosamine (N-acetyl)-6-sulfatase (Sanfilippo disease IIID)	AA035347	Hs.2703
434	122636	G6PC	Glucose-6-phosphatase	T98886	Hs.242
435	122636	G6PC	Glucose-6-phosphatase	T98887	Hs.242
436	166236	G6PD	glucose-6-phosphate dehydrogenase	R87497	
437	166236	G6PD	glucose-6-phosphate dehydrogenase	R88192	
438	753775	GMFR	Glucose-6-phosphate dehydrogenase	AA406242	Hs.1435
439	753775	GMFR	Glucose-6-phosphate dehydrogenase	AA410375	Hs.1435
440	361565	GLUD1	glutamate dehydrogenase 1	AA018372	Hs.77508
441	361565	GLUD1	glutamate dehydrogenase 1	AA017175	Hs.77508
442	51702	GOT1	glutamic-oxaloacetic transaminase 1, soluble (aspartate aminotransferase 1)	H22856	Hs.597
443	51702	GOT1	glutamic-oxaloacetic transaminase 1, soluble (aspartate aminotransferase 1)	H22855	Hs.597
444	841370	GOT2	Glutamic-oxaloacetic transaminase 2, mitochondrial (aspartate aminotransferase 2)	AA487739	Hs.170197
445	841370	GOT2	Glutamic-oxaloacetic transaminase 2, mitochondrial (aspartate aminotransferase 2)	AA487521	Hs.170197
446	810999	GPX1	glutathione peroxidase 1	AA485362	Hs.76686
447	810999	GPX1	glutathione peroxidase 1	AA485517	Hs.76686

10

20

30

40

448	587847	GPX2	Glutathione peroxidase 2, gastrointestinal	AA135289	Hs.2704
449	587847	GPX2	Glutathione peroxidase 2, gastrointestinal	AA135152	Hs.2704
450	855523	GPX3	Glutathione peroxidase 3 (plasma)	AA664180	Hs.172153
451	1555659	GPX3	glutathione peroxidase 3 (plasma)	AI147534	Hs.172153
452	448619	GSR	Glutathione reductase	AA777289	Hs.121524
453	811792	GSS	Glutathione synthetase	AA463458	Hs.82327
454	628418	GPD1	glycerol-3-phosphate dehydrogenase 1 (soluble)	AA192547	Hs.255718
455	628418	GPD1	glycerol-3-phosphate dehydrogenase 1 (soluble)	AA193116	Hs.255718
456	428756	GPD2	glycerol-3-phosphate dehydrogenase 2 (mitochondrial)	AA005219	Hs.93201
457	428756	GPD2	glycerol-3-phosphate dehydrogenase 2 (mitochondrial)	AA005218	Hs.93201
458	42558	GATM	glycine amidinotransferase (L-arginine:glycine amidinotransferase)	R61229	Hs.75335
459	42558	GATM	glycine amidinotransferase (L-arginine:glycine amidinotransferase)	R61228	Hs.75335
460	134748	GCSH	glycine cleavage system protein H (aminomethyl carrier)	R28294	Hs.77631
461	134748	GCSH	glycine cleavage system protein H (aminomethyl carrier)	R28081	Hs.77631
462	248261	GLDC	glycine dehydrogenase (decarboxylating; glycine decarboxylase, glycine cleavage system protein P)	N78083	Hs.27
463	248261	GLDC	glycine dehydrogenase (decarboxylating; glycine decarboxylase, glycine cleavage system protein P)	N58494	Hs.27
464	45632	GYS1	glycogen synthase 1 (muscle)	H08446	Hs.772
465	45632	GYS1	glycogen synthase 1 (muscle)	H08732	Hs.772
466	245920	GYS2	glycogen synthase 2 (liver)	N72934	Hs.82614
467	245920	GYS2	glycogen synthase 2 (liver)	N52282	Hs.82614
468	1502027	MGE1	GrpE-like protein cochaperone mRNA	AA887226	
469	2250688	GT	GT	AI659294	
470	841008	GBP1	Guanylate binding protein 1, interferon-inducible, 67kD	AA486849	Hs.62661
471	841008	GBP1	Guanylate binding protein 1, interferon-inducible, 67kD	AA486850	Hs.62661
472	796341	CLCN3	H. sapiens RNA for CLCN3	AA461332	Hs.174139
473	796341	CLCN3	H. sapiens RNA for CLCN3	AA459750	Hs.174139
474	300237	No Data	H.sapiens DAP-3 mRNA	N78611	
475	300237	No Data	H.sapiens DAP-3 mRNA	W07332	
476	341246	CLPP	H.sapiens mRNA for CLPP	W58658	Hs.74362
477	341246	CLPP	H.sapiens mRNA for CLPP	W58337	Hs.74362
478	1031185	MCSP	H.sapiens mRNA for mitochondrial capsule selenoprotein	AA609976	Hs.111850
479	259842	PMPCB	H.sapiens mRNA for M-phase phosphoprotein, mpp11	N29844	Hs.184211
480	259842	PMPCB	H.sapiens mRNA for M-phase phosphoprotein, mpp11	N57262	Hs.184211
481	810942	IDH3G	H.sapiens mRNA for NAD (H)-specific isocitrate dehydrogenase gamma subunit precursor	AA459380	Hs.75253

10

20

30

40

482	810942	IDH3G	H.sapiens mRNA for NAD (H)-specific isocitrate dehydrogenase gamma subunit precursor	AA459606	Hs.75253
483	530282	NDUFA1	H.sapiens mRNA for NADH dehydrogenase	AA111999	Hs.74823
484	530282	NDUFA1	H.sapiens mRNA for NADH dehydrogenase	AA083784	Hs.74823
485	813815	NR1I3	H.sapiens mRNA for orphan nuclear hormone receptor	AA447727	Hs.83623
486	813815	NR1I3	H.sapiens mRNA for orphan nuclear hormone receptor	AA447889	Hs.83623
487	810959	ARHGDIA	H.sapiens mRNA for rho GDP-dissociation Inhibitor 1	AA459400	Hs.159161
488	810959	ARHGDIA	H.sapiens mRNA for rho GDP-dissociation Inhibitor 1	AA459625	Hs.159161
489	506032	TIM17	H.sapiens mRNA for TIM17 preprotein translocase	AA708446	Hs.20716
490	814526	EST	H.sapiens seb4D mRNA	AA459363	
491	814526	EST	H.sapiens seb4D mRNA	AA459588	
492	814460	SURF5	H.sapiens SURF-5 mRNA	AA459247	Hs.78354
493	814460	SURF5	H.sapiens SURF-5 mRNA	AA459472	Hs.78354
494	1671299	HRK	harakiri, BCL2-interacting protein (contains only BH3 domain)	AI083676	Hs.87247
495	1417985	EST	heat shock 10kD protein 1 (chaperonin 10)	AA878786	Hs.203620
496	1417985	EST	heat shock 10kD protein 1 (chaperonin 10)	AI791247	Hs.203620
497	1870305	HSPB2	heat shock 27kD protein 2	AI245337	Hs.78846
498	1354618	HSPF2	heat shock 40kD protein 2	AA830392	Hs.172847
499	755904	HSPA1A	HEAT SHOCK 70 KD PROTEIN 1	AA496544	Hs.8997
500	1604342	HSPA9B	heat shock 70kD protein 9B (mortalin-2)	AA987644	Hs.3069
501	884719	HSPA10	HEAT SHOCK COGNATE 71 KD PROTEIN	AA629567	Hs.180414
502	253009	HSPCA	HEAT SHOCK PROTEIN HSP 90-ALPHA	H88540	Hs.180532
503	253009	HSPCA	HEAT SHOCK PROTEIN HSP 90-ALPHA	H88588	Hs.180532
504	824031	HSJ2	heat shock protein, DNAJ-like 2	AA490946	
505	824031	HSJ2	heat shock protein, DNAJ-like 2	AA491132	
506	1606894	HSF4	heat shock transcription factor 4	AA999776	Hs.75486
507	562101	HERC1	hect (homologous to the E6-AP (UBE3A) carboxyl terminus) domain and RCC1 (CHC1)-like domain (RLD) 1	AA211496	Hs.255561
508	562101	HERC1	hect (homologous to the E6-AP (UBE3A) carboxyl terminus) domain and RCC1 (CHC1)-like domain (RLD) 1	AA211544	Hs.255561
509	85259	HMOX1	heme oxygenase (decycling) 1	T71757	Hs.202833
510	85259	HMOX1	heme oxygenase (decycling) 1	T71606	Hs.202833
511	745116	HMOX2	Heme oxygenase (decycling) 2	AA626370	Hs.83853
512	433307	HNF6A	hepatocyte nuclear factor 6, alpha	AA699732	Hs.73168
513	840158	HK1	Hexokinase 1	AA485271	Hs.118625
514	840158	HK1	Hexokinase 1	AA485272	Hs.118625
515	1338040	C46157	HEXOKINASE D, LIVER ISOZYMES	AA811712	
516	211780	No Data	Hexosaminidase B (beta polypeptide)	H71868	

10

20

30

40

517	211780	No Data	Hexosaminidase B (beta polypeptide)	H71081	
518	767441	HEXB	hexosaminidase B (beta polypeptide)	AA417946	Hs.51043
519	767441	HEXB	hexosaminidase B (beta polypeptide)	AA418121	Hs.51043
520	970591	HMG1	High-mobility group (nonhistone chromosomal) protein 1	AA683085	Hs.189509
521	363103	HMG2	High-mobility group (nonhistone chromosomal) protein 2	AA019511	Hs.80684
522	363103	HMG2	High-mobility group (nonhistone chromosomal) protein 2	AA019203	Hs.80684
523	80924	HO3	histidyl-tRNA synthetase	T70104	Hs.77798
524	80924	HO3	histidyl-tRNA synthetase	T70037	Hs.77798
525	812246	HLCS	holocarboxylase synthetase (biotin-[propionyl-Coenzyme A-carboxylase (ATP-hydrolysing)] ligase)	AA455043	Hs.79375
526	712577	HCCS	HOLOCYTOCHROME C-TYPE SYNTHETASE	AA281548	Hs.88859
527	712577	HCCS	HOLOCYTOCHROME C-TYPE SYNTHETASE	AA281549	Hs.88859
528	611075	HOXA1	homeo box A1	AA173231	
529	611075	HOXA1	homeo box A1	AA173290	
530	244146	APAF1	Homo sapiens apoptotic protease activating factor 1 (Apaf-1) mRNA, complete cds	N51014	Hs.77579
531	244146	APAF1	Homo sapiens apoptotic protease activating factor 1 (Apaf-1) mRNA, complete cds	N72045	Hs.77579
532	288796	BNIP2	Homo sapiens BCL2/adenovirus E1B 19kD-interacting protein 2 (BNIP2) mRNA, complete cds	N62514	Hs.155596
533	432620	NOD1	Homo sapiens caspase recruitment domain 4 (NOD1) mRNA	AA699441	
534	853506	23956 Mrna	Homo sapiens clone 23956 mRNA, partial cds	AA663549	Hs.8128
535	288888	EST	Homo sapiens clone 640 unknown mRNA, complete sequence	N62617	Hs.44563
536	288888	EST	Homo sapiens clone 640 unknown mRNA, complete sequence	N78388	Hs.44563
537	271102	CCS	Homo sapiens copper chaperone for superoxide dismutase (CCS) mRNA, complete cds	N30404	Hs.5002
538	489823	COX17	Homo sapiens COX17 mRNA, complete cds	AA099855	Hs.16297
539	489823	COX17	Homo sapiens COX17 mRNA, complete cds	AA099320	Hs.16297
540	487348	DYMPLE	Homo sapiens dynamin-like protein mRNA, complete cds	AA045529	Hs.180628
541	487348	DYMPLE	Homo sapiens dynamin-like protein mRNA, complete cds	AA040651	Hs.180628
542	359982	BNIP3	Homo sapiens E1B 19K/Bcl-2-binding protein Nip3 mRNA, nuclear gene encoding mitochondrial protein, complete cds	AA063521	Hs.79428

10

20

30

40

543	359982	BNIP3	Homo sapiens E1B 19K/Bcl-2-binding protein Nip3 mRNA, nuclear gene encoding mitochondrial protein, complete cds	AA035669	Hs.79428
544	395436	HUEL	Homo sapiens embryonic lung protein (HUEL) mRNA, complete cds	AA757427	Hs.44053
545	1472184	HUEL	Homo sapiens embryonic lung protein (HUEL) mRNA, complete cds	AA873264	Hs.44053
546	129644	SSH3BP1	Homo sapiens eps8 binding protein e3B1 mRNA, complete cds	R16667	Hs.24752
547	129644	SSH3BP1	Homo sapiens eps8 binding protein e3B1 mRNA, complete cds	R16666	Hs.24752
548	563574	FRG1	Homo sapiens FRG1 mRNA, complete cds	AA113339	Hs.203772
549	563574	FRG1	Homo sapiens FRG1 mRNA, complete cds	AA112636	Hs.203772
550	83279	TIM23	Homo sapiens inner mitochondrial membrane translocase Tim23 (TIM23) mRNA, nuclear gene encoding mitochondrial protein, complete cds	T68317	Hs.11866
551	83279	TIM23	Homo sapiens inner mitochondrial membrane translocase Tim23 (TIM23) mRNA, nuclear gene encoding mitochondrial protein, complete cds	T68386	Hs.11866
552	455123	KIAA0429	Homo sapiens KIAA0430 mRNA, complete cds	AA676805	Hs.77694
553	300590	APACD	Homo sapiens mRNA for ATP binding protein, complete cds	N80741	Hs.153884
554	300590	APACD	Homo sapiens mRNA for ATP binding protein, complete cds	W07537	Hs.153884
555	129146	COX7RP	Homo sapiens mRNA for COX7RP, complete cds	R10896	Hs.30888
556	129146	COX7RP	Homo sapiens mRNA for COX7RP, complete cds	R10947	Hs.30888
557	745314	HIRIP5	Homo sapiens mRNA for HIRA-interacting protein HIRIP5	AA625581	Hs.17368
558	810316	KIAA0631	Homo sapiens mRNA for KIAA0631 protein, partial cds	AA464206	Hs.75154
559	810316	KIAA0631	Homo sapiens mRNA for KIAA0631 protein, partial cds	AA464139	Hs.75154
560	490778	QP-C	Homo sapiens mRNA for low molecular mass ubiquinone-binding protein, complete cds	AA133191	Hs.3709
561	131653	RPMS12	Homo sapiens mRNA for mitochondrial ribosomal protein S12	R23752	Hs.9964
562	131653	RPMS12	Homo sapiens mRNA for mitochondrial ribosomal protein S12	R23806	Hs.9964
563	344825	LAS	Homo sapiens mRNA for putative lipoic acid synthetase, partial	W72965	Hs.53531
564	344825	LAS	Homo sapiens mRNA for putative lipoic acid synthetase, partial	W76202	Hs.53531
565	345621	CXX1	Homo sapiens mRNA for putatively prenylated protein	W72596	Hs.255532

10

20

30

40

566	345621	CXX1	Homo sapiens mRNA for putatively prenylated protein	W76590	Hs.255532
567	450574	SCA7	Homo Sapiens mRNA for spinocerebellar ataxia 7	AA704255	Hs.108447
568	123474	SCD	Homo.sapiens mRNA for stearoyl-CoA desaturase	R00707	Hs.119597
569	123474	SCD	Homo sapiens mRNA for stearoyl-CoA desaturase	R00706	Hs.119597
570	855890	cDNA	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586C0722 (from clone DKFZp586C0722)	AA630320	Hs.255914
571	770043	NDUFV1	Homo sapiens NADH:ubiquinone dehydrogenase 51 kDa subunit (NDUFV1) mRNA, nuclear gene encoding mitochondrial protein, complete cds	AA427570	Hs.7744
572	770043	NDUFV1	Homo sapiens NADH:ubiquinone dehydrogenase 51 kDa subunit (NDUFV1) mRNA, nuclear gene encoding mitochondrial protein, complete cds	AA427652	Hs.7744
573	859228	IDH1	Homo sapiens NADP-dependent isocitrate dehydrogenase (IDH) mRNA, complete cds	AA666366	Hs.11223
574	124753	ABCD4	Homo sapiens peroxisomal membrane protein 69 (PMP69) mRNA, complete cds	R02189	Hs.94395
575	293104	PHYH	Homo sapiens peroxisomal phytanoyl-CoA alpha-hydroxylase (PAHX) mRNA, complete cds	N91990	Hs.172887
576	293104	PHYH	Homo sapiens peroxisomal phytanoyl-CoA alpha-hydroxylase (PAHX) mRNA, complete cds	N63845	Hs.172887
577	1629264	hTIM44	Homo sapiens putative mitochondrial inner membrane protein import receptor (hTIM44) mRNA, nuclear gene encoding mitochondrial protein, complete cds	AI003393	Hs.123178
578	399532	RPA40	Homo sapiens RNA polymerase I subunit hRPA39 mRNA, complete cds	AA733038	Hs.5409
579	787938	SLC4A4	Homo sapiens sodium bicarbonate cotransporter (HNBC1) mRNA, complete cds	AA452278	Hs.5462
580	138189	WFS1	Homo sapiens transmembrane protein (WFS1) mRNA, complete cds	R53910	Hs.26077
581	138189	WFS1	Homo sapiens transmembrane protein (WFS1) mRNA, complete cds	R53911	Hs.26077
582	266106	YWHAE	Human 14-3-3 epsilon mRNA, complete cds	N21624	Hs.79474
583	266106	YWHAE	Human 14-3-3 epsilon mRNA, complete cds	N28863	Hs.79474
584	45464	AK2	Human adenylate kinase 2 (adk2) mRNA, complete cds	H09730	Hs.171811
585	45464	AK2	Human adenylate kinase 2 (adk2) mRNA, complete cds	H10488	Hs.171811
586	795543	AOE372	Human antioxidant enzyme AOE37-2 mRNA, complete cds	AA459663	Hs.83383

10

20

30

40

587	241481	CASP10	Human apoptotic cysteine protease Mch4 (Mch4) mRNA, complete cds	H80712	Hs.5353
588	241481	CASP10	Human apoptotic cysteine protease Mch4 (Mch4) mRNA, complete cds	H80711	Hs.5353
589	897774	APRT	Human APRT gene for adenine phosphoribosyltransferase	AA598510	Hs.28914
590	810552	REA	Human B-cell receptor associated protein (hBAP) mRNA, partial cds	AA464669	Hs.7771
591	810552	REA	Human B-cell receptor associated protein (hBAP) mRNA, partial cds	AA464567	Hs.7771
592	2326129	BBC3	Human Bcl-2 binding component 3 (bbc3) mRNA, partial cds	AJ688112	Hs.87246
593	795729	BAD	Human Bcl-2 binding component 6 (bbc6) mRNA, complete cds	AA460291	Hs.76366
594	795729	BAD	Human Bcl-2 binding component 6 (bbc6) mRNA, complete cds	AA461579	Hs.76366
595	814478	BCL2A1	Human Bcl-2 related (Bfl-1) mRNA, complete cds	AA459263	Hs.227817
596	814478	BCL2A1	Human Bcl-2 related (Bfl-1) mRNA, complete cds	AA459491	Hs.227817
597	212198	TP53BP2	Human Bcl2, p53 binding protein Bbp/53BP2 (BBP/53BP2) mRNA, complete cds	H69153	Hs.44585
598	212198	TP53BP2	Human Bcl2, p53 binding protein Bbp/53BP2 (BBP/53BP2) mRNA, complete cds	H69077	Hs.44585
599	432581	Novel Gene	Human BRCA2 region, mRNA sequence CG012	AA699390	Hs.184938
600	433111	BAC clone CIT987SK-A-735G6	Human Chromosome 16 BAC clone CIT987SK-A-735G6	AA680407	Hs.47278
601	782635	NDUFAB1	Human Chromosome 16 BAC clone CIT987SK-A-735G6	AA447569	Hs.5556
602	782635	NDUFAB1	Human Chromosome 16 BAC clone CIT987SK-A-735G6	AA448553	Hs.5556
603	669471	23589 mRNA	Human clone 23589 mRNA sequence	AA234889	Hs.11506
604	669471	23589 mRNA	Human clone 23589 mRNA sequence	AA253479	Hs.11506
605	771173	23732 mRNA	Human clone 23732 mRNA, partial cds	AA443497	Hs.81281
606	771173	23732 mRNA	Human clone 23732 mRNA, partial cds	AA429483	Hs.81281
607	745606	23759 mRNA	Human clone 23759 mRNA, partial cds	AA626336	Hs.118666
608	323500	CASP6	Human cysteine protease Mch2 isoform alpha (Mch2) mRNA, complete cds	W45688	Hs.3280
609	323500	CASP6	Human cysteine protease Mch2 isoform alpha (Mch2) mRNA, complete cds	W44316	Hs.3280
610	71420	CYP2C9	Human cytochrome P4502C9 (CYP2C9) mRNA, clone 65	T47787	
611	71420	CYP2C9	Human cytochrome P4502C9 (CYP2C9) mRNA, clone 65	T47788	
612	754490	SLC25A16	Human GT mitochondrial solute carrier protein homologue mRNA, complete cds	AA411554	Hs.180408
613	754490	SLC25A16	Human GT mitochondrial solute carrier protein homologue mRNA, complete cds	AA410572	Hs.180408

10

20

30

40

614	1734348	Go-alpha	Human guanine nucleotide-binding regulatory protein (Go-alpha) gene	AI188097	Hs.169647
615	826204	FLII	Human homolog of D. melanogaster flightless-I gene product mRNA, partial cds	AA521453	Hs.83849
616	144777	HAX1	Human HS1 binding protein HAX-1 mRNA, nuclear gene encoding mitochondrial protein, complete cds	R76263	Hs.15318
617	144777	HAX1	Human HS1 binding protein HAX-1 mRNA, nuclear gene encoding mitochondrial protein, complete cds	R76544	Hs.15318
618	261481	CUL3	Human Hs-cul-3 mRNA, partial cds	H98621	Hs.78946
619	261481	CUL3	Human Hs-cul-3 mRNA, partial cds	N25142	Hs.78946
620	233581	HIP2	Human huntingtin interacting protein (HIP2) mRNA, complete cds	H78483	Hs.155485
621	233581	HIP2	Human huntingtin interacting protein (HIP2) mRNA, complete cds	H78385	Hs.155485
622	363086	CKMT1	Human mitochondrial creatine kinase (CKMT) gene, complete cds	AA019482	Hs.153998
623	363086	CKMT1	Human mitochondrial creatine kinase (CKMT) gene, complete cds	AA019332	Hs.153998
624	1390584	MIPEP	Human mitochondrial intermediate peptidase precursor (MIPEP) mRNA, mitochondrial gene encoding mitochondrial protein, complete cds	AA843592	Hs.68583
625	134269	POLRMT	Human mitochondrial RNA polymerase mRNA, nuclear gene encoding mitochondrial protein, complete cds	R31115	Hs.153880
626	134269	POLRMT	Human mitochondrial RNA polymerase mRNA, nuclear gene encoding mitochondrial protein, complete cds	R31174	Hs.153880
627	781050	PFDN5	Human mRNA for c-myc binding protein, complete cds	AA446453	Hs.80686
628	781050	PFDN5	Human mRNA for c-myc binding protein, complete cds	AA430010	Hs.80686
629	451706	POLA	Human mRNA for DNA polymerase alpha-subunit	AA707650	Hs.74090
630	41541	EST	Human mRNA for KIAA0017 gene, complete cds	R52789	Hs.253023
631	41541	EST	Human mRNA for KIAA0017 gene, complete cds	R52788	Hs.253023
632	842818	KARS	Human mRNA for KIAA0070 gene, partial cds	AA486374	Hs.3100
633	842818	KARS	Human mRNA for KIAA0070 gene, partial cds	AA486220	Hs.3100
634	280496	KIAA0123	Human mRNA for KIAA0123 gene, partial cds	N51632	Hs.75353
635	859627	KIAA0185	Human mRNA for KIAA0185 gene, partial cds	AA666405	Hs.255573
636	783698	KIAA0188	Human mRNA for KIAA0188 gene, partial cds	AA446822	Hs.81412
637	783698	KIAA0188	Human mRNA for KIAA0188 gene, partial cds	AA446821	Hs.81412

10

20

30

40

638	347031	KIAA0195	Human mRNA for KIAA0195 gene, complete cds	W79511	Hs.80540
639	347031	KIAA0195	Human mRNA for KIAA0195 gene, complete cds	W79398	Hs.80540
640	753248	KIAA0381	Human mRNA for KIAA0381 gene, partial cds	AA406231	Hs.100113
641	753248	KIAA0381	Human mRNA for KIAA0381 gene, partial cds	AA406503	Hs.100113
642	108208	HADHB	Human mRNA for mitochondrial 3-ketoacyl-CoA thiolase beta-subunit of trifunctional protein, complete cds	T69767	Hs.146812
643	108208	HADHB	Human mRNA for mitochondrial 3-ketoacyl-CoA thiolase beta-subunit of trifunctional protein, complete cds	T70752	Hs.146812
644	869538	NDUFA4	Human NADH:ubiquinone oxidoreductase MLRQ subunit mRNA, complete cds	AA680322	Hs.108661
645	810452	TOM34	Human putative outer mitochondrial membrane 34 kDa translocase hTOM34 mRNA, complete cds	AA457118	Hs.76927
646	127197	CXORF6	Human Xq28 mRNA, complete cds	R08270	Hs.20136
647	127197	CXORF6	Human Xq28 mRNA, complete cds	R08271	Hs.20136
648	811108	TRIP6	Human zyxin related protein ZRP-1 mRNA, complete cds	AA485677	Hs.119498
649	811108	TRIP6	Human zyxin related protein ZRP-1 mRNA, complete cds	AA485807	Hs.119498
650	79828	HD	Huntingtin (Huntington disease)	T64094	Hs.79391
651	79828	HD	Huntingtin (Huntington disease)	T64015	Hs.79391
652	1752540	HIP1	huntingtin interacting protein 1	AI150389	
653	1566230	HYAL3	hyaluronoglucosaminidase 3	AI140794	Hs.129910
654	2095653	GLO4	HYDROXYACYLGLUTATHIONE HYDROLASE	AI420642	
655	141966	HSD3B1	hydroxy-delta-5-steroid dehydrogenase, 3 beta- and steroid delta-isomerase 1	R68803	Hs.38586
656	141966	HSD3B1	hydroxy-delta-5-steroid dehydrogenase, 3 beta- and steroid delta-isomerase 1	R68906	Hs.38586
657	126243	HMBS	Hydroxymethylbilane synthase	R06321	Hs.82609
658	126243	HMBS	Hydroxymethylbilane synthase	R06263	Hs.82609
659	321163	HSU79253	hypothetical protein	W53000	Hs.56155
660	321163	HSU79253	hypothetical protein	W52999	Hs.56155
661	280507	HPRT1	Hypoxanthine phosphoribosyltransferase 1 (Lesch-Nyhan syndrome)	N47312	Hs.82314
662	280507	HPRT1	Hypoxanthine phosphoribosyltransferase 1 (Lesch-Nyhan syndrome)	N47311	Hs.82314
663	2216141	IFM1	IFM1	AI654459	
664	767034	ILVBL	ilvB (bacterial acetolactate synthase)-like	AA424288	Hs.78880
665	767034	ILVBL	ilvB (bacterial acetolactate synthase)-like	AA451741	Hs.78880
666	1606837	IMPDH2	IMP (inosine monophosphate) dehydrogenase 2	AA996028	Hs.75432
667	50754	MTIF2	INITIATION FACTOR IF-2, MITOCHONDRIAL PRECURSOR	H18070	Hs.149894
668	111981	G1P3	interferon, alpha-inducible protein (clone IFI-6-16)	T84633	Hs.179972

10

20

30

40

669	111981	GIP3	interferon, alpha-inducible protein (clone IFI-6-16)	T91807	Hs.179972
670	491763	IL1B	Interleukin 1, beta	AA150507	Hs.126256
671	491763	IL1B	Interleukin 1, beta	AA156711	Hs.126256
672	2119594	IDH1	ISOCITRATE DEHYDROGENASE	AI399657	
673	869375	IDH2	Isocitrate dehydrogenase 2 (NADP+), mitochondrial	AA679907	Hs.252546
674	2168168	ETFB	isocitrate dehydrogenase 3 (NAD+) alpha (IDH3A),	AI565774	
675	755474	IARS	isoleucine-tRNA synthetase	AA410636	
676	755474	IARS	isoleucine-tRNA synthetase	AA419192	
677	810325	IVD	isovaleryl Coenzyme A dehydrogenase	AA464149	Hs.77510
678	810325	IVD	isovaleryl Coenzyme A dehydrogenase	AA464216	Hs.77510
679	2148505	JC4913	JC4913	AI469831	
680	809707	JUNB	jun B proto-oncogene	AA454711	Hs.198951
681	809707	JUNB	jun B proto-oncogene	AA456366	Hs.198951
682	1474284	KAI1	kangai 1 (suppression of tumorigenicity 6, prostate; CD82 antigen (R2 leukocyte antigen, antigen detected by monoclonal and antibody IA4))	AA922309	Hs.25409
683	845441	KIAA0016	KIAA0016 gene product	AA644550	Hs.75187
684	2241563	KIHUA3	KIHUA3	AI632351	
685	21738	HADHSC	L-3-hydroxyacyl-Coenzyme A dehydrogenase, short chain	T65482	Hs.7153
686	21738	HADHSC	L-3-hydroxyacyl-Coenzyme A dehydrogenase, short chain	T65407	Hs.7153
687	884644	LAMR1	Laminin receptor (2H5 epitope)	AA629897	Hs.181357
688	704360	LCFA HUMAN	LCFA HUMAN	AA279565	
689	1256792	MAD4	Mad4 homolog	AA875977	Hs.102402
690	1908746	MDH1	MALATE DEHYDROGENASE	AI302237	
691	1636908	MDH2	malate dehydrogenase 2, NAD (mitochondrial)	AI000271	Hs.111076
692	2010949	ME2	malic enzyme 2, mitochondrial	AI361039	Hs.75342
693	896921	ME3	malic enzyme, NADP+-dependent, mitochondrial	AA779401	Hs.2838
694	814211	M6PR	Mannose-6-phosphate receptor (cation dependent)	AA465223	Hs.75709
695	814211	M6PR	Mannose-6-phosphate receptor (cation dependent)	AA465578	Hs.75709
696	589115	MMP1	matrix metalloproteinase 1 (interstitial collagenase)	AA143201	
697	589115	MMP1	matrix metalloproteinase 1 (interstitial collagenase)	AA143331	
698	1574438	MMP11	matrix metalloproteinase 11 (stromelysin 3)	AA954935	Hs.155324
699	196612	MMP12	matrix metalloproteinase 12 (macrophage elastase)	R92994	Hs.1695
700	196612	MMP12	matrix metalloproteinase 12 (macrophage elastase)	R93037	Hs.1695
701	251047	MMP17	matrix metalloproteinase 17 (membrane-inserted)	H97792	Hs.159581
702	784589	MMP15	Matrix metalloproteinase 2	AA443300	Hs.80343
703	784589	MMP15	Matrix metalloproteinase 2	AA443433	Hs.80343

10

20

30

40

704	470393	MMP7	matrix metalloproteinase 7 (matrilysin, uterine)	AA031513	Hs.2256
705	470393	MMP7	matrix metalloproteinase 7 (matrilysin, uterine)	AA031514	Hs.2256
706	2213770	CCHU	Matrix metalloproteinase 7 (matrilysin, uterine)	AI582304	
707	22040	MMP9	matrix metalloproteinase 9 (gelatinase B, 92kD gelatinase, 92kD type IV collagenase)	T72581	
708	22040	MMP9	matrix metalloproteinase 9 (gelatinase B, 92kD gelatinase, 92kD type IV collagenase)	T64837	
709	773266	MMP9	matrix metalloproteinase 9 (gelatinase B, 92kD gelatinase, 92kD type IV collagenase)	AA425227	Hs.151738
710	773266	MMP9	matrix metalloproteinase 9 (gelatinase B, 92kD gelatinase, 92kD type IV collagenase)	AA425503	Hs.151738
711	2091860	MMPL1	matrix metalloproteinase-like 1	AI382081	Hs.198265
712	240766	Data unavailable	METALLOPROTEINASE INHIBITOR 1 PRECURSOR	H80214	
713	240766	Data unavailable	METALLOPROTEINASE INHIBITOR 1 PRECURSOR	H80215	
714	2165301	DEHUMT	methylene tetrahydrofolate dehydrogenase (NAD ⁺ dependent), methenyltetrahydrofolate cyclohydrolase	AI497794	
715	1473506	MMSA_HUMAN	METHYLMALONATE-SEMIALDEHYDE DEHYDROGENASE	AA915881	
716	2091562	S40622	METHYLMALONYL-COA MUTASE PRECURSOR	AI377286	
717	278570	MITF	Microphthalmia-associated transcription factor	N66177	Hs.166017
718	278570	MITF	Microphthalmia-associated transcription factor	N99168	Hs.166017
719	768443	MGST1	microsomal glutathione S-transferase 1	AA495936	Hs.790
720	768443	MGST1	microsomal glutathione S-transferase 1	AA495935	Hs.790
721	629896	MAP1B	MICROTUBULE-ASSOCIATED PROTEIN 1B	AA219045	Hs.103042
722	1084029	A56650	MITOCHONDRIAL 2-OXOGLUTARATE/MALATE CARRIER PROTEIN	AA594052	
723	44255	RPML3	MITOCHONDRIAL 60S RIBOSOMAL PROTEIN L3	H06113	Hs.79086
724	44255	RPML3	MITOCHONDRIAL 60S RIBOSOMAL PROTEIN L3	H05820	Hs.79086
725	433553	CA5	Mitochondrial carbonic anhydrase	AA699469	Hs.177446
726	1175538	A39018	MITOCHONDRIAL CARNITINE PALMITOYLTRANSFERASE II PRECURSOR	AA641442	
727	324618	TSFM	MITOCHONDRIAL ELONGATION FACTOR TS PRECURSOR	W47015	Hs.3273
728	324618	TSFM	MITOCHONDRIAL ELONGATION FACTOR TS PRECURSOR	W47014	Hs.3273

10

20

30

40

729	2066585	LON-PEN	MITOCHONDRIAL LON PROTEASE HOMOLOG	AI377406	
730	133099	MMP1 Precursor	MITOCHONDRIAL MATRIX PROTEIN P1 PRECURSOR	R26234	
731	133099	MMP1 Precursor	MITOCHONDRIAL MATRIX PROTEIN P1 PRECURSOR	R26235	
732	448491	mrp2	MITOCHONDRIAL RIBOSOMAL PROTEIN S14	AA777627	
733	1587031	HSPA9	MITOCHONDRIAL STRESS-70 PROTEIN	AA948223	
734	814346	MTIF2	mitochondrial translational initiation factor 2	AA458825	Hs.149894
735	814346	MTIF2	mitochondrial translational initiation factor 2	AA459016	Hs.149894
736	1916771	MTRF1	mitochondrial translational release factor 1	AI347695	Hs.80683
737	1880757	MAP3K5	mitogen-activated protein kinase kinase kinase 5	AI268273	Hs.151988
738	2244621	MRF1	MRF1	AI656905	
739	645006	MRP4	MRP4	AA197284	
740	645006	MRP4	MRP4	AA205815	
741	1933324	MPZ	myelin protein zero (Charcot-Marie- Tooth neuropathy 1B)	AI351956	Hs.93883
742	302190	MLL	myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia (trithorax (Drosophila) homolog)	W16724	Hs.199160
743	302190	MLL	myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia (trithorax (Drosophila) homolog)	N77807	Hs.199160
744	842989	MYL6	MYOSIN LIGHT CHAIN ALKALI, NON-MUSCLE ISOFORM	AA488346	Hs.77385
745	842989	MYL6	MYOSIN LIGHT CHAIN ALKALI, NON-MUSCLE ISOFORM	AA488477	Hs.77385
746	814615	MTHFD2	NAD-dependent methylene tetrahydrofolate dehydrogenase cyclohydrolase	AA480995	Hs.154672
747	814615	MTHFD2	NAD-dependent methylene tetrahydrofolate dehydrogenase cyclohydrolase	AA480994	Hs.154672
748	773287	NDUFA2	NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha subcomplex, 2 (8kD, B8)	AA425211	Hs.163867
749	773287	NDUFA2	NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha subcomplex, 2 (8kD, B8)	AA425534	Hs.163867
750	1635681	NDUFA2	NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha subcomplex, 2 (8kD, B8)	AI017426	Hs.163867
751	950578	NDUFA5	NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha subcomplex, 5 (13kD, B13)	AA608515	Hs.83916
752	897987	NDUFA9	NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha subcomplex, 9 (39kD)	AA598884	Hs.75227
753	450896	NDUFB4	NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 4 (15kD, B15)	AA704675	
754	562409	NDUFS5	NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 4 (15kD, B15)	AA214053	Hs.80595

10

20

30

40

755	562409	NDUFS5	NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 4 (15kD, B15)	AA214154	Hs.80595
756	307933	NDUFB5	NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 5 (16kD, SGD)	N93053	Hs.19236
757	307933	NDUFB5	NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 5 (16kD, SGD)	W21390	Hs.19236
758	470861	NDUFB6	NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 6 (17kD, B17)	AA034268	Hs.109646
759	470861	NDUFB6	NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 6 (17kD, B17)	AA032077	Hs.109646
760	771089	NDUFB7	NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 7 (18kD, B18)	AA428058	Hs.661
761	771089	NDUFB7	NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 7 (18kD, B18)	AA429046	Hs.661
762	796513	NDUFC1	NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1, subcomplex unknown, 1 (6kD, KFYT)	AA460251	Hs.84549
763	796513	NDUFC1	NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1, subcomplex unknown, 1 (6kD, KFYT)	AA463815	Hs.84549
764	753457	NDUFS1	NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 1 (75kD) (NADH-coenzyme Q reductase)	AA406535	Hs.8248
765	753457	NDUFS1	NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 1 (75kD) (NADH-coenzyme Q reductase)	AA406536	Hs.8248
766	743811	NDUFS3	NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 3 (30kD) (NADH-coenzyme Q reductase)	AA634381	Hs.5273
767	377152	NDUFS4	NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 4 (18kD) (NADH-coenzyme Q reductase)	AA055101	Hs.10758
768	377152	NDUFS4	NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 4 (18kD) (NADH-coenzyme Q reductase)	AA055102	Hs.10758
769	502141	NDUFS8	NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 8 (23kD) (NADH-coenzyme Q reductase)	AA127014	Hs.90443
770	502141	NDUFS8	NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 8 (23kD) (NADH-coenzyme Q reductase)	AA128218	Hs.90443
771	1486260	NDUFV2	NADH dehydrogenase (ubiquinone) flavoprotein 2 (24kD)	AA922326	Hs.51299
772	1676983	RDHUB5	NADH-CYTOCHROME B5 REDUCTASE	AI076798	
773	1632011	NPR2	natriuretic peptide receptor B/guanylate cyclase B (atrionatriuretic peptide receptor B)	AA994689	Hs.78518
774	994950	NDUFA10	NDUFA10	AA555087	
775	1588691	NDUFA2	NDUFA2	AA975360	
776	929358	NDUFA3	NDUFA3	AA492039	
777	2118546	NDUFA6	NDUFA6	AI524304	
778	1270489	NDUFA7	NDUFA7	AA748476	
779	171756	NDUFA8	NDUFA8	H18333	

10

20

30

40

780	171756	NDUFA8	NDUFA8	H18364	
781	1473135	NDUFAB1	NDUFAB1	AA873566	
782	998616	NDUFB1	NDUFB1	AA535762	
783	2170527	NDUFB10	NDUFB10	AI571333	
784	1881693	NDUFB2	NDUFB2	AI290799	
785	2103675	NDUFB3	NDUFB3	AI401200	
786	2266937	NDUFB8	NDUFB8	AI608733	
787	984496	NDUFB9	NDUFB9	AA526075	
788	2277817	NDUFC2	NDUFC2	AI653801	
789	1019401	NDUFS2	NDUFS2	AA551149	
790	1585499	NDUFS5	NDUFS5	AA974058	
791	51826	NNT	nicotinamide nucleotide transhydrogenase	H22944	Hs.18136
792	51826	NNT	nicotinamide nucleotide transhydrogenase	H24126	Hs.18136
793	1160732	NOS2A	Nitric oxide synthase 2A (inducible, hepatocytes)	AA877840	Hs.193788
794	150466	EST	Nitric oxide synthase 3 (endothelial cell)	H01039	Hs.237163
795	150466	EST	Nitric oxide synthase 3 (endothelial cell)	H01788	Hs.237163
796	1468820	NOS3	nitric oxide synthase 3 (endothelial cell)	AA884967	Hs.166373
797	755750	NME2	non-metastatic cells 2, protein (NM23B) expressed in	AA496628	Hs.255790
798	755750	NME2	non-metastatic cells 2, protein (NM23B) expressed in	AA496512	Hs.255790
799	207808	NFATC3	nuclear factor of activated T-cells, cytoplasmic 3	H59048	Hs.172674
800	207808	NFATC3	nuclear factor of activated T-cells, cytoplasmic 3	H59047	Hs.172674
801	1870662	A54868	nuclear respiratory factor 1 (NRF1)	AI245773	
802	567414	NFYB	nuclear transcription factor Y, beta	AA130846	
803	783696	OAT	ornithine aminotransferase (gyrate atrophy)	AA446819	Hs.75485
804	783696	OAT	ornithine aminotransferase (gyrate atrophy)	AA446820	Hs.75485
805	796646	ODC1	Ornithine decarboxylase 1	AA460115	Hs.75212
806	796646	ODC1	Ornithine decarboxylase 1	AA461467	Hs.75212
807	1637751	OXA1L	oxidase (cytochrome c) assembly 1-like	AI001180	Hs.151134
808	1704170	OXA1HS	oxoglutarate dehydrogenase (lipoamide)	AI096611	
809	233479	No Data	Oxoglutarate dehydrogenase (lipoamide)	H78910	
810	233479	No Data	Oxoglutarate dehydrogenase (lipoamide)	H80138	
811	1371793	OGDH	oxoglutarate dehydrogenase (lipoamide)	AA856769	Hs.168669
812	1632231	UQCRC1	P31930 UBIQUINOL-CYTOCHROME-C REDUCTASE COMPLEX CORE PROTEIN I PRECURSOR	AI005342	
813	162775	DDX5	P68 PROTEIN	H27564	Hs.76053
814	162775	DDX5	P68 PROTEIN	H27646	Hs.76053
815	43884	PPIF	PEPTIDYL-PROLYL CIS-TRANS ISOMERASE, MITOCHONDRIAL PRECURSOR	H05580	Hs.173125
816	43884	PPIF	PEPTIDYL-PROLYL CIS-TRANS ISOMERASE, MITOCHONDRIAL PRECURSOR	H05115	Hs.173125
817	774726	PPIF	peptidylprolyl isomerase F (cyclophilin F)	AA442081	Hs.173125
818	774726	PPIF	peptidylprolyl isomerase F (cyclophilin F)	AA442184	Hs.173125

