

【公報種別】特許法第17条の2の規定による補正の掲載

【部門区分】第1部門第1区分

【発行日】平成17年4月7日(2005.4.7)

【公表番号】特表2005-501501(P2005-501501A)

【公表日】平成17年1月20日(2005.1.20)

【年通号数】公開・登録公報2005-003

【出願番号】特願2001-585299(P2001-585299)

【国際特許分類第7版】

C 1 2 N 15/09

A 6 1 K 45/00

A 6 1 P 3/12

A 6 1 P 9/00

A 6 1 P 9/12

A 6 1 P 13/12

A 6 1 P 43/00

C 0 7 K 14/47

C 0 7 K 16/18

C 1 2 N 1/15

C 1 2 N 1/19

C 1 2 N 1/21

C 1 2 N 5/10

C 1 2 Q 1/68

G 0 1 N 33/15

G 0 1 N 33/48

G 0 1 N 33/50

G 0 1 N 33/53

【F I】

C 1 2 N 15/00 Z N A A

A 6 1 K 45/00

A 6 1 P 3/12

A 6 1 P 9/00

A 6 1 P 9/12

A 6 1 P 13/12

A 6 1 P 43/00 1 1 1

C 0 7 K 14/47

C 0 7 K 16/18

C 1 2 N 1/15

C 1 2 N 1/19

C 1 2 N 1/21

C 1 2 Q 1/68 A

G 0 1 N 33/15 Z

G 0 1 N 33/48 Z

G 0 1 N 33/50 Z

G 0 1 N 33/53 D

C 1 2 N 5/00 A

【手続補正書】

【提出日】平成15年2月28日(2003.2.28)

【手続補正1】

【補正対象書類名】明細書

【補正対象項目名】0042

【補正方法】変更

【補正の内容】

【0042】

(3) 配列番号2-3の配列、又は配列番号1のアミノ酸210-661をコードするヌクレオチド配列、及び保存的に修飾されたその変異体に対して、緊縮ハイブリダイゼーション条件下で特異的にハイブリダイズし；又は

(4) 配列番号4-12から成る群から選択されたプライマー組みと同じ配列に対して、緊縮ハイブリダイゼーション条件下で特異的にハイブリダイズする、CNG3B多形変異体、対立遺伝子、変異体及び種間相同体を言及する。

【手続補正2】

【補正対象書類名】明細書

【補正対象項目名】0258

【補正方法】変更

【補正の内容】

【0258】

CNG3Bの中間からの約180bpのバンドを、網膜から調製されたヒトcDNAから増幅し、この組織における発現を示した。このバンドを増幅するために使用されるオリゴヌクレオチドは、5'- (1) TCTATCTCCTGTGGCTCTTGCTTGTC (配列番号4) (センス)、及び5'- (2) GAGTCTGGGCTGGATAAATAGCATATC (配列番号5) (アンチセンス)であった。CNG3Bの中間からの約787bpのバンドを、5'- (3) AGGAATTGGCACTACTAGATGGGTG (配列番号6) (センス)、及び5'- (4) TTCATGAGGATCCTTTCAGAATCAGG (配列番号7) (アンチセンス)オリゴを用いて、ヒト細胞から増幅した。CNG3Bの中間からの約1.26kbのバンドを、5'- (1) TCTATCTCCTGTGGCTCTTGCTTGTC (配列番号4) (センス)、及び5'- (4) TTCATGAGGATCCTTTCAGAATCAGG (配列番号7) (アンチセンス)オリゴを用いて、ヒト網膜から増幅した。1.26kbのフラグメント(5'-1及び4)をサブクローン化し、そしてその配列を確かにした。

【手続補正3】

【補正対象書類名】明細書

【補正対象項目名】0259

【補正方法】変更

【補正の内容】

【0259】

CNG3Bの完全な3'末端を、ヒト網膜cDNAから標準の3' RACE PCR技法により、連続して2度、増幅した。第1の段階においては、使用される遺伝子特異的プライマーは、5'- (5) GGAAACCGTCGAACTGCCAATGTGGT (配列番号8) (センス)であった。この反応は、配列決定される場合、CNG3B mRNAの完全な3'末端を含むことが見出されている約810bpのバンドを生成するネステッド遺伝子特異的オリゴ5'- (6) CGGGTTTGCCAATCTTTAACTCTAGAC (配列番号9) (センス)により再増幅した。このフラグメントは、元の1.26kbのCNG3Bフラグメントとオーバーラップし、連続配列を提供した。

【手続補正4】

【補正対象書類名】明細書

【補正対象項目名】0260

【補正方法】変更

【補正の内容】

【0260】

CNG3Bの5'末端を、2回の標準の5' RACE PCRを用いて、ヒト網膜cDNAから増幅した。オリゴ5'- (2) GAGTCTGGGCTGGATAAATAGCATATC (配列番号5) (アンチセンス)を、第1回目のRACE PCRに使用し、そしてネステッド遺伝子特異的オリゴ5'- (7) GTCCGCAATAA

GCCAGTAGTGTATG (配列番号10) (アンチセンス) を用いて再増幅した。開始コドン (メチオニン) を含むCNG3Bの完全な5'末端を含む約830bpのフラグメントを単離した。このフラグメントは、元の1.26kbのフラグメントをオーバーラップし、元の1.26kbの配列を有する5'及び3'RACE生成物を用いて、CNG3B mRNAの完全な連続コード領域の決定を可能にした。

【手続補正5】

【補正対象書類名】明細書

【補正対象項目名】0261

【補正方法】変更

【補正の内容】

【0261】

次に、CNG3Bの完全なコード領域を、上記フラグメントの配列分析により決定されるように、CNG3Bコード配列をオーバーラップするオリゴヌクレオチドを用いて、単一のフラグメントで単離した。使用されるオリゴヌクレオチドは、5' - (8) TGACAAGCTTCCGCCATGTTAAATCGCTGACAAAAGTC (配列番号11) (センス)、及び5' - (9) TGACGAATTCTCCCAGCATGTCGTTTCCCCTCGTTAA (配列番号12) (アンチセンス) であった。最初のオリゴヌクレオチドは、開始メチオニン、CNG3B遺伝子の最初の24個のコードヌクレオチド、及びプラスミドベクター中にサブクローンするための上流のHindIII制限酵素部位、及び翻訳を増強するためのKozakコンセンサス配列を包含する。

【手続補正6】

【補正対象書類名】明細書

【補正対象項目名】図面の簡単な説明

【補正方法】変更

【補正の内容】

【図面の簡単な説明】

【図1】

図1は、ヒトCNGA1 (配列番号14) 及びCNCA3 (配列番号15) とCNG3B (配列番号13) とのアミノ酸一列整列を示す。同一の残基は陰影部であり、そして右端での数字はアミノ酸位置を示す。

【図2】

図2は、PCRフラグメントのアセンブリーに由来する完全なCNG3B配列 (配列番号16) を示す。コード配列は太字で示され、そして未翻訳配列は通常の型で存在する。

【図3】

図3は、完全なCNG3Bコードヌクレオチド配列 (配列番号3) を示す。

【図4】

図4は、完全なCNG3Bアミノ酸配列 (配列番号1) を示す。