(19)日本国特許庁(JP)　(12)公表特許公報(A)　(11)特許出願公表番号
特表2010-529843
(P2010-529843A)
(43)公表日　平成22年9月2日(2010.9.2)

(51)Int.Cl.		F I			テーマコード（参考）
C12N 15/09	(2006.01)	C12N	15/00	ZNAA	4B024
G01N 33/574	(2006.01)	G01N	33/574	A	4B063
C07K 14/47	(2006.01)	C07K	14/47		4B064
C07K 19/00	(2006.01)	C07K	19/00		4B065
C07K 16/44	(2006.01)	C07K	16/44		4C084

審査請求 未請求　予備審査請求 未請求　（全 83 頁）　最終頁に続く

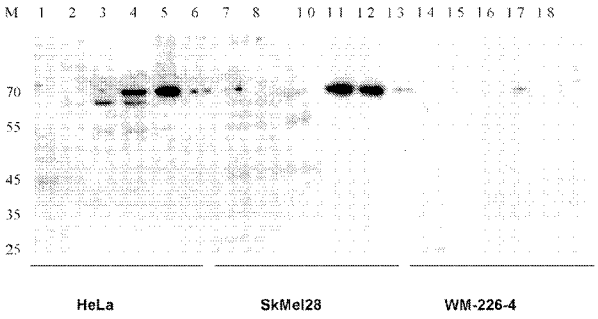
(21)出願番号　特願2010-511287 (P2010-511287)
(86)(22)出願日　平成20年6月3日 (2008.6.3)
(85)翻訳文提出日　平成22年1月22日 (2010.1.22)
(86)国際出願番号　PCT/US2008/065688
(87)国際公開番号　WO2008/151200
(87)国際公開日　平成20年12月11日 (2008.12.11)
(31)優先権主張番号　60/941,678
(32)優先日　平成19年6月3日 (2007.6.3)
(33)優先権主張国　米国 (US)
(31)優先権主張番号　60/941,747
(32)優先日　平成19年6月4日 (2007.6.4)
(33)優先権主張国　米国 (US)

(71)出願人　509010724
オンコティーエックス　インコーポレイテッド
アメリカ合衆国　カリフォルニア州　ロサンゼルス　センチュリー　パーク　イースト　１８０１　スイート　１６００　イシュトバーン　ベンコ内
(74)代理人　100102978
弁理士　清水　初志
(74)代理人　100102118
弁理士　春名　雅夫
(74)代理人　100160923
弁理士　山口　裕孝
(74)代理人　100119507
弁理士　刑部　俊

最終頁に続く

(54)【発明の名称】バイオマーカーおよび薬物標的としての、転写因子複合体の構成要素のがん関連アイソフォーム

(57)【要約】
本発明は、がん細胞において特異的に発現される、転写因子複合体の構成要素のアイソフォームに関する。これらのアイソフォームは、がんの検出、診断、予後判定、および治療モニタリングのためのバイオマーカーとして、ならびに標的とされたアイソフォームを発現する様々ながんを治療するための薬学的組成物の薬物標的として、用いることができる。これらの用途のための方法、分子、材料、およびキットも開示する。



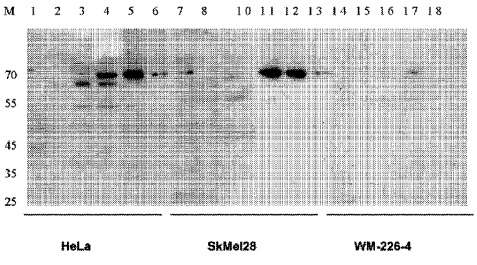


Figure 2

【特許請求の範囲】
【請求項１】
SEQ ID NO：4～207に示されたアイソフォームから選択される、転写コレギュレーターのアイソフォーム。
【請求項２】
請求項1記載のアイソフォームに特異的に結合する、長さが少なくとも6アミノ酸であるペプチド。
【請求項３】
長さが少なくとも12アミノ酸である、請求項2記載のペプチド。
【請求項４】
異種ペプチドと融合した、請求項1記載のアイソフォームまたは請求項2記載のペプチドを含む、融合タンパク質。
【請求項５】
異種ペプチドがSEQ ID NO：1～3からなる群より選択される、請求項3記載の融合タンパク質。
【請求項６】
請求項1記載のアイソフォームに特異的に結合する、抗体。
【請求項７】
検出可能なマーカーによって標識されている、請求項5記載の抗体。
【請求項８】
請求項1記載のアイソフォームをコードするポリヌクレオチドまたはその相補体。
【請求項９】
請求項1～7のいずれか一項記載の分子と、薬学的に許容される担体とを含む、組成物。
【請求項１０】
組織検体中の請求項1記載のアイソフォームの存在を検出する段階を含む、組織検体中のがんを検出するための方法であって、アイソフォームの存在が、がんを示す、方法。
【請求項１１】
検出する段階が、請求項1記載のアイソフォームに特異的に結合する検出可能な分子と組織検体とを接触させること、および検出可能な分子の結合を検出することを含み、検出可能な分子の結合が、がんを示す、請求項10記載の方法。
【請求項１２】
（a）対象から得た組織検体を、検体中に存在する請求項1記載のアイソフォームの量を測定するためにアッセイする段階；および
（b）検体中に存在するアイソフォームの量を、以前の条件下で決定されたアイソフォームの量と比較する段階
を含む、対象におけるがんをモニタリングするための方法であって、アイソフォームの量の変化が、がんの進行の変化を示す、方法。
【請求項１３】
アッセイする段階が、請求項1記載のアイソフォームに特異的に結合する検出可能な分子と検体とを接触させることを含み、検出可能な分子の結合のレベルの変化が、がんの進行の変化を示す、請求項12記載の方法。
【請求項１４】
アッセイする段階（a）が、アイソフォームが結合する組織検体中のがん細胞のパーセンテージを決定すること、および/または組織検体中の検出可能な分子の結合の量を決定することを含む、請求項11記載の方法。
【請求項１５】
がんが、黒色腫、結腸直腸がん、肺がん、肝細胞がん、膵がん、前立腺がん、神経膠腫、膠芽細胞腫、神経芽細胞腫、肉腫、軟骨肉腫、乳がん、卵巣がん、または奇形がん腫である、請求項10～14のいずれか一項記載の方法。
【請求項１６】