10

20

30

40

			F)		
819	133273	PMP22	peripheral myelin protein 22	R26960	Hs.103724
820	133273	PMP22	peripheral myelin protein 22	R26732	Hs.103724
821	788518	PXMP3	Peroxisomal membrane protein 3 (35kD, Zellweger syndrome)	AA452566	
822	788518	PXMP3	Peroxisomal membrane protein 3 (35kD, Zellweger syndrome)	AA452747	
823	1476157	PXR1	peroxisome receptor 1	AA873073	Hs.158084
824	455263	PET112L	PET112 (yeast homolog)-like	AA677572	Hs.11127
825	951683	PHC	PHC	AA629980	
826	843109	FARS1	phenylalanine-tRNA synthetase	AA488691	Hs.57969
827	843109	FARS1	phenylalanine-tRNA synthetase	AA486503	Hs.57969
828	842784	PHC	phosphate carrier, mitochondrial	AA486305	Hs.78713
829	842784	PHC	phosphate carrier, mitochondrial	AA486200	Hs.78713
830	346009	PFKL	Phosphofructokinase (liver type)	W72140	Hs.155455
831	346009	PFKL	Phosphofructokinase (liver type)	W77881	Hs.155455
832	489626	PFKM	Phosphofructokinase, muscle	AA099169	Hs.75160
833	489626	PFKM	Phosphofructokinase, muscle	AA101919	Hs.75160
834	183194		phospholipase A2, group IIA (platelets, synovial fluid)	H44953	
835	183194		phospholipase A2, group IIA (platelets, synovial fluid)	H45000	
836	77915	PLA2G2A	phospholipase A2, group IIA (platelets, synovial fluid)	T61323	Hs.76422
837	77915	PLA2G2A	phospholipase A2, group IIA (platelets, synovial fluid)	T61271	Hs.76422
838	2367279	PN0673	PN0673	AI741984	
839	780947	POLD1	Polymerase (DNA directed), delta 1, catalytic subunit (125kD)	AA429661	Hs.99890
840	780947	POLD1	Polymerase (DNA directed), delta 1, catalytic subunit (125kD)	AA446151	Hs.99890
841	626206	POLG	polymerase (DNA directed), gamma	AA188761	Hs.80961
842	626206	POLG	polymerase (DNA directed), gamma	AA188629	Hs.80961
843	827129	POLRMT	polymerase (RNA) mitochondrial (DNA directed)	AA521239	Hs.153880
844	2144562	PRAX-1	PRAX-1	AI452994	
845	826211	PDCD2	Programmed cell death 2	AA521466	Hs.41639
846	814337	PCCB	propionyl Coenzyme A carboxylase, beta polypeptide	AA459122	Hs.63788
847	814337	PCCB	propionyl Coenzyme A carboxylase, beta polypeptide	AA459341	Hs.63788
848	950710	PCCA	Propionyl-coA carboxylase alpha chain	AA608575	Hs.80741
849	824568	KLK3	Prostate specific antigen	AA490981	Hs.171995
850	843134	PBP	Prostatic binding protein	AA486514	Hs.80423
851	843134	PBP	Prostatic binding protein	AA485909	Hs.80423
852	261971	PRSM1	protease, metallo, 1, 33kD	N27227	Hs.183138
853	261971	PRSM1	protease, metallo, 1, 33kD	H98666	Hs.183138
854	375728	PRSM1	protease, metallo, 1, 33kD	AA033807	Hs.183138
855	51041	Est	protoporphyrinogen oxidase	H18633	Hs.123641
856	51041	Est	protoporphyrinogen oxidase	H18716	Hs.123641
857	247160	PPOX	protoporphyrinogen oxidase	N57891	Hs.100016
858	504452	PPOX	protoporphyrinogen oxidase	AA151249	Hs.100016
859	504452	PPOX	protoporphyrinogen oxidase	AA151248	Hs.100016

10

20

30

40

860	501939	HHCMA56	putative oxidoreductase	AA128041	Hs.519
861	501939	HHCMA56	putative oxidoreductase	AA128086	Hs.519
862	108378	PC	pyruvate carboxylase	T77729	Hs.89890
863	108378	PC	pyruvate carboxylase	T77728	Hs.89890
864	80374	PDHA1	Pyruvate dehydrogenase (lipoamide) alpha 1	T65833	Hs.1023
865	80374	PDHA1	Pyruvate dehydrogenase (lipoamide) alpha 1	T65758	Hs.1023
866	826077	PDHB	pyruvate dehydrogenase (lipoamide) beta	AA521401	Hs.979
867	279665	PDX1	Pyruvate dehydrogenase complex, lipoyl-containing component X; E3-binding protein	N48320	Hs.74642
868	279665	PDX1	Pyruvate dehydrogenase complex, lipoyl-containing component X; E3-binding protein	N49046	Hs.74642
869	1542260	PDHA2	PYRUVATE DEHYDROGENASE E1 COMPONENT, ALPHA	AA927400	
870	1645668	PDK1	pyruvate dehydrogenase kinase, isoenzyme 1	AJ026814	Hs.159477
871	66686	No Data	QM PROTEIN	T67270	
872	66686	No Data	QM PROTEIN	T67271	
873	590727	RENT1	regulator of nonsense transcripts 1	AA156342	Hs.12719
874	590727	RENT1	regulator of nonsense transcripts 1	AA156376	Hs.12719
875	624627	RRM2	Ribonucleotide reductase M2 polypeptide	AA187351	Hs.75319
876	624627	RRM2	Ribonucleotide reductase M2 polypeptide	AA188430	Hs.75319
877	788334	RPL23L	ribosomal protein L23-like	AA453015	Hs.3254
878	730124	RPL7	Ribosomal protein L7	AA412470	Hs.153
879	730124	RPL7	Ribosomal protein L7	AA412344	Hs.153
880	809578	RPS5	Ribosomal protein S5	AA456616	Hs.76194
881	809578	RPS5	Ribosomal protein S5	AA455795	Hs.76194
882	214133	FSRG1	RING3 PROTEIN	H72520	Hs.75243
883	214133	FSRG1	RING3 PROTEIN	H72918	Hs.75243
884	110744	SCO2	SCO (cytochrome oxidase deficient, yeast) homolog 2	T90560	Hs.180903
885	110744	SCO2	SCO (cytochrome oxidase deficient, yeast) homolog 2	T83097	Hs.180903
886	646657	SCO1	SCO1 (yeast homolog) cytochrome oxidase deficient 1	AA205413	Hs.14511
887	646657	SCO1	SCO1 (yeast homolog) cytochrome oxidase deficient 1	AA205579	Hs.14511
888	1074487	SDHD	SDHD	AA579646	
889	951117	SHMT2	serine hydroxymethyltransferase 2 (mitochondrial)	AA620477	
890	2138479	XNHUSP	SERINE--PYRUVATE AMINOTRANSFERASE	AI521720	
891	125183	SSBP	single-stranded DNA-binding protein	R05693	Hs.923
892	125183	SSBP	single-stranded DNA-binding protein	R05694	Hs.923
893	813678	SLC1A3	solute carrier family 1 (glial high affinity glutamate transporter), member 3	AA453823	Hs.75379
894	813678	SLC1A3	solute carrier family 1 (glial high affinity glutamate transporter), member 3	AA453742	Hs.75379
895	586990	SLC11A2	solute carrier family 11 (proton-coupled divalent metal ion transporters), member	AA133656	Hs.57435

10

20

30

40

			2		
896	586990	SLC11A2	solute carrier family 11 (proton-coupled divalent metal ion transporters), member 2	AA133655	Hs.57435
897	2029995	SLC12A7	solute carrier family 12 (potassium/chloride transporters), member 7	AI492956	Hs.172613
898	190732	SLC2A5	Solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 5	H38650	Hs.33084
899	190732	SLC2A5	Solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 5	H38733	Hs.33084
900	758304	SLC25A14	solute carrier family 25 (mitochondrial carrier, brain), member 14	AA404241	Hs.194686
901	758304	SLC25A14	solute carrier family 25 (mitochondrial carrier, brain), member 14	AA401224	Hs.194686
902	897107	SLC25A1	solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; citrate transporter), member 1	AA676877	Hs.111024
903	878413	SLC25A11	solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; oxoglutarate carrier), member 11	AA670357	Hs.184877
904	433350	SORD	Sorbitol dehydrogenase	AA700604	Hs.878
905	1256737	SPG7	spastic paraplegia 7, paraplegin (pure and complicated autosomal recessive)	AA876165	Hs.78497
906	682528	SCA1	spinocerebellar ataxia 1 (olivopontocerebellar ataxia 1, autosomal dominant, ataxin 1)	AA256507	Hs.74520
907	682528	SCA1	spinocerebellar ataxia 1 (olivopontocerebellar ataxia 1, autosomal dominant, ataxin 1)	AA256508	Hs.74520
908	128875	SCA2	Spinocerebellar ataxia 2 (olivopontocerebellar ataxia 2, autosomal dominant)	R10604	Hs.76253
909	128875	SCA2	Spinocerebellar ataxia 2 (olivopontocerebellar ataxia 2, autosomal dominant)	R10603	Hs.76253
910	447167	SFRS8	splicing factor, arginine/serine-rich 8 (suppressor-of-white-apricot, Drosophila homolog)	AA702973	Hs.84229
911	1934125	B34181	steroid 11-beta-hydroxylase	AI334352	
912	859858	STAR	steroidogenic acute regulatory protein	AA679454	Hs.3132
913	855395	SCP2	sterol carrier protein 2	AA664009	Hs.75760
914	824699	SUCA_HUMAN	SUCA_HUMAN	AA482206	
915	80915	SDHA	Succinate dehydrogenase 2, flavoprotein (Fp) subunit	T70043	
916	80915	SDHA	Succinate dehydrogenase 2, flavoprotein (Fp) subunit	T70109	
917	797016	SDHB	succinate dehydrogenase complex, subunit B, iron sulfur (Ip)	AA463565	Hs.64
918	797016	SDHB	succinate dehydrogenase complex, subunit B, iron sulfur (Ip)	AA463510	Hs.64
919	366132	SDHC	succinate dehydrogenase complex, subunit C, integral membrane protein, 15kD	AA062805	Hs.3577

10

20

30

40

920	504145	LSC2	SUCCINATE-COA LIGASE	AA132000	
921	504145	LSC2	SUCCINATE-COA LIGASE	AA131817	
922	845630	SUCLA2	succinate-CoA ligase, ADP-forming, beta subunit	AA644577	Hs.182217
923	1571111	SCOT_HUMAN	Succinyl CoA:3-oxoacid CoA transferase	AA936982	
924	950489	SOD1	Superoxide dismutase 1 (Cu/Zn)	AA599127	Hs.75428
925	1572467	SOD2	Superoxide dismutase 2	AA934677	
926	346860	SOD2	superoxide dismutase 2, mitochondrial	W78148	Hs.177781
927	346860	SOD2	superoxide dismutase 2, mitochondrial	W79913	Hs.177781
928	840708	SOD2	Superoxide dismutase 2, mitochondrial	AA488084	Hs.177781
929	840708	SOD2	Superoxide dismutase 2, mitochondrial	AA487750	Hs.177781
930	1343732	SOD3	Superoxide dismutase 3, extracellular	AA725564	Hs.2420
931	433474	SURF1	Surfeit 1	AA699560	Hs.3196
932	2114302	surfeit 1	surfeit 1	AI417847	Hs.3196
933	782797	SMN1	survival of motor neuron 1, telomeric	AA448194	Hs.77306
934	704299	TAZ	tafazzin (cardiomyopathy, dilated 3A (X-linked); endocardial fibroelastosis 2; Barth syndrome)	AA279440	Hs.79021
935	789376	TXNRD1	thioredoxin reductase 1	AA453335	Hs.13046
936	789376	TXNRD1	thioredoxin reductase 1	AA464849	Hs.13046
937	796000	MPST	thiosulfate sulfurtransferase (rhodanese)	AA461065	Hs.74097
938	796000	MPST	thiosulfate sulfurtransferase (rhodanese)	AA460495	Hs.74097
939	856167	TARS	threonyl-tRNA synthetase	AA630628	Hs.84131
940	205185	THBD	Thrombomodulin	H59861	Hs.2030
941	205185	THBD	Thrombomodulin	H60674	Hs.2030
942	246300	TIAL1	TIA1 cytotoxic granule-associated RNA-binding protein-like 1	N59426	Hs.182741
943	842846	TIMP2	tissue inhibitor of metalloproteinase 2	AA486280	Hs.246948
944	489519	TIMP3	tissue inhibitor of metalloproteinase 3 (Sorsby fundus dystrophy, pseudoinflammatory)	AA099153	Hs.245188
945	489519	TIMP3	tissue inhibitor of metalloproteinase 3 (Sorsby fundus dystrophy, pseudoinflammatory)	AA099251	Hs.245188
946	754106	TIMP3	tissue inhibitor of metalloproteinase 3 (Sorsby fundus dystrophy, pseudoinflammatory)	AA479202	Hs.245188
947	754106	TIMP3	tissue inhibitor of metalloproteinase 3 (Sorsby fundus dystrophy, pseudoinflammatory)	AA478662	Hs.245188
948	433481	TCF2	transcription factor 2, hepatic; LF-B3; variant hepatic nuclear factor	AA699573	Hs.169853
949	785845	TCF6L1	Transcription factor 6-like 1 (mitochondrial transcription factor 1-like)	AA449118	Hs.75133
950	785845	TCF6L1	Transcription factor 6-like 1 (mitochondrial transcription factor 1-like)	AA449551	Hs.75133
951	841334	STIP1	TRANSFORMATION-SENSITIVE PROTEIN IEF SSP 3521	AA487635	Hs.75612
952	841334	STIP1	TRANSFORMATION-SENSITIVE PROTEIN IEF SSP 3521	AA487427	Hs.75612
953	2114841	U66035	translocase of inner mitochondrial membrane 8	AI432207	
954	970880	TPM4	tropomyosin 4	AA774983	Hs.102824

10

20

30

40

955	341328	TPM1	Tropomyosin alpha chain (skeletal muscle)	W58092	Hs.77899
956	341328	TPM1	Tropomyosin alpha chain (skeletal muscle)	W58009	Hs.77899
957	32621	WARS2	tryptophanyl tRNA synthetase 2 (mitochondrial)	R43272	Hs.227274
958	32621	WARS2	tryptophanyl tRNA synthetase 2 (mitochondrial)	R18903	Hs.227274
959	684582	WARS2	tryptophanyl tRNA synthetase 2 (mitochondrial)	AA251354	Hs.227274
960	684582	WARS2	tryptophanyl tRNA synthetase 2 (mitochondrial)	AA251468	Hs.227274
961	594079	TID1	tumorous imaginal discs (Drosophila) homolog	AA169872	Hs.6216
962	594079	TID1	tumorous imaginal discs (Drosophila) homolog	AA169567	Hs.6216
963	1569989	YWHAB	tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein, beta polypeptide	AA962407	Hs.182238
964	1591788	YWHAZ	tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein, zeta polypeptide	AA976477	Hs.75103
965	25499	UQCRH	UBIQUINOL-CYTOCHROME C REDUCTASE COMPLEX 11 KD PROTEIN PRECURSOR	R11698	Hs.73818
966	25499	UQCRH	UBIQUINOL-CYTOCHROME C REDUCTASE COMPLEX 11 KD PROTEIN PRECURSOR	R17676	Hs.73818
967	855843	UQCRB	UBIQUINOL-CYTOCHROME C REDUCTASE COMPLEX 14 KD PROTEIN	AA664284	Hs.131255
968	1160934	UQCRC2	UBIQUINOL-CYTOCHROME C REDUCTASE CORE PROTEIN 2 PRECURSOR	AA877491	
969	782800	UQCRFS1	UBIQUINOL-CYTOCHROME C REDUCTASE IRON-SULFUR SUBUNIT PRECURSOR	AA448184	Hs.3712
970	1955460	MAS2	UCR1 HUMAN P31930 UBIQUINOL-CYTOCHROME-C REDUCTASE COMPLEX CORE PROTEIN I	AI365986	
971	236034	UCP2	uncoupling protein 2 (mitochondrial, proton carrier)	H61243	Hs.80658
972	236034	UCP2	uncoupling protein 2 (mitochondrial, proton carrier)	H61242	Hs.80658
973	628529	EST	uncoupling protein 3 (mitochondrial, proton carrier)	AA192553	Hs.76640
974	628529	EST	uncoupling protein 3 (mitochondrial, proton carrier)	AA192136	Hs.76640
975	197932	UQCRB	UQCRB	R96352	Hs.77385
976	197932	UQCRB	UQCRB	R96395	Hs.77385

10

20

30

40

977	49464	UNG	uracil-DNA glycosylase	H15111	Hs.78853
978	49464	UNG	uracil-DNA glycosylase	H15112	Hs.78853
979	760148	UROD	Uroporphyrinogen decarboxylase	AA424441	Hs.78601
980	760148	UROD	Uroporphyrinogen decarboxylase	AA424344	Hs.78601
981	34778	VEGF	vascular endothelial growth factor	R45059	
982	34778	VEGF	vascular endothelial growth factor	R19956	
983	1762200	VDAC1	VDAC1	AI205945	
984	1911533	VDAC3	VDAC3	AI268057	
985	486221	VDAC1	Voltage-dependent anion channel 1	AA044059	Hs.149155
986	486221	VDAC1	Voltage-dependent anion channel 1	AA044113	Hs.149155
987	1434908	VDAC2	Voltage-dependent anion channel 2	AA857093	Hs.78902
988	796759	VDAC3	voltage-dependent anion channel 3	AA460728	Hs.7381
989	796759	VDAC3	voltage-dependent anion channel 3	AA460900	Hs.7381
990	815683	WBSCR9	Williams-Beuren syndrome chromosome region 9	AA485132	Hs.194688
991	815683	WBSCR9	Williams-Beuren syndrome chromosome region 9	AA485131	Hs.194688
992	878676	XRCC5	X-ray repair complementing defective repair in Chinese hamster cells 5 (double-strand-break rejoining; Ku autoantigen, 80kD)	AA775355	Hs.84981
993	269381	ZNF148	zinc finger protein 148 (pHZ-52)	N26148	
994	745503	ZNF9	zinc finger protein 9 (a cellular retroviral nucleic acid binding protein)	AA625995	Hs.2110

10

20

実施例 2

マウス・ミトコンドリア生物学配列

マウス・ミトコンドリア生物学配列は、表されたシーケンスを表しているクローンからなされる。配列に配置されるクローンは、シーケンス ID NOS を参照する表 4 に示される：995-3040 は、これらのクローンから 5' and 3' sequences を本願明細書において、記載することを提供した。タナカ、T. S. その他は知る

「15k を使用している中央の妊娠胎盤および胚の中で側面図を作るとは襲うゲノムに広がる表現発育的な cDNA microarray」Proe. (2000) 全米科学アカデミー USA 97: 9127-9132. 調査として有効な等価なクローンは、表 5 にリストされる。表 4 にリストされるクローンは、表 5 にリストされるクローンより好ましい。表 4 において、識別されるクローンは、Mouse Probe Set & num、2 と呼ばれている一組の調査をするために用いる。表 5 において、識別されるクローンは、Mouse Probe Set & num、3 と呼ばれている一組の調査をするために用いる。制御シーケンスは、また、配置されるこの配列。対照は、空白、DMSO、設備シーケンスに由来する調査、ミトコンドリア生物学に関係していないシーケンス(s) およびポリエステル繊維アデニン(40-60ヌクレオチド長く)を含むが、これに限定されるものではない。シーケンスはミトコンドリア遺伝子がまた、見つかることができるマウスのための調査に GenBank Accession 数 J01420 を作ったものである。そして、それは完全なマウスにミトコンドリア・ゲノムを提供する。好ましくは、ATP 8 および ATP 6 のために使用される調査は、cross- が各々によって、交雑しないことをする。

30

40

【0081】

【表 4】

Table 4

SEQ ID NO:	NIA Clone No.	Gene	Clone description	GenBank Accession No.	Unigene Cluster ID	Function
995	H3001A07	Mm.42805			Mm.42805	Energy/Metabolism
996						
997	H3001C04	major histocompatibility locus class III region:butyrophilin-like protein gene, partial cds; Notch4, PBX2, RAGE, lysophatidic acid acyl transferase-alpha, palmitoyl-protein thioesterase	Mus musculus major histocompatibility locus class III region:butyrophilin-like protein gene, partial cds; Notch4, PBX2, RAGE, lysophatidic acid acyl transferase-alpha, palmitoyl-protein thioesterase		Mm.7447	Transcription/Chromatin
998						
999	H3001F12	heparan sulfate (glucosamine) 3-O-sulfotransferase 1 (Hs3st1), mRNA	Mus musculus heparan sulfate (glucosamine) 3-O-sulfotransferase 1 (Hs3st1), mRNA	BC063066	Mm.100135	Energy/Metabolism
1000						
1001	H3001H04	Rat farnesyltransferase beta subunit	Rat farnesyltransferase beta subunit mRNA, complete cds	BC076556	Mm.28696	Energy/Metabolism
1002						
1003	H3001H05	CPN10-like protein (Cpn10-rs1) gene	Mus musculus CPN10-like protein (Cpn10-rs1) gene, complete cds	BC063078	Mm.12970	Heat Shock/Stress
1004						
1005	H3002A01	NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 7 (18kD, B18) (NDUFB7), mRNA	Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 7 (18kD, B18) (NDUFB7), mRNA	BC076562	Mm.29683	Energy/Metabolism
1006						
1007	H3002B09	cytochrome c gene (MC1)	Mouse cytochrome c gene (MC1)	BC063100	Mm.35389	Energy/Metabolism
1008						
1009	H3002D03	gene prollyl oligopeptidase, exon 11, 12, 13, 14, 15 and cds	Mus musculus gene for prollyl oligopeptidase, exon 11, 12, 13, 14, 15 and complete cds	BC062950	Mm.90005	Energy/Metabolism

10

20

30

40

1034			sarco(endo)plasmic reticulum calcium ATPase (SERCA2) gene, promoter	Mus musculus sarco(endo)plasmic reticulum calcium ATPase (SERCA2) gene, promoter region, exons 1-3, and partial cds	BG076647	Mm.100531	Energy/Metabolism
1035	H3004A09		region, exons 1-3, and partial cds				
1036			"Mouse mRNA for peripheral-type benzodiazepine receptor, complete cds"		BG076653	Mm.1508	Signal Transduction
1037	H3004B06						
1038						Mm.34776	Heat Shock/Stress
1039	H3004C06						
1040			"Mus musculus group V phospholipase A2 mRNA, complete cds"		BG063219	Mm.153446	Signal Transduction
1041	H3004E03						
1042			"Mus musculus protein tyrosine phosphatase 4a2 (Ptp4a2), mRNA"		BG076689	Mm.6355	Signal Transduction
1043	H3004F07						
1044			orotidine-5-monophosphate decarboxylase, 3' end	Mouse orotidine-5-monophosphate decarboxylase mRNA, 3' end	BG076701	Mm.13145	Energy/Metabolism
1045	H3004G09						
1046			TF-1 apoptosis related protein 19	Mus musculus TF-1 apoptosis related protein 19 (Tfar19), mRNA	BG076705	Mm.21650	Apoptosis
1047	H3004H01						
1048			protein arginine N-methyltransferase 1	Mus musculus protein arginine N-methyltransferase 1 (Mirm1), complete cds, alternatively spliced	BG076710	Mm.27545	Energy/Metabolism
1049	H3004H06		(Mirm1), alternatively spliced				Protein Synthesis/Translational Control
1050			H19 and muscle-specific Nctc1 genes, complete sequence	Mus musculus H19 and muscle-specific Nctc1 genes, complete sequence	BG076718	Mm.12970	
1051	H3005A04		sequence				
1052			"Mus musculus mammalian relative of DnaJ (MjJ-pending), mRNA"		BG076720	Mm.2701	Heat Shock/Stress
1053	H3005A06						

10

20

30

40

1054	H3005B03	thioredoxin reductase 1 (Txrd1),	Mus musculus thioredoxin reductase 1 (Txrd1), mRNA	BG076728	Mm.44552	Energy/Metabolism
1055						
1056	H3005B06	amidophosphoribosyltransferase	Rattus norvegicus mRNA for amidophosphoribosyltransferase	BG076730	Mm.27743	Energy/Metabolism
1057						
1058	H3005D01	dipeptidylpeptidase 4 (Dpp4),	Mus musculus dipeptidylpeptidase 4 (Dpp4), mRNA	BG076746	Mm.1151	Energy/Metabolism
1059						
1060		orotidine-5-monophosphate	Mouse orotidine-5-monophosphate			
1061	H3005D03	decarboxylase, 3 end	decarboxylase mRNA, 3 end	BG076748	Mm.802	Energy/Metabolism
1062						
1063	H3005E09	"Homo sapiens antiqutin 1 (ATQ1), mRNA"		BG076761	Mm.30250	Signal Transduction
1064						
1065	H3005E10	M.musculus sodium/potassium ATPase beta subunit	M.musculus mRNA for sodium/potassium ATPase beta subunit	BG076762	Mm.4550	Energy/Metabolism
1066						
1067	H3005F06	"Mus musculus pelle-like protein kinase mRNA, complete cds"		BG076768	Mm.38241	Signal Transduction
1068						
1069	H3005G01	glycerol-3-phosphate dehydrogenase	Mouse mRNA for glycerol-3-phosphate dehydrogenase, complete cds	BG076772	Mm.3711	Energy/Metabolism
1070						
1071	H3005G06	peptidylprolyl isomerase B (Ppib),	Mus musculus peptidylprolyl isomerase B (Ppib), mRNA	BG076776	Mm.2412	Energy/Metabolism
1072						
1073	H3005G12	methionyl tRNA synthetase	Homo sapiens mRNA for methionyl tRNA synthetase, complete cds	BG063326	Mm.28173	Energy/Metabolism
1074						
1075	H3006E03	cytochrome c-1 gene	Human cytochrome c-1 gene, complete cds	BG076814	Mm.29196	Apoptosis
1076						
1077	H3006E12	UDP-glucose:glycoprotein glucosyltransferase 1 (HUGT1),	Homo sapiens UDP-glucose:glycoprotein glucosyltransferase 1 (HUGT1), mRNA	BG076821	Mm.45651	Energy/Metabolism

10

20

30

40

1078	H3006G03	puromycin-sensitive aminopeptidase (Psa), mRNA	Mus musculus puromycin-sensitive aminopeptidase (Psa), mRNA	BG076835	Mm.29824	Energy/Metabolism
1079						
1080	H3006H05	"Mus musculus calmodulin synthesis (CaM) cDNA, complete cds"		BG076847	Mm.18041	Signal Transduction
1081						
1082	H3006H10	"Mus musculus circadian locomotor output cycles kaput (Clock), mRNA"		BG063409	Mm.3552	Signal Transduction
1083						
1084	H3007E02	glutathione S-transferase pi class (mGSTpiA) and (mGSTpiB) genes	Mus musculus glutathione S-transferase pi class (mGSTpiA) and (mGSTpiB) genes, complete cds	BG076872	Mm.426	Energy/Metabolism
1085						
1086	H3007G07	Mm.29713			Mm.29713	Energy/Metabolism
1087						
1088	H3007G08	histidyl tRNA synthetase (Hars), H.sapiens gene 2-oxoglutarate carrier protein	Mus musculus histidyl tRNA synthetase (Hars), mRNA	BG076882	Mm.10528	Energy/Metabolism
1089						
1090	H3008A02	H.sapiens gene 2-oxoglutarate carrier protein	H.sapiens gene for 2-oxoglutarate carrier protein	BG076887	Mm.28466	Energy/Metabolism
1091						
1092	H3008A05	Mus musculus GTP-binding protein (mSara) homologue mRNA, complete cds		BG076890	Mm.6698	Signal Transduction
1093						
1094	H3008B05	Mus musculus dystroglycan 1 (DAG1) gene, exons 1 and 2 and complete cds		BG063514	Mm.7524	Matrix/Structural Proteins
1095						
1096	H3008B06	ferritin heavy chain (Fth),	Mus musculus ferritin heavy chain (Fth), mRNA	BG063515	Mm.1776	Energy/Metabolism
1097						
1098	H3008B07	H3008B07				Energy/Metabolism
1099						
1100	H3008B10	ATPase, H ⁺ transporting, lysosomal I (Atp6i),	Mus musculus ATPase, H ⁺ transporting, lysosomal I (Atp6i), mRNA	BG063518	Mm.19185	Energy/Metabolism
1101						

10

20

30

40

1102		"Mus musculus PKC α -interacting protein PICOT (PICOT) mRNA, complete cds"				BG076907	Mm.29675	Signal Transduction
1103	H3008C02							
1104	H3008C07	tryptophan-2,3-dioxygenase (TDO),			Mus musculus tryptophan-2,3-dioxygenase (TDO), mRNA	BG076911	Mm.21545	Energy/Metabolism
1105								
1106	H3008C09	"HSP90=heat shock protein [mice, heart, mRNA Partial, 806 nt]"				AW538216	Mm.2180	Heat Shock/Stress
1107								
1108	H3008C12	adenylosuccinate lyase (Adsl),			Mus musculus adenylosuccinate lyase (Adsl), mRNA	BG076914	Mm.38151	Energy/Metabolism
1109								
1110	H3008D12							Energy/Metabolism
1111								
1112		"Mus musculus caseinolytic protease, ATP-dependent, (E. coli) proteolytic subunit homolog (Clpp), mRNA"						
1113	H3008E02					BG076923	Mm.15243	Signal Transduction
1114								
1115	H3008F09	Mm.3991					Mm.3991	Energy/Metabolism
1116		Btk locus, alpha-D-galactosidase A (Ags), ribosomal protein (L44L), and Brutons tyrosine kinase (Btk) genes			Mus musculus Btk locus, alpha-D-galactosidase A (Ags), ribosomal protein (L44L), and Brutons tyrosine kinase (Btk) genes, complete cds			Matrix/Structural Proteins
1117	H3008G05	Brutons tyrosine kinase (Btk) genes					Mm.30034	
1118		M. musculus gene cathepsin D, exons 6-9			M. musculus gene for cathepsin D, exons 6-9			Apoptosis
1119	H3008H069					AW538365		
1120		serine palmitoyl transferase, subunit II			Homo sapiens serine palmitoyl transferase, subunit II gene, complete cds; and unknown genes			
1121	H3008H07	gene; and unknown genes					Mm.29034	

10

20

30

40

1122					Mus musculus gibbon ape leukemia virus receptor (Slc20a1) gene, exon 10 and complete cds	BG063583	Mm.16757	Energy/Metabolism
1123	H3009A09	Slc20a1						
1124					Mus musculus flap structure specific endonuclease 1 (Fen1), mRNA	BG063590	Mm.2952	Energy/Metabolism
1125	H3009B04	Fen1						
1126					Mus musculus transglutaminase 1, K polypeptide (Tgm1), mRNA	BG076966	Mm.41964	Energy/Metabolism
1127	H3009C03	Tgm1						
1128				"Mus musculus heat shock protein, 86 kDa 1 (Hsp86-1), mRNA"				
1129	H3009C07					BG063605	Mm.1843	Heat Shock/Stress
1130					Rattus norvegicus delta subunit of F1F0 ATPase gene, complete cds	BG076975	Mm.22514	Energy/Metabolism
1131	H3009D02	ATPase delta						
1132					Mus musculus cytochrome c oxidase, subunit VIIIa (Cox8a), mRNA	BG076988	Mm.14022	Energy/Metabolism
1133	H3009E08	Cox8a						
1134				"Mus musculus lithium-sensitive myo-inositol monophosphatase A1 (IMPA1) mRNA, complete cds"				
1135	H3009G03					BG063641	Mm.8089	Signal Transduction
1136				mannosyl (alpha-1,6-)-glycoprotein beta-1,2-N-acetylglucosaminyltransferase (MGAT2),	Homo sapiens mannosyl (alpha-1,6-)-glycoprotein beta-1,2-N-acetylglucosaminyltransferase (MGAT2), mRNA	BG077070	Mm.24293	Energy/Metabolism
1137	H3010C12							
1138				tumor necrosis factor alpha converting enzyme (TACE) gene, exon 3, sequence	Mus musculus tumor necrosis factor alpha converting enzyme (TACE) gene, exon 3, complete sequence	BG077079	Mm.105014	Apoptosis
1139	H3010D10							
1140								
1141	H3010F06	H3010F06						Energy/Metabolism

10

20

30

40

1142	H3010F07	programmed cell death 6 interacting protein (Pcd6ip),	Mus musculus programmed cell death 6 interacting protein (Pcd6ip), mRNA	BG077095	Mm.29816	Apoptosis
1143						
1144						
1145	H3011A03	protein-L-isoaspartate (D-aspartate) O-methyltransferase 1 (Pent1),	Mus musculus protein-L-isoaspartate (D-aspartate) O-methyltransferase 1 (Pent1), mRNA	BG077121	Mm.25293	Energy/Metabolism
1146						
1147	H3011B01	H.sapiens mitogen inducible gene mig-2,	H.sapiens mitogen inducible gene mig-2, complete CDS		Mm.29842	Signal Transduction
1148						
1149	H3011C08	H3011C08				
1150						
1151	H3011E06	mTim17a			Mm.2368	Energy/Metabolism
1152						
1153	H3011E10	Sid329 (Sid329),	Mus musculus Sid329 (Sid329), mRNA		Mm.21743	
1154						
1155	H3011H09	"House mouse mRNA for MAP kinase kinase 3b, complete cds"		BG077180	Mm.57203	Signal Transduction
1156						
1157	H3012A05	serine palmitoyl transferase	Homo sapiens serine palmitoyl transferase, subunit II gene, complete cds; and unknown genes			
1158						
1159	H3012A07	"Mus musculus heat shock 70 protein (Hsc70) gene, complete cds"		BG077186	Mm.34184	Heat Shock/Stress
1160						
1161	H3012C06	"Mus musculus scavenger receptor class B type I (mSR-BI) mRNA, complete cds"		BG077202	Mm.4603	Heat Shock/Stress
1162						
1163	H3012F03	GLO1	Homo sapiens glyoxalase I (GLO1), mRNA	BG077218	Mm.17362	Energy/Metabolism
1164						
1165	H3012F10	"Mus musculus c-src tyrosine kinase (Csk), mRNA"		BG077222	Mm.21974	Signal Transduction

1166	H3012H04	"Mus musculus protein kinase Lkb1 (Lkb1) and R29144/1 genes, partial cds"		BG063794	Mm.29947	Signal Transduction
1167	H3013B02	M.musculus vacuolar adenosine triphosphatase subunit B	M.musculus mRNA for vacuolar adenosine triphosphatase subunit B	BG077252	Mm.10727	Energy/Metabolism
1168	H3013B08	pyridoxal (pyridoxine, vitamin B6) kinase (PDXK)	Homo sapiens pyridoxal (pyridoxine, vitamin B6) kinase (PDXK), mRNA	BG063905	Mm.26103	Energy/Metabolism
1169	H3013C04	"Mus musculus mRNA, complete cds"		AW539669	Mm.9846	Heat Shock/Stress
1170	H3013D03	"Mus musculus RAB10, member RAS oncogene family (Rab10), mRNA"		BG077272	Mm.21985	Signal Transduction
1171	H3013D11	Mouse metallothionein II (MT-II) gene		BG063925	Mm.89170	Heat Shock/Stress
1172	H3013E04	adenylyl cyclase-associated protein (CAP)	Homo sapiens adenylyl cyclase-associated protein (CAP), mRNA		Mm.43660	
1173	H3013E07	dolichyl-phosphate alpha-N-acetylglucosaminophosphotransferase 2 (Dpagt2)	Mus musculus dolichyl-phosphate alpha-N-acetylglucosaminophosphotransferase 2 (Dpagt2), mRNA	BG063933	Mm.18353	Energy/Metabolism
1174	H3013F01	delta-aminolevulinatase dehydratase (Lv)	Mus musculus delta-aminolevulinatase dehydratase (Lv), mRNA	BG063937	Mm.6988	Energy/Metabolism
1175	H3013F02	"Mus musculus aurora-related kinase 1 (ARK1) mRNA, complete cds"		BG077290	Mm.11738	Signal Transduction
1176	H3013G10	survivin40, survivin121, and survivin140 genes, alternative splice products	Mus musculus survivin40, survivin121, and survivin140 genes, alternative splice products, complete cds	BG077309	Mm.8552	Apoptosis

10

20

30

40

1187	H3014A05	partial aminopeptidase B (APB gene)	Homo sapiens partial mRNA for aminopeptidase B (APB gene)	BG077324	Mm.29706	Energy/Metabolism
1188		"Rattus norvegicus protein associating with small stress protein PASS1 (Pass1) mRNA, complete cds"				
1189	H3014A06				Mm.45272	Heat Shock/Stress
1190		queuine tRNA-ribosyltransferase	Mus musculus queuine tRNA-ribosyltransferase (LOC60507), mRNA			Energy/Metabolism
1191	H3014A11	(LOC60507),		BG077329	Mm.24178	Energy/Metabolism
1192					Mm.29849	Energy/Metabolism
1193	H3014B06	Mm.29849			Mm.2795	
1194		Mus musculus surfeit gene 4 (Surf4), mRNA		BG063996		
1195	H3014C08					Heat Shock/Stress
1196	H3014C10					
1197		solute carrier family 28 (sodium-coupled nucleoside transporter), member 2 (Slc28a2), mRNA	Mus musculus solute carrier family 28 (sodium-coupled nucleoside transporter), member 2 (Slc28a2), mRNA			
1198				BG077361	Mm.29510	Energy/Metabolism
1199	H3014C12					
1200		UDP-Gal:betaGlcNAc beta 1,3-galactosyltransferase, polypeptide 4 (B3galt4),	Mus musculus UDP-Gal:betaGlcNAc beta 1,3-galactosyltransferase, polypeptide 4 (B3galt4), mRNA	BG077355	Mm.11132	Energy/Metabolism
1201	H3014E06					
1202		signal peptidase 21kDa subunit	Rattus norvegicus mRNA for signal peptidase 21kDa subunit, complete cds	BG077356	Mm.27800	Energy/Metabolism
1203	H3014E07					
1204	H3014F05	"Mus musculus S100 calcium-binding protein A13 (S100a13), mRNA"			Mm.6523	Signal Transduction
1205		UDP-Gal:betaGlcNAc beta 1,4-galactosyltransferase, polypeptide 1 (B4galt1),	Mus musculus UDP-Gal:betaGlcNAc beta 1,4-galactosyltransferase, polypeptide 1 (B4galt1), mRNA			
1206	H3014F06			BG077374	Mm.15622	Energy/Metabolism

10

20

30

40

1207						
1208	H3014G07	phosphoprotein enriched in astrocytes 15 (Pea15),	Mus musculus phosphoprotein enriched in astrocytes 15 (Pea15), mRNA	BG064035	Mm.544	Apoptosis
1209						
1210	H3014G08	protease (prosome, macropain) 26S subunit, ATPase 5 (Psmc5),	Mus musculus protease (prosome, macropain) 26S subunit, ATPase 5 (Psmc5), mRNA	BG077385	Mm.665	Energy/Metabolism
1211						
1212	H3014G09	protease (prosome, macropain) 26S subunit, ATPase 5 (Psmc5),	Mus musculus protease (prosome, macropain) 26S subunit, ATPase 5 (Psmc5), mRNA		Mm.665	Energy/Metabolism
1213						
1214	H3014H07	tyrosyl-tRNA synthetase (YARS),	Homo sapiens tyrosyl-tRNA synthetase (YARS), mRNA	BG077395	Mm.20353	Energy/Metabolism
1215						
1216	H3015A01	major histocompatibility locus class III region:butyrophilin-like protein gene, partial cds; Notch4, PBX2, RAGE, lysophatidic acid acyl transferase-alpha, palmitoyl-protein thioesterase	Mus musculus major histocompatibility locus class III region:butyrophilin-like protein gene, partial cds; Notch4, PBX2, RAGE, lysophatidic acid acyl transferase-alpha, palmitoyl-protein thioesterase		Mm.27416	
1217						
1218	H3015B03	hypothetical protein FLJ10535 (FLJ10535),	Homo sapiens hypothetical protein FLJ10535 (FLJ10535), mRNA	BG077413	Mm.24187	Energy/Metabolism
1219						
1220	H3015C02	methionine adenosyltransferase alpha subunit gene fragment	Homo sapiens methionine adenosyltransferase alpha subunit gene fragment	BG064075	Mm.29815	Energy/Metabolism
1221						
1222	H3015D05	MSTP029	Homo sapiens MSTP029 mRNA, complete cds	BG077438	Mm.30147	Energy/Metabolism
1223						
1224	H3015E06	Tnf receptor-associated factor 1 (Traf1),	Mus musculus Tnf receptor-associated factor 1 (Traf1), mRNA	BG064103	Mm.12898	Apoptosis
1225						
1226	H3016C10					Heat Shock/Stress

10

20

30

40

1227	H3016D01	Mm.20201					Energy/Metabolism
1228		BCL2/adenovirus E1B 19 kDa-interacting protein 3-like (Bnip3l), mRNA	Mus musculus BCL2/adenovirus E1B 19 kDa-interacting protein 3-like (Bnip3l), mRNA	BG077518	Mm.29820		Apoptosis
1229		Mus musculus mG28K mRNA for GTP-binding protein like 1, complete cds	Rattus norvegicus mRNA for Tim44, complete cds	BG077528	Mm.28954		Matrix/Structural Proteins
1230		Mus musculus glutamyl-tRNA synthetase	M. musculus mRNA for glutamyl-tRNA synthetase	BG064194	Mm.27190		Energy/Metabolism
1231		ornithine decarboxylase antizyme 2 (Oaz2), mRNA	Mus musculus ornithine decarboxylase antizyme 2 (Oaz2), mRNA	BG077570	Mm.675		Heat Shock/Stress
1232		"Mus musculus RAN guanine nucleotide release factor (Rangrnf-pending), mRNA"		BG077598	Mm.143774		Signal Transduction
1233		"Homo sapiens hec1 (homologous to the E6-AP (UBE3A) carboxyl terminus) domain and RCC1 (CHC1)-like domain (RLD) 1 (HERC1), mRNA"		BG064250	Mm.102717		Heat Shock/Stress
1234		"Mus musculus cathepsin Z precursor (Ctsz) mRNA, complete cds"		BG077611	Mm.115		Signal Transduction
1235		"Mus musculus retinoblastoma binding protein 7 (Rbbp7), mRNA"		AW544081	Mm.1603		Heat Shock/Stress

1248 1249	H3017G06	phenylalanyl tRNA synthetase beta subunit (Frsb)	Mus musculus phenylalanyl tRNA synthetase beta subunit (Frsb) mRNA, complete cds	BG077633	Mm.28922	Energy/Metabolism
1250 1251	H3018A02	B4gal3	Mus musculus beta-1,4-galactosyltransferase III (B4gal3), mRNA	BG077551	Mm.150720	Energy/Metabolism
1252 1253	H3018A04	APB	Homo sapiens partial mRNA for aminopeptidase B (APB gene)	BG077553		Energy/Metabolism
1254 1255	H3018A08	"Mus musculus Cctq gene for chaperonin containing TCP-1 theta subunit, complete cds"				
1256 1257	H3018A11	Cyp17	Mus musculus cytochrome P450, 17 (Cyp17), mRNA	BG064304	Mm.17989	Heat Shock/Stress
1258 1259	H3018B08	thimet oligopeptidase	Mus musculus thimet oligopeptidase mRNA, complete cds	BG064307	Mm.1262	Energy/Metabolism
1260 1261	H3018F06			BG077656	Mm.26995	Energy/Metabolism
1262 1263	H3018G08	UDP-galactose 4 epimerase (GALE)	Homo sapiens UDP-galactose 4 epimerase (GALE) gene, complete cds	BG077710	Mm.20363	Energy/Metabolism
1264	H3019A07	ATP binding protein associated with cell differentiation (APACD),	Homo sapiens ATP binding protein associated with cell differentiation (APACD), mRNA		Mm.28438	Energy/Metabolism
1265 1266	H3019B01	ATPase, Na+/K+-transporting, beta 1 polypeptide (Atp1b1),	Mus musculus ATPase, Na+/K+-transporting, beta 1 polypeptide (Atp1b1), mRNA	BG077733	Mm.4550	Energy/Metabolism
1267 1268	H3019B03	acyl-coenzyme A:cholesterol acyltransferase [mice, peritoneal macrophages, , 3041 nt]	acyl-coenzyme A:cholesterol acyltransferase [mice, peritoneal macrophages, mRNA, 3041 nt]	BG077735	Mm.28099	Matrix/Structural Proteins

10

20

30

40

1269	H3019B10	Mus musculus microtubule-associated protein 4 (Map4), mRNA			BG077742	Mm.12625	Matrix/Structural Proteins
1270	H3019C06	CGI-107 protein (LOC51012),		Homo sapiens CGI-107 protein (LOC51012), mRNA		Mm.30065	
1271							
1272							
1273	H3019C11	core1 UDP-galactose:N-acetylgalactosamine-alpha-R beta 1,3-galactosyltransferase (C1galt1)		Mus musculus core1 UDP-galactose:N-acetylgalactosamine-alpha-R beta 1,3-galactosyltransferase (C1galt1) mRNA, complete cds	BG077752	Mm.102752	Energy/Metabolism
1274							
1275	H3019C12	"Mus musculus GTP-binding protein (mSara) homologue mRNA, complete cds"			BG077753	Mm.6698	Signal Transduction
1276							
1277	H3019D09	"Mus musculus protein kinase C inhibitor (mPKCI) mRNA, complete cds"			BG077758	Mm.425	Signal Transduction
1278							
1279							
1280	H3019E05	Mm.38994				Mm.38994	Energy/Metabolism
1281							
1282	H3019E12	F1F0-type ATP synthase subunit d		Homo sapiens F1F0-type ATP synthase subunit d mRNA, complete cds	BG077769	Mm.102755	Energy/Metabolism
1283							
1284	H3019F05	Mouse tyrosine kinase (c-abl) mRNA			BG077774	Mm.1318	Signal Transduction
1285							
1286	H3019F06	domesticus tumor necrosis factor receptor p60 homologue 1 (Tnfr1 gene)		Mus musculus domesticus mRNA for tumor necrosis factor receptor p60 homologue 1 (Tnfr1 gene)	BG077775	Mm.103353	Apoptosis
1287							
1288	H3019F07	"Mus musculus serine/threonine kinase 10 (Stk10), mRNA"			BG077776	Mm.8235	Signal Transduction
1289							
1290	H3019F10	phosphomannomutase 2 (Pmm2),					Energy/Metabolism

