

(19) 世界知的所有権機関
国際事務局



(43) 国際公開日
2002 年 3 月 28 日 (28.03.2002)

PCT

(10) 国際公開番号
WO 02/24923 A1

(51) 国際特許分類: C12N 15/55, 9/16, 5/10, 1/21, C12Q
1/68, C07K 16/40, G01N 33/573, 33/50, 33/15, A61K
38/46, 31/711, 39/395, A61P 11/06, 9/10, 19/02, 39/00,
7/00, 17/00, 25/16, 5/38, 25/28, 35/00, 13/12

[JP/JP]; 〒100-8185 東京都千代田区大手町一丁目6番
1号 Tokyo (JP).

(21) 国際出願番号: PCT/JP01/08138

(22) 国際出願日: 2001 年 9 月 19 日 (19.09.2001)

(25) 国際出願の言語: 日本語

(26) 国際公開の言語: 日本語

(30) 優先権データ:
特願2000-284044 2000 年 9 月 19 日 (19.09.2000) JP
特願2001-146466 2001 年 5 月 16 日 (16.05.2001) JP

(72) 発明者; および

(75) 発明者/出願人 (米国についてのみ): 宮地 宏昌
(MIYAJI, Hiromasa) [JP/JP]. 春岡 素子 (HARUOKA,
Motoko) [JP/JP]; 〒411-8731 静岡県駿東郡長泉町
下土狩 1188 協和醸酵工業株式会社 医薬総合研究
所内 Shizuoka (JP). 永田 裕之 (NAGATA, Hiroyuki)
[JP/JP]. 太田 紀夫 (OTA, Toshio) [JP/JP]. 川端 彩子
(KAWABATA, Ayako) [JP/JP]; 〒194-8533 東京都町田
市旭町 3 丁目 6 番 6 号 協和醸酵工業株式会社 東京研究
所内 Tokyo (JP). 菅野 純夫 (SUGANO, Sumio) [JP/JP];
〒167-0052 東京都杉並区南荻 4-8-13 Tokyo (JP). 中
村 祐輔 (NAKAMURA, Yusuke) [JP/JP]; 〒225-0011 神
奈川県横浜市青葉区あざみ野 1-17-33 Kanagawa (JP).

(71) 出願人 (米国を除く全ての指定国について): 協和醸酵
工業株式会社 (KYOWA HAKKO KOGYO CO., LTD.)

(81) 指定国 (国内): AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB,
BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK,

[続葉有]

(54) Title: POLYPEPTIDE HAVING PHOSPHOLIPASE A₂ ACTIVITY

(54) 発明の名称: ホスホリパーゼ A₂ 活性を有するポリペプチド

(57) Abstract: A novel phospholipase A₂ polypeptide; DNA encoding this polypeptide; a vector containing this DNA; a transformant transformed by this vector; and a process for producing the above phospholipase A₂ polypeptide. Methods of using the above polypeptide, for example, a method of screening a compound having an agonist or antagonist activity by using this polypeptide or an antibody thereto; and drugs containing this polypeptide or its antibody. A polypeptide (hereinafter referred to simply as the inhibitory polypeptide) inhibiting the phospholipase A₂ activity of the phospholipase A₂ polypeptide; DNA encoding the inhibitory polypeptide; a vector containing the DNA encoding the inhibitory polypeptide; a transformant transformed by this vector; drugs containing this inhibitory polypeptide; and a process for producing the inhibitory polypeptide.

(57) 要約:

本発明は、新規ホスホリパーゼ A₂ ポリペプチド、該ポリペプチドをコードする DNA、該 DNA を含むベクター、該ベクターで形質転換された形質転換体および該ホスホリパーゼ A₂ ポリペプチドの製造方法に関する。本発明はまた、該ポリペプチドの利用方法、例えば、該ポリペプチドまたはその抗体を用いたアゴニストまたはアンタゴニスト活性を有する化合物のスクリーニング方法、並びに該ポリペプチドまたはその抗体を含む医薬に関する。さらに本発明は、ホスホリパーゼ A₂ ポリペプチドのホスホリパーゼ A₂ 活性を阻害するポリペプチド（以下、阻害ポリペプチドと略す）、該阻害ポリペプチドをコードする DNA、該阻害ポリペプチドをコードする DNA を含むベクター、該ベクターで形質転換された形質転換体、該阻害ポリペプチドを含む医薬、および該阻害ポリペプチドの製造方法に関する。



WO 02/24923 A1



DM, DZ, EC, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NO, NZ, PH, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZA, ZW.

LU, MC, NL, PT, SE, TR), OAPI 特許 (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

添付公開書類:

— 国際調査報告書

(84) 指定国 (広域): ARIPO 特許 (GH, GM, KE, LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZW), ユーラシア特許 (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), ヨーロッパ特許 (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT,

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

明 細 書

ホスホリパーゼ A₂ 活性を有するポリペプチド

技術分野

本発明は、新規ホスホリパーゼ A₂ ポリペプチド、該ポリペプチドをコードする DNA、該 DNA を含むベクター、該ベクターで形質転換された形質転換体および該ホスホリパーゼ A₂ ポリペプチドの製造方法に関する。本発明はまた、該ポリペプチドの利用方法、例えば、該ポリペプチドまたはその抗体を用いたアゴニストまたはアンタゴニスト活性を有する化合物のスクリーニング方法、並びに該ポリペプチドまたはその抗体を含む医薬に関する。さらに本発明は、ホスホリパーゼ A₂ ポリペプチドのホスホリパーゼ A₂ 活性を阻害するポリペプチド（以下、阻害ポリペプチドと略すこともある）、該阻害ポリペプチドをコードする DNA、該阻害ポリペプチドをコードする DNA を含むベクター、該ベクターで形質転換された形質転換体、該阻害ポリペプチドを含む医薬、および該阻害ポリペプチドの製造方法に関する。

背景技術

ホスホリパーゼは生体膜成分であるグリセロリン脂質のエステル結合を加水分解する酵素の総称であり、加水分解の位置によりホスホリパーゼ A₁、ホスホリパーゼ A₂、ホスホリパーゼ B、ホスホリパーゼ C、およびホスホリパーゼ D に分類される。

ホスホリパーゼ A₂ はグリセロリン脂質の sn - 2 位のエステル結合を加水分解し、脂肪酸とリゾリン脂質を生成する。遊離された脂肪酸のうち、アラキドン酸はシクロオキシゲナーゼおよび 5 - リポキシゲナーゼを介してそれぞれプロスタグランジンおよびロイコトリエンに代謝される。またリゾリン脂質も血小板活性化因子に代謝される。

すなわち、ホスホリパーゼ A₂ はこれら脂質メディエーターの生成開始酵素と位置付けられる。シクロオキシゲナーゼおよび 5 - リポキシゲナーゼの阻害薬は抗炎症薬としてすでに臨床的に用いられていることから、その上流に位置するホスホリパーゼ A₂ の阻害薬はこれらの生成を同時に遮断する強力な抗炎症薬になることが期待される。

ホスホリパーゼ A₂ は、構造および性質から、分泌型ホスホリパーゼ A₂、細胞質ホスホリパーゼ A₂、および Ca²⁺ 非依存的ホスホリパーゼ A₂ の主に 3 つのサブファミリーに大別される [J. Biol. Chem., 269, 13057 (1994)]。

細胞質ホスホリパーゼ A₂ には α 、 β 、および γ の 3 つのサブタイプがす

で知られている。細胞質ホスホリパーゼ $A_2\alpha$ 、 $A_2\beta$ 、および $A_2\gamma$ はそれぞれ分子量 85 キロダルトン、110 キロダルトン、および 60 キロダルトンの酵素であり、いずれもほとんどの組織で普遍的に発現している。細胞質ホスホリパーゼ $A_2\alpha$ の 200 番目のアルギニン、228 番目のセリン、および 549 番目のアスパラギン酸は活性に必須であり [J. Biol. Chem., 271, 19225 (1996)]、細胞質ホスホリパーゼ $A_2\beta$ および $A_2\gamma$ にも保存されている。

細胞質ホスホリパーゼ $A_2\alpha$ および $A_2\beta$ は、N 末端側に C2 ドメインを持ち、本ドメインを介して Ca^{2+} 依存的にリン脂質膜に結合する。細胞質ホスホリパーゼ $A_2\gamma$ は C2 ドメインを持っていない [J. Biol. Chem., 273, 21926 (1998)、J. Biol. Chem., 274, 8823 (1999)、J. Biol. Chem., 274, 17063 (1999)]。

細胞質ホスホリパーゼ $A_2\alpha$ は、刺激による脂質メディエーター生成に関与していると考えられる [J. Biol. Chem., 272, 16709 (1997)]。細胞質ホスホリパーゼ $A_2\beta$ および $A_2\gamma$ の生理的機能はまだ分かっていない。

炎症やアレルギー等の脂質メディエーターの産生が発症および病態の進展に関与している可能性のある疾患を予防あるいは治療するために、その疾患に関与するホスホリパーゼ A_2 サブタイプに特異的な阻害薬が求められている。

逆に、膵臓ではホスホリパーゼ A_2 はインスリン分泌促進に働くとの報告があり [Biochimica et Biophysica Acta, 1390, 301, (1998)、Biochemical Society Transactions, 25, 213S (1997)、Biochemical Pharmacology, 53, 1077 (1997)]、ホスホリパーゼ A_2 活性を向上させることにより糖尿病の予防や治療を行うことができる可能性がある。

ホスホリパーゼ A_2 活性を阻害する場合または向上させる場合のいずれの場合においても、非選択的な薬物は目的としない組織および細胞におけるリン脂質の代謝への影響が問題になるので望ましくない。

しかし、細胞質ホスホリパーゼ $A_2\alpha$ 、 β および γ の発現はすべて普遍的であり、組織あるいは細胞特異的な細胞質ホスホリパーゼ A_2 は従来知られていない。

したがって、本目的を達成するためには、特定の疾患に関与するホスホリパーゼ A_2 を同定し、単離しなければならない。

細胞質ホスホリパーゼ A_2 の場合、該酵素の存在量が極微量であることから、組織あるいは細胞からの該酵素の精製および単離は容易ではない。古典的な酵素学的手法を用いた新規なサブタイプの単離は、現在用いられている精製法の限界および単一の精製酵素標品が得られたことを確認することの困難さにより阻まれている。

そこで、組織あるいは細胞特異的な新規ホスホリパーゼサブタイプを見出し、該ホスホリパーゼサブタイプを組換えDNA技術を用いて大量に調製することができれば、該ホスホリパーゼサブタイプを用いてより特異的かつ安全な阻害薬の開発が可能になることが期待される。

発明の開示

本発明は、新規ホスホリパーゼA₂ポリペプチドおよび該ホスホリパーゼA₂ポリペプチドをコードするDNAを提供することを目的とする。

本発明はまた、該ホスホリパーゼA₂ポリペプチド、該ホスホリパーゼA₂ポリペプチド活性を阻害するポリペプチドまたは該ホスホリパーゼA₂ポリペプチドを認識する抗体などを利用して、喘息、虚血性疾患、関節炎、リウマチ、敗血症、皮膚の炎症、動脈硬化、痛み、パーキンソン氏病、アルツハイマー病、悪性腫瘍、腎炎、糖尿病または虚血再灌流障害の診断、予防または治療のための医薬を提供することを目的とする。

本発明者らは、ヒト小腸からcDNAライブラリーを調製しランダムに塩基配列の解析を行った。得られた塩基配列に対して、ブラストサーチ(BLAST SEARCH) 相同性検索ソフトウェアを用いて解析し、ヒト細胞質ホスホリパーゼA₂ β (GenBank: AAC78836) のC2ドメインと相同性の認められる配列を見出した。該クローンの全塩基配列を決定し、該塩基配列を基にヒト腎cDNAライブラリーから細胞質ホスホリパーゼA₂との相同領域を触媒ドメインも含めて完全に含むcDNAをクローン化した。該クローンの全塩基配列を決定し解析することにより本発明を完成するに至った。

即ち、本発明は以下の(1)～(57)の発明に関する。

(1) 配列番号1、22、26および38記載のアミノ酸配列からなる群より選ばれるアミノ酸配列を有するポリペプチド。

(2) 配列番号1、22、26および38記載のアミノ酸配列からなる群より選ばれるアミノ酸配列において1以上のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつホスホリパーゼA₂活性を有するポリペプチド。

(3) 配列番号1、22、26および38記載のアミノ酸配列からなる群より選ばれるアミノ酸配列と60%以上の相同性を有するアミノ酸配列からなり、かつホスホリパーゼA₂活性を有するポリペプチド。

(4) 上記(1)～(3)いずれか1つのポリペプチドをコードするDNA。

(5) 配列番号2、23、27および39記載の塩基配列からなる群より選ばれる塩基配列を有するDNA。

(6) 配列番号2、23、27および39記載の塩基配列からなる群より選ばれる塩基配列の相補配列からなるDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズするDNAであり、かつホスホリパーゼA₂活性を有するポリペプチドをコードするDNA。

(7) 上記(4)～(6)いずれか1つのDNAを含む組換えベクター。

(8) 上記(7)の組換えベクターを保有する形質転換体。

(9) 形質転換体が、微生物、動物細胞、植物細胞および昆虫細胞からなる群から選ばれる形質転換体である、上記(8)の形質転換体。

(10) 微生物が、Escherichia属に属する微生物である、上記(9)の形質転換体。

(11) 微生物が、Escherichia coli JM109/p5269+C5(FERM BP-7281)である、上記(9)の形質転換体。

(12) 上記(8)～(11)いずれか1つの形質転換体を培地に培養し、培養物中にホスホリパーゼA₂活性を有するポリペプチドを生成蓄積させ、該培養物から該ポリペプチドを採取することを特徴とする、ホスホリパーゼA₂活性を有するポリペプチドの製造方法。

(13) 上記(4)～(6)いずれか1つのDNAの塩基配列中の連続した5～60塩基と同じ配列を有するセンスオリゴヌクレオチド、該センスオリゴヌクレオチドと相補的な配列を有するアンチセンスオリゴヌクレオチド、およびこれらセンスまたはアンチセンスオリゴヌクレオチドのオリゴヌクレオチド誘導体からなる群から選ばれるオリゴヌクレオチド。

(14) 配列番号13、14、28、29、30、31、46および47記載の塩基配列からなる群より選ばれる塩基配列からなるオリゴヌクレオチド。

(15) オリゴヌクレオチド誘導体が、オリゴヌクレオチド中のリン酸ジエステル結合がホスホロチオエート結合に変換されたオリゴヌクレオチド誘導体、オリゴヌクレオチド中のリン酸ジエステル結合がN3'-P5'ホスホアミデート結合に変換されたオリゴヌクレオチド誘導体、オリゴヌクレオチド中のリボースとリン酸ジエステル結合がペプチド核酸結合に変換されたオリゴヌクレオチド誘導体、オリゴヌクレオチド中のウラシルがC-5プロピニルウラシルで置換されたオリゴヌクレオチド誘導体、オリゴヌクレオチド中のウラシルがC-5チアゾールウラシルで置換されたオリゴヌクレオチド誘導体、オリゴヌクレオチド中のシトシンがC-5プロピニルシトシンで置換されたオリゴヌクレオチド誘導体、オリゴヌクレオチド中のシトシンがフェノキサジン修飾シトシン

(phenoxazine-modified cytosine)で置換されたオリゴヌクレオチド誘導体、

DNA中のリボースが2'-O-プロピルリボースで置換されたオリゴヌクレオチド誘導体およびオリゴヌクレオチド中のリボースが2'-メトキシエトキシリボースで置換されたオリゴヌクレオチド誘導体からなる群から選ばれるオリゴヌクレオチド誘導体である、上記(13)のオリゴヌクレオチド。

(16) 上記(13)～(15)いずれか1つのオリゴヌクレオチドを用いることを特徴とする、上記(1)～(3)いずれか1つのポリペプチドをコードするmRNAを検出する方法。

(17) 上記(13)～(15)いずれか1つのオリゴヌクレオチドを用いることを特徴とする、上記(1)～(3)いずれか1つのポリペプチドの発現を抑制する方法。

(18) 上記(1)～(3)いずれか1つのポリペプチドを認識する抗体。

(19) 上記(18)の抗体を用いることを特徴とする、上記(1)～(3)いずれか1つのポリペプチドの免疫学的検出法。

(20) 上記(18)の抗体を用いることを特徴とする、上記(1)～(3)いずれか1つのポリペプチドの免疫組織染色法。

(21) 上記(18)の抗体を含有する免疫組織染色剤。

(22) 上記(1)～(3)いずれか1つのポリペプチドと被験試料とを接触させ、該ポリペプチドの有するホスホリパーゼA₂活性を測定することを特徴とする、該ポリペプチドの有するホスホリパーゼA₂活性を変動させる化合物のスクリーニング方法。

(23) 上記(1)～(3)いずれか1つのポリペプチドを発現する細胞と被験試料とを接触させ、該ポリペプチドの発現量を検出することを特徴とする、該ポリペプチドの発現量を変動させる化合物のスクリーニング方法。

(24) 該ポリペプチドの発現量の検出が、上記(16)の方法を用いる上記(1)～(3)いずれか1つのポリペプチドをコードするmRNAの検出である、上記(23)のスクリーニング方法。

(25) 該ポリペプチドの発現量の検出が、上記(19)の方法を用いるポリペプチドの検出である、上記(23)のスクリーニング方法。

(26) 上記(1)～(3)いずれか1つのポリペプチドの有するホスホリパーゼA₂活性の変動が、該ポリペプチドの有するホスホリパーゼA₂活性の向上である、上記(22)のスクリーニング方法。

(27) 上記(1)～(3)いずれか1つのポリペプチドの有するホスホリパーゼA₂活性の変動が、該ポリペプチドの有するホスホリパーゼA₂活性の減少である、上記(22)のスクリーニング方法。

(28) 上記(1)～(3)いずれか1つのポリペプチドの発現の変動が、該ポリペプチドの発現量の向上である、上記(23)～(25)いずれか1つのスクリーニング方法。

(29) 上記(1)～(3)いずれか1つのポリペプチドの発現の変動が、該ポリペプチドの発現量の減少である、上記(23)～(25)いずれか1つのスクリーニング方法。

(30) 上記(22)～(29)いずれか1つの方法により得られる化合物。

(31) 上記(1)～(3)いずれか1つのポリペプチドをコードするDNAの転写を制御するプロモーターDNA。

(32) 上記(31)のプロモーターDNAおよび該プロモーターDNAの下流に連結させたレポーター遺伝子を含有するプラスミドを保有する形質転換体と被験試料とを接触させ、該レポーター遺伝子の翻訳産物含量を測定することを特徴とする、上記(1)～(3)いずれか1つのポリペプチドをコードするDNAの転写効率を変動させる化合物のスクリーニング方法。

(33) レポーター遺伝子が、クロラムフェニコール・アセチルトランスフェラーゼ遺伝子、 β -ガラクトシダーゼ遺伝子、ルシフェラーゼ遺伝子、 β -グルクロニダーゼ遺伝子、エクオリン遺伝子およびグリーン・フルオレッセント・プロテイン遺伝子からなる群から選ばれる遺伝子である、上記(32)のスクリーニング方法。

(34) 上記(1)～(3)いずれか1つのポリペプチドをコードするDNAの転写効率の変動が、該DNAの転写効率の向上である、上記(32)または(33)の方法。

(35) 上記(1)～(3)いずれか1つのポリペプチドをコードするDNAの転写効率の変動が、該DNAの転写効率の減少である、上記(32)または(33)の方法。

(36) 上記(32)～(35)の方法により得られる化合物。

(37) 上記(1)～(3)いずれか1つのポリペプチドが有するアミノ酸配列において、該ポリペプチド活性ドメイン部位の一部または全部のアミノ酸配列を欠失したポリペプチド。

(38) 配列番号3記載のアミノ酸配列からなるポリペプチド。

(39) 配列番号3記載のアミノ酸配列において1以上のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつホスホリパーゼA₂活性を阻害する活性を有するポリペプチド。

(40) 配列番号3記載のアミノ酸配列と60%以上の相同性を有するアミノ酸配列からなり、かつホスホリパーゼA₂活性を阻害する活性を

有するポリペプチド。

(41) 上記(37)～(40)いずれか1つのポリペプチドをコードするDNA。

(42) 配列番号4記載の塩基配列を有するDNA。

(43) 配列番号4記載の塩基配列の相補配列からなるDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズするDNAであり、かつホスホリパーゼA₂活性を阻害する活性を有するポリペプチドをコードするDNA。

(44) 上記(41)～(43)いずれか1つのDNAを含む組換えベクター。

(45) 上記(44)の組換えベクターを保有する形質転換体。

(46) 形質転換体が、微生物、動物細胞、植物細胞および昆虫細胞からなる群から選ばれる形質転換体である、上記(45)の形質転換体。

(47) 上記(45)または(46)の形質転換体を培地に培養し、培養物中にホスホリパーゼA₂活性を阻害する活性を有するポリペプチドを生成蓄積させ、該培養物から該ポリペプチドを採取することの特徴とする、ホスホリパーゼA₂活性を阻害する活性を有するポリペプチドの製造方法。

(48) 上記(1)～(3)いずれか1つのポリペプチドのホスホリパーゼA₂活性を変動させる化合物を有効成分とする、該ポリペプチドが関与する疾患の診断、予防または治療のための医薬。

(49) 上記(1)～(3)いずれか1つのポリペプチドを有効成分として含有する、該ポリペプチドが関与する疾患の診断、予防または治療のための医薬。

(50) 上記(4)～(6)いずれか1つのDNAを有効成分として含有する、上記(1)～(3)いずれか1つのポリペプチドが関与する疾患の診断、予防または治療のための医薬。

(51) 上記(37)～(40)いずれか1つのポリペプチドを有効成分として含有する、上記(1)～(3)いずれか1つのポリペプチドが関与する疾患の診断、予防または治療のための医薬。

(52) 上記(41)～(43)いずれか1つのDNAを有効成分として含有する、上記(1)～(3)いずれか1つのポリペプチドが関与する疾患の診断、予防または治療のための医薬。

(53) 上記(13)～(15)いずれか1つのオリゴヌクレオチドを有効成分として含有する、上記(1)～(3)いずれか1つのポリペプチドが関与する疾患の診断、予防または治療のための医薬。

(54) 上記(18)の抗体を有効成分として含有する、上記(1)

～(3) いずれか1つのポリペプチドが関与する疾患の診断、予防または治療のための医薬。

(55) 上記(30)または(36)の化合物を有効成分として含有する、上記(1)～(3)いずれか1つのポリペプチドが関与する疾患の診断、予防または治療のための医薬。

(56) 該ポリペプチドが関与する疾患が、喘息、虚血性疾患、関節炎、リウマチ、敗血症、皮膚の炎症、動脈硬化、痛み、パーキンソン氏病、アルツハイマー病、悪性腫瘍、腎炎、糖尿病または虚血再灌流障害である、上記(48)～(55)いずれか1つの医薬。

(57) 上記(28)または(34)の方法により得られる化合物を有効成分として含有する、糖尿病の診断、予防または治療のための医薬。

本発明のポリペプチドとしては、配列番号1、22、26および38記載のアミノ酸配列からなる群より選ばれるアミノ酸配列を有するポリペプチドがあげられる。

配列番号1、22、26および38記載のアミノ酸配列からなる群より選ばれるアミノ酸配列において1以上のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつホスホリパーゼA₂活性を有するポリペプチド、または配列番号1、22、26および38記載のアミノ酸配列からなる群より選ばれるアミノ酸配列と60%以上の相同性を有するアミノ酸配列を含み、かつホスホリパーゼA₂活性を有するポリペプチドも、本発明のポリペプチドに包含される。

配列番号1、22、26および38記載のアミノ酸配列からなる群より選ばれるアミノ酸配列において1以上のアミノ酸が欠失、置換または付加されたアミノ酸配列からなり、かつホスホリパーゼA₂活性を有するポリペプチドおよび配列番号1、22、26および38記載のアミノ酸配列からなる群より選ばれるアミノ酸配列と60%以上の相同性を有するアミノ酸配列を含み、かつホスホリパーゼA₂活性を有するポリペプチドは、Molecular Cloning, A Laboratory Manual, Second Edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press (1989)(以下、モレキュラー・クローニング 第2版と略す)、Current Protocols in Molecular Biology, Supplement 1～38, John Wiley & Sons (1987-1997) (以下、カレント・プロトコル・イン・モレキュラ・バイオロジーと略す)、Nucleic Acids Research, 10, 6487 (1982)、Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 79, 6409(1982)、Gene, 34, 315 (1985)、Nucleic Acids Research, 13, 4431 (1985)、Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 82, 488 (1985)、Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 81, 5662 (1984)、Science, 224, 1431 (1984)、国際公開WO85/00817号、及びNature, 316, 601 (1985)等に記載の部位特異的変異導入法を用いて、例えば、

配列番号 1、22、26 および 38 記載のアミノ酸配列からなる群より選ばれるアミノ酸配列を有するポリペプチドをコードする DNA に部位特異的変異を導入することにより、取得することができる。

欠失、置換もしくは付加されるアミノ酸の数は特に限定されないが、上記の部位特異的変異法等の周知の方法により欠失、置換もしくは付加できる程度の数であり、1個から数十個、好ましくは1～20個、より好ましくは1～10個、さらに好ましくは1～5個である。

また、本発明のポリペプチドがホスホリパーゼ A₂ 活性を有するためには、配列番号 1、22、26 および 38 記載のアミノ酸配列からなる群より選ばれるアミノ酸配列との相同性は B L A S T [J. Mol. Biol., 215, 403(1990)] や F A S T A [Methods in Enzymology, 183, 63 (1990)] 等の解析ソフトを用いて計算したときに、少なくとも 60% 以上、好ましくは 70% 以上、より好ましくは 80% 以上、さらに好ましくは 90% 以上、特に好ましくは 95% 以上、最も好ましくは 98% 以上である。

さらに、該ポリペプチドがホスホリパーゼ A₂α 活性を有するためには、細胞質ホスホリパーゼ A₂α において活性に必須であるとされる、200 番目のアルギニン、228 番目のセリン、および 549 番目のアスパラギン酸に相当するアミノ酸残基は保存されていることが望ましい。

ただし、本発明のポリペプチドには、公知のポリペプチドは含まれない。

本発明のポリペプチドをコードする DNA (以下、本発明の DNA と略す) は、上記本発明のポリペプチドをコードする DNA であれば、どのような塩基配列を有していてもよい。該本発明の DNA としては、例えば、配列番号 2、23、27 および 39 記載の塩基配列からなる群より選ばれる塩基配列を有する DNA があげられる。

また、配列番号 2、23、27 および 39 記載の塩基配列からなる群より選ばれる塩基配列の相補配列からなる DNA とストリンジントな条件下でハイブリダイズし、かつホスホリパーゼ A₂ 活性を有するポリペプチドをコードする塩基配列を有する DNA も本発明の DNA に包含される。

上記の「配列番号 2、23、27 および 39 記載の塩基配列からなる群より選ばれる塩基配列の相補配列からなる DNA とストリンジントな条件下でハイブリダイズし、かつホスホリパーゼ A₂ 活性を有するポリペプチドをコードする塩基配列を有する DNA」とは、配列番号 2、23、27 および 39 記載の塩基配列からなる群より選ばれる塩基配列の相補配列からなる DNA をプローブとして、コロニー・ハイブリダイゼーション法、ブランク・ハイブリダイゼーション法あるいはサザンブロットハイブリダイゼーション法等を用いることにより得られる DNA を意味し、具体的には、コロニーあるいはブランク由来の DNA を固定化したフィルターを用

いて、 $0.7 \sim 1.0 \text{ mol/L}$ の NaCl 存在下、 65°C でハイブリダイゼーションを行った後、 $0.1 \sim 2$ 倍濃度のSSC (saline-sodium citrate) 溶液 (1倍濃度のSSC溶液の組成は、 150 mmol/L 塩化ナトリウム、 15 mmol/L クエン酸ナトリウムよりなる) を用い、 65°C 条件下でフィルターを洗浄することにより同定できるDNAをあげることができる。

ハイブリダイゼーションは、モレキュラー・クローニング第2版、カレント・プロトコル・イン・モレキュラ・バイオロジー、DNA Cloning 1: Core Techniques, A Practical Approach, Second Edition, Oxford University Press (1995)等の実験書に記載されている方法に準じて行うことができる。

ハイブリダイズ可能なDNAとして具体的には、BLASTやFASTA等の解析ソフトを用いて計算したときに、配列番号2、23、27および39記載の塩基配列からなる群より選ばれる塩基配列と少なくとも80%以上、好ましくは90%以上、さらに好ましくは95%以上、特に好ましくは98%以上の相同性を有するDNAを挙げることができる。

ただし、本発明のDNAには、公知のDNAは含まれない。

本発明のポリペプチドの活性ドメインの一部、または全部を欠失したポリペプチドのなかには、本発明のポリペプチドのホスホリパーゼA₂活性を阻害するポリペプチドが存在する。このように、ホスホリパーゼA₂活性を阻害するポリペプチド (阻害ポリペプチド) は、ホスホリパーゼA₂サブタイプに特異的な阻害薬として、炎症やアレルギー等の脂質メディエーターの産生が発症および病態の進展に関与している可能性のある疾患を予防あるいは治療するために有用である。

該阻害ポリペプチドは、本発明のポリペプチドの活性に必須なアミノ酸を含む活性ドメインを少なくとも一部欠失していればよい。該阻害ポリペプチドとしては、例えば、配列番号3記載のアミノ酸配列を有するポリペプチドがあげられる。

また、配列番号3に記載のアミノ酸配列において1以上のアミノ酸が欠失、置換または付加されたアミノ酸配列からなり、かつホスホリパーゼA₂活性を阻害する活性を有するポリペプチドおよび配列番号3に記載のアミノ酸配列と60%以上の相同性を有するアミノ酸配列を含み、かつホスホリパーゼA₂活性を阻害する活性を有するポリペプチドも阻害ポリペプチドに包含される。このようなポリペプチドは、上記で述べた本発明のポリペプチドを取得する方法と同様な方法を用いて、例えば配列番号3記載のポリペプチドをコードするDNAに部位特異的変異を導入することにより、取得することができる。

欠失、置換もしくは付加されるアミノ酸の数は特に限定されないが、上

記の部位特異的変異法等の周知の方法により欠失、置換もしくは付加できる程度の数であり、1個から数十個、好ましくは1～20個、より好ましくは1～10個、さらに好ましくは1～5個である。

また、本発明のポリペプチドがホスホリパーゼA₂活性を阻害する活性を有するためには、配列番号3に記載のアミノ酸配列との相同性はBLASTやFASTA等の解析ソフトを用いて計算したときに、少なくとも60%以上、好ましくは70%以上、より好ましくは80%以上、さらに好ましくは90%以上、特に好ましくは95%以上、最も好ましくは98%以上である。

阻害ポリペプチドをコードするDNAは、上記阻害ポリペプチドをコードするDNAであれば、どのような塩基配列を有していてもよい。該阻害ポリペプチドをコードするDNAとしては、例えば、配列番号4に記載の塩基配列を有するDNAがあげられる。

また、配列番号4に記載の塩基配列の相補配列からなるDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつホスホリパーゼA₂活性を阻害する活性を有するポリペプチドをコードする塩基配列を有するDNAも本発明のDNAに包含される。

上記の「配列番号4に記載の塩基配列の相補配列からなるDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつホスホリパーゼA₂活性を阻害する活性を有するポリペプチドをコードする塩基配列を有するDNA」とは、配列番号4に記載の塩基配列の相補配列からなるDNAをプローブとして、本発明のDNAにおける方法と同様な方法を用いることにより同定できるDNAをあげることができる。

ハイブリダイズ可能なDNAとして具体的には、BLASTやFASTA等の解析ソフトを用いて計算したときに、配列番号4に記載の塩基配列と少なくとも80%以上、好ましくは90%以上、さらに好ましくは95%以上、特に好ましくは98%以上の相同性を有するDNAを挙げることができる。

以下、本発明について詳細に説明する。

[1] 本発明のDNAの取得およびオリゴヌクレオチドの調製

ヒトホスホリパーゼA₂β (GenBank: AAC78836)のアミノ酸配列と相同性をもつアミノ酸配列をコードするDNAを、遺伝子データベース、蛋白質データベースより、Blast、Smith-Waterman法等を利用したプログラムあるいはフレームサーチ (Compugen社製) 相同性検索ソフトウェアを利用して検索する。

データベースとしてはGenBank、Swiss-Plot等の公的なデータベースを利

用することができる。

また私的なcDNAライブラリー中のクローンのcDNAを、ランダムかつ大規模に塩基配列決定し、得られた配列データを集積し、作製した私的なデータベースを利用することもできる。

得られた、ヒトホスホリパーゼA₂β (GenBank : AAC78836)の有するアミノ酸配列と相同性をもつアミノ酸配列をコードするDNAが、EST (Expressed Sequence Tag) のように、DNAの一部の塩基配列のみである場合は、以下のようにしてそのcDNAの全長を得ることができ、該cDNAより本発明のDNAを取得することができる。

本発明のDNAの起源が特に制限されることはないが、哺乳動物が好ましく、さらに好ましくはヒト、ラットおよびマウスである。

(1) cDNAライブラリーの作製

cDNAライブラリーを作製するために、適切な細胞または組織より全RNAあるいはmRNAを調製する。

全RNAを調製する方法として、チオシアン酸グアニジントリフルオロ酢酸セシウム法 [Methods in Enzymology, 154, 3 (1987)]、酸性グアニジンチオシアネート・フェノール・クロロホルム (AGPC) 法 [Analytical Biochemistry, 162, 156 (1987)、及び実験医学 9, 1937 (1991)] 等を用いることができる。

全RNAからポリ (A)⁺RNAとしてmRNAを調製する方法として、オリゴ (dT) 固定化セルロースカラム法 (モレキュラー・クローニング 第2版) やオリゴdTラテックスを用いる方法等を用いることができる。

ファースト・トラック・mRNA単離キット [Fast Track mRNA Isolation Kit; Invitrogen社製]、クイック・プレップ・mRNA精製キット [Quick Prep mRNA Purification Kit; Pharmacia (ファルマシア) 社製] 等のキットを用いて組織や細胞から直接mRNAを調製することもできる。

適切な細胞または組織として、データベースから見出されたEST等が含まれていたcDNAライブラリーの種類を調べ、該ライブラリーを構築するために用いた細胞または組織、あるいは該組織由来の細胞株等を用いることが好ましい。

得られた全RNAあるいはmRNAを用い、常法によりcDNAライブラリーを作製する。

cDNAライブラリー作製法として、モレキュラー・クローニング 第2版やカレント・プロトコル・イン・モレキュラ・バイオロジー、DNA Cloning 1: Core Techniques, A Practical Approach, Second Edition, Oxford University Press (1995)等に記載された方法、あるいは市販のキット、例えばスーパースクリプト・プラスミド・システム・フォー・cDNA・シン

セシス・アンド・プラスミド・クローニング〔SuperScript Plasmid System for c D N A Synthesis and Plasmid Cloning ; Gibco BRL社製〕やザップー c D N A ・シンセシス・キット〔ZAP-c D N A Synthesis Kit、STRATAGENE（ストラタジーン）社製〕を用いる方法等をあげることができる。

c D N Aライブラリーを作製するためのクローニングベクターとしては、大腸菌K 1 2株中で自立複製できるものであれば、ファージベクター、プラスミドベクター等いずれでも使用できる。

具体的には、ZAP Express〔STRATAGENE社製、Strategies, 5, 58 (1992)〕、pBluescript II SK(+)〔Nucleic Acids Research, 17, 9494 (1989)〕、Lambda ZAP II（STRATAGENE社製）、λ gt10、λ gt11〔D N A Cloning, A Practical Approach, 1, 49 (1985)〕、λ TriplEx〔Clontech（クロンテック）社製〕、λ ExCell〔Pharmacia（ファルマシア）社製〕、pT7T318U（Pharmacia社製）、p c D 2〔Mol. Cell. Biol., 3, 280 (1983)〕、p U C 1 8〔Gene, 33, 103 (1985)〕、p A M o〔J. Biol. Chem., 268, 22782-22787 (1993)、別名 pAMoPRC3Sc（特開平05-336963）〕等を挙げることができる。

宿主微生物としては、大腸菌Escherichia coliに属する微生物であればいずれも用いることができる。具体的には、Escherichia coli XL1-Blue MRF'〔STRATAGENE社製、Strategies, 5, 81 (1992)〕、Escherichia coli C600〔Genetics, 39, 440 (1954)〕、Escherichia coli Y1088〔Science, 222, 778 (1983)〕、Escherichia coli Y1090〔Science, 222, 778 (1983)〕、Escherichia coli NM522〔J. Mol. Biol., 166, 1 (1983)〕、Escherichia coli K802〔J. Mol. Biol., 16, 118 (1966)〕、Escherichia coli JM105〔Gene, 38, 275 (1985)〕、Escherichia coli SOLRTM Strain（STRATAGENE社製）、Escherichia coli LE392（モレキュラー・クローニング第2版）等を用いることができる。

上記方法により作製したc D N Aライブラリーに加え、市販のc D N Aライブラリーも利用することができる。

市販のc D N Aライブラリーとして、Clontech社、ライフテックオリエンタル社等のヒト、ウシ、マウス、ラット、ウサギ等由来の各臓器c D N Aライブラリーをあげることができる。

（2） 本発明のD N Aの取得(i)

上記（1）で作製したc D N Aライブラリーより、本発明のD N A又はその一部を含有するc D N Aクローンを、アイソトープあるいは蛍光標識したプローブを用いたコロニー・ハイブリダイゼーション法あるいはブランク・ハイブリダイゼーション法〔モレキュラー クローニング第2版〕等により選択することができる。

プローブとしては、一部明らかになっている塩基配列に基づいたプライマーを用いて、P C R〔PCR Protocols, Academic Press (1990)〕を利用した

方法で c D N A の一部を増幅した断片や、一部明らかになっている塩基配列に基づいたオリゴヌクレオチドを利用することができる。

プライマーとして、全長 c D N A の 5' 末端側および 3' 末端側の両方の塩基配列が E S T 等により明らかになっている場合には、その塩基配列に基づいて調製したプライマーを用いることができる。

該 c D N A の両端にアダプターを付加し、このアダプターの塩基配列と一部明らかになっている塩基配列に基づいたプライマーで P C R を行う 5' - R A C E (rapid amplification of cDNA ends) および 3' - R A C E [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 85, 8998 (1988)] により、プライマーに用いた配列よりも 5' 末端側および 3' 末端側の c D N A 断片を得ることができる。

得られた c D N A 断片を連結することにより、本発明の全長 D N A を取得することができる。

また、上記 c D N A ライブラリーから取得された c D N A が完全長のポリペプチドをコードしていない場合は、以下のようにして完全長のポリペプチドをコードする c D N A を得ることもできる。