アイソフォームに特異的に結合する分子が、抗体である、請求項10～15のいずれか一項記載の方法。
【請求項１７】
抗体が、検出可能なマーカーによって標識されている、請求項16記載の方法。
【請求項１８】
請求項2～5のいずれか一項記載のペプチドとがん細胞とを接触させる段階を含む、がん細胞を死滅させる方法。
【請求項１９】
請求項9記載の組成物の有効量を対象に投与する段階を含む、対象におけるがんを治療する方法。
【発明の詳細な説明】
【技術分野】
【０００１】
本出願は、印刷物（または.pdf）の写しの代わりにテキストファイル（.txt）によって提出された非常に長い配列表を含んでおり、これはその全体が参照により本明細書に組み入れられる。本出願はまた、印刷物（または.pdf）の写しの代わりにテキストファイル（.txt）によって提出された、本明細書において開示される配列を記した非常に長い表（表1）も含んでおり、これはその全体が参照により本明細書に組み入れられる。
【０００２】
本出願は、2007年6月3日に提出された米国仮特許出願第60/941,678号、および2007年6月4日に提出された同第60/941,747号の恩典を主張し、それらの各々のすべての内容は参照により本明細書に組み入れられる。
【０００３】
発明の技術分野
本発明は、がんの検出および治療法に関する。本発明はより具体的には、がん細胞において特異的に発現される、転写因子複合体の構成要素のアイソフォームに関する。これらのアイソフォームは、がんの検出、診断、予後判定、および治療モニタリングのためのバイオマーカーとして、ならびに標的とされたアイソフォームを発現する様々ながんを治療するための薬学的組成物の薬物標的として、用いることができる。
【背景技術】
【０００４】
発明の背景
がんは依然として、全世界を通じて重大な健康上の問題のままである。概して、化学療法または外科手術と放射線療法との組み合わせに基礎をおく現行の治療法は、多くの患者では不十分であることが証明され続けている。
【０００５】
がんの分子細胞生物学は極めて複雑である。現在までに、遺伝子の事実上あらゆるサブグループに相当する数千種もの遺伝子が、腫瘍細胞の無統制な増殖および転移を調節する機序をはじめとするがんの病態生理と関係づけられている。現在では、すべてではないにしても多くのがんが、突然変異した遺伝子または再編成された染色体のいずれかを有する増殖性の幹細胞または前駆細胞から発生することが十分に確立されている。これらの遺伝的変化の結果として、腫瘍細胞では正常細胞と比較して遺伝子およびタンパク質の発現に変化がある（Perou et al., 2000, Hedenfalk et al., 2001, West et al., 2001, Zajchowski et al., 2001）。さらに、遺伝子発現の違いは、型の異なる同じがんの間、または組織学的に類似した腫瘍の間にも存在する。例えば、全ゲノム分析に関するデータから、特定の遺伝子の発現を決定する調節ネットワークも悪性細胞と非悪性細胞では異なることが示されている。
【０００６】
転写レベルでの遺伝子発現の調節は、細胞種およびシグナルに対して特異的な遺伝子発現パターンの決定において鍵となる生物学的プロセスである。上記の目標は主として、正

常細胞およびがん細胞の状況下で根本的な生物学的プロセスを制御する調節ネットワークを形成するタンパク質に狙いを定めている。学際的な取り組みを結集して細胞特異的な遺伝子調節を首尾良く遂行することは、転写調節およびがんの分野における新たなブレークスルーになると見込まれるが、これはそれらが以下のものを含む、そのプロセスにおける新規な局面を取り扱うためである：
・個々の基本的なRNAポリメラーゼII転写複合体の特異的な機能、ならびにそれらが正常細胞およびがん細胞における遺伝子発現の調節にいかに関与するか；
・正常細胞およびがん細胞において、遺伝子特異的な転写がいかにして達成されるか；ならびに
・正常細胞およびがん細胞の転写プロセスが、核内でいかにして空間的に組織化されるか。

【０００７】
本発明者らは、事実上無数の転写複合体が、基本的な転写機構を遺伝子特異的な様式で動員して、分化、成長および発生の期間中の遺伝子の発現を外部シグナル（薬物、化学物質、ストレスなど）に応じて正確に調節することができると仮定している。本明細書で開示される材料および方法は、これらの転写複合体が、がん細胞でいかにして調節不全になるかを解き明かすのに役立つ。