1291	H3019G05	alkaline phosphatase 2, liver (Akp2),	Mus musculus phosphomannomutase 2 (Pmn2), mRNA	BG077784	Mm.9699	Energy/Metabolism
1292						
1293	H3019H07	ATPase-like vacuolar proton channel (Atp1),	Mus musculus alkaline phosphatase 2, liver (Akp2), mRNA	BG077796	Mm.1265	Energy/Metabolism
1294						
1295	H3019H11	H3019F10	Mus musculus ATPase-like vacuolar proton channel (Atp1), mRNA	BG077799	Mm.30155	Energy/Metabolism
1296						
1297	H3020A02	nucleoside diphosphate (ER-UDPase gene)	Mus musculus mRNA for nucleoside diphosphate (ER-UDPase gene)	BG077800	Mm.10211	Energy/Metabolism
1298						
1299	H3020A07	serine palmitoyl transferase, subunit II gene; and unknown genes	Homo sapiens serine palmitoyl transferase, subunit II gene, complete cds; and unknown genes		Mm.22626	
1300						
1301	H3020B08	ferritin light chain 1 (Fhl1),	Mus musculus ferritin light chain 1 (Fhl1), mRNA	BG077812	Mm.7500	Energy/Metabolism
1302						
1303	H3020C02	"Mouse metallothionein-I (MT-I) gene, 5' end"		BG077818	Mm.2041	Heat Shock/Stress
1304						
1305	H3020D10	isocitrate dehydrogenase 3 (NAD+)	Homo sapiens isocitrate dehydrogenase 3 (NAD+) alpha (IDH3A), mRNA	BG077913	Mm.29051	Energy/Metabolism
1306						
1307	H3020E01	"Mus musculus wagneri gene for 105-kDa heat shock protein, exon 18 and complete cds"		BG064500	Mm.34828	Heat Shock/Stress
1308						
1309	H3020H04	squalene epoxidase (Sqle),	Mus musculus squalene epoxidase (Sqle), mRNA	BG077950	Mm.22663	Energy/Metabolism
1310						
1311	H3020H07	BALB/c GDP-dissociation inhibitor (GDI-1), partial cds	Mus musculus BALB/c GDP-dissociation inhibitor (GDI-1) mRNA, partial cds	BG077953	Mm.28084	Energy/Metabolism
1312						

10

20

30

40

1313	H3020H10	man 6-P receptor (46MPR)	Mouse man 6-P receptor (46MPR) mRNA, complete cds	BG064540	Mm.1358	Energy/Metabolism
1314	H3021A02	programmed cell death 6 (Pdcd6),	Mus musculus programmed cell death 6 (Pdcd6), mRNA	BG077957	Mm.24254	Apoptosis
1317	H3021A11	small zinc finger-like protein (Tim13)	Mus musculus small zinc finger-like protein (Tim13) mRNA, complete cds	BG077964	Mm.22201	Energy/Metabolism
1319	H3021A12	M.musculus (clone S5) WRS tryptophan--RNA ligase	M.musculus (clone S5) WRS mRNA for tryptophan--RNA ligase	BG077965	Mm.38433	Energy/Metabolism
1321	H3021B05	M.musculus Cl-23 kD gene	M.musculus Cl-23 kD gene	BG077969	Mm.44227	Energy/Metabolism
1323	H3021B08	mitochondrial carrier peroxisomal membrane protein, 34 kDa member			Mm.306	
1325	H3021C09	"Mus musculus proliferin related protein"				Apoptosis
1327	H3021D07	"Mus musculus proliferin related protein"				
1328	H3021E11	vacuolar adenosine triphosphatase subunit A gene	Mus musculus vacuolar adenosine triphosphatase subunit A gene, complete cds	BG077825	Mm.3258	Signal Transduction
1329	H3021F01	aspartyl aminopeptidase (Dnpep),	Mus musculus aspartyl aminopeptidase (Dnpep), mRNA	BG064589	Mm.29771	Energy/Metabolism
1331	H3021F08	"Mus musculus chaperonin subunit 7 (eta) (Cct7), mRNA"				
1332	H3021G03	"Mus musculus serine/threonine protein phosphatase type 1 alpha mRNA, complete cds"				
1333						
1334						
1335						
1336						

10

20

30

40

1337	H3021H03	"Mus musculus Ras suppressor protein 1 (Rsu1), mRNA"				BG077860	Mm.905	Signal Transduction
1338								
1339	H3022A04	Cricetus griseus Phosphatidylycerophosphate synthase				BG064623	Mm.28864	Energy/Metabolism
1340								
1341	H3022A05	"Mus musculus RAB23, member RAS oncogene family (Rab23), mRNA"				BG077872	Mm.40644	Signal Transduction
1342								
1343	H3022B12	ribonuclease P (14kD) (RPP14),				BG064641	Mm.41801	Energy/Metabolism
1344								
1345	H3022D02	dolichyl-phosphate beta-glucosyltransferase				BG064654	Mm.27890	Energy/Metabolism
1346								
1347	H3022D03	galactokinase gene				BG064655	Mm.2820	Energy/Metabolism
1348								
1349	H3022D09	beta-glucuronidase gene				BG077995	Mm.3317	Energy/Metabolism
1350								
1351	H3022E01	GLUT4 vesicle protein, partial cds				BG064664	Mm.29010	Energy/Metabolism
1352								
1353	H3022E09	a disintegrin-like and metalloprotease (repolydin type) with thrombospondin type 1 motif, 4 (ADAMTS4), mRNA				BG078006	Mm.10279	Energy/Metabolism
1354								
1355	H3022F06	malic enzyme, supernatant (Mod1),				BG064680	Mm.29998	Energy/Metabolism
1356								
1357	H3022G02	26S protease ATPase (mss1), partial cds				BG078023	Mm.2462	Energy/Metabolism
1358								

10

20

30

40

1359 1360	H3022G03	26S protease ATPase (mss1), partial cds	Mus musculus 26S protease ATPase (mss1) mRNA, partial cds	BG078024	Mm.2462	Energy/Metabolism
1361 1362	H3022H03	serine/threonine kinase 17b (apoptosis-inducing) (STK17B),	Homo sapiens serine/threonine kinase 17b (apoptosis-inducing) (STK17B), mRNA	BG078034	Mm.25559	Apoptosis
1363 1364	H3022H06	"Mouse serine/threonine phosphatase-2C (PP2C) mRNA, complete cds"		BG064691	Mm.849	Signal Transduction
1365 1366	H3023A10	folypolyglutamate synthetase precursor (Fpgs)	Mus musculus folypolyglutamate synthetase precursor (Fpgs) mRNA, complete cds	BG064717	Mm.3830	Energy/Metabolism
1367 1368	H3023B01					Heat Shock/Stress
1369 1370	H3023B11	"Mouse mRNA for HSP60 protein (clones 3T3-7, -9, and -M1)"		BG064728	Mm.1777	Heat Shock/Stress
1371 1372	H3023B12	Mouse cDNA for heat shock protein 65		BG064729	Mm.1777	Heat Shock/Stress
1373 1374	H3023C05	Homo sapiens nuclear receptor binding protein (NRBP), mRNA		BG064733	Mm.22029	
1375 1376	H3023C07	peroxiredoxin 5 (Prdx5),	Mus musculus peroxiredoxin 5 (Prdx5), mRNA	BG064735	Mm.6587	Energy/Metabolism
1377 1378	H3023C08	ribonucleotide reductase M1 (Rrm1),	Mus musculus ribonucleotide reductase M1 (Rrm1), mRNA	BG064736	Mm.656	Energy/Metabolism
1379 1380	H3023C09	Mm.29735			Mm.29735	Energy/Metabolism
1381 1382	H3023D06	Mus musculus phosphoglycerate kinase (Pgl1-ps1) processed pseudogene		BG064745	Mm.188	Signal Transduction

10

20

30

40

1383 1384	H3023D08	glutamate pyruvate transaminase (GPT) gene	Human glutamate pyruvate transaminase (GPT) gene, complete cds	BG064747	Mm.30130	Energy/Metabolism
1385 1386	H3023D09	partial xylosyltransferase II (XT-II gene)	Mus musculus partial mRNA for xylosyltransferase II (XT-II gene)	BG078081	Mm.100638	Energy/Metabolism
1387 1388	H3023E11	SDHD gene small subunit of cytochrome b of succinate dehydrogenase	Homo sapiens SDHD gene for small subunit of cytochrome b of succinate dehydrogenase, complete cds	BG078095	Mm.10406	Energy/Metabolism
1389 1390	H3023F02	"Mus musculus phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase, type 1 beta (Pip5k1b), mRNA"		BG064765	Mm.3191	Signal Transduction
1391 1392	H3023F07	"Mus musculus Ccte gene for chaperonin containing TCP-1 epsilon subunit, complete cds"		BG064769	Mm.1813	Heat Shock/Stress
1393 1394	H3023F08	"Mus musculus Ccte gene for chaperonin containing TCP-1 epsilon subunit, complete cds"		BG064770	Mm.1813	Heat Shock/Stress
1395 1396	H3023F09	glucosamine-6-phosphate deaminase (Gnpda)	Mus musculus glucosamine-6-phosphate deaminase (Gnpda) mRNA, complete cds	BG064771	Mm.22374	Energy/Metabolism
1397 1398	H3023F10	"Mus musculus heat shock protein, 86 kDa 1 (Hsp86-1), mRNA"		BG064772	Mm.1843	Heat Shock/Stress
1399 1400	H3023F12	"Mus musculus heat shock protein, 86 kDa 1 (Hsp86-1), mRNA"		BG064774	Mm.1843	Heat Shock/Stress
1401 1402	H3023G01	"Mus musculus heat shock protein, 86 kDa 1 (Hsp86-1), mRNA"		BG064775	Mm.1843	Heat Shock/Stress

10

20

30

40

1403	H3023G05	phosphoribosyl pyrophosphate synthetase 1 (Prps1),	Mus musculus phosphoribosyl pyrophosphate synthetase 1 (Prps1), mRNA	BG064779	Mm.23198	Energy/Metabolism
1404						
1405	H3023H09	ferritin L-subunit gene exons 1-4	Mus musculus ferritin L-subunit gene exons 1-4, complete cds	BG064794	Mm.7500	Energy/Metabolism
1406						
1407	H3023H10	ferritin L-subunit gene exons 1-4	Mus musculus ferritin L-subunit gene exons 1-4, complete cds	BG064795	Mm.7500	Energy/Metabolism
1408						
1409	H3023H11	ferritin L-subunit gene exons 1-4	Mus musculus ferritin L-subunit gene exons 1-4, complete cds	BG064796	Mm.7500	Energy/Metabolism
1410						
1411	H3023H12	lactate dehydrogenase 1, A chain	Mus musculus lactate dehydrogenase 1, A chain (Ldh1), mRNA	BG064797	Mm.26504	Energy/Metabolism
1412						
1413	H3024A02	polymerase, gamma (Polg),	Mus musculus polymerase, gamma (Polg), mRNA	BG064799	Mm.3616	DNA Replication
1414						
1415	H3024A06	alcohol dehydrogenase 5 (Adh5),	Mus musculus alcohol dehydrogenase 5 (Adh5), mRNA	BG064803	Mm.3874	Energy/Metabolism
1416						
1417	H3024A11	DNA M2 subunit of ribonucleotide reductase (EC 1.17.4.1)	Mouse DNA for M2 subunit of mouse ribonucleotide reductase (EC 1.17.4.1)	BG078138	Mm.99	Energy/Metabolism
1418						
1419	H3024B03	"Mus musculus chaperonin subunit 3 (gamma) (Cct3), mRNA"		BG064811	Mm.3576	Heat Shock/Stress
1420						
1421	H3024B04	"Mus musculus chaperonin subunit 3 (gamma) (Cct3), mRNA"		BG064812	Mm.3576	Heat Shock/Stress
1422						
1423	H3024B05	"Mus musculus chaperonin subunit 3 (gamma) (Cct3), mRNA"		BG064813	Mm.3576	Heat Shock/Stress
1424						
1425	H3024B06	"Mus musculus chaperonin subunit 3 (gamma) (Cct3), mRNA"		BG064814	Mm.3576	Heat Shock/Stress
1426						
1427	H3024B12					Heat Shock/Stress

1428	H3024C02	"Homo sapiens oxidative-stress responsive 1 (OSR1), mRNA"			BG078151	Mm.52786	Heat Shock/Stress
1430	H3024C04	phosphoglycerate mutase 1 (Pgml), mRNA		Mus musculus phosphoglycerate mutase 1 (Pgml), complete cds	BG064823	Mm.16783	Energy/Metabolism
1432	H3024C07	HEXA gene, exons 2 - 14		M.musculus HEXA gene, exons 2 - 14	BG064825	Mm.2284	Energy/Metabolism
1434	H3024C11	"Mus musculus heat shock protein, 86 kDa 1 (Hsp86-1), mRNA"			BG064829	Mm.1843	Heat Shock/Stress
1436	H3024E08	direct IAP binding protein with low PI		Mus musculus direct IAP binding protein with low PI mRNA, complete cds	BG064850	Mm.46716	Apoptosis
1438	H3024F05	Mus musculus putative CCAAT binding factor 1 (mCBF) mRNA, alternatively spliced transcript mCBF1, complete cds			BG064857	Mm.24169	Transcription/Chromatin
1440	H3024F06	serine hydroxymethyl transferase 1 (soluble) (Shmt1),		Mus musculus serine hydroxymethyl transferase 1 (soluble) (Shmt1), mRNA	BG078187	Mm.45993	Energy/Metabolism
1442	H3024F07	fumarate hydratase (FH),		Homo sapiens fumarate hydratase (FH), mRNA	BG064859	Mm.41502	Energy/Metabolism
1444	H3024G02	phosphoribosyl pyrophosphate synthetase 1 (Ptps1),		Mus musculus phosphoribosyl pyrophosphate synthetase 1 (Ptps1), mRNA	BG064866	Mm.25198	Energy/Metabolism
1446	H3024G03	K+ channel, sequence		Rattus norvegicus K+ channel mRNA, sequence	BG078196	Mm.40482	Energy/Metabolism
1448	H3024G07	Murine L-myc gene			BG064871	Mm.1055	Signal Transduction
1450	H3024H02	"Mus musculus p53 binding protein 1 mRNA, partial cds"			BG078205	Mm.25231	Signal Transduction

10

20

30

40

1452	H3024H12	"Mus musculus breast heat shock 73 protein (hsc73) mRNA, complete cds"			BG064886	Mm.2944	Heat Shock/Stress
1453		"Mus musculus interferon alpha responsive protein (15 kDa) (Ifg15), mRNA"					
1454							
1455	H3025A01				BG078215	Mm.21761	Heat Shock/Stress
1456							
1457	H3025C05	malate dehydrogenase, soluble (Mor2),	Mus musculus malate dehydrogenase, soluble (Mor2), mRNA		BG064914	Mm.3156	Energy/Metabolism
1458							
1459	H3025D10	Aga=aspartylglucosaminidase [mice, liver, brain, Partial, 1191 nt]	Aga=aspartylglucosaminidase [mice, liver, brain, mRNA Partial, 1191 nt]		BG064929	Mm.41591	Energy/Metabolism
1460							
1461	H3025E07	ADP-ribosylarginine hydrolase	Mus musculus ADP-ribosylarginine hydrolase mRNA, complete cds		BG064935	Mm.20047	Energy/Metabolism
1462							
1463	H3025F10	succinate dehydrogenase Ip subunit, partial cds	Mus musculus succinate dehydrogenase Ip subunit mRNA, partial cds		BG064949	Mm.29141	Energy/Metabolism
1464	H3026B03	HSPC145 protein (HSPC145),	Homo sapiens HSPC145 protein (HSPC145), mRNA			Mm.29904	
1466							
1467	H3026B04	phosphoribosyl pyrophosphate amidotransferase (PPAT),	Homo sapiens phosphoribosyl pyrophosphate amidotransferase (PPAT), mRNA		BG064988	Mm.27743	Energy/Metabolism
1468							
1469	H3026B06	Mm.100588				Mm.100588	Energy/Metabolism
1470							
1471	H3026B07	ADP-ribosylation factor 1 (Arf1),	Mus musculus ADP-ribosylation factor 1 (Arf1), mRNA		BG078294	Mm.6836	Energy/Metabolism
1472							
1473	H3026B11	ATPase, Cu++ transporting, beta polypeptide (Atp7b),	Mus musculus ATPase, Cu++ transporting, beta polypeptide (Atp7b), mRNA		BG078297	Mm.102506	Energy/Metabolism

1474 1475	H3026D06	tyrosine 3-monoxygenase/tryptophan 5-monoxygenase activation protein, eta polypeptide (Ywhah),	Mus musculus tyrosine 3-monoxygenase/tryptophan 5-monoxygenase activation protein, eta polypeptide (Ywhah), mRNA	BG065012	Mm.3308	Energy/Metabolism
1476 1477	H3026D10	"Mus musculus heat shock protein, DNAJ-like 2 (Hsj2), mRNA"		BG065015	Mm.27897	Heat Shock/Stress
1478 1479	H3026E07	cDNA FLJ12225 fis, clone MAMMA1001139, weakly similar to SRE-2 PROTEIN	Homo sapiens cDNA FLJ12225 fis, clone MAMMA1001139, weakly similar to SRE-2 PROTEIN	BG078316	Mm.12983	Energy/Metabolism
1480 1481	H3026F02	M.musculus GSHPx gene	M.musculus GSHPx gene	BG065030	Mm.1090	Energy/Metabolism
1482 1483	H3026F05	acetyl-Coenzyme A dehydrogenase, short chain (Acads),	Mus musculus acetyl-Coenzyme A dehydrogenase, short chain (Acads), mRNA	BG065033	Mm.18759	Energy/Metabolism
1484 1485	H3026F06	H.sapiens phosphoenolpyruvate carboxykinase	H.sapiens mRNA for phosphoenolpyruvate carboxykinase	BG078326	Mm.29856	Energy/Metabolism
1486 1487	H3026F07	"Mus musculus Ccch gene for chaperonin containing TCP-1 eta subunit, complete cds"		BG065035	Mm.914	Heat Shock/Stress
1488 1489	H3026F08	"Mus musculus Ccch gene for chaperonin containing TCP-1 eta subunit, complete cds"		BG065036	Mm.914	Heat Shock/Stress
1490 1491	H3026G10	mannose phosphate isomerase (MPI),	Homo sapiens mannose phosphate isomerase (MPI), mRNA	BG078342	Mm.34830	Energy/Metabolism
1492 1493	H3026H09	methionine adenosyltransferase alpha subunit gene fragment	Homo sapiens methionine adenosyltransferase alpha subunit gene fragment	BG065061	Mm.29815	Energy/Metabolism

10

20

30

40

1494	H3026H11	puromycin-sensitive aminopeptidase (Psa),	Mus musculus puromycin-sensitive aminopeptidase (Psa), mRNA	BG065063	Mm.29824	Energy/Metabolism
1495						
1496	H3027A10	ATPase-like vacuolar proton channel (Atp1)	Mus musculus ATPase-like vacuolar proton channel (Atp1), mRNA	BG065073	Mm.30155	Energy/Metabolism
1497						
1498	H3027B02	"Homo sapiens SH3-domain binding protein 4 (SH3BP4), mRNA"		BG078369	Mm.62046	Signal Transduction
1499						
1500	H3027C06	transient receptor potential-related protein (Chak),	Mus musculus transient receptor potential-related protein (Chak), mRNA	BG065092	Mm.33819	Energy/Metabolism
1501						
1502	H3027E05	uridine phosphorylase (Upp),	Mus musculus uridine phosphorylase (Upp), mRNA	BG065114	Mm.4610	Energy/Metabolism
1503						
1504	H3027E07	alpha-enolase (2-phospho-D-glycerate hydrolase) (EC 4.2.1.11)	Mouse mRNA for alpha-enolase (2-phospho-D-glycerate hydrolase) (EC 4.2.1.11)	BG078408	Mm.90587	Energy/Metabolism
1505						
1506	H3027E08	alpha-enolase (2-phospho-D-glycerate hydrolase) (EC 4.2.1.11)	Mouse mRNA for alpha-enolase (2-phospho-D-glycerate hydrolase) (EC 4.2.1.11)	BG078409	Mm.90587	Energy/Metabolism
1507						
1508	H3027E09	alpha-enolase (2-phospho-D-glycerate hydrolase) (EC 4.2.1.11)	Mouse mRNA for alpha-enolase (2-phospho-D-glycerate hydrolase) (EC 4.2.1.11)	BG078410	Mm.90587	Energy/Metabolism
1509						
1510	H3027F02	aspartyl-tRNA synthetase (DARS),	Homo sapiens aspartyl-tRNA synthetase (DARS), mRNA	BG078414	Mm.28693	Energy/Metabolism
1511						
1512	H3027F07	"Murine MAP kinase kinase 6c mRNA, complete cds"		BG065128	Mm.14487	Signal Transduction
1513						
1514	H3027F12	"Mus musculus Cctd gene for chaperonin containing TCP-1 delta subunit, complete cds"		BG078424	Mm.6821	Heat Shock/Stress
1515						

10

20

30

40

1516	H3027H04	"Homo sapiens heat shock protein 75 (TRAP1), mRNA"			BG078439	Mm.38470	Heat Shock/Stress
1517							
1518	H3028A03	peptidylprolyl isomerase A (Ppia),	Mus musculus peptidylprolyl isomerase A (Ppia), mRNA		BG078450	Mm.5246	Energy/Metabolism
1519							
1520	H3028A04	peptidylprolyl isomerase A (Ppia),	Mus musculus peptidylprolyl isomerase A (Ppia), mRNA		BG078451	Mm.5246	Energy/Metabolism
1521							
1522	H3028A09	BTB and CNC homology 2 (Bach2),	Mus musculus BTB and CNC homology 2 (Bach2), mRNA		BG065166	Mm.21908	Energy/Metabolism
1523							
1524							
1525	H3028B03	adenine nucleotide translocase-2 (Ant2)	Mus musculus adenine nucleotide translocase-2 (Ant2) mRNA, complete cds			Mm.658	Energy/Metabolism
1526		"Mus musculus adenosine kinase (Ack),					
1527	H3028C09	mRNA"			BG065190	Mm.19352	Signal Transduction
1528							
1529	H3028E01	death associated protein 3 (DAP-3 gene)	Mus musculus mRNA for death associated protein 3 (DAP-3 gene)		BG078504	Mm.29028	Apoptosis
1530							
1531	H3028E04	"Mus musculus protein phosphatase 2 (formerly 2A), regulatory subunit A (PR 65), alpha isoform (Ppp2r1a), mRNA"			BG078507	Mm.1034	Signal Transduction
1532							
1533	H3028F04	"Mus musculus cathepsin L (Ctsl), mRNA"			BG078497	Mm.930	Signal Transduction
1534							
1535	H3028F05	kidney ornithine decarboxylase, clone pODC16, 3 end	Mouse kidney ornithine decarboxylase mRNA, clone pODC16, 3 end		BG065221	Mm.15259	Energy/Metabolism
1536							
1537	H3028F06	"Mus musculus RAB17, member RAS oncogene family (Rab17), mRNA"			BG078499	Mm.46396	Signal Transduction
1538							
1539	H3028H11	"Mus musculus cathepsin H (Ctsh), mRNA"			BG065250	Mm.2277	Signal Transduction

10

20

30

40

1540	H3029A03	peroxisomal trans 2-enoyl CoA reductase	Mus musculus peroxisomal trans 2-enoyl CoA reductase mRNA, complete cds	BG065254	Mm.29988	Energy/Metabolism
1542	H3029A05	cellular apoptosis susceptibility protein	Mus musculus cellular apoptosis susceptibility protein mRNA, complete cds	BG065256	Mm.22417	Apoptosis
1544	H3029B01	natural resistance associated macrophage protein-2 (Nramp2), C-terminal exon alternative splice variant	Mus musculus natural resistance associated macrophage protein-2 (Nramp2) mRNA, C-terminal exon alternative splice variant, complete cds	BG065264	Mm.1304	Energy/Metabolism
1546	H3029B02	"Mus musculus chaperonin subunit 3 (gamma) (Cct3), mRNA"		BG078552	Mm.27804	Heat Shock/Stress
1548	H3029C05	NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1, subcomplex unknown, 2 (14.5kD, B14.5b) (NDUFC2),	Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1, subcomplex unknown, 2 (14.5kD, B14.5b) (NDUFC2), mRNA	BG078565	Mm.1893	Energy/Metabolism
1550	H3029C06					Heat Shock/Stress
1552	H3029E04	"Mus musculus Son of sevenless homolog 1, (Drosophila) (Sos1), mRNA"		BG065298	Mm.6357	Signal Transduction
1554	H3029G12	nuclear mitotic apparatus protein 1 (NUMA1),	Homo sapiens nuclear mitotic apparatus protein 1 (NUMA1), mRNA		Mm.102520	
1555	H3030A03	Mouse cDNA for heat shock protein 65		BG078626	Mm.1777	Heat Shock/Stress
1557	H3030B07				Mm.1776	Heat Shock/Stress
1559	H3030C05	"Mus musculus activin receptor IIB (Acvr2b), mRNA"		BG065366	Mm.8940	Signal Transduction

10

20

30

40

1561	H3030C06	"Mus musculus nucleoside diphosphate kinase A long form mRNA, complete cds"		BG078650	Mm.1260	Signal Transduction
1562	H3030C11	H3030C11				Energy/Metabolism
1563	H3030D10	pyruvate kinase M	Mus musculus mRNA for pyruvate kinase M, complete cds	BG078663	Mm.2635	Energy/Metabolism
1564	H3030D11	pyruvate kinase M	Mus musculus mRNA for pyruvate kinase M, complete cds	BG078664	Mm.2635	Energy/Metabolism
1565	H3030E04	Mm.26022			Mm.26022	Energy/Metabolism
1566	H3030E05	glycine decarboxylase (P-protein)	Human glycine decarboxylase (P-protein) mRNA	BG078669	Mm.27953	Energy/Metabolism
1567	H3030E06	glycine decarboxylase (P-protein)	Human glycine decarboxylase (P-protein) mRNA	BG078670	Mm.27953	Energy/Metabolism
1568	H3030E10	"Mus musculus cathepsin B (Ctsb), mRNA"		BG078674	Mm.22753	Signal Transduction
1569	H3030F09	Homo sapiens protein phosphatase 3 (formerly 2B), catalytic subunit, beta isoform (calcineurin A beta) (PPP3CB), mRNA		AW537455	Mm.142697	Matrix/Structural Proteins
1570	H3030G01	Cochlear (clone 20F5)	M.musculus partial cochlear mRNA (clone 20F5)	BG078685	Mm.43671	Energy/Metabolism
1571	H3030G08	ATP synthase alpha subunit	Mouse ATP synthase alpha subunit, complete cds	BG078689	Mm.4069	Energy/Metabolism
1572	H3030G09	"Mus musculus Ca2+-independent phospholipase A2 long form mRNA, complete cds"				
1573	H3030G09			BG065409	Mm.117103	Signal Transduction

10

20

30

40

1585	H3030H02	Bckdk		Mus musculus branched chain ketoacid dehydrogenase kinase (Bckdk), mRNA	BG078694	Mm.8903	Signal Transduction
1586							
1587	H3031A11	"Mus musculus protein kinase C substrate 80K-H (Prksh), mRNA"			BG078710	Mm.70272	Signal Transduction
1588							
1589	H3031B06	cytosolic aminopeptidase P		Homo sapiens cytosolic aminopeptidase P mRNA, complete cds	BG078715	Mm.99776	Energy/Metabolism
1590							
1591	H3031C05	PIS1 gene phosphatidylinositol synthase		Rattus norvegicus PIS1 gene for phosphatidylinositol synthase, complete cds	BG065447	Mm.28219	Energy/Metabolism
1592							
1593	H3031C09	"Mus musculus putative intracellular signaling protein (Trip6) mRNA, complete cds"			BG078729	Mm.27063	Signal Transduction
1594							
1595	H3031C12	Mus musculus N-myc downstream regulated 1 (Ndr1), mRNA			BG078732	Mm.4063	Transcription/Chromatin
1596							
1597	H3031D03	aldolase 1, A isom (Aldol),		Mus musculus aldolase 1, A isoform (Aldol), mRNA	BG065457	Mm.16763	Energy/Metabolism
1598							
1599	H3031E10	S-adenosylhomocysteine hydrolase (Ahey),		Mus musculus S-adenosylhomocysteine hydrolase (Ahey), mRNA	BG065475	Mm.2573	Energy/Metabolism
1600							
1601	H3031E11	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (Gapd),		Mus musculus glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (Gapd), mRNA	BG065476	Mm.5289	Energy/Metabolism
1602							
1603	H3031E12	fatty acid desaturase 1 (FADS1),		Homo sapiens fatty acid desaturase 1 (FADS1), mRNA	BG078755	Mm.30158	Energy/Metabolism
1604							
1605	H3031F01	ubiquinol-cytochrome c reductase core protein I (UQCRC1),		Homo sapiens ubiquinol-cytochrome c reductase core protein I (UQCRC1), mRNA	BG065478	Mm.972	Energy/Metabolism
1606							

10

20

30

40

1607	H3031F08	"Mus musculus heat shock protein 40 (HSPF1), mRNA"		BG065483	Mm.2982	Heat Shock/Stress
1608						
1609	H3031F12	M.musculus aspartate aminotransferase gene exon 10 and 3-flank	M.musculus aspartate aminotransferase gene exon 10 and 3-flank	BG078765	Mm.149089	Energy/Metabolism
1610						
1611	H3031G06	"Mus musculus heat shock protein, 110 kDa (Hsp110), mRNA"		BG065493	Mm.1032	Heat Shock/Stress
1612						
1613	H3031G08	Mm.93266			Mm.93266	Energy/Metabolism
1614						
1615						
1616	H3031G11	ATPase, H ⁺ -transporting, lysosomal (vacuolar proton pump) 9kD (ATP6H),	Homo sapiens ATPase, H ⁺ -transporting, lysosomal (vacuolar proton pump) 9kD (ATP6H), mRNA	BG078776	Mm.22602	Energy/Metabolism
1617						
1618	H3031H09	5-3 exoribonuclease 2 (Xm2),	Mus musculus 5-3 exoribonuclease 2 (Xm2), mRNA	BG065507	Mm.3065	Energy/Metabolism
1619						
1620	H3032A01	hypothetical protein PRO1197,	Homo sapiens hypothetical protein PRO1197 (PRO1197), mRNA	BG065511	Mm.24565	Energy/Metabolism
1621						
1622	H3032A08	"Mus musculus heat shock 70kD protein 5 (glucose-regulated protein, 78kD) (Hspa5), mRNA"		BG078795	Mm.918	Heat Shock/Stress
1623						
1624	H3032A09	peroxisomal integral membrane protein PMP34	Mus musculus mRNA for peroxisomal integral membrane protein PMP34		Mm.306	Matrix/Structural Proteins
1625						
1626	H3032A12	glucose-6-phosphate dehydrogenase X-linked (G6pdx),	Mus musculus glucose-6-phosphate dehydrogenase X-linked (G6pdx), mRNA	BG078799	Mm.27210	Energy/Metabolism
1627						
1628	H3032C01	cytochrome c gene (MC1)	Mouse cytochrome c gene (MC1)	BG078810	Mm.35389	Energy/Metabolism

1629					Homo sapiens 3-hydroxy-3-methylglutaryl-Coenzyme A reductase (HMGCR), mRNA	BG078816	Mm.2226	Energy/Metabolism
1630	H3032C10	3-hydroxy-3-methylglutaryl-Coenzyme A reductase (HMGCR),						
1631					Mus musculus phosphatidylcholine transfer protein-like (Pcptl), mRNA	BG078855	Mm.28896	Energy/Metabolism
1632	H3032H02	phosphatidylcholine transfer protein-like (Pcptl),						
1633					R.norvegicus gene 6-phosphofructo-2-kinase/fructose-2,6-biphosphatase (EC 2.7.1.105/EC 3.1.3.46)	BG078872		Energy/Metabolism
1634	H3033A10	R.norvegicus gene 6-phosphofructo-2-kinase/fructose-2,6-biphosphatase (EC 2.7.1.105/EC 3.1.3.46)						
1635					Mus musculus cytochrome c oxidase, subunit IV (Cox4), mRNA	BG078879	Mm.2136	Energy/Metabolism
1636	H3033B08	cytochrome c oxidase, subunit IV (Cox4),						
1637					Mus musculus serine protease inhibitor 3 (Spi3), mRNA	BG078882	Mm.147649	Energy/Metabolism
1638	H3033B11	serine protease inhibitor 3 (Spi3),						
1639					"Mus musculus serine/threonine kinase (sak-a) mRNA, complete cds"	BG078885	Mm.3794	Signal Transduction
1640	H3033C02	"Mus musculus serine/threonine kinase (sak-a) mRNA, complete cds"						
1641					Mus musculus ectonucleotide pyrophosphatase/phosphodiesterase 1 (Enpp1), mRNA	BG065640	Mm.27254	Energy/Metabolism
1642	H3033E10	ectonucleotide pyrophosphatase/phosphodiesterase 1 (Enpp1),						
1643					Mus musculus tumor necrosis factor, alpha-induced protein 2 (Tnfai2), mRNA	BG065761	Mm.4348	Apoptosis
1644	H3034B11	ATP-binding cassette, sub-family B (MDR/TAP), member 12 ABC-me						
1645								
1646	H3035A01	tumor necrosis factor, alpha-induced protein 2 (Tnfai2),						
1647								
1648	H3035B03	Mm.32746						
1649								
1650	H3035D08	Mouse gene for beta-2-adrenergic receptor				BG079067	Mm.5598	Signal Transduction

10

20

30

40

1651 1652	H3035F02	"Mus musculus RNA-binding protein isoform G3BP-2a (G3BP2) mRNA, complete cds"		BG065817	Mm.2411	Signal Transduction
1653 1654	H3036B11	"Mus musculus Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 1 (Arhgef1), mRNA"		BG079136	Mm.3181	Signal Transduction
1655 1656	H3036H01	"Mus musculus lysophosphatidic acid receptor (vzg-1) mRNA, complete cds"		BG079186	Mm.4772	Signal Transduction
1657 1658	H3037B01	kinesin-like 6 (mitotic centromere-associated kinesin) (KNSL6),	Homo sapiens kinesin-like 6 (mitotic centromere-associated kinesin) (KNSL6), mRNA		Mm.27828	Cell Cycle
1659 1660	H3037F06	serine protease inhibitor, Kunitz type 1 (Spint1),	Mus musculus serine protease inhibitor, Kunitz type 1 (Spint1), mRNA	BG079254	Mm.104955	Energy/Metabolism
1661 1662	H3037G12	"Mus musculus cAMP-specific phosphodiesterase 4A (Pde4a) gene, exons 2 through 8 and PDE4A isoform 1 exon 1"		BG066005	Mm.154704	Signal Transduction
1663 1664	H3038A06	"Mus musculus interferon alpha responsive protein (15 kDa) (Ifg15), mRNA"		BG079287	Mm.21761	Heat Shock/Stress
1665 1666	H3038C07	potassium voltage-gated channel, delayed-rectifier, subfamily S, member 3 (KCNS3),	Homo sapiens potassium voltage-gated channel, delayed-rectifier, subfamily S, member 3 (KCNS3), mRNA	BG079311	Mm.113278	Energy/Metabolism
1667 1668	H3038C09	phosphoribosyl pyrophosphate synthetase-associated protein 2 (PRPSAP2),	Homo sapiens phosphoribosyl pyrophosphate synthetase-associated protein 2 (PRPSAP2), mRNA	BG079313	Mm.27703	Energy/Metabolism

10

20

30

40

1669	H3038E03	PRKC, apoptosis, WT1, regulator (PAWR), mRNA	Homo sapiens PRKC, apoptosis, WT1, regulator (PAWR), mRNA	BG079331	Mm.6617	Apoptosis
1670						
1671	H3038E05	Mus musculus growth differentiation factor 3 (Gdf3), mRNA		BG079333	Mm.4213	Signal Transduction
1672						
1673	H3038E10	methytransferase COQ3 (COQ3),	Homo sapiens methyltransferase COQ3 (COQ3), mRNA	BG066071	Mm.5662	Energy/Metabolism
1674						
1675	H3039A05	"Mus musculus regulator of G-protein signaling 11 mRNA, partial cds"		BG079374	Mm.13264	Signal Transduction
1676						
1677	H3039B09	"Mus musculus serine/threonine kinase receptor associated protein (Strap), mRNA"		BG066121	Mm.22584	Signal Transduction
1678						
1679	H3039C11	"Mus musculus receptor tyrosine kinase (Dtk) mRNA, complete cds"		BG066134	Mm.2901	Signal Transduction
1680						
1681	H3039D02	asparaginyl-tRNA synthetase (NARS),	Homo sapiens asparaginyl-tRNA synthetase (NARS), mRNA	BG079401	Mm.29192	Energy/Metabolism
1682						
1683	H3039E07	isocitrate dehydrogenase 3 (NAD+) beta (IDH3B),	Homo sapiens isocitrate dehydrogenase 3 (NAD+) beta (IDH3B), mRNA	C78231	Mm.29590	Energy/Metabolism
1684						
1685	H3039E08	"Mus musculus SH3-containing protein SH3P2 mRNA, partial cds"		BG079417	Mm.4165	Signal Transduction
1686						
1687	H3039F05	ornithine aminotransferase (Oat),	Mus musculus ornithine aminotransferase (Oat), mRNA	BG079424	Mm.42187	Energy/Metabolism
1688						
1689	H3039G04	M.musculus seryl-tRNA synthetase (SERS), 5 end	M.musculus seryl-tRNA synthetase (SERS) mRNA, 5 end	BG079434	Mm.28688	Energy/Metabolism
1690						

10

20

30

40

1691								
1692	H3039G12	5-3 exoribonuclease 1 (Xm1),		Mus musculus 5-3 exoribonuclease 1 (Xm1), mRNA	BG079441	Mm.5703		Energy/Metabolism
1693		"Mus musculus calponin 2 (Cm2),						
1694	H3039H01	mRNA"			BG079442	Mm.21776		Signal Transduction
1695								
1696	H3039H05	Mus musculus putative CCAAT binding factor 1 (mCBF) mRNA, alternatively spliced transcript mCBF1, complete cds			BG079446	Mm.24169		
1697				Mouse adenine phosphoribosyltransferase (APRT), complete cds				
1698	H3040A04	(APRT)			BG079455	Mm.1786		Energy/Metabolism
1699								
1700	H3040E11	palmitoyl-protein thioesterase (Ppt),		Mus musculus palmitoyl-protein thioesterase (Ppt), mRNA		Mm.153740		
1701								
1702	H3041A02	NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha subcomplex, 10 (42kD) (NDUFA10),		Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha subcomplex, 10 (42kD) (NDUFA10), mRNA	BG079485	Mm.28293		Energy/Metabolism
1703								
1704	H3041A04	lysyl-tRNA synthetase (KARS),		Homo sapiens lysyl-tRNA synthetase (KARS), mRNA	BG066271	Mm.29949		Energy/Metabolism
1705								
1706	H3041B11	mevalonate pyrophosphate decarboxylase		Rattus norvegicus mevalonate pyrophosphate decarboxylase mRNA, complete cds	BG079503	Mm.28146		Energy/Metabolism
1707								
1708	H3041F09	glucose transporter (GLUTX1 gene)		Mus musculus mRNA for glucose transporter (GLUTX1 gene)	BG066327	Mm.7241		Energy/Metabolism
1709								
1710	H3041G03	solute carrier family 15 (H+/peptide transporter), member 2 (Slc15a2),		Mus musculus solute carrier family 15 (H+/peptide transporter), member 2 (Slc15a2), mRNA	BG079545	Mm.63479		Energy/Metabolism

10

20

30

40

1711			protease (prosome, macropain) 26S	Mus musculus protease (prosome, macropain) 26S subunit, ATPase 5 (Psmc5), mRNA	BG079550	Mm.665	Energy/Metabolism
1712	H3041G08		subunit, ATPase 5 (Psmc5),				
			major histocompatibility complex region NG27, NG28, RPS28, NADH oxidoreductase, NG29, KIFC1, Fas-binding protein, BING1, tapasin, RalGDS-like, KE2, BING4, beta 1,3-galactosyl transferase	Mus musculus major histocompatibility complex region NG27, NG28, RPS28, NADH oxidoreductase, NG29, KIFC1, Fas-binding protein, BING1, tapasin, RalGDS-like, KE2, BING4, beta 1,3-galactosyl transferase	BG079557	Mm.14808	Energy/Metabolism
1713	H3041H03						
1714							
1715	H3042A05		BCL2-associated athanogene 4 (BAG4),	Homo sapiens BCL2-associated athanogene 4 (BAG4), mRNA	BG066354	Mm.27102	Apoptosis
1716							
1717	H3042C08		"Mus musculus dual specificity phosphatase 10 (Dusp10), mRNA"		BG079592	Mm.34912	Signal Transduction
1718							
1719							
1720	H3042D02		brain cDNA, clone MNCb-2243, similar to Bcl2-associated athanogene 3 (Bag3),	Mus musculus brain cDNA, clone MNCb-2243, similar to Mus musculus Bcl2-associated athanogene 3 (Bag3), mRNA	BG079597	Mm.28373	Apoptosis
1721							
1722	H3042F12		serine protease inhibitor 4 (Spi4),	Mus musculus serine protease inhibitor 4 (Spi4), mRNA	BG079624	Mm.3093	Energy/Metabolism
1723							
1724	H3042G07		Mouse heat-shock protein hsp84 mRNA		BG079631	Mm.2180	Heat Shock/Stress
1725				"Mus musculus casein kinase II, alpha 1, related sequence 4 (Csnk2a1-rs4), mRNA"			
1726	H3043A03				BG066436	Mm.23692	Signal Transduction
1727							
1728	H3043F09		cds	Mus musculus GNB3 gene for GTP-binding protein beta3 subunit, complete	BG066499	Mm.22228	
1729							
1730	H3043F12		ferrochelatase (Fech),	Mus musculus ferrochelatase (Fech), mRNA	BG066502	Mm.1070	

1731			"Mus musculus Cctd gene for chaperonin containing TCP-1 delta subunit, complete cds"					
1732	H3044B01						BG079699	Mm.36431
1733								
1734	H3044E06		protease (prosome, macropain) 28 subunit, alpha (Psmc1), mRNA				BG066650	Mm.830
1735								
1736	H3044G06		A10, partial cds				BG066673	Mm.16898
1737								
1738	H3045B02		cytosolic aminopeptidase P				BG079790	Mm.99776
1739								
1740	H3045B03		Mm.23710					Mm.23710
1741								
1742	H3045B12		solute carrier family 12, member 7 (Slc12a7), mRNA				BG079799	Mm.155195
1743								
1744	H3045D07		NAALADase II protein				BG079815	Mm.7060
1745								
1746	H3045D08		Mm.25054					Mm.25054
1747								
1748	H3045E05		serine protease OMI (Omi), mRNA				BG079822	Mm.21880
1749								
1750	H3046A03		DKFZP566O084 protein (DKFZP566O084), mRNA				BG079861	Mm.21475
1751								
1752	H3046A12		programmed cell death protein 7 (Pdcd7), mRNA				BG066710	Mm.29193
1753								
1754	H3046C10		isopentenyl-diphosphate delta isomerase (IDI1), mRNA				BG079889	Mm.29847
1755								
1756	H3047B07		tripeptidyl peptidase II (Tpp2), mRNA				BG066807	Mm.28867