各種臓器または各種細胞から調製した一本鎖 c D N A ライブラリーまたは上記記載の方法で作製できる c D N A ライブラリーを鋳型にして、該 c D N A に特異的なプライマーセットを用いて P C R を行うことにより、該 c D N A に対応する D N A を発現する臓器や細胞を特定し、特定された臓器あるいは細胞由来の c D N A ライブラリーに対し、該 c D N A をプローブにしてコロニーハイブリダイゼーション法（モレキュラー・クローニング第 2 版）を行うことにより改めて該 c D N A の全長を含む c D N A を c D N A ライブラリーから選択することができる。

各種臓器または各種細胞由来の一本鎖 c D N A ライブラリーは、常法または市販されているキットに従って作製することができるが、例えば以下に示す方法で作製できる。

各種臓器または各種細胞からグアニジウム チオシアネート フェノールクロロホルム法 [Anal. Biochem., 162, 156 (1987)] により全 R N A を抽出する。必要に応じて、全 R N A をデオキシリボヌクレアーゼ I [Life Technologies (ライフ・テクノロジーズ) 社製] で処理し、混入の可能性のある染色体 D N A を分解する。得られた全 R N A 各々について、オリゴ (d T) プライマーまたはランダムプライマーを用いて SUPERScript™ Preamplification System for First Strand cDNA System (Life Technologies 社製) により、一本鎖 c D N A ライブラリーを作製できる。

上記の方法により取得された D N A の塩基配列は、該 D N A 断片をそのままあるいは適当な制限酵素等で切断後、常法によりベクターに組み込み、

通常用いられる塩基配列解析方法、例えばSangerらのジデオキシ法〔Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 74, 5463 (1977)〕あるいはPerkin Elmer : 3 7 3 A ・ D N A シークエンサー、Pharmacia社製、LI-COR社製等の塩基配列分析装置を用いて分析することにより決定することができる。

上記方法により取得された本発明のD N Aを含むプラスミドとして、例えば、配列番号2記載の塩基配列からなるD N Aを有するプラスミド p5269+C5をあげることができる。

プラスミドp5269+C5を含有する大腸菌 Escherichia coli JM109/ p5269+C5 は、F E R M B P - 7 2 8 1として、平成12年8月25日付けで、独立行政法人 産業技術総合研究所 特許生物寄託センター：日本国茨城県つくば市東1丁目1番地1中央第6（旧：工業技術院生命工学工業技術研究所：日本国茨城県つくば市東1丁目1番3号）に寄託されている。

また、上記方法で取得したD N Aとストリンジェントな条件下でハイブリダイズするD N Aを選択することにより、他の組織あるいは、他の動物由来、例えばヒトおよびマウス由来の目的とするD N Aを取得することができる。

上記方法により得られた塩基配列情報に基づき、D N A合成機で化学合成することにより目的とするD N Aを調製することもできる。D N A合成機としては、チオホスファイト法を利用した島津製作所社製のD N A合成機、ホスホアミダイト法を利用したPerkin Elmer社製のD N A合成機 m o d e l 3 9 2等をあげることができる。

得られた塩基配列の新規性に関しては、B L A S T等の相同性検索プログラムを用いて、GenBank、EMBLおよびDDBJ等の塩基配列データベースを検索することにより確認することができる。

新規な塩基配列については、アミノ酸配列に変換したのちF A S T A、フレームサーチ (FrameSearch) 等の相同性検索プログラムを用いて、GenPept、PIR、Swiss-Prot等のアミノ酸配列データベースを検索することにより、相同性をもつ既存のD N Aを検索することができる。

(ii) 阻害ポリペプチドをコードするD N Aの取得

阻害ポリペプチドをコードするD N Aは上記(2) - (i)で取得される本発明のD N Aから、例えば、モレキュラー・クローニング第2版等に記載の公知の方法で活性ドメイン部位と思われる部位を欠失させることにより得ることができる。

(3) 本発明のオリゴヌクレオチドの調製

上述の方法で取得した本発明のD N AまたはD N A断片を用いて、常法あるいは上記のD N A合成機により、本発明のD N Aの一部の配列を有するアンチセンス・オリゴヌクレオチド、センス・オリゴヌクレオチド等の

オリゴヌクレオチドを調製することができる。

該オリゴヌクレオチドとしては、上記DNAの有する塩基配列中の連続した5～60塩基と同じ配列を有するDNAまたは該DNAと相補的な配列を有するDNAをあげることができ、具体的には、配列番号2、23、27および39記載の塩基配列からなる群より選ばれる塩基配列中の連続した5～60塩基と同じ配列を有するDNAまたは該DNAと相補的な配列を有するDNAをあげることができる。該オリゴヌクレオチドをセンスプライマーおよびアンチセンスプライマーとして用いる場合には、両者の融解温度（ T_m ）および塩基数が極端に変わることのない上記のオリゴヌクレオチドが好ましい。

該オリゴヌクレオチドとして、例えば、配列番号13、14、28、29、30、31、46または47記載のオリゴヌクレオチドをあげることができる。

更に、これらオリゴヌクレオチドの誘導体（本明細書中では、オリゴヌクレオチド誘導体とも言う）も本発明のオリゴヌクレオチドとして利用することができる。

該オリゴヌクレオチド誘導体としては、オリゴヌクレオチド中のリン酸ジエステル結合がホスホロチオエート結合に変換されたオリゴヌクレオチド誘導体、オリゴヌクレオチド中のリン酸ジエステル結合がN3'－P5'ホスフォアミデート結合に変換されたオリゴヌクレオチド誘導体、オリゴヌクレオチド中のリボースとリン酸ジエステル結合がペプチド核酸結合に変換されたオリゴヌクレオチド誘導体、オリゴヌクレオチド中のウラシルがC－5プロピニルウラシルで置換されたオリゴヌクレオチド誘導体、オリゴヌクレオチド中のウラシルがC－5チアゾールウラシルで置換されたオリゴヌクレオチド誘導体、オリゴヌクレオチド中のシトシンがC－5プロピニルシトシンで置換されたオリゴヌクレオチド誘導体、オリゴヌクレオチド中のシトシンがフェノキサジン修飾シトシン（phenoxazine-modified cytosine）で置換されたオリゴヌクレオチド誘導体、オリゴヌクレオチド中のリボースが2'－O－プロピルリボースで置換されたオリゴヌクレオチド誘導体、あるいはオリゴヌクレオチド中のリボースが2'－メトキシエトキシリボースで置換されたオリゴヌクレオチド誘導体等をあげることができる〔細胞工学, 16, 1463 (1997)〕。

〔2〕本発明のポリペプチドおよび阻害ポリペプチドの調製

（1）形質転換体の作製

上記〔1〕に記載の方法により取得した本発明のDNAおよび阻害ポリペプチドをコードするDNAを宿主細胞中で発現させ、本発明のポリペプ

チドまたは阻害ポリペプチドを製造するために、モレキュラー・クローニング第2版、カレント・プロトコル・イン・モレキュラ・バイオロジー等に記載された方法を用いることができる。

即ち、本発明のDNAまたは阻害ポリペプチドをコードするDNAを適当な発現ベクターのプロモーター下流に挿入した組換えベクターを造成し、該ベクターを宿主細胞に導入することにより、本発明のポリペプチドまたは阻害ポリペプチドを発現する形質転換体を取得し、該形質転換体を培養することにより、本発明のポリペプチドまたは阻害ポリペプチドを製造することができる。

宿主細胞としては、微生物（細菌、酵母等）、動物細胞、昆虫細胞、植物細胞等、目的とするDNAを発現できるものであればいずれも用いることができる。

発現ベクターとしては、上記宿主細胞において自立複製可能なしは染色体中への組込が可能で、本発明のDNAまたは阻害ポリペプチドをコードするDNAを転写できる位置にプロモーターを含有しているものが用いられる。

細菌等の原核生物を宿主細胞として用いる場合、本発明のDNAまたは阻害ポリペプチドをコードするDNAを有する組換えベクターは原核生物中で自立複製可能であると同時に、プロモーター、リボソーム結合配列、本発明のDNAまたは阻害ポリペプチドをコードするDNA及び転写終結配列より構成された組換えベクターであることが好ましい。プロモーターを制御するDNAが含まれていてもよい。

発現ベクターとしては、例えば、pBTrp2、pBTac1、pBTac2〔いずれもBoehringer Mannheim（ベーリンガー・マンハイム）社より市販〕、pKK233-2（Pharmacia社製）、pSE280〔Invitrogen（インビトロジェン）社製〕、pGEMEX-1〔Promega（プロメガ）社製〕、pQE-8〔QIAGEN（キアゲン）社製〕、pKYP10（特開昭58-110600）、pKYP200〔Agric. Biol. Chem., 48, 669 (1984)〕、pLSA1〔Agric. Biol. Chem., 53, 277 (1989)〕、pGEL1〔Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 82, 4306 (1985)〕、pBluescript II SK（-）（STRATAGENE社製）、pTrs32（FERM BP-5408）、pGHA2（FERM BP-400）、pGKA2（FERM BP-6798）、pTerm2（特開平3-22979、US4686191、US4939094、US5160735）、pGEX（Pharmacia社製）、pET-3〔Novagen（ノバジェン）社製〕、pSupex、pUB110、pTP5、pC194、pTrxFus（Invitrogen社製）、pMAL-c2（New England Biolabs社製）等を挙げることができる。

プロモーターとしては、大腸菌や枯草菌等の宿主細胞中で発現できるものであればいかなるものでもよい。例えば、trpプロモーター（P trp）、lacプロモーター（P lac）、P_Lプロモーター、P_Rプロモーター、T7プロモーター

ター等の、大腸菌やファージ等に由来するプロモーター、S P O 1 プロモーター、S P O 2 プロモーター、p e n P プロモーター等をあげることができる。また P trp を 2 つ直列させたプロモーター (P trp x 2)、tac プロモーター、lacT7 プロモーター、let I プロモーターのように人為的に設計改変されたプロモーター等も用いることができる。

リボソーム結合配列としては、シャイン-ダルガノ (Shine-Dalgarno) 配列と開始コドンとの間を適当な距離 (例えば 6 ~ 18 塩基) に調節したプラスミドを用いることが好ましい。

本発明の D N A または阻害ポリペプチドをコードする D N A の発現には転写終結配列は必ずしも必要ではないが、構造遺伝子の直下に転写終結配列を配置することが好ましい。

宿主細胞としては、エシェリヒア (Escherichia) 属、セラチア (Serratia) 属、バチルス (Bacillus) 属、ブレビバクテリウム (Brevibacterium) 属、コリネバクテリウム (Corynebacterium) 属、ミクロバクテリウム

(Microbacterium) 属、シュードモナス (Pseudomonas) 属等に属する微生物、例えば、Escherichia coli XL1-Blue、Escherichia coli XL2-Blue、Escherichia coli DH1、Escherichia coli MC1000、Escherichia coli KY3276、Escherichia coli W1485、Escherichia coli JM109、Escherichia coli HB101、Escherichia coli No.49、Escherichia coli W3110、Escherichia coli NY49、Serratia ficaria、Serratia fonticola、Serratia liquefaciens、Serratia marcescens、Bacillus subtilis、Bacillus amyloliquefaciens、Brevibacterium ammoniageneses、Brevibacterium immariophilum ATCC14068、Brevibacterium saccharolyticum ATCC14066、Corynebacterium glutamicum ATCC13032、Corynebacterium glutamicum ATCC14067、Corynebacterium glutamicum ATCC13869、Corynebacterium acetoacidophilum ATCC13870、Microbacterium ammoniaphilum ATCC15354、Pseudomonas sp. D-0110等をあげることができる。

組換えベクターの導入方法としては、上記宿主細胞へ D N A を導入する方法であればいずれも用いることができ、例えば、カルシウムイオンを用いる方法 [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 69, 2110 (1972)]、プロトプラスト法 (特開昭63-248394)、エレクトロポレーション法 [Gene, 17, 107 (1982)、Molecular & General Genetics, 168, 111 (1979)] 等を挙げることができる。

酵母菌株を宿主細胞として用いる場合には、発現ベクターとして、例えば、YEp13 (ATCC37115)、YEp24 (ATCC37051)、YCp50 (ATCC37419)、pHS19、pHS15等を用いることができる。

プロモーターとしては、酵母菌株中で発現できるものであればいずれのものを用いてもよく、例えば、PH05プロモーター、PGKプロモーター、GAPプロモーター、ADHプロモーター、gal 1プロモーター、gal 10プロモータ

一、ヒートショックポリペプチドプロモーター、MF α 1プロモーター、CUP1プロモーター等のプロモーターを挙げることができる。

宿主細胞としては、サッカロマイセス (Saccharomyces) 属、シゾサッカロマイセス (Schizosaccharomyces) 属、クルイベロミセス (Kluyveromyces) 属、トリコスポロン (Trichosporon) 属、シワニオミセス (Schwanniomyces) 属等に属する酵母菌株をあげることができ、具体的には、Saccharomyces cerevisiae、Schizosaccharomyces pombe、Kluyveromyces lactis、Trichosporon pullulans、Schwanniomyces alluvius、Pichia pastoris等をあげることができる。

組換えベクターの導入方法としては、酵母にDNAを導入する方法であればいずれも用いることができ、例えば、エレクトロポレーション法〔Methods in Enzymology, 194, 182 (1990)〕、スフェロプラスト法〔Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 81, 4889 (1984)〕、酢酸リチウム法〔Journal of Bacteriology, 153, 163 (1983)〕等をあげることができる。

動物細胞を宿主として用いる場合には、発現ベクターとして、例えば、p c D N A I / A m p (Invitrogen社製)、p c D N A I、p C D M 8〔Nature, 329, 840 (1987)〕、p A G E 1 0 7〔特開平3-22979、Cytotechnology, 3, 133 (1990)〕、p R E P 4 (Invitrogen社製)、p A G E 1 0 3〔Journal of Biochemistry, 101, 1307 (1987)〕、p A M o、p A M o A、p A S 3 - 3 (特開平2-227075) 等が用いられる。

プロモーターとしては、動物細胞中で発現できるものであればいずれも用いることができ、例えば、サイトメガロウイルス (CMV) のIE (immediate early) 遺伝子のプロモーター、SV40の初期プロモーターあるいはメタロチオネインのプロモーター、レトロウイルスのプロモーター、ヒートショックプロモーター、S R α プロモーター等をあげることができる。また、ヒトCMVのIE遺伝子のエンハンサーをプロモーターと共に用いてもよい。

動物細胞としては、マウス・ミエローマ細胞、ラット・ミエローマ細胞、マウス・ハイブリドーマ細胞、ヒトの細胞であるナマルバ (Namalwa) 細胞またはNamalwa KJM-1細胞〔Cytotechnology, 1, 151 (1988)〕、ヒト胎児腎臓細胞、ヒト白血病細胞、アフリカミドリザル腎臓細胞、チャイニーズハムスターの細胞であるCHO細胞、HBT5637 (特開昭63-000299) 等をあげることができる。

マウス・ミエローマ細胞としては、SP2/0、NSO等、ラット・ミエローマ細胞としてはYB2/0等、ヒト胎児腎臓細胞としてはHEK293(ATCC: CRL-1573)等、ヒト白血病細胞としては、BALL-1等、アフリカミドリザル腎臓細胞としてはCOS-1、COS-7等をあげることができる。

組換えベクターの導入方法としては、動物細胞にDNAを導入する方法であればいずれも用いることができ、例えば、エレクトロポレーション法

〔Cytotechnology, 3, 133 (1990)〕、リン酸カルシウム法(特開平2-227075)、リポフェクション法〔Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 84, 7413 (1987)〕、Virology, 52, 456 (1973)に記載の方法等をあげることができる。

昆虫細胞を宿主として用いる場合には、例えばバキュロウイルス・イクスプレッション・ベクターズ・ア・ラボラトリー・マニュアル〔Baculovirus Expression Vectors, A Laboratory Manual, W. H. Freeman and Company, New York (1992)〕、モレキュラー・バイオロジー・ア・ラボラトリー・マニュアル(Molecular Biology, A Laboratory Manual)、カレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジー、Bio/Technology, 6, 47 (1988)等に記載された方法によって、ポリペプチドを発現することができる。

即ち、組換えDNA導入ベクターおよびバキュロウイルスを昆虫細胞に共導入して昆虫細胞培養上清中に組換えウイルスを得た後、さらに組換えウイルスを昆虫細胞に感染させ、ポリペプチドを発現させることができる。

該方法において用いられるDNA導入ベクターとしては、例えば、pVL1392、pVL1393、pBlueBacIII(ともにInvitrogen社製)等をあげることができる。

バキュロウイルスとしては、例えば、夜盗蛾科昆虫に感染するウイルスであるアウトグラフア・カリフォルニカ・ヌクレアー・ポリヘドロシス・ウイルス(Autographa californica nuclear polyhedrosis virus)等を用いることができる。

昆虫細胞としては、Spodoptera frugiperdaの卵巣細胞、Trichoplusia niの卵巣細胞、カイコ卵巣由来の培養細胞等を用いることができる。

Spodoptera frugiperdaの卵巣細胞としてはSf9、Sf21(バキュロウイルス・イクスプレッション・ベクターズ・ア・ラボラトリー・マニュアル)等、Trichoplusia niの卵巣細胞としてはHigh 5、BTI-TN-5B1-4(Invitrogen社製)等、カイコ卵巣由来の培養細胞としてはBombyx mori N4等をあげることができる。

組換えウイルスを調製するための、昆虫細胞への上記組換えDNA導入ベクターと上記バキュロウイルスの共導入方法としては、例えば、リン酸カルシウム法(特開平2-227075)、リポフェクション法〔Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 84, 7413 (1987)〕等をあげることができる。

DNAの発現方法としては、直接発現以外に、モレキュラー・クローニング第2版に記載されている方法等に準じて、分泌生産、融合蛋白質発現等を行うことができる。

酵母、動物細胞または昆虫細胞により発現させた場合には、糖あるいは糖鎖が付加されたポリペプチドを得ることができる。

以上のようにして得られる形質転換体を培地に培養し、培養物中に本発

明のポリペプチドまたは阻害ポリペプチドを生成蓄積させ、該培養物から採取することにより、本発明のポリペプチドまたは阻害ポリペプチドを製造することができる。

また、患者の生体内から採取した細胞に、適切な本発明のポリペプチドまたは阻害ポリペプチドを発現させるための組換えベクターを導入した後、細胞を生体内に戻すことにより、本発明のポリペプチドまたは阻害ポリペプチドを患者の生体内で発現させることもできる。

(2) 形質転換体の培養

本発明の形質転換体を培地に培養する方法は、宿主の培養に用いられる通常の方法に従って行うことができる。

大腸菌等の原核生物あるいは酵母等の真核生物を宿主として得られた形質転換体を培養する培地としては、該生物が資化し得る炭素源、窒素源、無機塩類等を含有し、形質転換体の培養を効率的に行える培地であれば天然培地、合成培地のいずれを用いてもよい。

炭素源としては、該生物が資化し得るものであればよく、グルコース、フラクトース、スクロース、これらを含む糖蜜、デンプンあるいはデンプン加水分解物等の炭水化物、酢酸、プロピオン酸等の有機酸、エタノール、プロパノール等のアルコール類等を用いることができる。

窒素源としては、アンモニア、塩化アンモニウム、硫酸アンモニウム、酢酸アンモニウム、リン酸アンモニウム等の無機酸もしくは有機酸のアンモニウム塩、その他の含窒素化合物、並びに、ペプトン、肉エキス、酵母エキス、コーンスチープリカー、カゼイン加水分解物、大豆粕および大豆粕加水分解物、各種発酵菌体、およびその消化物等を用いることができる。

無機塩としては、リン酸第一カリウム、リン酸第二カリウム、リン酸マグネシウム、硫酸マグネシウム、塩化ナトリウム、硫酸第一鉄、硫酸マンガ、硫酸銅、炭酸カルシウム等を用いることができる。

培養は、通常振盪培養または深部通気攪拌培養等の好氣的条件下で行う。培養温度は15～40℃がよく、培養時間は、通常16～96時間である。培養中pHは3.0～9.0に保持する。pHの調整は、無機または有機の酸、アルカリ溶液、尿素、炭酸カルシウム、アンモニア等を用いて行う。

また、培養中に必要に応じて、アンピシリンやテトラサイクリン等の抗生物質を培地に添加してもよい。

プロモーターとして誘導性のプロモーターを用いた組換えベクターで形質転換した微生物を培養するときには、必要に応じてインデューサーを培地に添加してもよい。例えば、lacプロモーターを用いた組換えベクターで形質転換した微生物を培養するときにはイソプロピルーβ-D-チオガラクトピラノシド等を、trpプロモーターを用いた組換えベクターで形質転換

した微生物を培養するときにはインドールアクリル酸等を培地に添加してもよい。

動物細胞を宿主として得られた形質転換体を培養する培地としては、一般に使用されているRPMI1640培地〔The Journal of the American Medical Association, 199, 519 (1967)〕、EagleのMEM培地〔Science, 122, 501 (1952)〕、DMEM培地〔Virology, 8, 396 (1959)〕、199培地〔Proceeding of the Society for the Biological Medicine, 73, 1 (1950)〕またはこれら培地に牛胎児血清等を添加した培地等を用いることができる。

培養は、通常pH 6～8、30～40℃、5%CO₂存在下等の条件下で1～7日間行う。

また、培養中必要に応じて、カナマイシン、ペニシリン、ストレプトマイシン等の抗生物質を培地に添加してもよい。

昆虫細胞を宿主として得られた形質転換体を培養する培地としては、一般に使用されているTNM-FH培地〔PharMingen(ファーマーミンジェン)社製〕、Sf-900 II SFM培地 (Life Technologies社製)、ExCell400、ExCell405〔いずれもJRH Biosciences社製〕、Grace's Insect Medium〔Nature, 195, 788 (1962)〕等を用いることができる。

培養は、通常pH 6～7、25～30℃等の条件下で1～5日間行う。

また、培養中必要に応じて、ゲンタマイシン等の抗生物質を培地に添加してもよい。

(3) 発現させたポリペプチドの単離精製

上記形質転換体の培養液から、上記方法により発現させたポリペプチドを単離精製するためには、通常の酵素の単離、精製法を用いればよい。

例えば、本発明のポリペプチドまたは阻害ポリペプチドが、細胞内に溶解状態で発現した場合には、培養終了後、細胞を遠心分離により回収し水系緩衝液に懸濁後、超音波破碎機、フレンチプレス、マントンガウリンホモゲナイザー、ダイノミル等により細胞を破碎し、無細胞抽出液を得る。

該無細胞抽出液を遠心分離することにより得られた上清から、通常の酵素の単離精製法、即ち、溶媒抽出法、硫酸等による塩析法、脱塩法、有機溶媒による沈殿法、ジエチルアミノエチル(DEAE)ーセファロース、DIAION HPA-75 (三菱化学社製)等のレジンを用いた陰イオン交換クロマトグラフィー法、S-Sepharose FF (Pharmacia社製)等のレジンを用いた陽イオン交換クロマトグラフィー法、ブチルセファロース、フェニルセファロース等のレジンを用いた疎水性クロマトグラフィー法、分子篩を用いたゲルろ過法、アフィニティークロマトグラフィー法、クロマトフォーカシング法、等電点電気泳動等の電気泳動法等の手法を単独あるいは組み合わせて用い、精製標品を得ることができる。

また、該ポリペプチドが細胞内に不溶体を形成して発現した場合は、同様に細胞を回収後破碎し、遠心分離を行うことにより得られた沈殿画分より、通常の方法により該ポリペプチドを回収後、該ポリペプチドの不溶体を蛋白質変性剤で可溶化する。

該可溶化液を、蛋白質変性剤を含まない溶液あるいは蛋白質変性剤の濃度が蛋白質が変性しない程度に希薄な溶液に希釈あるいは透析し、該ポリペプチドを正常な立体構造に構成させた後、上記と同様の単離精製法により精製標品を得ることができる。

本発明のポリペプチドまたは阻害ポリペプチドあるいはその糖鎖修飾体等の誘導体が細胞外に分泌された場合には、培養上清に該ポリペプチドあるいはその糖鎖付加体等の誘導体を回収することができる。

即ち、該培養物を上記と同様の遠心分離等の手法により処理することにより可溶性画分を取得し、該可溶性画分から、上記と同様の単離精製法を用いることにより、精製標品を得ることができる。

また、本発明のポリペプチドまたは阻害ポリペプチドを他のタンパク質との融合タンパク質として生産し、融合したタンパク質に親和性をもつ物質を用いたアフィニティークロマトグラフィーを利用して精製することもできる。例えば、ロウらの方法〔Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 86, 8227 (1989)、Genes & Dev., 4, 1288 (1990)〕、特開平05-336963、WO94/23021に記載の方法に準じて、本発明のポリペプチドまたは阻害ポリペプチドをプロテインAとの融合タンパク質として生産し、イムノグロブリンGを用いるアフィニティークロマトグラフィーにより精製することができる。また、本発明のポリペプチドまたは阻害ポリペプチドをF l a g ペプチドとの融合タンパク質として生産し、抗F l a g 抗体を用いるアフィニティークロマトグラフィーにより精製することができる〔Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 86, 8227 (1989)、Genes & Dev., 4, 1288 (1990)〕。更に、該ポリペプチドに対する抗体を用いたアフィニティークロマトグラフィーで精製することもできる。

更に、本発明のポリペプチドまたは阻害ポリペプチドは、F m o c 法（フルオレニルメチルオキシカルボニル法）、t B o c 法（tert-ブチルオキシカルボニル法）等の化学合成法によっても製造することができる。

また、Advanced ChemTech社、Perkin Elmer社、Pharmacia社、Protein Technology Instrument社、Synthecell-Vega社、PerSeptive社、島津製作所等のペプチド合成機を利用し化学合成することもできる。

精製した本発明のポリペプチドまたは阻害ポリペプチドの構造解析は、蛋白質化学で通常用いられる方法、例えばDNAクローニングのためのタンパク質構造解析（平野久著、東京化学同人発行、1993年）に記載の

方法により実施可能である。

[3] 本発明のポリペプチドを認識する抗体の調製

(1) ポリクローナル抗体の調製

上記[2]に記載の方法により取得した本発明のポリペプチドの全長または部分断片精製標品を抗原として用い、動物に投与することによりポリクローナル抗体を作製することができる。

投与する動物として、ウサギ、ヤギ、ラット、マウス、ハムスター等を用いることができる。

該抗原の投与量は動物1匹当たり50～100 μ gが好ましい。

ペプチドを用いる場合は、ペプチドをスカシガイヘモシアニン(keyhole limpet haemocyanin)や牛チログロブリン等のキャリア蛋白質に共有結合させたものを抗原とするのが望ましい。抗原とするペプチドは、ペプチド合成機で合成することができる。

該抗原の投与は、1回目の投与の後1～2週間おきに3～10回行う。各投与後、3～7日目に眼底静脈叢より採血し、該血清が免疫に用いた抗原と反応することを酵素免疫測定法〔酵素免疫測定法(ELISA法)：医学書院刊1976年、Antibodies-A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press(1988)〕等で確認する。

免疫に用いた抗原に対し、該血清が十分な抗体価を示した非ヒト哺乳動物より血清を取得し、該血清を分離、精製することによりポリクローナル抗体を取得することができる。

分離、精製する方法としては、遠心分離、40～50%飽和硫酸アンモニウムによる塩析、カプリル酸沈殿〔Antibodies, A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory, (1988)〕、またはDEAEセファロースカラム、陰イオン交換カラム、プロテインAまたはGカラムあるいはゲル濾過カラム等を用いるクロマトグラフィー等を、単独または組み合わせて処理する方法があげられる。

(2) モノクローナル抗体の調製

(2-1) 抗体産生細胞の調製

上記(1)において、免疫に用いた抗原に対し、その血清が十分な抗体価を示したラットを抗体産生細胞の供給源として供する。

該抗体価を示したラットに抗原物質を最終投与した後3～7日目に、脾臓を摘出する。

該脾臓をMEM培地(日水製薬社製)中で細断し、ピンセットでほぐし、1,200rpmで5分間遠心分離した後、上清を捨てる。

得られた沈殿画分の脾細胞をトリス-塩化アンモニウム緩衝液(pH7.65)で1～2分間処理し赤血球を除去した後、MEM培地で3回洗浄し、

得られた脾細胞を抗体産生細胞として用いる。

(2-2) 骨髓腫細胞の調製

骨髓腫細胞としては、マウスまたはラットから取得した株化細胞を使用する。

例えば、8-アザグアニン耐性マウス (BALB/c由来) 骨髓腫細胞株 P3-X63Ag8-U1 (P3-U1) [Curr. Topics Microbiol. Immunol., 81, 1 (1978)、Eur. J. Immunol., 6, 511 (1976)]、SP2/0-Ag14(SP-2) [Nature, 276, 269 (1978)]、P3-X63-Ag8653(653) [J. Immunol., 123, 1548 (1979)]、P3-X63-Ag8(X63) [Nature, 256, 495 (1975)] 等を用いることができる。これらの細胞株は、8-アザグアニン培地 [RPMI-1640培地にグルタミン (1.5 mmol/L)、2-メルカプトエタノール ($5 \times 10^{-5} \text{ mol/L}$)、ジェンタマイシン ($10 \mu\text{g/mL}$) および牛胎児血清 (FCS) (CSL社製、10%) を加えた培地 (以下、正常培地という) に、さらに8-アザグアニン ($15 \mu\text{g/mL}$) を加えた培地] で継代するが、細胞融合の3～4日前に正常培地で培養し、融合には該細胞を 2×10^7 個以上用いる。

(2-3) ハイブリドーマの作製

(2-1) で取得した抗体産生細胞と (2-2) で取得した骨髓腫細胞を MEM 培地または PBS (リン酸二ナトリウム 1.83 g 、リン酸一カリウム 0.21 g 、食塩 7.65 g 、蒸留水 1 L 、pH 7.2) でよく洗浄し、細胞数が、抗体産生細胞：骨髓腫細胞 = $5 \sim 10 : 1$ になるよう混合し、 $1,200 \text{ rpm}$ で5分間遠心分離した後、上清を捨てる。

得られた沈殿画分の細胞群をよくほぐし、該細胞群に、攪拌しながら、 37°C で、 10^8 抗体産生細胞あたり、ポリエチレングリコール-1000 (PEG-1000) 2 g 、MEM 培地 2 mL およびジメチルスルホキシド (DMSO) 0.7 mL を混合した溶液を $0.2 \sim 1 \text{ mL}$ 添加し、更に1～2分間毎に MEM 培地 $1 \sim 2 \text{ mL}$ を数回添加する。

添加後、MEM 培地を加えて全量が 50 mL になるように調製する。

該調製液を 900 rpm で5分間遠心分離後、上清を捨てる。

得られた沈殿画分の細胞を、ゆるやかにほぐした後、メスピベットによる吸込み、吹出しでゆるやかに HAT 培地 [正常培地にヒポキサンチン (10^{-4} mol/L)、チミジン ($1.5 \times 10^{-5} \text{ mol/L}$) およびアミノプテリン ($4 \times 10^{-7} \text{ mol/L}$) を加えた培地] 100 mL 中に懸濁する。

該懸濁液を 96 穴培養用プレートに $100 \mu\text{L}$ / 穴ずつ分注し、5% CO_2 インキュベーター中、 37°C で7～14日間培養する。

培養後、培養上清の一部をとりアンチボディイズ [Antibodies-A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Chapter 14 (1988)] 等に述べられている酵素免疫測定法により、本発明のポリペプチドに特異的

に反応するハイブリドーマを選択する。

酵素免疫測定法の具体的例として、以下の方法をあげることができる。

免疫の際、抗原に用いた本発明のポリペプチドの全長または部分断片精製標品を適当なプレートにコートし、ハイブリドーマ培養上清もしくは後述の(2-4)で得られる精製抗体を第一抗体として反応させ、さらに第二抗体としてビオチン、酵素、化学発光物質あるいは放射線化合物等で標識した抗ラットイムノグロブリン抗体を反応させた後に標識物質に応じた反応を行ない、本発明のポリペプチドに特異的に反応するものを本発明のポリペプチドに対するモノクローナル抗体を生産するハイブリドーマとして選択する。

該ハイブリドーマを用いて、限界希釈法によりクローニングを2回繰り返し〔1回目は、H T培地(H A T培地からアミノプテリンを除いた培地)、2回目は、正常培地を使用する〕、安定して強い抗体価の認められたものを本発明のポリペプチドに対するモノクローナル抗体を生産するハイブリドーマ株として選択する。

(2-4)モノクローナル抗体の調製

プリスタン処理〔2, 6, 10, 14-テトラメチルペンタデカン(Pristane) 0.5 mLを腹腔内投与し、2週間飼育する〕した8~10週令のマウスまたはヌードマウスに、(2-3)で取得した本発明のポリペプチドに対するモノクローナル抗体を生産するハイブリドーマ細胞5~20×10⁶細胞/匹を腹腔内に注射する。10~21日間でハイブリドーマは腹水癌化する。

該腹水癌化したマウスから腹水を採取し、3,000 r p mで5分間遠心分離して固形分を除去する。

得られた上清より、ポリクローナル抗体で用いた方法と同様の方法でモノクローナル抗体を精製、取得することができる。

抗体のサブクラスの決定は、マウスモノクローナル抗体タイピングキットまたはラットモノクローナル抗体タイピングキットを用いて行う。ポリペプチドの量は、ローリー法あるいは280 nmでの吸光度より算出する。

〔4〕本発明のポリペプチドのホスホリパーゼA₂活性の測定

上記〔2〕に記載の方法により、大腸菌、酵母、昆虫細胞、動物細胞等を宿主として、本発明のポリペプチドを発現させたもの、あるいは、アフリカツメガエル卵母細胞にDNAあるいはin vitroで調製したcRNAを用いてマイクロインジェクション法〔Methods in Enzymology, 207, 225 (1992)、Methods in Enzymology, 254, 458 (1995)〕により発現させたもの、in vitro翻訳産物等をホスホリパーゼA₂活性の測定に用いる。ホスホリパーゼA₂活

性は検出可能な試薬（例えば、放射性試薬、蛍光試薬または比色試薬）で標識された基質（例えば、1 - パルミトイル - 2 - [1 - ^{14}C] アラキドニル - ホスファチルコリン）の加水分解物（例えば、[1 - ^{14}C] アラキドン酸）あるいは残存する基質を定量することにより測定する。また、標識していない基質、分解物を定量することにより測定することもできる [Methods in Enzymology, 197, 3 (1991)]。

[5] 本発明のポリペプチドのアゴニストまたはアンタゴニストの探索・同定および治療薬としての利用

上記[4]の活性測定に用いることのできる細胞、あるいは、後述[7]の方法で本発明のポリペプチドあるいはmRNAを発現していることの確認された組織、細胞等を含有する試料に、被験試料を添加し、上記[4]記載の方法で、ホスホリパーゼA₂活性を測定する。

試料の形態は、該組織または、細胞等が、ホスホリパーゼA₂活性を示すことのできる状態であればいかなる形態であってもよい。

被験試料の添加の有無における、本発明のポリペプチドのホスホリパーゼA₂活性の比較により、被験試料の中からホスホリパーゼA₂活性を増強する物質（アゴニスト）および阻害する物質（アンタゴニスト）をスクリーニングすることができる。

被験試料としては、合成化合物、天然に存在する蛋白質、人工的に合成された蛋白質、ペプチド、糖質、脂質、これらの修飾体あるいは誘導体を、また哺乳動物(例えばマウス、ラット、モルモット、ハムスター、ブタ、ヒツジ、ウシ、ウマ、イヌ、ネコ、サル、ヒト等)の尿、体液、組織抽出物、細胞培養上清、細胞抽出物を、更に、非ペプチド性化合物、発酵生産物、植物その他の生物の抽出物等をあげることができる。

上記の方法により取得される、本発明のポリペプチドのアゴニストまたはアンタゴニストは、治療薬として単独で用いることが可能ではあるが、通常は薬理学的に許容される一つあるいはそれ以上の担体と一緒に混合し、製剤学の技術分野においてよく知られる任意の方法により製造した医薬製剤として用いることが望ましい。

アゴニストは、糖尿病の予防薬または治療薬の成分として使用することができる。

アンタゴニストは、糖尿病も含む他の疾患、例えば、喘息、虚血性疾患、関節炎、リウマチ、敗血症、皮膚の炎症、動脈硬化、痛み、パーキンソン氏病、アルツハイマー病、悪性腫瘍、腎炎、糖尿病または虚血再灌流障害等の予防薬または治療薬の成分として使用することができる。アンタゴニストには、阻害ポリペプチドも包含される。

該治療薬の投与方法としては、治療に際し最も効果的な方法を使用することが望ましく、経口投与または、口腔内、気道内、直腸内、皮下、筋肉内および静脈内等の非経口投与による方法を用いることができる。

該治療薬の剤形としては、軟膏剤、噴霧剤、カプセル剤、錠剤、顆粒剤、シロップ剤、乳剤、座剤、注射剤、テープ剤等をあげることができる。

経口投与に適当な製剤としては、乳剤、シロップ剤、カプセル剤、錠剤、散剤、顆粒剤等をあげることができる。

乳剤およびシロップ剤のような液体調製物は、水、ショ糖、ソルビトール、果糖等の糖類、ポリエチレングリコール、プロピレングリコール等のグリコール類、ごま油、オリーブ油、大豆油等の油類、p-ヒドロキシ安息香酸エステル類等の防腐剤、ストロベリーフレーバー、ペパーミント等のフレーバー類等を添加剤として用いて製造することができる。

カプセル剤、錠剤、散剤、顆粒剤等は、乳糖、ブドウ糖、ショ糖、マンニトール等の賦形剤、デンプン、アルギン酸ナトリウム等の崩壊剤、ステアリン酸マグネシウム、タルク等の滑沢剤、ポリビニルアルコール、ヒドロキシプロピルセルロース、ゼラチン等の結合剤、脂肪酸エステル等の界面活性剤、グリセリン等の可塑剤等を添加剤として用い製造することができる。

非経口投与に適当な製剤としては、注射剤、座剤、噴霧剤等があげられる。

注射剤は、例えば、塩溶液、ブドウ糖溶液、あるいは両者の混合物からなる担体等を用いて調製することができる。

座剤は、例えば、カカオ脂、水素化脂肪またはカルボン酸等の担体を用いて調製することができる。

噴霧剤は、上記で取得されたアゴニストまたはアンタゴニストをそのまま噴霧剤として用いることが可能であるが、受容者の口腔および気道粘膜を刺激せず、かつ該化合物を微細な粒子として分散させ吸収を容易にさせる担体等を用いて調製した噴霧剤が好ましい。