【０００８】
RNAポリメラーゼII（pol II）による、タンパク質をコードする遺伝子の転写の正確な時間的および空間的な調節は、成長、複雑な発生シグナルおよびホメオスタシスシグナルに対する応答といった細胞プログラムの遂行のために極めて重要である。協調的な遺伝子発現を可能にする分子回路は、DNA結合性転写因子（TF）、ならびにクロマチン構造をモジュレートするとともにTFとPolIIとを橋渡しする、SWI/SNF、MED、GTFおよびTAFを含有する複合体を含む、いくつかの転写コレギュレーター複合体（TCC）を基盤とする。数多くのデータが、がん細胞を含む種々の細胞種がTFおよびTCCの構成要素を特異的なパターンで発現することを示している。TCCの構成要素（およびそれらのアイソフォーム）の細胞種特異的な発現は、異なる機能を有する転写複合体の集成の基盤である。異なる転写複合体は、異なるDNA結合因子セットを標的とし、異なる標的遺伝子セットの不活性化を招いて最終的には異なる細胞プログラムの実現を招く。

【０００９】
がん細胞のよく知られた特徴の1つに、正常細胞には存在しない特定のタンパク質アイソフォームをコードするmRNAスプライス変異体の発現がある。多数の研究が、がんに特異的な、またはがんにおいて豊富なmRNAの選択的スプライス変異体の同定を報告している。例えば、3,471,822種のヒト発現配列タグ（EST）配列を用いた11,014種の遺伝子のゲノムワイドコンピュータスクリーニングにより、26,258種の選択的スプライス転写物/mRNAが同定されており、そのうち845種はがんと有意に関連していた（Wang et al., 2003）。遺伝子特異的スプライス変異体のいくつかは、予後判定上の価値があることが示されている。サイクリンEの低分子量アイソフォームの高レベルでの発現は、リンパ節転移陰性（node-negative）およびリンパ節転移陽性（node-positive）のいずれの乳がん患者の生存とも極めて強い相関がある（Porter and Keyomarsi, 2000, Keyomarsi et al., 2002）。ヘリックス-ループ-ヘリックス転写因子ARNTの選択的スプライス変異体の高発現を伴う患者は、低発現の患者よりも無再発生存期間および全生存期間が不良である（Qin et al., 2001）。

【００１０】
ヒトESTデータベースのコンピュータ解析により、各種がん細胞で発現される調節因子（TCC）mRNAスプライス変異体が数多く同定された。本発明は、細胞種および疾患に対して特異的な発現を有する（TCC）の多数の選択的スプライス変異体を明らかにした、各種遺伝子発現データベースおよびESTデータベースを用いたインシリコ分析に基づいている。タンパク質アイソフォームをコードするスプライス変異体は、がん細胞において相対的に量の多いアイソフォームとして発現される。これらのアイソフォームは転写機構を改変

させて遺伝子発現の変化を結果的にもたらし、がんの発生の一因となる可能性がある。

【００１１】

転写複合体は細胞調節機構において中心的な役割を果たすことから、それらは魅力的な薬物標的となっている。がん特異的な転写機構の機能または形成の箇所での干渉は、研究者および臨床医が多数の遺伝子の発現を制御または是正することを可能にする可能性があると考えられる。TCCは少なくとも100個のサブユニットを含むが、異なる細胞種における、および異なるプロモーター上でのそれらの組成は多様であり、異なるTCC複合体メンバーを含んでいる。TCC複合体のこの細胞特異的な多様性により、TCCを標的とする候補となる治療法の特異性が保証される。本発明者らは、各種がん細胞から、活性が変化している可能性のある、TCCの構成要素の多数のアイソフォームを単離した。TAFを含有する複合体は、がん細胞の増殖および転移のいくつかの局面を制御することが示されている（Guipaud et al., 2006）。加えて、TAF4のいくつかのアイソフォームは、核内ホルモン受容体標的を調節するドミナントネガティブ形態として働く（Brunkhorst et al., 2004）。

【発明の概要】

【００１２】

本発明は、SEQ ID NO：4～207に示されたアイソフォームから選択される、転写コレギュレーターのアイソフォームを提供する。1つの態様において、アイソフォームはGTFのアイソフォーム（SEQ ID NO：6～56）である。別の態様において、アイソフォームはTAFのアイソフォーム（SEQ ID NO：57～86）である。別の態様において、アイソフォームはSWI/SNFのアイソフォーム（SEQ ID NO：165～201）である。さらなる態様において、アイソフォームはMEDのアイソフォーム（SEQ ID NO：4、5、87～164）である。さらに別の態様において、アイソフォームはコアクチベーターまたはコリプレッサーのアイソフォーム（SEQ ID NO：202～207）である。本発明のアイソフォームに特異的に結合する、長さが少なくとも6アミノ酸であるペプチドも同じく提供される。本ペプチドには、異種ペプチドと融合した本発明のアイソフォームまたはペプチドを含む、融合タンパク質が含まれうる。いくつかの態様において、異種ペプチドは、SEQ ID NO：1～3の1つのようにCPPまたはNLSである。いくつかの任意の態様において、ペプチドは毒性物質と融合される。

【００１３】

本発明はさらに、本発明のアイソフォームに特異的に結合する抗体も提供する。1つの態様において、抗体は検出可能なマーカーによって標識される。別の態様において、抗体は毒性物質とコンジュゲートされる。本発明のアイソフォーム、ペプチドおよび抗体は、治療用および/または診断用の組成物において有用でありうる。したがって、本発明はまた、これらの分子の1つと、薬学的に許容される担体とを含む組成物も提供する。がんを治療する方法に加えて、本発明はまた、がん細胞を死滅させる方法も提供する。本方法は、本発明のペプチド、任意で毒性物質とコンジュゲートさせたものと、がん細胞とを接触させる段階を含む。しかし、アイソフォームと結合するペプチドなどの分子は、転写複合体を破壊し、それ故にがん細胞の生存のために必要な遺伝子の発現を改変することによって、がん細胞の正常な機能を妨げるのに十分であるため、毒性物質は必要というわけではない。