10

20

30

40

1757	H3047D01	Bos taurus creatine kinase	Bos taurus mRNA for creatine kinase, complete cds	BG079988	Mm.970	Energy/Metabolism
1758	H3047D05	gene encoding enoyl-CoA hydratase, exons 5,6 & 7	H.sapiens gene encoding enoyl-CoA hydratase, exons 5,6 & 7	BG079992	Mm.24452	Energy/Metabolism
1761	H3047F02	vacuolar-adenosine triphosphatase (V-ATPase)	Mus musculus mRNA for vacuolar-adenosine triphosphatase (V-ATPase), complete cds	BG079910	Mm.25079	Energy/Metabolism
1763	H3047G12	C7-1 protein (C7-1)	Rattus norvegicus C7-1 protein (C7-1) mRNA, complete cds	C80679	Mm.21961	Energy/Metabolism
1765	H3048A05	isoprenylcysteine carboxyl methyltransferase (ICMT),	Homo sapiens isoprenylcysteine carboxyl methyltransferase (ICMT), mRNA	BG080028	Mm.44565	Energy/Metabolism
1767	H3048B11	cytochrome c oxidase, subunit VIIc (Cox7c),	Mus musculus cytochrome c oxidase, subunit VIIc (Cox7c), mRNA	BG080036	Mm.24165	Energy/Metabolism
1769	H3048E06	small zinc finger-like protein DDP2	Mus musculus small zinc finger-like protein DDP2 (Ddp2) mRNA, complete cds	BG080049	Mm.30718	Energy/Metabolism
1771	H3048G11	biliverdin reductase B (flavin reductase (NADPH)) (BLVRB),	Homo sapiens biliverdin reductase B (flavin reductase (NADPH)) (BLVRB), mRNA	BG066946	Mm.24021	Energy/Metabolism
1773	H3049D07	"Mus musculus Janus kinase 2 (Jak2), mRNA"		BG080085	Mm.25112	Signal Transduction
1775	H3049F02	carbonyl reductase 3 (CER3),	Homo sapiens carbonyl reductase 3 (CER3), mRNA	BG067014	Mm.4512	Energy/Metabolism
1777	H3049G02	solute carrier family 16 (monocarboxylic acid transporters), member 1 (Slc16a1),	Mus musculus solute carrier family 16 (monocarboxylic acid transporters), member 1 (Slc16a1), mRNA	BG067025	Mm.9086	Energy/Metabolism
1779	H3049G04	"Mus musculus B-cell leukemia/lymphoma 10 (Bcl10), mRNA"		BG067027	Mm.28782	Signal Transduction

10

20

30

40

1781	H3049G07	PGES prostaglandin E synthase	Mus musculus PGES mRNA for prostaglandin E synthase, complete cds	BG067030	Mm.154682	Energy/Metabolism
1782						
1783	H3050A12	mannosidase 1, beta (Man1b),	Mus musculus mannosidase 1, beta (Man1b), mRNA	BG080131	Mm.103874	Energy/Metabolism
1784						
1785						
1786	H3050B11	small zinc finger-like protein (Tim13)	Mus musculus small zinc finger-like protein (Tim13) mRNA, complete cds	BG080141	Mm.142132	Energy/Metabolism
1787						
1788	H3050C02	glutathione synthetase (Gss),	Mus musculus glutathione synthetase (Gss), mRNA	BG067069	Mm.7504	Energy/Metabolism
1789						
1790	H3050E05	putative dimethyladenosine transferase (HSA9761),	Homo sapiens putative dimethyladenosine transferase (HSA9761), mRNA	BG080168	Mm.9563	Energy/Metabolism
1791						
1792	H3050E08	diaphorase (NADH) (cytochrome b-5 reductase) (DIA1),	Homo sapiens diaphorase (NADH) (cytochrome b-5 reductase) (DIA1), mRNA	BG080169	Mm.22560	Energy/Metabolism
1793						
1794	H3050F12	hydroxysteroid 17-beta dehydrogenase 4 (Hsd17b4),	Mus musculus hydroxysteroid 17-beta dehydrogenase 4 (Hsd17b4), mRNA	BG080183	Mm.9569	Energy/Metabolism
1795						
1796	H3050G05	solute carrier family 7 (cationic amino acid transporter, y+ system), member 2 (Slc7a2),	Mus musculus solute carrier family 7 (cationic amino acid transporter, y+ system), member 2 (Slc7a2), mRNA	BG067114	Mm.4676	Energy/Metabolism
1797						
1798	H3050H06	"Mus musculus interferon regulatory factor 1 (Irf1), mRNA"		BG067127	Mm.1246	Heat Shock/Stress
1799						
1800	H3050H11	Mm.25374			Mm.25374	Energy/Metabolism
1801						
1802	H3051C06				Mm.7730	Heat Shock/Stress
1803						
1804	H3051C07	"Mus musculus phospholipase D2 gene, exons 13 through 25 and complete cds"		BG080231	Mm.2538	Signal Transduction

10

20

30

40

1805			cDNA FLJ13488 fis, clone PLACE1003915, weakly similar to PROBABLE ARGINYL-TRNA SYNTHETASE, CYTOPLASMIC (EC 6.1.1.19)	Homo sapiens cDNA FLJ13488 fis, clone PLACE1003915, weakly similar to PROBABLE ARGINYL-TRNA SYNTHETASE, CYTOPLASMIC (EC 6.1.1.19)	BG080243	Mm.22363	
1806	H3051D07						
1807			aldehyde reductase 6, renal (Ald6r- pending),	Mus musculus aldehyde reductase 6, renal (Ald6r-pending), mRNA	BG080253	Mm.21268	Energy/Metabolism
1808	H3051E06						
1809			Mus musculus growth differentiation factor 9 (Gdf9), mRNA		BG080261	Mm.9593	Signal Transduction
1810	H3051F02						
1811			guanosine monophosphate reductase	Homo sapiens guanosine monophosphate reductase (GMPR), mRNA	BG080277	Mm.25808	Energy/Metabolism
1812	H3051G07						
1813			potassium channel regulator 1	Rattus norvegicus potassium channel regulator 1 mRNA, complete cds	BG067226		Energy/Metabolism
1814	H3052A03						
1815			malate dehydrogenase, soluble (Mor2),	Mus musculus malate dehydrogenase, soluble (Mor2), mRNA	BG067227	Mm.3156	Energy/Metabolism
1816	H3052A04						
1817			ATP-binding cassette, sub-family B (MDR/TAP), member 1 (Abcb1),	Mus musculus ATP-binding cassette, sub-family B (MDR/TAP), member 1 (Abcb1), mRNA	BG080311	Mm.6404	Energy/Metabolism
1818	H3052B06						
1819			coproporphyrinogen oxidase (Cpo),	Mus musculus coproporphyrinogen oxidase (Cpo), mRNA	BG080324	Mm.35820	Energy/Metabolism
1820	H3052C08						
1821			"Mus musculus adenylate kinase 2 (Ak2), mRNA"		BG067269	Mm.29460	Signal Transduction
1822	H3052D11						

10

20

30

40

1823		"Homo sapiens rab3 GTPase-activating protein, non-catalytic subunit (150kD) mRNA"					
1824	H3052H05					BG080373	Mm.28344 Signal Transduction
1825							
1826	H3052H11	asparaginyl-tRNA synthetase (NARS),		Homo sapiens asparaginyl-tRNA synthetase (NARS), mRNA		BG080379	Mm.29192 Energy/Metabolism
1827							
1828	H3053A12	"Mus musculus regulator of G-protein signaling 2 mRNA, complete cds"				BG080390	Mm.28262 Signal Transduction
1829							
1830	H3053B07	tyrosine hydroxylase (Th),		Mus musculus tyrosine hydroxylase (Th), mRNA		BG067326	Mm.140599 Energy/Metabolism
1831							
1832	H3053C02	phosphoribosyl pyrophosphate synthetase-associated protein 1 (PRPSAP1),		Homo sapiens phosphoribosyl pyrophosphate synthetase-associated protein 1 (PRPSAP1), mRNA		BG080402	Mm.25125 Energy/Metabolism
1833							
1834	H3053C09	"Mus musculus nicotinic acetylcholine receptor alpha 5 subunit (Acr5) mRNA, partial cds"				BG080409	Signal Transduction
1835							
1836	H3053E04	"Mus musculus calponin 1 (Cnn1), mRNA"				BG067357	Mm.4356 Signal Transduction
1837							
1838	H3053G12	"Mus musculus polynucleotide kinase 3'-phosphatase (Pnkp), mRNA"				BG067384	Mm.29545 Signal Transduction
1839							
1840	H3053H06	citric (Slc25a13)		Mus musculus citric (Slc25a13) mRNA, complete cds		BG083930	Mm.2124 Energy/Metabolism
1841							
1842	H3054B05	"Mus musculus folate receptor 3 (Folbp3) mRNA, complete cds"				BG080476	Mm.86738 Signal Transduction
1843							
1844	H3054B12	Nrf2		Mus musculus p45 NF-E2 related factor 2 (Nrf2) mRNA, complete cds		BG067417	Mm.1025

10

20

30

40

1845	H3054C02	Gadd45g	Mus musculus growth arrest and DNA-damage-inducible, gamma (Gadd45g), mRNA	BG067419	Mm.9653	Energy/Metabolism
1846						
1847	H3054C06	"Mus musculus phospholipase c neighboring (Png), mRNA"		BG080489	Mm.140	Signal Transduction
1848						
1849	H3054C09	WNT-2	Mus musculus WNT-2 gene, partial cds; putative ankyrin-related protein and cystic fibrosis transmembrane conductance regulator (CFTR) genes, section 2 of 2 of the complete cds; and unknown gene	BG080492	Mm.43231	Energy/Metabolism
1850						
1851	H3054D05	"Rattus norvegicus protein associating with small stress protein PASS1 (Pass1) mRNA, complete cds"		BG080499		Heat Shock/Stress
1852	H3054F04	"Mus musculus gene for p70/p85 s6 kinase, exon"		BG067455	Mm.26901	Signal Transduction
1853						
1854	H3054F05	lysozyme M	Mouse lysozyme M gene, exon 4	BG067456	Mm.654	Energy/Metabolism
1855						
1856						
1857	H3054F11	ATP6N1B	Homo sapiens ATPase, H(+)-transporting, lysosomal, noncatalytic accessory protein 1B (ATP6N1B), mRNA	BG080527	Mm.26909	Energy/Metabolism
1858						
1859	H3054F12	TR2L	Mus musculus TR2L mRNA, partial cds	BG080528		Apoptosis
1860						
1861	H3055A07	"Homo sapiens mutated in colorectal cancers (MCC), mRNA"		BG080557	Mm.155210	Signal Transduction
1862						

10

20

30

40

1881	H3056A09	"M.musculus mRNA for inositol 1,4,5-trisphosphate receptor (type 2)"			BG067589	Mm.7800	Signal Transduction
1882							
1883	H3056C11	DKFZP564O2082 protein	Homo sapiens DKFZP564O2082 protein (DKFZP564O2082), mRNA			Mm.21826	
1884							
1885	H3056D03	"Homo sapiens calponin 3, acidic (CNN3), mRNA"			BG080757	Mm.22171	Signal Transduction
1886							
1887	H3056G10	thioredoxin 2 (TRX2)	Homo sapiens thioredoxin 2 (TRX2) mRNA, complete cds		BG080633	Mm.3533	Energy/Metabolism
1888							
1889	H3056H05						Energy/Metabolism
1890							
1891		"Mus musculus interferon-related developmental regulator 1 (Ifrd1), mRNA"					
1892	H3057C01				BG067699	Mm.168	Heat Shock/Stress
1893							
1894	H3057C08	GPX3				Mm.7156	Energy/Metabolism
1895							
1896	H3057C10	bisphosphate 3-nucleotidase 1 (Bpnt1), acetyl-Coenzyme A carboxylase beta (ACACB),	Mus musculus bisphosphate 3-nucleotidase 1 (Bpnt1), mRNA		BG067708	Mm.18096	Energy/Metabolism
1897							
1898	H3057D09		Homo sapiens acetyl-Coenzyme A carboxylase beta (ACACB), mRNA		BG067718	Mm.88548	Energy/Metabolism
1899							
1900	H3057E05	"Mus musculus protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 21 (Ptpn21), mRNA"			BG080698	Mm.4420	Signal Transduction
1901							
1902	H3057F01	"Mus musculus casein kinase 1, epsilon (Csnk1e), mRNA"				Mm.30199	Signal Transduction
1903							
1904	H3057H04	"Mus musculus HSP40-like protein mRNA, partial sequence"			BG080820	Mm.46746	Heat Shock/Stress

10

20

30

40

1905 1906	H3057H06	solute carrier family 16 (monocarboxylic acid transporters), member 2 (Slc16a2), mRNA	Mus musculus solute carrier family 16 (monocarboxylic acid transporters), member 2 (Slc16a2), mRNA	C87415	Mm.5045	Energy/Metabolism
1907 1908	H3058A10	Fas-interacting serine/threonine kinase 3 (Fist3)	Mus musculus Fas-interacting serine/threonine kinase 3 (Fist3) mRNA, complete cds	BG080836	Mm.29026	Apoptosis
1909 1910	H3058C03	Bcl2-like 10 (Bcl2l10),	Mus musculus Bcl2-like 10 (Bcl2l10), mRNA	BG080862	Mm.25988	Apoptosis
1911 1912	H3058C09	"Mus musculus Jun oncogene (Jun), mRNA"		BG080846	Mm.482	Signal Transduction
1913 1914	H3058D09	"Mus musculus guanine nucleotide binding protein (G protein), gamma 3 subunit (Gng3), mRNA"				
1915 1916	H3058G06	transient receptor potential-related protein (Chak),	Mus musculus transient receptor potential-related protein (Chak), mRNA	BG080868	Mm.27307	Signal Transduction
1917 1918	H3059A10	sodium bicarbonate cotransporter isom 3 (KNBC-3),	Mus musculus sodium bicarbonate cotransporter isoform 3 (KNBC-3), mRNA	BG080898	Mm.143646	Energy/Metabolism
1919 1920	H3059B02	"Homo sapiens regulator of G-protein signalling 12 (RGS12), mRNA"				
1921 1922	H3059B03	"Mus musculus protein kinase C delta mRNA, complete cds"		BG067869	Mm.31378	Signal Transduction
1923 1924	H3059B07	"Mus sp. JAK1 protein tyrosine kinase mRNA, complete cds"		BG080928	Mm.142839	Signal Transduction
1925 1926	H3059D07	alanyl-tRNA synthetase (AARS),	Homo sapiens alanyl-tRNA synthetase (AARS), mRNA	BG067874	Mm.28598	Signal Transduction
				BG080951	Mm.24174	Energy/Metabolism

10

20

30

40

1927	H3059D11	KIAA1093 protein, partial cds	Homo sapiens mRNA for KIAA1093 protein, partial cds	BG067897	Mm.22829	Apoptosis
1928						
1929	H3059F12	"Mus musculus GTP binding protein (GTP2) mRNA, complete cds"		BG067921	Mm.15793	Signal Transduction
1930						
1931	H3059G11	intronsless glutamine synthetase gene	Mouse intronsless glutamine synthetase gene, complete cds	BG067932	Mm.41660	Energy/Metabolism
1932						
1933	H3060A10	M.musculus arachidonate epidermis-type 12(S)-lipoxygenase	M.musculus mRNA for arachidonate epidermis-type 12(S)-lipoxygenase	BG067951	Mm.1122	Energy/Metabolism
1934						
1935		"Homo sapiens mitogen-activated protein kinase kinase kinase 5 (MAP4K5), mRNA"				
1936	H3060B09			BG081019	Mm.24022	Signal Transduction
1937						
1938	H3060D04	Mm.24594			Mm.24594	Energy/Metabolism
1939						
1940	H3060H04	"Mus musculus JNK-binding protein 1 (Jnkbp1-pending), mRNA"		BG081077	Mm.25540	Signal Transduction
1941						
1942	H3060H07	Mm.25580			Mm.25580	Energy/Metabolism
1943						
1944	H3061B06	UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetyl/galactosaminyltransferase 3 (Galnt3), mRNA	Mus musculus UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetyl/galactosaminyltransferase 3 (Galnt3), mRNA	BG068045	Mm.38441	Energy/Metabolism
1945						
1946	H3061E04	cysteine dioxygenase, type I (CDO1), mRNA	Homo sapiens cysteine dioxygenase, type I (CDO1), mRNA	BG081135	Mm.29996	Energy/Metabolism
1947						
1948	H3061H08	guanine deaminase (Gda), mRNA	Mus musculus guanine deaminase (Gda), mRNA	BG081171		Energy/Metabolism
1949						
1950	H3062C04	spermine synthase (Sms), mRNA	Mus musculus spermine synthase (Sms), mRNA	BG081202		Energy/Metabolism

10

20

30

40

1951	H3062E02	isocitrate dehydrogenase	Mus musculus isocitrate dehydrogenase mRNA, complete cds	BG081213	Mm.18213	Energy/Metabolism
1952						
1953	H3062H07	"Mus musculus inositol 1,4,5-triphosphate receptor 1 (Itp1), mRNA"		BG081243	Mm.2726	Signal Transduction
1954						
1955	H3062H08	Mm.11827			Mm.11827	Energy/Metabolism
1956						
1957	H3063A03	"Mus musculus calpain 7 (Capn7), mRNA"		BG081250	Mm.142370	Signal Transduction
1958						
1959	H3063A08	Prsc1	Mus musculus protease, cysteine, 1 (Prsc1), mRNA	BG068219	Mm.17185	Energy/Metabolism
1960						
1961						
1962	H3063A09	"Mus musculus novel ras effector 1 (Nore1-pending), mRNA"		BG068220	Mm.10133	Signal Transduction
1963						
1964	H3063C09	beta-1,4-galactosyltransferase VI	Mus musculus beta-1,4-galactosyltransferase VI mRNA, complete cds	BG081279	Mm.26364	Energy/Metabolism
1965						
1966	H3063H10	LAT2 (Slc7a8)	Mus musculus mRNA for LAT2 protein (Slc7a8 gene)	BG068299	Mm.27830	Energy/Metabolism
1967						
1968	H3064C02	"Mus musculus large tumor suppressor 1 (Lats1) mRNA, partial cds"		BG081357	Mm.35642	Signal Transduction
1969						
1970	H3064C04	kinesin-like 5 (mitotic kinesin-like protein 1) (KNSL5),	Homo sapiens kinesin-like 5 (mitotic kinesin-like protein 1) (KNSL5), mRNA		Mm.28386	Cell Cycle
1971						
1972	H3064E02	vacuolar adenosine triphosphatase subunit A gene	Mus musculus vacuolar adenosine triphosphatase subunit A gene, complete cds	BG081377	Mm.29771	Energy/Metabolism
1973						
1974	H3064H04	HMG box protein	Mus musculus HMG box protein mRNA, complete cds		Mm.41766	Transcription/Chromatin

10

20

30

40

1975 1976	H3065C08	"Mus musculus calmodulin dependent phosphatase catalytic subunit (Cam-Prp) mRNA, 3' end"		BG081448	Mm.24381	Signal Transduction
1977 1978	H3065C11	"Mus musculus Check-alpha gene for choline/ethanolamine kinase-alpha, exon 1 and 5'-flanking region"		BG081451		Signal Transduction
1979 1980	H3065D10	"Homo sapiens RAP1A, member of RAS oncogene family (RAP1A), mRNA"		BG068432	Mm.144498	Signal Transduction
1981 1982	H3065E07	UDP-glucose dehydrogenase (Ugdh),	Mus musculus UDP-glucose dehydrogenase (Ugdh), mRNA	BG068439	Mm.10709	Energy/Metabolism
1983 1984	H3066H07	heme oxygenase-2	Mus musculus heme oxygenase-2 mRNA, complete cds	BG081591		Energy/Metabolism
1985 1986	H3067A07	potassium channel modulatory factor DEBT-91 (Debt91),	Mus musculus potassium channel modulatory factor DEBT-91 (Debt91), mRNA	BG081603	Mm.29194	Energy/Metabolism
1987 1988	H3067B08	"Mus musculus phosphoinositide 3-kinase regulatory subunit p85alpha mRNA, complete cds"		BG081616	Mm.3058	Signal Transduction
1989 1990	H3067E02	"Mus musculus RAS-related C3 botulinum substrate 1, guanine nucleotide exchange factor 1 (Racgef1-pending), mRNA"		BG068616	Mm.29014	Signal Transduction
1991 1992	H3068A08	kinesin-like 5 (mitotic kinesin-like protein 1) (KNSL5),	Homo sapiens kinesin-like 5 (mitotic kinesin-like protein 1) (KNSL5), mRNA		Mm.28386	Cell Cycle
1993 1994	H3068A11	ferritin light chain 1 (Ftl1),	Mus musculus ferritin light chain 1 (Ftl1), mRNA	BG081695		Energy/Metabolism

10

20

30

40

1995				ornithine decarboxylase antizyme inhibitor (Oazi),	Mus musculus ornithine decarboxylase antizyme inhibitor (Oazi), mRNA	BG081746	Mm.104010	Energy/Metabolism
1996	H3068F03							
1997				"Mus musculus Rho-associated coiled-coil forming kinase 1 (Rock1), mRNA"		BG081800	Mm.6710	Signal Transduction
1998	H3069C09							
1999				cDNA FLJ12814 fis, clone NT2RP2002520, weakly similar to	Homo sapiens cDNA FLJ12814 fis, clone NT2RP2002520, weakly similar to			
2000	H3069D09			transcription factor RFX-B (RFXB)	RFX-B (RFXB) mRNA	BG081823	Mm.27228	Energy/Metabolism
2001				choline/ethanolaminephosphotransferase	Homo sapiens choline/ethanolaminephosphotransferase (CEPT1), mRNA	BG081849	Mm.14816	Energy/Metabolism
2002	H3069G01							
2003				RHOA proto-oncogene multi-drug-resistance protein, 3 end	Homo sapiens RHOA proto-oncogene multi-drug-resistance protein mRNA, 3 end			
2004	H3070A09					BG081880	Mm.757	Energy/Metabolism
2005				quinoid dihydropteridine reductase	Homo sapiens quinoid dihydropteridine reductase (QDPR), mRNA	BG081883	Mm.30204	Energy/Metabolism
2006	H3070A12							
2007				partial Kcnq1 gene potassium channel protein, exons 10-14	Mus musculus partial Kcnq1 gene for potassium channel protein, exons 10-14	BG081892		Energy/Metabolism
2008	H3070B09							
2009				hydroxysteroid dehydrogenase-1, delta<5>-3-beta (Hsd3b1),	Mus musculus hydroxysteroid dehydrogenase-1, delta<5>-3-beta (Hsd3b1), mRNA	BG081903	Mm.16941	Energy/Metabolism
2010	H3070C08							
2011				ATP-specific succinyl-CoA synthetase beta subunit (Scs), partial cds	Mus musculus ATP-specific succinyl-CoA synthetase beta subunit (Scs) mRNA, partial cds	BG068897	Mm.19154	Energy/Metabolism
2012	H3070E04							
2013				ATPase, class VI, type 11A (Atp11a),	Mus musculus ATPase, class VI, type 11A (Atp11a), mRNA	BG081967	Mm.148756	Energy/Metabolism
2014	H3071A03							

10

20

30

40

2015 2016	H3071G11	"Homo sapiens RAP2B, member of RAS oncogene family (RAP2B), mRNA"		BG082041	Mm.26939	Signal Transduction
2017	H3071H04	glycerol-3-phosphate acyltransferase	Mouse glycerol-3-phosphate acyltransferase mRNA, complete cds		Mm.87773	
2018 2019	H3072A08	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (Gapd)	Mus musculus glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (Gapd), mRNA	BG082061		Energy/Metabolism
2020 2021 2022	H3072B11	"Mus musculus PLC-L2 mRNA for phospholipase C-L2, complete cds"		BG069051	Mm.28034	Signal Transduction
2023	H3072F03	Mm.22651			Mm.22651	Energy/Metabolism
2024 2025 2026 2027	H3072G09	potassium voltage-gated channel, subfamily H (eag-related), member 1 (Kcnh1),	Mus musculus potassium voltage-gated channel, subfamily H (eag-related), member 1 (Kcnh1), mRNA	BG069106	Mm.4489	Energy/Metabolism
2028 2029	H3073F10	"Mus musculus 80kDa m-calpain subunit (calp80) mRNA, complete cds"			Mm.27123	Energy/Metabolism
2030 2031	H3073G07	granzyme M	Mus musculus mRNA for granzyme M, complete cds	BG082209	Mm.6958	Signal Transduction
2032 2033	H3074A02	inhibitor of apoptosis protein 1	Mus musculus inhibitor of apoptosis protein 1 mRNA, complete cds	BG082217	Mm.22302	Energy/Metabolism
2034 2035	H3074A03	NIMA (never in mitosis gene a)-related expressed kinase 7 (Nek7),	Mus musculus NIMA (never in mitosis gene a)-related expressed kinase 7 (Nek7), mRNA	BG069214	Mm.2026	Apoptosis
2036 2037	H3074C12	dUTPase	Mus musculus dUTPase mRNA, complete cds	BG082266	Mm.143817	Cell Cycle
						Energy/Metabolism

10

20

30

40

2038	H3074F08	"Mus musculus protein phosphatase type 2A catalytic subunit alpha isoform mRNA, complete cds"			BG082298	Mm.11711	Signal Transduction
2039	H3074G02	H.sapiens 40 kDa protein kinase related to rat ERK2	H.sapiens 40 kDa protein kinase related to rat ERK2			Mm.1700	
2040	H3074H09	NAALADase II protein	Homo sapiens mRNA for NAALADase II protein		BG082322	Mm.26132	Energy/Metabolism
2041	H3075A04	Mm.26128				Mm.26128	Energy/Metabolism
2042	H3075A09	esterase-22=endoplasmic reticulum-targeting protein of beta-glucuronidase [mice, 2022 nt]	esterase-22=endoplasmic reticulum-targeting protein of beta-glucuronidase [mice, mRNA, 2022 nt]		BG069315	Mm.29110	Energy/Metabolism
2043	H3075F01	ATP-specific succinyl-CoA synthetase beta subunit (Scs), partial cds	Mus musculus ATP-specific succinyl-CoA synthetase beta subunit (Scs) mRNA, partial cds		BG069442	Mm.19154	Energy/Metabolism
2044	H3075F08	F1F0-ATP synthase, g subunit	Mus musculus mRNA for F1F0-ATP synthase, g subunit		BG082389	Mm.14663	Energy/Metabolism
2045	H3075F11	"Mus musculus heat shock protein 20-like protein mRNA, complete cds"			BG069463	Mm.21549	Heat Shock/Stress
2046	H3075G06	molybdenum cofactor synthesis-step 1 proteins A and B splice type I (Mocs1) s, partial cds, alternatively spliced	Mus musculus molybdenum cofactor synthesis-step 1 proteins A and B splice type I (Mocs1) mRNAs, partial cds, alternatively spliced		BG082399	Mm.36112	Energy/Metabolism
2047	H3075H02	peptidyl arginine deiminase, type II (Pdi2)	Mus musculus peptidyl arginine deiminase, type II (Pdi2), mRNA		BG082407	Mm.2296	Energy/Metabolism
2048	H3076B05	"Mus musculus Rho interacting protein 2 (Rhoip2-pending), mRNA"			BG069493	Mm.4620	Signal Transduction
2049							
2050							
2051							
2052							
2053							
2054							
2055							
2056							
2057							
2058							
2059							

10

20

30

40

2060	H3076C12	fatty-acid-Coenzyme A ligase, long-chain 4 (FACL4),	Homo sapiens fatty-acid-Coenzyme A ligase, long-chain 4 (FACL4), mRNA	BG069344	Mm.12166	Energy/Metabolism
2061	H3076F04	"AC005290, complete sequence [Mus musculus]"		BG069372	Mm.1967	Signal Transduction
2062		"Homo sapiens regulator of G protein signaling RGS12 (RGS) mRNA, complete cds"				
2063	H3076F12	"Mus musculus signal transducer and activator of transcription 2 (Stat2), mRNA"		BG082484	Mm.31378	Signal Transduction
2064						
2065	H3076G06	"Homo sapiens similar to argininosuccinate lyase (H. sapiens) (LOC63402), mRNA"		BG069385	Mm.21935	Signal Transduction
2066						
2067	H3076G11	"Mus musculus adenylate kinase 4 (Ak4), mRNA"		BG082495	Mm.23869	Energy/Metabolism
2068						
2069	H3076H06	"Mus musculus casein kinase II, alpha 2, polypeptide (Csnk2a2), mRNA"		BG082501	Mm.142051	Signal Transduction
2070						
2071	H3076H10	solute carrier family 12, member 2 (Slc12a2),	Mus musculus solute carrier family 12, member 2 (Slc12a2), mRNA	BG069401	Mm.28881	Signal Transduction
2072						
2073	H3077B02	X28 region near ALD locus containing dual specificity phosphatase 9 (DUSP9), ribosomal protein L18a (RPL18a), Ca2+/Calmodulin-dependent protein kinase I (CAMKI), creatine transporter (Homo sapiens X28 region near ALD locus containing dual specificity phosphatase 9 (DUSP9), ribosomal protein L18a (RPL18a), Ca2+/Calmodulin-dependent protein kinase I (CAMKI), creatine transporter (BG069505	Mm.4168	Energy/Metabolism
2074						
2075	H3077C01					
2076						
2077						

10

20

30

40

2078	H3077F08	ATPase, H(+)-transporting, lysosomal, noncatalytic accessory protein 1B (ATP6N1B), mRNA	Homo sapiens ATPase, H(+)-transporting, lysosomal, noncatalytic accessory protein 1B (ATP6N1B), mRNA	BG082574	Mm.26909	Energy/Metabolism
2080	H3077H01	hypothetical protein FLJ10726	Homo sapiens hypothetical protein FLJ10726 (FLJ10726), mRNA		Mm.30718	
2082	H3078G02	NIMA (never in mitosis gene a)-related expressed kinase 7 (Nek7),	Mus musculus NIMA (never in mitosis gene a)-related expressed kinase 7 (Nek7), mRNA			
2084	H3078H09	Rat L-gulono-gamma-lactone oxidase	Rat L-gulono-gamma-lactone oxidase mRNA, complete cds	BG082674	Mm.26207	Energy/Metabolism
2086	H3078H11	TRPM-2, cytosolic epoxide hydrolase, nicotinic acetylcholine receptor alpha2 subunit, and focal adhesion kinase genes, sequence	Homo sapiens TRPM-2, cytosolic epoxide hydrolase, nicotinic acetylcholine receptor alpha2 subunit, and focal adhesion kinase genes, complete cds, complete sequence	BG082676	Mm.26207	Energy/Metabolism
2088	H3079D11	solute carrier family 12, member 2 (Slc12a2),	Mus musculus solute carrier family 12, member 2 (Slc12a2), mRNA	BG069726	Mm.4168	Energy/Metabolism
2090	H3079D12	"Mus musculus phospholipase D3 (Pld3), mRNA"		BG069727	Mm.6483	Signal Transduction
2092	H3079E06	"Mus musculus interferon regulatory factor 6 (Irf6), mRNA"		BG069733	Mm.4179	Heat Shock/Stress
2094	H3079F01	cDNA: FLJ22083 fis, clone HEP14459, highly similar to HUM3H3M Homo sapiens 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	Homo sapiens cDNA: FLJ22083 fis, clone HEP14459, highly similar to HUM3H3M Homo sapiens 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase mRNA	BG069739	Mm.22675	Energy/Metabolism

10

20

30

40

2096	H3079F05	"Mus musculus calcyclin binding protein (CACYBP) mRNA, partial cds"		BG069742	Mm.10702	Signal Transduction
2097	H3079G04	cystathionine beta-synthase (CBS) gene, major and minor alternative splice products	Homo sapiens cystathionine beta-synthase (CBS) gene, major and minor alternative splice products, complete cds	BG082744	Mm.24225	Energy/Metabolism
2100	H3079G06	"Mus musculus interferon regulatory factor 3 (Irf3), mRNA"		BG069754	Mm.3960	Heat Shock/Stress
2102	H3079G12	cDNA DKFZp727E011 (from clone DKFZp727E011); partial cds	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp727E011 (from clone DKFZp727E011); partial cds	BG082752	Mm.24225	Energy/Metabolism
2104	H3079H11	M.musculus RPS3a gene	M.musculus RPS3a gene	BG069771	Mm.6957	Apoptosis
2106	H3080A09	"Homo sapiens similar to cullin 5 (H. sapiens) (LOC63330), mRNA"		BG069781	Mm.21710	Signal Transduction
2108	H3080B11	TF-1 cell apoptosis related protein-15 (Tfar15), mRNA	Mus musculus TF-1 cell apoptosis related protein-15 (Tfar15), mRNA	BG069793	Mm.28441	Apoptosis
2110	H3080G08	Mus musculus ribonuclease P2 (Rnasep2-pending), mRNA		BG069849	Mm.12440	Energy/Metabolism
2112	H3080G10	"Mus musculus adenomatosis polyposis coli (Apc), mRNA"		BG069851	Mm.7883	Signal Transduction
2114	H3080H10	Mus musculus RNA guanylyltransferase and 5-phosphatase (Rngtt), mRNA		BG069862	Mm.26153	Energy/Metabolism
2116	H3081A12	fatty acid-Coenzyme A ligase, long chain 4 (Facl4),	Mus musculus fatty acid-Coenzyme A ligase, long chain 4 (Facl4), mRNA	BG069876	Mm.143689	Energy/Metabolism
2117						

10

20

30

40

2118	H3081D02	Bcl-2-related ovarian killer protein-like-pending (Bokl-pending), mRNA	Mus musculus Bcl-2-related ovarian killer protein-like-pending (Bokl-pending), mRNA	BG082842	Mm.3295	Apoptosis
2119	H3081E08	TNF-alpha converting enzyme precursor, alternatively spliced	Mus musculus TNF-alpha converting enzyme precursor, mRNA, alternatively spliced, complete cds	BG082857	Mm.27681	Apoptosis
2120	H3081H02	aldo-keto reductase AKR1C13	Mus musculus aldo-keto reductase AKR1C13 (Akr1c13), mRNA	BG082884	Mm.27447	Energy/Metabolism
2121	H3082B04	Mus musculus inducible 6-phosphofructo-2-kinase mRNA, complete cds		BG070045	Mm.19669	Energy/Metabolism
2122	H3082C01	Mus musculus serine protease inhibitor 1-5 (Spi1-5), mRNA		BG070053	Mm.89871	Energy/Metabolism
2123	H3082E03	Mus musculus programmed cell death 8 (apoptosis inducing factor) (Pdcd8), mRNA		BG082930	Mm.30050	Apoptosis
2124	H3082E10	H.sapiens mitogen inducible gene mig-2, complete CDS			Mm.29842	Signal Transduction
2125	H3082F03	M.musculus (balb-c) gene for sphingomyelin phosphodiesterase		BG082939	Mm.4628	Energy/Metabolism
2126	H3083C01	Homo sapiens kinesin-like 5 (mitotic kinesin-like protein 1) (KNSL5), mRNA			Mm.28386	Cell Cycle
2127	H3083D06	Mus musculus Bcl2-associated athanogene 1 (Bag1), mRNA		BG069990	Mm.688	Apoptosis
2128	H3083D09	Homo sapiens cDNA FLJ14310 fis, clone PLACE3000271		BG069993	Mm.7156	Energy/Metabolism

10

20

30

40

2140	H3083E02	"Mus musculus beta-site APP cleaving enzyme (Bace), mRNA"		BG069998	Mm.24044	Signal Transduction
2141						
2142	H3083H02	"Mus musculus guanine nucleotide binding protein, beta-2, related sequence 1 (Gnb2-rs1), mRNA"		BG070116	Mm.5305	Signal Transduction
2143						
2144	H3083H05	Mus musculus mRNA for tumor necrosis factor alpha converting enzyme (TACE/ADAM17), complete cds		BG070119	Mm.27681	Energy/Metabolism
2145						
2146	H3084E05	glutathione S-transferase, mu 5 (Gstm5),	Mus musculus glutathione S-transferase, mu 5 (Gstm5), mRNA	BG070174	Mm.667	Energy/Metabolism
2147						
2148	H3084F02	Mm.24864			Mm.24864	Energy/Metabolism
2149						
2150	H3084G03	Mouse c-fos gene; cellular homolog to viral oncogene		BG070196	Mm.5043	Signal Transduction
2151						
2152	H3085B01	M. musculus mRNA for casein kinase I-alpha		BG083155	Mm.43737	Signal Transduction
2153						
2154	H3085C02	Mus musculus Traf and Tnf receptor associated protein (Trap-pending), mRNA		BG070243	Mm.155228	Apoptosis
2155						
2156	H3085C04	Mus musculus solute carrier family 12, member 2 (Slc12a2), mRNA		BG070245	Mm.4168	Energy/Metabolism
2157						
2158	H3085D10	Mus musculus guanine deaminase (Gda), mRNA		BG083182	Mm.25912	Energy/Metabolism
2159						
2160	H3085G03	Mouse cytochrome beta-558 mRNA, 3' end		BG083209	Mm.448	Energy/Metabolism
2161						
2162	H3086E09	Homo sapiens BCL2-associated athanogene 5 (BAG5), mRNA		BG070363	Mm.44239	Apoptosis

10

20

30

40

2163	H3086F10	B.taurus Cl-SGDH mRNA for ubiquinone oxidoreductase complex		BG083295	Mm.28058	Energy/Metabolism
2164						
2165	H3086H09	"Mus musculus mRNA for Rho guanine nucleotide-exchange factor, splice variant NET1A"		BG083317	Mm.22261	Signal Transduction
2166						
2167	H3087A12	uterine lactotransferrin	Mouse uterine lactotransferrin mRNA	BG070413	Mm.7612	Energy/Metabolism
2168						
2169	H3087C10	"Mus musculus rho GTPase activating protein 6 (Arhgap6), mRNA"		BG083351		Signal Transduction
2170						
2171	H3087G09	"Mus musculus heat shock protein 930 (Hsp930), mRNA"		BG070480	Mm.104491	Heat Shock/Stress
2172						
2173	H3087H05	acetoacetyl-coenzyme A thiolase (EC 2.3.1.9)	Human mRNA for acetoacetyl-coenzyme A thiolase (EC 2.3.1.9)	BG083405	Mm.1776	Energy/Metabolism
2174						
2175	H3087H09	"Mus musculus calcium binding protein A6 (calyculin) (S100a6), mRNA"		BG083409	Mm.1221	Signal Transduction
2176						
2177	H3088A07	glutathione S-transferase, mu 2 (Gstm2), mRNA	Mus musculus glutathione S-transferase, mu 2 (Gstm2), mRNA	BG070501	Mm.7446	Energy/Metabolism
2178						
2179	H3088C12	CPP32 apoptotic protease, partial cds	Mus musculus CPP32 apoptotic protease mRNA, partial cds	BG083524	Mm.153450	Apoptosis
2180						
2181	H3088E07	"Mus musculus choline kinase (Chk), mRNA"		BG070547	Mm.5262	Signal Transduction
2182						
2183	H3088F03	"Mus musculus protein tyrosine phosphatase 4a3 (Ptp4a3), mRNA"		BG083549	Mm.4124	Signal Transduction
2184						

2185			Mus musculus ATPase, H ⁺ transporting, lysosomal (vacuolar proton pump), beta 56/58 kDa, isoform 2 (Atp6b2), mRNA			BG083588	Mm.10727	Energy/Metabolism
2186	H3089A062							
2187			Mus musculus ATP-binding cassette protein (Abcf2) mRNA, partial cds			BG083593	Mm.21629	Energy/Metabolism
2188	H3089A11							
2189			"Mus musculus protein kinase Chk2 (Rad53-pending), mRNA"			BG083482	Mm.126031	Signal Transduction
2190	H3089F09							
2191			Mus musculus zinc transporter like 1 (Znf11) mRNA, complete cds			BG083497	Mm.28851	Energy/Metabolism
2192	H3089G12							
2193			Mouse normal c-myc gene and translocated homologue from J558 plasmocytoma cells (cDNA sequence)			BG083596	Mm.2444	Signal Transduction
2194	H3089H11							
2195			"Mus musculus mothers-against-dpp-related-1 mRNA, complete cds"			BG083610	Mm.15185	Signal Transduction
2196	H3090B01							
2197			uracil-DNA glycosylase gene, alternatively spliced		Mus musculus uracil-DNA glycosylase gene, complete cds, alternatively spliced	BG070697	Mm.112312	Energy/Metabolism
2198	H3090B05							
2199			ornithine decarboxylase antizyme		Mus musculus ornithine decarboxylase antizyme inhibitor (Oazi), mRNA	BG070710	Mm.6775	Energy/Metabolism
2200	H3090C08				Mus musculus N-terminal asparagine amidohydrolase (Ntan1) gene, complete cds	BG083629	Mm.22635	Energy/Metabolism
2201			N-terminal asparagine amidohydrolase					
2202	H3090C10		(Ntan1) gene					

10

20

30

40

2203	H3090D01	"Mus musculus mitogen activated protein kinase kinase 12 (Map3k12), mRNA"			BG083632	Mm.4358	Signal Transduction
2204	H3091B08	partial gene encoding deoxyribonuclease I and 5 UTR		Mus musculus partial gene encoding deoxyribonuclease I and 5 UTR	BG070787	Mm.42205	Energy/Metabolism
2205	H3091D08	"Mus musculus guanine nucleotide binding protein, alpha 14 (Gna14), mRNA"			BG083726	Mm.133949	Signal Transduction
2206	H3091D11	tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 19 (Tnfrsf19-pending), mRNA		Mus musculus tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 19 (Tnfrsf19-pending), mRNA	BG070891	Mm.22585	Apoptosis
2207	H3091E02	5(3)-deoxyribonucleotidase (Dnt-pending), mRNA		Mus musculus 5(3)-deoxyribonucleotidase (Dnt-pending), mRNA	BG070894	Mm.41722	Energy/Metabolism
2208	H3091F08	N-terminal Asn amidase (Ntan1), mRNA		Mus musculus N-terminal Asn amidase (Ntan1), mRNA	BG070912	Mm.22635	Energy/Metabolism
2209	H3091G12	solute carrier family 1, member 7 (Slc1a7), mRNA		Mus musculus solute carrier family 1, member 7 (Slc1a7), mRNA	BG070928	Mm.1056	Energy/Metabolism
2210	H3091H05	"Mus musculus H-ras gene, partial cds"			BG070933	Mm.6793	Signal Transduction
2211	H3091H07	deiodinase, iodothyronine type III (Dio3), mRNA		Rattus norvegicus deiodinase, iodothyronine type III (Dio3), mRNA	BG070934	Mm.154427	Energy/Metabolism
2212	H3092E03	Balb/c cytochrome c oxidase subunit VIaL		Mus musculus Balb/c cytochrome c oxidase subunit VIaL mRNA, complete cds	BG083822	Mm.43415	Energy/Metabolism
2213	H3092E04	caspase 8 associated protein 2 (Casp8ap2), mRNA		Mus musculus caspase 8 associated protein 2 (Casp8ap2), mRNA	BG070820	Mm.22279	Apoptosis

10

20

30

40

2225	H3092G01	"Mus musculus p38delta MAP kinase mRNA, complete cds"			BG083840	Mm.27970	Signal Transduction
2226	H3092H01	vacuolar adenosine triphosphatase subunit A gene	Mus musculus vacuolar adenosine triphosphatase subunit A gene, complete cds		BG070846	Mm.29771	Energy/Metabolism
2227							
2228							
2229	H3092H09	"Mus musculus mitogen-activated protein kinase 8 interacting protein 2 (Mapk8ip2), mRNA"			BG083857		Signal Transduction
2230	H3092H10	glycogenin 1 (Gyg1),	Mus musculus glycogenin 1 (Gyg1), mRNA		BG070855	Mm.6375	Energy/Metabolism
2231							
2232	H3093B07	chloride channel 5 (Clcn5),	Mus musculus chloride channel 5 (Clcn5), mRNA		BG083875	Mm.104172	Energy/Metabolism
2233							
2234	H3093D09	Tom22	Homo sapiens mRNA for Tom22, complete cds		BG083900	Mm.9326	Energy/Metabolism
2235							
2236							
2237	H3093F02	uridine monophosphate kinase (UMPK),	Homo sapiens uridine monophosphate kinase (UMPK), mRNA		BG083915		Energy/Metabolism
2238							
2239	H3093G07	"Homo sapiens Putative prostate cancer tumor suppressor (N33), mRNA"			BG071015	Mm.24156	Signal Transduction
2240							
2241	H3093G08	GST-5=glutathione S-transferase-sperm antigen MSAG-5 fusion protein {3 region} [mice, testis, Recombinant Partial, 860 nt]	GST-5=glutathione S-transferase-sperm antigen MSAG-5 fusion protein {3 region} [mice, testis, mRNA Recombinant Partial, 860 nt]		BG071016	Mm.11346	Energy/Metabolism
2242							
2243	H3093H01	mannosyl (alpha-1,6-)-glycoprotein beta-1,2-N-acetylglucosaminyltransferase (MGAT2),	Homo sapiens mannosyl (alpha-1,6-)-glycoprotein beta-1,2-N-acetylglucosaminyltransferase (MGAT2), mRNA		BG084016	Mm.24293	Energy/Metabolism
2244							

