

【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 7 月 7 日 (2005.7.7)

【公表番号】特表 2002-528085 (P2002-528085A)

【公表日】平成 14 年 9 月 3 日 (2002.9.3)

【出願番号】特願 2000-578465 (P2000-578465)

【国際特許分類第 7 版】

C 1 2 N 15/09

A 6 1 K 38/00

A 6 1 K 39/395

A 6 1 K 48/00

A 6 1 P 35/00

C 0 7 K 14/47

C 1 2 Q 1/02

G 0 1 N 33/566

// (C 1 2 Q 1/02

C 1 2 R 1:91)

【F I】

C 1 2 N 15/00 Z N A A

A 6 1 K 39/395 E

A 6 1 K 39/395 T

A 6 1 K 48/00

A 6 1 P 35/00

C 0 7 K 14/47

C 1 2 Q 1/02

G 0 1 N 33/566

A 6 1 K 37/02

C 1 2 Q 1/02

C 1 2 R 1:91

【手続補正書】

【提出日】平成 15 年 10 月 8 日 (2003.10.8)

【手続補正 1】

【補正対象書類名】明細書

【補正対象項目名】0 0 6 7

【補正方法】変更

【補正の内容】

【0 0 6 7】

【表 1】

表1
ヒトMN遺伝子のエキソン-イントロン構造

エキソン	サイズ	ゲノム位置**	配列番号	5' スプライス供与	配列番号
1	445	*3507-3951	28	AGAAG gtaagt	67
2	30	5126-5155	29	TGGAG gtgaga	68
3	171	5349-5519	30	CAGTC gtgagg	69
4	143	5651-5793	31	CCGAG gtgagc	70
5	93	5883-5975	32	TGGAG gtacca	71
6	67	7376-7442	33	GGAAG gtcagt	72
7	158	8777-8934	34	AGCAG gtgggc	73
8	145	9447-9591	35	GCCAG gtacag	74
9	27	9706-9732	36	TGCTG gtgagt	75
10	82	10350-10431	37	CACAG gtatta	76
11	191	10562-10752	38	ATAAT end	
イントロン	サイズ	ゲノム位置**	配列番号	3' スプライス受容	配列番号
1	1174	3952-5125	39	atacag GGGAT	77
2	193	5156-5348	40	ccccag GCGAC	78
3	131	5520-5650	41	acgcag TGCAA	79
4	89	5794-5882	42	tttcag ATCCA	80
5	1400	5976-7375	43	ccccag GAGGG	81
6	1334	7443-8776	44	tcacag GCTCA	82
7	512	8935-9446	45	ccctag CTCCA	83
8	114	9592-9705	46	ctccag TCCAG	84
9	617	9773-10349	47	tcgcag GTGAC	85
10	130	10432-10561	48	acacag AAGGG	86

**位置は、5' 端領域を含む全ゲノム配列中のnt番号に関連する【図2 A-F】

*数字は、RNアーゼ保護アッセイにより以下に測定される転写開始部位に対応する

MN遺伝子転写開始および終了部位のマッピング

Zavada et al., 国際特許出願公開第95/34650号には、MN遺伝子転写開始および終了部位をマッピングする方法が記載されている。MN遺伝子の5' 端の良好なマッピングのためにRNアーゼ保護アッセイが使用された。プローブは一律に標識された470ヌクレオチドコピーRNA(nt - 205から + 265まで)[配列番号55]であり、MNを発現させるHeLaおよびCGI.3細胞からのトータルRNAにハイブリダイズさせ、塩基配列決定ゲル上で分析した。この分析により、MN遺伝子転写は多くの部位で開始することが示され、最長のMN転写物の5' 端は、以前RACEにより特徴付けられていたより30nt長い。

【手続補正2】

【補正対象書類名】明細書

【補正対象項目名】配列表

【補正方法】変更

【補正の内容】