【００１４】

本発明はさらに、組織検体中のがんを検出するための方法も提供する。本方法は、組織検体中の請求項1記載のアイソフォームの存在を検出する段階を含む。アイソフォームの存在によって、がんが示される。1つの態様において、検出する段階は、本発明のアイソフォームに特異的に結合する検出可能な分子と組織検体とを接触させること、および検出可能な分子の結合を検出することを含む。例えば、検出する段階は、TCCのがん特異的なmRNAまたはタンパク質アイソフォームを検出することを含む。検出可能な分子の存在または結合によって、がんが示される。

【００１５】

別の態様において、本発明は、対象におけるがんをモニタリングするための方法を提供する。本方法は、対象から得た組織検体を、検体中に存在する本発明のアイソフォームの

量を測定するためにアッセイする段階、および検体中に存在するアイソフォームの量を以前の条件下で決定された量と比較する段階を含み、アイソフォームの量の変化によって、がんの進行が示される。例えば、レベルの上昇は、がんが進行していることを示し、一方で低下は、がんが縮退していることを示す。以前の条件とは、がん性病状の治療の前、または治療経過の初期段階であってよく、存在するアイソフォームの量の減少によって治療効力が示されうる。1つの態様において、本方法は、本発明のアイソフォームに特異的に結合する検出可能な分子と、対象から得た組織検体とを接触させる段階を含む。本方法はさらに、検出可能な分子とアイソフォームとの結合のレベルを決定する段階を含む。または、本方法は、検体中に存在するアイソフォームのレベルを検出する段階を含みうる。続いて、検出可能な分子とアイソフォームとの結合のレベル、または存在するアイソフォームのレベルを、以前の条件下で決定された結合のレベルまたは存在したアイソフォームのレベルと比較する。TCCアイソフォームの発現のレベル、または検出可能な分子の結合のレベルの変化によって、がんの進行の変化が示される。

【００１６】

本発明の方法によって検出、モニタリングまたは治療される代表的ながんには、黒色腫、結腸直腸がん、肺がん、肝細胞がん、膵がん、前立腺がん、脳腫瘍（星状細胞腫、膠芽細胞腫、神経芽細胞腫）、肉腫、軟骨肉腫、乳がん、卵巣がん、または奇形がん腫が含まれるが、これらに限定されない。典型的な態様において、アイソフォームに特異的に結合する分子はペプチドである。ペプチドは任意で、例えばインビボ画像化のための、検出可能なマーカーによって標識されてもよい。

【図面の簡単な説明】

【００１７】

【図１】HeLa細胞ならびにヒト黒色腫SK-Mel 28細胞およびWM266-4細胞由来のBAF複合体の分析。HeLa細胞、SKMel28細胞およびWM 266-4細胞の核抽出物のアリコートを、イオン交換PE11カラム上でのクロマトグラフィーにかけた。0.1M KClを含む緩衝液でカラムを十分に洗浄した後に、結合したタンパク質を、0.2（レーン2、8および14）、0.3M KCl（レーン3、9および15）、0.5M KCl（レーン4、10および16）、0.75M KCl（レーン5および11）および1.0M KCl（レーン6および12）を含む緩衝液で溶出させた。最初の「フロースルー（flow through）」はレーン1、7および13に示されている。

【図２】ウエスタンブロット検出を用いてp62（TFIIHサブユニット）を検出することによる、HeLa細胞ならびにヒト黒色腫SK-Mel 28およびWM266-4細胞由来のGTF複合体の分画の分析。HeLa細胞、SKMel28細胞およびWM 266-4細胞の核抽出物のアリコートを、イオン交換PE11カラム上でのクロマトグラフィーにかけた。0.1M KClを含む緩衝液でカラムを十分に洗浄した後に、結合したタンパク質を、0.2（レーン2、8および14）、0.3M KCl（レーン3、9および15）、0.5M KCl（レーン4、10および16）、0.75M KCl（レーン5、11および17）および1.0M KCl（レーン6、12および18）を含む緩衝液で溶出させた。最初の「フロースルー」はレーン1、7および13に示されている。

【図３】メディエーター複合体の精製条件を、HeLa細胞由来のNER画分中のMED-16を検出して黒色腫SK-Mel 28細胞と比較することによって評価した。HeLa細胞およびSKMel28細胞の核抽出物のアリコートを、イオン交換PE11カラム上でのクロマトグラフィーにかけた。0.1M KClを含む緩衝液でカラムを十分に洗浄した後に、結合したタンパク質を、0.2（レーン2および8）、0.3M KCl（レーン3および9）、0.5M KCl（レーン4および10）、0.75M KCl（レーン5および11）および1.0M KCl（レーン6および12）を含む緩衝液で溶出させた。最初の「フロースルー」はレーン1および7に示されている。

【図４】溶液中でのペプチドBAF57p12とGST-BAF57およびGST-BAF57iso精製タンパク質との結合。結合は、放出されたペプチドの蛍光強度として任意単位で表されている。