担体として、具体的には乳糖、グリセリン等を例示することができる。

上記で取得されたアゴニストまたはアンタゴニスト、および担体の性質により、エアロゾル、ドライパウダー等の製剤を調製することが可能である。

これらの非経口剤においても、経口剤で添加剤として例示した成分を添加することができる。

投与量または投与回数は、目的とする治療効果、投与方法、治療期間、年齢、体重等により異なるが、通常成人1日当たり $10\mu\text{g}/\text{kg}\sim 8\text{mg}/\text{kg}$ である。他の非ヒト哺乳動物に投与する場合も同様である。

[6] 本発明のポリペプチドの発現を調節する化合物（以下、発現調節化合物と略す）の探索および同定

(1) 本発明の抗体を用いた発現調節化合物の探索および同定

本発明のポリペプチドを発現する細胞を被験試料と接触させた後、本発明の抗体を用いることにより、本発明のポリペプチドの発現調節化合物を探索、同定することができる。

細胞としては、本発明のポリペプチドを発現している細胞、細胞株、組織ならいかなるものでも用いることができる。

例えば、下記[7]に記載した、抗体による免疫学的な検出方法によって該ポリペプチドの発現が認められた細胞、細胞株あるいは組織を用いることができる。

好適な細胞株として、例えば、腎由来の細胞株をあげることができる。

被験試料としては上記[5]の被験試料であげたものを用いることができる。

本発明のポリペプチドを発現する細胞を、該細胞の増殖することのできる培地に懸濁し、被験試料を該培地に添加し、該細胞と接触させた後、本発明の抗体を用い、該細胞の発現したポリペプチド含量を定量する。定量する方法としては、例えば下記の免疫細胞染色を利用した方法をあげることができる。

培養付着細胞をPBS緩衝液で洗浄し、0.05%トリプシン、0.02%EDTA(エチレンジアミン4酢酸)を含むPBS緩衝液3mLを加え、余分な溶液を除いた後、37℃、5分間インキュベートすることによりフラスコより細胞を剥がす。

浮遊細胞については培養細胞をそのまま用いることができる。該細胞をPBS緩衝液で洗浄後、固定液に懸濁する。固定液としては例えば3.7%ホルムアルデヒドを含むPBS緩衝液を挙げることができる。室温にて30分間インキュベート後、PBS緩衝液で洗浄し膜透過性反応液に懸濁する。膜透過性反応液としては例えば0.1%Triton X-100を含むPBS緩衝液を挙げることができる。

該処理を行った細胞を免疫細胞染色用緩衝液(1%BSA、0.02%EDTA、0.05%アジ化ナトリウムを含むPBS)等に懸濁し、1~20×10⁵個ずつ丸底96穴プレートに分注する。

該プレートに、本発明のモノクローナル抗体を分注する。

モノクローナル抗体としては、上記[3](2-3)で取得した本発明のモノクローナル抗体を産生するハイブリドーマの培養上清、上記[3](2-4)で取得した精製モノクローナル抗体をあげることができる。更に、該モノク

ローナル抗体を標識した抗体も用いることができる。

モノクローナル抗体を標識した抗体としては、例えばビオチン標識した抗体をあげることができる。

ビオチン標識した抗体は公知の方法（酵素抗体法：学際企画刊1985年）で調製することができる。

上記抗体を、免疫細胞染色用緩衝液あるいは10%動物血清を含む免疫細胞染色用緩衝液を用いて0.1～50 $\mu\text{g}/\text{mL}$ の濃度になるように希釈する。

該希釈抗体を20～500 $\mu\text{L}/\text{穴}$ となるように上記96穴プレートに分注し、氷冷下で30分間放置する。

標識されていないモノクローナル抗体を用いた場合には、上記プレートに免疫細胞染色用緩衝液を添加し、細胞を洗浄する。FITC (fluorescein isothiocyanate) あるいはフィコエリスリン等の蛍光色素で標識した抗マウスイムノグロブリン抗体あるいは抗ラットイムノグロブリン抗体を0.1～50 $\mu\text{g}/\text{mL}$ 程度の濃度で含む免疫細胞染色用緩衝液を50～500 $\mu\text{L}/\text{穴}$ ほど分注し、氷冷下で30分間遮光して放置する。

ビオチン標識した該モノクローナル抗体を用いた場合には、上記プレートにFITCあるいはフィコエリスリン等の蛍光色素で標識したストレプトアビジンを50～500 $\mu\text{L}/\text{穴}$ ほど分注し、氷冷下で30分間遮光して放置する。

両ケースとも、放置後、プレートに免疫細胞染色用緩衝液を添加し、細胞をよく洗浄し、蛍光顕微鏡、セルソーター等により解析する。

被験試料を添加しない系と比較し、本発明のポリペプチド含量を増加あるいは減少させる被験試料を探索することにより、発現調節化合物を同定することができる。

本発明のポリペプチド含量を増加させる物質はアゴニストと同様に使用することができる。また、本発明のポリペプチド含量を減少させる物質は、アンタゴニストとして使用することができる。

(2) 本発明のポリペプチドをコードするDNAの転写産物定量系を用いた探索および同定

本発明のポリペプチドあるいは該ポリペプチドをコードするmRNAを発現する細胞を被験試料と接触させた後、該mRNA含量を定量することにより発現調節化合物を探索、同定することができる。

本発明のポリペプチドあるいは該ポリペプチドをコードするmRNAを発現する細胞としては、例えば上記[6](1)記載の細胞株を、被験試料としては上記[5]のものをを用いることができる。

本発明のポリペプチドあるいは該ポリペプチドをコードするmRNAを

発現する細胞を、該細胞の増殖することのできる培地に懸濁し、被験試料を該培地に添加し、該細胞を接触させた後、該細胞中の発現した該 mRNA の含量を、通常のノーザンハイブリダイゼーション法、RNA のドットプロットハイブリダイゼーション法、RT-PCR 法等を用い定量する。

ハイブリダイゼーション法等に用いることのできるプローブおよび RT-PCR 法等に用いることのできるプライマーとして、本発明のポリペプチドをコードする DNA 断片をあげることができる。

具体的には、配列番号 2、23、27 および 39 記載の塩基配列からなる群より選ばれる塩基配列中の連続した 5～60 塩基と同じ配列を有するオリゴヌクレオチド、該オリゴヌクレオチドと相補的な配列を有するオリゴヌクレオチドを好適に用いることができる。

被験試料を添加しない系と比較し、本発明のポリペプチドをコードする mRNA 含量を増加あるいは減少させる被験試料を探索することにより、発現調節化合物を同定することができる。

本発明のポリペプチドをコードする mRNA 含量を増加させる物質はアゴニストとして使用することができる。また、本発明のポリペプチドをコードする mRNA 含量を減少させる物質はアンタゴニストとして使用することができる。

(3) レポーター遺伝子を用いる探索および同定

本発明のポリペプチドをコードする DNA の転写を制御する領域(以下、転写制御領域と略す)の下流にレポーター遺伝子の連結された DNA を含むプラスミドで形質転換された形質転換体と被験試料とを接触させた後、レポーター遺伝子によりコードされるポリペプチドの発現量を定量することにより発現調節化合物を探索、同定することができる。

転写制御領域は、通常、DNA の 5' 上流に含まれることが多い。本発明のポリペプチドをコードする DNA の 5' 上流領域は、例えば Genome Walker kits (Clontech 社製) 等を用いて調製することができる。また、該領域を適当な制限酵素を用い、適切な長さに切断した断片を転写制御領域として用いることができる。

レポーター遺伝子としては、該 DNA の翻訳産物が細胞内で安定であり、該翻訳産物の存在量が容易に定量できるものであればいかなるものでも用いることができ、該 DNA がコードするポリペプチドとして、例えば、クロラムフェニコールアセチルトランスフェラーゼ(CAT)、 β -ガラクトシダーゼ(β -gal)、ルシフェラーゼ(luc)、 β -グルクロニダーゼ、エクオリン、グリーンフルオレッセントプロテイン(GFP)等をあげることができる。

該転写制御領域を含むレポータープラスミドを導入する宿主細胞として

は、いかなる細胞も用いることができるが、好適には、[6] (1) 記載の本発明のポリペプチドあるいは該ポリペプチドをコードする mRNA の発現が認められている細胞株を用いることができる。

被験試料として、上記[5]のものをを用いることができる。

転写制御領域の下流に常法によりレポーター遺伝子を連結し、作製したプラスミドを用い、常法により宿主細胞を形質転換する。

また、ポジティブセクション用マーカー (G 4 1 8 耐性遺伝子等) およびネガティブセクション用マーカー (単純ヘルペスウイルスのチミジンキナーゼやジフテリア毒素 A フラグメント遺伝子等) をつないだジーンターゲティングベクターを作製し、本発明のポリペプチドをコードする染色体 DNA の一部をレポーター遺伝子で置換した細胞株を作製することもできる [Nature, 336, 348 (1988)、Analytical Biochemistry, 214, 77 (1993)、Gene Targeting, The Practical Approach Series, IRL Press (1993)]。

該形質転換体を、例えば該細胞の増殖することのできる培地に懸濁し、被験試料を該培地に添加し、該細胞を接触させた後、該細胞の発現したレポーター遺伝子にコードされたポリペプチドの量を、該ポリペプチドに適した方法で検出、定量する。

検出、定量法として、CAT の場合には、例えば、モレキュラー・クローニング第 2 版, 16 章, 60 頁に記載の方法を、 β -gal の場合には、例えば、モレキュラー・クローニング第 2 版, 16 章, 66 頁に記載の方法を、luc の場合には、例えば、実験医学別冊バイオマニュアルシリーズ 4 遺伝子導入と発現・解析法, 89(1994)に記載の方法を、GFP の場合には、例えば、Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 94, 4653 (1997)記載の方法等をあげることができる。

被験試料を添加しない系と比較し、レポーター遺伝子にコードされたポリペプチド含量を増加あるいは減少させる被験試料を探索することにより、発現調節化合物を同定することができる。

レポーター遺伝子にコードされたポリペプチド含量を増加させる物質はアゴニストとして使用することができる。また、レポーター遺伝子にコードされたポリペプチド含量を減少させる物質はアンタゴニストとして使用することができる。

[7] 本発明の DNA、ポリペプチド、抗体、アゴニスト、アンタゴニストおよび発現調節化合物の利用

(1) 本発明の DNA をプローブとして用いて、ヒトおよびマウスなど非ヒト哺乳動物の組織や細胞から上記[1] (1)と同様にして抽出した RNA についてノーザンハイブリダイゼーションを行うことにより、その組織や

細胞における本発明のポリペプチドをコードするmRNAを検出あるいは定量することができる。

各種の組織でそのmRNAの発現量を比較することにより本発明のポリペプチドの組織発現分布を知ることができる。

(2) 本発明のオリゴヌクレオチドを本発明のDNAの特異的プライマーとして用いて、ヒトおよびマウスなど非ヒト哺乳動物の組織や細胞から上記1と同様にして抽出したRNAについてRT-PCR〔reverse transcription PCR; PCR Protocols (1990)〕を行うことにより、本発明のポリペプチドをコードするmRNAの検出や定量を行うことができる。

RNAを定量する方法は、本発明のDNAが関与する病態の診断に用いることができる。

各種病態モデル動物において、該mRNAを定量することにより、病態における該DNA産物の重要性を明らかにすることができる。また、薬剤の有無による該mRNAの発現量を比較することにより薬剤を評価することができる。

(3) 本発明のオリゴヌクレオチドをプローブとして用いて、ヒトおよびマウスなど非ヒト哺乳動物の組織切片に対してin situハイブリダイゼーション〔Methods in Enzymology, 254, 419 (1995)〕を行うことにより、組織内での本発明のポリペプチドの発現細胞の特定等のより細かい発現分布を知ることができる。

これらの方法によって得られる、本発明のポリペプチドがどのような組織や細胞で発現しているかに関する情報および細胞がどのような刺激を受けたときに発現量が変化するかに関する情報は、本発明のポリペプチドの生理機能や病態への関与を解析するために有用である。

(4) 本発明のDNAをプローブとして用い、ゲノムDNAに対してサザンハイブリダイゼーション〔モレキュラー・クローニング 第2版〕を行うことにより、本発明のポリペプチドをコードするDNAの変異を検出することができる。

変異の検出を行うことにより、該DNAの変異が原因となっている可能性のある、例えば喘息、虚血性疾患、関節炎、リウマチ、敗血症、皮膚の炎症、動脈硬化、痛み、パーキンソン氏病、アルツハイマー病、悪性腫瘍、腎炎、糖尿病または虚血再灌流障害等の疾患の診断を行うことができる。

(5) 本発明のポリペプチドをコードするDNAをPCR等を用いて増幅して塩基配列を解析することにより、あるいはDNAチップ等を用いて解析を行うことにより、1塩基多型(single nucleotide polymorphisms; SNP)などの多型を検出することができる。多型の検出を行うことにより、該DNAの多型が関連している可能性のある、例えば喘息、虚血性疾患、関節

炎、リウマチ、敗血症、皮膚の炎症、動脈硬化、痛み、パーキンソン氏病、アルツハイマー病、悪性腫瘍、腎炎、糖尿病または虚血再灌流障害等の疾患の診断を行うことができる。

(6) 本発明のアンチセンス・オリゴヌクレオチド(RNA、DNAまたはその誘導体)を用い、本発明のポリペプチドをコードするDNAの転写もしくはmRNAの翻訳を抑制することにより〔化学, 46, 681 (1991)、Bio/Technology, 9, 358 (1992)〕、該DNAが発症に関与している可能性のある、例えば喘息、虚血性疾患、関節炎、リウマチ、敗血症、皮膚の炎症、動脈硬化、痛み、パーキンソン氏病、アルツハイマー病、悪性腫瘍、腎炎、糖尿病または虚血再灌流障害等の疾患の予防や治療に用いることができる。

上述のアンチセンス・オリゴヌクレオチドは、本発明のポリペプチドをコードするDNAの塩基配列中の連続した5～60塩基と相補的な配列を有するオリゴヌクレオチド、好ましくは本発明のポリペプチドをコードするDNAの翻訳開始領域にある5～60塩基と相補的な塩基配列を基にして設計・調製し、生体内に投与する。

本発明のDNAを含有する医薬は、上記〔5〕の本発明のポリペプチドのアゴニストまたはアンタゴニストの医薬製剤の調製法と同様な方法を用いて調製することができ、調製された該医薬製剤を上記〔5〕の場合と同様の方法で投与することができる。

(7) 本発明のDNAを用い、上記〔2〕記載の方法により本発明のポリペプチドを取得することができる。

本発明のポリペプチドの用途としては、喘息、虚血性疾患、関節炎、リウマチ、敗血症、皮膚の炎症、動脈硬化、痛み、パーキンソン氏病、アルツハイマー病、悪性腫瘍、腎炎、糖尿病または虚血再灌流障害等の疾患の治療薬または予防薬があげられる。

本発明のポリペプチドを含有する医薬は、上記〔5〕の本発明のポリペプチドのアゴニストまたはアンタゴニストの医薬製剤の調製法と同様な方法を用いて調製することができ、調製された該医薬製剤を上記〔5〕の場合と同様の方法で投与することができる。

(8) 本発明のオリゴヌクレオチドは一本鎖または二本鎖としてレトロウイルス、アデノウイルス、アデノ随伴ウイルス等のウイルスベクター、その他のベクターに組み込んで遺伝子治療用ベクターとし、遺伝子治療に用いることができる。

(9) 本発明のポリペプチドを抗原として用い、上記〔3〕記載の方法により本発明のポリペプチドに対する抗体を製造することができる。

本発明のポリペプチドに対する抗体を用いて、本発明のポリペプチドを免疫学的に検出または定量することができる。

具体的には、マイクロタイタープレートを用いるE L I S A法、酵素標識抗体法や蛍光抗体法による免疫組織染色、ウェスタンブロット法等を用いた検出法をあげることができる。

具体的には、液相中で本発明のポリペプチドと反応する抗体のうちエпитープが異なる2種類のモノクローナル抗体を用いたサンドイッチE L I S A法、 ^{125}I 等の放射性同位体で標識した本発明のポリペプチドと本発明のポリペプチドを認識する抗体を用いるラジオイムノアッセイ法等をあげることができる。

また、本発明の抗体は病理組織切片を用いた免疫組織染色にも利用できる。

本発明の抗体を用い、健常者および被験者の細胞または組織に存在する本発明のポリペプチドを免疫学的に検出または定量し、その量を健常者と被験者とで比較し、発現量が変化しているかどうかを調べることにより、被験者の喘息、虚血性疾患、関節炎、リウマチ、敗血症、皮膚の炎症、動脈硬化、痛み、パーキンソン氏病、アルツハイマー病、悪性腫瘍、腎炎、糖尿病または虚血再灌流障害等の病態の診断に用いることができる。

また、本発明の抗体を用いて、各種病態モデル動物の組織および細胞に存在する該ポリペプチドを免疫学的に検出または定量し、正常動物と比較することにより、病態における該ポリペプチドの重要性を明らかにすることができる。さらに、薬剤の有無による該ポリペプチドの発現量を比較することにより薬剤を評価することができる。

(10) 本発明のポリペプチドの機能(ホスホリパーゼ A_2 活性)を阻害する抗体を投与することにより、喘息、虚血性疾患、関節炎、リウマチ、敗血症、皮膚の炎症、動脈硬化、痛み、パーキンソン氏病、アルツハイマー病、悪性腫瘍、腎炎、糖尿病または虚血再灌流障害等の疾患を治療または予防することができる。

本発明の抗体を含有する医薬は、上記[5]の本発明のポリペプチドのアゴニストまたはアンタゴニストの医薬製剤の調製法と同様な方法を用いて調製することができ、調製された該医薬製剤を上記[5]の場合と同様の方法で投与することができる。

以下により具体的な実施例をあげて説明するが、これにより本発明の範囲が限定されるものではない。

なお、実施例中では、ホスホリパーゼ A_2 をPLA $_2$ 、細胞質ホスホリパーゼ A_2 をcPLA $_2$ と略記する。

図面の簡単な説明

第1図は、プラスミドp5269+C5の構築を示した図である。

第2図は、配列番号1に記載のアミノ酸配列を有するヒト由来の本発明のポリペプチドのアミノ酸配列(上段：第121～476番目)と、ヒトcPLA₂α (GenBank：AAA60105)のアミノ酸配列(下段：第1～第309番目)との比較を示した図である。アスタリスクは一致しているアミノ酸残基、ピリオドは相同性のあるアミノ酸残基を示す。(アミノ酸残基は一文字表記で示す。)下線はGXS GSモチーフを示す。

第3図は、第2図の続きである。配列番号1に記載のアミノ酸配列を有するヒト由来の本発明のポリペプチドのアミノ酸配列(上段：第477～849)と、ヒトcPLA₂α (GenBank：AAA60105)のアミノ酸配列(下段：第310～729番目)との比較を示した図である。アスタリスクは一致しているアミノ酸残基、ピリオドは相同性のあるアミノ酸残基を示す。(アミノ酸残基は一文字表記で示す。)

第4図は、配列番号1に記載のアミノ酸配列を有するヒト由来の本発明のポリペプチドのアミノ酸配列(上段：第1～400番目)と、ヒトcPLA₂β (GenBank：AAC78836)のアミノ酸配列(下段：第181～571番目)との比較を示した図である。アスタリスクは一致しているアミノ酸残基、ピリオドは相同性のあるアミノ酸残基を示す。(アミノ酸残基は一文字表記で示す。)下線はGXS GSモチーフを示す。

第5図は、第4図の続きである。配列番号1に記載のアミノ酸配列を有するヒト由来の本発明のポリペプチドのアミノ酸配列(上段：第401～849番目)と、ヒトcPLA₂β (GenBank：AAC78836)のアミノ酸配列(下段：第572～1012番目)との比較を示した図である。アスタリスクは一致しているアミノ酸残基、ピリオドは相同性のあるアミノ酸残基を示す。(アミノ酸残基は一文字表記で示す。)

第6図は、ヒト由来の本発明のポリペプチドをコードするcDNAの塩基配列情報を基にPCRプライマーを設計し、ヒト各組織のmRNAより調製したcDNAを鋳型にPCRを行なった結果を示した図である。増幅産物をアガロースゲル電気泳動した結果を示す。-はコントロール(cDNA無添加)を示す。

第7図は、プラスミドp600-Nの構築過程および制限酵素地図を示した図である。

第8図は、ヒト由来の本発明のポリペプチドをコードするcDNAの一部の塩基配列(約0.6kb)をプローブとしてヒト心臓、脳、胎盤、肺、肝臓、骨格筋、腎臓、脾臓のpoly(A)⁺ RNAフィルター〔Human Multiple Tissue Northern Blotsのフィルター(Clontech社製)〕に対してノーザンハイブリダイゼーションを行なった結果を示した図である。

第9図は、プラスミドpPLAH-1393の構築過程および制限酵素地図を示した図である。

第10図は、ヒト由来の本発明のポリペプチドを発現している昆虫細胞の可溶性画分におけるPLA₂活性測定の結果を示す。1393はベクターのみから作製したウイルスを感染させた昆虫細胞、PLAHは該ヒト由来の本発明のポリペプチドを発現している昆虫細胞を示す。横軸はポリペプチドの量(μ g)、縦軸は、PLA₂活性(dpm)を示す。

第11図は、ヒト由来の本発明のポリペプチドのアミノ酸配列(上段:第1~第300番目)と、マウス由来の本発明のポリペプチドのアミノ酸配列(下段:第1~第296番目)とのアミノ酸配列の比較を示した図である。アステリスクは一致しているアミノ酸残基、ピリオドは相同性のあるアミノ酸残基を示す。(アミノ酸残基は一文字表記で示す)

第12図は、ヒト由来の本発明のポリペプチドのアミノ酸配列(上段:第301~第539番目)と、マウス由来の本発明のポリペプチドのアミノ酸配列(下段:第297~第536番目)とのアミノ酸配列の比較を示した図である。アステリスクは一致しているアミノ酸残基、ピリオドは相同性のあるアミノ酸残基を示す。(アミノ酸残基は一文字表記で示す)

第13図は、ヒト由来の本発明のポリペプチドのアミノ酸配列(上段:第540~第849番目)と、マウス由来の本発明のポリペプチドのアミノ酸配列(下段:第537~第854番目)とのアミノ酸配列の比較を示した図である。アステリスクは一致しているアミノ酸残基、ピリオドは相同性のあるアミノ酸残基を示す。(アミノ酸残基は一文字表記で示す)

第14図は、ヒト由来の本発明のポリペプチドのアミノ酸配列(下段)と、ラット由来の本発明のポリペプチドの断片アミノ酸配列(上段)との比較を示した図である。アステリスクは一致しているアミノ酸残基、ピリオドは相同性のあるアミノ酸残基を示す。

第15図は、マウスおよびラット由来の本発明のポリペプチドをコードするcDNAの塩基配列情報を基にPCRプライマーを設計し、マウスおよびラット各組織のmRNAより調製したcDNAを鋳型としてPCRを行なった後、増幅産物をアガロースゲル電気泳動した結果を示す。-はコントロール(cDNA無添加)を示す。

第16図は、ヒト由来の本発明のポリペプチドのアミノ酸配列(上段:第1~第473番目)、マウス由来の本発明のポリペプチドのアミノ酸配列(中段:第1~第470番目)およびBALB/Cマウス由来の本発明のポリペプチドのアミノ酸配列(下段:第1~第469番目)との比較を示した図である。アステリスクは一致しているアミノ酸残基、ピリオドは相同性のあるアミノ酸残基を示す。(アミノ酸残基は一文字表記で示す。)

第17図は、第16図の続きである。ヒト由来の本発明のポリペプチドのアミノ酸配列(上段:第474~第849番目)、マウス由来の本発明のポリペ

プチドのアミノ酸配列(中段: 第471~第854番目)およびBALB/Cマウス由来の本発明のポリペプチドのアミノ酸配列(下段: 第470~第853番目)との比較を示した図である。アステリスクは一致しているアミノ酸残基、ピリオドは相同性のあるアミノ酸残基を示す。(アミノ酸残基は一文字表記で示す。)

第18図は、プラスミドpmPLAH-1393の構築過程および制限酵素地図を示した図である。

第19図は、ウイルスを感染させた昆虫細胞の可溶性画分におけるPLA₂活性を測定した結果を示した図である。m-1393Vはベクターのみから作製したウイルスを感染させた昆虫細胞、m-cPLA2Hは該マウス由来の本発明のポリペプチドを発現している昆虫細胞を示す。

第20図は、ウイルスを感染させた昆虫細胞の可溶性画分におけるPLA₂活性のカルシウム濃度依存性を測定した結果を示した図である。m-1393Vはベクターのみから作製したウイルスを感染させた昆虫細胞、m-cPLA2Hはマウス由来の本発明のポリペプチドを発現している昆虫細胞を示す。

第21図は、ウイルスを感染させた昆虫細胞の可溶性画分におけるPLA₂活性の反応時間依存性を測定した結果を示した図である。m-1393Vはベクターのみから作製したウイルスを感染させた昆虫細胞、m-cPLA2Hはマウス由来の本発明のポリペプチドを発現している昆虫細胞を示す。

第22図は、ヒト由来の本発明のポリペプチドをコードするDNA、ヒトcPLA₂α、ヒトG3PDHの塩基配列情報を基にPCRプライマーを設計し、ヒト培養細胞株(K-562、HL-60、Jurkat、293EBNA、DU145、PC-3、LNCaP.FGS)のRNAより調製したcDNAを鋳型にPCRを行なった後、増幅産物をアガロースゲル電気泳動した結果を示した図である。

第23図は、ヒト由来の本発明のポリペプチドをコードするcDNAの一部の塩基配列(約0.6kb)をプローブとしてヒト胎児心臓、腎臓、皮膚、小腸および成人肺のpoly(A)⁺RNAフィルター[Human Fetal Normal Tissue mRNA Northern Blot II (Biochain社製)]に対してノーザンハイブリダイゼーションを行なった結果を示した図である。

符号の説明

kb: キロ塩基対 (kilobase pairs)

Ap: アンピシリン耐性遺伝子

T7: T7プロモーター

BAP: 細菌由来アルカリホスファターゼ

Flag: Flagタグ

発明を実施するための最良の形態

実施例 1 ヒト由来の本発明のポリペプチドをコードするcDNAのクローン化

以下、遺伝子操作は特に断らない限り公知のモレキュラー・クローニング 第2版に記載されている方法に従って行なった。

(1) ヒト小腸由来cDNAライブラリーの作製

ヒト小腸から、Pharmacia社製のRNA Extraction Kit (#27-9270-01)を用いてTotal RNAを抽出後、文献(J. Sambrook, E. F. Fritsch & T. Maniatis, Molecular Cloning Second edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press 1989)に記載されているPolyA(+)RNA精製法に準じmRNAを抽出し、精製した。

それぞれのpolyA(+)RNAよりオリゴキャップ法[Gene, 138, 171 (1994)]によりcDNAライブラリーを作製した。Oligo-cap linker (配列番号5)およびOligo dT primer (配列番号6)を用いて、文献[蛋白質 核酸 酵素, 41, 197 (1996)、Gene, 200, 149 (1997)]に従ってBAP (Bacterial Alkaline Phosphatase) 処理、TAP (Tobacco Acid Pyrophosphatase) 処理、RNAライゲーション、第一鎖cDNAの合成とRNAの除去を行った。

次いで、5'末端側と3'末側のPCRプライマー (配列番号7、8)を用いたPCR(polymerase chain reaction)により2本鎖cDNAに変換した後、制限酵素 SfiIで切断した。該cDNAをDraIIIで切断したベクターpME18SFL3 (GenBank AB009864, Expression vector, 3392bp) に組み込み、cDNAライブラリーを作製した。cDNAは発現が可能なように一方向に組み込まれた。

(2) ランダムシーケンス

上記(1)で調製したcDNAライブラリーとしての各大腸菌クローンから常法に従ってプラスミドDNAを取得し、各プラスミドが含有するcDNAの5'末端の塩基配列を決定した。塩基配列の決定は、キット (BigDye Terminator Cycle Sequencing FS Ready Reaction Kit, PE Biosystems社製) とDNAシーケンサー (ABI PRISM 377, PE Biosystems社製)を用いて行った。配列番号9および10に示す塩基配列を有するDNAを合成し、該合成DNAをプライマーとして使用した。

(3) 相同性検索ソフトウェアを用いた解析

得られた塩基配列についてはブラストサーチ相同性検索ソフトウェアを用いて解析し、cPLA₂に相同性の認められる塩基配列を見出した。該塩基配列を有すると思われるクローン(c-hsi05269)の全塩基配列を決定した結果、プラスミドc-hsi05269には配列番号4に記載された約1.5kbの塩基配列を有するcDNAが含まれていた。該塩基配列によりコードされる新規ポリペプチドのアミノ酸配列を配列番号3に示す。

(4) cPLA₂との相同領域を完全に含むcDNAのクローン化

上記(3)で得られた塩基配列情報をもとに配列番号11および配列番号12記載の塩基配列を有するDNAプライマーを設計し、Human Kidney Marathon-Ready cDNAキット(Clontech社製)を用いて、以下に示す方法によりC末領域をPCR増幅した。

即ち、Human Kidney Marathon-Ready cDNA 2 μ L、配列番号11記載の塩基配列を有するDNAプライマーおよびAP1(キットに添付)のプライマー各々0.2 μ mol/L、各成分を200 μ mol/Lずつ含有するdNTP (dATP、dGTP、dCTP、dTTP)の混合液、Advantage 2 ポリメラーゼ混合液(Clontech社製)0.5 μ Lおよび1 $\times$ Advantage 2 PCR緩衝液を含む反応溶液20 μ Lを用い、下記条件下でPCRを行なった。

即ち、サーマルサイクラー PTC-200(MJリサーチ社製)を用い、95 $^{\circ}$ Cで3分間加熱後、94 $^{\circ}$ Cで15秒間、72 $^{\circ}$ Cで4分間の工程を1サイクルとして5サイクル、94 $^{\circ}$ Cで15秒間、70 $^{\circ}$ Cで4分間の工程を1サイクルとして5サイクル、94 $^{\circ}$ Cで15秒間、68 $^{\circ}$ Cで4分間の工程を1サイクルとして20サイクル行なった。続いて、得られたPCR反応液の100倍希釈液5 μ L、配列番号12記載の塩基配列を有するDNAプライマーおよびAP2(キットに添付)のプライマー各々0.2 μ mol/L、各成分を200 μ mol/Lずつ含有するdNTP (dATP、dGTP、dCTP、dTTP)の混合液、Advantage 2 ポリメラーゼ混合液 1 μ Lおよび1 $\times$ Advantage 2 PCR緩衝液を含む反応溶液50 μ Lを用い、下記条件下でPCRを行なった。

即ち、サーマルサイクラー PTC-200を用い、95 $^{\circ}$ Cで3分間加熱後、94 $^{\circ}$ Cで15秒間、68 $^{\circ}$ Cで4分間の工程を1サイクルとして30サイクル行なった。得られた該PCR反応液より5 μ Lを分取し、アガロースゲル電気泳動により約2.5kbのDNA断片が増幅されたことを確認後、QIAEX II Gel Extraction Kit (QIAGEN社製)を用いてマニュアルに従ってDNA断片を精製した。

得られたDNA断片50ngとpCR2.1 T-Vector(Invitrogen社製)50ngとをDNA Ligation Kit Ver. 2 (宝酒造社製)を用いてマニュアルに従って結合し、組換えプラスミドDNAを得た。得られた組換えプラスミドDNAを用いて大腸菌JM109株を形質転換し、常法によりプラスミドpPL-Cを得た。

プラスミドpPL-Cに含まれるDNA断片の塩基配列を常法によって決定したところ、挿入されたDNA断片は挿入された断片中のAccI部位でc-hsi05269のAccI部位と連結可能であることが分かった。

プラスミドc-hsi05269 2 μ gを10mmol/L トリスー塩酸(pH7.5)、10mmol/L 塩化マグネシウム、1mmol/Lジチオスレイトール(以下、DTTと略記する)、50mmol/L 塩化ナトリウムからなる緩衝液50 μ Lに溶解し、10単位のAccI(宝酒造社製)を加えて37 $^{\circ}$ Cで3時間消化反応を行なった。フェノール抽出とエタノール沈殿の後、得られた沈殿を50mmol/L トリスー塩酸(pH7.5)、10mmol/L 塩化マグネシウム、1mmol/L DTT、100mmol/L 塩化ナトリウムか

らなる緩衝液50 μ Lに溶解し、10単位のEcoRI(宝酒造社製)を加え、37°Cで3時間消化反応を行なった。得られた反応液をアガロースゲル電気泳動し、QIAEX II Gel Extraction Kit(QIAGEN社製)を用いてEcoRI-AccI断片(1.3kb)を精製した。

また、プラスミドpPL-C 2 μ gを10mmol/L トリス-塩酸(pH7.5)、10mmol/L 塩化マグネシウム、1mmol/L DTT、50mmol/L 塩化ナトリウムからなる緩衝液50 μ Lに溶解し、10単位のAccI(宝酒造社製)を加えて37°Cで3時間消化反応を行なった。

フェノール抽出とエタノール沈殿の後、得られた沈殿を50mmol/L トリス-塩酸(pH7.5)、10mmol/L 塩化マグネシウム、1mmol/L DTT、100mmol/L 塩化ナトリウムからなる緩衝液50 μ Lに溶解し、10単位のNotI(宝酒造社製)を加え、37°Cで3時間消化反応を行なった。得られた反応液をアガロースゲル電気泳動し、QIAEX II Gel Extraction Kit(QIAGEN社製)を用いてAccI-NotI断片(2.2kb)を精製した。

一方、プラスミドpBluescriptII KS(-)(STRATAGENE社製) 2 μ gを50mmol/L トリス-塩酸(pH7.5)、10mmol/L 塩化マグネシウム、1mmol/L DTT、100mmol/L 塩化ナトリウムからなる緩衝液50 μ Lに溶解し、10単位のEcoRIおよびNotI(宝酒造社製)を加え、37°Cで6時間消化反応を行なった。得られた反応液をアガロースゲル電気泳動し、QIAEX II Gel Extraction Kit(QIAGEN社製)を用いてEcoRI-NotI断片(3.0kb)を精製した。

上記で得られたプラスミドc-hsi05269由来のEcoRI-AccI断片(1.3kb)50ng、プラスミドpPL-C由来のAccI-NotI断片(2.2kb)50ngおよびpBluescriptII KS(-)由来のEcoRI-NotI断片(3.0kb)50ngをDNA Ligation Kit Ver.2(宝酒造社製)を用いてマニュアルに従って結合し、組換えプラスミドDNAを得た。得られた組換えプラスミドDNAを用いて大腸菌JM109株を形質転換し、常法によりプラスミドp5269+C5を得た。該プラスミドの構築過程および制限酵素地図を第1図に示す。

該プラスミドp5269+C5を保有する大腸菌JM109株は、ブダペスト条約に基づき、*Escherichia coli* JM109/p5269+C5(FERM BP-7281)として、独立行政法人 産業技術総合研究所 特許生物寄託センター：日本国茨城県つくば市東1丁目1番地1中央第6（旧：工業技術院生命工学工業技術研究所：日本国茨城県つくば市東1丁目1番3号）に、平成12年8月25日付で寄託されている。

連結した塩基配列は配列番号2記載の塩基配列を有しており、配列番号1記載のアミノ酸配列を有する新規なポリペプチドをコードしていた。

また、既知タンパク質配列データベース（GenBank等）に対して、該アミノ酸配列のSmith & Waterman検索を行なったところ、cPLA₂ファミリーの

ポリペプチドとの相同性が強く検出された。そこで、ヒトcPLA₂αアミノ酸配列(GenBank : AAA60105)、ヒトcPLA₂βアミノ酸配列(GenBank : AAC78836)を選択してアライメントを作製した。

第2図および第3図にヒトcPLA₂α配列、第4図および第5図にヒトcPLA₂β配列とのアライメント結果を示す。cPLA₂に共通したアミノ酸配列であるGXSGS配列(配列番号15)も認められた(第2図、第4図の下線部)。

実施例2 : RT-PCR法を用いた発現解析

実施例1で決定した塩基配列の情報を基に配列番号13記載の塩基配列を有する5'端側DNAプライマーと配列番号14記載の塩基配列を有する3'端側DNAプライマーを設計し、合成した。

2種類のプライマー(配列番号13および配列番号14)各々1.0 μmol/L、ヒト各組織mRNAから作製したcDNAライブラリー2 μL、各成分を200 μmol/Lずつ含有するdNTP (dATP、dGTP、dCTP、dTTP)の混合液、Taq Goldポリメラーゼ(Perkin Elmer社製)2.5単位および1×Taq Gold (Mg plus)緩衝液(Perkin Elmer社製)を含む反応溶液20 μLを用い、下記条件下でPCRを行なった。

即ち、サーマルサイクラーPTC-200(MJ リサーチ社製)を用い、95℃で10分間加熱後、94℃で1分間、60℃で1分間の工程を1サイクルとして35サイクル行い、更に72℃で8分間加熱した。

得られたPCR反応液より7 μLを分取し、アガロースゲル電気泳動により、予想される約0.6kbのDNA断片の増幅を確認した。腎臓、肺、前立腺、胸腺、甲状腺、気管、子宮で強い発現が認められた。電気泳動結果を第6図に示す。

実施例3 : ノーザンハイブリダイゼーションによるmRNAの発現解析

2種類のプライマー(配列番号13および配列番号14)各々0.2 μmol/L、各成分を200 μmol/Lずつ含有するdNTP (dATP、dGTP、dCTP、dTTP)の混合液、Human Kidney Marathon-Ready cDNA 2 μL、Ampli Taq Goldポリメラーゼ(Perkin Elmer社製)2.5単位および1×Taq Gold緩衝液を含む反応溶液50 μLを用い、下記条件下でPCRを行なった。

即ち、サーマルサイクラー PTC-200を用い、95℃で10分間加熱後、94℃で1分間、60℃で1分間の工程を1サイクルとして35サイクル行ない、更に72℃で8分間加熱した。

得られたPCR反応液より5 μLを分取し、アガロースゲル電気泳動により約0.6kbのDNA断片が増幅されたことを確認後、QIAEX II Gel Extraction Kit (QIAGEN社製)を用いて添付のマニュアルに従ってDNA断片を精製した。

得られたDNA断片50ngとpT7Blue T-Vector 50ngとをDNA Ligation Kit (宝酒造社製)を用いてマニュアルに従って結合し、組換えプラスミドDNAを得た。得られた組換えプラスミドDNAを用いて大腸菌J M109株を形質転換し、常法によりノーザン解析プローブ作製用プラスミドp600-Nを調製した。該プラスミドの構築過程および制限酵素地図を第7図に示す。

調製したプラスミドp400-N 10 μ gを10mmol/L トリスー塩酸 (pH7.5) 10mmol/L 塩化マグネシウム、50mmol/L 塩化ナトリウム、1mmol/L DTTからなる緩衝液50 μ Lに溶解し、30単位のBamHI(宝酒造社製)を加え、37°Cで6時間消化反応を行なった。該反応液に対してフェノールクロロホルム抽出、エタノール沈殿を行ない、DNA断片を回収した。