2245		Mus musculus gene for prostacyclin synthase, 5-flanking region and partial cds		BG084049		Energy/Metabolism
2246	H3094C01					
2247		Mus musculus cytochrome P450 side chain cleavage enzyme 11a1				
2248	H3094D01	(Cyp11a1), mRNA		BG071067	Mm.108678	Energy/Metabolism
2249		"Mus musculus GNB1 gene for G protein beta1 subunit, exon 12 and complete cds"				
2250	H3094D02			BG071068	Mm.2344	Signal Transduction
2251		Mus musculus GLUT4 vesicle protein				
2252	H3094D04	mRNA, partial cds		BG071070	Mm.29010	Energy/Metabolism
2253						
2254	H3094E12				Mm.26092	Energy/Metabolism
2255		Homo sapiens cDNA FLJ12225 fis, clone MAMMA1001139, weakly				
2256	H3094G04	similar to SRE-2 PROTEIN		BG083967	Mm.12983	Energy/Metabolism
2257		Homo sapiens mitogen-activated protein kinase kinase kinase 3				
2258	H3094G10	(MAP4K3), mRNA			Mm.29588	
2259		Mus musculus Bcl2-interacting killer-				
2260	H3094H06	like (Bik1), mRNA		BG071119	Mm.17912	Apoptosis
2261		Mus musculus mitogen activated protein kinase kinase kinase 12 (Map3k12),				
2262	H3095D11	mRNA				
2263	H3095E06	Mus musculus glutathione S-transferase like (Gstl-pending), mRNA		BG084006	Mm.282	Energy/Metabolism

10

20

30

40

2264	H3095F10	Homo sapiens calcineurin binding protein 1 (KIAA0330), mRNA		BG071186	Mm.154496	
2265						
2266	H3095G05	Rattus norvegicus Fucosidase, alpha-L-1, tissue (Fuca), mRNA		BG084074	Mm.21580	Energy/Metabolism
2267		Mus musculus carbonic anhydrase 4 (Car4), mRNA		BG071207	Mm.1641	Energy/Metabolism
2268	H3095H12					
2269	H3096A03	cytochrome c oxidase, subunit IV (Cox4),	Mus musculus cytochrome c oxidase, subunit IV (Cox4), mRNA	BG084085	Mm.2136	Energy/Metabolism
2270						
2271	H3096D01	"Mus musculus protein phosphatase 4, catalytic subunit (Ppp4c), mRNA"		BG071232	Mm.28082	Signal Transduction
2272						
2273	H3096E12	clone TSP1 p53-induced apoptosis differentially expressed sequence	Mus musculus clone TSP1 p53-induced apoptosis differentially expressed mRNA sequence	BG084126	Mm.142872	Apoptosis
2274						
2275	H3096F11	HNK-1 sulfotransferase (HNK-1ST),	Homo sapiens HNK-1 sulfotransferase (HNK-1ST), mRNA	BG084134	Mm.26817	Energy/Metabolism
2276						
2277	H3097A02	Homo sapiens leucine aminopeptidase (LOC51056), mRNA		BG084150	Mm.34832	Energy/Metabolism
2278						
2279	H3097A03	Mus musculus cytochrome c oxidase, subunit IV (Cox4), mRNA		BG084151	Mm.2136	Energy/Metabolism
2280						
2281	H3097A05	Homo sapiens sulfite oxidase (SUOX), mRNA		BG084153	Mm.23352	Energy/Metabolism
2282						
2283	H3097B01	Mus musculus branched chain aminotransferase 1, cytosolic (Bcat1), mRNA		BG084158	Mm.4606	Energy/Metabolism
2284						

10

20

30

40

2285		Mus musculus solute carrier family 11 (proton-coupled divalent metal ion transporters), member 2 (Slc11a2), mRNA			BG084160	Mm.36460	Energy/Metabolism
2286	H3097B03						
2287							
2288	H3097C12					Mm.22409	Energy/Metabolism
2289		Mus musculus sialyltransferase 8 (alpha-2, 8-sialyltransferase) B (Sia8b), mRNA					
2290	H3097F02				BG084201	Mm.4954	Energy/Metabolism
2291		Homo sapiens FACIL5 for fatty acid coenzyme A ligase 5 (LOC51703), mRNA					
2292	H3097F06				BG084205	Mm.30263	Energy/Metabolism
2293		"Mus musculus retinoblastoma-binding protein 9 (Rbbp9), mRNA"					
2294	H3097G07				BG084218	Mm.24216	Signal Transduction
2295		"Mus musculus retinoblastoma binding protein 4 (Rbbp4), mRNA"					
2296	H3097H08				BG084231	Mm.12145	Signal Transduction
2297		B. taurus PSST subunit of the NADH: ubiquinone oxidoreductase complex		B. taurus mRNA for PSST subunit of the NADH: ubiquinone oxidoreductase complex			
2298	H3098A08				BG084240	Mm.28712	Energy/Metabolism
2299		"Mus musculus protein tyrosine phosphatase, receptor-type, F interacting protein, binding protein 2 (Ppfibp2), mRNA"					
2300	H3098D02				BG084265	Mm.2817	Signal Transduction
2301		"Mus musculus mitogen activated protein kinase kinase 1 (Map2k1), mRNA"					
2302	H3098D12				AU041108	Mm.1059	Signal Transduction

10

20

30

40

2303	H3098E11	"Mus musculus chaperonin subunit 2 (beta) (Cct2), mRNA"						
2304	H3098H02	carboxyl reductase (LOC51181),				BG084277	Mm.40849	Heat Shock/Stress
2305	H3098H02	carboxyl reductase (LOC51181),				BG084296		Energy/Metabolism
2306	H3099A05	5-nucleotidase (purine), cytosolic type B (NT5B),				BG084308	Mm.29601	Energy/Metabolism
2307	H3099C01	solute carrier family 34 (sodium phosphate), member 2 (Slc34a2),				BG084323		Energy/Metabolism
2308	H3099D04	cytochrome c oxidase Vb subunit gene				BG071472	Mm.16769	Energy/Metabolism
2309	H3099E08	cDNA FLJ13488 fis, clone PLACE1003915, weakly similar to PROBABLE ARGINYL-TRNA SYNTHETASE, CYTOPLASMIC (EC 6.1.1.19)				BG084341	Mm.22363	
2310	H3100C01	rod cGMP phosphodiesterase delta subunit (Pde6d) gene				BG084383	Mm.12925	Energy/Metabolism
2311	H3100C10	potassium intermediate/small conductance calcium-activated channel, subfamily N, member 2 (KCNN2),				BG084391	Mm.17734	Energy/Metabolism
2312	H3100E04	inhibitor of apoptosis protein 1				BG084405	Mm.2026	Apoptosis
2313	H3101A08	ribosomal protein L23 (Rpl23),				BG084450	Mm.12144	Energy/Metabolism

10

20

30

40

2323	H3101C10	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (Gapd),	Mus musculus glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (Gapd), mRNA	BG071626	Mm.5289	Energy/Metabolism
2324						
2325	H3101D05	phosphatidylethanolamine N-methyltransferase (Pemt),	Mus musculus phosphatidylethanolamine N-methyltransferase (Pemt), mRNA	BG071633	Mm.2731	Energy/Metabolism
2326						
2327	H3101E05	solute carrier family 34 (sodium phosphate), member 2 (Slc34a2),	Mus musculus solute carrier family 34 (sodium phosphate), member 2 (Slc34a2), mRNA	BG071644	Mm.3786	Energy/Metabolism
2328						
2329	H3101G05	"Mus musculus DNA J protein (Dnaj3), mRNA"		AU044106	Mm.29186	Heat Shock/Stress
2330	H3101H02	"Rattus norvegicus myotonic dystrophy kinase-related Cdc42-binding kinase (MRCK) mRNA, complete cds"				
2331						
2332	H3102A07	phosphatidylserine synthase 1 (Ptdssl),	Mus musculus phosphatidylserine synthase 1 (Ptdssl), mRNA	BG071671	Mm.38330	Signal Transduction
2333						
2334	H3102C06	choline transporter (CHOT1),	Rattus norvegicus choline transporter (CHOT1), mRNA	BG071685	Mm.9440	Energy/Metabolism
2335						
		apoptotic chromatin condensation inducer in the nucleus (Acinus-pending),	Mus musculus apoptotic chromatin condensation inducer in the nucleus (Acinus-pending), mRNA	BG071707	Mm.28056	Energy/Metabolism
2336	H3102D02					
2337						
2338	H3102D09	"Mus musculus retinoblastoma binding protein 7 (Rbbp7), mRNA"		BG071714	Mm.30236	Apoptosis
2339						
2340	H3102E01	potassium channel modulatory factor DEBT-91 (Debt91),	Mus musculus potassium channel modulatory factor DEBT-91 (Debt91), mRNA	BG084566	Mm.1603	Signal Transduction
2341						
				BG071725	Mm.29194	Energy/Metabolism

10

20

30

40

2342	H3102F08	N-acylsphingosine amidohydrolase 1 (Asah1),	Mus musculus N-acylsphingosine amidohydrolase 1 (Asah1), mRNA	BG071742	Mm.22547	Energy/Metabolism
2343		"Mus musculus protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 11 (Ptpn11), mRNA"				
2344	H3102G07			BG071749	Mm.147428	Signal Transduction
2345						
2346	H3102H03	isoleucine-tRNA synthetase (IARS),	Homo sapiens isoleucine-tRNA synthetase (IARS), mRNA	BG084601	Mm.21118	Energy/Metabolism
2347						
2348	H3102H07	2,3-bisphosphoglycerate mutase (Bpgm),	Mus musculus 2,3-bisphosphoglycerate mutase (Bpgm), mRNA	BG084605	Mm.22706	Energy/Metabolism
2349						
2350	H3102H09	ribonuclease H1 (Rnaseh1),	Mus musculus ribonuclease H1 (Rnaseh1), mRNA	BG071762	Mm.10152	Energy/Metabolism
2351						
2352	H3103A05	"Mus musculus phospholipase A2, group 4 (Pla2g4), mRNA"		BG084614	Mm.4186	Signal Transduction
2353						
2354	H3103B07	Mus musculus BCL2/adenovirus E1B 19 kDa-interacting protein 3-like (Bnip3l), mRNA		BG084628	Mm.142818	Apoptosis
2355						
2356	H3103D01	"Mus musculus protein phosphatase 1, catalytic subunit, gamma isoform (Ppp1cc), mRNA"		BG071790	Mm.7793	Signal Transduction
2357						
2358	H3103D11	"Mus musculus regulator of G-protein signaling 17 (Rgs17), mRNA"		BG071811	Mm.44606	Signal Transduction
2359						
2360	H3103E12	Mus musculus Bcl2-like 10 (Bcl2l10), mRNA		BG071824	Mm.25988	Apoptosis
2361						
2362	H3103F06	"Mus musculus small GTPase (Rab11a) gene, complete cds"		BG071829	Mm.1387	Signal Transduction
2363						

10

20

30

40

2364	H3104A11	Mus musculus thioredoxin-like (32kD)		BG071869	Mm.19169	Energy/Metabolism
2365		Mouse mRNA for beta-1,4-galactosyltransferase		BG071892	Mm.15622	Energy/Metabolism
2366						
2367						
2368	H3104E06	Mus musculus ATP-binding cassette protein (Abc1b) mRNA, partial cds		BG071908	Mm.41002	Energy/Metabolism
2369						
2370						
2371	H3105A09	Pseudomonas aeruginosa PA01, section 341 of 529 of the genome	Pseudomonas aeruginosa PA01, section 341 of 529 of the complete genome	BG071952		Energy/Metabolism
2372						
2373	H3105A10	eDNA FLJ12989 fis, clone NT2RP3000085, moderately similar to ACETYL-PROPIONYL-COENZYME A CARBOXYLASE ALPHA CHAIN [CONTAINS: BIOTIN CARBOXYLASE (EC 6.3.4.14); BIOTIN CARBOXYL CARRIER	Homo sapiens cDNA FLJ12989 fis, clone NT2RP3000085, moderately similar to ACETYL-PROPIONYL-COENZYME A CARBOXYLASE ALPHA CHAIN [CONTAINS: BIOTIN CARBOXYLASE (EC 6.3.4.14); BIOTIN CARBOXYL CARRIER	BG084872	Mm.154589	Energy/Metabolism
2374						
2375	H3105B07	"Mus musculus Cctz-2 gene for chaperonin containing TCP-1 zeta-2 subunit, exon 1, 2, 3"		BG084881	Mm.29622	Heat Shock/Stress
2376						
2377	H3105C03	CGI-30 protein (LOC51611),	Homo sapiens CGI-30 protein (LOC51611), mRNA	BG084888	Mm.5915	Energy/Metabolism
2378						
2379	H3105C04	natural killer cell BY55 precursor (By55-pending),	Mus musculus natural killer cell BY55 precursor (By55-pending), mRNA	BG084889	Mm.11526	Apoptosis
2380						
2381	H3105C10	"Mus musculus mRNA for LIMK2b, complete cds"		BG071976	Mm.42927	Signal Transduction
2382						
2383	H3105D09	masc apoptosis-associated speck-like protein containing CARD	Mus musculus masc mRNA for apoptosis-associated speck-like protein containing CARD, complete cds	BG071986	Mm.24163	Apoptosis

10

20

30

40

2384			tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein, theta polypeptide (Ywhaq),	Mus musculus tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein, theta polypeptide (Ywhaq), mRNA	BG084914	Mm.14722	Energy/Metabolism
2385	H3105E08						
2386			"Mus musculus mitogen-activated protein kinase kinase kinase 4				
2387	H3105G04		(Map4k4), mRNA"		BG084932	Mm.987	Signal Transduction
2388			pyrroline 5-carboxylate reductase isom	Homo sapiens pyrroline 5-carboxylate reductase isoform (P5CR2), mRNA	BG072021	Mm.29379	Energy/Metabolism
2389	H3105G10						
2390							
2391	H3107D11						
2392							
2393	H3107E03						
2394				Mus musculus alpha-N-acetylglucosaminidase			
2395	H3107G10		alpha-N-acetylglucosaminidase (Sanfilippo disease IIIB) (Naglu),	Mus musculus alpha-N-acetylglucosaminidase (Sanfilippo disease IIIB) (Naglu), mRNA	BG072192	Mm.6142	Energy/Metabolism
2396							
2397	H3107G12		carnitine octanoyltransferase (COT),	Homo sapiens carnitine octanoyltransferase (COT), mRNA	BG085029	Mm.28197	Energy/Metabolism
2398							
2399	H3108C03		3-5 exonuclease TREX1	Mus musculus 3-5 exonuclease TREX1 mRNA, complete cds	BG072232	Mm.17632	Energy/Metabolism
2400							
2401	H3108E02		"Homo sapiens mitogen-activated protein kinase 6 (MAPK6), mRNA"		BG072253	Mm.18856	Signal Transduction
2402							
2403	H3108E05		"Mus musculus RAS, dexamethasone-induced 1 (Rasd1), mRNA"		BG072256	Mm.3903	Signal Transduction
2404							
2405	H3108F08		TF-1 cell apoptosis related protein-15 (Tfar15),	Mus musculus TF-1 cell apoptosis related protein-15 (Tfar15), mRNA	BG085103	Mm.28441	Apoptosis

10

20

30

40

2406	H3108H04	"Mus musculus adenyl cyclase type 9 mRNA, complete cds"	"Mus musculus adenyl cyclase type 9 mRNA, complete cds"		BG072288	Mm.4294	Signal Transduction
2407	H3108H12	laminin B1	laminin B1	Mouse laminin B1 mRNA, complete cds	BG085129	Mm.148395	Apoptosis
2410	H3109A04	"Mus musculus receptor (calcitonin) activity modifying protein 2 (Ramp2), mRNA"	"Mus musculus receptor (calcitonin) activity modifying protein 2 (Ramp2), mRNA"		BG072299	Mm.1574	Signal Transduction
2412	H3109F07	ATPase, Ca++ transporting, cardiac muscle, slow twitch 2 (Atp2a2),	ATPase, Ca++ transporting, cardiac muscle, slow twitch 2 (Atp2a2), mRNA	Mus musculus ATPase, Ca++ transporting, cardiac muscle, slow twitch 2 (Atp2a2), mRNA	BG085195	Mm.42255	Energy/Metabolism
2414	H3110B08	tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein, theta polypeptide (Ywhaq),	tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein, theta polypeptide (Ywhaq), mRNA	Mus musculus tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein, theta polypeptide (Ywhaq), mRNA	BG085234	Mm.14722	Energy/Metabolism
2416	H3110B12	"Homo sapiens casein kinase I alpha isoform (CSNK1A1) mRNA, complete cds"	"Homo sapiens casein kinase I alpha isoform (CSNK1A1) mRNA, complete cds"		BG072410	Mm.43737	Signal Transduction
2418	H3110F10	epoxide hydrolase 1, microsomal (Ephx1),	epoxide hydrolase 1, microsomal (Ephx1), mRNA	Mus musculus epoxide hydrolase 1, microsomal (Ephx1), mRNA	BG072453	Mm.9075	Energy/Metabolism
2420	H3110H11	"Mouse brain calmodulin-dependent phosphatase (calcineurin) catalytic subunit mRNA, 3' end"	"Mouse brain calmodulin-dependent phosphatase (calcineurin) catalytic subunit mRNA, 3' end"		BG072475	Mm.293	Signal Transduction
2422	H3111A02	brain cDNA, clone MNCb-1429, similar to peroxiredoxin V (PrxV) gene	brain cDNA, clone MNCb-1429, similar to peroxiredoxin V (PrxV) gene	Mus musculus brain cDNA, clone MNCb-1429, similar to Mus musculus peroxiredoxin V (PrxV) gene	BG085276	Mm.30215	Energy/Metabolism

10

20

30

40

2424 2425	H3111A08	"Mus musculus signal transducer and transcription activator 5a (Stat5a) gene, partial cds"			BG085280		Signal Transduction
2426 2427	H3111F09	Rat Y-b3 glutathione-S-transferase	Rat Y-b3 glutathione-S-transferase mRNA, complete cds		BG072517	Mm.29640	Energy/Metabolism
2428 2429	H3111G06	arginase type II (Arg2),	Mus musculus arginase type II (Arg2), mRNA		BG085317	Mm.3506	Energy/Metabolism
2430 2431	H3111G12	zinc transporter like 2 (Znt12)	Mus musculus zinc transporter like 2 (Znt12) mRNA, complete cds		BG085322	Mm.28490	Energy/Metabolism
2432 2433	H3112A04	Mus musculus carnitine palmitoyltransferase 2 (Cpt2), mRNA			BG085333	Mm.29499	Matrix/Structural Proteins
2434 2435	H3112B05	"Homo sapiens calcium-regulated heat-stable protein (24kD) (CRHSP-24), mRNA"			BG072550	Mm.33981	Heat Shock/Stress
2436 2437	H3112B07	Rat mRNA for 3-oxoacyl-CoA thiolase			BG085346	Mm.142498	Energy/Metabolism
2438 2439	H3112F06	"Mus musculus Cctb gene for chaperonin containing TCP-1 beta subunit, complete cds"			BG085384	Mm.3670	Heat Shock/Stress
2440 2441	H3112G09	Mus musculus ATPase, H ⁺ transporting, lysosomal (vacuolar proton pump), 42 kDa (Atp6d), mRNA			BG085399	Mm.1081	Energy/Metabolism
2442 2443	H3113B07	13kDa differentiation-associated protein (LOC55967),	Homo sapiens 13kDa differentiation-associated protein (LOC55967), mRNA		BG085428	Mm.27886	Energy/Metabolism

10

20

30

40

2444			F1F0ATP synthase complex E subunit	Mus musculus F1F0ATP synthase complex E subunit (Atp5k) gene, complete cds		Mm.19370	Energy/Metabolism
2445	H3113B08		gene				
2446			"Mus musculus MAP kinase-interacting serine/threonine kinase 2 (Mknk2), mRNA"		BG085457	Mm.6797	Signal Transduction
2447	H3113E03						
2448			"Mus musculus kappaB-Ras1 mRNA, complete cds"		BG072675	Mm.25648	Signal Transduction
2449	H3113F04						
2450			ribonuclease/angiogenin inhibitor	Homo sapiens ribonuclease/angiogenin inhibitor (RNH), mRNA	BG085471	Mm.6586	Energy/Metabolism
2451	H3113F06						
2452			"Homo sapiens phospholipase C, gamma 2 (phosphatidylinositol-specific) (PLCG2), mRNA"		BG085484	Mm.22370	Signal Transduction
2453	H3113G07						
2454			ornithine decarboxylase antizyme 3	Mus musculus ornithine decarboxylase antizyme 3 (Oaz3), mRNA	BG085485	Mm.154432	Energy/Metabolism
2455	H3113G08						
2456			"Mus musculus manic fringe homolog (Drosophila) (Mfng), mRNA"		BG072704	Mm.517	Signal Transduction
2457	H3113H12						
2458			glutathione peroxidase 4 (Gpx4),	Mus musculus glutathione peroxidase 4 (Gpx4), mRNA	BG072706	Mm.2400	Energy/Metabolism
2459	H3114A05						
2460			spermidine/spermine N1-acetyl transferase (Sat),	Mus musculus spermidine/spermine N1-acetyl transferase (Sat), mRNA	BG085499	Mm.2734	Energy/Metabolism
2461	H3114A06						
2462			cytosolic class 3 aldehyde dehydrogenase (Adh4) gene, 5 flanking region sequence	Mus musculus cytosolic class 3 aldehyde dehydrogenase (Adh4) gene, 5 flanking region sequence	BG085522	Mm.14798	Energy/Metabolism
2463	H3114C12						
2464			M.musculus RPS3a gene	M.musculus RPS3a gene	BG072742	Mm.6957	Apoptosis
2465	H3114D10						

10

20

30

40

2466	H3114F11	Mus musculus interferon gamma receptor 2 (Ifngr2), mRNA			BG085554	Mm.153463	Signal Transduction
2468	H3114G12	"Mus musculus copper chaperone for superoxide dismutase (Ccsd) mRNA, complete cds"			BG072776	Mm.21414	Heat Shock/Stress
2470	H3114H06	PIG-M mannosyltransferase	Rattus norvegicus PIG-M mRNA for mannosyltransferase, complete cds		BG085572	Mm.26612	Energy/Metabolism
2472	H3115A05	"Mus musculus phospholipase C, delta (Pied), mRNA"			BG085579	Mm.23963	Signal Transduction
2473	H3115B07	Mus musculus S100A9 gene for protein exons 1-3			BG072801	Mm.2128	Signal Transduction
2475	H3115C02	clone UWGC:mbac82 from 14D1-D2 (T-Cell Receptor Alpha Locus), complete sequence	Mus musculus clone UWGC:mbac82 from 14D1-D2 (T-Cell Receptor Alpha Locus), complete sequence		BG072808	Mm.353	Energy/Metabolism
2477	H3115C11	"Mus musculus protein phosphatase 2A B'alpha3 regulatory subunit mRNA, partial cds"			BG072817	Mm.3785	Signal Transduction
2479	H3115D08	F1F0-ATP synthase, g subunit	Mus musculus mRNA for F1F0-ATP synthase, g subunit		BG072826	Mm.14663	Energy/Metabolism
2481	H3115H06	ribosomal protein L29				Mm.2235	Energy/Metabolism
2483	H3115H10	ATP synthase gamma-subunit precursor	Mus musculus mRNA for ATP synthase gamma-subunit precursor, complete cds		BG072870	Mm.12677	Energy/Metabolism
2485	H3116D11	cytochrome c oxidase, subunit VIIa 3 (Cox7a3), mRNA	Mus musculus cytochrome c oxidase, subunit VIIa 3 (Cox7a3), mRNA		BG072912	Mm.2151	Energy/Metabolism

10

20

30

40

2487		"Mus musculus adenylate cyclase activating polypeptide 1 receptor 1 (Acyap1rl), mRNA"			BG085699	Mm.44245	Signal Transduction
2488	H3116E02						Energy/Metabolism
2489	H3116G12						
2490							
2491							
2492	H3117A12	kinesin-related mitotic motor protein				Mm.42203	
2493							
2494	H3117C04	"Homo sapiens MEBP-1 mRNA for MAPK-ERK binding protein-1, complete cds"			BG072981	Mm.6803	Heat Shock/Stress
2495							
2496	H3117G06	Rat glycogen phosphorylase brain isozyme, 5 end of cds			BG073025	Mm.30072	Energy/Metabolism
2497							
2498	H3118E12	apoptosis inhibitor bcl-x (bcl-x) gene, exon 3 and cds			AW548292	Mm.148197	Apoptosis
2499	H3118H09	mastocytoma N-deacetylase/N-sulfotransferase (Mndns), mRNA			BG085858	Mm.4084	Energy/Metabolism
2500							
2501	H3119A04	H+ ATP synthase subunit c			BG085863	Mm.258	Energy/Metabolism
2502							Heat Shock/Stress
2503	H3119B04						
2504							
2505	H3119B06	Na,K-ATPase beta-3 subunit (Atp1b3) gene, exon 7 and cds			BG073136	Mm.424	Energy/Metabolism
2506							
2507	H3119B09	cytochrome b-561 (Cyb561), mRNA			BG085878	Mm.18942	Energy/Metabolism

10

20

30

40

2508	H3119G03	"Mus musculus protein tyrosine phosphatase 4a1 (Ptp4a1), mRNA"			BG073186	Mm.28909	Signal Transduction
2509							
2510	H3119G08	glutathione S-transferase, alpha 4 (Gsta4), mRNA	Mus musculus glutathione S-transferase, alpha 4 (Gsta4), mRNA		BG073190	Mm.2662	Energy/Metabolism
2511							
2512	H3119G12	cDNA DKFZp564A126 (from clone DKFZp564A126); partial cds	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp564A126 (from clone DKFZp564A126); partial cds		BG085933	Mm.22710	Energy/Metabolism
2513							
2514	H3119H03	Mus musculus FVB/N collagen pro-alpha-1 type I chain mRNA, complete cds			BG073196	Mm.22621	Matrix/Structural Proteins
2515							
2516	H3119H04	fatty-acid-Coenzyme A ligase, long-chain 3 (FACL3), mRNA	Homo sapiens fatty-acid-Coenzyme A ligase, long-chain 3 (FACL3), mRNA		BG073197	Mm.27944	Energy/Metabolism
2517							
2518	H3119H06	"Homo sapiens casein kinase 1, gamma 2 (CSNK1G2), mRNA"			BG085938	Mm.29873	Signal Transduction
2519							
2520	H3120A10	isocitrate dehydrogenase	Mus musculus isocitrate dehydrogenase mRNA, complete cds		BG085953	Mm.2966	Energy/Metabolism
2521							
2522	H3120D01	"Mus musculus MEK kinase 3, mRNA, partial cds"			BG085978	Mm.27041	Signal Transduction
2523							
2524	H3120F08	geranylgeranyl diphosphate synthase 1 (Ggps1), mRNA	Mus musculus geranylgeranyl diphosphate synthase 1 (Ggps1), mRNA		BG086008	Mm.4076	Energy/Metabolism
2525							
2526	H3120H05	full length insert cDNA clone ZC24D06	Homo sapiens full length insert cDNA clone ZC24D06		BG086026		Energy/Metabolism
2527							
2528	H3121A04	protein phosphatase type-1 catalytic subunit delta isom (PPCS1D)	Homo sapiens protein phosphatase type-1 catalytic subunit delta isoform (PPCS1D) mRNA, complete cds		BG086037	Mm.4572	Energy/Metabolism
2529							

10

20

30

40

2530	H3121C02	"Mus musculus follistatin-like (Fstl), mRNA"		BG086054	Mm.22763	Signal Transduction
2531		retinal short-chain dehydrogenase/reductase 1 (Rsdr1-pending), mRNA	Mus musculus retinal short-chain dehydrogenase/reductase 1 (Rsdr1-pending), mRNA			
2532	H3121E04			BG086076	Mm.14063	Energy/Metabolism
2533						
2534		"Mus musculus heat-responsive protein 12 (Hrsp12), mRNA"		BG073398	Mm.2607	Heat Shock/Stress
2535	H3122B07					
2536		"Mus musculus heat shock protein, 74 kDa, A (Hspa9a), mRNA"		BG073420	Mm.2849	Heat Shock/Stress
2537	H3122D07					
2538		ATP synthase beta subunit (ATPSB) gene	Human ATP synthase beta subunit (ATPSB) gene, complete cds	BG073436	Mm.17869	Energy/Metabolism
2539	H3122E12					
2540		ATP synthase beta subunit (ATPSB) gene	Human ATP synthase beta subunit (ATPSB) gene, complete cds	BG073437	Mm.17869	Energy/Metabolism
2541	H3122F01					
2542		ATP-binding cassette, sub-family D (ALD), member 4 (Abcd4), mRNA	Mus musculus ATP-binding cassette, sub-family D (ALD), member 4 (Abcd4), mRNA	BG086172	Mm.87806	Energy/Metabolism
2543	H3122F04					
2544		sterol-carrier protein X	Mus musculus sterol-carrier protein X mRNA, complete cds	BG086180	Mm.1779	Matrix/Structural Proteins
2545	H3122F12					
2546		sterol-carrier protein X	Mus musculus sterol-carrier protein X mRNA, complete cds	BG086181	Mm.1779	Matrix/Structural Proteins
2547	H3122G01					
2548		brain cDNA, clone MNCb-0663, similar to augmenter of liver regeneration (Alr)	Mus musculus brain cDNA, clone MNCb-0663, similar to Mus musculus augmenter of liver regeneration (Alr) mRNA			
2549	H3122H03			BG086194	Mm.28124	
2550		"Mus musculus GNB3 gene for GTP-binding protein beta3 subunit, complete cds"				
2551	H3123C04			BG073494	Mm.35708	Signal Transduction

10

20

30

40

2552					Homo sapiens BCL2/adenovirus E1B 19kD-interacting protein 1 (BNIP1), mRNA	BG073508	Mm.21795	Apoptosis
2553	H3123D10	BCL2/adenovirus E1B 19kD-interacting protein 1 (BNIP1),						
2554		mannoside			Mus musculus mannoside			
2555	H3123G10	acetylglucosaminyltransferase 1 (Mgat1),			acetylglucosaminyltransferase 1 (Mgat1), mRNA	BG073537	Mm.2672	Energy/Metabolism
2556								
2557	H3123H05	"Homo sapiens tumor protein p53-binding protein, 2 (TP53BP2), mRNA"				BG086271	Mm.23595	Signal Transduction
2558								
2559	H3123H07	novel cell death-regulatory protein GRIM19 (Grim19)			Mus musculus novel cell death-regulatory protein GRIM19 (Grim19) mRNA, complete cds	BG086273	Mm.21162	Apoptosis
2560								
2561	H3124B02	"Mus musculus cold inducible RNA-binding protein (Cirbp), mRNA"				BG086286	Mm.17898	Heat Shock/Stress
2562								
2563	H3124D02	ferrochelatase (Fechl),			Mus musculus ferrochelatase (Fechl), mRNA	BG086309	Mm.1070	Energy/Metabolism
2564								
2565	H3124D04	caspase 9 (Casp9),			Mus musculus caspase 9 (Casp9), mRNA	BG086310	Mm.102926	Apoptosis
2566								
2567	H3124D06	DNA fragmentation factor, 40 kD, beta subunit (Dffb),			Mus musculus DNA fragmentation factor, 40 kD, beta subunit (Dffb), mRNA	BG086312	Mm.38853	Apoptosis
2568								
2569	H3124D11	mitotic arrest deficient 1-like 1 (Mad11),			Mus musculus mitotic arrest deficient 1-like 1 (Mad11), mRNA		Mm.27250	Cell Cycle
2570								
2571	H3124E02	hepatocyte growth factor-like protein gene			Mouse hepatocyte growth factor-like protein gene, complete cds	BG073592	Mm.21989	Energy/Metabolism
2572								
2573	H3124F04	microsomal glutathione S-transferase (Gst),			Mus musculus microsomal glutathione S-transferase (Gst), mRNA	BG086330	Mm.14796	Energy/Metabolism

10

20

30

40

2574		NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 10 (22kD, PDSW) (NDUFB10),	Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 10 (22kD, PDSW) (NDUFB10), mRNA	BG086348	Mm.8688		Energy/Metabolism
2575	H3124H01						
2576		"Mus musculus glycogen synthase kinase 3 beta (Gsk3b), mRNA"		BG086363			Signal Transduction
2577	H3125A06						
2578							
2579	H3125A09	glutathione peroxidase 3 (Gpx3),	Mus musculus glutathione peroxidase 3 (Gpx3), mRNA	BG073718	Mm.7156		Energy/Metabolism
2580							
2581	H3125B05	"Homo sapiens heat shock transcription factor 2 binding protein (HSF2BP), mRNA"					
2582							
2583	H3125C08	ribonuclease III (RN3)	Homo sapiens ribonuclease III (RN3) mRNA, complete cds	BG086370	Mm.75856		Heat Shock/Stress
2584							
2585	H3125C10	major histocompatibility locus class III regions Hsc70t gene, partial cds; smRNP, G7A, NG23, MutS homolog, CLCP, NG24, NG25, and NG26 genes; and unknown genes	Mus musculus major histocompatibility locus class III regions Hsc70t gene, partial cds; smRNP, G7A, NG23, MutS homolog, CLCP, NG24, NG25, and NG26 genes, complete cds; and unknown genes	BG086380	Mm.1457		Energy/Metabolism
2586							
2587	H3125D09	"Homo sapiens suppression of tumorigenicity 13 (colon carcinoma) (Hsp70-interacting protein) (ST13), mRNA"		BG086389	Mm.4908		Heat Shock/Stress
2588							
2589	H3125E01	cytosolic acyl coenzyme A thioester hydrolase (HBACH),	Homo sapiens cytosolic acyl coenzyme A thioester hydrolase (HBACH), mRNA	BG086391	Mm.142740		Energy/Metabolism
2590							
2591	H3125F03	thioredoxin (Txn),	Mus musculus thioredoxin (Txn), mRNA	BG086400	Mm.1275		Energy/Metabolism

10

20

30

40

2592	H3125F07	protein translocase, JM26 protein, UDP-galactose translocator, pim-2 protooncogene homolog pim-2h, and shal-type potassium channel genes; JM12 protein and transcription	Homo sapiens protein translocase, JM26 protein, UDP-galactose translocator, pim-2 protooncogene homolog pim-2h, and shal-type potassium channel genes, complete cds; JM12 protein and transcription		Mm.27393	Matrix/Structural Proteins
2594	H3125H05	M.musculus RPS3a gene	M.musculus RPS3a gene		Mm.16228	Apoptosis
2596	H3126B12	"Mus musculus protein kinase inhibitor, gamma (Pkig), mRNA"		BG086437	Mm.10091	Signal Transduction
2598	H3126C12	protease (prosome, macropain) 28 subunit, alpha (Psmel), mRNA	Mus musculus protease (prosome, macropain) 28 subunit, alpha (Psmel), mRNA	BG073636	Mm.830	Energy/Metabolism
2600	H3126F10	spermine synthase (Sms), mRNA	Mus musculus spermine synthase (Sms), mRNA	BG086479	Mm.3553	Energy/Metabolism
2602	H3127G03	palmitoyl-protein thioesterase (Ppt), cDNA FLJ13974 fis, clone Y79AA1001581, weakly similar to ACETYL-COENZYME A SYNTHETASE (EC 6.2.1.1)	Mus musculus palmitoyl-protein thioesterase (Ppt), mRNA	BG086559	Mm.43660	Energy/Metabolism
2604	H3127G08	s-adenosylmethionine synthetase	Homo sapiens cDNA FLJ13974 fis, clone Y79AA1001581, weakly similar to ACETYL-COENZYME A SYNTHETASE (EC 6.2.1.1)	BG086562	Mm.41565	Energy/Metabolism
2606	H3128D01	thioredoxin interacting factor (Vdup1) gene	Mouse s-adenosylmethionine synthetase mRNA	BG086604	Mm.14064	Energy/Metabolism
2608	H3128D02	solute carrier family 4 (anion exchanger), member 1 (Slc4a1), mRNA	Mus musculus thioredoxin interacting factor (Vdup1) gene, complete cds	BG086605	Mm.77432	Energy/Metabolism
2610	H3129C03		Mus musculus solute carrier family 4 (anion exchanger), member 1 (Slc4a1), mRNA	BG086676	Mm.7248	Energy/Metabolism

10

20

30

40

2612				Mus musculus protein-L-isoaspartate (D-aspartate) O-methyltransferase 1 (Pcm1), mRNA	BG086679	Mm.25169	Energy/Metabolism
2613	H3129C06	protein-L-isoaspartate (D-aspartate) O- methyltransferase 1 (Pcm1),					
2614		"Homo sapiens candidate tumor suppressor p33 ING1 homolog LOC51147", mRNA"					
2615	H3129D08				BG086692	Mm.43482	Signal Transduction
2616							
2617	H3129E06	OXA1L gene sequence		Homo sapiens OXA1L gene complete sequence	BG086699	Mm.142455	Apoptosis
2618							
2619	H3129E10	"Mus musculus Pro-rich, PH, SH2 domain-containing signaling mediator PSM) mRNA, complete cds"			BG086702	Mm.8538	Signal Transduction
2620							
2621	H3129E12	Mus musculus IFN alpha-treated embryonic fibroblast mRNA			BG086704	Mm.23836	Heat Shock/Stress
2622							
2623	H3129F04	clone TA-9 ATP synthase b chain homolog, partial cds		Mus musculus clone TA-9 ATP synthase b chain homolog mRNA, partial cds		Mm.30112	Energy/Metabolism
2624							
2625	H3129G02	serine palmitoyltransferase, long chain base subunit 1 (Sptlc1),		Mus musculus serine palmitoyltransferase, long chain base subunit 1 (Sptlc1), mRNA	BG074002	Mm.6505	Energy/Metabolism
2626							
2627	H3129G06	peroxisomal assembly protein PEX3P (Pex3) gene, promoter and exon 1		Mus musculus peroxisomal assembly protein PEX3P (Pex3) gene, promoter and exon 1	BG086720		Energy/Metabolism
2628							
2629	H3129H03	hydroxylacyl-Coenzyme A dehydrogenase (Hadh),		Mus musculus hydroxylacyl-Coenzyme A dehydrogenase (Hadh), mRNA	BG086728	Mm.2491	Energy/Metabolism
2630							
2631	H3129H05	K-CI cotransporter KCC3		Homo sapiens K-Cl cotransporter KCC3 mRNA, complete cds	BG086729	Mm.21915	Energy/Metabolism
2632							
2633	H3130B10	SERCA2 gene, alternative transcripts		Mus musculus SERCA2 gene, alternative transcripts	BG074044	Mm.42255	Energy/Metabolism

2634	H3130B11	"Mouse Cu-Zn superoxide dismutase mRNA, complete cds"		BG074045	Mm.5274	Heat Shock/Stress
2635	H3130C02	"Mus musculus calcineurin inhibitor mRNA, complete cds, alternatively spliced"		BG086761	Mm.56	Signal Transduction
2636	H3130D06	Na,K-ATPase beta subunit (ATP1B) gene, exons 1 and 2	Human Na,K-ATPase beta subunit (ATP1B) gene, exons 1 and 2	BG086774		Energy/Metabolism
2637	H3130D08	NADH/NADPH mitogenic oxidase subunit p65-mox	Rattus norvegicus NADH/NADPH mitogenic oxidase subunit p65-mox mRNA, complete cds		Mm.2866	
2638	H3130H07	3-hydroxy-3-methylglutaryl-Coenzyme A synthase 2 mHS			Mm.10633	
2639	H3131A03	"Mus musculus heat shock protein, 86 kDa 1 (Hsp86-1), mRNA"		BG074109	Mm.1843	Heat Shock/Stress
2640	H3131A05	ATP synthase gamma-subunit precursor	Mus musculus mRNA for ATP synthase gamma-subunit precursor, complete cds	BG074111	Mm.12677	Energy/Metabolism
2641	H3131A07	enoyl coenzyme A hydratase 1, peroxisomal (Ech1), mRNA	Mus musculus enoyl coenzyme A hydratase 1, peroxisomal (Ech1), mRNA	BG074113	Mm.2112	Energy/Metabolism
2642	H3131A12	MA-3 (apoptosis-related gene)	Mouse MA-3 (apoptosis-related gene) mRNA, complete cds	BG086831	Mm.26035	Apoptosis
2643	H3131B04	sterol-carrier protein X	Mus musculus sterol-carrier protein X mRNA, complete cds	BG086835	Mm.1779	Matrix/Structural Proteins
2644	H3131C10	dolichyl-di-phosphooligosaccharide-protein glycotransferase (Ddot), mRNA	Mus musculus dolichyl-di-phosphooligosaccharide-protein glycotransferase (Ddot), mRNA	BG074138	Mm.7236	Energy/Metabolism

10

20

30

40

2656				Mus musculus solute carrier family 39 (iron-regulated transporter), member 1 (Slc39a1), mRNA	BG074144	Mm.28756	Energy/Metabolism
2657	H3131D05	solute carrier family 39 (iron-regulated transporter), member 1 (Slc39a1),		Mus musculus caspase 12 (Casp12), mRNA	BG086881	Mm.42163	Apoptosis
2658							
2659	H3131G02	caspase 12 (Casp12),			BG086892	Mm.30016	Signal Transduction
2660		H.sapiens gene for rho GDP					
2661	H3131H01	dissociation inhibitor (GDI)			BG086925	Mm.734	Signal Transduction
2662							
2663	H3132C10	"Mus musculus neuroblastoma ras oncogene (Nras), mRNA"			BG074245	Mm.23923	Signal Transduction
2664							
2665	H3132F06	"Homo sapiens pleiomorphic adenoma gene-like 2 (PLAGL2), mRNA"					
2666							
2667	H3132G04	"Homo sapiens ER-associated DNAJ; ER-associated Hsp40 co-chaperone; hDj9; ERj3 (LOC51726), mRNA"			BG086936	Mm.37516	Heat Shock/Stress
2668							
2669	H3132G09	vacuolar ATPase subunit H		Homo sapiens vacuolar ATPase subunit H mRNA, complete cds	BG086960	Mm.27082	Energy/Metabolism
2670							
2671	H3132H07	"Mus musculus tumor susceptibility protein 101 (tsg101) gene, complete cds"			BG086965	Mm.22688	Signal Transduction
2672							
2673	H3133A06	glutathione S-transferase, mu 1 (Gstm1),		Mus musculus glutathione S-transferase, mu 1 (Gstm1), mRNA	BG086970	Mm.2011	Energy/Metabolism
2674							
2675	H3133B05	cytochrome c oxidase subunit VIb (COX6B),		Homo sapiens cytochrome c oxidase subunit VIb (COX6B), mRNA	BG074277	Mm.400	Energy/Metabolism
2676							
2677	H3133C08	"Mus musculus RAB7, member RAS oncogene family (Rab7), mRNA"			BG086994	Mm.4268	Signal Transduction

10

20

30

40

2678		NADH dehydrogenase (ubiquinone)	Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) flavoprotein 2 (24kD) (NDUFV2), mRNA	BG087002	Mm.2206	Energy/Metabolism
2679	H3133D04	flavoprotein 2 (24kD) (NDUFV2),				
2680						
2681	H3133D06				Mm.21535	Heat Shock/Stress
2682		glycine amidinotransferase (L-arginine:glycine amidinotransferase)	Homo sapiens glycine amidinotransferase (L-arginine:glycine amidinotransferase) (GATM), mRNA			
2683	H3133E07	(GATM),		BG087011	Mm.29975	Energy/Metabolism
2684		"Mus musculus heat shock 70 protein				
2685	H3133H01	(Hsc70) gene, complete cds"		BG087043	Mm.2144	Heat Shock/Stress
2686						
2687	H3133H05	M.musculus arylsulfatase A	M.musculus mRNA for arylsulfatase A	BG087046	Mm.620	Energy/Metabolism
2688		voltage-dependent anion channel 3	Mus musculus voltage-dependent anion channel 3 (Vdac3), mRNA			
2689	H3133H07	(Vdac3),		BG087048	Mm.133962	Energy/Metabolism
2690		DNA, DLEC1 to ORCTL4 gene region,	Homo sapiens DNA, DLEC1 to ORCTL4 gene region, section 1/2 (DLEC1, ORCTL3, ORCTL4 genes, complete cds)			
2691	H3134C07	ORCTL4 genes)		BG087037	Mm.42275	Energy/Metabolism
2692		GrpE-like 2, mitochondrial mt-				
2693	H3134D06	GrpE#2			Mm.12959	Heat Shock/Stress
2694		NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1	Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha subcomplex, 8 (19kD, PGIV) (NDUFA8), mRNA			
2695	H3135A03	(NDUFA8),		BG087056	Mm.19834	Energy/Metabolism
2696		cDNA DKFZp434D175 (from clone	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp434D175 (from clone			
2697	H3135B06	DKFZp434D175); partial cds	DKFZp434D175); partial cds	BG087066	Mm.30110	Energy/Metabolism
2698						
2699	H3135B10	"Mus musculus PL-6 (P16), mRNA"		BG087070	Mm.27312	Signal Transduction