【発明を実施するための形態】

【００１８】

発明の詳細な説明

本発明は、ヒトのがんに対して特異的な、転写因子複合体または転写コレギュレーター

複合体（TCC）の構成要素のがん特異的アイソフォームの発見に基づく。これらのアイソフォームは、がんの治療および検出のための新規標的となる。

【００１９】

新規で有望な薬物標的としてのTCCの構成要素のアイソフォーム

転写調節因子は、遺伝子特異的な転写を制御する調節ネットワークを決定づける。これらのネットワークの誤制御（misregulation）は、遺伝子発現パターンの変化によって特徴づけられる、その数をますます増しつつあるヒト疾患と相関づけられている。TCCの組成および機能のがん特異的な変化の発見は、特異的な化合物を用いた、TCCのこれらの改変された構成要素に対するターゲティングが、特定のがん細胞の増殖を抑制するとともにアポトーシスを誘導すると考えられる、遺伝子発現のパターンの改変を結果的にもたらすと考えられることを示唆する。転写コレギュレーターのアイソフォームの発現はがん特異的であるため、これらの分子を標的とする治療も、重大な副作用を伴わずに、がん特異的である可能性が高い。長い間、TCCは有効な薬物の開発のためには困難な標的であるとみなされてきた。最近、数多くの報告が、特定のTFおよびTCCと相互作用して特定のTCCの活性を制御するための小分子を開発しうることを示している。

【００２０】

がんおよび転写制御

がんは極めて複雑度の高い疾患である。今日までに、遺伝子の事実上あらゆるサブグループに相当する数千もの遺伝子が、がんと関係づけられている。現在、がんは、突然変異した遺伝子または再配列した染色体を有する増殖性の幹細胞または前駆細胞から発生すると考えられている。これらの遺伝的変化の結果として、腫瘍細胞は非悪性細胞と比較して遺伝子およびタンパク質の発現にも変化を有する。遺伝子発現に関する全ゲノム分析により、正常細胞とがん性細胞との間の、さらにはがんのタイプ間での特異な違いが明らかに示されている。このことは、特定の遺伝子の発現を決定づける調節ネットワークが悪性細胞と非悪性細胞とでは異なることを示唆する。

【００２１】

がん患者は、非常に多様な臨床的な経過および転帰を有する。原発性腫瘍の固有の遺伝的異質性（heterogeneity）は、この多様性に役割を果たすことが示唆されており、その一部を説明する可能性がある（Chang, et al., 2003）。病理学的および臨床的な因子は、腫瘍の臨床的挙動を主導する複雑な事象のカスケードを捉えるには不十分である。各種腫瘍の遺伝子発現パターンに関する広範囲にわたる分析により、組織学的に類似した腫瘍が、異なる遺伝子発現パターンを有するという理解がもたらされた。オリゴヌクレオチドおよびcDNAのマイクロアレイの手法により、特定のタイプのがんの分子サブグループが同定されている（Perou et al., 2000, Hedenfalk et al., 2001, West et al., 2001, Zajchowski et al., 2001）。腫瘍の分子プロファイリングは、患者の生存期間を予測するために、およびアジュバント療法のための患者を選択するためにも用いられている（van't Veer et al., 2002, van de Vijever et al., 2002）。

【００２２】

TCCのがん特異的なアイソフォーム‐高い特異性を備えた新規薬物標的

がん細胞のよく知られた特徴には、転写因子を含む各種調節性分子における突然変異、転写因子の異所性発現（misexpression）、タンパク質の特定のアイソフォームをコードするmRNAスプライス変異体の発現、および正常細胞に存在しない翻訳後修飾の存在がある。突然変異、および融合タンパク質の発現が、ほとんどあらゆる個々のタイプのがんにおいて記載されている（Leroy H, Roumier C, Huyghe P, Biggio V, Fenaux P, Preudhomme C., CEBPA point mutations in hematological malignancies. Leukemia. 2005 Mar;19(3):329-34；Xia and Barr, Chromosome translocations in sarcomas and the emergence of oncogenic transcription factors. Eur J Cancer. 2005 Nov;41 (16):2513-27）。多数の論文が、がんに特異的な、またはがんにおいて豊富なmRNAの選択的スプライス変異体の同定を報告している。例えば、3,471,822種のヒト発現配列タグ（EST）配列を用いた11014種の遺伝子のゲノムワイドコンピュータスクリーニングにより、26,258種の選択的

スプライス転写物/mRNAが同定されており、そのうち845種はがんと有意に関連していた（Wang et al., 2003）。遺伝子特異的スプライス変異体のいくつかは、予後判定上の価値があることが示されている。ヘリックス-ループ-ヘリックス転写因子ARNTの選択的スプライス変異体の高発現を伴う患者は、低発現の患者よりも無再発生存期間および全生存期間が不良である（Qin et al., 2001）。原則として、がんに特異的な、またはがんにおいて豊富な選択的スプライスmRNAの発現は、スプライスドナー部位またはアクセプター部位における突然変異とは関係なく、スプライシング因子の発現の変化に起因する。

【００２３】

本発明者らは、がんに特異的な、またはがんにおいて豊富な、GTF複合体（51種）、TAF複合体（30種）、SWI/SNF複合体（37種）およびMED複合体（80種）ならびにコアクチベーターおよびコリプレッサー（6種）のアイソフォーム204種を同定した。同じく本発明者らは、これらのアイソフォームのいくつかが、TCCの不可欠な構成要素となることも実証した。これらの変化したTCCは、がんの発生の一因となる可能性がある。機能的TCCの中にアイソフォームが組み込まれていることは、これらのアイソフォームが適した薬物標的となること、およびこれらのアイソフォームまたはこれらのアイソフォームを含むTCCの機能を改変する薬物はがんを治療するために用いうることの裏づけとなる。

【００２４】

定義

本出願において用いられるすべての科学用語および技術用語は、別途指定する場合を除き、当技術分野で一般に用いられているものと同じ意味を有する。本出願において用いる場合、以下の用語および語句は指定された意味を有する。