該DNA断片の1 μ gを、40mmol/L トリスー塩酸 (pH8.0)、6mmol/L 塩化マグネシウム、2mmol/L スペルミジン、10mmol/L DTT、1mmol/L ATP、1mmol/L CTP、1mmol/L GTP、0.65mmol/L UTP、0.35mmol/L ディゴキシゲニン-11-UTPを含む緩衝液50 μ Lに溶解し、40単位のT7 RNAポリメラーゼ (Boehringer Mannheim社製) を添加し、37°Cで2時間in vitro転写反応を行なった。

反応後、得られた反応液より、エタノール沈殿によりディゴキシゲニン標識cRNAプローブを回収した。

該プローブを用いて、ヒト心臓、脳、胎盤、肺、肝臓、骨格筋、腎臓、脾臓のpoly(A)⁺ RNAフィルター〔Human Multiple Tissue Northern Blotsのフィルター (Clontech)社製〕に対して、以下に示す方法に従いノーザンハイブリダイゼーションを行なった。

各臓器のpoly(A)⁺ RNAフィルターを、50%ホルムアミド、5倍濃度のSSC (1倍濃度のSSCの組成は、150mmol/L 塩化ナトリウムおよび15mmol/L クエン酸ナトリウムよりなる)、0.5% ドデシル硫酸ナトリウム (以下、SDSと略記する)、2% ブロッキング試薬 (Boehringer Mannheim社製)、0.1mg/mL サケ精子DNAを含む緩衝液 (以下、ハイブリダイゼーションバッファーと略記する) 中に浸漬し、70°Cで2時間プレハイブリダイゼーションを行なった。

該フィルターを、上述のディゴキシゲニン標識cRNAプローブが1 μ g/mLの濃度で溶解しているハイブリダイゼーションバッファーに浸漬し、70°Cで15時間ハイブリダイゼーションを行なった。

該フィルターを2倍濃度のSSC、0.1% SDSよりなる緩衝液中で70°C、10分間浸漬する条件で1回、0.2倍濃度のSSC、0.1% SDSよりなる緩衝液中で70°C、30分間浸漬する条件で3回洗浄した。

該フィルターを100mmol/L マレイン酸 (pH7.5)、150mmol/L 塩化ナトリウムよりなる緩衝液 (以下、DIG I緩衝液と略記する) 中で室温、15分間

浸漬する条件で2回洗浄し、SDSを除去した。

該フィルターを100mmol/L マレイン酸 (pH7.5)、150mmol/L 塩化ナトリウム、1% ブロッキング試薬よりなる緩衝液 (以下、DIG II緩衝液と略記する) に浸漬し、1時間室温にてブロッキングを行なった。

該フィルターを、DIG II緩衝液で10000倍に希釈したアルカリホスファターゼ標識抗ディゴキシゲニン抗体Fabフラグメント (Boehringer Mannheim社製) 溶液中に浸漬し、室温で30分間抗原抗体反応を行なった。

該フィルターをDIG I緩衝液で室温、30分間浸漬する条件で3回洗浄し、余分な抗体を除去した後、100mmol/L トリシュー塩酸 (pH9.0)、100mmol/L 塩化ナトリウム、50mmol/L 塩化マグネシウムからなる緩衝液 (以下、DIG III緩衝液と略記する) に5分間浸漬し平衡化した。

該フィルターを、DIG III緩衝液で100倍に希釈した発光基質CDP-Star (Boehringer Mannheim社製) 溶液中に室温で15分間浸漬し、シグナルを発光させ、CCDカメラ (富士写真フィルム社製) で検出した。

結果を第8図に示す。腎臓、肺において約3.5キロヌクレオチドおよび6キロヌクレオチドのバンドが認められた。また、骨格筋、心臓において約3.5キロヌクレオチドのバンドが認められた。

実施例4 ヒト由来の本発明のポリペプチドの昆虫細胞を用いた発現と該ポリペプチドのホスホリパーゼA₂活性の測定

(1) バキュロウイルス作製用プラスミドの構築

上記実施例1で得られた塩基配列をもとに配列番号16および配列番号17に記載の塩基配列を有するDNAプライマーを設計し、以下の方法に従って、Flagタグを挿入したN末領域をPCR増幅した。

上記実施例1で得られたプラスミドc-hsi05269 10ng、配列番号16および配列番号17で表される塩基配列を有するプライマー各々0.3 μmol/L、各成分を300 μmol/Lずつ含有するdNTP (dATP、dGTP、dCTP、dTTP) の混合液、硫酸マグネシウム液 1mmol/L、Pfx DNA ポリメラーゼ (ライフテクノロジー社製) 混合液0.5 μLおよび1×Pfx DNAポリメラーゼ緩衝液を含む反応溶液20 μLを用い、下記条件下でPCRを行なった。

即ち、サーマルサイクラー PTC-200(MJリサーチ社)を用い、95℃で3分間加熱後、94℃で1分間、68℃で1分間の工程を1サイクルとして25サイクル行なった後、68℃で5分間の反応を行なった。得られたPCR反応液より5 μLを分取し、アガロースゲル電気泳動により約1.4kbのDNA断片が増幅されたことを確認後、QIAEX II Gel Extraction Kit (QIAGEN社製)を用いてマニュアルに従ってDNA断片を精製した。

得られたDNA断片50ngとT7Blue T-Vector(Novagen社製)50ngとをDNA

Ligation Kit Ver.2(宝酒造社製)を用いてマニュアルに従って結合し、組換えプラスミドDNAを得た。得られた組換えプラスミドDNAを用いて大腸菌 J M109株を形質転換し、常法によりプラスミド pMF2を得た。

一方、上記実施例 1 で得られた塩基配列をもとに配列番号 1 8 およびプラスミド pPL-C 中の配列番号 1 9 に記載の塩基配列を有する DNA プライマーを設計し、C 末領域を PCR により増幅した。

即ち、プラスミド pPL-C 10ng、配列番号 1 8 および配列番号 1 9 に記載の塩基配列を有するプライマー各々 0.3 μ mol/L、各成分を 300 μ mol/L ずつ含有する dNTP (dATP、dGTP、dCTP、dTTP) の混合液、硫酸マグネシウム液 1mmol/L、Pfx DNA ポリメラーゼ(ライフテクノロジー社製)混合液 0.5 μ L および 1 $\times$ Pfx DNA ポリメラーゼ緩衝液を含む反応溶液 20 μ L を用い、下記条件下で PCR を行なった。

即ち、サーマルサイクラー PTC-200(MJリサーチ社)を用い、95°C で 3 分間加熱後、94°C で 1 分間、68°C で 1 分間の工程を 1 サイクルとして 25 サイクル行なった後、68°C で 5 分間の反応を行なった。得られた PCR 反応液より 5 μ L を分取し、アガロースゲル電気泳動により約 1.5kb の DNA 断片が増幅されたことを確認後、QIAEX II Gel Extraction Kit (QIAGEN 社製)を用いてマニュアルに従って DNA 断片を精製した。

得られた DNA 断片 50ng と T7Blue T-Vector(Novagen 社製)50ng とを DNA Ligation Kit Ver.2(宝酒造社製)を用いてマニュアルに従って結合し、組換えプラスミド DNA を得た。組み換えプラスミド DNA を用いて大腸菌 J M109 株を形質転換し、常法によりプラスミド pC5PCR を得た。

プラスミド pMF2 およびプラスミド pC5PCR に含まれる DNA 断片の塩基配列は常法によって決定し、これらの挿入された DNA 断片を挿入された DNA 断片中に存在する AccI 部位を用いて下記条件で連結した。

即ち、プラスミド pMF2 2 μ g を 20mmol/L トリスー塩酸(pH8.5)、10mmol/L 塩化マグネシウム、1mmol/L DTT、100mmol/L 塩化カリウムからなる緩衝液 50 μ L に溶解し、10 単位の BamHI(宝酒造社製)を加えて 37°C で 3 時間消化反応を行なった。フェノール抽出とエタノール沈殿の後、得られた沈殿を 10mmol/L トリスー塩酸(pH7.5)、10mmol/L 塩化マグネシウム、1mmol/L DTT、50mmol/L 塩化ナトリウムからなる緩衝液 50 μ L に溶解し、10 単位の AccI(宝酒造社製)を加え、37°C で 3 時間消化反応を行なった。得られた反応液をアガロースゲル電気泳動し、QIAEX II Gel Extraction Kit(QIAGEN 社製)を用いて BamHI-AccI断片(1.3kb)を精製した。

また、プラスミド pC5PCR 2 μ g を 50mmol/L トリスー塩酸(pH7.5)、10mmol/L 塩化マグネシウム、1mmol/L DTT、100mmol/L 塩化ナトリウムからなる緩衝液 50 μ L に溶解し、10 単位の EcoRI(宝酒造社製)を加えて 37°C で 3

時間消化反応を行なった。フェノール抽出とエタノール沈殿の後、得られた沈殿を10mmol/L トリスー塩酸(pH7.5)、10mmol/L 塩化マグネシウム、1mmol/L DTT、50mmol/L 塩化ナトリウムからなる緩衝液50 μ Lに溶解し、10単位のAccI (宝酒造社製)を加え、37°Cで3時間消化反応を行なった。得られた反応液をアガロースゲル電気泳動し、QIAEX II Gel Extraction Kit(QIAGEN社製)を用いて AccI－EcoRI断片(1.4kb)を精製した。

一方、プラスミド pcDNA3.1(Invitrogen社製) 2 μ gを20mmol/L トリスー塩酸(pH8.5)、10mmol/L 塩化マグネシウム、1mmol/L DTT、100mmol/L 塩化カリウムからなる緩衝液50 μ Lに溶解し、10単位のBamHI(宝酒造社製)を加えて37°Cで3時間消化反応を行なった。フェノール抽出とエタノール沈殿の後、得られた沈殿を50mmol/L トリスー塩酸(pH7.5)、10mmol/L 塩化マグネシウム、1mmol/L DTT、100mmol/L 塩化ナトリウムからなる緩衝液50 μ Lに溶解し、10単位のEcoRI(宝酒造社製)を加え、37°Cで3時間消化反応を行なった。得られた反応液をアガロースゲル電気泳動し、QIAEX II Gel Extraction Kit(QIAGEN社製)を用いて BamHI－EcoRI断片(5.4kb)を精製した。

得られたプラスミド pMF2由来の BamHI－AccI断片(1.3kb)50ngと、プラスミド pC5PCR由来の AccI－EcoRI断片(1.4kb)50ngおよびpcDNA3.1由来の BamHI－EcoRI断片(5.4kb)50ngとをDNA Ligation Kit Ver.2(宝酒造社製)を用いてマニュアルに従って結合し、組換えプラスミドDNAを得た。得られた組換えプラスミドDNAを用いて大腸菌 J M109株を形質転換し、常法によりプラスミド pPLAH-3.1を得た。

続いて、プラスミド pPLAH-3.1 2 μ gを20mmol/L トリスー塩酸(pH8.5)、10mmol/L 塩化マグネシウム、1mmol/L DTT、100mmol/L 塩化カリウムからなる緩衝液50 μ Lに溶解し、10単位のBamHI(宝酒造社製)を加えて37°Cで3時間消化反応を行なった。得られた反応液をアガロースゲル電気泳動し、QIAEX II Gel Extraction Kit(QIAGEN社製)を用いて BamHI断片(2.7kb)を精製した。

一方、プラスミド pVL1393(PharMingen社製) 2 μ gを20mmol/L トリスー塩酸(pH8.5)、10mmol/L 塩化マグネシウム、1mmol/L DTT、100mmol/L 塩化カリウムからなる緩衝液50 μ Lに溶解し、10単位のBamHI(宝酒造社製)を加えて37°Cで3時間消化反応を行なった。フェノール抽出とエタノール沈殿の後、得られた沈殿を50mmol/L トリスー塩酸(pH9.0)、1mmol/L 塩化マグネシウムからなる緩衝液30 μ L中に溶解し、0.5単位のアルカリホスファターゼ (宝酒造社製 ; *E. coli* C75由来)を加えて、60°Cで30分間脱リン酸化反応を行なった。得られた反応液をアガロースゲル電気泳動し、QIAEX II Gel Extraction Kit(QIAGEN社製)を用いて BamHI-アルカリホスファターゼ処理済み断片(9.6kb)を精製した。上記で回収したプラスミド pPLAH-3.1由来の

BamHI断片(2.7kb)50ngと、プラスミドpVL1393由来のBamHI-アルカリホスファターゼ処理済み断片(9.6kb)50ngとをDNA Ligation Kit Ver.2(宝酒造社製)を用いてマニュアルに従って結合し、組換えプラスミドDNAを得た。得られた組換えプラスミドDNAを用いて大腸菌JM109株を形質転換し、常法によりプラスミドpPLAH-1393を得た。該プラスミドの構築過程および制限酵素地図を第9図に示す。

(2) 組み換えバキュロウイルスの作製

ウイルスの作製方法はバキュロウイルス発現ベクターシステムマニュアル(PharMingen社製)に記載されている方法に従って行なった。

即ち、 2×10^6 個のSf9細胞を直径6cmシャーレに播種し、接着後、無血清培地(Sf-900ISFM、ライフテック社より購入)に交換した。上記(1)で作製したプラスミドpPLAH-1393またはpVL1393 5 μ g、Linealized Baculogold DNA(PharMingen社製)15ng、リボフェクチン液(ライフテクノロジー社製)6ngを含むDNAリボフェクチン混合液24 μ Lを、上記の無血清培地の入ったシャーレに均一になるように添加し27°Cで4日間培養した。血清入りの培地(Esf921、旭テクノグラス社より購入)を2mL添加し、さらに27°Cで3日間培養した。細胞を回収後、800rpm、5分間遠心分離して上清を得た。得られた上清を、接着させたSf9細胞に添加し、27°Cで3日間培養した。細胞を回収後、800rpm、5分間遠心分離してウイルスを含有する上清を得た。

(3) 発現昆虫細胞可溶性画分の調製

1.5×10^6 個/mLの浮遊Sf9細胞28mLに上記(2)で回収したウイルスを含有する上清 2mLを添加し浮遊状態で27°Cにて4日間培養した。800rpm、5分間の遠心分離により細胞を回収し、phosphate-buffered saline(PBS)にて細胞を洗浄した。25mmol/L トリシュー塩酸(pH 7.5)、140mmol/L 塩化ナトリウム、5mmol/L 塩化カリウム、2mmol/L EDTA、1 $\times$ complete、EDTA-free(ペーリンガーマンハイム社製)からなる緩衝液に得られた細胞を懸濁し、超音波破碎機を用い氷上で細胞を破壊した。上記抽出液を15,000rpmで15分間遠心分離し、上清をPLA₂活性の測定に用いた。

(4) PLA₂活性の測定

1 - パルミトイル - 2 - [1 - ¹⁴C] アラキドニル - ホスファチジルコリン(48mCi/mmol、第一化学薬品社製)(2 μ mol/L)および上記で得られた上清を含有する100 μ Lの反応液[100mmol/Lトリシュー塩酸(pH7.5)、4mmol/L塩化カルシウム、1mg/mL牛血清アルブミン(実質的に脂肪酸を含まない。シグマ社製)、8 μ mol/LトリトンX-100]を37°Cで2時間インキュベートした後、ドール試薬(2 - プロパノール/ヘプタン/硫酸を78:20:2の割合で含む)を添加して反応を停止した。さらにヘプタン0.3mLおよび水0.2mLを加え、旋回して混合した。得られた混合物を3,000rpmで5分間遠

心分離し、得られた上層のうち0.32mLをシリカゲル (Silica gel 60、メルク社製) 40mgを含有するチューブに移し、さらにヘプタン0.3mLを添加した。そのチューブを旋回して混合した後、3,000rpmで5分間遠心分離した。得られた上清のうち400 μ Lを、ウルチマゴールド (Packard社製) 3mLを入れたシンチレーションバイアルに移し、液体シンチレーションカウンター (Beckman LS6500)を用いて放射活性を測定した。ポリペプチドの量は、Bio Rad Protein Assay法を用いて定量した。コントロールとしてプラスミド pVL1393から作製したウイルスを導入した昆虫細胞の可溶性画分を用いた。結果を第10図に示す。

第10図に示された結果から、上記実施例1で得られたヒト由来の本発明のポリペプチドは、1 - パルミトイル - 2 - アラキドニル - ホスファチルコリンの sn - 2位のエステル結合を加水分解するPLA₂活性を有することが示された。

実施例5 マウス由来の本発明のポリペプチドをコードするDNAのクローニング

上記実施例4でPLA₂活性を有することが示されたヒト由来の本発明のポリペプチドをコードするDNAの塩基配列情報を基にプラスサーチ相同性検索ソフトウェアを用いて解析し、相同性の認められるEST配列 (Genbank ACCESSION BF299949)を見出した。該クローンを入手 (コスモバイオ社) し、全塩基配列を決定した結果、プラスミド pBF299949には配列番号4に記載の塩基配列と高い相同性を有する塩基配列を有するcDNAが含まれていることがわかった。

該塩基配列情報をもとに配列番号20および配列番号21に記載の塩基配列を有するDNAプライマーを設計し、Mouse Lung Marathon-Ready cDNAキット (Clontech社製)を用いて、以下に示す方法によりN末領域をPCRで増幅した。

即ち、Mouse Lung Marathon-Ready cDNA 2 μ L、配列番号20に記載の塩基配列を有するプライマーおよびAP1(キットに添付)のプライマー各々0.2 μ mol/L、各成分を200 μ mol/Lずつ含有するdNTP (dATP、dGTP、dCTP、dTTP)の混合液、Advantage 2 ポリメラーゼ混合液 (Clontech社製) 0.5 μ Lおよび1 $\times$ Advantage 2 PCR緩衝液を含む反応溶液20 μ Lを用い、下記条件下でPCRを行なった。

即ち、サーマルサイクラー PTC-200 (MJリサーチ社)を用い、95 $^{\circ}$ Cで3分間加熱後、94 $^{\circ}$ Cで15秒間、72 $^{\circ}$ Cで4分間の工程を1サイクルとして5サイクル、94 $^{\circ}$ Cで15秒間、70 $^{\circ}$ Cで4分間の工程を1サイクルとして5サイクル、94 $^{\circ}$ Cで15秒間、68 $^{\circ}$ Cで4分間の工程を1サイクルとして20サイクル行なった。続いて、

得られたPCR反応液の100倍希釈液5 μ L、配列番号21記載の塩基配列を有するプライマーおよびAP2(キットに添付)のプライマー各々0.2 μ mol/L、各成分を200 μ mol/Lずつ含有するdNTP (dATP、dGTP、dCTP、dTTP) の混合液、Advantage 2 ポリメラーゼ混合液 1 μ Lおよび1 $\times$ Advantage 2 PCR緩衝液を含む反応溶液50 μ Lを用い、下記条件下でPCRを行なった。

即ち、サーマルサイクラー PTC-200を用い、95 $^{\circ}$ Cで3分間加熱後、94 $^{\circ}$ Cで15秒間、68 $^{\circ}$ Cで3分間の工程を1サイクルとして25サイクル行なった。得られたPCR反応液より5 μ Lを分取し、アガロースゲル電気泳動により約0.3kbのDNA断片が増幅されたことを確認後、QIAEX II Gel Extraction Kit (QIAGEN社製)を用いてマニュアルに従ってDNA断片を精製した。

得られたDNA断片50ngとT7Blue T-Vector(Novagen社製)50ngとをDNA Ligation Kit Ver.2(宝酒造社製)を用いてマニュアルに従って結合し、組換えプラスミドDNAを得た。得られた組換えプラスミドDNAを用いて大腸菌J M109株を形質転換し、常法によりプラスミドp432-3を得た。

得られたプラスミドp432-3に含まれるDNA断片の塩基配列を常法によって決定したところ、挿入されているDNA断片はプラスミドpBF299949と連結可能であることが判明した。挿入されているDNA断片の塩基配列を配列番号23に示した。該塩基配列によりコードされる新規ポリペプチドのアミノ酸配列を配列番号22示す。

該アミノ酸配列を、解析プログラム[GENETYX WIN ver.2.1(ソフトウェア社製)]を用いてヒト由来の本発明のポリペプチドのアミノ酸配列と比較したところ、72.6%の一致が認められた。

アライメント解析の結果を第11図～第13図に示す。第12図は第11図の続きであり、第13図は第12図の続きである。

実施例6 ラット由来の本発明のポリペプチドをコードするDNAのcDNA断片のクローン化

ヒト由来の本発明のポリペプチドのアミノ酸配列情報を用いて2つの合成プライマーの混合物を作製した。

一方の合成プライマーの混合物は、配列番号24に示される塩基配列において3番目、6番目および7番目の塩基がcまたはt、9番目および15番目の塩基がa、c、gまたはt、12番目の塩基がaまたはgである塩基配列を有するプライマーの混合物、他方のプライマーの混合物は配列番号25に示される塩基配列において1番目の塩基がcまたはt、7番目の塩基がa、c、gまたはt、4番目、10番目および13番目の塩基がaまたはgである塩基配列を有するプライマーの混合物である。

該2つのプライマーの混合物各々1.0 μ mol/L、ラット肺由来mRNAから作

製したcDNA 2 μ L、各成分を200 μ mol/Lずつ含有するdNTP (dATP、dGTP、dCTP、dTTP) の混合液、Taq Gold (パーキンエルマー社製)2.5単位および1 $\times$ Taq Gold (Mg plus) 緩衝液(Perkin Elmer社製)を含む反応溶液50 μ Lを用い、下記条件下でPCRを行なった。

即ち、サーマルサイクラー PTC-200(MJリサーチ社製)を用い、95 $^{\circ}$ Cで10分間加熱後、94 $^{\circ}$ Cで1分間、60 $^{\circ}$ Cで1分間の工程を1サイクルとして35サイクル行い、更に72 $^{\circ}$ Cで8分間加熱した。

得られたPCR反応液より5 μ Lを分取し、アガロースゲル電気泳動により予想される約0.8kbのDNA断片が増幅されたことを確認後、QIAEX II Gel Extraction Kit(QIAGEN社製)を用いてマニュアルに従ってDNA断片を回収した。

上記で回収したDNA断片50ngとpT7Blue(R)T-Vector(Novagen社製)50ngとをDNA ligation kit Ver.2(宝酒造社製)を用いてマニュアルに従って結合し、組換えプラスミドDNAを得た。得られた組換えプラスミドDNAを用いて大腸菌JM109株を形質転換し、常法によりプラスミドpRp11-2を得た。全塩基配列を決定した結果、プラスミドpRp11-2には配列番号27に記載の塩基配列を有する約0.8kbのcDNAが含まれていた。該塩基配列によりコードされるポリペプチドのアミノ酸配列を配列番号26に示す。該アミノ酸配列を、解析プログラム[GENETYX WIN ver.2.1(ソフトウェア社製)]を用いてヒト由来の本発明のポリペプチドのアミノ酸配列と比較したところ、72.8%の一致が認められた。アライメント解析結果を第14図に示す。

実施例7 RT-PCR法を用いた発現解析

上記実施例5で決定したマウス由来の本発明のポリペプチドをコードするDNAの塩基配列を基に配列番号28に記載の塩基配列を有する5'端側DNAプライマーと配列番号29に記載の塩基配列を有する3'端側DNAプライマーを設計し、合成した。また上記実施例6で決定したラット由来の本発明のポリペプチドをコードするDNAの塩基配列を基に配列番号30に記載の塩基配列を有する5'端側DNAプライマーと配列番号31に記載の塩基配列を有する3'端側DNAプライマーを設計し、合成した。同様にcPLA₂ α の発現について解析するため、マウスcPLA₂ α の塩基配列情報(GenBank NM#008869)を基に配列番号32に記載の塩基配列を有する5'端側DNAプライマーと配列番号33に記載の塩基配列を有する3'端側DNAプライマーを設計し、合成した。また、ラットcPLA₂ α の塩基配列情報(GenBank U38376)を基に配列番号34に記載の塩基配列を有する5'端側DNAプライマーと配列番号35に記載の塩基配列を有する3'端側DNAプライマーを設計し、合成した。

コントロールとしてグリセルアルデヒド 3-ホスフェートデヒドロゲナーゼ（以下、G3PDHと略記する）の発現を確認するため、マウスとラットのG3PDHの塩基配列情報(GenBank M32599、M17701)を基に配列番号 36 に記載の塩基配列を有する 5'端側DNAプライマーと配列番号 37 に記載の塩基配列を有する 3'端側DNAプライマーを設計し、合成した。

2種類の組み合わせのプライマー(配列番号 28 と配列番号 29、配列番号 30 と配列番号 31、配列番号 32 と配列番号 33、配列番号 34 と配列番号 35 および配列番号 36 と配列番号 37 の各組み合わせ)各々 0.2 μ mol/L、マウスおよびラット各組織由来の mRNA から作製した cDNA 2 μ L、各成分を 200 μ mol/L ずつ含有する dNTP (dATP、dGTP、dCTP、dTTP) の混合液、Taq Gold ポリメラーゼ(パーキンエルマー社製)2.5 単位および 1 $\times$ Taq Gold 緩衝液 (Mg plus) を含む反応溶液 20 μ L を用い、下記条件下で PCR を行なった。

即ち、サーマルサイクラー PTC-200(MJ リサーチ社製)を用い、95°C で 10 分間加熱後、94°C で 30 秒間、60°C で 30 秒間の工程を 1 サイクルとして cPLA₂ α および本発明のポリペプチドをコードする DNA については 29 サイクル、G3PDH については 22 サイクル行い、更に 72°C で 8 分間加熱した。

得られた PCR 反応液より 10 μ L を分取し、アガロースゲル電気泳動により予想される約 500bp の DNA 断片の増幅を確認した。電気泳動結果を第 15 図に示す。本発明のポリペプチドをコードする DNA については肺、皮膚での強い発現が認められた。

実施例 8 マウス由来の本発明のポリペプチドの昆虫細胞を用いた発現と該ポリペプチドの PLA₂ 活性の測定

(1) バキュロウイルス作製用プラスミドの構築

上記実施例 5 で得られたマウス由来の本発明のポリペプチドをコードする DNA の塩基配列情報をもとに配列番号 40 および配列番号 41 に記載の塩基配列を有する DNA プライマーを設計し、N 末領域を以下の方法で PCR により増幅した。

即ち、BALB/C マウス皮膚由来の RNA より合成した cDNA 2 μ L、配列番号 40 および配列番号 41 に記載の塩基配列を有するプライマー各々 0.2 μ mol/L、各成分を 200 μ mol/L ずつ含有する dNTP (dATP、dGTP、dCTP、dTTP) の混合液、Advantage 2 polymerase 混合液(クロンテック社製)1 μ L および 1 $\times$ Advantage 2 PCR 緩衝液を含む反応溶液 50 μ L を用い、下記条件下で PCR を行なった。

即ち、サーマルサイクラー PTC-200(MJ リサーチ社)を用い、95°C で 2 分間加熱後、94°C で 30 秒間、60°C で 30 秒間、72°C で 30 秒間の工程を 1 サイクルと

して32サイクル行なった後、72℃で7分間の反応を行なった。PCR反応液をアガロースゲル電気泳動し約1.5kbのDNA断片を、QIAEX II Gel Extraction Kit (QIAGEN社製)を用いてマニュアルに従って精製した。

得られたDNA断片50ngとT7Blue T-Vector(Novagen社製)50ngとをDNA Ligation Kit Ver. 2 (宝酒造社製)を用いてマニュアルに従って結合し、組換えプラスミドDNAを得た。得られた組換えプラスミドDNAを用いて大腸菌 J M109株を形質転換し、常法によりプラスミドpN3を得た。

一方、該配列情報をもとに配列番号 4 2 および配列番号 4 3 に記載の塩基配列を有するDNAプライマーを設計し、C末領域を以下の方法でPCRにより増幅した。

即ち、BALB/Cマウス皮膚由来のRNAより合成したcDNA 2 μ L、配列番号 4 2 および配列番号 4 3 に記載の塩基配列を有するプライマー各々0.2 μ mol/L、各成分を200 μ mol/Lずつ含有するdNTP (dATP、dGTP、dCTP、dTTP) の混合液、Advantage 2 polymerase混合液(クロンテック社製)1 μ Lおよび1 $\times$ Advantage 2 PCR緩衝液を含む反応溶液50 μ Lを用い、下記条件下でPCRを行なった。

即ち、サーマルサイクラー PTC-200(MJリサーチ社)を用い、95℃で2分間加熱後、94℃で30秒間、60℃で30秒間、72℃で30秒間の工程を1サイクルとして32サイクル行なった後、72℃で7分間の反応を行なった。得られた反応液をフェノール抽出とエタノール沈殿の後、得られた沈殿を10mmol/L トリス-塩酸(pH7.5)、10mmol/L 塩化マグネシウム、1mmol/L DTTからなる緩衝液50 μ Lに溶解し、10単位のApa I およびDra I (宝酒造社製)を加え、37℃で3時間消化反応を行なった。得られた反応液をアガロースゲル電気泳動し、約1.4kbのDNA断片をQIAEX II Gel Extraction Kit(QIAGEN社製)を用いて精製した。

一方、プラスミドpBluescriptII KS(-)(STRATAGENE社製) 2 μ gを33mmol/L トリス-酢酸(pH7.9)、10mmol/L 酢酸マグネシウム、0.5mmol/L DTT、66mmol/L 酢酸カリウム、0.01% BSAからなる緩衝液50 μ Lに溶解し、10単位のSma I (宝酒造社製)を加えて30℃で3時間消化反応を行なった。フェノール抽出とエタノール沈殿の後、得られた沈殿を10mmol/Lトリス-塩酸(pH7.5)、10mmol/L 塩化マグネシウム、1mmol/L DTTからなる緩衝液30 μ Lに溶解し、10単位のApa I (宝酒造社製)を加えて37℃で3時間消化反応を行なった。得られた反応液をアガロースゲル電気泳動し、約3.0kbのDNA断片をQIAEX II Gel Extraction Kit(QIAGEN社製)を用いて精製した。

得られたC末のPCR増幅Apa I -Dra I 断片(1.4kb)50ngと、プラスミド pBluescriptII KS(-)由来のSma I -Apa I 断片(3.0kb)50ngとをDNA Ligation Kit Ver.2(宝酒造社製)を用いてマニュアルに従って結合し、組

換えプラスミドDNAを得た。得られた組換えプラスミドDNAを用いて大腸菌 JM109株を形質転換し、常法によりプラスミドpC11を得た。

プラスミドpN3およびプラスミドpC11に含まれるDNA断片の塩基配列は常法によって決定し、それぞれの挿入されているDNA断片を挿入されている断片中のSma I 部位を用いて下記条件で連結した。

即ち、プラスミドpN3 2 μ gを33mmol/L トリスー酢酸(pH7.9)、10mmol/L 酢酸マグネシウム、0.5mmol/L DTT、66mmol/L 酢酸カリウム、0.01% BSAからなる緩衝液50 μ Lに溶解し、10単位のSma I (宝酒造社製)を加えて30℃で4時間消化反応を行なった。反応液をアガロースゲル電気泳動し約1.3kbのDNA断片を、QIAEX II Gel Extraction Kit(QIAGEN社製)を用いて精製した。

一方、プラスミドpC11 2 μ gを33mmol/L トリスー酢酸(pH7.9)、10mmol/L 酢酸マグネシウム、0.5mmol/L DTT、66mmol/L 酢酸カリウム、0.01% BSAからなる緩衝液50 μ Lに溶解し、10単位のSma I (宝酒造社製)を加えて30℃で4時間消化反応を行なった。フェノール抽出とエタノール沈殿の後、得られた沈殿を50mmol/L トリスー塩酸(pH9.0)、1mmol/L 塩化マグネシウムからなる緩衝液30Mlに溶解し、0.5単位のアルカリホスファターゼ (宝酒造社製; *E. coli* C75由来)を加えて、60℃で30分間脱リン酸化反応を行なった。得られた反応液をアガロースゲル電気泳動し、QIAEX II Gel Extraction Kit(QIAGEN社製)を用いてSma I -アルカリホスファターゼ処理済み断片(4.4kb)を精製した。

得られたプラスミドpN3由来のSma I 断片(1.3kb)50ngと、プラスミドpC11由来のSma I -アルカリホスファターゼ処理済み断片(4.4kb)とをDNA Ligation Kit Ver.2(宝酒造社製)を用いてマニュアルに従って結合し、組換えプラスミドDNAを得た。得られた組換えプラスミドDNAを用いて大腸菌 JM109株を形質転換し、常法によりプラスミドpN3+C11を得た。連結した塩基配列を配列番号39に示す。該塩基配列がコードするポリペプチドのアミノ酸配列を配列番号38に示す。

該アミノ酸配列を、解析プログラム[GENETYX WIN ver.2.1(ソフトウェア社製)]を用いて配列番号1に示されるアミノ酸配列を有するヒト由来の本発明のポリペプチドと配列番号22に示されるアミノ酸配列を有するマウス由来の本発明のポリペプチドと比較した。アライメント解析結果を第16図および17図に示す。

続いて、該塩基配列情報をもとに配列番号44および配列番号45に記載の塩基配列を有するDNAプライマーを設計し、Flagタグを挿入したN末領域をPCR増幅した。

即ち、プラスミドpN3 10ng、配列番号44および配列番号45に記載の塩基配列を有するプライマー各々0.2 μ mol/L、各成分を200 μ mol/Lずつ含

有するdNTP (dATP、dGTP、dCTP、dTTP) の混合液、Advantage 2 polymerase 混合液(Clontech社製)1 μ Lおよび1 $\times$ Advantage 2 PCR緩衝液を含む反応溶液50 μ Lを用い、下記条件下でPCRを行なった。

即ち、サーマルサイクラー PTC-200(MJリサーチ社)を用い、95 $^{\circ}$ Cで2分間加熱後、94 $^{\circ}$ Cで30秒間、60 $^{\circ}$ Cで30秒間の工程を1サイクルとして25サイクル行なった後、72 $^{\circ}$ Cで7分間の反応を行なった。得られたPCR反応液をアガロースゲル電気泳動し約1.1kbのDNA断片を、QIAEX II Gel Extraction Kit (QIAGEN社製)を用いてマニュアルに従って精製した。

得られたDNA断片50ngとT7Blue T-Vector(Novagen社製)50ngとをDNA Ligation Kit Ver. 2 (宝酒造社製)を用いてマニュアルに従って結合し、組換えプラスミドDNAを得た。得られた組換えプラスミドDNAを用いて大腸菌 J M109株を形質転換し、常法によりプラスミドpMF11を得た。

プラスミドpMF11に含まれるDNA断片の塩基配列を常法によって決定し、BstXI部位を用いてプラスミドpN3+C11の挿入DNA断片と下記方法で連結した。

即ち、プラスミドpMF11 2 μ gを50mmol/L トリスー塩酸(pH7.5)、10mmol/L 塩化マグネシウム、1mmol/L DTT、100mmol/L 塩化ナトリウムからなる緩衝液50 μ Lに溶解し、10単位のBstXI(宝酒造社製)を加えて37 $^{\circ}$ Cで3時間消化反応を行なった。得られた反応液をフェノール抽出とエタノール沈殿の後、得られた沈殿を33mmol/L トリスー酢酸(pH7.9)、10mmol/L 酢酸マグネシウム、0.5mmol/L DTT、66mmol/L 酢酸カリウム、0.01% BSAからなる緩衝液50 μ Lに溶解し、10単位のSmaI (宝酒造社製)を加えて30 $^{\circ}$ Cで3時間消化反応を行なった。得られた反応液をアガロースゲル電気泳動し約0.8kbのDNA断片を、QIAEX II Gel Extraction Kit(QIAGEN社製)を用いて精製した。

プラスミドpN3+C11 2 μ gを50mmol/L トリスー塩酸(pH7.5)、10mmol/L 塩化マグネシウム、1mmol/L DTT、100mmol/L 塩化ナトリウムからなる緩衝液50 μ Lに溶解し、10単位のBstXIおよびNotI (宝酒造社製)を加えて37 $^{\circ}$ Cで7時間消化反応を行なった。得られた反応液をアガロースゲル電気泳動し約1.9kbのDNA断片を、QIAEX II Gel Extraction Kit(QIAGEN社製)を用いて精製した。

一方、プラスミドpVL1393(PharMingen社製) 2 μ gを50mmol/L トリスー塩酸(pH7.5)、10mmol/L 塩化マグネシウム、1mmol/L DTT、100mmol/L 塩化ナトリウムからなる緩衝液50 μ Lに溶解し、10単位のNotI (宝酒造社製)を加えて37 $^{\circ}$ Cで3時間消化反応を行なった。フェノール抽出とエタノール沈殿の後、得られた沈殿を33mmol/L トリスー酢酸(pH7.9)、10mmol/L 酢酸マグネシウム、0.5mmol/L DTT、66mmol/L 酢酸カリウム、0.01% BSAからなる緩衝液50 μ Lに溶解し、10単位のSmaI (宝酒造社製)を加えて30 $^{\circ}$ Cで3時間消化

反応を行なった。得られた反応液をアガロースゲル電気泳動し、約9.6kbのDNA断片をQIAEX II Gel Extraction Kit(QIAGEN社製)を用いて精製した。

得られたプラスミドpMF11由来のSma I -BstXI断片(0.8kb)50ngとプラスミドpN3+C11由来のBstXI-Not I断片(1.9kb)50ngおよびpVL1393由来のSma I -Not I断片(9.6kb)50ngとをDNA Ligation Kit Ver.2(宝酒造社製)を用いてマニュアルに従って結合し、組換えプラスミドDNAを得た。得られた組換えプラスミドDNAを用いて大腸菌J M109株を形質転換し、常法によりプラスミドpmPLAH-1393を得た。該プラスミドの構築過程および制限酵素地図を第18図に示す。

(2) 組み換えバキュロウイルスの作製

ウイルスの作製はバキュロウイルス発現ベクターシステムマニュアル(PharMingen社製)に記載されている方法に従って行なった。

即ち、 2×10^6 個のSf9細胞を直径6cmシャーレに播種し、接着後、無血清培地(Sf-900 II SFM、ライフテック社製)に交換した。上記(1)で作製したプラスミドpmPLAH-1393またはpVL1393 5 μ g、Linearized Baculogold DNA(PharMingen社製)15ng、リポフェクチン液(ライフテクノロジー社製)6ngを含むDNAリポフェクチン混合液24 μ Lを、上記の無血清培地の入ったシャーレに均一になるように添加し27°Cで4日間培養した。血清入りの培地(Esf921、旭テクノガラス社製)を2mL添加し、さらに27°Cで3日間培養した。細胞を回収後、800rpm、5分間遠心分離して上清を得た。得られた上清を、接着させたSf9細胞に添加し、27°Cで3日間培養した。細胞を回収後、800rpm、5分間遠心分離してウイルスを含有する上清を得た。