2700					Mus musculus galactose-1-phosphate uridylyltransferase (GALT) gene, complete cds	BG087088	Mm.2420	Energy/Metabolism
2701	H3135D06	galactose-1-phosphate uridylyltransferase (GALT) gene						Energy/Metabolism
2702								Heat Shock/Stress
2703	H3135F04	Mm.87124					Mm.87124	Energy/Metabolism
2704	H3135F06							Heat Shock/Stress
2705								Energy/Metabolism
2706	H3135G03	serine protease inhibitor 3 (Spi3),			Mus musculus serine protease inhibitor 3 (Spi3), mRNA	BG087117	Mm.2623	Energy/Metabolism
2707								Energy/Metabolism
2708	H3135G07	protoporphyrinogen oxidase (Ppox),			Mus musculus protoporphyrinogen oxidase (Ppox), mRNA	BG087120	Mm.4730	Energy/Metabolism
2709								Energy/Metabolism
2710	H3135H04	rhodanese (Tst)			Mus musculus rhodanese (Tst) mRNA, complete cds		Mm.15312	Energy/Metabolism
2711								Energy/Metabolism
2712	H3135H10	D-dopachrome tautomerase gene			Mus musculus D-dopachrome tautomerase gene, complete cds	BG087134	Mm.5731	Energy/Metabolism
2713								Energy/Metabolism
2714	H3136A06	calcium-sensitive chloride conductance protein-1 (mCLCA1)			Mus musculus calcium-sensitive chloride conductance protein-1 (mCLCA1) mRNA, complete cds	BG087141	Mm.20897	Energy/Metabolism
2715								Energy/Metabolism
2716	H3136B09	branched chain ketoacid dehydrogenase E1, alpha polypeptide (Bckdha),			Mus musculus branched chain ketoacid dehydrogenase E1, alpha polypeptide (Bckdha), mRNA	BG087153	Mm.25848	Energy/Metabolism
2717								Apoptosis
2718	H3136C07	BCL2/adenovirus E1B 19 kDa- interacting protein 1, NIP3 (Bnip3),			Mus musculus BCL2/adenovirus E1B 19 kDa-interacting protein 1, NIP3 (Bnip3), mRNA	BG087162	Mm.2159	Apoptosis
2719								Energy/Metabolism
2720	H3136D05	serine protease			Mus musculus serine protease mRNA, complete cds	BG087171	Mm.24276	Energy/Metabolism
2721								Energy/Metabolism
2722	H3136E12	gene uncoupling protein-2			Mus musculus gene for uncoupling protein-2, complete cds		Mm.144413	Energy/Metabolism
2723								Energy/Metabolism
2724	H3136F07	guanine monophosphate synthetase (GMPS), mRNA			Homo sapiens guanine monophosphate synthetase (GMPS), mRNA	BG087194	Mm.28299	Energy/Metabolism

10

20

30

40

2725	H3136F10	serine protease inhibitor 3 (Spi3),	Mus musculus serine protease inhibitor 3 (Spi3), mRNA	BG087196		Energy/Metabolism
2726						
2727		solute carrier family 12, member 2	Mus musculus solute carrier family 12, member 2 (Slc12a2), mRNA	BG074576	Mm.4168	Energy/Metabolism
2728	H3136G10					
2729		"Mus musculus Ikb kinase-beta (Ikbb) mRNA, complete cds"		BG087220	Mm.28269	Signal Transduction
2730	H3136H12		Mus musculus pyruvate decarboxylase (Pcx), mRNA	BG087228	Mm.1845	Energy/Metabolism
2731	H3137A09	pyruvate decarboxylase (Pcx),	Mus musculus ornithine aminotransferase (Oat), mRNA	BG087236	Mm.13694	Energy/Metabolism
2732						
2733	H3137B06	ornithine aminotransferase (Oat),		BG087239	Mm.41604	Signal Transduction
2734		"Homo sapiens Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 4 (ARHGGEF4), mRNA"				
2735	H3137B09			BG087249	Mm.38313	Energy/Metabolism
2736		ATP-binding cassette, sub-family A (ABCA1), member 3 (ABCA3),	Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family A (ABCA1), member 3 (ABCA3), mRNA			
2737	H3137C10			BG087256	Mm.5831	Energy/Metabolism
2738		ATP-binding cassette, sub-family E (ABCE1), member 1 (Abce1),	Mus musculus ATP-binding cassette, sub-family E (OABP), member 1 (Abce1), mRNA			
2739	H3137D07			BG074630	Mm.18630	Energy/Metabolism
2740		ATP-binding cassette, sub-family E (OABP), member 1 (Abce1),				
2741	H3137D08	VLCAD gene	Mus musculus VLCAD gene	BG074631	Mm.4580	Energy/Metabolism
2742						
2743		solute carrier family 4 (anion exchanger), member 2 (Slc4a2),	Mus musculus solute carrier family 4 (anion exchanger), member 2 (Slc4a2), mRNA			
2744	H3137D09			BG087262	Mm.21669	Energy/Metabolism
2745		NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 2 (49kD) (NADH-coenzyme Q reductase) (NDUFS2),	Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 2 (49kD) (NADH-coenzyme Q reductase) (NDUFS2), mRNA			
2746	H3137E02					

10

20

30

40

2747		anion exchanger 3 brain and anion exchanger 3 cardiac isoforms (Slc4a3) gene, alternatively spliced	Mus musculus anion exchanger 3 brain and anion exchanger 3 cardiac isoforms (Slc4a3) gene, complete cds, alternatively spliced	BG074636	Mm.5053	Energy/Metabolism
2748	H3137E03	ribosomal protein L17 isolog (LOC63875),	Homo sapiens ribosomal protein L17 isolog (LOC63875), mRNA	BG087283	Mm.44225	Energy/Metabolism
2749	H3137G05	Mouse mRNA for protein tyrosine phosphatase PTP9		BG087286	Mm.4220	Signal Transduction
2750	H3137G09	neuronal apoptosis inhibitory protein 6 (Naip6) gene; and Naip3 gene, exons 2-9 and 11-16	Mus musculus neuronal apoptosis inhibitory protein 6 (Naip6) gene, complete cds; and Naip3 gene, exons 2-9 and 11-16	BG087312	Mm.13437	Apoptosis
2753	H3138B02	phosphoglucosyltransferase 1 (PGM1), mRNA	Homo sapiens phosphoglucosyltransferase 1 (PGM1), mRNA	BG087325	Mm.22403	Energy/Metabolism
2754	H3138B04	hypothetical protein FLJ10545 (FLJ10545), mRNA	Homo sapiens hypothetical protein FLJ10545 (FLJ10545), mRNA	BG074710	Mm.9870	Energy/Metabolism
2755	H3138D04	voltage-dependent anion channel 2 (Vdac2), mRNA	Mus musculus voltage-dependent anion channel 2 (Vdac2), mRNA	BG087336	Mm.569	Energy/Metabolism
2756	H3138D07	aldehyde dehydrogenase 5 (ALDH5), mRNA	Homo sapiens aldehyde dehydrogenase 5 (ALDH5), mRNA	BG087349	Mm.24457	Energy/Metabolism
2757	H3138E10	ADP-ribosylation factor 4 (Arf4), mRNA	Mus musculus ADP-ribosylation factor 4 (Arf4), mRNA	BG087356	Mm.1486	Energy/Metabolism
2758	H3138F05	solute carrier family 22 (organic cation transporter), member 5 (Slc22a5), mRNA	Mus musculus solute carrier family 22 (organic cation transporter), member 5 (Slc22a5), mRNA	BG087364	Mm.42253	Energy/Metabolism

2767	H3138G09	alpha glucosidase 2, alpha neutral subunit (G2an),	Mus musculus alpha glucosidase 2, alpha neutral subunit (G2an), mRNA	BG087370	Mm.3196	Energy/Metabolism
2768						
2769	H3138H04	long-chain acyl-CoA synthetase	Homo sapiens mRNA for long-chain acyl-CoA synthetase, complete cds	BG074754	Mm.28962	Energy/Metabolism
2770						
2771	H3138H07	78 kDa gastrin-binding protein	Human 78 kDa gastrin-binding protein mRNA, complete cds	BG087380	Mm.16773	Energy/Metabolism
2772						
2773	H3138H10	M.musculus mRNA for cathepsin D		BG087383	Mm.2147	Signal Transduction
2774						
2775		"Mus musculus protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 13 interacting protein (Ptpn13ip), mRNA"				
2776	H3139B06			BG087401	Mm.5400	Signal Transduction
2777						
2778	H3139C01	ubi-d4/requiem gene, exons 2 through 11 and partial cds	Mus musculus ubi-d4/requiem gene, exons 2 through 11 and partial cds	BG087408	Mm.2651	Apoptosis
2779						
2780	H3139E01	"Mus musculus heat shock 70 protein (Hsc70) gene, complete cds"		BG087426		Heat Shock/Stress
2781						
2782	H3139F01	sterol O-acyltransferase 1 (Soat1),	Mus musculus sterol O-acyltransferase 1 (Soat1), mRNA	BG087432	Mm.28099	Energy/Metabolism
2783						
2784	H3140A02	solute carrier family 9 (sodium/hydrogen exchanger), member 1 (Slc9a1),	Mus musculus solute carrier family 9 (sodium/hydrogen exchanger), member 1 (Slc9a1), mRNA	BG087460	Mm.4312	Energy/Metabolism
2785						
2786	H3140A08	"Mus musculus mitogen activated protein kinase 14 (Mapk14), mRNA"		BG087465	Mm.4437	Signal Transduction

2787			CPT I=carnitine palmitoyltransferase I {3 region} [mice, JVS, hearts, Partial, Partial, 678 nt, segment 1 of 2]	CPT I=carnitine palmitoyltransferase I {3 region} [mice, JVS, hearts, mRNA Partial, 678 nt, segment 1 of 2]		Mm.18522	Energy/Metabolism
2788	H3140A09						
2789			major histocompatibility locus class III region:butyrophilin-like protein gene, partial cds; Notch4, PBX2, RAGE, lysophatidic acid acyl transferase-alpha, palmitoyl-protein thioestera	Mus musculus major histocompatibility locus class III region:butyrophilin-like protein gene, partial cds; Notch4, PBX2, RAGE, lysophatidic acid acyl transferase-alpha, palmitoyl-protein thioestera		Mm.1511	
2790	H3140B07						
2791			clone RP11-486I22, sequence	Homo sapiens clone RP11-486I22, complete sequence	BG074864	Mm.3479	Energy/Metabolism
2792	H3140C11						
2793			ectonucleotide	Homo sapiens ectonucleotide			
2794	H3140D05		pyrophosphatase/phosphodiesterase 5 (putative function) (ENPP5),	pyrophosphatase/phosphodiesterase 5 (putative function) (ENPP5), mRNA	BG087491	Mm.30145	Energy/Metabolism
2795			peroxiredoxin 3 (Prdx3),	Mus musculus peroxiredoxin 3 (Prdx3), mRNA	BG087493	Mm.29821	Energy/Metabolism
2796	H3140D07						
2797			electron-transfer-flavoprotein, alpha	Homo sapiens electron-transfer- flavoprotein, alpha polypeptide			
2798	H3140D12		polypeptide (glutaric aciduria II) (ETFA),	(glutaric aciduria II) (ETFA), mRNA	BG087498	Mm.26949	Energy/Metabolism
2799							
2800	H3140E04		protein tyrosine phosphatase (70zshp)	Mouse protein tyrosine phosphatase (70zshp) mRNA, complete cds	BG074880	Mm.1484	Energy/Metabolism
2801							
2802	H3140E08		glutamate dehydrogenase (GluD),	Mus musculus glutamate dehydrogenase (GluD), mRNA	BG087506	Mm.10600	Energy/Metabolism
2803							
2804	H3141F03		solute carrier family 12, member 7 (Slc12a7),	Mus musculus solute carrier family 12, member 7 (Slc12a7), mRNA	BG087669	Mm.24510	Energy/Metabolism

10

20

30

40

2805	H3141G03	chs HMG CoA synthase , partial cds	Mus musculus chs HMG CoA synthase mRNA, partial cds	BG087678	Mm.10633	Matrix/Structural Proteins
2806						
2807		"Mus musculus protein phosphatase 2a, catalytic subunit, beta isoform (Ppp2cb), mRNA"				
2808	H3142A02			BG087694	Mm.7418	Signal Transduction
2809		ubiquinol-cytochrome c reductase core protein II (UQCRC2),	Homo sapiens ubiquinol-cytochrome c reductase core protein II (UQCRC2), mRNA			
2810	H3142A08			BG075002	Mm.988	Energy/Metabolism
2811						
2812	H3142E09	"Mus musculus tumor-suppressing subchromosomal transferable fragment 4 (Tssc4), mRNA"		BG087715	Mm.139675	Signal Transduction
2813	H3142G01				Mm.31203	Heat Shock/Stress
2814						
2815	H3142G02	methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NADP+ dependent), methenyltetrahydrofolate cyclohydrolase, myltetrahydrofolate synthetase (MTHFD1),	Homo sapiens methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NADP+ dependent), methenyltetrahydrofolate cyclohydrolase, formyltetrahydrofolate synthetase (MTHFD1), mRNA	BG087719	Mm.29584	Energy/Metabolism
2816						
2817	H3143D09	peroxisome membrane protein PEX2	Mus musculus peroxisome membrane protein PEX2 mRNA, complete cds	BG075110	Mm.16453	Energy/Metabolism
2818						
2819	H3143D10	"Mouse cAMP-dependent protein kinase alpha subunit gene, exon 10"		BG075111	Mm.19111	Signal Transduction
2820						
2821	H3143D12	presenilin-associated protein	Homo sapiens presenilin-associated protein mRNA, complete cds	BG087589	Mm.29650	Energy/Metabolism

10

20

30

40

2822	H3143H07	"Mus musculus osmotic stress protein 94 (Osp94) mRNA, complete cds"			BG075154	Mm.4150	Heat Shock/Stress
2823							
2824	H3144B03	NADH-ubiquinone dehydrogenase 1 beta subcomplex mRNA, complete cds	Homo sapiens NADH-ubiquinone dehydrogenase 1 beta subcomplex mRNA, complete cds		BG087636	Mm.4537	Energy/Metabolism
2825							
2826	H3144C01	glyoxalase I (GLO1),	Homo sapiens glyoxalase I (GLO1), mRNA		BG087642	Mm.17362	Energy/Metabolism
2827							
2828	H3144C11	"Mus musculus heat shock 70kD protein 5 (glucose-regulated protein, 78kD) mRNA"			BG087650	Mm.24162	Heat Shock/Stress
2829							
2830	H3144E06	neuronal cell death related gene in neuron -7 (DN-7)	Rattus norvegicus neuronal cell death related gene in neuron -7 (DN-7) mRNA, complete cds		AW555571	Mm.19440	Apoptosis
2831							
2832	H3144F09	"Homo sapiens RAB7, member RAS oncogene family-like 1 (RAB7L1), mRNA"			BG075214	Mm.34027	Signal Transduction
2833							
2834	H3144G02	"Homo sapiens phosphodiesterase 5A, cGMP-specific (PDE5A), mRNA"			BG087768	Mm.103149	Signal Transduction
2835	H3144H01	mitofilin, partial cds	Homo sapiens mitofilin mRNA, partial cds			Mm.10706	
2836							
2837		"Mus musculus partial Prkar1a gene for cAMP-dependent protein kinase regulatory subunit R1alpha, exons 8-10 and 3'UTR"					
2838	H3145A03				BG075240	Mm.30039	Signal Transduction
2839							
2840	H3145A06	zinc transporter ZnT-3 (ZnT-3)	Mus musculus zinc transporter ZnT-3 (ZnT-3) mRNA, complete cds		BG075243	Mm.1396	Energy/Metabolism

10

20

30

40

2841	H3145E01	H.sapiens gene phosphate carrier	H.sapiens gene for phosphate carrier	BG075286	Mm.5246	Energy/Metabolism
2842	H3145E12	hyaluronidase 2 (Hyal2),	Mus musculus hyaluronidase 2 (Hyal2), mRNA	BG075294	Mm.4834	Energy/Metabolism
2843	H3145F11					Heat Shock/Stress
2844	H3145H03	M.musculus mRNA for mitogen activated protein kinase (erk-1)		BG075319	Mm.8385	Signal Transduction
2845	H3145H09	peroxiredoxin 4 (Prdx4),	Mus musculus peroxiredoxin 4 (Prdx4), mRNA	BG075324	Mm.19127	Energy/Metabolism
2846	H3145H10	peroxiredoxin 4 (Prdx4),	Mus musculus peroxiredoxin 4 (Prdx4), mRNA	BG087872	Mm.19127	Energy/Metabolism
2847	H3146A04	"Mus musculus myo-inositol 1-phosphate synthase A1 (IsynA1) mRNA, complete cds"		BG075331	Mm.29357	Signal Transduction
2848	H3146B10	cDNA FLJ13847 fis, clone THYRO100852, highly similar to branched-chain amino acid aminotransferase (ECA40)	Homo sapiens cDNA FLJ13847 fis, clone THYRO100852, highly similar to Human branched-chain amino acid aminotransferase (ECA40) mRNA	BG087895	Mm.24210	Energy/Metabolism
2849	H3146F01	RHOA proto-oncogene multi-drug-resistance protein, 3' end	Homo sapiens RHOA proto-oncogene multi-drug-resistance protein mRNA, 3' end	BG087931	Mm.757	Energy/Metabolism
2850	H3146G06	cDNA: FLJ22871 fis, clone KAT02533	Homo sapiens cDNA: FLJ22871 fis, clone KAT02533		Mm.30065	Energy/Metabolism
2851	H3146H06	CTL2 gene	Homo sapiens CTL2 gene	BG087957	Mm.28209	Energy/Metabolism
2852	H3147B08	"Mus musculus RAB11B, member RAS oncogene family (Rab11b), mRNA"		BG087979	Mm.35727	Signal Transduction

10

20

30

40

2865	H3147D12	Mus musculus apoptosis inhibitory protein 5 (Api5), mRNA	BG088003	Mm.692	Apoptosis
2866					
2867		"Mus musculus signal transducer and activator of transcription 3 interacting protein 1 (Stat3ip1-pending), mRNA"			
2868	H3147E03		BG088006	Mm.25298	Signal Transduction
2869					
2870	H3147E04	"Mus musculus heat shock protein, 84 kDa 1 (Hsp84-1), mRNA"	BG088007	Mm.2180	Heat Shock/Stress
2871					
2872	H3147E05	"Mus musculus heat shock protein, 84 kDa 1 (Hsp84-1), mRNA"	BG088008	Mm.2180	Heat Shock/Stress
2873					
2874	H3147E06	"Mus musculus heat shock protein, 84 kDa 1 (Hsp84-1), mRNA"	BG088009	Mm.2180	Heat Shock/Stress
2875					
2876	H3148B04	ferredoxin reductase (Fdxr),	BG088056	Mm.4719	Energy/Metabolism
2877					
2878	H3148E08	ornithine decarboxylase antizyme gene	BG088091	Mm.683	Energy/Metabolism
2879					
2880	H3148F05	NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 1 (75kD) (NADH-coenzyme Q reductase) (NDUFS1), mRNA	BG088100	Mm.2041	Energy/Metabolism
2881					
2882	H3148G06	"Mus musculus MgcRacGAP mRNA for GTPase activating protein, complete cds"	BG088110	Mm.27141	Signal Transduction
2883					
2884	H3149B10	"Mus musculus protein kinase C, zeta (Pkez), mRNA"	BG088144	Mm.28561	Signal Transduction

10

20

30

40

2885					Mus musculus membrane protein, palmitoylated (55 kDa) (Mpp1), mRNA			Mm.2814	Matrix/Structural Proteins
2886	H3149B11	membrane protein, palmitoylated (55 kDa) (Mpp1)							
2887									
2888	H3149C10	triisophosphate isomerase (Tpi)			Mus musculus triisophosphate isomerase (Tpi), mRNA	BG075608	Mm.4222		Energy/Metabolism
2889									
2890	H3149E11	sodium channel, voltage-gated, type II, beta polypeptide (SCN2B)			Homo sapiens sodium channel, voltage- gated, type II, beta polypeptide (SCN2B), mRNA	BG088175			Energy/Metabolism
2891									
2892	H3149H04	5-3 exoribonuclease 2 (Xm2)			Mus musculus 5-3 exoribonuclease 2 (Xm2), mRNA	BG088199	Mm.3065		Energy/Metabolism
2893									
2894	H3150C08	"Mus musculus Ste-20 related kinase (Spak-pending), mRNA"							
2895									
2896	H3150D02	"Mus musculus presenilin 1 (Psen1), mRNA"				BG088221	Mm.29404		Signal Transduction
2897									
2898	H3150F06	farnesyltransferase, CAAX box, alpha (Fnta)			Mus musculus farnesyltransferase, CAAX box, alpha (Fnta), mRNA	BG075707	Mm.3496		Energy/Metabolism
2899									
2900	H3150G03	cDNA: FLJ21905 fis, clone HEP03764			Homo sapiens cDNA: FLJ21905 fis, clone HEP03764	BG088257	Mm.4290		Energy/Metabolism
2901									
2902	H3151C06	"Homo sapiens PTPYL1-associated RhoGAP 1 (PARG1), mRNA"				BG088297			Signal Transduction
2903									
2904	H3151D08	defender against cell death 1 (Dad1)			Mus musculus defender against cell death 1 (Dad1), mRNA	BG075765	Mm.2547		Apoptosis
2905									
2906	H3151D11	prosaposin (psap\SGP-1) gene			Mus musculus prosaposin (psap\SGP-1) gene, complete cds	BG088310	Mm.3363		Energy/Metabolism
2907									
2908	H3151E12	kinase 1 (Dock1), mRNA"			"Mus musculus downstream of tyrosine kinase 1 (Dock1), mRNA"	BG088318	Mm.156		Signal Transduction

2909	H3151F06	M.musculus xanthine dehydrogenase	M.musculus mRNA for xanthine dehydrogenase	BG075778	Mm.11223	Energy/Metabolism
2911	H3152A02	Rat beta-galactoside-alpha 2,6-sialyltransferase	Rat beta-galactoside-alpha 2,6-sialyltransferase mRNA	BG075800	Mm.1944	Energy/Metabolism
2913	H3152D06	5-aminolevulinic acid synthase, 3 end	Mouse 5-aminolevulinic acid synthase mRNA, 3 end	BG088378	Mm.1217	Energy/Metabolism
2915	H3152G07	MAD2 (mitotic arrest deficient, yeast, homolog)-like 2 (MAD2L2),	Homo sapiens MAD2 (mitotic arrest deficient, yeast, homolog)-like 2 (MAD2L2), mRNA		Mm.9648	Cell Cycle
2917	H3152H05	ATPase, class II, type 9A (Atp9a),	Mus musculus ATPase, class II, type 9A (Atp9a), mRNA	BG075876	Mm.10288	Energy/Metabolism
2918	H3152H07	NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 5 (16kD, SGDH) (NDUFB5),	Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 5 (16kD, SGDH) (NDUFB5), mRNA	BG088418	Mm.28058	Energy/Metabolism
2920	H3153A02	"Mus musculus calpain small subunit gene, exons 3 through 9 and partial cds"		BG088424	Mm.6534	Signal Transduction
2922	H3153A07	"Homo sapiens zinedin (ZIN), mRNA"		BG088429	Mm.21612	Signal Transduction
2924	H3153B11	Mm.666			Mm.666	Energy/Metabolism
2926	H3153C09	Mus musculus tissue inhibitor of metalloproteinase 2 (Timp2), mRNA		BG088451	Mm.19191	Matrix/Structural Proteins
2928	H3153C10	"Homo sapiens protein phosphatase 2 (formerly 2A), regulatory subunit A (PR 65), beta isoform (PPP2R1B), mRNA"		BG088452	Mm.21428	Signal Transduction
2931	H3153D05	"Rattus norvegicus Diacylglycerol kinase 90kDa (Dagk), mRNA"		BG075920	Mm.102207	Signal Transduction

10

20

30

40

2933 2934	H3153D07	p75NTR-associated cell death executor (Nade)	Mus musculus p75NTR-associated cell death executor (Nade) mRNA, complete cds	BG088461	Mm.90787	Apoptosis
2935 2936	H3153E04	NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 7 (18kD, B18) (NDUFB7),	Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 7 (18kD, B18) (NDUFB7), mRNA	BG088469	Mm.29683	Energy/Metabolism
2937 2938	H3153E08	M. musculus mRNA for MAP kinase-activated protein kinase 2		BG088472	Mm.29725	Signal Transduction
2939 2940	H3153F08	apoptotic cell clearance receptor PtdSerR	Mus musculus apoptotic cell clearance receptor PtdSerR mRNA, complete cds	BG088494	Mm.38825	Apoptosis
2941 2942	H3153G02	endonuclease G-like 1 (ENDOGL1),	Homo sapiens endonuclease G-like 1 (ENDOGL1), mRNA	BG088499	Mm.11669	Energy/Metabolism
2943 2944	H3153G08	"Mus musculus RAS-related C3 botulinum substrate 2 (Rac2), mRNA"		BG088482	Mm.1972	Signal Transduction
2945 2946	H3153H05	peroxisomal delta3, delta2-enoyle-Coenzyme A isomerase (Peci-pending),	Mus musculus peroxisomal delta3, delta2-enoyle-Coenzyme A isomerase (Peci-pending), mRNA	BG075962	Mm.28883	Energy/Metabolism
2947 2948	H3154A03	"Mus musculus RAN, member RAS oncogene family (Ran), mRNA"		BG088511	Mm.7521	Signal Transduction
2949 2950	H3154C11	M.musculus glutamyl-tRNA synthetase	M.musculus mRNA for glutamyl-tRNA synthetase	BG088535	Mm.27190	Energy/Metabolism
2951 2952	H3154E07	"Mus musculus growth arrest specific 6 (Gas6), mRNA"		BG088548	Mm.3982	Signal Transduction
2953 2954	H3154F02	asparagine synthetase	Mus musculus asparagine synthetase mRNA, complete cds	BG088553	Mm.2942	Energy/Metabolism

10

20

30

40

2955	H3155B01	beclin 1 (coiled-coil, myosin-like BCL2-interacting protein) (Becn1),	Mus musculus beclin 1 (coiled-coil, myosin-like BCL2-interacting protein) (Becn1), mRNA	BG088587	Mm.30040	Apoptosis
2956						
2957	H3155B07	NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 3 (30kD) (NADH-coenzyme Q reductase) (NDUFS3),	Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 3 (30kD) (NADH-coenzyme Q reductase) (NDUFS3), mRNA	BG076060	Mm.30113	Energy/Metabolism
2958						
2959	H3155C04	"Rattus norvegicus mRNA for inositol hexakisphosphate kinase, complete cds"		BG076067	Mm.22360	Signal Transduction
2960						
2961	H3155C10	UDP glucuronosyltransferase (UGT1-06)	Mus musculus UDP glucuronosyltransferase (UGT1-06) mRNA, complete cds	BG076072	Mm.42472	Energy/Metabolism
2962						
2963	H3155E04	NDUFV1 gene, exons 6-10	Homo sapiens NDUFV1 gene, exons 6-10	BG076088	Mm.29842	Energy/Metabolism
2964						
2965	H3155F02					Heat Shock/Stress
2966						
2967	H3155G03	Rat endoplasmic reticulum alpha-mannosidase	Rat endoplasmic reticulum alpha-mannosidase mRNA, complete cds	BG088635	Mm.33138	Energy/Metabolism
2968						
2969	H3156A10					Apoptosis
2970						
2971	H3156C03	"Mus musculus protein phosphatase 1D magnesium-dependent, delta isoform (Ppm1d), mRNA"		BG088678	Mm.61848	Signal Transduction
2972						
2973	H3156C05	cDNA DKFZp586F2224 (from clone DKFZp586F2224)	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586F2224 (from clone DKFZp586F2224)	BG076153	Mm.28030	Energy/Metabolism
2974						
2975	H3156C08	"Mus musculus metaxin (Mtx), mRNA"		BG076156	Mm.22508	Heat Shock/Stress
2976						

10

20

30

40

2977	H3156H04	H3156H04							Energy/Metabolism
2978									
2979	H3157B03	catalase 1 (Cas1),							Energy/Metabolism
2980							BG076224	Mm.1458	
2981		"Mus musculus heat shock protein,							
2982	H3157B10	DNAJ-like 2 (Hsj2), mRNA"							Heat Shock/Stress
2983							BG088755	Mm.27897	
2984	H3157C04	caspase 6 (Casp6),							Energy/Metabolism
2985							BG076235	Mm.4215	
2986	H3157C09	M. musculus aspartate aminotransferase gene exon 10 and 3-flank							
2987							BG076240	Mm.28814	Apoptosis
2988	H3157D01	M. musculus aspartate aminotransferase gene exon 10 and 3-flank							Matrix/Structural Proteins
2989							BG076244	Mm.18916	
2990	H3157D12	microsomal glutathione S-transferase 3 (MGST3),							Energy/Metabolism
2991							BG088778	Mm.29823	
2992	H3157E04	"Mus musculus phosphatidylinositol 3-kinase, catalytic, alpha polypeptide (Pik3ca), mRNA"							
2993							BG088781	Mm.41943	Signal Transduction
2994	H3157E05	solute carrier family 30 (zinc transporter), member 4 (Slc30a4),							
2995							BG076257	Mm.27801	Energy/Metabolism
2996	H3157H01	sterol O-acyltransferase 1 (Soat1),							Matrix/Structural Proteins
2997							BG088808	Mm.28099	
2998	H3158B04	ornithine decarboxylase antizyme inhibitor (Oazi),							Energy/Metabolism
							BG088828	Mm.6775	

10

20

30

40

2999		Mus musculus maternal embryonic message 3 (Mem3), mRNA			BG076315	Mm.1178	Matrix/Structural Proteins
3000	H3158C04						
3001							
3002	H3158C07						Heat Shock/Stress
3003		methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NAD+ dependent), methenyltetrahydrofolate cyclohydrolase (Mthfd2),	Mus musculus methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NAD+ dependent), methenyltetrahydrofolate cyclohydrolase (Mthfd2), mRNA				
3004	H3158E03				BG076333	Mm.443	Energy/Metabolism
3005							
3006	H3158F09	cDNA: FLJ22903 fis, clone KAT05624	Homo sapiens cDNA: FLJ22903 fis, clone KAT05624		BG088873	Mm.20841	Energy/Metabolism
3007		"Mus musculus Ceth gene for chaperonin containing TCP-1 eta subunit, complete cds"					
3008	H3158F10				BG076350	Mm.28037	Heat Shock/Stress
3009							
3010	H3158G12	"Mus musculus metallothionein-like 5, testis-specific (tesmin) (MtI5), mRNA"			BG076362	Mm.56287	Heat Shock/Stress
3011							
3012	H3158H01	(PP5) mRNA, complete cds"	"Mus musculus protein phosphatase 5 (PP5) mRNA, complete cds"		BG076363	Mm.3294	Signal Transduction
3013							
3014	H3159A03	Mm.10331				Mm.10331	Apoptosis
3015							
3016	H3159C05	"Mus musculus Rab3D (rab3d) gene, complete cds"	"Mus musculus Rab3D (rab3d) gene, complete cds"		BG076387	Mm.29968	Signal Transduction
3017							
3018	H3159D05	"Homo sapiens phosphorylase kinase, beta (PHKB), mRNA"	"Homo sapiens phosphorylase kinase, beta (PHKB), mRNA"		BG088924	Mm.28827	Signal Transduction

3019			"Mus musculus phosphofructokinase-1 A isozyme (Pfka) mRNA, complete cds"						
3020	H3159F12					BG088948	Mm.26550		Signal Transduction
3021									
3022	H3159G05		glutathione S-transferase, mu 2 (Gstm2), mu 2 (Gstm2), mRNA			BG088952	Mm.14601		Energy/Metabolism
3023	P1G4	Ant 1							
3024	mFRDA	Prataxin				NM_008044			Energy/Metabolism
3025	mSOD2	Mn SOD (SOD2)				NM_013671			Energy/Metabolism
3026	P1G9	mtDNA-12s rRNA							
3027	P1G10	mtDNA-16s rRNA							
3028	P1H10	mtDNA-ATPase 6							
3029	P1H11	mtDNA-ATPase 8							
3030	P1G11	mtDNA-COX 1							
3031	P1G12	mtDNA-COX 2							
3032	P1H1	mtDNA-COX 3							
3033	P1H9	mtDNA-Cyt b							
3034	P1H2	mtDNA-NADH 1							
3035	P1H3	mtDNA-NADH 2							
3036	P1H4	mtDNA-NADH 3							
3037	P1H5	mtDNA-NADH 4							
3038	P1H6	mtDNA-NADH 4L							
3039	P1H7	mtDNA-NADH 5							
3040	P1H8	mtDNA-NADH 6							

10

20

30

40

【 0 0 8 2 】

【表 5】

Table 5

Num	Gene	Genbank Acc. #	IMAGE Clone ID	Unigene Cluster	Res. Gen.Clone
1	mtDNA-12s rRNA	V00711	In House-Clone		
2	mtDNA-16s rRNA	V00711	In House-Clone		
3	mtDNA-ATPase 6	V00711	In House-Clone		
4	mtDNA-ATPase 8	V00711	In House-Clone		
5	mtDNA-COX 1	V00711	In House-Clone		
6	mtDNA-COX 2	V00711	In House-Clone		
7	mtDNA-COX 3	V00711	In House-Clone		
8	mtDNA-Cyt b	V00711	In House-Clone		
9	mtDNA-NADH 1	V00711	In House-Clone		
10	mtDNA-NADH 2	V00711	In House-Clone		
11	mtDNA-NADH 3	V00711	In House-Clone		
12	mtDNA-NADH 4	V00711	In House-Clone		
13	mtDNA-NADH 4L	V00711	In House-Clone		
14	mtDNA-NADH 5	V00711	In House-Clone		
15	mtDNA-NADH 6	V00711	In House-Clone		
16	(2'-5')oligoadenylate synthetase 1	X04958, M33863	AI449562	Mm.14301	577664
17	14-3-3 protein beta	AF058797.1	AA624796	Mm.34454	1039350
18	14-3-3 protein epsilon	D87663.1	AA240827	Mm.678	670982
19	14-3-3 protein eta	U57311	AI325059	Mm.3308	558536
20	14-3-3 protein gamma	AF058799		Mm.10802	464892
21	14-3-3 protein theta (tau)	U57312	AA422980	Mm.14722	803843
22	14-3-3 protein zeta	U79231	AA671451	Mm.3360	1039129
23	25-hydroxyvitamin D3 24-hydroxylase precursor	D49438	AA240836	Mm.6575	657172
24	25-hydroxyvitamin D3 24-hydroxylase precursor	D49438	AI226268	Mm.6575	658678
25	2-amino-3ketobutyrate-coenzyme A ligase	AF093403	AI037094	Mm.18618	315143
26	2-oxoglutarate dehydrogenase E1 component	U02971	W98443		424460
27	3,2-trans-enoyl-CoA isom, mito precursor	Z14049	AI194961		1886651
28	38g cent.		In House-Clone		
29	3-beta hydroxy-5-ene steroid dehydrogenase type I	M27137	AA274685		766591
30	3-beta hydroxy-5-ene steroid dehydrogenase type II	M75886	AI266804	Mm.30433	1891212
31	3-beta hydroxy-5-ene steroid dehydrogenase type III	M77015	AA209060	Mm.335	676577
32	3-methyl-2-oxobutanoate dehydrogenase (lipoamide)	L16992		Mm.12819	422840
33	41.2a cent.		In House-Clone		
34	44b cent.		In House-Clone		
35	45.2b cent.		In House-Clone		
36	55e cent.		In House-Clone		
37	5-aminolevulinate synthase precursor (EST)	M15268	AA189529	Mm.1217	635215
38	65c cent.		In House-Clone		

10

20

30

40

39	66a cent.		In House-Clone		
40	67 cent.		In House-Clone		
41	a-amylase	V00719	AI325237	Mm.7074	608852
42	acetyl-CoA acetyltransferase 1	L42293		Mm.28099	472233
43	acetyl-CoA acetyltransferase 2	AF078751	AA239043		694062
44	Aconitase (iron responsive element)	X61147	AA212704		677092
45	Aconitase (iron responsive element)	X61147	AA238899		697949
46	Acyl-CoA dehyd, med-chain specific precursor (MCAD)	U07159	AA104184	Mm.10530	568149
47	Acyl-CoA dehyd, short-chain specific precursor	L11163	AI050239	Mm.18759	1379035
48	Acyl-CoA dehyd, very-long-chain specific precursor	U41497	AA250410	Mm.18630	670916
49	Acyl-CoA dehydrog, long-chain spec. precursor (LCAD)	U21489	AA254905	Mm.2445	719580
50	adapt		In House-Clone		
51	Adenine nucleotide translocator 2, fibroblast (Ant2)		AA033138.1		465520
52	adenylate kinase isoenzyme 2 (EST)	AI155541	AA061587	Mm.29460	483322
53	Adenylosuccinate synthase		AA388461		749837
54	adenyl cyclase type VII	U12919	W65619		387280
55	ADP,ATP carrier protein, fibroblast isoform 2 (ant2)	U27316		Mm.658	585992
56	ADP,ATP carrier protein, heart isoform T1	U27315	AA717872	Mm.16228	1152250
57	adrenodoxin precursor	L29123	AA461849	Mm.1061	851558
58	Alcohol dehydrogenase 5		AA183192		636207
59	Alcohol dehydrogenase I		AA221141		695105
60	Aldehyde dehydrogenase	U07235	AA122975		579570
61	aldehyde dehydrogenase (NAD+) 2 precursor	U07235	AI503977	Mm.2621	1001020
62	Alpha-1 protease inhibitor	U38477	AA212578	Mm.16672	676745
63	Ant 1		In House-Clone		
64	Antioxidant protein 1	M28723	W91307		423832
65	Antioxidant protein 1	M28723		Mm.29821	599017
66	Antioxidant protein-2 (AO2)		AA243957	Mm6587	694088
67	Apoptosis inhibitor 2		AA144490		597715
68	Apoptosis inhibitor 3		AA097958		550702
69	apoptosis regulator BAX, membrane isoform alpha	L22472	AI323521	Mm19904	557643
70	Apoptosis-inducing factor	AF100927	AA866777		1434491
71	ASC		In House-Clone		
72	ATP synth lipid-binding protein P1 precursor (subunit 9)	L19737	AI481739	Mm.258	888863
73	ATP synthase A Channel	AA106406	AA106406	Mm.5293	519329
74	ATP synthase F0 component	L19737	AA139793		580898
75	ATP synthase F0 component		AA269701		735887
76	ATP/GTP binding protein		AA184876		642977
77	ATPase, Ca++ transporting, cardiac muscle, fast twitch 1		W34420.1		318735
78	ATPase, Ca2+ transporting, heart		W34420		318735
79	ATPase-like vacuole proton channel		AA276030		776055
80	ATP-binding cassette transporter 7	U43892	AU019072	Mm.4739	1920872

10

20

30

40

81	Bcl-2 protein	U10102	AA051441		478723
82	Branched chain alpha ketoacid dehydrog. Kinase			Mm.8903	578018
83	branched chain alpha-ketoacid dehyd chain E1-alpha	L47335		Mm.25848	314098
84	Branched-chain a-ketoacid dehydrog. E1b		AA050586		476163
85	Branched-chain amino transferase I		AA003372		426976
86	BZP		In House-Clone		
87	C II 3		In House-Clone		
88	C IV is		In House-Clone		
89	Calcium channel, voltage-dependent, L type, alpha 2 delta subunit		AA511037.1		890932
90	calm 1		In House-Clone		
91	Calmodulin 3		AA109041.1		571789
92	carbonate dehydratase, hepatic	X51971	AI256540	Mm.35538	1889415
93	Carbonic Anhydrase IV	U37091	AA71129	Mm.1614	1167078
94	carbonyl reductase (NADPH) - mouse	X07411, D26123	W11423	Mm.21454	317572
95	carnitine O-acetyltransferase (carnitine acetylase)	X85983	AI528757	Mm.20396	602213
96	carnitine O-palmitoyltransferase II precursor	U01163		Mm.29499	580316
97	Carnitine palmitoyltransferase 2			Mm.29499	580316
98	Caspase 2		AA200808		639403
99	Caspase I		AA098139		550766
100	Catalase		AA239490	Mm 4215	678773
101	CCAAT/enhancer binding protein (C/EBP), alpha		AA271223.1		738252
102	CEBP		In House-Clone		
103	Cellular apoptosis suscep. Protein		AA471761		874148
104	chaperonin-10	U09659		Mm.12970	422572
105	CI 18K		In House-Clone		
106	CI B8		In House-Clone		
107	col 1		In House-Clone		
108	col 3		In House-Clone		
109	coproporphyrinogen III oxidase precursor	D16333	W71884	Mm.35820	390487
110	coproporphyrinogen oxidase	D16333	AA108600		570602
111	coproporphyrinogen oxidase	D16333	AA259342		734795
112	coproporphyrinogen oxidase	D16333	W53951		367358
113	Core binding factor beta		AA146442.1		596552
114	creatine kinase	Z13968, Z13969	AA690010	Mm.970	1167886
115	Creatine Kinase, muscle	X03233	AA166212	Mm.2375	608246
116	Creatine kinase-complete	M74149	AA270310	Mm.16831	736251
117	Creatine kinase-mitochondrial	Z13968	AI528837	Mm.970	607301
118	cyt C oxydase polypeptide VIIa-liver/heart precursor	X58486	AA960158	Mm.2151	1248366
119	cyto C oxydase polypeptide VIa-heart precursor	U08439	AA415934	Mm.21050	846138
120	cyto C oxydase polypeptide VIa-liver precursor	L06465		Mm.19094	533628

10

20

30

40

121	cytochrome c oxidase chain IV precursor	X54691, M37829	AA260009	Mm.2136	746546
122	cytochrome c oxidase chain Va precursor	X15963	AI131665	Mm.360	1884978
123	cytochrome c oxidase chain Vb precursor	X53157	AI035302	Mm.16769	1432845
124	cytochrome c oxidase chain VIb (HUMAN)	NM_001863	AI503861		991287
125	cytochrome c oxidase chain VIc	M20153	AA062417		516889
126	cytochrome c oxidase chain VIc	X52940	AA031250	Mm.14831	464966
127	cytochrome c oxidase chain VIII	U37721		Mm.14022	481408
128	Cytochrome C oxidase sub VII		AA050684		476180
129	cytochrome C oxydase polypeptide VIII-H precursor	U15541	AI323348	Mm.3841	463967
130	cytochrome C, somatic	X01756	AA221965	Mm.35389	658678
131	cytochrome C-type heme lyase (CCHL)	U36778		Mm.3988	400735
132	cytochrome-b5 reductase (HUMAN)	NM_000398	AA816039		1120651
133	CYTOSOLIC BRANCH CHAIN AMINOTRANSFERASE		AA286063		776036
134	DD 43		In House-Clone		
135	DD 47		In House-Clone		
136	DD 48		In House-Clone		
137	DD 53		In House-Clone		
138	DD 64		In House-Clone		
139	DD 68		In House-Clone		
140	DD 69		In House-Clone		
141	DD 73		In House-Clone		
142	DD 83		In House-Clone		
143	DD 84		In House-Clone		
144	DD10a		In House-Clone		
145	DD11b		In House-Clone		
146	DD14		In House-Clone		
147	DD15c		In House-Clone		
148	DD16c		In House-Clone		
149	DD17c		In House-Clone		
150	DD19a		In House-Clone		
151	DD23ba		In House-Clone		
152	DD24d		In House-Clone		
153	DD25c		In House-Clone		
154	DD26f		In House-Clone		
155	DD2a		In House-Clone		
156	DD33a/pgf		In House-Clone		
157	DD39		In House-Clone		
158	DD4c		In House-Clone		
159	DD7a		In House-Clone		
160	defender against cell death 1		AA033006		464622
161	DiGeorge syndrome chromosome region 6		W54234.1		356181
162	dihydrolipoamide dehydrogenase (E3) (HUMAN)	J03490	AA548170	Hs.74635	994825
163	dihydrolipoamide transacylase precursor	L42996	AA254971	Mm.3636	719973
164	Dimethyl glycine dehydrogenase		AA288418		748958
165	DNA polymerase gamma	U53584		Mm.3616	575332
166	Dynamitin		AA266438		317587