【００２５】

本明細書で用いる場合、「ペプチド」または「ポリペプチド」には、天然の源から単離されたか、組換え法によって作製されたか、または化学合成されたかにかかわらず、タンパク質の断片およびペプチドが含まれる。本発明のポリペプチド（およびペプチド）は、典型的には少なくとも約6個のアミノ酸を含む。いくつかの態様において、本ポリペプチドは長さが少なくとも12アミノ酸である。

【００２６】

本明細書で用いる場合、「CSTCターゲティング分子（CSTC-targeting molecule）」（ここでCSTCは、がん特異的転写複合体を指す）には、CSTCターゲティングペプチド、CSTCターゲティングペプチドをコードするポリヌクレオチド、CSTCターゲティングペプチドをコードするものに対して相補的なポリヌクレオチド、CSTCを特異的に認識して結合するペプチド、および同じターゲティング活性を示す他の小分子が含まれる。

【００２７】

「小分子」とは、分子量が2000ダルトン未満、いくつかの態様においては1000ダルトン未満、さらに他の態様においては500ダルトン未満、またはそれ未満である分子を意味する。そのような分子には、例えば、複素環式化合物、カルボキシル化合物、ステロール、アミノ酸、脂質、および核酸が含まれる。

【００２８】

本明細書で用いる場合、「CSTCターゲティング」とは、CSTCターゲティング分子とがん特異的転写複合体との特異的な結合を指し、ここで特異性とはCSTCターゲティング分子が正常のまたは本来の（native）転写複合体とは本質的に結合しないようなことである。

【００２９】

本明細書で用いる場合、「ベクター」とは、関心対象の1つまたは複数の遺伝子または配列を宿主細胞に送達し、好ましくはそこで発現させることが可能な構築物を意味する。ベクターの例には、ウイルスベクター、裸のDNA発現ベクターまたはRNA発現ベクター、プラスミド、コスミドベクターまたはファージベクター、陽イオン性凝縮剤と会合したDNA発現ベクターまたはRNA発現ベクター、リポソーム中に封入されたDNA発現ベクターまたはRNA発現ベクター、およびプロデューサー細胞などのある種の真核細胞が含まれるが、これらに限定されない。

【００３０】
本明細書で用いる場合、「発現制御配列」とは、核酸の転写を指令する核酸配列を意味する。発現制御配列は、構成性もしくは誘導性プロモーターなどのプロモーターでもよく、またはエンハンサーでもよい。発現制御配列は、転写させる核酸配列と機能的に結合している。
【００３１】
「核酸」または「ポリヌクレオチド」という用語は、一本鎖または二本鎖の形態にあるデオキシリボヌクレオチドまたはリボヌクレオチドの重合体を指し、別途限定しない限り、天然に存在するヌクレオチドと類似した様式で核酸とハイブリダイズする、天然ヌクレオチドの公知の類似体も含まれる。
【００３２】
本明細書で用いる場合、「腫瘍タンパク質」とは、腫瘍細胞によって発現されるタンパク質のことである。腫瘍タンパク質は、それが非腫瘍細胞で発現されなければ、腫瘍特異的である。
【００３３】
本明細書で用いる場合、「薬学的に許容される担体」には、有効成分と組み合わせた場合に成分の生物活性を保持し、しかも対象の免疫系との反応性がない、任意の材料が含まれる。その例には、以下に限定されないが、リン酸緩衝生理食塩液、水、水中油型エマルションなどのエマルション、および種々のタイプの湿潤剤といった標準的な薬学的担体の任意のものが含まれる。エアロゾル投与または非経口投与にとって好ましい希釈剤は、リン酸緩衝生理食塩水または通常の（0.9%）生理食塩水である。
【００３４】
そのような担体を含む組成物は、周知である従来の方法によって製剤化される（例えば、Remington's Pharmaceutical Sciences, 18th edition, A. Gennaro, ed., Mack Publishing Co., Easton, PA, 1990を参照のこと）。
【００３５】
本明細書で用いる場合、「1つの（a）」または「1つの（an）」は、別途明示する場合を除き、少なくとも1つであることを意味する。
【００３６】
CSTCターゲティングペプチド
本明細書に記載したCSTCターゲティングペプチドおよびCSTCターゲティングポリペプチドは任意の長さであってよい。本来のタンパク質に由来する追加的な配列および/または異種配列が存在してもよく、そのような配列は転写複合体をモジュレートする能力を保持している。典型的な態様において、本ペプチドはさらに、細胞内および核内への送達を容易にするように選択された追加的な配列を含む。例えば、以下のアミノ酸配列のような細胞透過性ペプチド（CPP）を付加することができる：RRRRRRR（SEQ ID NO：1）。当業者は、Ulo Langel, ed., Cell-Penetrating Peptides: Processes and Applications, Culinary & Hospitality Industry Publications Services (CHIPS), Weimar, Texas, 2002に記載されたもののような、本発明とともに用いるのに適する可能性のある他のCPPを承知している。核内送達を容易にするペプチドの一例は核局在シグナル（NLS）である。典型的には、このシグナルは、正に荷電したリジンまたはアルギニンの少数の短い配列、例えばPPKKRKV（SEQ ID NO：2）からなる。1つの態様において、NLSはアミノ酸配列PKKRKV（SEQ ID NO：3）を有する。
【００３７】
いくつかの態様において、ペプチドは、ある所与の目的のためのその有用性を高めるために、D-アミノ酸を含む、および/または構造的に改変されている。いくつかの態様において、ペプチドは化学修飾されたアミノ酸を含む。アプタマーも本発明の範囲に含まれる。
【００３８】
当業者は、それらのある種の変異体が、がんの治療および検出に有用となることを理解