(3) 昆虫細胞可溶性画分の調製

1.5×10^6 個/mLの浮遊Sf9細胞28mLに(2)で回収したウイルスを含有する上清 2mLを添加し浮遊状態で27°Cで4日間培養した。800rpm、5分間の遠心分離により細胞を回収し、PBSにて細胞を洗浄した。25mmol/L トリシュー塩酸(pH 7.5)、140mmol/L 塩化ナトリウム、5mmol/L 塩化カリウム、2mmol/L EDTA、1x complete, EDTA-free(ベーリンガーマンハイム社製)からなる緩衝液に得られた細胞を懸濁し、超音波破砕機を用い氷上で細胞を破壊した。上記抽出液を15,000rpmで15分間遠心分離し、上清をPLA₂活性の測定に用いた。

(4) PLA₂活性の測定

1 - パルミトイル - 2 - [1 - ¹⁴C]アラキドニル - ホスファチルコリン(第一化学薬品株式会社より入手。48mCi/mmol)(2 μ mol/L)および上記で得られた上清を含有する100 μ Lの反応液〔100mmol/Lトリシュー塩酸(pH 7.5)、8mmol/L塩化カルシウム、1mg/mL BSA(実質的に脂肪酸を含まない。シグマ社製)、8 μ mol/LトリトンX-100〕を37°Cで30分インキュベート

した後、ドール試薬（2 - プロパノール／ヘプタン／硫酸、78：20：2）を添加して反応を停止した。カルシウム濃度依存性の検討は、0、1、2、4、8、16mmol/Lの塩化カルシウム濃度で行なった。時間依存性の検討は、反応時間を0、2、5、10、30、60、90分とした。

さらにヘプタン0.3mLおよび水0.2mLを加え、旋回して混合した。得られた混合物を3,000rpmで5分間遠心分離し、得られた上層のうち0.32mLをシリカゲル（Silica gel 60、メルク社製）40mgを含有するチューブに移し、ヘプタン0.3mLを添加した。チューブを旋回して混合した後、3,000rpmで5分間遠心分離した。得られた上清のうち400 μ Lを、ウルチマゴールド（Packard社製）3mLを入れたシンチレーションバイアルに移し、液体シンチレーションカウンター（Beckman LS6500）を用いて放射活性を測定した。ポリペプチドの量は、Bio Rad Protein Assay法を用いて定量した。

コントロールとしてプラスミドpVL1393から作製したウイルスを導入した昆虫細胞の可溶性画分を用いた。ポリペプチド量依存性の検討結果を第19図、カルシウム濃度依存性の検討結果を第20図、反応時間の検討結果を第21図に示す。

以上の結果から、上記実施例5で得られたマウス由来の本発明のポリペプチドは1 - パルミトイル - 2 - ホスファチルコリンのs_n - 2位のエステル結合をカルシウム濃度依存的に加水分解するPLA₂活性を有することが明らかとなった。

実施例9 RT-PCR法を用いた細胞株での発現解析

ヒトcPLA₂ α の塩基配列の情報（GenBank ACCESSION M68874）を基に配列番号46に示される塩基配列を有する5'端側DNAプライマーと配列番号47に示される塩基配列を有する3'端側DNAプライマーを設計し、合成した。

2種類のプライマー（配列番号46と配列番号47）各々0.2 μ mol/L、株化されたヒト培養細胞（K-562、HL-60、Jurkat、293EBNA、DU145、PC-3、LNCaP.FGS）のRNAから作製したcDNA 2 μ L、各成分を200 μ mol/Lずつ含有するdNTP（dATP、dGTP、dCTP、dTTP）の混合液、Taq Goldポリメラーゼ（パーキンエルマー社製）2.5単位および1 $\times$ Taq Gold（Mg plus）緩衝液を含む反応溶液20 μ Lを用い、下記条件下でヒトcPLA₂ α cDNA断片のPCR増幅を行なった。

即ち、サーマルサイクラーPTC-200（MJリサーチ社製）を用い、95℃で10分間加熱後、94℃で30秒間、60℃で30秒間の工程を1サイクルとして30サイクル行ない、更に72℃で8分間加熱した。

得られたPCR反応液より10 μ Lを分取し、アガロースゲル電気泳動により予想される約0.6kbのDNA断片の増幅を確認した。

同様にヒト由来の本発明のポリペプチドをコードするDNAのcDNA断片のPCR増幅を行なった。即ち、2種類のプライマー(配列番号13と配列番号14)各々 $0.2\mu\text{mol/L}$ 、株化されたヒト培養細胞(K-562、HL-60、Jurkat、293EBNA、DU145、PC-3、LNCaP.FGS)のRNAから作製したcDNA $2\mu\text{L}$ 、各成分を $200\mu\text{mol/L}$ ずつ含有するdNTP (dATP、dGTP、dCTP、dTTP)の混合液、Taq Goldポリメラーゼ(パーキンエルマー社製)2.5単位および1×Taq Gold (Mg plus)緩衝液を含む反応溶液 $20\mu\text{L}$ を用い、 95°C で10分間加熱後、 94°C で30秒間、 60°C で30秒間の工程を1サイクルとして30サイクル行ない、更に 72°C で8分間加熱した。

得られたPCR反応液より $10\mu\text{L}$ を分取し、アガロースゲル電気泳動により予想される約0.6kbのDNA断片の増幅を確認した。

コントロールとして、G3PDH cDNA断片のPCR増幅を行なった。即ち、2種類のプライマー(配列番号36と配列番号37)各々 $0.2\mu\text{mol/L}$ 、株化されたヒト培養細胞(K-562、HL-60、Jurkat、293EBNA、DU145、PC-3、LNCaP.FGS)のRNAから作製したcDNA $2\mu\text{L}$ 、各成分を $200\mu\text{mol/L}$ ずつ含有するdNTP

(dATP、dGTP、dCTP、dTTP)の混合液、Taq Goldポリメラーゼ(パーキンエルマー社製)2.5単位および1×Taq Gold (Mg plus)緩衝液を含む反応溶液 $20\mu\text{L}$ を用い、 95°C で10分間加熱後、 94°C で30秒間、 60°C で30秒間の工程を1サイクルとして21サイクル行ない、更に 72°C で8分間加熱した。

得られたPCR反応液より $10\mu\text{L}$ を分取し、アガロースゲル電気泳動により予想される約0.5kbのDNA断片の増幅を確認した。

ヒト由来の本発明のポリペプチドはPC-3およびLNCaP.FGS細胞でmRNAの発現が認められた。電気泳動の結果を第22図に示す。

実施例10 ノーザンハイブリダイゼーションによるヒト由来の本発明のポリペプチドのヒト胎児組織での発現の解析

実施例3で作製したディゴキシゲニン標識cRNAプローブを用いて、実施例3と同様の方法でヒト胎児心臓、腎臓、皮膚、小腸および成人肺のpoly(A)⁺RNAフィルター[Human Fetal Normal Tissue mRNA Northern Blot II (Biochain社製)]に対してノーザンハイブリダイゼーションを行なった。

結果を第23図に示す。胎児腎、皮膚および成人肺において約3.5キロヌクレオチドおよび6キロヌクレオチドのバンドが認められた。

産業上の利用可能性

本発明により得られる新規ホスホリパーゼA₂ポリペプチドのDNAを用いることにより、喘息、虚血性疾患、関節炎、リウマチ、敗血症、皮膚の炎症、動脈硬化、痛み、パーキンソン氏病、アルツハイマー病、悪性腫

瘍、腎炎、糖尿病、虚血再灌流障害の疾患の診断、予防、治療ができる。

配列表フリーテキスト

配列番号 5－人工配列の説明：合成 R N A
配列番号 6－人工配列の説明：合成 D N A
配列番号 7－人工配列の説明：合成 D N A
配列番号 8－人工配列の説明：合成 D N A
配列番号 9－人工配列の説明：合成 D N A
配列番号 10－人工配列の説明：合成 D N A
配列番号 11－人工配列の説明：合成 D N A
配列番号 12－人工配列の説明：合成 D N A
配列番号 13－人工配列の説明：合成 D N A
配列番号 14－人工配列の説明：合成 D N A
配列番号 16－人工配列の説明：合成 D N A
配列番号 17－人工配列の説明：合成 D N A
配列番号 18－人工配列の説明：合成 D N A
配列番号 19－人工配列の説明：合成 D N A
配列番号 20－人工配列の説明：合成 D N A
配列番号 21－人工配列の説明：合成 D N A
配列番号 24－人工配列の説明：合成 D N A
配列番号 25－人工配列の説明：合成 D N A
配列番号 28－人工配列の説明：合成 D N A
配列番号 29－人工配列の説明：合成 D N A
配列番号 30－人工配列の説明：合成 D N A
配列番号 31－人工配列の説明：合成 D N A
配列番号 32－人工配列の説明：合成 D N A
配列番号 33－人工配列の説明：合成 D N A
配列番号 34－人工配列の説明：合成 D N A
配列番号 35－人工配列の説明：合成 D N A
配列番号 36－人工配列の説明：合成 D N A
配列番号 37－人工配列の説明：合成 D N A
配列番号 40－人工配列の説明：合成 D N A
配列番号 41－人工配列の説明：合成 D N A
配列番号 42－人工配列の説明：合成 D N A
配列番号 43－人工配列の説明：合成 D N A
配列番号 44－人工配列の説明：合成 D N A

配列番号 4 5 - 人工配列の説明：合成 D N A

配列番号 4 6 - 人工配列の説明：合成 D N A

配列番号 4 7 - 人工配列の説明：合成 D N A

請求の範囲

1. 配列番号 1、22、26 および 38 記載のアミノ酸配列からなる群より選ばれるアミノ酸配列を有するポリペプチド。
2. 配列番号 1、22、26 および 38 記載のアミノ酸配列からなる群より選ばれるアミノ酸配列において 1 以上のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつホスホリパーゼ A₂活性を有するポリペプチド。
3. 配列番号 1、22、26 および 38 記載のアミノ酸配列からなる群より選ばれるアミノ酸配列と 60 % 以上の相同性を有するアミノ酸配列からなり、かつホスホリパーゼ A₂活性を有するポリペプチド。
4. 請求項 1～3 いずれか 1 項に記載のポリペプチドをコードする DNA。
5. 配列番号 2、23、27 および 39 記載の塩基配列からなる群より選ばれる塩基配列を有する DNA。
6. 配列番号 2、23、27 および 39 記載の塩基配列からなる群より選ばれる塩基配列の相補配列からなる DNA とストリンジェントな条件下でハイブリダイズする DNA であり、かつホスホリパーゼ A₂活性を有するポリペプチドをコードする DNA。
7. 請求項 4～6 いずれか 1 項に記載の DNA を含む組換えベクター。
8. 請求項 7 記載の組換えベクターを保有する形質転換体。
9. 形質転換体が、微生物、動物細胞、植物細胞および昆虫細胞からなる群から選ばれる形質転換体である、請求項 8 記載の形質転換体。
10. 微生物が、Escherichia 属に属する微生物である、請求項 9 記載の形質転換体。
11. 微生物が、Escherichia coli JM109/p5269+C5(FERM BP-7281) である、請求項 9 記載の形質転換体。
12. 請求項 8～11 いずれか 1 項に記載の形質転換体を培地に培養し、培養物中にホスホリパーゼ A₂活性を有するポリペプチドを生成蓄積させ、該培養物から該ポリペプチドを採取することを特徴とする、ホスホリパーゼ A₂活性を有するポリペプチドの製造方法。
13. 請求項 4～6 いずれか 1 項に記載の DNA の塩基配列中の連続した 5～60 塩基と同じ配列を有するセンスオリゴヌクレオチド、該センスオリゴヌクレオチドと相補的な配列を有するアンチセンスオリゴヌクレオチド、およびこれらセンスまたはアンチセンスオリゴヌクレオチドのオリゴヌクレオチド誘導体からなる群から選ばれるオリゴヌクレオチド。
14. 配列番号 13、14、28、29、30、31、46 および 47

記載の塩基配列からなる群より選ばれる塩基配列からなるオリゴヌクレオチド。

15. オリゴヌクレオチド誘導体が、オリゴヌクレオチド中のリン酸ジエステル結合がホスホロチオエート結合に変換されたオリゴヌクレオチド誘導体、オリゴヌクレオチド中のリン酸ジエステル結合がN 3' - P 5' ホスホアミデート結合に変換されたオリゴヌクレオチド誘導体、オリゴヌクレオチド中のリボースとリン酸ジエステル結合がペプチド核酸結合に変換されたオリゴヌクレオチド誘導体、オリゴヌクレオチド中のウラシルがC - 5 プロピニルウラシルで置換されたオリゴヌクレオチド誘導体、オリゴヌクレオチド中のウラシルがC - 5 チアゾールウラシルで置換されたオリゴヌクレオチド誘導体、オリゴヌクレオチド中のシトシンがC - 5 プロピニルシトシンで置換されたオリゴヌクレオチド誘導体、オリゴヌクレオチド中のシトシンがフェノキサジン修飾シトシン (phenoxazine-modified cytosine) で置換されたオリゴヌクレオチド誘導体、DNA 中のリボースが2' - O - プロピルリボースで置換されたオリゴヌクレオチド誘導体およびオリゴヌクレオチド中のリボースが2' - メトキシエトキシリボースで置換されたオリゴヌクレオチド誘導体からなる群から選ばれるオリゴヌクレオチド誘導体である、請求項 13 に記載のオリゴヌクレオチド。

16. 請求項 13 ~ 15 いずれか 1 項に記載のオリゴヌクレオチドを用いることを特徴とする、請求項 1 ~ 3 いずれか 1 項に記載のポリペプチドをコードする mRNA を検出する方法。

17. 請求項 13 ~ 15 いずれか 1 項に記載のオリゴヌクレオチドを用いることを特徴とする、請求項 1 ~ 3 いずれか 1 項に記載のポリペプチドの発現を抑制する方法。

18. 請求項 1 ~ 3 いずれか 1 項に記載のポリペプチドを認識する抗体。

19. 請求項 18 記載の抗体を用いることを特徴とする、請求項 1 ~ 3 いずれか 1 項に記載のポリペプチドの免疫学的検出法。

20. 請求項 18 記載の抗体を用いることを特徴とする、請求項 1 ~ 3 いずれか 1 項に記載のポリペプチドの免疫組織染色法。

21. 請求項 18 記載の抗体を含有する免疫組織染色剤。

22. 請求項 1 ~ 3 いずれか 1 項に記載のポリペプチドと被験試料とを接触させ、該ポリペプチドの有するホスホリパーゼ A₂ 活性を測定することを特徴とする、該ポリペプチドの有するホスホリパーゼ A₂ 活性を変動させる化合物のスクリーニング方法。

23. 請求項 1 ~ 3 いずれか 1 項に記載のポリペプチドを発現する細胞と被験試料とを接触させ、該ポリペプチドの発現量を検出することを特

徴とする、該ポリペプチドの発現量を変動させる化合物のスクリーニング方法。

24. 該ポリペプチドの発現量の検出が、請求項 16 記載の方法を用いる請求項 1～3 いずれか 1 項に記載のポリペプチドをコードする mRNA の検出である、請求項 23 記載のスクリーニング方法。

25. 該ポリペプチドの発現量の検出が、請求項 19 に記載の方法を用いるポリペプチドの検出である、請求項 23 記載のスクリーニング方法。

26. 請求項 1～3 いずれか 1 項に記載のポリペプチドの有するホスホリパーゼ A₂ 活性の変動が、該ポリペプチドの有するホスホリパーゼ A₂ 活性の向上である、請求項 22 記載のスクリーニング方法。

27. 請求項 1～3 いずれか 1 項に記載のポリペプチドの有するホスホリパーゼ A₂ 活性の変動が、該ポリペプチドの有するホスホリパーゼ A₂ 活性の減少である、請求項 22 記載のスクリーニング方法。

28. 請求項 1～3 いずれか 1 項に記載のポリペプチドの発現の変動が、該ポリペプチドの発現量の向上である、請求項 23～25 いずれか 1 項に記載のスクリーニング方法。

29. 請求項 1～3 いずれか 1 項に記載のポリペプチドの発現の変動が、該ポリペプチドの発現量の減少である、請求項 23～25 いずれか 1 項に記載のスクリーニング方法。

30. 請求項 22～29 いずれか 1 項に記載の方法により得られる化合物。

31. 請求項 1～3 いずれか 1 項に記載のポリペプチドをコードする DNA の転写を制御するプロモーター DNA。

32. 請求項 31 記載のプロモーター DNA および該プロモーター DNA の下流に連結させたレポーター遺伝子を含むプラスミドを保有する形質転換体と被験試料とを接触させ、該レポーター遺伝子の翻訳産物含量を測定することを特徴とする、請求項 1～3 いずれか 1 項に記載のポリペプチドをコードする DNA の転写効率を変動させる化合物のスクリーニング方法。

33. レポーター遺伝子が、クロラムフェニコール・アセチルトランスフェラーゼ遺伝子、 β -ガラクトシダーゼ遺伝子、ルシフェラーゼ遺伝子、 β -グルクロニダーゼ遺伝子、エクオリン遺伝子およびグリーン・フルオレッセント・プロテイン遺伝子からなる群から選ばれる遺伝子である、請求項 32 記載のスクリーニング方法。

34. 請求項 1～3 いずれか 1 項に記載のポリペプチドをコードする DNA の転写効率の変動が、該 DNA の転写効率の向上である、請求項 32 または 33 記載の方法。

35. 請求項 1 ～ 3 いずれか 1 項に記載のポリペプチドをコードする DNA の転写効率の変動が、該 DNA の転写効率の減少である、請求項 3 2 または 3 3 記載の方法。

36. 請求項 3 2 ～ 3 5 記載の方法により得られる化合物。

37. 請求項 1 ～ 3 いずれか 1 項に記載のポリペプチドが有するアミノ酸配列において、該ポリペプチド活性ドメイン部位の一部または全部のアミノ酸配列を欠失したポリペプチド。

38. 配列番号 3 記載のアミノ酸配列からなるポリペプチド。

39. 配列番号 3 記載のアミノ酸配列において 1 以上のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつホスホリパーゼ A₂活性を阻害する活性を有するポリペプチド。

40. 配列番号 3 記載のアミノ酸配列と 6.0 % 以上の相同性を有するアミノ酸配列からなり、かつホスホリパーゼ A₂活性を阻害する活性を有するポリペプチド。

41. 請求項 3 7 ～ 4 0 いずれか 1 項に記載のポリペプチドをコードする DNA。

42. 配列番号 4 記載の塩基配列を有する DNA。

43. 配列番号 4 記載の塩基配列の相補配列からなる DNA とストリンジェントな条件下でハイブリダイズする DNA であり、かつホスホリパーゼ A₂活性を阻害する活性を有するポリペプチドをコードする DNA。

44. 請求項 4 1 ～ 4 3 いずれか 1 項に記載の DNA を含む組換えベクター。

45. 請求項 4 4 記載の組換えベクターを保有する形質転換体。

46. 形質転換体が、微生物、動物細胞、植物細胞および昆虫細胞からなる群から選ばれる形質転換体である、請求項 4 5 記載の形質転換体。

47. 請求項 4 5 または 4 6 記載の形質転換体を培地に培養し、培養物中にホスホリパーゼ A₂活性を阻害する活性を有するポリペプチドを生成蓄積させ、該培養物から該ポリペプチドを採取することを特徴とする、ホスホリパーゼ A₂活性を阻害する活性を有するポリペプチドの製造方法。

48. 請求項 1 ～ 3 いずれか 1 項に記載のポリペプチドのホスホリパーゼ活性を変動させる化合物を有効成分とする、該ポリペプチドが関与する疾患の診断、予防または治療のための医薬。

49. 請求項 1 ～ 3 いずれか 1 項に記載のポリペプチドを有効成分として含有する、該ポリペプチドが関与する疾患の診断、予防または治療のための医薬。

50. 請求項 4 ～ 6 いずれか 1 項に記載の DNA を有効成分として含有する、請求項 1 ～ 3 いずれか 1 項に記載のポリペプチドが関与する疾患

の診断、予防または治療のための医薬。

51. 請求項 37～40 いずれか 1 項に記載のポリペプチドを有効成分として含有する、請求項 1～3 いずれか 1 項に記載のポリペプチドが関与する疾患の診断、予防または治療のための医薬。

52. 請求項 41～43 いずれか 1 項に記載の DNA を有効成分として含有する、請求項 1～3 いずれか 1 項に記載のポリペプチドが関与する疾患の診断、予防または治療のための医薬。

53. 請求項 13～15 いずれか 1 項に記載のオリゴヌクレオチドを有効成分として含有する、請求項 1～3 いずれか 1 項に記載のポリペプチドが関与する疾患の診断、予防または治療のための医薬。

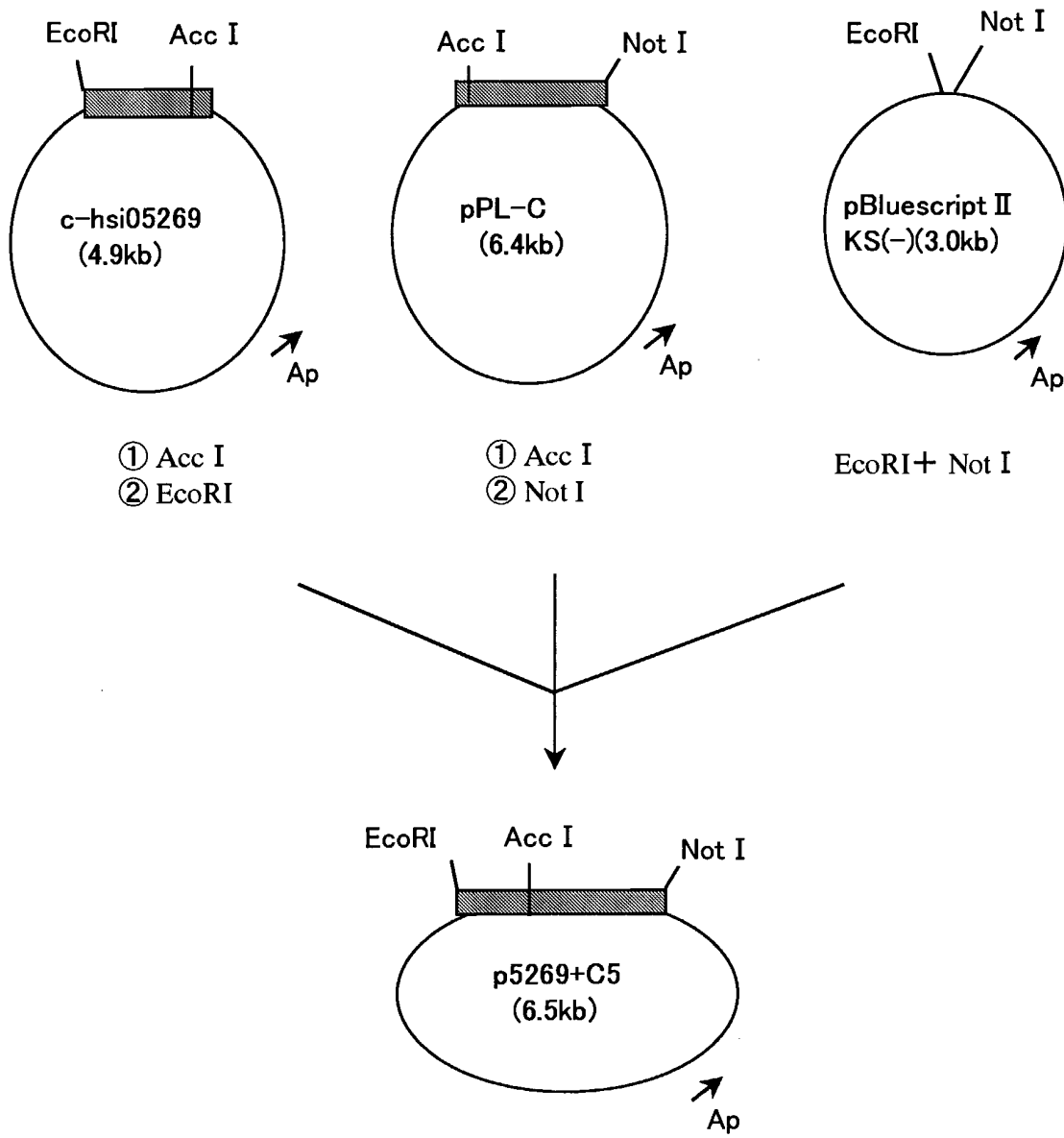
54. 請求項 18 記載の抗体を有効成分として含有する、請求項 1～3 いずれか 1 項に記載のポリペプチドが関与する疾患の診断、予防または治療のための医薬。

55. 請求項 30 または 36 記載の化合物を有効成分として含有する、請求項 1～3 いずれか 1 項に記載のポリペプチドが関与する疾患の診断、予防または治療のための医薬。

56. 該ポリペプチドが関与する疾患が、喘息、虚血性疾患、関節炎、リウマチ、敗血症、皮膚の炎症、動脈硬化、痛み、パーキンソン氏病、アルツハイマー病、悪性腫瘍、腎炎、糖尿病または虚血再灌流障害の予防または治療のための医薬である、請求項 48～55 いずれか 1 項に記載の医薬。

57. 請求項 28 または 34 記載の方法により得られる化合物を有効成分として含有する、糖尿病の診断、予防または治療のための医薬。

1/21



第1図

2/21

1121' GSDQLSLLFDLRSCLKGQPHKHTFPLNHQDSQELQVEFVLEKSQVPASEVITNGVLVAH

1" MSFIDPYQHIIIV

181' PCLRIQ̄GTLRGDGTAPREYGSQ̄QLAVPGAYEKQ̄LLPLQ̄PPTEPGLPPTFTFFHVNPV

13" EHOYSHKFTVVVLRA TKVTKGAFGDM LDT PDPY--VELFISTTPDSRKRTRHFNNNDINPV

241' LSSRLHVELMELLA VQGPSTELE-AQTSKLGEGGILLSSPLGQEEQCSVALGEGQEV

71" WNETFEILDPNQENVLEITLMDANYVMDETLGTATFTVSSMKVGEKKEVPFFIFNOVTEM

ALSMKVEMSSGDLRLGLDSDGEQEFDRRKQVVKALQQVLG--LSEALDSG-QVPV

1131" VLEMSLEVCSCP-DLRFSMALCDOEKTFRQORKEHIRESMKKLLGPKNSEGLHSARDVPV

357' VAVLGSGGTRAMSSLYGSLAGLQELGLDVTYLSGVSGSTWCISTLYRDPAWSQVALQ

190" VAILGGGFRAMVGFSGVMKALYESGILDCATYVAGLSGSTMSTLYSHPDFPEKGPE

417' GPIERAQVHVCSSKMGALSTERLQYYTQELGVRERSGHSVSLIDLWGLLVEYLLYQEEENP

* * . * . * . * . * . * . * . * . *

EINEELMKNVSHNPLLLTPOKVKKRYVESLWKKKSSGQPVTFTDFGMLIGETLIHNRMN

```

477' AKLSDQOEAVRQGNPYPIYTSVNVRTNLSGEDFAEWCEFTPYEVGFPKYGAYVPTLFG
    ** . . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . *
3310" TTLSSLKEKVNTAQCPPLFTCLHVKPDVSELMPADWVEFSPYEIGMAKYGTFMAPDLFG

537' SELFMRLLQLQPEPRICYLQGMWGSFATSLDEIF----LKTAGSL-SFLEWYRGSVN
    * . . . . . * . . * . * . . . . . * . . * . . * . . * . . * . .
3370" SKFFMGTVVKKYEENPLHFLMGVWGSFASILFNRLGVSGSQSRGSTMEEELEENITTKHI

592' ITDDCQKPQLHNPSRLRTRLLTPQGF-----SQAVLDIFTSRFT-SAQS
    * . . . . . * . . . . . * . . . . . * . . . . . * . . . . .
430" VSNDSSDSDDESHEPKGTENEDAGSDYQSDNQASWIHRMIMALVSDSALFNTREGRAKV

636' FNFTRGLCLHKDY--VAGREFVA---WKDTH-----PDAFPNQLTPM---RDCLYLVD
    ** ** * . . . * . . . . . * . . . . . * . . . . . * . . . . .
490" HNFMLGLNLNTSYPLSPLSDFATQDSFDDDELDAAVADPDEFERIYEPLDVKSKKIHVVVD

681' GGFAINSPPFPLALLPQRAVDLILSFDYSL-----EAPFEVLKMTKEYCLDRGIPFPSIEV
    * . . . * . . . * . . . * . . . * . . . * . . . * . . . * . . . * . . .
550" SGLTFNLPYPLILRPQRGVDLIISFDFSARPSDSSPPFKELLAEKWAKMNKLPFPKIDP

736' GPEDVEEARECYLF---AKAEDPRSPIVLHFPLVNRTRTHLAPGVERQTAEEKAFGDF-
    * . . . * . . . * . . . * . . . * . . . * . . . * . . . * . . . * . . .
610" YVFDREGLKECYVFKPKNPDMEKDCPTIIHFVLANINFRKYKAPGVPRETEEEKEIADF

792' VINRPDTPYGMNFTYEPQDFYRLVALSRYNVLNNVETLKCALQLALD-RHQARERAGA
    . . . * . . . * . . * . . * . . * . . * . . * . . * . . * . . * . .
670" IFDDPESPFSFTFNQYPNQAFKRLHDLMHFNTLNNIDVIKEAMVESIEYRRQNPSRCSVS

```

3/21

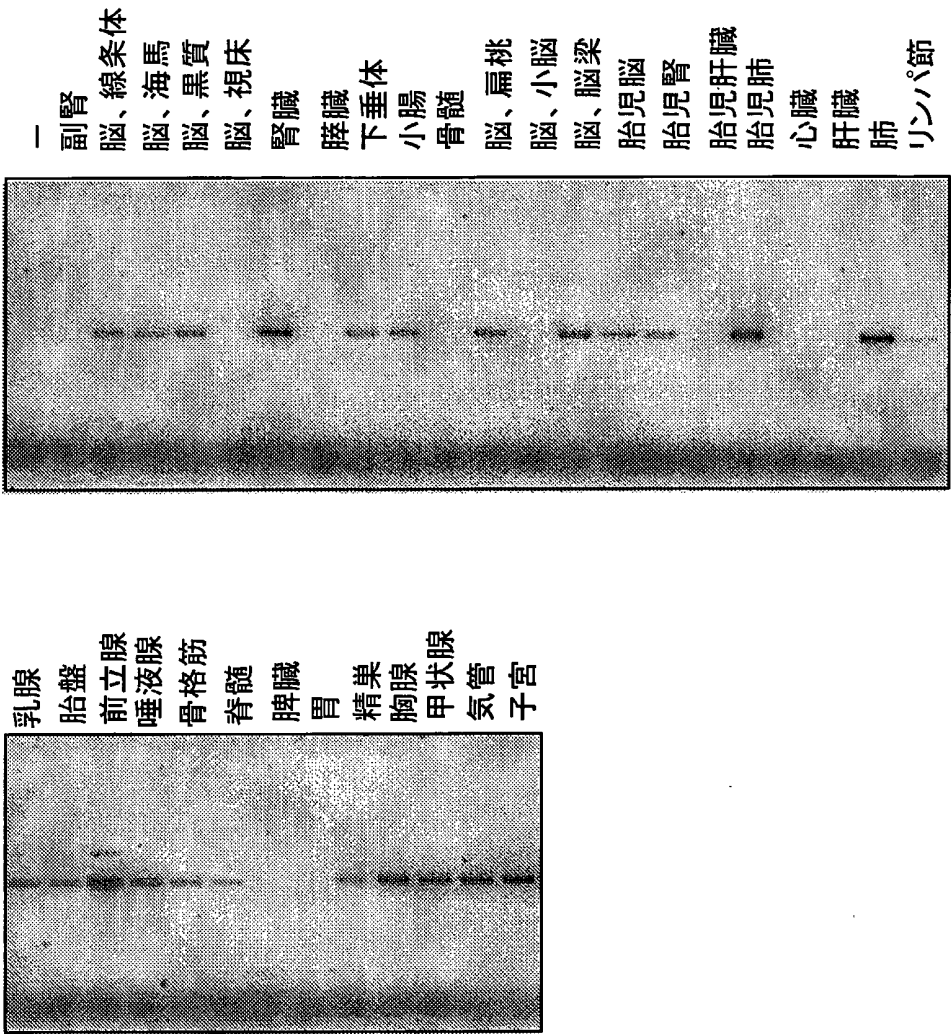
第3図

4/21

1' MLWALWPRWLADKMLPLLGAULLQKREKRGPLWRHWRRETPY
181" HYENLYCVVSGEKHFLFHPSPDRPFIPELYTPATYQLTEEGTFKVVDDEAMEKAESVRT
44' YDLQVKVLRATNIRGTDLLSKADCYVQLWLPTASPSAQTRIVANCSDPEWNETFHYQIH
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
241" CLLTVRVLQAHRLPSKDLVTPSDCYVTLWLPTACSHRLQTRTVKNSSSPVWNQSFHFRIH
104' GAVKNVLELTLYDKDILGSDQLSL-LLFDLRLSKCGQPHKHTFPLNHQDSQELQVEFVLE
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
301" RQLKNVMELKVFDQDLVTGDDPVLVLFDAAGTLRAGEFRRESFSLSPQGEGRLEVEFRLQ
163' KSQVPASEVITNGVLVAH--PCLRIQGLRGDTAPREYSGQLQLA VPGAYEKPQLLP
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
361" SLADRGELVSNGLVARELSCLHVQ--L--EETGD-QKSSEHRVQLVVPGSCEGPQ---
221' LQPPTEPGLPPTTFHVNPVLSSRLHVELMELLA VQSGPSTELEAQTSKLGEGLSS
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
413" -EASVGTG---TFRFHCPACWEQELSIRLQD-----APEEQLKAPLSALPSGQVVRLV
281' LPLGQEEQCSVALGEGQEVALSMMKVEMSSGDLDLRLGFDLSDGEQEFDDRKKQVVS KALQ
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
462" FPTSQ-EP-----LMRVELKKEAGLRELAVRLGFGPCAEEQAFLSRRKKQVVAALR
341' QVLGLSEALDSGQVPVAVLGS GGTGRAMSSLYGSLAGLQELGLD T VTYLSGVSGSTWC
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
512" QALQLDGD LQDEI PVVAIMATGGGIRANTS LYGQLAGLKGELGLDLCVSYITGASGSTWA

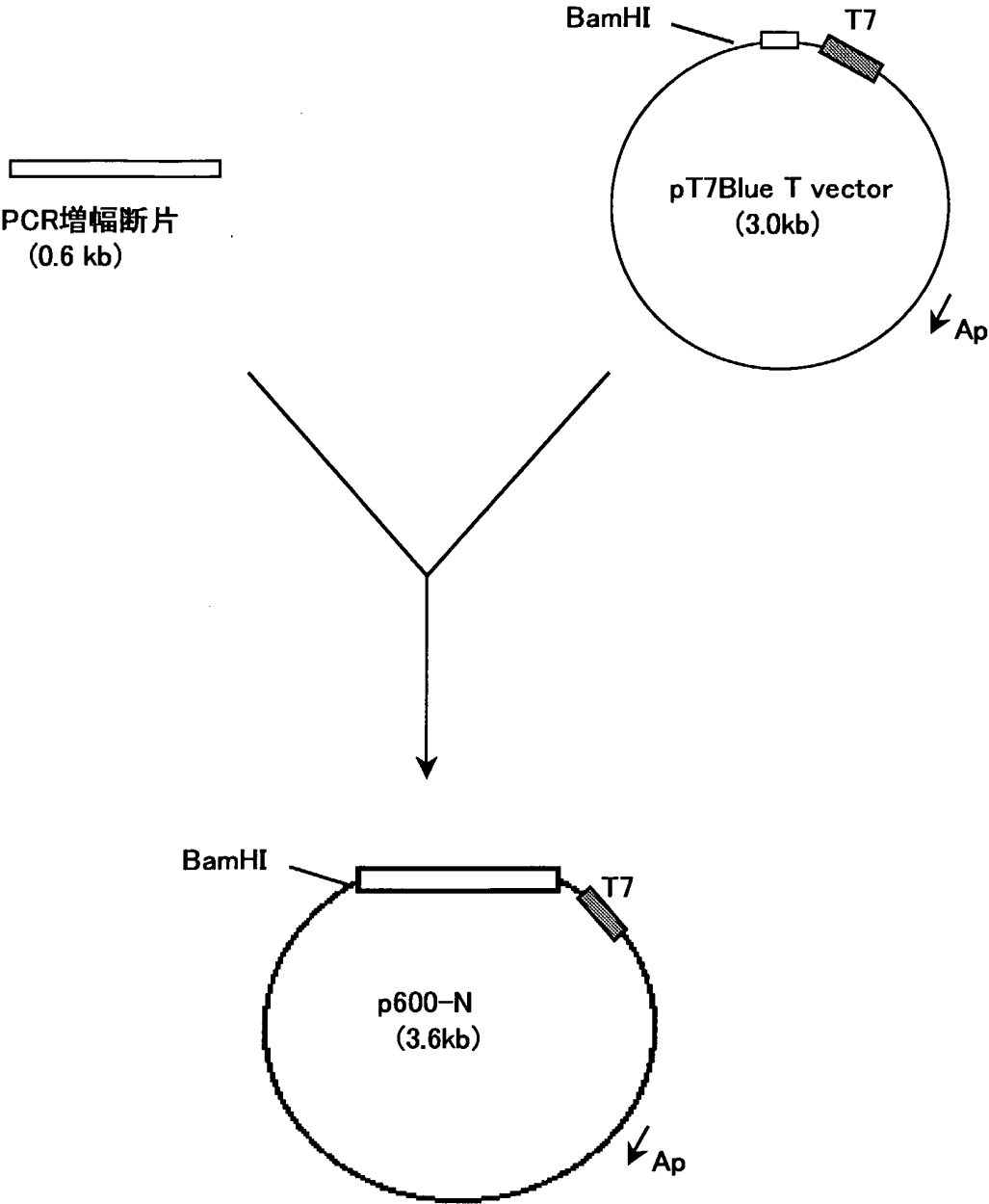
[illegible]