10

20

30

40

167	Dynamin 2		W13111		457445
168	E1B 19k/Bcl2-binding prot. Homolog (NIP3)		AA105295		571367
169	ER V		In House-Clone		
170	ERV-1	U40494	AI413376	Mm.28124	367232
171	EST highly similar to S-100 prot a-chain		AA466432		872869
172	ESTs		AA253853.1		660997
173	ESTs		AA268402.1		721970
174	ESTs		W14142.1		329863
175	ESTs, Highly similar to CREATINE KINASE, SARCOMERIC MITO. PRECUR.		AA038095.1		472860
176	ESTs, Highly similar to CREATINE KINASE, SARCOMERIC MITO. PRECUR.		AI322288.1		336085
177	ESTs, Highly similar to DERMATOPONTIN [Bos taurus]		W13931.1		330218
178	ESTs, Highly similar to MATERNAL EFFECT PROTEIN STAUFEN		AA104976.1		533314
179	ESTs, Highly similar to NADH-UBIQUINONE OXIDOREDUCTASE 13 KD-B SUB		AA288040.1		748891
180	ESTs, Highly similar to NADH-UBIQUINONE OXIDOREDUCTASE SGD SUB PREC.		AA222463.1		671212
181	ESTs, Highly similar to NUCLEAR FACTOR NF-KAPPA-B P100 SUBUNIT		AA060802.1		482952
182	ESTs, Highly similar to PINCH PROTEIN		AA289280.1		790449
183	ESTs, Highly similar to PTERIN-4-ALPHA-CARBINOLAMINE DEHYDRATASE		W14332.1		331681
184	ESTs, Highly similar to PUTATIVE REGULATORY PROTEIN TSC-22		W66757.1		387449
185	ESTs, Highly similar to SUCCINATE DEHYDROGENASE		AA108475.1		572339
186	ESTs, Highly similar to (define not available 4588044)		AA190123.1		642467
187	ESTs, Highly similar to putative ATP/GTP-binding protein		AA184876.1		642977
188	ESTs, Weakly similar to (define not available 3668141) [H.sapiens]		AA467585.1		833160
189	ESTs, Weakly similar to survival motor neuron [M.musculus]		AA538419.1		932748
190	ESTs, Weakly similar to vesicle membrane protein		AA259674.1		735186
191	Excitatory amino acid transporter 3	D43797	AA065502	Mm.24741	524046
192	ferredoxin--NADP+ reductase precursor	D49920	AA879949	Mm.4719	1230740
193	ferrochelatae precursor	M59288		Mm.1070	635652
194	Friedreich ataxia	S75712	AA930748		1150363
195	Fructose 1-6 bis-phosphate	D42083	AI385602	Mm.2974	336727
196	Fructose bis-phosphate aldolase	W53351	AI553136	Mm.7729	902910
197	Fructose Bisphosphate aldolase A	Y00516	AA518639		903419

10

20

30

40

198	Fuzzy onion homolog (mouse)		AA674474		1093002
199	GAMMA-ADAPTIN		AA238435.1		693837
200	GAPD		In House-Clone		
201	GILZ		In House-Clone		
202	Gluamate receptor, ionotropic, kainate 5 (gamma 2)		AA261334	Mm.2879	733368
203	Gluamate receptor, ionotropic, NMDA1 (zeta 1)		W44130	Mm.3292	354244
204	Gluamate receptor, ionotropic, NMDA2C (epsilon 3)		AI256808	Mm.39090	1852361
205	Glucose dependent insulinotropic polypeptide	U34295	AA871367	Mm.5115	1096156
206	Glucose Phosphatase Isomerase I complex	M14220	AA276216		776210
207	Glucose Phosphatase Isomerase I complex	M14220	W29397		337413
208	Glucose-6-phosphate isomerase	L09104	AI327180	Mm.589	437357
209	glutamate dehydrogenase (NAD(P)+) precursor	X57024	AA543797	Mm.10600	949005
210	glutamate oxaloacetate transaminase-2	X06917, J02622		Mm.18916	617490
211	Glutaryl-CoA dehydrogenase precursor (GCD)	U18992		Mm.2475	573351
212	Glutathione peroxidase-3 (plasma Gpx)	U13705	AA097557	Mm.7156	552393
213	Glutathione peroxidase-4 (phospholipid Gpx)		AA034666	Mm.2400	466963
214	Glutathione peroxidase-heart isoform (Gpx4)	AF045769.1	AI327053	Mm.2400	420345
215	Glutathione peroxidase-plasma isoform	U13705.1	AI042912	Mm.7156	1432410
216	Glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase		AA122891		579715
217	Glycerol 3-phosphate acyltransferase	M77003	AA209041		676437
218	Glycerophosphate dehydrogenase	M13366	AI414023	Mm.10669	303389
219	Glycogen Phosphorylase (RAT)	J03080	AA240684		656882
220	GP4		In House-Clone		
221	Gpx		In House-Clone		
222	GTP2		In House-Clone		
223	GTP-binding protein		AA509565		890444
224	H+-transporting ATP synthase chain alpha	L01062	AI573940	Mm.4069	1920315
225	H+-transporting ATP synthase chain beta	AF030559	AI452208	Mm.17869	576006
226	H+-transporting ATP synthase chain delta (EST)	AA940343	AA896697	Mm.22514	1279053
227	H+-transporting ATP synthase chain e	U59283	AI115240		1885128
228	H+-transporting ATP synthase chain e	U59283	AI481625		876416
229	H+-transporting ATP synthase chain gamma	U43893	AA210528		640931
230	heat shock protein 60 precursor	X55023, X53584	AA154729	Mm.1777	540881
231	heat shock protein 70 precursor	D11089	AI132204	Mm.2849	1481709
232	heat shock protein, 70K (hsp68) (fragment)	M12573	AA647374	Mm.6388	1108306
233	Heat shock protein, 84 kDa 1	M18186		Mm.2180	538585
234	Hexokinase		W11571		318642

10

20

30

40

235	Hexokinase		W74835		389177
236	hexokinase I (3'-seq)	J05277	AI661880	Mm.5290	717383
237	hexokinase I (5'-seq)	J05277	AA197916	Mm.5290	654873
238	high mobility group protein homolog HMG4 (Hmg4) mRNA, complete cds		AA048831.1		478865
239	HK-40s Ribosomal protein S15		AA033398		466295
240	HK-40s Ribosomal protein S4		AA000082		425352
241	HK-A111Acent ubiquinating protein		W82989		405768
242	HK-A16060s Ribosomal protein L15		AA068842		532770
243	HK-A17360s Ribosomal protein L3		AA108363		570533
244	HK-A21060s Ribosomal protein L1A		AA170607		619006
245	HK-A216RNA splicing protein		AA183061		636766
246	HK-A262E2F transcription factor		AA396123		751755
247	HK-A272Capping protein		AA414612		779754
248	HK-A316Actin-gamma (smooth muscle)	M26689	AA710883	Mm.16562	1166855
249	HK-A97Hypoanthine phosphoribosyl transferase	J00423	W48168	Mm.18675	355084
250	HK-Actin- alpha (skeletal muscle)	M12347	AI035279	Mm.4581	1480709
251	HK-Actin- gamma	M21495	AI314957	Mm.29913	192859
252	HK-Alkaline Phosphatase		AA032457		465052
253	HK-b-actin	X03672	AA079937	Mm.297	536615
254	HK-calcium binding protein Cab45	U45977	AI266799	Mm.30149	1891202
255	HK-DNA ligase I		W66626		388245
256	HK-Glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase (G3PDH)	W14827	AA119563	Mm.5289	538210
257	HK-Glyceraldehyde phosphate dehydrogenase	M32599	AA466618	Mm.5289	817984
258	HK-HPRT		In House-Clone		
259	HK-Hypoanthine phosphoribosyl transferase	J00423	AI256193	Mm.18675	1890233
260	HK-Murine ornithine decarboxylase	M10624	AI325192	Mm.15259	608003
261	HK-Myosin I	L00923	AI098184	Mm.3390	1481939
262	HK-Phospholipase A2 (14-3-3 zeta/delta)	D78647	AA1714341	Mm.3360	617315
263	HK-Ribosomal Protein S29	L31609	AA032465	Mm.35816	465138
264	HK-Ubiquitin	X51703	AI181949	Mm.235	1451597
265	House mouse; Musculus domesticus mRNA for LN1, complete cds		W82212.1		403728
266	Huntingtin	AI876894	AI876894	-----	1922060
267	hydroxymethylglutaryl-CoA lyase	S65036	AA838929		1261134
268	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase, mitochondrial	U12790, U12791		Mm.10633	518481
269	IG ALPHA CHAIN C REGION		AA098196.1		551003
270	IMAGE EST		AA009059.1		441176
271	IMAGE EST		AA028306		464099
272	IMAGE EST		AA035899.1		468817
273	IMAGE EST		AA051664.1		479709
274	IMAGE EST		AA118290		574435
275	IMAGE EST		AA200984.1		639212
276	IMAGE EST		AA203878		640734
277	IMAGE EST		AA215024		652207
278	IMAGE EST		AA221250		670393
279	IMAGE EST		AA245545		699280

10

20

30

40

280	IMAGE EST		AA250652		697537
281	IMAGE EST		AA266097.1		716941
282	IMAGE EST		AA275684		775722
283	IMAGE EST		AA388512		790857
284	IMAGE EST		AA466026.1		809016
285	IMAGE EST		AA519027.1		904900
286	IMAGE EST		W08090.1		331768
287	IMAGE EST		W09924		315773
288	IMAGE EST		W09924.1		315773
289	IMAGE EST		W15031		330502
290	IMAGE EST		W41309.1		351420
291	IMAGE EST		W89418.1		420553
292	IMAGE EST- CCAAT enhancer binding protein		AA271223		738252
293	IMAGE EST-Glucocorticoid-induced leucine zipper GILZ protein		W66757		387449
294	IMAGE EST-homolog of Unc33 (C.Elegans) / Collapsin response mediated prot. 2		W08090		331768
295	IMAGE EST-sarcoplasmic creatine kinase		W18057		336085
296	IMAGE EST-Sim to gamma sarcoglycan		W41309		351420
297	IMAGE EST-yeast bile transporter		AA473289		803488
298	Interferon gamma receptor		AA541842.1		920516
299	Interleukin 1 receptor-associated kinase		AA276835.1		777580
300	isocitrate dehydrogenase (NADP)	U51167		Mm.2966	571468
301	Kin 17		In House-Clone		
302	Lactate Dehydrogenase-	M27554	AA880398		1277670
303	Lactate Dehydrogenase-A4	M17516	AI506641	Mm.26504	1024774
304	Lactate Dehydrogenase-sperm specific	M17587, L10389	AA110449	Mm.16563	516582
305	M.musculus mRNA for fibromodulin		W63981.1		374228
306	M.musculus mRNA for GTP-binding protein		AA020462.1		455401
307	MAD homolog 4 (Drosophila)		AA030901.1		466551
308	Malate dehydrogenase (cyto)		W13686		318346
309	Malate dehydrogenase (mito)	M16229	AA266087		717095
310	malate dehydrogenase precursor, mitochondrial	X07295, M16229		Mm.21743	407143
311	MAP KINASE PHOSPHATASE-1		AA125367.1		575665
312	Maternal embryonic message 3		AA388122.1		775464
313	MCK		In House-Clone		
314	mDP 6		In House-Clone		
315	metal response element DNA-binding protein M96 mRNA, complete cds		AA545607.1		945218
316	methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NAD+)	J04627		Mm.443	440345
317	methylnalonyl-CoA mutase alpha chain precursor	X51941		Mm.4299	571282
318	Microtubule-associated protein 4		AA003769.1		437523
319	Mito matrix prot P1 precursor (hsp60)		AA184322		633625
320	Mitochondrial LON protease	AA061310	AA061310	—	514859
321	mitochondrial transcription factor A - mouse	U57939		Mm.276	539693

10

20

30

40

322	mitochondrial uncoupling protein	M21247	AI131780	Mm.4177	1498957
323	monoamine oxidase A - mouse	S78615	AI643185		864614
324	Mouse breast heat shock 73 prot (hsc73)	M19141		Mm.2944	538418
325	Mouse calcineurin catalytic subunit mRNA, complete cds		AA245461.1		699236
326	Mouse Circadian output locomotor cycles kaput	AF000998	AI156715	Mm.3552	1494023
327	Mouse heatshock protein 27	U03560.1	AA596241	Mm.13849	1052188
328	Mouse heatshock protein 86	J04633	AI649095		1970053
329	Mouse med. Chain acyl-CoA dehydrogenase	U07159	AA061679		483333
330	Mouse mHox protein	L06502	W17990	Mm.3869	335936
331	Mouse Skd3 mRNA	U09874		Mm.3990	602340
332	mRNA for sarco/endoplasmic reticulum Ca2+ -ATPase (SERCA2)		AA222567.1		695695
333	mTF 1		In House-Clone		
334	Mus musculus Balb/c zinc finger protein PZF (Pzf) mRNA, complete cds		W11161.1		316427
335	Mus musculus calcium-binding protein S100A1 mRNA, complete cds		AA466432.1		872869
336	Mus musculus cytoplasmic protein Ndr1 (Ndr1) mRNA, complete cds		AA473269.1		803416
337	Mus musculus FGF-binding protein (FGF-BP) mRNA, complete cds		AA403432.1		717457
338	Mus musculus GTP binding protein (GTP2) mRNA, complete cds		AA509565.1		890444
339	Mus musculus hemin-sensitive initiation factor 2 alpha kinase mRNA, complete cds		AA036546.1		466971
340	Mus Musculus mRNA for glutamate receptor channel alpha 4 subunit		AI043222	Mm.42021	1431493
341	Mus musculus mRNA for GM3 synthase, complete cds		AA274576.1		748275
342	Mus musculus PAF acetylhydrolase mRNA, complete cds		AI324436.1		536464
343	Mus musculus pantophysin gene, complete cds		AA271505.1		737944
344	Mus musculus rab6/rab5-associated protein (rab6) mRNA, partial cds		W77711.1		401958
345	Mus musculus skeletal muscle LIM protein (FLH1) mRNA, complete cds		AA047966.1		477066
346	Mus musculus Stra13 mRNA, complete cds		AA064241.1		480896
347	mWS3		In House-Clone		
348	Myeloid cell leukemia sequence 1	U35623, AF063886	AA387843	Mm.1639	761106
349	Myostatin		AA052179.1		418993
350	NAD(P)+ transhydrogenase (B-specific) precursor	Z49204	AI323702	Mm.3842	580717
351	NADH dehydrogenase mwfe		W83104		404499
352	NADH-ubiquinone oxidoreductase 13 kDa subunit	L38438	AA397301		599804

10

20

30

40

353	NADH-ubiquinone oxidoreductase 13 kDa subunit	U59509	AA035972		468848
354	NADP transhydrogenase	Z49204	AI323702	Mm.3842	580717
355	Nitric Oxide Synthase-2		AA512708	Mm2893	922250
356	Nitric Oxide Synthase-3		AA177240	Mm12837	620940
357	Nuclear respiratory factor-1	AF098077	AI594316		1006311
358	Nuclear respiratory factor-2	U20532		Mm.1025	635541
359	ornithine carbamoyltransferase precursor	X07092	AI266937	Mm.2611	1891345
360	ornithine--oxo-acid transaminase precursor	X64837	AI196410	Mm.13694	1887672
361	p63a		In House-Clone		
362	PACD		In House-Clone		
363	PEBP2		In House-Clone		
364	Peripheral myelin protein, 22 kDa		AA416246.1		846064
365	peripheral-type benzodiazepine receptor 1	U12419	AA068577		524463
366	Perox. Proliferator receptor (PPAR) Gamma	U01841	W34083	Mm.3020	317536
367	Peroxisomal/Mitochondrial dienoyl-CoA isomerase		W29607		338088
368	Phosphofructokinase 1	J03928, AF123533	AI480449	Mm.1166	862787
369	phospholipase A2, platelet, synovial fluid	X74266	AA871547	Mm.4675	1096251
370	phosphoprotein phosphatase	M81475	AI449151	Mm.1567	619279
371	PMP 35	L27842	AI573377	Mm.16453	534171
372	probable aconitate hydratase, mitochondrial (EST)	AI385870	AA275929	Mm.30065	775753
373	Procollagen Type 1		AA073604		536306
374	Procollagen, type I, alpha 1		AA073604.1		536306
375	Procollagen, type III, alpha 1		W89883.1		420322
376	Procollagen, type VI, alpha 1		W33786.1		352450
377	Protein Phosphatase inhibitor 2 (IPP2)	AA041826	AA041826	Mm.29617	475407
378	protoporphyrinogen oxidase	U25114, D45185		Mm.4730	482868
379	pyruvate carboxylase	L09192	AI303529	Mm.1845	1888741
380	Pyruvate decarboxylase		AA308254		473778
381	Pyruvate dehydrogenase	M76727	AA423301		820409
382	pyruvate dehydrogenase (lipoamide)	M76728	AI323722	Mm.4223	513684
383	pyruvate dehydrogenase (lipoamide)	M76727	AA466268	Mm.34775	888842
384	Pyruvate dehydrogenase E1 a subunit (human)	L13318	AA238899		888842
385	pyruvate kinase	D38379	AI035313	Mm.2635	1432851
386	Pyruvate kinase	D63764	AI195164	Mm.8359	1886895
387	Pyruvate kinase		AA475121		873690
388	Pyruvate kinase-like protein		W17814		334876
389	RAB1		In House-Clone		
390	RAB1, member RAS oncogene family		AA175510.1		619501
391	Rat NRBF1		AA259674		735186
392	Rnase P-complex (RS Williams work)	U31228	AI614577		523232
393	S100		In House-Clone		
394	sarc.		In House-Clone		
395	Sim to 6-Phosphofructo-2-kinase (human)	M19938	AA397024		693346

10

20

30

40

396	Sim to acetyl CoA acetyl transferase (hum)	D90228	AA272067		761668
397	Sim to acetyl Coenzyme A synthetase		AA109675		570550
398	Sim to acetyl Coenzyme A synthetase		AA537637		949423
399	Sim to a-ketoglutarate (hum)	D10523	W13320		329728
400	Sim to Aldehyde dehydrogenase (HUM)			Mm.24457	423605
401	Sim to arginyl-tRNA synthetase (Sac Cer)			Mm.22363	576572
402	Sim to ATP synthase epsilon (Bov)		AA108733		571214
403	Sim to ATP synthase F chain	PIR:A54211	W82194		403660
404	Sim to ATP synthase lipid binding (Hum)	X69908	AA239148		698109
405	Sim to b-enolase (human)	X56832	W11965		316967
406	Sim to branched-chain a-ketoacid dehydrogenase kinase	TR:G924921	AA059497		480575
407	Sim to carbon catabolite repressor prot. (Sac)		AA051133		438774
408	Sim to carbon catabolite repressor prot. (Sac)		AA404014		717197
409	Sim to carnitine/acylcarnitine carrier		AA245413		699181
410	Sim to citrate synthase (Por)		W14146		329884
411	Sim to cytochrome b5 (outer mito mem)		AA203975		640762
412	Sim to cytochrome c oxidase VI B (Hum)	X13923	AA139624		581175
413	Sim to cytochrome c oxidase VII	X80899	AA050684		476180
414	Sim to electron trans flavoprotein a sub (Hum)	J04058	AA060723		481934
415	Sim to electron trans flavoprotein b sub (Hum)	X71129	W18161		333641
416	Sim to enolase a subunit (Hum)	M14328	AA204262		643854
417	Sim to Fructose 1-6-bisphosphate (Hum)	L10320	AA276043		776124
418	Sim to glucose dehydrogenase (Bac. Sub)		AA241896		680935
419	Sim to Glutamate/Malate trans (BOV)			Mm.28466	582075
420	Sim to Glutathione-S-transferase (RAT)			Mm.27395	317849
421	Sim to glycerol 3-phosphate dehydrogenase 1 (rat)		W41175		351221
422	Sim to glycogen phosphorylase (Hum)	J03544	W16286		334236
423	Sim to hepatocyte gluc transporter		AA002666		426758
424	Sim to mito RNA pol (HUM)		AI892781	Mm.34645	608625
425	Sim to Mito. 2-oxoglutarate/malate carrier (Human)	X66114	W54000		367801
426	Sim to mito. Elongation factor TS (Bov)		AA245481		699237
427	Sim to NADH-ubiquin. oxidoreduct. 13 kd sub.		AA288040		748891
428	Sim to NADH-ubiquin. oxidoreduct. 49 kd sub.		AA109715		572585
429	Sim to NADH-ubiquin. oxidoreduct. 9 kd sub.		AA521758		903911
430	Sim to NADH-ubiquin. oxidoreduct. ashl.		W83085		404593
431	Sim to NADH-ubiquin. oxidoreduct. b14 sub.		AA462323		871020
432	Sim to NADH-ubiquin. oxidoreduct. B14.5 sub.		W54068		367925
433	Sim to NADH-ubiquin. oxidoreduct. b15 sub.		AA434897		818906

10

20

30

40

434	Sim to NADH-ubiquin. oxidoreduct. b17 sub.		W54448		367651
435	Sim to NADH-ubiquin. oxidoreduct. b22 sub.		AA415725		846155
436	Sim to NADH-ubiquin. oxidoreduct. b9 sub.		W83574		406509
437	Sim to NADH-ubiquin. oxidoreduct. Kfy1		W97248		423071
438	Sim to NADH-ubiquin. oxidoreduct. mn11 sub.		AA267638		723360
439	Sim to NADH-ubiquin. oxidoreduct. sgdh sub.		AA222463		671212
440	Sim to NADH-ubiquin. oxidoreduct.15 kd sub.		AA014507		439668
441	Sim to putative mito. Ribosomal prot. S14		W89487		419614
442	Sim to quinone oxidoreductase		AA241313		653324
443	Sim to quinone oxidoreductase		AA259674		735186
444	Sim to serine hydroxymethyltransferase, mito. (Rab)		AA208877		676311
445	Sim to sterol 26 hydroxylase			Mm.26793	578465
446	Sim to succinate dehydrogenase	M32246	AA108475		572339
447	Sim to TIM17		W11644		318134
448	Sim to Translocase of inner mito. mem. (Tim 44) (Sac)	Q01852	AA498767		888708
449	Sim to ubiquinol-cty c reductase		AA087137		493604
450	Sim to ubiquinol-cty c reductase, core prot.		AA108590		572127
451	Sim to UDP-glucose dehydrogenase		AA067191		523796
452	Sim to UTP-Gluc.-1-phosphate uridyltrans (Human)	TR:G881394	AA473123		805218
453	Sim to yeast ORF(Sim to rat synaptic glycoprotein) / SURF 4		AA220458		695279
454	SKD 3		In House-Clone		
455	Skel Mus LIM protein (FHL1) / RPB-assoc. mol. RAM14-1		AA047966		477066
456	SMCK		In House-Clone		
457	SMOO		In House-Clone		
458	Solute carrier family 2	X15684	AA275871		776543
459	Sperm capsule seleno protein	M88463	AA497767		917403
460	sperm mitochondrial capsule selenoprotein	S49657, M29603	AI482284	Mm.554	917537
461	steroidogenic acute reg protein precursor, mito	L36062	AA389406	Mm.3436	569013
462	sterol carrier protein 2 precursor	M62361		Mm.1779	580813
463	Succinate dehydrogenase-Cyt B560	TR:G1019861	AA137762		580040
464	superoxide dismutase (Mn) precursor	Z18857, L35525	AA415267	Mm.2597	791140
465	Superoxide dismutase-1 (Cu/Zn Sod)		AA039044	Mm5274	474545
466	Superoxide dismutase-3 (extracellular Sod)		AI314465	Mm2407	1907770
467	Suppressor of Ty 6 (S. cerevisiae) homolog		AI323032.1		477535
468	Surfeit gene 4		AA220458.1		695279

10

20

30

40

469	Surfeit locus protein 1	M14689	AA274488	Mm.6874	748268
470	tetrahydrofolylpolyglutamate synthase precursor	U32197	AA030778	Mm.3830	463571
471	Thioredoxin		AA242573		681159
472	Thioredoxin			Mm.3533	579774
473	Thioredoxin Reductase		AI529082	Mm.25543	1887250
474	thiosulfate sulfurtransferase	U35741	AI196763	Mm.15312	1887427
475	Thiosulfate sulfurtransferase (mito) Tst1	U35741	AI195057	Mm.15312	188763
476	TIMP2		In House-Clone		
477	Tissue inhibitor of metalloproteinase 2		AA444490.1		831964
478	Tissue inhibitor of metalloproteinase 2		AA518165.1		902923
479	TOAD		In House-Clone		
480	transforming protein bcl-2-alpha	L31532	AA867214	Mm.5155	1265430
481	transforming protein bcl-2-beta	M16506	AA867214		1265430
482	transforming protein bcl-w (3' seq)	AF030769.1	AA563148		975210
483	transforming protein bcl-w (5' seq)	AF030769.1	AA667328		1139352
484	Transketolase (Tkt)	U05809	AI132421	Mm.9307	1481358
485	Type II Peroxiredoxin 1		W83228	Mm.42948	405943
486	Uncoupling Prot homology (UCPH)		AA260521		748122
487	Uncoupling Protein 2			Mm.12556	423616
488	Uncoupling protein 3		AA062091		482847
489	Unknown EST				608265
490	uracil-DNA glycosylase	U55040	W48179		355462
491	voltage-dependent anion channel 1	U230840	AA244874		680076
492	voltage-dependent anion channel 2	U30838	AI507203	Mm.569	931442
493	voltage-dependent anion channel 3	U30839	AA616007	Mm.38513	1066900

10

20

実施例 3

疾患を引き起こしている突然変異の識別

私がアセンブルされるミトコンドリア呼吸性の複合体 7 m t D N A 遺伝子、そして、3 6 n D N A 遺伝子。複合体を有する患者、私は離脱する中年 - 開始視覚萎縮から、致命的な児童リーの疾患まで変動している表現型を有する。側面が多様性患者のために決定されたミトコンドリア生物学表現は、私が離脱することを複雑にする。サンプルは複合体をもつ様々な患者から集められる。そして、私は離脱する。各々のサンプルは、ラベルを

つけられて、転写される後退であって、実施例 1 から選ばれる調査から成る人間の配列に対する標準の目標と共に、交雑した。雑種形成測定値は分析される。そして、新しいいくつかの m t D N A 突然変異および支配的で退行の n D N A 突然変異の識別に至る。

30

【 0 0 8 3 】

実施例 4

複雑な I V リーの症候群のための側面

ミトコンドリア生物学表現側面は、寛容な複雑な I V リーの症候群 (L S) のために決定された。L S は、特徴づけられるやや鋭い神経変性状態である脳幹、基礎 ганグリオン、視床および脊髄の壊死の病変によって。死亡が、徴候の発症の 2 年、通常中でそれであるには、モーターや知的な遅滞、異常な呼吸リズム、眼振、o p t h a b n o p a r e s i s、視覚萎縮、運動失調および失調症などを含めることができる。リーの症候群患者は、過多 1 つの (S U R F - 1) 遺伝子突然変異に伴う典型的複合の I V シトクロム c オキシダーゼ欠乏にかかっていた。この患者は、血縁の結婚からあって、あった同型接合である S U R F - 1 つの遺伝子の無意味突然変異のための。標準の制御参照符と比較して、人間を使用しているこの患者から筋肉および洗練された細胞サンプルの中で側面図を作ること

は実施例 1 の中で配列する表現は、実行された。N D U F S 8 表現は、かなり変えられなかった。しかし、多くの核兵器および m i t o c h o n d r i a l l y は、複合体をコード化した私、m t D N A 反訳記録 N D 4、N D L 4 および N D 6、を含む、遺伝子が刺激に対する反応を抑制された核遺伝子 S U R F - 1、S O D 2、7 0 k D 熱ショック・タンパク質、電圧依存している陰イオン・チャンネル (V D A C 4)、アデニン・ヌクレオチ

40

50

ド・トランスロカーゼ、2 (A N T 2) およびグルタチオン・ペルオキシダーゼ 3 は、刺激に対する反応を抑制された。

【 0 0 8 4 】

実施例 5

複雑な i リーの症候群のための側面

ミトコンドリア生物学表現側面は、12の複合体のために決定された私リーの症候群患者 (P r o c a c c i o 、 V F 、 2 0 0 1 の) E u r o M i t 5 アブストラクト。各々の患者の中で、私が1人の患者を合成異型接合体と確認した複合体の一部であることは公知の全ての43の遺伝子の塩基配列決定2ミスセンス突然変異複合体のNADHデヒドロゲナーゼ23kD (N D U F S 8) 遺伝子のI.、T h i s 患者に呼吸コンプレックスがあ

った。そして、骨格の筋肉および洗練されたリンパ芽球状細胞において、明瞭な私は離脱する。サンプルは、この患者および制御参照リンパ芽球状電池から洗練されたリンパ芽球状細胞から集められた。サンプルは、実施例1から選ばれる調査から成る人間の配列に転写される後退であって、差別的にラベルをつけて、交雑した。表現側面は、階層的な集まっている方法を使用して決定された。他の患者からのミトコンドリア生物学表現側面は、適当なサンプルおよび対照を使用して、同様に決定された。全ての患者の表現プロフィールは、複合体に特徴的であった私全てのm t D N A および複雑な若干のn D N A の d o w n - 規制を含む欠乏私遺伝子、そして、増加機構アデニン・ヌクレオチドのトランスロケータ遺伝子 (A N T 1 および A N T 2) 。

10

【 0 0 8 5 】

20

実施例 6

複雑な I V リーの症候群の診断

実施例4において、決定されるにつれて、リーの症候群S U R F - 1つの無意味突然変異のためのミトコンドリア生物学表現側面は患者を診断するために用いる。サンプルは患者から集められる。そして、ミトコンドリア生物学表現は少なくともS U R F - 1、N D 4、N D L 4、N D 6、S O D 2、70kD熱ショック・タンパク質、V D A C 4、A N T 2 およびグルタチオン・ペルオキシダーゼ3のための調査を含んでいる人間の配列を使用することをm i c r o a r r a y - t e s t e d した。

【 0 0 8 6 】

実施例 7

30

マウスM i t o C h i p

マウスM i t o c h i p は、452の遺伝子のための探測機で印刷された。これらの遺伝子は2台以上の探測機により表された。そして、内部対照を遺伝子表現計量の再現性に提供した。追加的な37の制御点は、配列に含まれた。これらのうちで、25はサンプル間の正常化を許す家事遺伝子のための調査であった。残りの12の点は、雑種形成および位置決めのためのさまざまな対照であった。表2は、この配列上の家事遺伝子の全てのための機能的なカテゴリおよび数の一覧を示す。各々の遺伝子を表すc D N A クローンは、あった自我からどちら。M. A. G. E. コンソーシアム、または、M o l e c u l a r M e d i c i n e のためのセンターのそばのクローンをつくって、そして、中で、マードックほか、1999発行する。各々の遺伝子の完全な注釈は編集された、そして

、G e n B a n k 登録番号およびU n i g e n e クラスタ番号は決定された。表5は、この配列上の調査のリストを提供する。

40

【 0 0 8 7 】

実施例 8

さまざまな年齢のS o d 2 異型接合体変異体マウスの輪郭

酸性応力は、老化および変性疾患に関係した。ミトコンドリアは、過酸化物陰イオンのような反動的な酸素種のメイン出所であると思われる。ミトコンドリア過酸化物陰イオンは、マンガン過酸化物d i s m u s t a s e、M n S O D、S o d 2 遺伝子によって、通常毒性を除かれる。いったいどのように、いつ、遊離基代謝はタンパク質 (D N A) への混乱する、酸性損害である。そして、脂質は起こることができる。年齢と共にミトコンド

50

リア生理学上の増加する過氧化物陰イオン毒性の効果を示すために、MnSOD (Sod2 + / -) の50%の減少をもつマウスのミトコンドリア生物学表現輪郭は、さまざまな年齢で決定された。サンプルは、若く(5ヵ月)で、中年(10 - 14月)で古い(20 - 25月)野生のタイプおよびSod2 + / - マウスから集められた。サンプルは、転写されて、対応する対照から差別的にラベルをつけられる後退であった。ラベルをつけられた変異体サンプルおよび対応するラベルをつけられた対照は、実施例2のマウス配列によって、交雑した。親族制御マウスにとって、古いSod2 + / - マウスは、グルタチオン・ペルオキシダーゼ3、アポトーシス抑制要因3、caspase 1および周辺ベンゾジアゼピン・レセプタを含む酸化防止剤およびアポトーシス遺伝子の誘導を示した。

10

【0088】

実施例9

Sod2 同型接合体変異体マウスの輪郭

マンガンスーパーオキシドジスムターゼ、MnSOD、Sod2 遺伝子、遺伝子はミトコンドリア生物学に関係している表現製品である。Sod2 - / - animals 型は、過氧化物不活化のためにまもなく出産するミトコンドリア鉄硫黄中心膨張する心筋症に結果としてなっている酵素。Sod2 - / - mice のミトコンドリア生物学表現輪郭は、実施例2のマウスMitochipを使用して決定される。RNAサンプルは、Sod2 から集められる - / - マウスでSod2 + / + マウス。Sod2 - / - sample は、転写されて、Cy3 についてのラベルがついている後退であるホスホラミダイト。Sod2 + / + サンプルは、転写されて、Cy5 についてのラベルがついている後退であるホスホラミダイト。ラベルをつけられたサンプルは、高い厳しさ雑種形成の状態の下で、マウス配列によって、暖められる。両方のサンプルの雑種形成は、microarray 読者と測定される。雑種形成測定値は、記録される。

20

【0089】

実施例10

GPx1 変異体マウスの輪郭

グルタチオン・ペルオキシダーゼ1 (GPx1) は、ミトコンドリア生物学に関係している表されたシーケンスである。GPx1 - / - animals は、穏やかな成長抑制を示して、OXPHOS 効率を減らした。GPx1 - / - mice のミトコンドリア生物学表現輪郭は、実施例2のマウス配列を使用して決定される。RNAサンプルは、GPx1 - / - mice およびGPx1 + / + マウスから集められる。GPx1 - / - sample は、転写されて、Cy3 についてのラベルがついている後退であるホスホラミダイト。GPx1 + / + サンプルは、転写されて、Cy5 についてのラベルがついている後退であるホスホラミダイト。ラベルをつけられたサンプルは、高い厳しさ雑種形成の状態の下で、マウス配列によって、暖められる。両方のサンプルの雑種形成は、microarray 読者と測定される。雑種形成測定値は、記録される。

30

【0090】

実施例11

Sod2 異型接合体GPx1 同型接合体Doubly Mutant Mice の輪郭

Sod2 - / + さらにGPx1 - / - mice のミトコンドリア生物学表現輪郭は、実施例2のマウス配列を使用して決定される。RNAサンプルは、GPx1 + / + マウスをプラスして、GPx1 - / - mice およびSod2 + / + をプラスしてSod2 - / + から集められる。Sod2 - / + さらにGPx1 - / - sample は、ある転写されて、Cy3 についてのラベルがついている後退ホスホラミダイト。Sod2 + / + さらにGPx1 + / + サンプルは、転写されて、Cy5 についてのラベルがついている後退であるホスホラミダイト。ラベルをつけられたサンプルは、高い厳しさ雑種形成の状態の下で、マウス配列によって、暖められる。両方のサンプルの雑種形成は、microarray 読者と測定される。雑種形成測定値は、記録される。

40

【0091】

50

実施例 1 2

S o d 2 および / または G P x 1 を O v e r e x p r e s s i n g している変異体マウスの輪郭

ミトコンドリア生物学表現側面は、M n S O D を o v e r e x p r e s s i n g しているマウスのために、そして、G P x 1 をプラスして M n S O D を o v e r e x p r e s s i n g しているマウスのために、マウス配列を使用して決定される。

【 0 0 9 2 】

実施例 1 3

p 変異体細胞系の輪郭

実施例 2 のマウス配列は、マウス変異体細胞系 p (ミトコンドリア機能不全の最も極端な症例) のミトコンドリア生物学表現輪郭を決定するために用いた。L M E B 4 (p) 細胞系は、その親の L M (T K) に対して側面図を作られた - 細胞系。マウス変異体細胞系 p は、ミトコンドリア D N A を欠いている。培養組織の L M E B 4 細胞系を維持するために、それはブドウ糖、ビルビン酸塩およびウリジン (G U P メディア) で補充されるメディアで育てられなければならない。遺伝子表現比率の散乱プロット線は、図 3 に示される。p 細胞系からの、そして、L M (T K) 細胞系からのサンプルは、転写される後退であって、差別的に標準の 2 色蛍光システムを使用することにラベルをつけて、実施例 2 のマウス配列に交雑した。マウス配列分析は、全ての m t D N A - コード化された反訳記録が L M E B 4 セルにはなかった、そして、n D N A O X P H O S 遺伝子表現、アコニターゼおよび核レセプタ締め具要因 1 (N R B F 1) の減少があったことを確認した。キー糖分解遺伝子の表現度の増加があった、ミトコンドリア・リボソーム蛋白質 (L O N プロテアーゼ)、ショック・タンパク質 8 4 (H S P 8 4)、B c l - X 結合するタンパク質および酸化防止剤タンパク質 1 を加熱する。一定不変に、核コード化された O X P H O S 複合体サブユニットは、また、4 . 5 の平均を有する 3 および 3 8 - 折り目の間で刺激に対する反応を抑制された (平均は、一つの遠くの総合ビルを除外して算出された私サブユニット N A D H d e h y d r o g e n a s e 刺激に対する反応を抑制された 3 8 - 折り目であった m w f e)。G l u t a m a t e - リンゴ酸塩運搬装置のようなタンパク質が刺激に対する反応を抑制されたミトコンドリア輸送は、ミトコンドリア・タンパク質輸入サブユニット遺伝子 T i m 1 7 およびいくつかのアミノ酸代謝遺伝子であった。3 - 折り目に対する 2 は、対照、糖分解遺伝子 (例えばビルビン酸塩キナーゼ)、グルコースリン酸イソメラーゼおよびブドウ糖 6 p h o s p h a t e デヒドロゲナーゼによって、u p - r e g u l a t e d された。ホスホフルクトキナーゼは、1 . 6 倍の上にあった。抑制剤 2 および 3 が u p - r e g u l a t e d されたアポトーシスのような反 a p o p t o t i c な遺伝子は、あったプロ a p o p t o t i c な B c l - X s 結合するタンパク質 B N I P 3 および C a s p a s e 2。配列にある他の B c l タンパク質家族は、有意に変わらなかった。多機能ミトコンドリア L O N プロテアーゼは、上に向かう調整された 2 . 1 - 折り目であった。

【 0 0 9 3 】

実施例 1 4

C A P R 変異体細胞系の輪郭

実施例 2 のマウス配列は、クロラムフェニコール抵抗 (C A P R) のための突然変異を收容しているマウス変異体細胞系および 1 6 S の r R N A 遺伝子の m t D N A 突然変異を有する C A P R 5 0 1 - 1 つの細胞系のミトコンドリア生物学表現輪郭を決定するために用いた。空想的なマウスの C A P R 突然変異は、白内障 (減少する光受容体反応) を引き起こす空胞化網膜顔料上皮および視神経頭部の h a m a r t o m a t o u s な結果の。C A P R 突然変異を継承しているマウスは胎児致死性の著しい増加を示した、そして、生まれたものは成長遅滞、膨張された心筋症およびミトコンドリア異常を有する 2 週以内で死んだ。C A P R 5 0 1 - 1 は、C A P S L M (T K) と比較してあった - 細胞系。これらの 2 つの細胞系は、両方ともマウス L 9 2 9 細胞に由来する。C A P R 細胞系からの、そして、野生のタイプ細胞からのサンプルは、転写されて、差別的に標準の 2 色蛍光

10

20

30

40

50

システムについてのラベルがついている後退であって、実施例 2 のマウス配列に交雑した。C A P R 細胞系は、有した増加機構全ての 13 枚の m t D N A コピー、しかし、多数の n D N A O X P H O S 遺伝子の下での規制の。L M (T K) 対 C A P 501-1 細胞系 - 遺伝子表現散乱プロット線は、全ての m t D N A 反訳記録が上であることを示した - 3 に対する 3.1 を調整する。5 倍核コード化された O X P H O S サブユニットが 2.1 を調整される d o w n - である、5.3 - 折り目。プロコラーゲン、タイプ I I I および V I は、また、3.5 を u p - r e g u l a t e d された 4 - 折り目。

【0094】

実施例 15

細胞系に対する治療の輪郭

本発明のマウス配列は、治療変化（例えば変化している細胞培養状況）がどのように遺伝子表現に影響を及ぼすかについて示すために用いた。制御細胞系 L M (T K) - 媒体が培養組織に対して側面図を作られた標準の成長する L M (T K) - ブドウ糖、ピルビン酸塩およびウリジン (L M , T K) 、 G U P で補充されるメディアで発達する細胞。扱われた線維芽細胞細胞系からの、そして、非処理の線維芽細胞細胞からのサンプルは、転写されて、差別的に標準の 2 色蛍光システムについてのラベルがついている後退であって、実施例 2 のマウス配列に交雑した。治療は、L O N プロテアーゼおよび H S P 84 の下の規制に結果としてなった。この実験の散乱平面図は、同じ中心的なグループにおいて、あった遺伝子以外のそれを示した - 実施例 17 において、言及される N Z B 細胞系の調整するほとんど遺伝子が、なかったかなりそれらの式で異なる。最も高い違いを示した 3 つの遺伝子の雑種形成点は、H S P 70、L O N プロテアーゼおよび 70 k D a 熱ショック・タンパク質 (H S P 70) があった E . T . F . であった - 調整された 3.4 - 折り目。H S P 70 は、A T P に依存するモーターを内側ミトコンドリア膜により形成するミトコンドリア・タンパク質輸入品に関係している付添いタンパク質であることを示したトランスロカーゼ、そして、移動中のポリペプチド (V o o s , W . ほか、「ミトコンドリアへのタンパク質移動の機構」、[1999 の] B i o c h i m i c a e t B i o p h y s i c a A c t a 1422:235-54) . 全ての H S P 70 制御点は中間の強度の中であつた。その一方で、実験的な点は中心の中間の強度だけであつた。L O N プロテアーゼは、L M (T K) の 9.7 倍調整される d o w n - であった - G U P . において、発達する細胞制御 L O N プロテアーゼ点は、全ての点の上の中間の高い強度の中で、そして、実験的な点の低い強度の中であつた。電子転送フラビンタンパク質 (E T F) (シャトル電子は電子伝達チェーンに脂肪酸代謝の間、それを集めた) は、3.8 倍、刺激に対する反応を抑制された。E . T . F 制御点は、高い強度および実験的な即座の非常に低い強度であつた。いくつかの核コード化された O X P H O S サブユニットは、アミノ酸代謝に関係しているいくつかのタンパク質がそうだったのと、同程度よく 1 の刺激に対する反応を抑制した。1 の平均比率を有する 2 - 折り目に対する 5.65 . 大部分のこれらの遺伝子が + / - 1.7 の比率分離以下に落ちたので、更なる分析は表現パターンが重要であつたかどうか決定するために必要だった。レベルおよび整合したいいえが模倣する m t D N A 反訳記録の違いが、なかった増加機構糖分解遺伝子の。

【0095】

実施例 16

治療の後の、そして、徴候の前の S o d 2 変異体マウスの輪郭

M n T B A P をもつ S o d 2 変異体マウスの治療は、心臓でより有効な病理学を予防する、M n T B A P - 治療された変異体動物が 3 週までに虚弱に至る顕著な運動障害を呈する 12 の日以後、いかに変化、そして、グリオーシス運動機能と関連する皮質および特定の脳幹核の。重症神経病理学が血液脳バリア全体の M n T B A P の貧しい交換局から生じられると思われる。M n T B A P のミトコンドリア生物学表現側面 - 非処理の、S o d 2 変異体マウス、そして、M n T B A P - 処理する、S o d 2 変異体マウスは、実施例 2 のマウス配列を使用して決定された。サンプルは、M n T B A P 治療のない古い 8 日の S o d 2 マウス、M n T B A P 治療をもつ古い 8 日の S o d 2 マウスおよび M n T B A P 治療をも

10

20

30

40

50

つ古い12日のSod2マウスから集められた。サンプルは、また、年齢のマッチされた対照から集められた。約20の遺伝子が、対応する年齢のマッチされた対照と比較して、Sod2ノックアウト・マウスの全ての3つの集まりにおいて、差別的に表されるとわかった。約20の遺伝子は、bioenergeticな遺伝子(例えばミトコンドリア・クレアチンホスホキナーゼ、酸化防止剤酵素)を含んだグルタチオン・ペルオキシダーゼ3およびapoptoticな要因の様にcaspase 1およびアポトーシス抑制剤を含むことは、3を因数に分解する。興奮させるアミノ酸運搬装置3、frataxinおよび未知の機能の1つのESTは、また、誘導された。神経障害変化の前に表現における示された変更の側面図を作っているミトコンドリア生物学表現は、明らかにされた。