すると考えられる。ペプチド「変異体」とは、本明細書で用いる場合、ペプチドの転写複合体ターゲティング活性が実質的に減じないような1つまたは複数の置換、欠失、付加および/または挿入がある点で、本来のCSTCターゲティングペプチドとは異なるペプチドのことである。言い換えれば、変異体が転写複合体と結合する能力は、本来のタンパク質と比べて高くても変わらなくてもよく、または本来のタンパク質と比べて50％未満の減少、好ましくは20％未満の減少があってもよい。そのような変異体は一般に、上記のペプチド配列の1つを改変し、改変されたペプチドと標的とされた転写複合体との結合を本明細書に記載した通りに評価することによって同定しうる。ペプチド変異体は、同定されたペプチドに対して好ましくは少なくとも約85％、より好ましくは少なくとも約90％、最も好ましくは少なくとも約95％の同一性（上記のようにして決定される）を示す。

【００３９】

好ましくは、変異体には保存的置換が含まれる。「保存的置換」とは、ペプチド化学の当業者であればペプチドの二次構造およびヒドロパシー性（hydropathic nature）が実質的に変化しないと考えるような、あるアミノ酸が、類似した特性を有する別のアミノ酸に置換される置換である。アミノ酸置換は一般に、残基の極性、電荷、溶解性、疎水性、親水性、および/または両親媒性における類似性に基づいて作製される。例えば、負に荷電したアミノ酸にはアスパラギン酸およびグルタミン酸が含まれ；正に荷電したアミノ酸にはリジンおよびアルギニンが含まれ；かつ同程度の親水性値を有する非荷電極性頭部基を有するアミノ酸には、ロイシン、イソロイシンおよびバリン；グリシンおよびアラニン；アスパラギンおよびグルタミン；ならびにセリン、トレオニン、フェニルアラニンおよびチロシンが含まれる。保存的変化に相当しうるアミノ酸の他の群には以下のものが含まれる：（1）ala、pro、gly、glu、asp、gln、asn、set、thr；（2）cys、ser、tyr、thr；（3）val、ile、leu、met、ala、phe；（4）lys、arg、his；および（5）phe、tyr、trp、his。変異体がまた、追加的または代替的に、非保存的な変化を含んでもよい。好ましい態様において、変異体ペプチドは、5個またはそれ未満のアミノ酸の置換、欠失、または付加により、本来のアミノ酸とは異なる。

【００４０】

本明細書に記載したDNA配列によってコードされる組換えペプチドは、当業者に公知の各種発現ベクターのうちの任意のものを用いて、DNA配列から容易に調製することができる。発現は、組換えペプチドをコードするDNA分子を含む発現ベクターによる形質転換またはトランスフェクションを受けた任意の適した宿主細胞において達成することができる。適した宿主細胞には、原核細胞、酵母細胞および高等真核細胞が含まれる。好ましくは、用いる宿主細胞は、大腸菌（E. coli）細胞、酵母細胞、昆虫細胞、またはCOSもしくはCHOなどの哺乳動物細胞株である。組換えタンパク質またはペプチドを培地中に分泌する適切な宿主/ベクターシステムから得た上清を、市販のフィルターを用いてまず濃縮する。濃縮の後に、濃縮物をアフィニティーマトリックスまたはイオン交換樹脂などの適した精製マトリックスに適用する。最後に、組換えペプチドをさらに精製するために、1回または複数回の逆相HPLC段階を行ってもよい。

【００４１】

約100アミノ酸未満、一般には約50アミノ酸未満である部分およびその他の変異体を、当業者に周知の手法を用いる合成手段によって作製することもできる。いくつかの態様においては、長さが10～50アミノ酸のペプチドが好ましく、ある種の用途には長さが15～30アミノ酸のものが特に適する。そのようなペプチドは、成長中のアミノ酸鎖にアミノ酸を逐次的に付加するMerrifieldの固相合成法のような、市販の固相法の任意のものを用いて合成することができる。Merrifield, J. Am. Chem. Soc. 85:2149-2146, 1963を参照のこと。ペプチドの自動合成のための装置は、Perkin Elmer/Applied BioSystems Division（Foster City, CA）から市販されており、製造元の指示に従って動作させることができる。

【００４２】

ペプチドは、Perkin Elmer/Applied Biosystems Division 430Aペプチド合成装置にて

、FMOC化学物質をHPTU（O-ベンゾトリアゾールN,N,N',N'-テトラメチルウロニウムヘキサフルオロホスフェート）による活性化とともに用いて合成することができる。コンジュゲーション（conjugation）の方法、固定化された表面と結合する方法、またはペプチドを標識する方法を備えるように、Gly-Cys-Gly配列をペプチドのアミノ末端に付着させてもよい。固体支持体からのペプチドの切断は、以下の切断用混合物を用いて行いうる：トリフルオロ酢酸：エタンジチオール：チオアニソール：水：フェノール（40：1：2：2：3）。2時間かけて切断した後に、ペプチドを冷メチル-t-ブチル-エーテル中で沈殿させる。続いて、ペプチドのペレットを、0.1％トリフルオロ酢酸（TFA）を含む水中に溶解し、凍結乾燥した後に、C18逆相HPLCによる精製を行う。ペプチドを溶出させるには、水中の0％～60％アセトニトリル勾配（0.1％ TFAを含む）を用いるとよい。純粋な画分を凍結乾燥した後に、エレクトロスプレー法または他の種類の質量分析法を用いて、およびアミノ酸分析により、ペプチドの特徴を調べることができる。