6/21



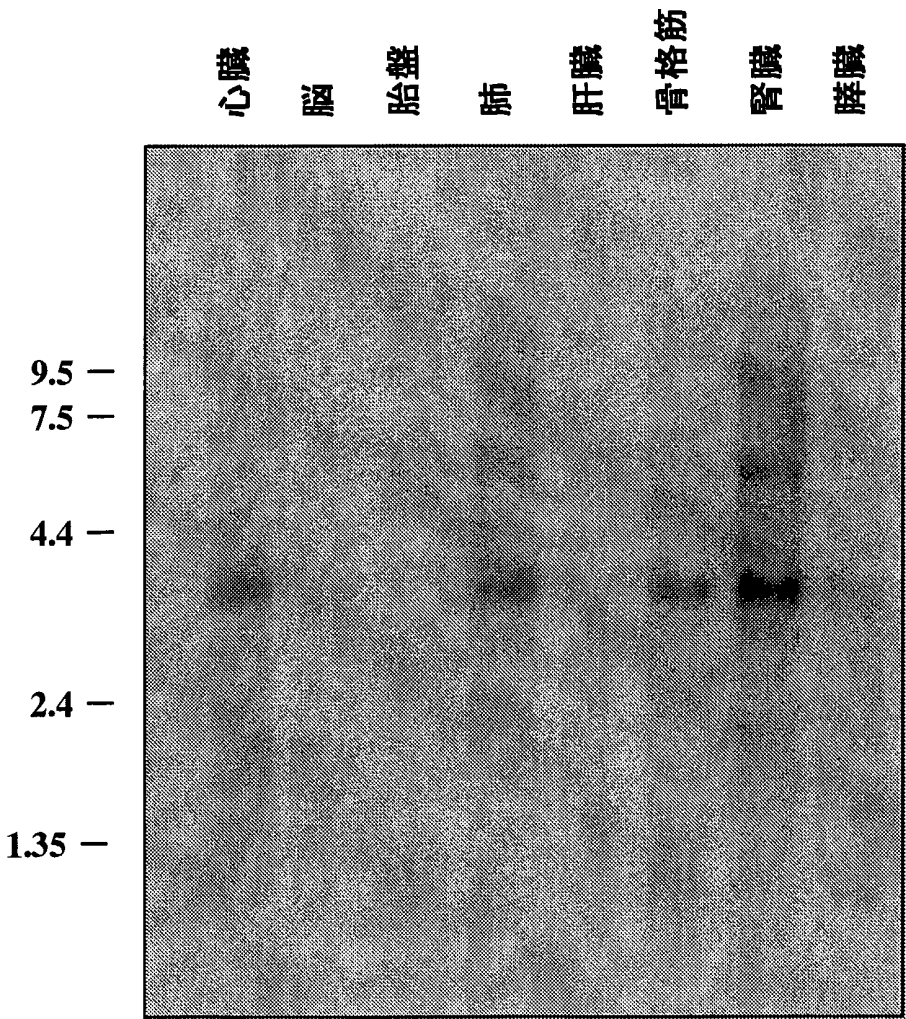
第6図

7/21



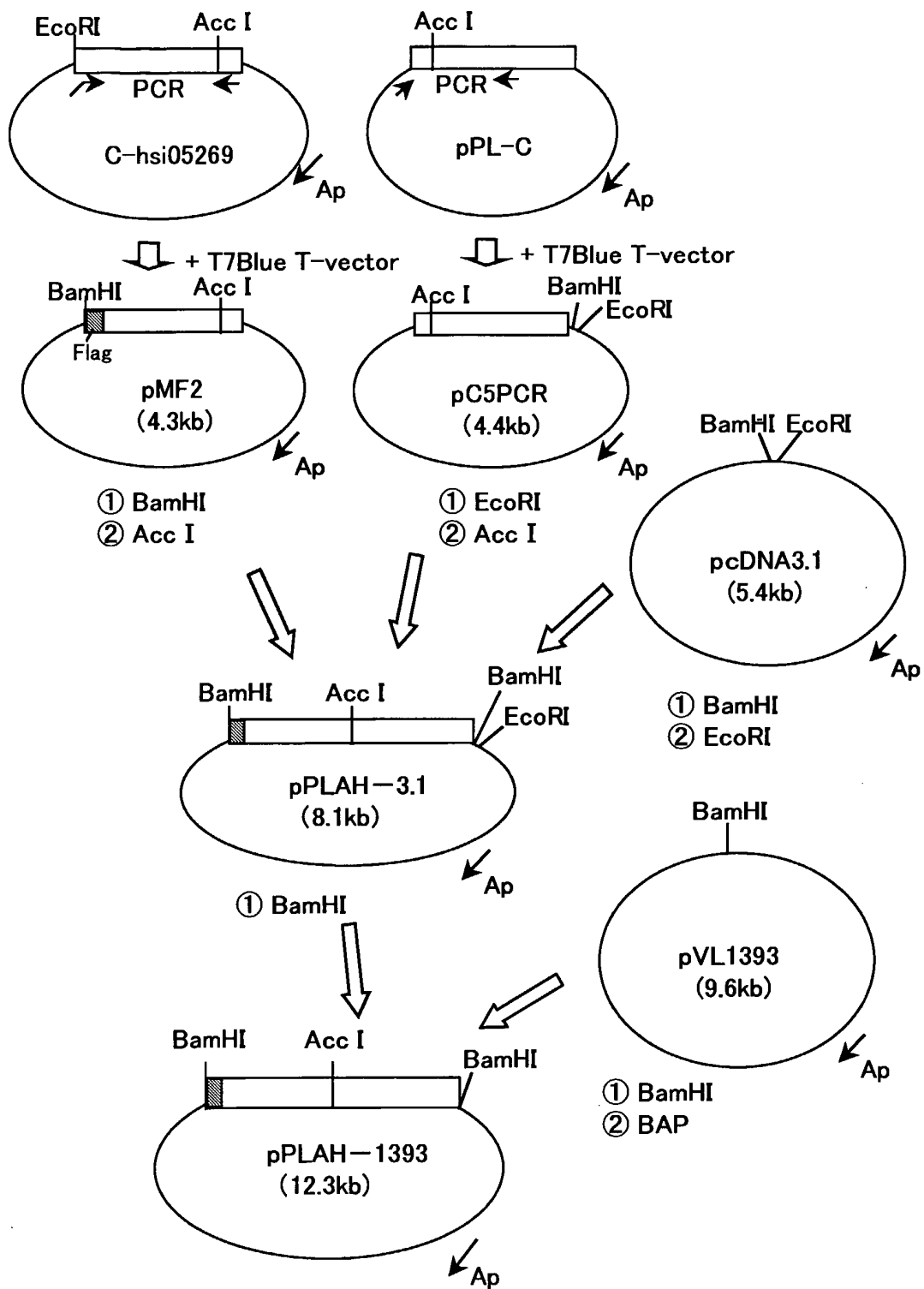
第7図

8/21



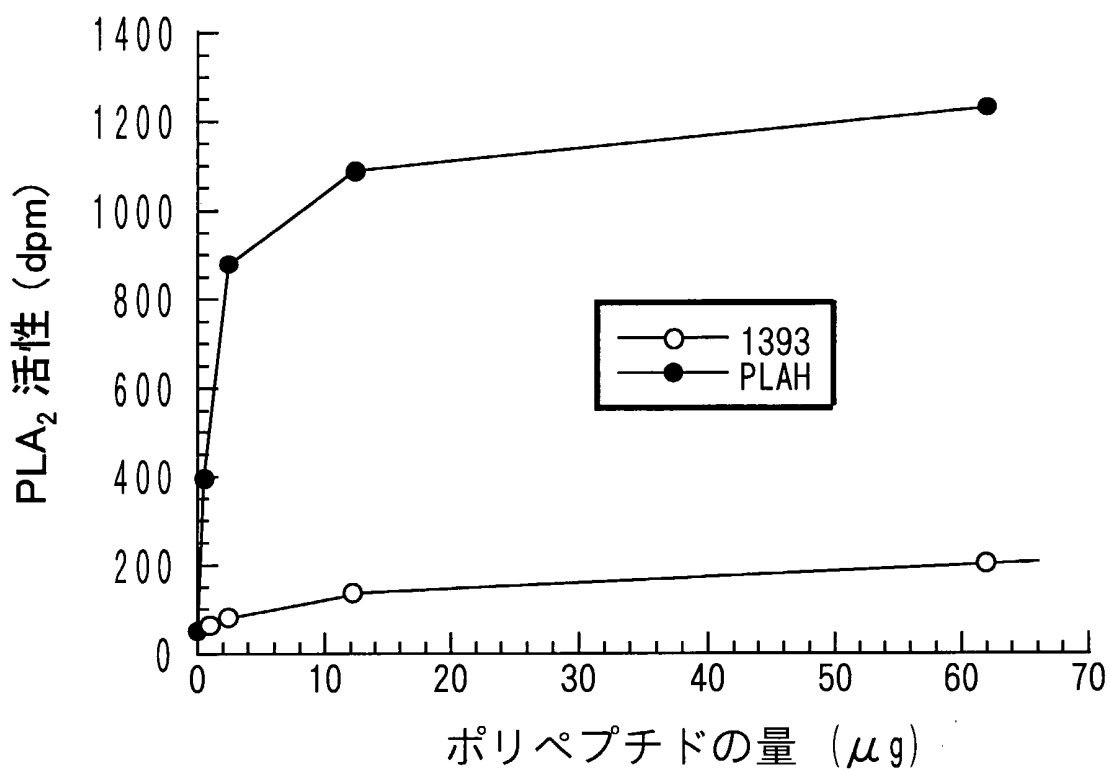
第8図

9/21



第9図

10/21



第10図

```

1' MLWALWPRWL ADKMLPLLGA VLLQKREKRG PLWRHWRRET YPYDLQVKV LRATNIRGTD
* * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * **
1" MPWTLQPKWL AGKGLPLLGA ILLRKTEKSE PQWKH-RRET HPYYDLQVKV LRARNIQHTD

61' LLSKADCYVQ LWLPTASPS AQTRIVANCS DPEWNETFHY QIHGAVKNVL ELTLYDKDIL
*****. ***** ** *.**.*.*. ***** **.*.*.*.*.
60" KLSKADCYVR LWLPTASVSP SQTRTVVNSS DPEWNETFHY QIHGAVKNVL ELALYDEDVL

1121' GSDQLSLLF DLRLKCGQP HKHTFPLNHQ DSQELQVEFV LEKSQVPASE VITNGVLVAH
****. ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * **
1120" DSDNVFSILF DMSTLQLGQP CTKNFT-RQQ DPKELEVEFT LEKSQTPASE VVTNGVLVAH

1181' PCLRIQGLR GDGTAPREEY GSGQLQLAVP GAYEKPQLLP LQPPTEPGLP PTFTFHVNPV
*****. ** *.**.*. ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * **
1179" PCLRIQGTVT GDKTASLGEL GSRQIQQLAVP GAYEKPQ--P LQPTSEPGLP VNFTFHMNPV

2241' LSSRLHVELM ELLAAVQSGP STELEAQTSK LGEGGILLSS LPLGQEEQCS VALGEGQEVA
**.*.*.*. * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * **
237" LSPKLHIKLO EQLQVFHSGP SDELEAQTSK MDKASILLSS LPLNEELTKL VDLEEGQQVT

```


13/21

540' FMGRLLQLQP EPRICYLQGM WGSAFATSLD EIFLKTAGSG LSFLWYRGS VNITDDCQKP
***** * ***** ** ***** * . ***** * . * . * . *
537" FMGRLLHFWP EPRICYLQGM WGSFAAASLY EIFLKLGLS LSFLDWHRGS VSVTDDWPKL

600' QLHNPSRLRT RLLTPQGPFS QAVLDIFTSR FTSAQSFNFT RGLCLHKDYV AGRF----V
* . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . *
597" RKQDPTRLPT RLFTPMSSFS QAVLDIFTSR ITCAQTFNFT RGLCMYKDYT ARKDFVVSSED

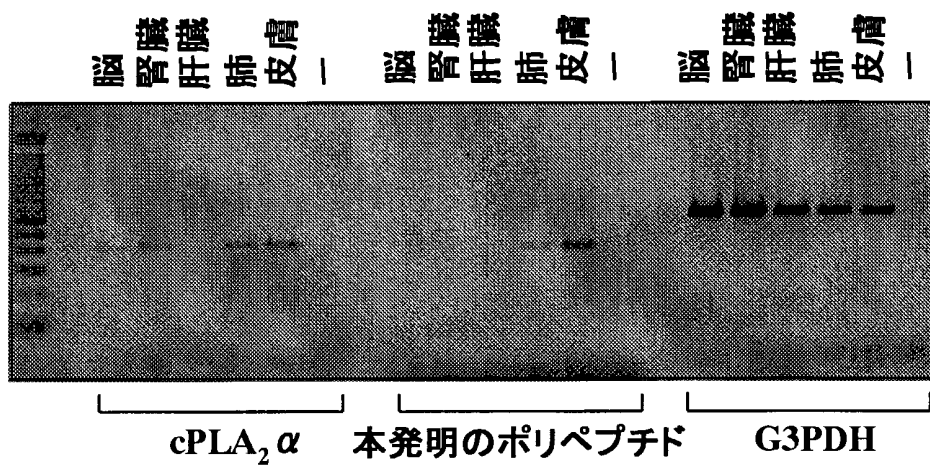
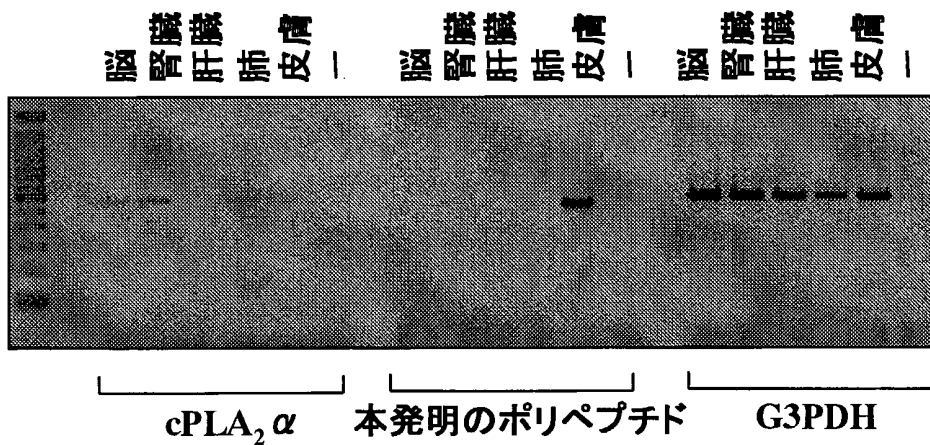
656' AW---KDTHP DAFPNOQLTPM RDCLYLVDGG FAINSPFFLA LLPQRAVDLI LSFYDYSLEAP
* . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . *
657" AWHSHNYGYP DACPNQLTPM KDFLSLVDGG FAINSPFFLV LQPQRAVDLI VSFYDYSLEGP

713' FEVLKMTKY CLDRGIPFPS IEVGPEDVEE ARECYLFAKA EDPRSPIVLH FPLVNRTRFT
***** * ***** * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . *
717" FEVLQVTEKY CRDRGIPFPR IEVDPKDSSED PRECYLFTEA EDPCSPIVLH FPLVNRTRFT

773' HLAPGVERQT AEEKAFGDFV INRPDTPYGM MNFTYEPQDF YRLVALSRYN VLNNVETLKC
***** * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . *
777" HLAPGVERQT AEEKAFGDFI INGPDTAYGM MDFTYEPKEF DRLVTLSRYN VLNNKETIRH

833' ALQLALD-RH QARERAGA
***** * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . *
837" ALQLALDRRR QAGGRVGG

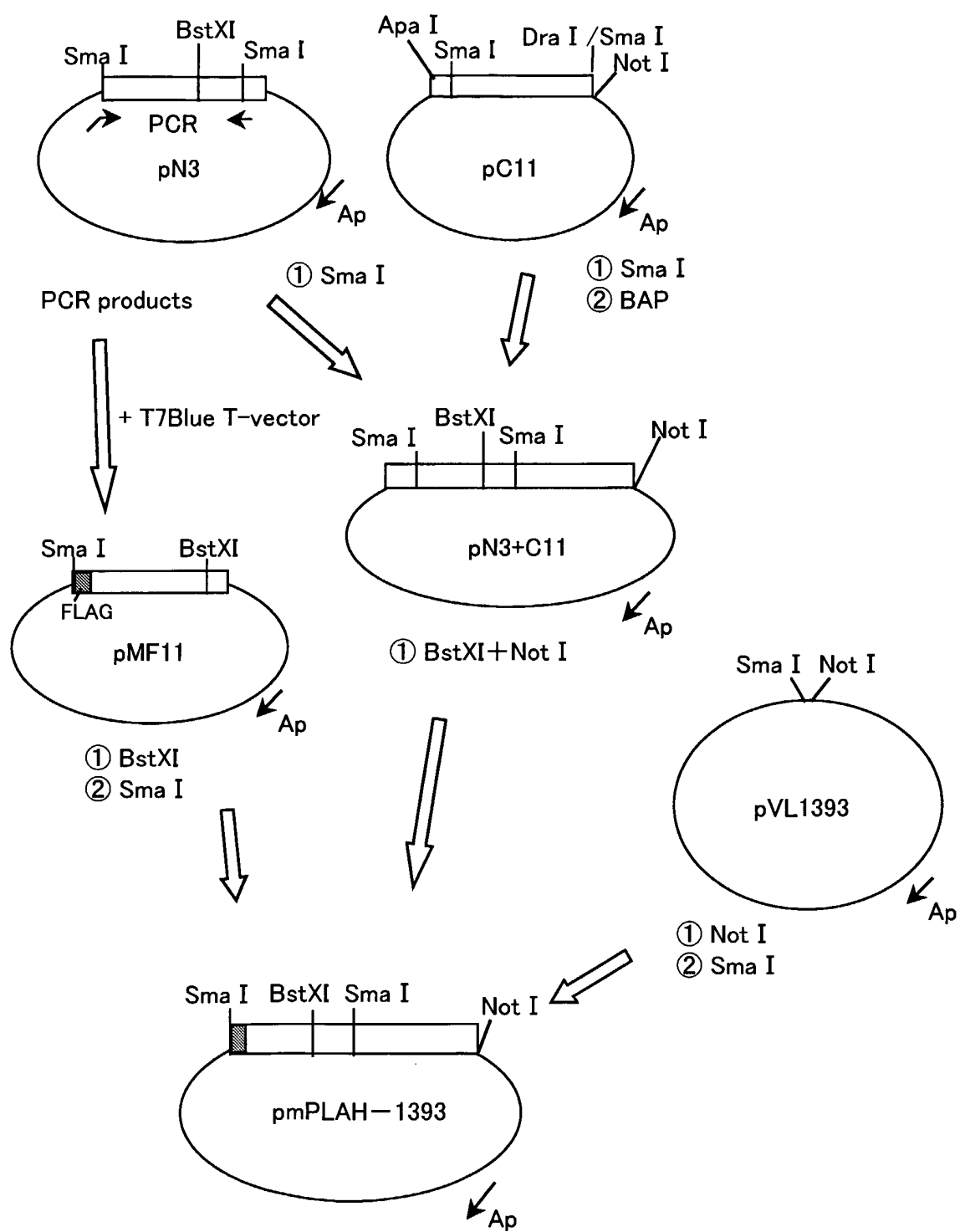
15/21

マウスラット

第15図

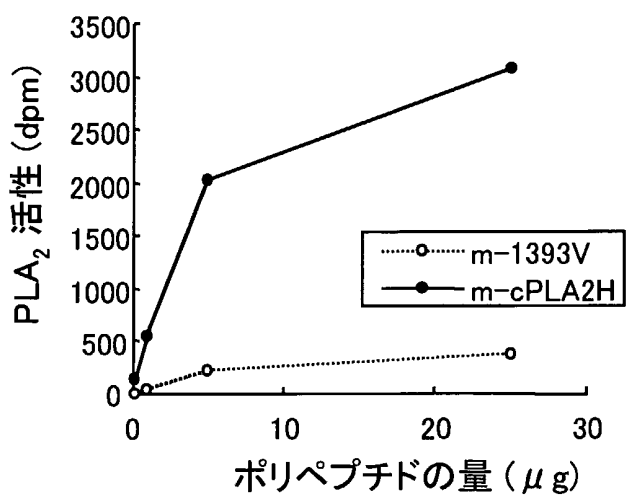
816: VALSRYNVLNNVETLKCALQLALDRHQ-ARERAGA 849
820: VTLSRYNVLNNKETIRHALQLALDRRRQAGRVGG 854
819: VTLSRYNVLNNKETIRHALQLALDRRRQAGRVGG 853

18/21

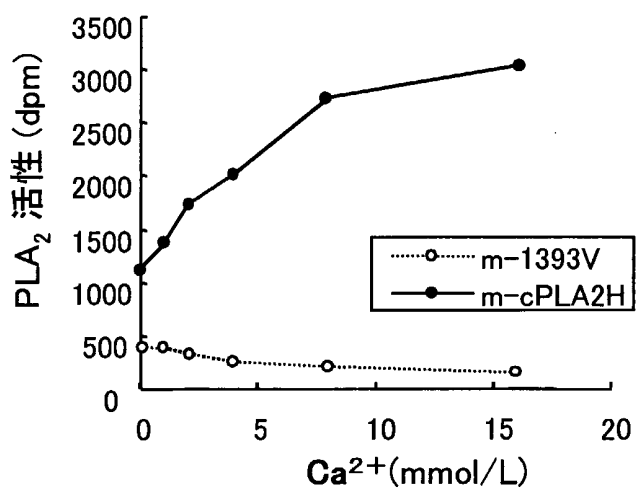


第18図

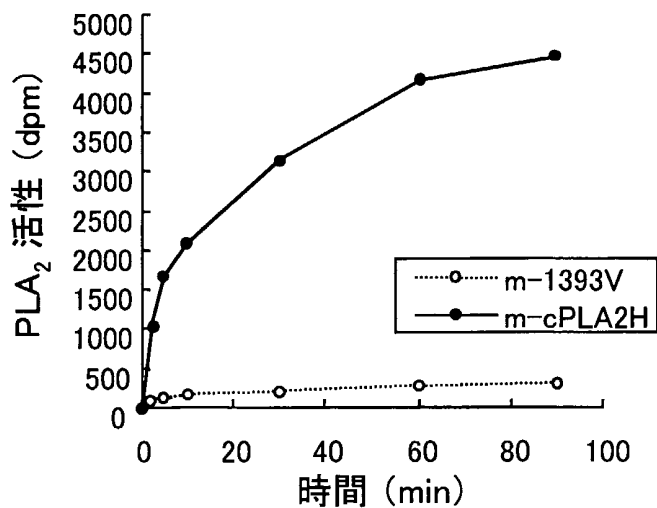
19/21



第19図

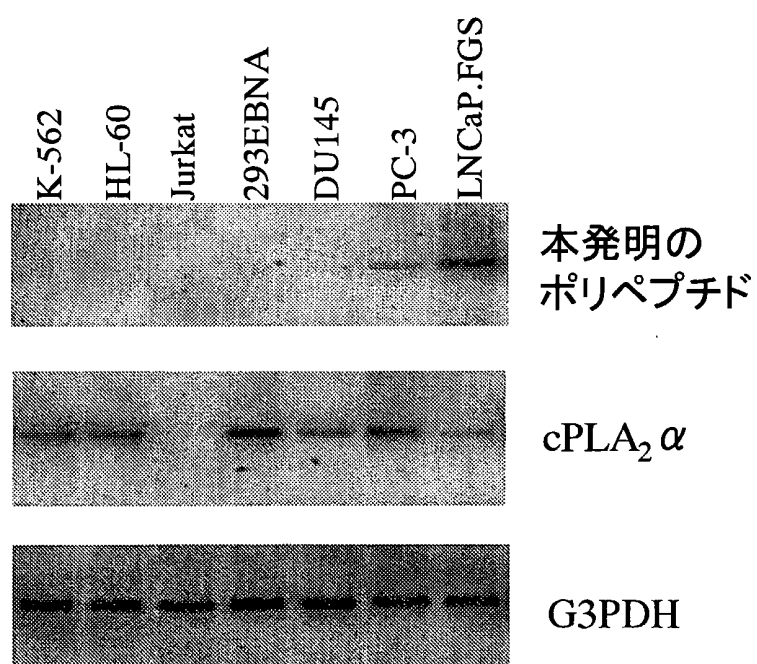


第20図



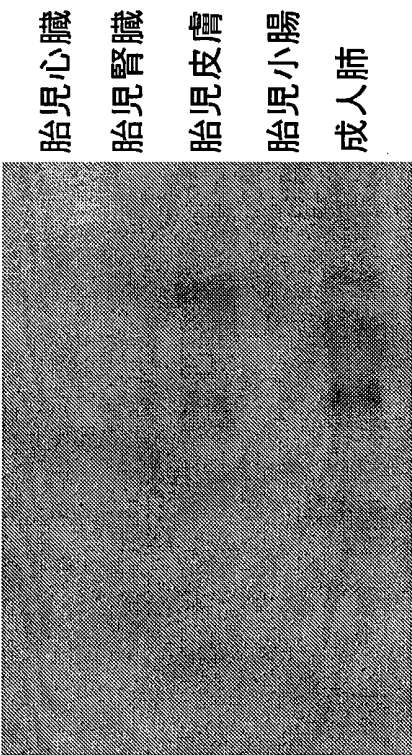
第21図

20/21



第22図

21/21



第23図

1/52

SEQUENCE LISTING

<110> KYOWA HAKKO KOGYO CO., LTD

<120> Novel polypeptide having phospholipase A₂ activity

<130> 11340W01

<150> JP 00/146466

<151> 2000-09-19

<150> JP 01/284044

<151> 2001-05-16

<160> 47

<170> PatentIn Ver. 2.0

<210> 1

<211> 849

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1

Met Leu Trp Ala Leu Trp Pro Arg Trp Leu Ala Asp Lys Met Leu Pro
1 5 10 15

Leu Leu Gly Ala Val Leu Leu Gln Lys Arg Glu Lys Arg Gly Pro Leu
20 25 30

Trp Arg His Trp Arg Arg Glu Thr Tyr Pro Tyr Tyr Asp Leu Gln Val
35 40 45

Lys Val Leu Arg Ala Thr Asn Ile Arg Gly Thr Asp Leu Leu Ser Lys
50 55 60

Ala Asp Cys Tyr Val Gln Leu Trp Leu Pro Thr Ala Ser Pro Ser Pro

2/52

65		70		75		80
Ala Gln Thr Arg Ile Val Ala Asn Cys Ser Asp Pro Glu Trp Asn Glu						
	85		90		95	
Thr Phe His Tyr Gln Ile His Gly Ala Val Lys Asn Val Leu Glu Leu						
	100		105		110	
Thr Leu Tyr Asp Lys Asp Ile Leu Gly Ser Asp Gln Leu Ser Leu Leu						
	115		120		125	
Leu Phe Asp Leu Arg Ser Leu Lys Cys Gly Gln Pro His Lys His Thr						
	130		135		140	
Phe Pro Leu Asn His Gln Asp Ser Gln Glu Leu Gln Val Glu Phe Val						
	145		150		155	160
Leu Glu Lys Ser Gln Val Pro Ala Ser Glu Val Ile Thr Asn Gly Val						
	165		170		175	
Leu Val Ala His Pro Cys Leu Arg Ile Gln Gly Thr Leu Arg Gly Asp						
	180		185		190	
Gly Thr Ala Pro Arg Glu Glu Tyr Gly Ser Gly Gln Leu Gln Leu Ala						
	195		200		205	
Val Pro Gly Ala Tyr Glu Lys Pro Gln Leu Leu Pro Leu Gln Pro Pro						
	210		215		220	
Thr Glu Pro Gly Leu Pro Pro Thr Phe Thr Phe His Val Asn Pro Val						
	225		230		235	240
Leu Ser Ser Arg Leu His Val Glu Leu Met Glu Leu Leu Ala Ala Val						
	245		250		255	
Gln Ser Gly Pro Ser Thr Glu Leu Glu Ala Gln Thr Ser Lys Leu Gly						
	260		265		270	

3/52

Glu Gly Gly Ile Leu Leu Ser Ser Leu Pro Leu Gly Gln Glu Glu Gln
 275 280 285

Cys Ser Val Ala Leu Gly Glu Gly Gln Glu Val Ala Leu Ser Met Lys
 290 295 300

Val Glu Met Ser Ser Gly Asp Leu Asp Leu Arg Leu Gly Phe Asp Leu
 305 310 315 320

Ser Asp Gly Glu Gln Glu Phe Leu Asp Arg Arg Lys Gln Val Val Ser
 325 330 335

Lys Ala Leu Gln Gln Val Leu Gly Leu Ser Glu Ala Leu Asp Ser Gly
 340 345 350

Gln Val Pro Val Val Ala Val Leu Gly Ser Gly Gly Gly Thr Arg Ala
 355 360 365

Met Ser Ser Leu Tyr Gly Ser Leu Ala Gly Leu Gln Glu Leu Gly Leu
 370 375 380

Leu Asp Thr Val Thr Tyr Leu Ser Gly Val Ser Gly Ser Thr Trp Cys
 385 390 395 400

Ile Ser Thr Leu Tyr Arg Asp Pro Ala Trp Ser Gln Val Ala Leu Gln
 405 410 415

Gly Pro Ile Glu Arg Ala Gln Val His Val Cys Ser Ser Lys Met Gly
 420 425 430

Ala Leu Ser Thr Glu Arg Leu Gln Tyr Tyr Thr Gln Glu Leu Gly Val
 435 440 445

Arg Glu Arg Ser Gly His Ser Val Ser Leu Ile Asp Leu Trp Gly Leu
 450 455 460

Leu Val Glu Tyr Leu Leu Tyr Gln Glu Glu Asn Pro Ala Lys Leu Ser
 465 470 475 480

4/52

Asp Gln Gln Glu Ala Val Arg Gln Gly Gln Asn Pro Tyr Pro Ile Tyr
 485 490 495

Thr Ser Val Asn Val Arg Thr Asn Leu Ser Gly Glu Asp Phe Ala Glu
 500 505 510

Trp Cys Glu Phe Thr Pro Tyr Glu Val Gly Phe Pro Lys Tyr Gly Ala
 515 520 525

Tyr Val Pro Thr Glu Leu Phe Gly Ser Glu Leu Phe Met Gly Arg Leu
 530 535 540

Leu Gln Leu Gln Pro Glu Pro Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Gly Met Trp
 545 550 555 560

Gly Ser Ala Phe Ala Thr Ser Leu Asp Glu Ile Phe Leu Lys Thr Ala
 565 570 575

Gly Ser Gly Leu Ser Phe Leu Glu Trp Tyr Arg Gly Ser Val Asn Ile
 580 585 590

Thr Asp Asp Cys Gln Lys Pro Gln Leu His Asn Pro Ser Arg Leu Arg
 595 600 605

Thr Arg Leu Leu Thr Pro Gln Gly Pro Phe Ser Gln Ala Val Leu Asp
 610 615 620

Ile Phe Thr Ser Arg Phe Thr Ser Ala Gln Ser Phe Asn Phe Thr Arg
 625 630 635 640

Gly Leu Cys Leu His Lys Asp Tyr Val Ala Gly Arg Glu Phe Val Ala
 645 650 655

Trp Lys Asp Thr His Pro Asp Ala Phe Pro Asn Gln Leu Thr Pro Met
 660 665 670

Arg Asp Cys Leu Tyr Leu Val Asp Gly Gly Phe Ala Ile Asn Ser Pro

5/52

675	680	685
Phe Pro Leu Ala Leu Leu Pro Gln Arg Ala Val Asp Leu Ile Leu Ser		
690	695	700
Phe Asp Tyr Ser Leu Glu Ala Pro Phe Glu Val Leu Lys Met Thr Glu		
705	710	715
Lys Tyr Cys Leu Asp Arg Gly Ile Pro Phe Pro Ser Ile Glu Val Gly		
725	730	735
Pro Glu Asp Val Glu Glu Ala Arg Glu Cys Tyr Leu Phe Ala Lys Ala		
740	745	750
Glu Asp Pro Arg Ser Pro Ile Val Leu His Phe Pro Leu Val Asn Arg		
755	760	765
Thr Phe Arg Thr His Leu Ala Pro Gly Val Glu Arg Gln Thr Ala Glu		
770	775	780
Glu Lys Ala Phe Gly Asp Phe Val Ile Asn Arg Pro Asp Thr Pro Tyr		
785	790	795
Gly Met Met Asn Phe Thr Tyr Glu Pro Gln Asp Phe Tyr Arg Leu Val		
805	810	815
Ala Leu Ser Arg Tyr Asn Val Leu Asn Asn Val Glu Thr Leu Lys Cys		
820	825	830
Ala Leu Gln Leu Ala Leu Asp Arg His Gln Ala Arg Glu Arg Ala Gly		
835	840	845

Ala

<210> 2

<211> 3460

<212> DNA

<213> Homo sapiens

6/52

<220>

<221> CDS

<222> (93)..(2639)

<400> 2

aactcagtgc tgcctgtcac acctgagcca gcagtttgtg caaccagagg agcgcaggca 60

gggttcctg ctggggcccg ggctgccag cc atg ctt tgg gca ctc tgg cca 113
 Met Leu Trp Ala Leu Trp Pro
 1 5

agg tgg ctg gca gac aag atg ctg ccc ctc ctg ggg gca gtg ctg ctt 161
 Arg Trp Leu Ala Asp Lys Met Leu Pro Leu Leu Gly Ala Val Leu Leu
 10 15 20

cag aag aga gag aag agg ggc cct ctg tgg agg cac tgg cgg cgg gaa 209
 Gln Lys Arg Glu Lys Arg Gly Pro Leu Trp Arg His Trp Arg Arg Glu
 25 30 35

acc tac cca tac tat gac ctc cag gtg aag gtg ctg agg gcc aca aac 257
 Thr Tyr Pro Tyr Tyr Asp Leu Gln Val Lys Val Leu Arg Ala Thr Asn
 40 45 50 55

atc cgg ggc aca gac ctg ctg tcc aaa gcc gac tgc tat gtg caa ctg 305
 Ile Arg Gly Thr Asp Leu Leu Ser Lys Ala Asp Cys Tyr Val Gln Leu
 60 65 70

tgg ctg ccc acg gcg tcc cca agc cct gcc cag act agg ata gtg gcc 353
 Trp Leu Pro Thr Ala Ser Pro Ser Pro Ala Gln Thr Arg Ile Val Ala
 75 80 85

aac tgc agt gac ccc gag tgg aat gag acc ttc cac tac cag atc cat 401
 Asn Cys Ser Asp Pro Glu Trp Asn Glu Thr Phe His Tyr Gln Ile His
 90 95 100

ggt gct gtg aag aac gtc ctg gag ctc acc ctc tat gac aag gac atc 449
 Gly Ala Val Lys Asn Val Leu Glu Leu Thr Leu Tyr Asp Lys Asp Ile

7/52

105	110	115	°
ctg ggc agc gac cag ctc tct ctg ctc ctg ttt gac ctg aga agc ctc	497		
Leu Gly Ser Asp Gln Leu Ser Leu Leu Leu Phe Asp Leu Arg Ser Leu			
120	125	130	135
aag tgt ggc caa cct cac aaa cac acc ttc cca ctc aac cac cag gat	545		
Lys Cys Gly Gln Pro His Lys His Thr Phe Pro Leu Asn His Gln Asp			
140	145	150	
tca caa gag ctg cag gtg gaa ttt gtt ctg gag aag agc cag gtg cct	593		
Ser Gln Glu Leu Gln Val Glu Phe Val Leu Glu Lys Ser Gln Val Pro			
155	160	165	
gca tct gaa gtc atc acc aac ggg gtt ctg gtg gct cac ccc tgt ctg	641		
Ala Ser Glu Val Ile Thr Asn Gly Val Leu Val Ala His Pro Cys Leu			
170	175	180	
aga atc cag ggc acg ctc cgg gga gat ggg aca gcc cca cgg gaa gag	689		
Arg Ile Gln Gly Thr Leu Arg Gly Asp Gly Thr Ala Pro Arg Glu Glu			
185	190	195	
tac ggc tct ggg cag ctc cag ctg gca gtg cct gga gcc tac gag aag	737		
Tyr Gly Ser Gly Gln Leu Gln Leu Ala Val Pro Gly Ala Tyr Glu Lys			
200	205	210	215
cca cag ctc ttg ccc ctg cag cct ccc aca gag cca ggc ctc cca ccc	785		
Pro Gln Leu Leu Pro Leu Gln Pro Pro Thr Glu Pro Gly Leu Pro Pro			
220	225	230	
acc ttt acc ttc cac gtg aac cca gtg ctg agc tcc agg cta cac gtg	833		
Thr Phe Thr Phe His Val Asn Pro Val Leu Ser Ser Arg Leu His Val			
235	240	245	
gag ctg atg gag ctg ctg gca gct gtg cag agt ggc ccc agc aca gag	881		
Glu Leu Met Glu Leu Leu Ala Ala Val Gln Ser Gly Pro Ser Thr Glu			
250	255	260	

8/52

ttg gag gct cag acc agc aag ctg ggc gag ggg ggc atc ctg ctc tcc	929
Leu Glu Ala Gln Thr Ser Lys Leu Gly Glu Gly Gly Ile Leu Leu Ser	
265 270 275	
tct ctg ccc cta ggc cag gag gaa cag tgt tct gtg gcc ctg ggg gag	977
Ser Leu Pro Leu Gly Gln Glu Glu Gln Cys Ser Val Ala Leu Gly Glu	
280 285 290 295	
ggc cag gag gtg gct ctg agc atg aag gtg gaa atg agc tcc ggg gac	1025
Gly Gln Glu Val Ala Leu Ser Met Lys Val Glu Met Ser Ser Gly Asp	
300 305 310	
cta gac cta cgc ctt ggc ttt gac ctc tct gac ggg gag cag gag ttt	1073
Leu Asp Leu Arg Leu Gly Phe Asp Leu Ser Asp Gly Glu Gln Glu Phe	
315 320 325	
ctg gac agg agg aag cag gtc gtg tcc aag gcc ctg cag caa gtg ctg	1121
Leu Asp Arg Arg Lys Gln Val Val Ser Lys Ala Leu Gln Gln Val Leu	
330 335 340	
gga ttg agt gag gct ctg gac agt ggc cag gtg cct gta gtg gct gtg	1169
Gly Leu Ser Glu Ala Leu Asp Ser Gly Gln Val Pro Val Val Ala Val	
345 350 355	
ttg ggt tcc ggg ggt gga acc cga gcc atg tct tct ctg tac ggc agc	1217
Leu Gly Ser Gly Gly Gly Thr Arg Ala Met Ser Ser Leu Tyr Gly Ser	
360 365 370 375	
ctg gca ggg ttg cag gag ctc ggc ctt cta gac act gtg acc tac ctg	1265
Leu Ala Gly Leu Gln Glu Leu Gly Leu Leu Asp Thr Val Thr Tyr Leu	
380 385 390	
agt ggg gtc tct ggg tct acc tgg tgc atc tcc aca ctc tac agg gac	1313
Ser Gly Val Ser Gly Ser Thr Trp Cys Ile Ser Thr Leu Tyr Arg Asp	
395 400 405	
cca gcc tgg tcc cag gtg gcc ttg cag ggc ccc att gag cgt gcc cag	1361
Pro Ala Trp Ser Gln Val Ala Leu Gln Gly Pro Ile Glu Arg Ala Gln	