【0096】

10

実施例17

変異体マウスの器官に特有の輪郭

NZBマウスは、mtDNAおよびthe「common haplotype」mtDNAsに沿って並ぶ(単一の女性、フェリスほか、1982の結果が108のヌクレオチドによって、異なる。そして、これらの多形違いが未発達の融合技術により作製されるマウスのmtDNAsのheteroplasmicな人口の分離をモニタするために用いたように、129/Sv、C57B1/6J、C3H、BALB/cおよび考えられる他の人は現れた(女性の生殖細胞系のランダムな遺伝的浮動が迅速な分離を説明するJenuith(J. P.その他)哺乳類のミトコンドリアDNA、「[1996の]ナット・ジュネ14:146-51、Jenuith、J. P.ほか、heteroplasmicなマウスの異なるmtDNA遺伝子型のための組織に特有の選択、「(1997の)ナット・ジュネ16:93-5、Meirelles、F. V.、そして、マウスheteroplasmicな血統のミトコンドリア遺伝子型分離が産出したスミス(L. C.)胎児カリオプラスト移植、「(1997の)Genetics 145:445-51、Meirelles、F. V.、そして、ミトコンドリア・スミス(L. C.)マウスheteroplasmicな胚のpreimplantation発現の間、遺伝子型分離、「[1998の]Genetics 148:877-83)。NZBおよびCAPRマウスからの組織は、マウス配列に側面図を作られた。メッセンジャーRNAは、脳、肝臓、脾臓、腎臓、心臓およびコートに記載の細胞由来のCAP細胞が色をつけるESのために、80%空想的であったNZB mtDNAのためにheteroplasmicな雄のマウスおよび雄のマウスの骨格の筋肉から分離された。CAPR突然変異の厳しさのために、CAPR mtDNAのためにhomoplasmicだったマウスのミトコンドリア遺伝子表現変化を分析することが可能でなかった。各々の組織サンプルのための制御mRNAは、セックス、年齢および核背景のマッチされた制御マウスから分離された。組織サンプルの全ては、各々の組織のNZBおよびCAPR mtDNAのためのheteroplasmicのレベルを決定するためにgenotypedされた。NZB and「common」mtDNAの同等のレベルは、NZB mtDNA - 陽性マウスから分析される6枚の薄紙で見つかった。CAPRキメラからの6枚の薄紙は、それぞれ、腎臓を有するCAPR mtDNAおよび最も高い総計、65%および50%のCAPR mtDNAを有する脾臓のレベルを変化させることを有した。心臓はほぼ20%のCAPR mtDNAを含んだ。その一方で、脳、肝臓および筋肉は5%および10%の間で全てCAPR mtDNAを含んだ。NZB - mtDNA組織サンプルの分析で、心臓、肝臓、脳および腎臓のいかなる差別的に表された遺伝子も現れなかった。NZB心臓からの散乱プロット線は、図4に示される。散乱ほとんどすべての遺伝子が1の表現比率を有するという点で、肝臓、脳および腎臓からのプロット線は実質的に同一である。NZB - mtDNA脾臓および筋肉の分析は、2枚の薄紙において、差別的に表されたいくつかの遺伝子を示した。NZB - mtDNA筋肉は、示した1.5 - 2に。mtDNAが転写する、ピルビン酸塩デヒドロゲナーゼがあった全ての1倍の減少2。2倍、そして、1.4の刺激に対する反応を抑制される核コード化されたOXPHOSサブユニットのための一般の傾向が1であってそこで。8 - 折り目。多孔状の輸送タンパク質(

20

30

40

50

pantophysin)は刺激に対する反応を抑制された4 - 折り目およびグリコーゲン分解であった律速酵素(グリコーゲン・ホスホリラーゼ)、3 - 折り目下がっていた。筋肉において、かなりup-regulatedされたいかなる遺伝子も、なかった。mtDNA - コード化された遺伝子表現の類似したパターンは、2 - 折り目に1.8の下で全ての反訳記録を有するNZB - mtDNA脾臓において、観察された。しかし、そのような表現レベルがNZB - mtDNA骨格の筋肉において、観察した核OXPHOSサブユニットの違いが、なかった。NZB - mtDNA筋肉とは対照的に、いくつかの遺伝子は、脾臓において、up-regulatedされた。NZBの結果への直接の反対において、細胞系が両方ともヘム生合成遺伝子の中で深く探ることコプロポルフィリノゲン、オキシダーゼIIIは、dereactedした増加機構脾臓の3 - 折り目。統合された膜タンパク質SURF 4は2 - 折り目の上にあった、そして、アミノ酸代謝遺伝子2 - amino - 3 - ketobutyrate CoAリガーゼは4の上にあった。8 - 折り目。筋肉の3 - 折り目の下で、グリコーゲン・ホスホリラーゼは、脾臓の4.8倍の上にあった。筋肉および脾臓結果は、NZB and 「common」mtDNA間の多形性が他以外の若干の組織の機能的な結果を有することができないことを示唆する。CA組織サンプルの分析は、いかなる遺伝子も腎臓、心臓、筋肉、肝臓または脾臓において、差別的に表されることを示さなかった。変異体mtDNAsの最高パーセンテージを有して、腎臓はほとんどすべての遺伝子のための表現比率約1を有した。腎臓上の2人の営外居住者は、調整されるdown - であることは制御サンプルの高い背景を引き起こしている雑種形成人工産物により説明されることができるようであるプロット線を拡散させる。CAPR脳サンプルは、いかなる差別的に表された遺伝子も有した唯一の組織であった。Skd 3は、up-regulatedされた2.2倍の、グルタチオン・ペルオキシダーゼは、2の上にあった。4 - 折り目およびアポトーシス - 抑制剤3は、2の上にあった。4 - 折り目。遺伝子が1.8 - 折り目を超える脳において、刺激に対する反応を抑制されなかったにもかかわらず、脳サンプルのより精密な分析は他の組織の何にもおいて観察されなかった傾向を明らかにした。核コード化されたいくつかのOXPHOSサブユニットは、1.3および1の間で調整されるdown - であった。6 - 折り目。これらの含まれた5 Complex私サブユニット、3 Complex IVサブユニット、そして、VDAC 1および3と同様に5 Complex Vサブユニット。Complex IIおよびIIIサブユニットまたはmtDNA反訳記録のいずれも、この傾向に続かなかった。NZBおよび、それとは別にそして、細胞系と共に、CAPRマウス組織の主要な構成要素分析は、実行された。

【0097】

実施例18

ミトコンドリア配列のための遺伝子の識別

ミトコンドリア生物学のマウス変異体は、ミトコンドリア生物学に関係している遺伝子を識別するために用いた。アデニン・ヌクレオチドの心臓/筋肉isof ormにおいて、不十分なマウス・トランスロケータ、骨格のミトコンドリアの劇的な激増を含む、人間の酸化リン酸化(OXPHOS)の多くの特質が病気にかからせる(ANT1)証拠物。サンプルは、8000以上のシーケンス - 検査されたcDNAsを含んでいるマウスmicroarrayチップ(マウスUnigene 1、Incyte Genomics社、パロアルト、カリフォルニア)にANT1および野生のタイプ・マウスの腓腹筋の筋肉から集められて、転写して後退して、差別的にラベルをつけて、交雑した。雑種形成結果の分析は、150以上の差別的に表された遺伝子を識別した。すでにミトコンドリア生物学に関係していると認められなかった遺伝子シーケンスは、実施例2のマウス配列に配置された調査を生成するために用いた。相応するヒト遺伝子シーケンスは、実施例1の人間の配列に配置された調査を生成するために用いた。

【0098】

実施例19

人間のミトコンドリア配列を使用しているチンパンジの年齢関連の変化の輪郭

10

20

30

40

50

チンパンジのミトコンドリア生物学表現側面の年齢関連の変化は、実施例 1 の人間の配列を使用して決定される。より古いチンパンジの *most-mortem* 組織からのヤングアダルト・チンパンジ筋肉およびサンプルからのサンプルは、後退である - 実施例 1 の人間の配列を転写して、差別的にラベルをつけて、そして、交雑した。

【0099】

実施例 20

推定の中立不偏の異なる変異体マウスの輪郭

NZB細胞系は、mtDNA多形性のより中性の一群から生じているミトコンドリア遺伝子表現における変更を調べるために側面図を作られた。上記したように、NZB mtDNAは、the「commonと比較して108のシーケンス差を含む」、マウスmtDNA遺伝子型は、LM(TK)で発見した。これらの違いは中立的に多形ことが報告される、(Jenuithなほか([1996の]ネイチャーGenetics 14): 146-151、Meirellesおよびスミス[1997の] Genetics 145: 445-451)、その仮説を支えることはNZBミトコンドリアの高いパーセンテージを含んでいるそのトランスジェニック・マウスであるという唯一の証拠は、少しも明白にしない表現型(レビー、S. E.、Mouse Mitochondrial Genomeの遺伝子のAlterationおよびGene Expression(「、2000の)博士Thesis、エモリー大学上のEffects、Jenuithなほか[1997の]ネイチャーGenetics 16: 93-95、Meirellesおよびスミス[1998の] Genetics 148: 877-883) . NZBサイブリッド細胞系が、あったマウス・ミトコンドリア配列に側面図を作られる。NZB細胞系および親のLM(TK)間の遺伝子表現比率の散乱プロット線 - (GUPサブメントなしで)、Acyl-CoAデヒドロゲナーゼは、脂肪酸代謝遺伝子の両方のその調査に明らかにする(中等度鎖)検出する増加機構3.6 - 折り目。プロコラーゲン、IIIおよびVIは、up-regulatedされた6.2、そして、6。それぞれ、8 - 折り目。2つのインディペンデントは深く探るコプロポルフィリノゲン、ヘム合成に関係しているオキシダーゼIII遺伝子は規制2.6および2の下で検出した。3 - 折り目。また、刺激に対する反応を抑制される「末しょうタイプ・ベンゾジアゼピン・レセプタ。このレセプタは、酸性応力(カルシウム・ホメオスタシス)の状態の下で、ミトコンドリア・タンパク質輸入品の規制と、ステロイド合成(試験管内のCulty(M. その他)は、役割に研究する末しょうタイプ・ベンゾジアゼピン・ステロイド合成、[1999の] J. Steroid Biochemistry及びMolecular Biology 69のレセプタとからなる様々なミトコンドリア機能で関係させるを有している。123-30、ライト、G.、そして、Reichenbecher. Vに、「マンガに依存する過酸化物のミトコンドリア処理上の過酸化物および周辺ベンゾジアゼピン・レセプタ・リガンドの効果ジスムターゼ」([1999の] Experimental Cell Research 246): 443-50)。糖分解遺伝子グリセルアルデヒド-3-リン酸脱水素酵素、そして、グルコース-6-リン酸イソメラーゼは、up-regulated 1.7および、それぞれ、2.1 - 折り目であった。糖分解遺伝子は、また、NZB細胞系において、up-regulatedされた。これは、それを示すシーケンスNZB and「common間の多形性」、mtDNAsは完全に中性であるというわけではなくて、ミトコンドリア機能のLM(TK)と結合されるときに変化を引き起こす - 核。このように、NZB mtDNAは、the「common」mtDNAゲノムによって、完全に交換可能に見えない。面白いグループにおいて、あった遺伝子 - 、要因(PAF)を起動させているプロ炎症性遺伝子Caspase 1および小坂は、NZB細胞系において、調整したアセチルヒドロラーゼ(ミトコンドリアRNAポリメラーゼ)、そして、グルタチオン・ペルオキシダーゼ3。

【0100】

実施例 21

細胞系の中で集まって階層的

主要な構成要素分析 (PCA) および階層的に集まるは、全てのサンプルの上のそれらの表現パターンの類似点に基づいて、グループ遺伝子に細胞系データ (実施例 13 - 15 および 20) に実行された。PCA 分析は、できるだけ多くのものを含む 3 本の主要な軸を算出することによって、データの寸法を減らすために用いた。各々のサンプルは、それから *three dimensional* なスペースのそれらの軸にプロットされた。PCA 結果は、NZB 細胞系が他の細胞系 (他のサンプルと同じようなより少しの差別的に表された遺伝子を有するそれと整合した) から離れて集まることを明らかにした。LMEB 4 pO、501-1 および LM、TK (全てが配列した (GUP) 細胞系) 1 本の一般の原理軸 (おそらく核 OXPHOS 遺伝子の下の規制の共通性による) に沿って。しかし、それらは他の 2 本の軸において、異なった。LM (TK) - (GUP)、そして、NZB 「1 本の軸 (おそらく糖分解遺伝子表現の OXPHOS 遺伝子および付随する誘導の部分的な減少による) を共有した。しかし、CAP R 501-1 および LMEB 4 pO サンプルと比較して両方ともほとんど違いを示すというわけではなかった。階層的な集まっているアルゴリズムが、サンプルの全て全体の類似した表現側面を有するグループ遺伝子に使われた。両方の遺伝子は、ユークリッドの距離測定値および平均結合を使用して、サンプルがそうだったのと、同程度よく集まった。集まっている結果は、7 つのグループの細胞系サンプルの類似した表現パターンを有する遺伝子を現した。遺伝子の特定の種類が、一緒に変化するとわかった。PCA 分析に同様の LM (TK) に示す表現変化 - (GUP)、そして、連続してよりはるかに分岐している CAP R 501-1 および LMEB 4 pO サンプルと共に群がる最も近く NZB サンプル。Group 1 つの遺伝子は、脂肪酸代謝に関係している。グループ 2 つの遺伝子は主に LM (TK) において、刺激に対する反応が弱まった - (GUP) サンプルはリンゴ酸塩デヒドロゲナーゼ、乳酸塩デヒドロゲナーゼ、グルコースリン酸イソメラーゼおよびいくつかのアミノ酸代謝遺伝子を含む。グループ 3 つの遺伝子は、5 つのサンプル全体に同等に式で変化する遺伝子の多様な一群である。それは核コード化された若干の OXPHOS サブユニットを含む。そして、2、3 の酸化防止剤および輸送タンパク質がピルビン酸塩キナーゼおよび GTP - と同様にタンパク質を結合する。グループ 4 は、主に CAP R 501-1 つの細胞系において、*up-regulated* される遺伝子の小さい、多様な一群である。このグループは、Ant1 において、*up-regulated* されるとわかる同じ遺伝子のいくつかを含む (- /) 差動の表示分析、マードックほか、1999 によって、マウス。また、2 はこのグループにおいて、ある「NADP トランスヒドロゲナーゼ (炭酸塩デヒドラゼおよびシトクロム b5 還元酵素)。グループ 5 は、ほぼ核コード化された OXPHOS サブユニットだけである。電圧に依存する陰イオン・チャネル (VDAC) 遺伝子およびいくつかの酸化防止剤タンパク質も、このグループにおいて、集まる。グループ 6 は、ほぼ完全に mtDNA - コード化された反訳記録から成る。グループ 7 は、異種のグループにおいて、あった遺伝子である - 分析される各々のサンプルおよび含まれた Caspase 1 の調整する PAF アセチルヒドロラーゼ (ミトコンドリア RNA ポリメラーゼ)、そして、グルタチオン・ペルオキシダーゼ 3。階層的な集まっているパッケージは、従来技術において、利用できる、*i.e.* 表現 *Profiler* (<http://ヨーロッパのBioinformatics研究所、ケンブリッジ、英国からep.ebi.ac.uk/EP/>)。PCA は、*Bioinformatics* 2001、ボリューム 17、番号 9、ページ 763 - 774 に記載されている。

【0101】

以下の実施例は、ミトコンドリア生物学表現配列、サンプル準備、雑種形成、スキャンおよびデータ正常化の準備を記載する。

【0102】

実施例 22

PCR 拡大

PCR、拡大は標準により実行された PCR 技術。調査は、100 の p1 の汎用下塗り一組 (前方の下塗り 5' CTGCAAGGCG ATTAAGTTGGGTAAAC - 3'

10

20

30

40

50

Reverse下塗り5' GTGAGCGGATTAACAATTTCAC ACAGGA
 AACAGC - 3') を使用している私の拡大しているクローンを作られたPCR反応含
 んでいるPCRバッファ(10mMのトリス、1.5mMのMgCl₂、50mMのKCl、
 pH8.3)、0.2mMのdNTPs、0.2mM各々の下塗り(1.25のU
 Taq(シグマ、聖ルイス、MO)。0.5 - 1アル、各々は細菌培養組織の中で増され
 た「PCR、反応および熱循環は、次のようにされた: 94のCの4分が循環をFollow
 ingしている72のC、で94のC、66のCの30秒および30の1分の2番で
 15秒の35台の自転車までに続かれて、反応は全ての拡張反応を完了するために4分
 間の72のCで保たれた。全てのPCR、製品は1.5%のゲルでアガロース・ゲル電気
 泳動により確認された。満足な拡大の後、製品はUV 260/280比率によって、数
 10
 量化されて、Savant Speed-Vac、ホルブルック、NYにおいて、乾燥し
 た。乾燥製品は、それから配列するための400 - 600 ng/ulの集中で、3xSSC、
 450mMのNaCl、40mMのクエン酸ナトリウムの中に再懸濁された。

【0103】

実施例23

スライド準備

調査を配列する前に、配列のためのガラス顕微鏡スライドは、基板を結合しているDNA
 Aに提供するためにポリエステル繊維-Lysineでおおわれていた。標準のガラス顕
 微鏡滑り面(金Seal、Beckton-Dickson、フランクリンLakes、NJ)
)は、2.5MのNaOH(2時間の60%のエタノール)の溶液において、清潔になっ
 20
 た。清掃の後、スライドは真水のすすがれた5つの時間であった。スライドは、それから
 0の解決に浸された。0.1%ポリエステル繊維-Lリジン。1x、1時間のPBSは、真
 水において、水洗いで落ちることによって、あとに続いた。すすいだ後に、スライドは1
 5分の間の45Cで真空オープンにおいて、乾燥した。

【0104】

実施例24

印刷している

配列は、GMS 417のArrayer(Affymetrix/Genetic
 Microsystems、Woburn、MA)を使用しているポリエステル繊維-L
 -Lysineおおわれているガラス・スライド上へ印刷された。配列は、150um(30
 ほぼ33pL点につき量)の即座の容積および375umのセンター間点間隔を有する4
 -ピン印字ヘッドを使用して印刷された。65 - 70%の湿度レベルは、カスタム加湿機
 システムによって、配列を印刷することの間、維持された。印刷した後に、配列はあった
 室温で、1時間乾燥できる。配列はそれから暖かい溶液を通じて再水和することにより処
 理された1x、5分の間のSSCは95 1 C熱ブロックに、急速に乾燥することによ
 って、あとに続いた。乾燥すること後の、DNAが配列を65mJの紫外線エネルギーに
 さらすことによって、スライドにクロスリンクされたこと(よりStratalinker
 にストラタジーン(ラ・ホーヤ)CA)。雑種形成の間、配列上の非特異性の相互作用
 をブロックするために、スライドはそれから室温で、コハク60mMの無水物の溶液およ
 び15分の間の1-methyl-2-pyrrolidinoneの40mMのホウ酸
 40
 ナトリウムで扱われた。配列は、それから2分の間の95のC水において、変性して、9
 5%のエタノールの急速な浸入によって、水分を失った。配列は、それから5分の間の2
 0xgで遠心分離によって、乾燥した。

【0105】

実施例25

サンプル準備

全RNA調合剤は、製造の方向につきTRIzol試薬、生命Technologies
 s、Gaitheersburg博士を使用することを実行された。細胞培養サンプル(2
 25mlのフラスコがTRIzolの18mlフラスコにおいて、直接溶解した90%
 の支流)のための少なくとも3つのフラスコは、培養状況によって、生じるいかなる変動
 50

性も減らすために各々の細胞系のためにプールされた。各々のマウス組織のために、RNAはほぼ500mgの6mlのTRIzolにおいて、機械的に均質にされた組織から分離された。完全RNAの隔離後の、ポリエステル繊維-A + mRNAは、製造の方向につきQiagen Oligotex、バレンシア、CAを使用することを分離された。

【0106】

実施例26

翻訳(ラベルをつけること)を逆転させる。そして、雑種形成

Mitochip配列に雑種形成の目標を生産するために、ポリエステル繊維-A + RNAの2つのFgは、逆の転写によって、蛍光ヌクレオチドについてのラベルがついていた。ポリエステル繊維-A + RNAは、3mgの停泊するオリゴdTを混ぜ合わせられて、氷上の10分までに続かれる10の数分の間の70Cで孵化した。変性して鍛えられたRNAは、それから反応バッファ(50mMのTris-HCl、75mMのKCl、3mMのMgCl₂ pH 8.3)を含んでいる30の1つの反応混合物、10mMのジチオthreitol、500uM dATP、dGTP、dTTP、300uM dCTP、20のU SuperScript逆転写酵素、生命Technologies、Gaithersburg博士およびいずれのCy5-dCTP(制御サンプル)もまたはCy3-dCTP(実験的なサンプル)の100uMにおいて、転写される後退であった。反応は、2時間の42Cで暖められた。潜伏後の、1MのNaOHが加えられた0.15ulは残留するテンプレートRNAを解体する。そして、サンプルは10分の間の70Cで孵化した。反応は、0.1MのHClのうちの1つがTEバッファの440のp1によって、続いた15の加算によって、効力を消された(10mMトリス、1mM EDTA、pH 7.4)。合成されたcDNAは、Microcon YM-3つの遠心フィルタ素子(ミリポア、ベッドフォード、MA)を使用しているサイズ-除外濾過により浄化された。浄化の後、10ugのポリA RNA(シグマ、聖ルイス、MO)およびイースト転移RNA(tRNA)、生命Technologies、Gaithersburg博士の10のFgは、加えられた。最終的なサンプル生産量は、0.25%、12glおよび525mMのNaCl(52.5mMのクエン酸ナトリウム)に合ったSDS。サンプルは、2分の間の100Cで変性して、配列を増した。サンプルおよび配列は、高い厳しさ雑種形成状況の下で交雑した。サンプルおよび配列は、22mm、22mmのxにより適用されられたカバーガラス、そして、湿らされた雑種形成室(コーニング、アクトン、MA)の配置して、そして、12-16時間の65のCで孵化する。雑種形成後の、配列は2xSSC、0.1%の特別割引販売の連続した5分の洗浄によって、洗われた、1xSSC、そして、0.1xSSC。最終的な洗濯の後、配列は20xgの遠心分離によって、乾燥して、GMS 418のArray Scanner(Affymetrix/Genetic Microsystems、Woburn、MA)を使用することを走査した。

【0107】

実施例27

配列スキャンおよびデータ分析

走査された配列は、16ビットTIFFファイルとして保存されて、BiodiscoveryのImageNeソフトウェア、ロサンゼルス、CAを使用することを分析した。データマイニングおよび集まっている分析は、BiodiscoveryのGeneSightソフトウェアを使用して実行された。データ分析の前に、全ての細胞培養サンプルは、配列上の全ての点を使用して正常化された。全てのマウス組織サンプルは、マウス配列上の家事遺伝子に正常化された。ローカル背景は各々の個々の点のために算出された、そして、信号強度を有するいかなる点も背景またはその上の3回が劣った形態学を有したより、よりデータ分析から締め出されなかった。1.7を超える差動の表現値だけは、重要であるとみなされた。全ての値の天然丸太(ln)をとることによって、変わって、Z-得点によって、正常化した表現比率データに、GeneSightを使用して実行される全てのデータマイニングおよび集まっている分析は、あった。データは、表現比率

値の非ガウス分布を原因として生じるので変わる。比率がゼロによって、下限に囲まれているので、非ガウス分布は通常観察される。追加的な統計操作を考慮に入れるために、データはより同一の配布のために変わった。Z - 得点正常化方法はあらゆる診察から平均ものを減じて、その標準偏差によって、分かれることを含んだ。そして、配列上の他の全ての点に効果的に各々の点を正常化した。

【 0 1 0 8 】

実施例 2 8

雑種形成のサンプルをとるミトコンドリアである

制御 c D N A サンプルは L M (T K) から分離される m R N A から備えができていた - 、細胞は線をひいて、C y 5 染料でラベルをつけた。各々の実験的な m R N A サンプルは C y 3 染料についてのラベルがついていた。そして、C y 5 制御サンプルおよび配列を交雑させるために用いる混合と結合された。交雑する配列の代表的なイメージは、図 2 に示される。赤く見えた配列上のいかなる点もかなりの C y 5 のラベルが付いた制御 L M (T K) の雑種形成によった - 、緑だったサンプルおよびいかなるサンプルもかなりの C y 3 のラベルが付いた実験的なサンプルの雑種形成によった。黄色であるいかなる点も、2つの目標のほとんど同等の共同雑種形成である。蛍光比率は各々の点のために数量化された。そして、2つのサンプルの各々の遺伝子の m R N A の相対的な多量の算出ができるようにした。

10

【 0 1 0 9 】

実施例 2 9

正常化

m R N A の逆の転写の間、生じられる c D N A にラベルをつけるために用いた 2 つの蛍光染料は、異なる構造および異なる放出最大を有する。したがって、各々の f l u o r e s c e n t l y なラベルをつけられたサンプルの雑種形成を表す 2 つのイメージは、2つのイメージ間の表現比率を算出する前に染料挙動の違いを占めるために各々に正常化された。1つのイメージは、それから各々の点に適用された定数を引き出すために各々のイメージの点の全てを平均することによって、その他に正常化された。あるいは、全ての状況の下で 2 つのサンプルにおいて、等しく表された遺伝子の予め定められた一組が、使われることができた。これらの遺伝子の表現比率は、それから配列上の全ての点に適用された定数を算出するために用いた。表 2 の一組の 2 5 の家事遺伝子は正常化のためのマウス配列に含まれた、そして、これらの方法の両方ともマウス細胞系および組織サンプルの分析において、使われた。洗練された細胞の家事遺伝子表現は、組織サンプルの非常に可変であった。細胞系サンプルの家事遺伝子表現パターンの変わりやすさのため、正常化は配列上の点の全てを使用してされた。家事遺伝子の表現度は組織サンプルでずっと一貫していた、そして、遺伝子の全ての家事遺伝子が平均を使用している正常化は類似した結果を与えた。

20

30

【 0 1 1 0 】

実施例 3 0

本発明の配列に制御調査を作ること役立つ C l o n e s は、表 6 にリストされる。制御調査をすることに役立つ遺伝子のシーケンスは、このシーケンス・リストに示される。

40

【 0 1 1 1 】

表 6

【 0 1 1 2 】

【表 6】

SEQ ID NO.	Gene Name	Complete Gene Name	GenBank Accession No.
3041	Beta Actin	Human beta actin	X63432
3042	Plant control CAB	Arabidopsis photosystem I chlorophyll a/b binding protein	X56062
3043	Plant control rbcL	Arabidopsis ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit	U91966
3044	Plant control RUBISCO	Arabidopsis RUBISCO activase	X14212

10

認めるによって、それらの通常の技術従来技術において、そのサンプル、サンプル収集技術、サンプル準備技術、調査、調査生成技術、ミトコンドリア生物学に関係している遺伝子、雑種形成技術、技術を印刷している配列、生理的状況、細胞系、変異体圧力、有機体、組織、固体基板および特に本願明細書において、開示されるそれら以外のデータ分析の方法は、従来技術において、利用できて、本発明の実行において、使用されることができ。全ての技術 - 周知の機能的な等価物は、本発明の範囲内で含まれることを目的とする。

【0113】

シーケンス・リストの参照

表3 - 5は、本発明の方法を実施することに調査を作ることに関与するクローンに関するシーケンス情報の一覧を示す。クローン識別番号は、通常NIA (Agingする国家Institutes、国立衛生研究所、ベセズダ博士、USA)、ResGen Invitrogen (Carlsband、CA、USA)またはIMAGE Consortium (LLNL (リバモア、CA、USA)からある。遺伝子名および説明は、対応するクローンからされる調査によって、問い合わせられる遺伝子のために提供される。利用できる所で、GenBank Accession数およびUniGene Cluster IDは提供される。特定の遺伝子の機能は、表4に含まれる。利用できるときに、表3 - 4にリストされるクローンの5' and 3' endsのシーケンスは提供される。いいえ5である場合、または、3' sequenceは利用できたと、GenBank Accession番号からの遺伝子シーケンスがクローンが場合によっては一覧を示すというために定めた。GenBankシーケンスは、クローンのシーケンスより大きくてもよい。本発明は、提供されるシーケンス情報なしで実施されることができクローンまたはGenBankリストを本願明細書において、使用すること。表3 - 5にリストされるクローンから発生する調査によって、問い合わせられる遺伝子に由来する他のシーケンスは、公知技術の情報 (i. e) を使用している等価な調査をすることに役立つ。この種の遺伝子のユニークな部分が、使うことができる。

20

30

【0114】

クローンと一致するシーケンス・リストが表3にリストされて、おおう人間は、SEQ ID NOSを徹底調査する：1 - 994、情報を含む：シーケンス識別番号、一覧を示すシーケンスまたは遺伝子に対応するGenBank Accession番号は、一覧を示すシーケンスを含んでいる調査によって、質問した、表3の一覧を示すシーケンスを伴う括弧の他のGenBank Accession番号、シーケンスがあったクローンを識別しているClone ID番号が引き出したResearch Genetics (ResGen Invitrogen、カールズバッド、CA、USA)、クローンがあった遺伝子の名前は、由来した、遺伝子の記述、遺伝子のUniGene Cluster ID番号、IMAGE Clone ID番号 (それは、しばしばResGen Clone ID番号と同様である)、そして、3' of、シーケンスを5' orと確認している括弧の情報「クローン、クローンの挿入物の長さ、クローンの出所、クローン (例えばcDNA) のタイプ、そして、核酸シーケンス。

40

【0115】

50

制御調査のためのシーケンス・リストは、SEQ ID NOSとして提供される：3041 - 3044。

【0116】

クローンと一致するシーケンス・リストが表4にリストされて、マウスをカバーすることは、SEQ ID NOSを徹底調査する：995 - 3040、情報を含む：シーケンス識別番号、一覧を示すシーケンスに対応するGenBank Accession番号、対応するクローンの5' and/or 3' シーケンスまたは対応するクローンがあった遺伝子は、由来した、名前および対応するクローンがあった遺伝子の記述は、由来した、対応するクローンがあった遺伝子のUniGene Cluster ID番号は、由来した、即時のシーケンスがあったクローンの名前は、由来した、遺伝子の追加的な記述、Clone Name、Rearray Sequence、Parent Sequence、Other ESTおよびBlast Linkを通常含んでいる一組の表題、abovementionedされた表題の順に、シーケンスが引き出されたクローンの名前を含んでいる名前のリスト、それを識別している接尾辞を有するシーケンスの名として5' (-5の)、または、3' クローン、両親シーケンスの名前および他のEST (シーケンス・タグを表した)のそれが存在する場合名前の(-3の)シーケンス、それは3' or 5' sequenceのもう一方である、提供されるシーケンスの長さ、そして、核酸シーケンス。

10

【0117】

配列番号：1 - 3044は、ファイルのコンパクトディスクにこれと共に提出される「シーケンスListing. txt」whichは、本願明細書に引用したものとする。

20

【図面の簡単な説明】

【0118】

【図1】図1は、mitochondrialなエネルギー論を示している哺乳類のミトコンドリアおよびエネルギー製造、反動的な酸素種(ROS)世代およびアポトーシスの規制との関係の線図である。

【図2】図2は、本発明の交雑するマウス配列の描写である。制御または参照で実験的な目標を表している2本のチャンネルがかぶせられるときに、交雑する配列の画像は出されるイメージを示す。色において、見られるときに、点は赤、緑および黄色のさまざまな陰のように見える。赤い点は制御cDNAsに雑種形成の抜群を示す。その一方で、緑の点は実験的な目標サンプルに雑種形成の抜群を示す。黄斑は、両方のサンプルの同等の雑種形成を示す。黄緑色であるか配列が色に示されるオレンジである点は、半分の黄色として描かれて、緑であるか半分赤い、それぞれ、黄変する。

30

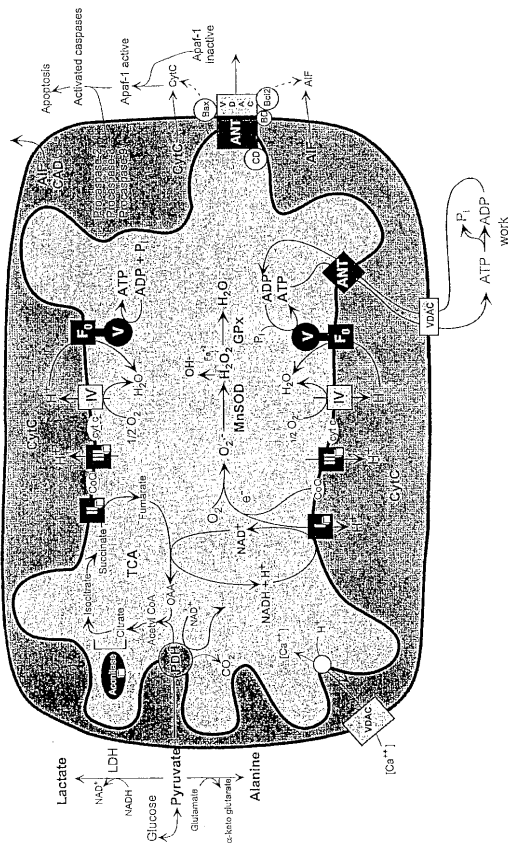
【図3】図3は、pO LMEB4細胞系遺伝子表現散乱プロット線を示す。散乱平面図は、pO LMEB4サンプルのための遺伝子表現比率の配布を示す。斜めの点線は、2つのサンプル間の1の比率を示す。点線より上のいかなる点も、up-regulatedされるかまたはLM(TK)と比較して、pO LMEB4実験的なサンプルでより豊富である - 制御。点線の下はいかなる点も、刺激に対する反応を抑制されるかまたは制御と比較して実験的なサンプルでより豊富である。

40

【図4】図4は、NZB心臓遺伝子表現散乱プロット線を示す。散乱平面図は、NZB心臓組織サンプルのための遺伝子表現比率の配布を示す。斜めの点線は、2つのサンプル間の1の比率を示す。点線より上のいかなる点も、調整されてup-であるか匹敵されるNZB-mtDNA心臓の実験的なサンプルで、より豊富である「common」mtDNAは、心臓を制御する。点線の下はいかなる点も、刺激に対する反応を抑制されるかまたは制御と比較して実験的なサンプルでより豊富である。

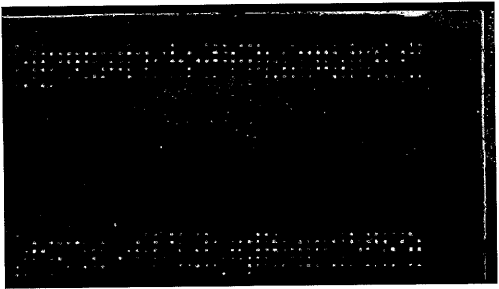
【 図 1 】

FIG. 1



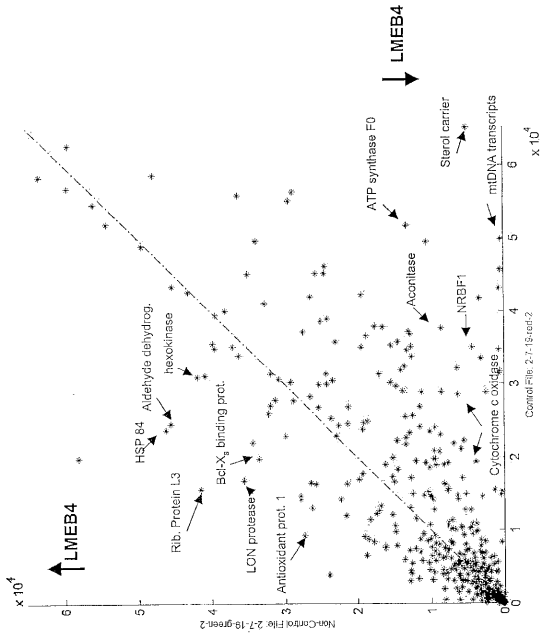
【 図 2 】

FIG. 2



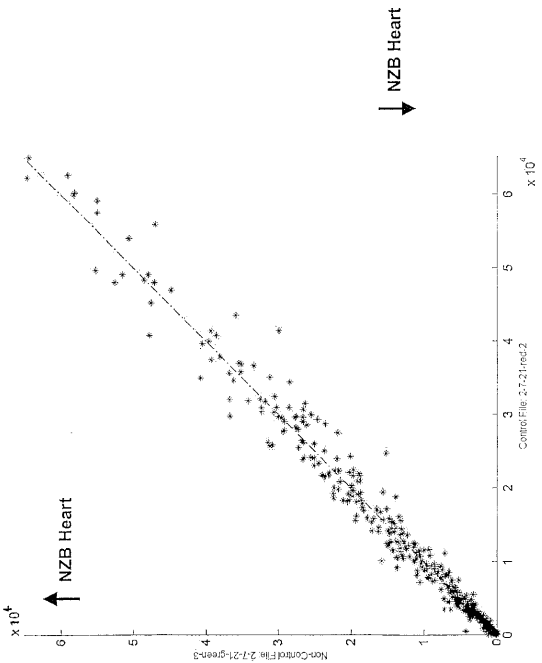
【 図 3 】

FIG. 3



【 図 4 】

FIG. 4



【配列表】

2005515757000001.app

【国際調査報告】

INTERNATIONAL SEARCH REPORT		International application No. PCT/US02/27886
A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER IPC(7) : C12Q 1/68; C07H 21/04 US CL : 435/6; 536/24.31 According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC		
B. FIELDS SEARCHED Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols) U.S. : 435/6; 536/24.31 Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used) Please See Continuation Sheet		
C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	WO 00/55323 A1 (MITOKOR) 21 September 2000 (21.09.2000).	1-16 and 18-20
A	US 6,033,860 A (LOCKHART et al.) 07 March 2000 (07.03.2000).	1-16 and 18-20
A	US 6,268,398 B1 (GHOSH et al.) 31 July 2001 (31.07.2001).	1-16 and 18-20
Y	PROCACCIO et al. Alterations in gene expression in Leigh's patients with Complex I defects detected using the Mitochip DNA microarray. Mitochondrion. June 2001, Vol. 1, No. 1, page 103.	17
Y	KERSTANN et al. Microarray analysis of human mitochondrial disease patients. Am. J. Hum. Genet. October 2000, Vol. 67, No. 4, Abstract 1484.	17
A	LEVY et al. DNA microarrays as a method to monitor changes in mitochondria-related gene expression in mouse mutant cell lines. Am. J. Hum. Genet. October 2000, Vol. 67, No. 4, abstract 1501.	7,16,20
<input type="checkbox"/> Further documents are listed in the continuation of Box C. <input type="checkbox"/> See patent family annex.		
* Special categories of cited documents: "A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance "E" earlier application or patent published on or after the international filing date "L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified) "O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means "P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed "T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention "X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone "Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art "&" document member of the same patent family		
Date of the actual completion of the international search 21 May 2003 (21.05.2003)		Date of mailing of the international search report 12 JUN 2003
Name and mailing address of the ISA/US Mail Stop PCT, Attn: ISA/US Commissioner for Patents P.O. Box 1450 Alexandria, Virginia 22313-1450 Facsimile No. (703)305-3230		Authorized officer Kenneth R. Morlick Telephone No. 703-308-0196

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/US02/27886

Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of Item 1 of first sheet)

This international report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claim Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:
2. ☐ Claim Nos.:
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:
3. ☐ Claim Nos.:
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of Item 2 of first sheet)This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:
Please See Continuation Sheet

1. ☒ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:
4. ☐ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

Remark on Protest

☐
☒

The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.

No protest accompanied the payment of additional search fees.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

PCT/US02/27886

BOX II. OBSERVATIONS WHERE UNITY OF INVENTION IS LACKING

This application contains the following inventions or groups of inventions which are not so linked as to form a single general inventive concept under PCT Rule 13.1. In order for all inventions to be examined, the appropriate additional examination fees must be paid.

Group I, claim(s) 6, 15, and 19, drawn to a nucleic acid array comprising human probe set #1, and methods of using and making such an array.

Group II, claim(s) 7, 16, and 20, drawn to a nucleic acid array comprising mouse probe set #2, and methods of using and making such an array.

Group III, claim(s) 17, drawn to a method of diagnosing Complex IV Leigh's Syndrome.

This application contains claims directed to more than one species of the generic invention. These species are deemed to lack unity of invention because they are not so linked as to form a single general inventive concept under PCT Rule 13.1.

In order for more than one species to be examined, the appropriate additional examination fees must be paid. The species are as follows:

each array comprising a unique set of particular nucleic acid probes is considered as a separate invention requiring a further examination fee.

The claims are deemed to correspond to the species listed above in the following manner:

claims 6, 15, and 19 - human probe set #1; claims 7, 16, and 20 - mouse probe set #2;

The following claim(s) are generic: 1-5, 8-14, and 18.

The inventions listed as Groups I-III do not relate to a single general inventive concept under PCT Rule 13.1 because, under PCT Rule 13.2, they lack the same or corresponding special technical features for the following reasons: the claims relating to nucleic acid arrays and the claim relating to diagnosis of a specific condition are not related in such a way as to provide for unity of invention. The special technical feature of the Group I claims relates to nucleic acid arrays comprising a specific set of probes (human probe set #1), that of Group II relates to nucleic acid arrays comprising a different specific set of probes (mouse probe set #2), while that of the Group III claim relates to analysis of expression of a particular set of genes in order to diagnose a specific syndrome. Thus there is no shared special technical feature.

The species listed above do not relate to a single general inventive concept under PCT Rule 13.1 because, under PCT Rule 13.2, the species lack the same or corresponding special technical features for the following reasons: the special technical feature of an array is defined by the particular set of nucleic acids which comprise said array; thus, the array comprising human probe set #1 (SEQ ID Nos 1-994) does not share any special technical feature with the array comprising mouse probe set #2 (SEQ ID Nos 995-3040).

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

PCT/US02/27886

Continuation of B. FIELDS SEARCHED Item 3:

USPAT, DERWENT WPI, MEDLINE, BIOSIS

search terms: mitochondrial, expression, library, EST, Leigh's syndrome, array

フロントページの続き

(51) Int.Cl.⁷

F I

テーマコード(参考)

C 1 2 N 15/00

F

(81)指定国 AP(GH,GM,KE,LS,MW,MZ,SD,SL,SZ,TZ,UG,ZM,ZW),EA(AM,AZ,BY,KG,KZ,MD,RU,TJ,TM),EP(AT, BE,BG,CH,CY,CZ,DE,DK,EE,ES,FI,FR,GB,GR,IE,IT,LU,MC,NL,PT,SE,SK,TR),OA(BF,BJ,CF,CG,CI,CM,GA,GN,GQ,GW, ML,MR,NE,SN,TD,TG),AE,AG,AL,AM,AT,AU,AZ,BA,BB,BG,BR,BY,BZ,CA,CH,CN,CO,CR,CU,CZ,DE,DK,DM,DZ,EC,EE,ES, FI,GB,GD,GE,GH,GM,HR,HU,ID,IL,IN,IS,JP,KE,KG,KP,KR,KZ,LC,LK,LR,LS,LT,LU,LV,MA,MD,MG,MK,MN,MW,MX,MZ,N O,NZ,OM,PH,PL,PT,RO,RU,SD,SE,SG,SI,SK,SL,TJ,TM,TN,TR,TT,TZ,UA,UG,US,UZ,VC,VN,YU,ZA,ZM,ZW

(72)発明者 レビー, ショーン

アメリカ合衆国 テネシー 3 7 0 2 7, プレントウッド, フレデリックスバーグ ウェイ
イースト 5 1 3 6

(72)発明者 カースタン, キース

アメリカ合衆国 ジョージア 3 0 3 4 1, チャンプリー, ジェファーソン サークル ノー
ス 7 2 0 1

(72)発明者 プロカッチオ, ビンセント

アメリカ合衆国 ジョージア 3 0 0 3 3, デカター, バレー ブルック クロッシング 3
1 9

F ターム(参考) 4B024 AA11 AA19 CA04 CA09 HA12

4B029 AA07 AA23 BB20 CC03 FA15

4B063 QA01 QA19 QQ03 QQ08 QQ43 QR08 QR42 QR56 QS25 QS34

QS39 QX02