9/52

410	415	420	
gtt cac gtc tgc agc agt aag atg gga gct ttg tcc acg gag cgg cta			1409
Val His Val Cys Ser Ser Lys Met Gly Ala Leu Ser Thr Glu Arg Leu			
425	430	435	
cag tac tac act cag gaa ctg ggg gtc cgg gag cgc agt ggc cac agc			1457
Gln Tyr Tyr Thr Gln Glu Leu Gly Val Arg Glu Arg Ser Gly His Ser			
440	445	450	455
gtg tcc ctc atc gac ctc tgg ggc ctc ctt gtt gag tat ctc ctg tac			1505
Val Ser Leu Ile Asp Leu Trp Gly Leu Leu Val Glu Tyr Leu Leu Tyr			
460	465	470	
cag gag gag aac cct gcc aag ctg tct gac caa cag gag gcg gtc cgc			1553
Gln Glu Glu Asn Pro Ala Lys Leu Ser Asp Gln Gln Glu Ala Val Arg			
475	480	485	
cag ggt cag aac cct tac ccc att tac acc agt gtc aac gtc cgc acc			1601
Gln Gly Gln Asn Pro Tyr Pro Ile Tyr Thr Ser Val Asn Val Arg Thr			
490	495	500	
aac ttg agt ggg gaa gat ttt gca gag tgg tgc gag ttc acg ccc tat			1649
Asn Leu Ser Gly Glu Asp Phe Ala Glu Trp Cys Glu Phe Thr Pro Tyr			
505	510	515	
gag gtt ggc ttc ccc aag tac ggg gct tat gtt ccc acc gag ctc ttc			1697
Glu Val Gly Phe Pro Lys Tyr Gly Ala Tyr Val Pro Thr Glu Leu Phe			
520	525	530	535
ggc tca gaa ctc ttc atg gga cga ttg ctg cag ctc cag cct gaa ccc			1745
Gly Ser Glu Leu Phe Met Gly Arg Leu Leu Gln Leu Gln Pro Glu Pro			
540	545	550	
cgg atc tgt tac ctg caa ggt atg tgg ggc agc gcc ttt gcc acc agc			1793
Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Gly Met Trp Gly Ser Ala Phe Ala Thr Ser			
555	560	565	

10/52

ctg gat gag atc ttc cta aag acc gcc ggc tcg ggc ctc agc ttc ctg	1841
Leu Asp Glu Ile Phe Leu Lys Thr Ala Gly Ser Gly Leu Ser Phe Leu	
570 575 580	
 gag tgg tac aga ggc agt gtg aat atc aca gac gac tgc cag aag cct	1889
Glu Trp Tyr Arg Gly Ser Val Asn Ile Thr Asp Asp Cys Gln Lys Pro	
585 590 595	
 cag ctg cac aac ccc tcg agg ctg cga acg agg ctc ctc acc cca cag	1937
Gln Leu His Asn Pro Ser Arg Leu Arg Thr Arg Leu Leu Thr Pro Gln	
600 605 610 615	
 ggg ccc ttc tcc cag gct gtg ctg gac ata ttc acc tcc cgc ttc act	1985
Gly Pro Phe Ser Gln Ala Val Leu Asp Ile Phe Thr Ser Arg Phe Thr	
620 625 630	
 tcc gcc cag agc ttt aac ttc acc cgg ggt ctc tgc ttg cac aag gac	2033
Ser Ala Gln Ser Phe Asn Phe Thr Arg Gly Leu Cys Leu His Lys Asp	
635 640 645	
 tat gtg gct ggc agg gag ttc gtg gcc tgg aaa gac aca cac ccg gac	2081
Tyr Val Ala Gly Arg Glu Phe Val Ala Trp Lys Asp Thr His Pro Asp	
650 655 660	
 gcc ttc ccc aac cag ctc acc ccc atg cgg gac tgc ctg tac ctg gtg	2129
Ala Phe Pro Asn Gln Leu Thr Pro Met Arg Asp Cys Leu Tyr Leu Val	
665 670 675	
 gac gga ggc ttt gcc atc aac tct ccg ttc cca ctg gct ctg ctg cct	2177
Asp Gly Gly Phe Ala Ile Asn Ser Pro Phe Pro Leu Ala Leu Leu Pro	
680 685 690 695	
 cag aga gca gtg gac ctc att ctg tcc ttt gac tat tcc ttg gaa gcc	2225
Gln Arg Ala Val Asp Leu Ile Leu Ser Phe Asp Tyr Ser Leu Glu Ala	
700 705 710	
 cct ttt gag gtc ttg aag atg aca gag aag tac tgc ctg gac cga gga	2273
Pro Phe Glu Val Leu Lys Met Thr Glu Lys Tyr Cys Leu Asp Arg Gly	

11/52

715	720	725	
atc ccc ttc cct agc atc gag gtg ggc cct gag gac gtg gag gag gcc			2321
Ile Pro Phe Pro Ser Ile Glu Val Gly Pro Glu Asp Val Glu Glu Ala			
730	735	740	
cgt gag tgc tat ctg ttt gcc aag gct gag gac ccc cgc tcc ccc att			2369
Arg Glu Cys Tyr Leu Phe Ala Lys Ala Glu Asp Pro Arg Ser Pro Ile			
745	750	755	
gtg ctg cac ttc ccc ctg gtt aac cgt acc ttc cgc aca cac ctg gcc			2417
Val Leu His Phe Pro Leu Val Asn Arg Thr Phe Arg Thr His Leu Ala			
760	765	770	775
cca ggt gtg gag cga caa aca gct gag gag aag gcc ttt ggg gac ttt			2465
Pro Gly Val Glu Arg Gln Thr Ala Glu Glu Lys Ala Phe Gly Asp Phe			
780	785	790	
gtc atc aac agg cca gac acc ccc tat ggc atg atg aac ttc acc tat			2513
Val Ile Asn Arg Pro Asp Thr Pro Tyr Gly Met Met Asn Phe Thr Tyr			
795	800	805	
gag ccc cag gac ttt tat cgg ctg gtg gcc ctc agt cga tac aac gtc			2561
Glu Pro Gln Asp Phe Tyr Arg Leu Val Ala Leu Ser Arg Tyr Asn Val			
810	815	820	
ctg aac aat gtg gag acc ttg aag tgc gcc ctc cag ctg gct ctg gac			2609
Leu Asn Asn Val Glu Thr Leu Lys Cys Ala Leu Gln Leu Ala Leu Asp			
825	830	835	
cgg cac cag gct cgg gag agg gca ggg gcc tgaccaaggc aggaagcgga			2659
Arg His Gln Ala Arg Glu Arg Ala Gly Ala			
840	845		
ggactgtgac agagaggaga cacactgctc atggtcaggg cttgtagagg gaggagcgat			2719
ggggactctg tgcaggatct gcttccttc tctccaggac ctgcctcgag gtgccccagg			2779

12/52

ccccgaaag ctcttcaga attgcagctt ggactggggc agggctctcc ttgtgtgttt 2839
 ttggagaaga tgggcagtag atcgctccag ggactcttgg ggatgtaggg cagaagagaa 2899
 cagcactcat ttcacagcgg ggtgtggaga gaatcaggtg aaccacagag cccaccccag 2959
 acacagaagg acctcagagg gcccaagtcc tcagaccac acagaacagg ggctgagggc 3019
 actgagaagc cagctgtcct ccttacctg agatggaaag cagagatgca tccatccaca 3079
 cttctgcag agcggccaag ccccaacccc acctcgagct cctggatgca ctgtatcaa 3139
 gaacaatgag gggctgaggg gatggccagc ctatgttgc t gactccatca tcctaaccct 3199
 ctttctgcct tctggtctcc tcgtgcctcc tcccagatca cccttctctt cccagcgccc 3259
 taaagcctgt ggggtgatgt ccattcttg ctgtccagg tgggagatgt gcgcgtgtct 3319
 ccctgccagt taccaggtc tctctcttcg aacctggacc acagtctctg gtgatgtgtg 3379
 tagtggccac atcatgcaaa tatagtctca ccattcctag gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3439
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 3460

<210> 3

<211> 454

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 3

Met Leu Trp Ala Leu Trp Pro Arg Trp Leu Ala Asp Lys Met Leu Pro

1

5

10

15

Leu Leu Gly Ala Val Leu Leu Gln Lys Arg Glu Lys Arg Gly Pro Leu

20

25

30

Trp Arg His Trp Arg Arg Glu Thr Tyr Pro Tyr Tyr Asp Leu Gln Val

35

40

45

13/52

Lys Val Leu Arg Ala Thr Asn Ile Arg Gly Thr Asp Leu Leu Ser Lys
 50 55 60

Ala Asp Cys Tyr Val Gln Leu Trp Leu Pro Thr Ala Ser Pro Ser Pro
 65 70 75 80

Ala Gln Thr Arg Ile Val Ala Asn Cys Ser Asp Pro Glu Trp Asn Glu
 85 90 95

Thr Phe His Tyr Gln Ile His Gly Ala Val Lys Asn Val Leu Glu Leu
 100 105 110

Thr Leu Tyr Asp Lys Asp Ile Leu Gly Ser Asp Gln Leu Ser Leu Leu
 115 120 125

Leu Phe Asp Leu Arg Ser Leu Lys Cys Gly Gln Pro His Lys His Thr
 130 135 140

Phe Pro Leu Asn His Gln Asp Ser Gln Glu Leu Gln Val Glu Phe Val
 145 150 155 160

Leu Glu Lys Ser Gln Val Pro Ala Ser Glu Val Ile Thr Asn Gly Val
 165 170 175

Leu Val Ala His Pro Cys Leu Arg Ile Gln Gly Thr Leu Arg Gly Asp
 180 185 190

Gly Thr Ala Pro Arg Glu Glu Tyr Gly Ser Gly Gln Leu Gln Leu Ala
 195 200 205

Val Pro Gly Ala Tyr Glu Lys Pro Gln Leu Leu Pro Leu Gln Pro Pro
 210 215 220

Thr Glu Pro Gly Leu Pro Pro Thr Phe Thr Phe His Val Asn Pro Val
 225 230 235 240

Leu Ser Ser Arg Leu His Val Glu Leu Met Glu Leu Leu Ala Ala Val

245																250																255																															
Gln	Ser	Gly	Pro	Ser	Thr	Glu	Leu	Glu	Ala	Gln	Thr	Ser	Lys	Leu	Gly																																																
260																265																270																															
Glu	Gly	Gly	Ile	Leu	Leu	Ser	Ser	Leu	Pro	Leu	Gly	Gln	Glu	Glu	Gln																																																
275																280																285																															
Cys	Ser	Val	Ala	Leu	Gly	Glu	Gly	Gln	Glu	Val	Ala	Leu	Ser	Met	Lys																																																
290																295																300																															
Val	Glu	Met	Ser	Ser	Gly	Asp	Leu	Asp	Leu	Arg	Leu	Gly	Phe	Asp	Leu																																																
305																310																315																320															
Ser	Asp	Gly	Glu	Gln	Glu	Phe	Leu	Asp	Arg	Arg	Lys	Gln	Val	Val	Ser																																																
325																330																335																															
Lys	Ala	Leu	Gln	Gln	Val	Leu	Gly	Leu	Ser	Glu	Ala	Leu	Asp	Ser	Gly																																																
340																345																350																															
Gln	Val	Pro	Val	Val	Ala	Val	Leu	Gly	Ser	Gly	Gly	Gly	Thr	Arg	Ala																																																
355																360																365																															
Met	Ser	Ser	Leu	Tyr	Gly	Ser	Leu	Ala	Gly	Leu	Gln	Glu	Leu	Gly	Leu																																																
370																375																380																															
Leu	Asp	Thr	Val	Thr	Tyr	Leu	Ser	Gly	Val	Ser	Gly	Ser	Thr	Trp	Cys																																																
385																390																395																400															
Ile	Ser	Thr	Leu	Tyr	Arg	Asp	Pro	Ala	Trp	Ser	Gln	Val	Ala	Leu	Gln																																																
405																410																415																															
Gly	Pro	Ile	Glu	Arg	Ala	Gln	Val	His	Val	Cys	Ser	Ser	Lys	Met	Gly																																																
420																425																430																															
Asp	Val	Arg	Val	Ser	Pro	Cys	Gln	Leu	Pro	Arg	Leu	His	Ser	Ser	Asn																																																
435																440																445																															

15/52

Leu Asp His Ser Leu Trp
450

<210> 4

<211> 1519

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (93)..(1454)

<400> 4

aactcagtgc tgcctgtcac acctgagcca gcagtttgtg caaccagagg agcgcaggca 60

gggttccttg ctggggcccg ggctgccag cc atg ctt tgg gca ctc tgg cca 113

Met Leu Trp Ala Leu Trp Pro

1

5

agg tgg ctg gca gac aag atg ctg ccc ctc ctg ggg gca gtg ctg ctt 161

Arg Trp Leu Ala Asp Lys Met Leu Pro Leu Leu Gly Ala Val Leu Leu

10

15

20

cag aag aga gag aag agg ggc cct ctg tgg agg cac tgg cgg cgg gaa 209

Gln Lys Arg Glu Lys Arg Gly Pro Leu Trp Arg His Trp Arg Arg Glu

25

30

35

acc tac cca tac tat gac ctc cag gtg aag gtg ctg agg gcc aca aac 257

Thr Tyr Pro Tyr Tyr Asp Leu Gln Val Lys Val Leu Arg Ala Thr Asn

40

45

50

55

atc cgg ggc aca gac ctg ctg tcc aaa gcc gac tgc tat gtg caa ctg 305

Ile Arg Gly Thr Asp Leu Leu Ser Lys Ala Asp Cys Tyr Val Gln Leu

60

65

70

tgg ctg ccc acg gcg tcc cca agc cct gcc cag act agg ata gtg gcc 353

Trp Leu Pro Thr Ala Ser Pro Ser Pro Ala Gln Thr Arg Ile Val Ala

75

80

85

16/52

aac tgc agt gac ccc gag tgg aat gag acc ttc cac tac cag atc cat 401
 Asn Cys Ser Asp Pro Glu Trp Asn Glu Thr Phe His Tyr Gln Ile His
 90 95 100

ggt gct gtg aag aac gtc ctg gag ctc acc ctc tat gac aag gac atc 449
 Gly Ala Val Lys Asn Val Leu Glu Leu Thr Leu Tyr Asp Lys Asp Ile
 105 110 115

ctg ggc agc gac cag ctc tct ctg ctc ctg ttt gac ctg aga agc ctc 497
 Leu Gly Ser Asp Gln Leu Ser Leu Leu Leu Phe Asp Leu Arg Ser Leu
 120 125 130 135

aag tgt ggc caa cct cac aaa cac acc ttc cca ctc aac cac cag gat 545
 Lys Cys Gly Gln Pro His Lys His Thr Phe Pro Leu Asn His Gln Asp
 140 145 150

tca caa gag ctg cag gtg gaa ttt gtt ctg gag aag agc cag gtg cct 593
 Ser Gln Glu Leu Gln Val Glu Phe Val Leu Glu Lys Ser Gln Val Pro
 155 160 165

gca tct gaa gtc atc acc aac ggg gtt ctg gtg gct cac ccc tgt ctg 641
 Ala Ser Glu Val Ile Thr Asn Gly Val Leu Val Ala His Pro Cys Leu
 170 175 180

aga atc cag ggc acg ctc cgg gga gat ggg aca gcc cca cgg gaa gag 689
 Arg Ile Gln Gly Thr Leu Arg Gly Asp Gly Thr Ala Pro Arg Glu Glu
 185 190 195

tac ggc tct ggg cag ctc cag ctg gca gtg cct gga gcc tac gag aag 737
 Tyr Gly Ser Gly Gln Leu Gln Leu Ala Val Pro Gly Ala Tyr Glu Lys
 200 205 210 215

cca cag ctc ttg ccc ctg cag cct ccc aca gag cca ggc ctc cca ccc 785
 Pro Gln Leu Leu Pro Leu Gln Pro Pro Thr Glu Pro Gly Leu Pro Pro
 220 225 230

acc ttt acc ttc cac gtg aac cca gtg ctg agc tcc agg cta cac gtg 833

17/52

Thr	Phe	Thr	Phe	His	Val	Asn	Pro	Val	Leu	Ser	Ser	Arg	Leu	His	Val		
			235					240					245				
gag	ctg	atg	gag	ctg	ctg	gca	gct	gtg	cag	agt	ggc	ccc	agc	aca	gag	881	
Glu	Leu	Met	Glu	Leu	Leu	Ala	Ala	Val	Gln	Ser	Gly	Pro	Ser	Thr	Glu		
		250					255					260					
ttg	gag	gct	cag	acc	agc	aag	ctg	ggc	gag	ggg	ggc	atc	ctg	ctc	tcc	929	
Leu	Glu	Ala	Gln	Thr	Ser	Lys	Leu	Gly	Glu	Gly	Gly	Ile	Leu	Leu	Ser		
	265						270				275						
tct	ctg	ccc	cta	ggc	cag	gag	gaa	cag	tgt	tct	gtg	gcc	ctg	ggg	gag	977	
Ser	Leu	Pro	Leu	Gly	Gln	Glu	Glu	Gln	Cys	Ser	Val	Ala	Leu	Gly	Glu		
280					285					290					295		
ggc	cag	gag	gtg	gct	ctg	agc	atg	aag	gtg	gaa	atg	agc	tcc	ggg	gac	1025	
Gly	Gln	Glu	Val	Ala	Leu	Ser	Met	Lys	Val	Glu	Met	Ser	Ser	Gly	Asp		
				300					305					310			
cta	gac	cta	cgc	ctt	ggc	ttt	gac	ctc	tct	gac	ggg	gag	cag	gag	ttt	1073	
Leu	Asp	Leu	Arg	Leu	Gly	Phe	Asp	Leu	Ser	Asp	Gly	Glu	Gln	Glu	Phe		
			315					320						325			
ctg	gac	agg	agg	aag	cag	gtc	gtg	tcc	aag	gcc	ctg	cag	caa	gtg	ctg	1121	
Leu	Asp	Arg	Arg	Lys	Gln	Val	Val	Ser	Lys	Ala	Leu	Gln	Gln	Val	Leu		
		330					335				340						
gga	ttg	agt	gag	gct	ctg	gac	agt	ggc	cag	gtg	cct	gta	gtg	gct	gtg	1169	
Gly	Leu	Ser	Glu	Ala	Leu	Asp	Ser	Gly	Gln	Val	Pro	Val	Val	Ala	Val		
	345					350				355							
ttg	ggt	tcc	ggg	ggt	gga	acc	cga	gcc	atg	tct	tct	ctg	tac	ggc	agc	1217	
Leu	Gly	Ser	Gly	Gly	Gly	Thr	Arg	Ala	Met	Ser	Ser	Leu	Tyr	Gly	Ser		
360					365					370				375			
ctg	gca	ggg	ttg	cag	gag	ctc	ggc	ctt	cta	gac	act	gtg	acc	tac	ctg	1265	
Leu	Ala	Gly	Leu	Gln	Glu	Leu	Gly	Leu	Leu	Asp	Thr	Val	Thr	Tyr	Leu		
				380					385					390			

18/52

agt ggg gtc tct ggg tct acc tgg tgc atc tcc aca ctc tac agg gac 1313
 Ser Gly Val Ser Gly Ser Thr Trp Cys Ile Ser Thr Leu Tyr Arg Asp
 395 400 405

cca gcc tgg tcc cag gtg gcc ttg cag ggc ccc att gag cgt gcc cag 1361
 Pro Ala Trp Ser Gln Val Ala Leu Gln Gly Pro Ile Glu Arg Ala Gln
 410 415 420

gtt cac gtc tgc agc agt aag atg gga gat gtg cgc gtg tct ccc tgc 1409
 Val His Val Cys Ser Ser Lys Met Gly Asp Val Arg Val Ser Pro Cys
 425 430 435

cag tta ccc agg ctt cac tct tgc aac ctg gac cac agt ctc tgg tgatgt1460
 Gln Leu Pro Arg Leu His Ser Ser Asn Leu Asp His Ser Leu Trp
 440 445 450

gtgtagtggc cacatcatgc aaatatagtc tcaccattcc taggaaaaaa aaaaaaaaaa 1519

<210> 5

<211> 30

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic RNA

<400> 5

agcaucgagu cggccuuguu ggccuacugg

30

<210> 6

<211> 42

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

19/52

<400> 6

gcggctgaag acggcctatg tggccttttt tttttttttt tt

42

<210> 7

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 7

agcatcgagt cggccttggt g

21

<210> 8

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 8

gcggctgaag acggcctatg t

21

<210> 9

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 9

cttctgctct aaaagctgcg

20

<210> 10

<211> 20

20/52

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 10

tgtgggaggt tttttctcta

20

<210> 11

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 11

gagccatgtc ttctctgtac ggca

24

<210> 12

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 12

ctagacactg tgacctacct gagt

24

<210> 13

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

21/52

<400> 13

ccgtgagtgc tatctgtttg

20

<210> 14

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 14

tctgtggctc acctgattct

20

<210> 15

<211> 5

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 15

Gly Xaa Ser Gly Ser

1

5

<210> 16

<211> 57

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 16

cgggatcccg ccaccatgga ctacaaggac gatgacgaca agatgctgcc cctcctg

57

<210> 17

<211> 21

<212> DNA

22/52

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 17

tactgctgca gacgtgaacc t

21

<210> 18

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 18

tccgcttcct gccttggta

20

<210> 19

<211> 16

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 19

ggaaacagct atgacc

16

<210> 20

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

23/52

<400> 20

ctcattccat tctggatcac tgct

24

<210> 21

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 21

gttaaccact gtccttgtct gact

24

<210> 22

<211> 854

<212> PRT

<213> Mus musculus

<400> 22

Met	Pro	Trp	Thr	Leu	Gln	Pro	Lys	Trp	Leu	Ala	Gly	Lys	Gly	Leu	Pro
1				5				10						15	

Leu	Leu	Gly	Ala	Ile	Leu	Leu	Arg	Lys	Thr	Glu	Lys	Ser	Glu	Pro	Gln
			20					25					30		

Trp	Lys	His	Arg	Arg	Glu	Thr	His	Pro	Tyr	Tyr	Asp	Leu	Gln	Val	Lys
		35					40					45			

Val	Leu	Arg	Ala	Arg	Asn	Ile	Gln	His	Thr	Asp	Lys	Leu	Ser	Lys	Ala
	50					55					60				

Asp	Cys	Tyr	Val	Arg	Leu	Trp	Leu	Pro	Thr	Ala	Ser	Val	Ser	Pro	Ser
65					70					75					80

Gln	Thr	Arg	Thr	Val	Val	Asn	Ser	Ser	Asp	Pro	Glu	Trp	Asn	Glu	Thr
				85					90					95	

24/52

Phe His Tyr Gln Ile His Gly Ala Val Lys Asn Val Leu Glu Leu Ala
 100 105 110

Leu Tyr Asp Glu Asp Val Leu Asp Ser Asp Asn Val Phe Ser Ile Leu
 115 120 125

Phe Asp Met Ser Thr Leu Gln Leu Gly Gln Pro Cys Thr Lys Asn Phe
 130 135 140

Thr Arg Gln Gln Asp Pro Lys Glu Leu Glu Val Glu Phe Thr Leu Glu
 145 150 155 160

Lys Ser Gln Thr Pro Ala Ser Glu Val Val Thr Asn Gly Val Leu Val
 165 170 175

Ala His Pro Cys Leu Arg Ile Gln Gly Thr Val Thr Gly Asp Lys Thr
 180 185 190

Ala Ser Leu Gly Glu Leu Gly Ser Arg Gln Ile Gln Leu Ala Val Pro
 195 200 205

Gly Ala Tyr Glu Lys Pro Gln Pro Leu Gln Pro Thr Ser Glu Pro Gly
 210 215 220

Leu Pro Val Asn Phe Thr Phe His Met Asn Pro Val Leu Ser Pro Lys
 225 230 235 240

Leu His Ile Lys Leu Gln Glu Gln Leu Gln Val Phe His Ser Gly Pro
 245 250 255

Ser Asp Glu Leu Glu Ala Gln Thr Ser Lys Met Asp Lys Ala Ser Ile
 260 265 270

Leu Leu Ser Ser Leu Pro Leu Asn Glu Glu Leu Thr Lys Leu Val Asp
 275 280 285

Leu Glu Glu Gly Gln Gln Val Thr Leu Arg Met Lys Ala Asp Met Ser
 290 295 300

25/52

Ser Ser Gly Asp Leu Asp Leu Arg Leu Gly Phe Asp Leu Cys Asp Gly
 305 310 315 320

Glu Gln Glu Phe Leu Asp Lys Arg Lys Gln Val Ala Ser Lys Ala Leu
 325 330 335

Gln Arg Val Met Gly Leu Ser Glu Ala Leu His Cys Asp Gln Val Pro
 340 345 350

Val Val Ala Val Leu Gly Ser Gly Gly Gly Thr Arg Ala Met Thr Ser
 355 360 365

Leu Tyr Gly Ser Leu Ala Gly Leu Gln Glu Leu Gly Leu Leu Asp Ala
 370 375 380

Val Thr Tyr Leu Ser Gly Val Ser Gly Ser Ser Trp Cys Ile Ser Thr
 385 390 395 400

Leu Tyr Arg Asp Pro Ser Trp Ser Gln Lys Ala Leu Gln Gly Pro Ile
 405 410 415

Lys Tyr Ala Ser Glu Arg Val Cys Ser Ser Lys Ile Gly Met Leu Ser
 420 425 430

Pro Lys Gln Phe Glu Tyr Tyr Ser Arg Glu Lys Arg Ala Trp Glu Ser
 435 440 445

Arg Gly His Ser Met Ser Phe Thr Asp Leu Trp Gly Leu Ile Ile Glu
 450 455 460

Tyr Phe Leu Asn Gln Glu Glu Asn Pro Ala Lys Leu Ser Asp Gln Gln
 465 470 475 480

Glu Thr Val Ser Gln Gly Gln Asn Pro Tyr Pro Ile Tyr Ala Ser Ile
 485 490 495

Asn Val His Lys Asn Ile Ser Gly Asp Tyr Phe Ala Glu Trp Cys Glu

26/52

500	505	510
Phe Thr Pro Tyr Glu Val Gly Phe Pro Lys Tyr Gly Val Tyr Val Pro		
515	520	525
Thr Glu Leu Phe Gly Ser Glu Phe Phe Met Gly Arg Leu Leu His Phe		
530	535	540
Trp Pro Glu Pro Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Gly Met Trp Gly Ser Ala		
545	550	555
		560
Phe Ala Ala Ser Leu Tyr Glu Ile Phe Leu Lys Leu Gly Gly Leu Ser		
565	570	575
Leu Ser Phe Leu Asp Trp His Arg Gly Ser Val Ser Val Thr Asp Asp		
580	585	590
Trp Pro Lys Leu Arg Lys Gln Asp Pro Thr Arg Leu Pro Thr Arg Leu		
595	600	605
Phe Thr Pro Met Ser Ser Phe Ser Gln Ala Val Leu Asp Ile Phe Thr		
610	615	620
Ser Arg Ile Thr Cys Ala Gln Thr Phe Asn Phe Thr Arg Gly Leu Cys		
625	630	635
		640
Met Tyr Lys Asp Tyr Thr Ala Arg Lys Asp Phe Val Val Ser Glu Asp		
645	650	655
Ala Trp His Ser His Asn Tyr Gly Tyr Pro Asp Ala Cys Pro Asn Gln		
660	665	670
Leu Thr Pro Met Lys Asp Phe Leu Ser Leu Val Asp Gly Gly Phe Ala		
675	680	685
Ile Asn Ser Pro Phe Pro Leu Val Leu Gln Pro Gln Arg Ala Val Asp		
690	695	700

27/52

Leu Ile Val Ser Phe Asp Tyr Ser Leu Glu Gly Pro Phe Glu Val Leu
705 710 715 720

Gln Val Thr Glu Lys Tyr Cys Arg Asp Arg Gly Ile Pro Phe Pro Arg
 725 730 735

Ile Glu Val Asp Pro Lys Asp Ser Glu Asp Pro Arg Glu Cys Tyr Leu
 740 745 750

Phe Thr Glu Ala Glu Asp Pro Cys Ser Pro Ile Val Leu His Phe Pro
 755 760 765

Leu Val Asn Arg Thr Phe Arg Thr His Leu Ala Pro Gly Val Glu Arg
 770 775 780

Gln Thr Ala Glu Glu Lys Ala Phe Gly Asp Phe Ile Ile Asn Gly Pro
785 790 795 800

Asp Thr Ala Tyr Gly Met Met Asp Phe Thr Tyr Glu Pro Lys Glu Phe
 805 810 815

Asp Arg Leu Val Thr Leu Ser Arg Tyr Asn Val Leu Asn Asn Lys Glu
 820 825 830

Thr Ile Arg His Ala Leu Gln Leu Ala Leu Asp Arg Arg Arg Gln Ala
 835 840 845

Gly Gly Arg Val Gly Gly
850

<210> 23

<211> 3112

<212> DNA

<213> Mus musculus

<220>

<221> CDS

<222> (69)..(2630)

28/52

<400> 23

gccagagaaa gggtagctct gggaacagg caagctcct actgggacct gagctgctac 60

tgctggcc atg ccc tgg act ctc cag cca aag tgg ctg gca ggc aag gga 110

Met Pro Trp Thr Leu Gln Pro Lys Trp Leu Ala Gly Lys Gly

1

5

10

ctt ccc ctt ctt gga gcc ata ctg cta cgg aag aca gaa aag agc gaa 158

Leu Pro Leu Leu Gly Ala Ile Leu Leu Arg Lys Thr Glu Lys Ser Glu

15

20

25

30

cca caa tgg aag cat agg cgg gaa acc cac cca tac tac gac ctt caa 206

Pro Gln Trp Lys His Arg Arg Glu Thr His Pro Tyr Tyr Asp Leu Gln

35

40

45

gtg aag gtg ctg agg gcc aga aac atc cag cac aca gat aag ttg tcc 254

Val Lys Val Leu Arg Ala Arg Asn Ile Gln His Thr Asp Lys Leu Ser

50

55

60

aaa gcc gac tgc tat gtt cga ctg tgg ctg ccc acg gct tct gtt agc 302

Lys Ala Asp Cys Tyr Val Arg Leu Trp Leu Pro Thr Ala Ser Val Ser

65

70

75

ccc agt cag aca agg aca gtg gtt aac agc agt gat cca gaa tgg aat 350

Pro Ser Gln Thr Arg Thr Val Val Asn Ser Ser Asp Pro Glu Trp Asn

80

85

90

gag acc ttt cac tat cag atc cac ggc gct gtg aag aac gtc ttg gag 398

Glu Thr Phe His Tyr Gln Ile His Gly Ala Val Lys Asn Val Leu Glu

95

100

105

110

ctt gcc ctt tat gac gag gat gtc ctg gac agt gac aat gtc ttc tcc 446

Leu Ala Leu Tyr Asp Glu Asp Val Leu Asp Ser Asp Asn Val Phe Ser

115

120

125

att ctg ttt gac atg agt act ctc cag cta ggc cag cct tgc aca aaa 494

Ile Leu Phe Asp Met Ser Thr Leu Gln Leu Gly Gln Pro Cys Thr Lys

29/52

130	135	140	
aac ttc acc agg cag cag gat cca aag gag ctg gaa gta gaa ttt act			542
Asn Phe Thr Arg Gln Gln Asp Pro Lys Glu Leu Glu Val Glu Phe Thr			
145	150	155	
ctg gaa aag agt cag acg cct gca tct gaa gtt gtc acc aat ggt gtc			590
Leu Glu Lys Ser Gln Thr Pro Ala Ser Glu Val Val Thr Asn Gly Val			
160	165	170	
ctg gtg gct cac ccc tgt ctg aga att cag ggc aca gtc act gga gac			638
Leu Val Ala His Pro Cys Leu Arg Ile Gln Gly Thr Val Thr Gly Asp			
175	180	185	190
aag aca gcc tcc ctt gga gag ttg ggc tcc agg cag atc cag ctg gca			686
Lys Thr Ala Ser Leu Gly Glu Leu Gly Ser Arg Gln Ile Gln Leu Ala			
195	200	205	
gtg cct ggg gcc tat gaa aag cca cag cct ctg cag ccg acc tcg gag			734
Val Pro Gly Ala Tyr Glu Lys Pro Gln Pro Leu Gln Pro Thr Ser Glu			
210	215	220	
cca ggc ctc cca gtg aac ttt acc ttc cac atg aac cca gtg ctg agc			782
Pro Gly Leu Pro Val Asn Phe Thr Phe His Met Asn Pro Val Leu Ser			
225	230	235	
ccc aag ctg cac ata aag ctg caa gaa cag ctc caa gtc ttc cat agt			830
Pro Lys Leu His Ile Lys Leu Gln Glu Gln Leu Gln Val Phe His Ser			
240	245	250	
ggc ccg agt gat gag ctg gaa gct cag acc agc aag atg gac aag gca			878
Gly Pro Ser Asp Glu Leu Glu Ala Gln Thr Ser Lys Met Asp Lys Ala			
255	260	265	270
agc atc ctg ctc tcc tct ctg ccc ctc aac gag gag tta acg aaa ctt			926
Ser Ile Leu Leu Ser Ser Leu Pro Leu Asn Glu Glu Leu Thr Lys Leu			
275	280	285	

30/52

gtg gac ctg gag gag ggc cag cag gtg act ctt agg atg aag gca gac	974
Val Asp Leu Glu Glu Gly Gln Gln Val Thr Leu Arg Met Lys Ala Asp	
290 295 300	
atg agc agc tct ggg gac ttg gac ctg cgc ctt ggt ttt gac ctc tgt	1022
Met Ser Ser Ser Gly Asp Leu Asp Leu Arg Leu Gly Phe Asp Leu Cys	
305 310 315	
gat ggg gag cag gaa ttt ctg gac aag agg aag cag gtg gcg tcc aag	1070
Asp Gly Glu Gln Glu Phe Leu Asp Lys Arg Lys Gln Val Ala Ser Lys	
320 325 330	
gcc ctg cag cgg gtg atg gga ttg agt gag gct ctg cac tgt gac cag	1118
Ala Leu Gln Arg Val Met Gly Leu Ser Glu Ala Leu His Cys Asp Gln	
335 340 345 350	
gta ccc gtg gta gcc gtg tta ggc tct ggg ggt gga acc aga gcc atg	1166
Val Pro Val Val Ala Val Leu Gly Ser Gly Gly Gly Thr Arg Ala Met	
355 360 365	
act tcc ctg tac ggc agc ctg gct ggg ctg cag gag ctt ggt ctt ctg	1214
Thr Ser Leu Tyr Gly Ser Leu Ala Gly Leu Gln Glu Leu Gly Leu Leu	
370 375 380	
gat gcc gtg acc tac ctg agt ggg gta tct ggg tct tcc tgg tgc atc	1262
Asp Ala Val Thr Tyr Leu Ser Gly Val Ser Gly Ser Ser Trp Cys Ile	
385 390 395	
tct aca ctc tac agg gat cca tcc tgg tcc cag aag gct ttg cag ggc	1310
Ser Thr Leu Tyr Arg Asp Pro Ser Trp Ser Gln Lys Ala Leu Gln Gly	
400 405 410	
ccc att aaa tat gcc tca gag cga gtc tgc agc agt aaa att ggg atg	1358
Pro Ile Lys Tyr Ala Ser Glu Arg Val Cys Ser Ser Lys Ile Gly Met	
415 420 425 430	
ctg tcc cca aag cag ttt gaa tac tac tcc cgg gaa aag aga gcc tgg	1406
Leu Ser Pro Lys Gln Phe Glu Tyr Tyr Ser Arg Glu Lys Arg Ala Trp	

31/52

435	440	445	
gag agc agg gga cac agc atg tcc ttc act gac ttg tgg ggc ctc atc			1454
Glu Ser Arg Gly His Ser Met Ser Phe Thr Asp Leu Trp Gly Leu Ile			
450	455	460	
att gag tat ttc ctg aac cag gag gaa aac cct gcc aag ctg tca gac			1502
Ile Glu Tyr Phe Leu Asn Gln Glu Glu Asn Pro Ala Lys Leu Ser Asp			
465	470	475	
cag caa gaa acg gtc agc cag ggt cag aac cca tac ccc atc tat gcc			1550
Gln Gln Glu Thr Val Ser Gln Gly Gln Asn Pro Tyr Pro Ile Tyr Ala			
480	485	490	
agc att aat gtc cac aaa aac atc agt ggg gac tac ttt gca gag tgg			1598
Ser Ile Asn Val His Lys Asn Ile Ser Gly Asp Tyr Phe Ala Glu Trp			
495	500	505	510
tgt gag ttc acc ccc tat gag gtc ggt ttc ccc aag tac ggg gtt tac			1646
Cys Glu Phe Thr Pro Tyr Glu Val Gly Phe Pro Lys Tyr Gly Val Tyr			
515	520	525	
gtt ccc acg gaa ctc ttt ggc tct gaa ttc ttc atg ggc cgg ctg ctg			1694
Val Pro Thr Glu Leu Phe Gly Ser Glu Phe Phe Met Gly Arg Leu Leu			
530	535	540	
cat ttc tgg cca gag ccc cgc atc tgt tac ctg cag ggt atg tgg gga			1742
His Phe Trp Pro Glu Pro Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Gly Met Trp Gly			
545	550	555	
agt gct ttt gca gcc agc ctg tat gag atc ttc ctg aag ctg gga ggc			1790
Ser Ala Phe Ala Ala Ser Leu Tyr Glu Ile Phe Leu Lys Leu Gly Gly			
560	565	570	
cta agc ctg agc ttt ctg gac tgg cac agg ggg agt gtc agt gtc aca			1838
Leu Ser Leu Ser Phe Leu Asp Trp His Arg Gly Ser Val Ser Val Thr			
575	580	585	590

32/52

gat gac tgg cca aag tta cgg aag cag gac ccc aca cgg ctg cct acc 1886
 Asp Asp Trp Pro Lys Leu Arg Lys Gln Asp Pro Thr Arg Leu Pro Thr
 595 600 605

agg ctc ttc acg cca atg agt tcc ttc tct cag gct gtg ctg gac ata 1934
 Arg Leu Phe Thr Pro Met Ser Ser Phe Ser Gln Ala Val Leu Asp Ile
 610 615 620

ttc acc tcc cgt att act tgt gcc cag acc ttt aac ttt acc cga ggt 1982
 Phe Thr Ser Arg Ile Thr Cys Ala Gln Thr Phe Asn Phe Thr Arg Gly
 625 630 635

ctc tgc atg tac aaa gac tac aca gct aga aag gac ttc gtg gtc tct 2030
 Leu Cys Met Tyr Lys Asp Tyr Thr Ala Arg Lys Asp Phe Val Val Ser
 640 645 650

gaa gat gca tgg cat tca cat aac tat gga tac cct gat gcc tgt ccc 2078
 Glu Asp Ala Trp His Ser His Asn Tyr Gly Tyr Pro Asp Ala Cys Pro
 655 660 665 670

aac cag ctc aca ccc atg aag gac ttc ctg tcc cta gta gat gga ggc 2126
 Asn Gln Leu Thr Pro Met Lys Asp Phe Leu Ser Leu Val Asp Gly Gly
 675 680 685

ttt gct atc aac tcg cca ttt cca ctg gtc ctg cag ccg cag cgg gct 2174
 Phe Ala Ile Asn Ser Pro Phe Pro Leu Val Leu Gln Pro Gln Arg Ala
 690 695 700

gtg gac ctc att gtg tcc ttt gac tat tcc ttg gaa ggt cct ttt gag 2222
 Val Asp Leu Ile Val Ser Phe Asp Tyr Ser Leu Glu Gly Pro Phe Glu
 705 710 715

gtc ctg cag gtg aca gag aag tac tgc cgg gac cga ggg atc ccc ttc 2270
 Val Leu Gln Val Thr Glu Lys Tyr Cys Arg Asp Arg Gly Ile Pro Phe
 720 725 730

cca agg att gag gtg gac ccc aag gac tct gaa gac ccc cgt gaa tgc 2318
 Pro Arg Ile Glu Val Asp Pro Lys Asp Ser Glu Asp Pro Arg Glu Cys

33/52

735	740	745	750	
tat ctg ttt acc gag gca gag gac ccc tgc tgc ccc atc gtg ctg cat	2366			
Tyr Leu Phe Thr Glu Ala Glu Asp Pro Cys Ser Pro Ile Val Leu His				
755	760	765		
ttc cct ctg gtc aac agg acc ttt cgc acg cac ctg gcc cca ggt gtg	2414			
Phe Pro Leu Val Asn Arg Thr Phe Arg Thr His Leu Ala Pro Gly Val				
770	775	780		
gaa cga caa aca gct gag gag aag gcc ttc ggg gac ttt atc atc aac	2462			
Glu Arg Gln Thr Ala Glu Glu Lys Ala Phe Gly Asp Phe Ile Ile Asn				
785	790	795		
ggg cca gat act gcc tat ggc atg atg gat ttc acc tat gag ccc aag	2510			
Gly Pro Asp Thr Ala Tyr Gly Met Met Asp Phe Thr Tyr Glu Pro Lys				
800	805	810		
gaa ttt gat cgg ctg gtg acc ctg agc cga tac aac gtc ttg aac aac	2558			
Glu Phe Asp Arg Leu Val Thr Leu Ser Arg Tyr Asn Val Leu Asn Asn				
815	820	825	830	
aag gag act atc agg cat gcc ctc cag ctg gct ctg gac cgg cgg cgg	2606			
Lys Glu Thr Ile Arg His Ala Leu Gln Leu Ala Leu Asp Arg Arg Arg				
835	840	845		
cag gct ggg gga agg gtt ggg ggc tgatcatg agagtcagag gactgtggtg	2660			
Gln Ala Gly Gly Arg Val Gly Gly				
850				
gtgtgatgga ggaccttaag tcagagtatg ctgagggaga gggaagactt taaacacttt	2720			
ctgttttcca cttctccttc ccagagaaga tggggcagta tctctctctc tctctctctg	2780			
agtgcttggg ggtcctgtgc aggagagaac agagttcata ttatattggg gtgtagagag	2840			
ccaggcagca gcttcacag aaggcgcacc cccaccccca ccacagaagg acctctggaa	2900			

34/52

agaacccaag cattcagagc ttcaccacag agctgtgggc tgaggaacca gctgtcctta 2960
cactgatgca gaactacagc tgctcacact tccacagagt ggccagctct gaccactcc 3020
aagcccccg actcagtgat gtggagaata aacagcagct atgtgggtcg ccagcctgtg 3080
tcactgaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 3112

<210> 24

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 24

tgytaytnc arggnatgtg g 21

<210> 25

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 25

ytcrtangtr aarttcatca t 21

<210> 26

<211> 261

<212> PRT

<213> Rattus norvegicus

<400> 26

Tyr Leu Gln Gly Met Trp Gly Ser Ala Phe Ala Ala Ser Leu Tyr Glu

35/52

1	5	10	15
Ile Phe Leu Lys Met Arg Gly Pro Arg Leu Gly Phe Leu Asp Trp His	20	25	30
Arg Gly Thr Val Ser Val Thr Asp Asp Trp Pro Lys Leu Arg Lys Gln	35	40	45
Asp Pro Thr Arg Leu Pro Thr Arg Leu Phe Thr Ser Lys Ser Phe Phe	50	55	60
Ser Lys Ala Val Leu Asp Ile Phe Thr Ser Arg Phe Thr Cys Ala Gln	65	70	75
Thr Phe Asn Phe Thr Arg Gly Leu Cys Leu Tyr Lys Asp Tyr Thr Ala	85	90	95
Arg Lys Asp Phe Val Val Ser Glu Asp Ala Trp His Ser Asp Asn Tyr	100	105	110
Lys His Leu Asp Ala Cys Pro Asn Gln Leu Thr Pro Met Lys Asp Phe	115	120	125
Leu Ser Leu Val Asp Gly Gly Phe Ala Ile Asn Ser Pro Phe Pro Leu	130	135	140
Ile Leu Gln Pro Gln Arg Ala Val Asp Leu Ile Val Ser Phe Asp Tyr	145	150	155
Ser Leu Glu Ala Pro Phe Glu Val Leu Gln Val Thr Glu Lys Tyr Cys	165	170	175
Arg Asp Arg Gly Ile Pro Phe Pro Arg Ile Glu Val Asp Pro Lys Asp	180	185	190
Ser Lys Asp Pro Arg Glu Cys Tyr Leu Phe Thr Glu Ala Glu Asp Pro	195	200	205

36/52

Cys Ser Pro Ile Val Leu His Phe Pro Leu Val Asn Arg Thr Phe Arg
 210 215 220

Lys His Leu Ala Pro Gly Val Glu Arg Gln Thr Ala Glu Glu Lys Ala
 225 230 235 240

Phe Gly Asp Phe Ile Ile Asn Gly Pro Asp Thr Ala Tyr Gly Met Met
 245 250 255

Asn Phe Thr Tyr Glu
 260

<210> 27

<211> 783

<212> DNA

<213> Rattus norvegicus

<400> 27

tacttgcagg gaatgtgggg aagtgcctttt gcagccagcc tgtatgagat cttcctgaag 60

atgagaggcc caagactggg cttcctggac tggcacagag gcaactgtcag tgtcacagat 120

gactggccaa agttacggaa gcaggacccc actcggtgc ccaccaggct ctttacctca 180

aagagtttct tctctaaggc tgtgctggac atattcacct cccgctttac ttgtgcccag 240

acctttaact ttaccgagg tctctgcctg tacaaggact acacagctag aaaggacttt 300

gtggtctctg aagatgcatg gcattcagat aattacaaac acctcgatgc ctgtcccaac 360

cagcttacac ccatgaagga cttcctgtcc ttagtggatg gaggctttgc catcaactca 420

ccattcccac tgatcctgca gccgcagcgg gctgtggacc tcattgtgtc ctttgactat 480

tccttggaag ccccttttga ggtcctgcag gtgacagaga agtactgccg ggaccgaggg 540

atccccttcc caaggattga ggtagacccc aaggactcta aggacccccg tgaatgctat 600

37/52

ctgtttactg aggcggagga cccctgctcg cccattgtgc tgcattttcc tcttgtcaac 660
aggacctttc gcaaacacct ggctccagga gtggaacgac aaacagctga ggagaaggcc 720
ttcggggact ttatcatcaa cgggccagat actgcctatg gaatgatgaa cttcacctac 780
gag 783

<210> 28

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 28

acctcattgt gtcctttgac 20

<210> 29

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 29

caagacgttg tatcggtca 20

<210> 30

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

38/52

<400> 30
tgtgctggac atattcacct c 21

<210> 31
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 31
aaggcettct cctcagctgt 20

<210> 32
<211> 21
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 32
ctaagaatcc tgatgtggag a 21

<210> 33
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 33
cttgatcatc ccagcacaga 20

<210> 34
<211> 21

39/52

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 34

acttctgctt gcagagaagt g

21

<210> 35

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 35

caactctgag tagcagtcag t

21

<210> 36

<211> 22

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 36

cccatcacca tcttccagga gc

22

<210> 37

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

40/52

<400> 37

ttcaccacct tcttgatgtc atcata

26

<210> 38

<211> 853

<212> PRT

<213> Mus musculus

<400> 38

Met Pro Trp Thr Leu Gln Pro Lys Trp Leu Ala Gly Lys Gly Leu Pro
 1 5 10 15

Leu Leu Gly Ala Ile Leu Leu Arg Lys Thr Glu Lys Ser Glu Pro Gln
 20 25 30

Trp Lys His Arg Arg Glu Thr His Pro Tyr Tyr Asp Leu Gln Val Lys
 35 40 45

Val Leu Arg Ala Arg Asn Ile Gln His Thr Asp Lys Leu Ser Lys Ala
 50 55 60

Asp Cys Tyr Val Arg Leu Trp Leu Pro Thr Ala Ser Val Ser Pro Ser
 65 70 75 80

Gln Thr Arg Thr Val Val Asn Ser Ser Asp Pro Glu Trp Asn Glu Thr
 85 90 95

Phe Pro Tyr Gln Ile His Gly Ala Val Lys Asn Val Leu Glu Leu Ala
 100 105 110

Leu Tyr Asp Glu Asp Val Leu Asp Ser Asp Asn Val Phe Ser Ile Leu
 115 120 125

Phe Asp Thr Ser Thr Leu Gln Leu Gly Gln Pro Cys Thr Lys Asn Phe
 130 135 140

Thr Arg Gln Gln Asp Pro Lys Glu Leu Glu Val Glu Phe Thr Leu Glu

145						150						155						160
Lys	Ser	Gln	Thr	Pro	Ala	Ser	Glu	Val	Val	Thr	Asn	Gly	Val	Leu	Val			
				165							170			175				
Ala	His	Pro	Cys	Leu	Arg	Ile	Gln	Gly	Thr	Val	Thr	Gly	Asp	Lys	Thr			
				180							185			190				
Ala	Ser	Leu	Gly	Glu	Leu	Gly	Ser	Arg	Gln	Ile	Gln	Leu	Ala	Val	Pro			
				195							200			205				
Gly	Ala	Tyr	Glu	Lys	Pro	Gln	Pro	Leu	Gln	Pro	Thr	Ser	Glu	Pro	Gly			
				210							215			220				
Leu	Pro	Val	Asn	Phe	Thr	Phe	His	Val	Asn	Pro	Val	Leu	Ser	Pro	Lys			
225							230							235			240	
Leu	His	Ile	Lys	Leu	Gln	Glu	Gln	Leu	Gln	Val	Phe	His	Ser	Gly	Pro			
				245							250			255				
Ser	Asp	Glu	Leu	Glu	Ala	Gln	Thr	Ser	Lys	Met	Asp	Lys	Ala	Ser	Ile			
				260							265			270				
Leu	Leu	Ser	Ser	Leu	Pro	Leu	Asn	Glu	Glu	Leu	Thr	Lys	Leu	Val	Asp			
				275							280			285				
Leu	Glu	Glu	Gly	Gln	Gln	Val	Ser	Leu	Arg	Met	Lys	Ala	Asp	Met	Ser			
290							295							300				
Ser	Gly	Asp	Leu	Asp	Leu	Arg	Leu	Gly	Phe	Asp	Leu	Cys	Asp	Gly	Glu			
305							310							315			320	
Gln	Glu	Phe	Leu	Asp	Lys	Arg	Lys	Gln	Val	Ala	Ser	Lys	Ala	Leu	Gln			
				325							330			335				
Arg	Val	Met	Gly	Leu	Ser	Glu	Ala	Leu	His	Cys	Asp	Gln	Val	Pro	Val			
				340							345			350				

42/52

Val Ala Val Leu Gly Ser Gly Gly Gly Thr Arg Ala Met Thr Ser Leu
 355 360 365

Tyr Gly Ser Leu Ala Gly Leu Gln Glu Leu Gly Leu Leu Asp Ala Val
 370 375 380

Thr Tyr Leu Ser Gly Val Ser Gly Ser Ser Trp Cys Ile Ser Thr Leu
 385 390 395 400

Tyr Arg Asp Pro Ser Trp Ser Gln Lys Ala Leu Gln Gly Pro Ile Lys
 405 410 415

Tyr Ala Ser Glu Arg Val Cys Ser Ser Lys Ile Gly Met Leu Ser Pro
 420 425 430

Lys Gln Phe Glu Tyr Tyr Ser Arg Glu Lys Arg Ala Trp Glu Ser Arg
 435 440 445

Gly His Ser Met Ser Phe Thr Asp Leu Trp Gly Leu Ile Ile Glu Tyr
 450 455 460

Phe Leu Asn Gln Glu Glu Asn Pro Ala Lys Leu Ser Asp Gln Gln Glu
 465 470 475 480

Thr Val Ser Gln Gly Gln Asn Pro Tyr Pro Ile Tyr Ala Ser Ile Asn
 485 490 495

Val His Lys Asn Ile Ser Gly Asp Asp Phe Ala Glu Trp Cys Glu Phe
 500 505 510

Thr Pro Tyr Glu Val Gly Phe Pro Lys Tyr Gly Ala Tyr Val Pro Thr
 515 520 525

Glu Leu Phe Gly Ser Glu Phe Phe Met Gly Arg Leu Leu His Phe Trp
 530 535 540

Pro Glu Pro Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Gly Met Trp Gly Ser Ala Phe
 545 550 555 560

43/52

Ala Ala Ser Leu Tyr Glu Ile Phe Leu Lys Leu Gly Gly Leu Ser Leu
565 570 575

Ser Phe Leu Asp Trp His Arg Gly Ser Val Ser Val Thr Asp Asp Trp
580 585 590

Pro Lys Leu Arg Lys Gln Asp Pro Thr Arg Leu Pro Thr Arg Leu Phe
595 600 605

Thr Pro Met Ser Ser Phe Ser Gln Ala Val Leu Asp Ile Phe Thr Ser
610 615 620

Arg Ile Thr Cys Ala Gln Thr Phe Asn Phe Thr Arg Gly Leu Cys Met
625 630 635 640

Tyr Lys Asp Tyr Thr Ala Arg Lys Asp Phe Val Val Ser Glu Asp Ala
645 650 655

Trp His Ser His Asn Tyr Gly Tyr Pro Asp Ala Cys Pro Asn Gln Leu
660 665 670

Thr Pro Met Lys Asp Phe Leu Ser Leu Val Asp Gly Gly Phe Ala Ile
675 680 685

Asn Ser Pro Phe Pro Leu Val Leu Gln Pro Gln Arg Ala Val Asp Leu
690 695 700

Ile Val Ser Phe Asp Tyr Ser Leu Glu Gly Pro Phe Glu Val Leu Gln
705 710 715 720

Val Thr Glu Lys Tyr Cys Arg Asp Arg Gly Ile Pro Phe Pro Arg Ile
725 730 735

Glu Val Asp Pro Lys Asp Ser Glu Asp Pro Arg Glu Cys Tyr Leu Phe
740 745 750

Ala Glu Ala Glu Asp Pro Cys Ser Pro Ile Val Leu His Phe Pro Leu

44/52

755		760		765
Val Asn Arg Thr Phe Arg Thr His Leu Ala Pro Gly Val Glu Arg Gln				
770		775		780
Thr Ala Glu Glu Lys Ala Phe Gly Asp Phe Ile Ile Asn Gly Pro Asp				
785		790		800
Thr Ala Tyr Gly Met Met Asp Phe Thr Tyr Glu Pro Lys Glu Phe Asp				
	805		810	815
Arg Leu Val Thr Leu Ser Arg Tyr Asn Val Leu Asn Asn Lys Glu Thr				
	820		825	830
Ile Arg His Ala Leu Gln Leu Ala Leu Asp Arg Arg Arg Gln Ala Gly				
	835		840	845
Gly Arg Val Gly Gly				
850				

<210> 39

<211> 2694

<212> DNA

<213> Mus musculus

<220>

<221> CDS

<222> (52)...(2610)

<400> 39

tctgggaaac aggcaagctc cctactggga cctgagctgc tactgctggc c atg ccc 57

Met Pro

1

tgg act ctc cag cca aag tgg ctg gca ggc aag gga ctt ccc ctt ctt 105

Trp Thr Leu Gln Pro Lys Trp Leu Ala Gly Lys Gly Leu Pro Leu Leu

45/52

5	10	15	
gga gcc ata ctg cta cgg aag aca gaa aag agc gaa cca caa tgg aag			153
Gly Ala Ile Leu Leu Arg Lys Thr Glu Lys Ser Glu Pro Gln Trp Lys			
20	25	30	
cat agg cgg gaa acc cac cca tac tac gac ctt caa gtg aag gtg ctg			201
His Arg Arg Glu Thr His Pro Tyr Tyr Asp Leu Gln Val Lys Val Leu			
35	40	45	50
agg gcc aga aac atc cag cac aca gat aag ttg tcc aaa gcc gac tgc			249
Arg Ala Arg Asn Ile Gln His Thr Asp Lys Leu Ser Lys Ala Asp Cys			
55	60	65	
tat gtt cga ctg tgg ctg ccc acg gct tct gtt agc ccc agt cag aca			297
Tyr Val Arg Leu Trp Leu Pro Thr Ala Ser Val Ser Pro Ser Gln Thr			
70	75	80	
agg aca gtg gtt aac agc agt gat cca gaa tgg aat gag acc ttt ccc			345
Arg Thr Val Val Asn Ser Ser Asp Pro Glu Trp Asn Glu Thr Phe Pro			
85	90	95	
tat cag atc cac ggc gct gtg aag aac gtc ctg gag ctt gcc ctt tat			393
Tyr Gln Ile His Gly Ala Val Lys Asn Val Leu Glu Leu Ala Leu Tyr			
100	105	110	
gac gag gat gtc ctg gac agt gac aat gtc ttc tcc att ctg ttt gac			441
Asp Glu Asp Val Leu Asp Ser Asp Asn Val Phe Ser Ile Leu Phe Asp			
115	120	125	130
acg agt act ctt cag cta ggc cag cct tgc aca aaa aac ttc acc agg			489
Thr Ser Thr Leu Gln Leu Gly Gln Pro Cys Thr Lys Asn Phe Thr Arg			
135	140	145	
cag cag gat cca aaa gag ctg gaa gta gaa ttt act ctg gaa aag agt			537
Gln Gln Asp Pro Lys Glu Leu Glu Val Glu Phe Thr Leu Glu Lys Ser			
150	155	160	

46/52

cag acg cct gca tct gaa gtt gtc acc aat ggt gtc ctg gtg gct cac	585
Gln Thr Pro Ala Ser Glu Val Val Thr Asn Gly Val Leu Val Ala His	
165 170 175	
ccc tgt ctg aga att cag ggc aca gtc act gga gac aag aca gcc tcc	633
Pro Cys Leu Arg Ile Gln Gly Thr Val Thr Gly Asp Lys Thr Ala Ser	
180 185 190	
ctt gga gag ttg ggc tcc agg cag atc cag ctg gca gtg cct ggg gcc	681
Leu Gly Glu Leu Gly Ser Arg Gln Ile Gln Leu Ala Val Pro Gly Ala	
195 200 205 210	
tat gaa aag cca cag cct ctg cag cca acc tcg gag cca ggc ctc cca	729
Tyr Glu Lys Pro Gln Pro Leu Gln Pro Thr Ser Glu Pro Gly Leu Pro	
215 220 225	
gtg aac ttt acc ttc cac gtg aac cca gtg ctg agc ccc aag ctg cac	777
Val Asn Phe Thr Phe His Val Asn Pro Val Leu Ser Pro Lys Leu His	
230 235 240	
ata aag ctg caa gaa cag ctc caa gtc ttc cat agt ggc ccg agt gat	825
Ile Lys Leu Gln Glu Gln Leu Gln Val Phe His Ser Gly Pro Ser Asp	
245 250 255	
gag ctg gaa gct cag acc agc aag atg gac aag gca agc atc ctg ctc	873
Glu Leu Glu Ala Gln Thr Ser Lys Met Asp Lys Ala Ser Ile Leu Leu	
260 265 270	
tcc tct ctg ccc ctc aac gag gag tta acg aaa ctt gtg gac ctg gag	921
Ser Ser Leu Pro Leu Asn Glu Glu Leu Thr Lys Leu Val Asp Leu Glu	
275 280 285 290	
gag ggc cag cag gtg tct ctt agg atg aag gca gac atg agc tct ggg	969
Glu Gly Gln Gln Val Ser Leu Arg Met Lys Ala Asp Met Ser Ser Gly	
295 300 305	
gac ttg gac ctg cgc ctt ggt ttt gac ctc tgt gat gga gag cag gaa	1017
Asp Leu Asp Leu Arg Leu Gly Phe Asp Leu Cys Asp Gly Glu Gln Glu	

47/52

310	315	320	
ttt ctg gac aag agg aag cag gtg gcg tcc aag gcc ctg cag cgg gtg			1065
Phe Leu Asp Lys Arg Lys Gln Val Ala Ser Lys Ala Leu Gln Arg Val			
325	330	335	
atg gga ttg agt gag gct ctg cac tgt gac cag gta cct gtg gta gcc			1113
Met Gly Leu Ser Glu Ala Leu His Cys Asp Gln Val Pro Val Val Ala			
340	345	350	
gtg tta ggc tct ggg ggt gga acc aga gcc atg act tcc ctg tac ggc			1161
Val Leu Gly Ser Gly Gly Gly Thr Arg Ala Met Thr Ser Leu Tyr Gly			
355	360	365	370
agc ctg gct ggg ctg cag gag ctt ggt ctt ctg gat gcc gtg acc tac			1209
Ser Leu Ala Gly Leu Gln Glu Leu Gly Leu Leu Asp Ala Val Thr Tyr			
375	380	385	
ctg agt ggg gtc tct ggg tct tcc tgg tgc atc tct aca ctc tac agg			1257
Leu Ser Gly Val Ser Gly Ser Ser Trp Cys Ile Ser Thr Leu Tyr Arg			
390	395	400	
gat cca tcc tgg tcc cag aag gct ttg cag ggc ccc att aaa tat gcc			1305
Asp Pro Ser Trp Ser Gln Lys Ala Leu Gln Gly Pro Ile Lys Tyr Ala			
405	410	415	
tca gag cga gtc tgc agc agt aaa att ggg atg ctg tcc cca aag cag			1353
Ser Glu Arg Val Cys Ser Ser Lys Ile Gly Met Leu Ser Pro Lys Gln			
420	425	430	
ttt gaa tac tac tcc cgg gaa aag aga gcc tgg gag agc agg gga cac			1401
Phe Glu Tyr Tyr Ser Arg Glu Lys Arg Ala Trp Glu Ser Arg Gly His			
435	440	445	450
agc atg tcc ttc act gac ttg tgg ggc ctc atc att gag tat ttc ctg			1449
Ser Met Ser Phe Thr Asp Leu Trp Gly Leu Ile Ile Glu Tyr Phe Leu			
455	460	465	

48/52

aac cag gag gaa aac cct gcc aag ctg tca gac cag caa gaa acg gtc 1497
 Asn Gln Glu Glu Asn Pro Ala Lys Leu Ser Asp Gln Gln Glu Thr Val
 470 475 480

agc cag ggt cag aac cca tac ccc atc tat gcc agc att aat gtc cac 1545
 Ser Gln Gly Gln Asn Pro Tyr Pro Ile Tyr Ala Ser Ile Asn Val His
 485 490 495

aaa aac atc agt ggg gac gac ttt gca gag tgg tgc gag ttc acc ccc 1593
 Lys Asn Ile Ser Gly Asp Asp Phe Ala Glu Trp Cys Glu Phe Thr Pro
 500 505 510

tat gag gtc ggt ttc ccc aag tac ggg gct tac gtt ccc acg gaa ctc 1641
 Tyr Glu Val Gly Phe Pro Lys Tyr Gly Ala Tyr Val Pro Thr Glu Leu
 515 520 525 530

ttt ggc tct gaa ttc ttc atg ggc cgg ctg ctg cat ttc tgg cca gag 1689
 Phe Gly Ser Glu Phe Phe Met Gly Arg Leu Leu His Phe Trp Pro Glu
 535 540 545

ccc cgc atc tgt tac ctg cag ggt atg tgg gga agt gct ttt gca gcc 1737
 Pro Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Gly Met Trp Gly Ser Ala Phe Ala Ala
 550 555 560

agc ctg tat gag atc ttc ctg aag ctg gga ggc cta agc ctg agc ttt 1785
 Ser Leu Tyr Glu Ile Phe Leu Lys Leu Gly Gly Leu Ser Leu Ser Phe
 565 570 575

ctg gac tgg cac agg ggg agt gtc agt gtc aca gat gac tgg cca aag 1833
 Leu Asp Trp His Arg Gly Ser Val Ser Val Thr Asp Asp Trp Pro Lys
 580 585 590

tta cgg aag cag gac ccc aca cgg ctg cct acc aga ctc ttc acg cca 1881
 Leu Arg Lys Gln Asp Pro Thr Arg Leu Pro Thr Arg Leu Phe Thr Pro
 595 600 605 610

atg agt tcc ttc tct cag gct gtg ctg gac ata ttc acc tcc cgt att 1929
 Met Ser Ser Phe Ser Gln Ala Val Leu Asp Ile Phe Thr Ser Arg Ile

49/52

615	620	625	
act tgt gcc cag acc ttt aac ttt acc cga ggt ctc tgc atg tac aaa			1977
Thr Cys Ala Gln Thr Phe Asn Phe Thr Arg Gly Leu Cys Met Tyr Lys			
630	635	640	
gac tac aca gct aga aag gac ttc gtg gtc tct gaa gat gca tgg cat			2025
Asp Tyr Thr Ala Arg Lys Asp Phe Val Val Ser Glu Asp Ala Trp His			
645	650	655	
tca cat aac tat gga tac cct gat gcc tgt ccc aac cag ctc aca ccc			2073
Ser His Asn Tyr Gly Tyr Pro Asp Ala Cys Pro Asn Gln Leu Thr Pro			
660	665	670	
atg aag gac ttc ctg tcc cta gta gat gga ggc ttt gct atc aac tcg			2121
Met Lys Asp Phe Leu Ser Leu Val Asp Gly Gly Phe Ala Ile Asn Ser			
675	680	685	690
cca ttt cca ctg gtc ctg cag ccg cag cgg gct gtg gac ctc att gtg			2169
Pro Phe Pro Leu Val Leu Gln Pro Gln Arg Ala Val Asp Leu Ile Val			
695	700	705	
tcc ttt gac tat tcc ttg gaa ggc cct ttt gag gtc ctg cag gtg aca			2217
Ser Phe Asp Tyr Ser Leu Glu Gly Pro Phe Glu Val Leu Gln Val Thr			
710	715	720	
gag aag tac tgc cgg gac cga ggg atc ccc ttc cca agg att gag gtg			2265
Glu Lys Tyr Cys Arg Asp Arg Gly Ile Pro Phe Pro Arg Ile Glu Val			
725	730	735	
gac ccc aag gac tct gaa gac ccc cgt gaa tgc tat ctg ttt gct gag			2313
Asp Pro Lys Asp Ser Glu Asp Pro Arg Glu Cys Tyr Leu Phe Ala Glu			
740	745	750	
gca gag gac ccc tgc tcg ccc atc gtg ctg cat ttc cct ctt gtc aac			2361
Ala Glu Asp Pro Cys Ser Pro Ile Val Leu His Phe Pro Leu Val Asn			
755	760	765	770

50/52

agg acc ttt cgc acg cac ctg gcc cca ggt gtg gaa cga caa aca gct. 2409
 Arg Thr Phe Arg Thr His Leu Ala Pro Gly Val Glu Arg Gln Thr Ala
 775 780 785

gag gag aag gcc ttc ggg gac ttt atc atc aac ggg cca gat act gcc 2457
 Glu Glu Lys Ala Phe Gly Asp Phe Ile Ile Asn Gly Pro Asp Thr Ala
 790 795 800

tat ggc atg atg gat ttc acc tac gag ccc aag gaa ttt gat cgg ctg 2505
 Tyr Gly Met Met Asp Phe Thr Tyr Glu Pro Lys Glu Phe Asp Arg Leu
 805 810 815

gtg acc ctg agc cga tac aac gtc ttg aac aac aag gag act atc agg 2553
 Val Thr Leu Ser Arg Tyr Asn Val Leu Asn Asn Lys Glu Thr Ile Arg
 820 825 830

cat gcc ctc cag ctg gct ctg gac cgg cgg cgg cag gct ggg gga agg 2601
 His Ala Leu Gln Leu Ala Leu Asp Arg Arg Arg Gln Ala Gly Gly Arg
 835 840 845 850

gtt ggg ggc tgatcacatg agagtcagag gactgtggtg gtgtgatgga 2650
 Val Gly Gly

ggaccttaag tcagagtatg ctgagggaga gggaagactt taaa 2694

<210> 40

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 40

tctgggaaac aggcaagctc

20

<210> 41

<211> 20

51/52

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 41

tcctggttca ggaaatactc

20

<210> 42

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 42

tggttttgac ctctgtgatg

20

<210> 43

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 43

tgtaaggaca gctggttcct

20

<210> 44

<211> 49

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

52/52

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 44

gccaccatgg actacaagga cgatgacgac aagtggttg caggcaagg

49

<210> 45

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 45

gtacctggtc acagtgcaga

20

<210> 46

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 46

atcccttgat actgagacct c

21

<210> 47

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 47

tccagttgtc atgggattgc a

21

出願人又は代理人の書類記号 1 3 4 0	国際出願番号 PCT/JP01/08138
--------------------------	--------------------------

寄託された微生物に関する表示
〔PCT規則13の2〕

A. 以下に示される表示は、明細書中に言及されている微生物に関するものである。 _____ 1 5 _____ 頁、 _____ 9 _____ 行	
B. 寄託の表示 他の寄託が別紙に記載されている ☐	
寄託機関の名称 独立行政法人産業技術総合研究所 特許生物寄託センター	
寄託機関のあて名（郵便番号及び国名を含む） 日本国茨城県つくば市東1丁目1番地1 中央第6（郵便番号305-8566）	
寄託の日付 2 5 . 0 8 . 0 0	受託番号 F E R M B P - 7 2 8 1
C. 追加の表示（該当しない場合には記載しない） この情報は別紙に続いている ☐	
ヨーロッパ特許が求められているそれぞれの指定国については、寄託微生物の標本の分譲は欧州特許を付与する旨の告示が公表されるまで、又は欧州特許出願が拒絶され、取下げられ若しくは取下げられたとみなされる日まで標本の請求人により指名された専門家に分譲することによってのみ可能である（Rule 28 (4) EPC）。	
D. この表示を行うための指定国（すべての指定国のために行わない場合）	
E. 追加事項の表示の提出（該当しない場合には記載しない）	
下記の表示は後に国際事務局に届け出る予定である。（例えば「受託番号」のように表示事項を明記する）	

——— 受理官庁記入欄 ———	
☒ この用紙は国際出願とともに受理した	
権限のある職員	仲村 和雄

——— 国際事務局記入欄 ———	
☒ この用紙が国際事務局に受理された日	
0 5 OCT 2001	
権限のある職員	窪 進

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP01/08138

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER
Int.Cl⁷ C12N15/55, C12N9/16, C12N5/10, C12N1/21, C12Q1/68, C07K16/40, G01N33/573, G01N33/50, G01N33/15, A61K38/46, A61K31/711, A61K39/395, A61P11/06, A61P9/10, A61P19/02, A61P39/00, A61P7/00, A61P17/00, A61P25/16, A61P5/38, A61P25/28, A61P35/00, A61P13/12

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)

Int.Cl⁷ C12N15/55, C12N9/16, C12N5/10, C12N1/21, C12Q1/68, C07K16/40, G01N33/573, G01N33/50, G01N33/15, A61K38/46, A61K31/711, A61K39/395, A61P11/06, A61P9/10, A61P19/02, A61P39/00, A61P7/00, A61P17/00, A61P25/16, A61P5/38, A61P25/28, A61P35/00, A61P13/12

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)
JICST FILE (JOIS), WPI (DIALOG), BIOSIS (DIALOG), MEDLINE (STN),
EMBL/DDBJ/Genbank/PIR/Swissprot/Geneseq

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	US 6025178 A (Lilly & Co. Eli), 15 February, 2000 (15.02.00), (Family: none)	1-35, 37-57
A	WO 00/24911 A2 (Incyte Pharm. Inc.), 04 May, 2000 (04.06.00), & AU 200014516 A & EP 1131445 A1	1-35, 37-57
A	WO 00/47763 A1 (Genetics Inst. Inc.), 17 August, 2000 (17.08.00), & AU 200029937 A	1-35, 37-57

☐ Further documents are listed in the continuation of Box C.

☐ 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 document but 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
15 October, 2001 (15.10.01)

Date of mailing of the international search report
23 October, 2001 (23.10.01)

Name and mailing address of the ISA/
Japanese Patent Office

Authorized officer

Facsimile No.

Telephone No.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP01/08138

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

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

1. ☐ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:

2. ☒ Claims Nos.: 36
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:

Concerning the compounds obtained by the screening method as set forth in claim 36, it is completely unknown what particular compounds are involved in the scope thereof and what are not. Thus, the above claim is described in an extremely unclear manner. Such being the case, no meaningful opinion can be made on the novelty, inventive step and industrial applicability of the invention as set forth in the above claim.

3. ☐ Claims 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:

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.

A. 発明の属する分野の分類 (国際特許分類 (IPC)) Int. Cl ⁷ C12N15/55, C12N9/16, C12N5/10, C12N1/21, C12Q1/68, C07K16/40, G01N33/573, G01N33/50, G01N33/15, A61K38/46, A61K31/711, A61K39/395, A61P11/06, A61P9/10, A61P19/02, A61P39/00, A61P7/00, A61P17/00, A61P25/16, A61P5/38, A61P25/28, A61P35/00, A61P13/12		
B. 調査を行った分野 調査を行った最小限資料 (国際特許分類 (IPC)) Int. Cl ⁷ C12N15/55, C12N9/16, C12N5/10, C12N1/21, C12Q1/68, C07K16/40, G01N33/573, G01N33/50, G01N33/15, A61K38/46, A61K31/711, A61K39/395, A61P11/06, A61P9/10, A61P19/02, A61P39/00, A61P7/00, A61P17/00, A61P25/16, A61P5/38, A61P25/28, A61P35/00, A61P13/12		
最小限資料以外の資料で調査を行った分野に含まれるもの		
国際調査で使用した電子データベース (データベースの名称、調査に使用した用語) JICSTファイル(JOIS), WPI(DIALOG), BIOSIS(DIALOG), MEDLINE (STN), EMBL/DDBJ/Genbank/PIR/Swissprot/Geneseq		
C. 関連すると認められる文献		
引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
A	US 6025178 A (LILLY & CO. ELI) 15. 2月. 2000 (15. 02. 00) (ファミリーなし)	1-35, 37-57
A	WO 00/24911 A2 (INCYTE PHARM INC.) 4. 5月. 2000 (04. 05. 00) &AU 200014516 A &EP 1131445 A1	1-35, 37-57
A	WO 00/47763 A1 (GENETICS INST INC.) 17. 8月. 2000 (17. 08. 00) &AU 200029937 A	1-35, 37-57
☐ C欄の続きにも文献が列挙されている。 ☐ パテントファミリーに関する別紙を参照。		
* 引用文献のカテゴリー 「A」 特に関連のある文献ではなく、一般的技術水準を示すもの 「E」 国際出願日前の出願または特許であるが、国際出願日以後に公表されたもの 「L」 優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献 (理由を付す) 「O」 口頭による開示、使用、展示等に言及する文献 「P」 国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願日の後に公表された文献 「T」 国際出願日又は優先日後に公表された文献であって出願と矛盾するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの 「X」 特に関連のある文献であって、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの 「Y」 特に関連のある文献であって、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの 「&」 同一パテントファミリー文献		
国際調査を完了した日 15. 10. 01	国際調査報告の発送日 23.10.01	
国際調査機関の名称及びあて先 日本国特許庁 (ISA/J P) 郵便番号100-8915 東京都千代田区霞が関三丁目4番3号	特許庁審査官 (権限のある職員) 上條 肇 電話番号 03-3581-1101 内線 3448 	

第Ⅰ欄 請求の範囲の一部の調査ができないときの意見 (第1ページの2の続き)

法第8条第3項(PCT17条(2)(a))の規定により、この国際調査報告は次の理由により請求の範囲の一部について作成しなかった。

1. ☐ 請求の範囲 _____ は、この国際調査機関が調査をすることを要しない対象に係るものである。つまり、
2. ☒ 請求の範囲 36 は、有意義な国際調査をすることができる程度まで所定の要件を満たしていない国際出願の部分に係るものである。つまり、
請求の範囲36に記載のスクリーニング方法により得られる化合物については、化合物として具体的にどのような化合物が包含され、どのような化合物が包含されないのかが全く不明であって、前記請求の範囲の記載は著しく不明確である。したがって、前記請求の範囲に記載された発明に係る新規性、進歩性、産業上の利用可能性についての有意義な見解を示すことができない。
3. ☐ 請求の範囲 _____ は、従属請求の範囲であってPCT規則6.4(a)の第2文及び第3文の規定に従って記載されていない。

第Ⅱ欄 発明の単一性が欠如しているときの意見 (第1ページの3の続き)

次に述べるようにこの国際出願に二以上の発明があるとこの国際調査機関は認めた。

1. ☐ 出願人が必要な追加調査手数料をすべて期間内に納付したので、この国際調査報告は、すべての調査可能な請求の範囲について作成した。
2. ☐ 追加調査手数料を要求するまでもなく、すべての調査可能な請求の範囲について調査することができたので、追加調査手数料の納付を求めなかった。
3. ☐ 出願人が必要な追加調査手数料を一部のみしか期間内に納付しなかったため、この国際調査報告は、手数料の納付のあった次の請求の範囲のみについて作成した。
4. ☐ 出願人が必要な追加調査手数料を期間内に納付しなかったため、この国際調査報告は、請求の範囲の最初に記載されている発明に係る次の請求の範囲について作成した。

追加調査手数料の異議の申立てに関する注意

- ☐ 追加調査手数料の納付と共に出願人から異議申立てがあった。
- ☐ 追加調査手数料の納付と共に出願人から異議申立てがなかった。