【００４３】

一般に、本明細書に記載したペプチド（融合タンパク質を含む）およびポリヌクレオチドは単離されている。「単離された」ペプチドまたはポリヌクレオチドとは、その元の環境から取り出されたもののことである。例えば、天然に存在するタンパク質は、それが天然の系において共存する材料の一部またはすべてから分離されていれば、単離されている。好ましくは、そのようなペプチドは少なくとも約90％純粋であり、より好ましくは少なくとも約95％純粋であり、最も好ましくは少なくとも約99％純粋である。ポリヌクレオチドは、例えば、それが天然の環境の一部ではないベクター中にクローニングされていれば、単離されているとみなされる。

【００４４】

抗体

「抗体」という用語は最も広い意味で用いられ、特に単独の抗アイソフォームモノクローナル抗体および多エピトープ特異性を有する抗アイソフォーム抗体組成物を含む。本明細書で用いる「モノクローナル抗体」（mAb）という用語は、実質的に均一な抗体の集団から得られた抗体を指し、すなわち、個々の集団を構成する抗体は、微量に存在する可能性のある天然に存在する突然変異を除いて同一である。

【００４５】

本発明は、アイソフォームと結合する抗体を提供する。最も好ましい抗体は、アイソフォームとは特異的に結合するが、アイソフォームでない対応物または非がん性検体とは結合しない（または弱くしか結合しない）と考えられる。特に想定している抗体には、モノクローナル抗体およびポリクローナル抗体のほか、これらの抗体の抗原結合ドメインおよび/または1つもしくは複数の相補性決定領域を含む断片が含まれる。本明細書で用いる場合、抗体断片は、標的と結合する免疫グロブリン分子の可変領域、すなわち抗原結合領域の少なくとも一部分と定義される。

【００４６】

本発明の抗体は、がんの診断アッセイおよび予後判定アッセイ、ならびに画像化法において特に有用でありうる。細胞内で発現される抗体（例えば、一本鎖抗体）は、アイソフォームの発現が関係しているがんを治療する上で治療的に有用でありうる。

【００４７】

本発明はまた、アイソフォームの検出および定量のために有用な様々な免疫学的アッセイも提供する。そのようなアッセイは一般に、本発明のアイソフォームを認識してそれと結合することが可能な1つまたは複数の抗体を含み、それらは様々な種類のラジオイムノアッセイ、固相酵素免疫アッセイ（ELISA）、酵素結合免疫蛍光アッセイ（ELIFA）などを含むがそれらに限定されない当技術分野で周知の様々な免疫学的アッセイ形式の範囲内で行うことができる。加えて、限定されないが、標識抗体を用いる放射性シンチグラフィー画像化法を含む、アイソフォームを発現しているがんを検出しうる免疫学的画像化法も、本発明によって提供される。そのようなアッセイは、アイソフォームを発現しているがんの検出、モニタリングおよび予後判定において臨床的に有用でありうる。

【００４８】
抗体の調製のための方法は、様々な方法が当技術分野で周知である。例えば、単離された形態または免疫複合体の形態にあるアイソフォームまたはその断片を用いて、適した哺乳動物宿主の免疫処置を行うことによって、抗体を調製することができる（Antibodies: A Laboratory Manual, CSH Press, Eds., Harlow, and Lane (1988)；Harlow, Antibodies, Cold Spring Harbor Press, NY (1989)）。加えて、GST融合タンパク質のようなアイソフォームの融合タンパク質を用いることもできる。別の態様において、アイソフォームを合成して免疫原として用いてもよい。
【００４９】
抗体または断片を、現行の技術を用いて、組換え手段によって作製することもできる。アイソフォームの所望の領域に特異的に結合する領域を、複数の種に由来するキメラ抗体またはCDRグラフト化抗体の状況下で作製することもできる。ヒト化抗体またはヒト抗体を作製することもでき、これらは治療的状況で用いるのに好ましい。非ヒト抗体CDRの1つまたは複数を、対応するヒト抗体配列によって置き換えることによって、マウス抗体およびその他の非ヒト抗体をヒト化するための方法は周知である（例えば、Jones et al., 1986, Nature 321:522-525；Riechmann et al., 1988, Nature 332:323-327；Verhoeyen et al., 1988, Science 239:1534-1536を参照）。同じく、Carter et al., 1993, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 89:4285およびSims et al., 1993, J. Immunol. 151:2296も参照のこと。完全ヒトモノクローナル抗体の作製のための方法には、ファージディスプレイ法およびトランスジェニック法が含まれる（総説については、Vaughan et al., 1998, Nature Biotechnology 16:535-539を参照されたい）。
【００５０】
完全ヒトモノクローナル抗体を、大規模なヒトIg遺伝子コンビナトリアルライブラリーを用いるクローニング技術（すなわち、ファージディスプレイ）を用いて作製することもできる（Griffiths and Hoogenboom, Building an in vitro immune system: human antibodies from phage display libraries. In： Protein Engineering of Antibody Molecules for Prophylactic and Therapeutic Applications in Man. Clark, M. (Ed.), Nottingham Academic, pp 45-64 (1993)；Burton and Barbas, Human Antibodies from combinatorial libraries. 同上、pp 65-82）。また、完全ヒトモノクローナル抗体を、1997年12月3日に公開されたPCT特許出願国際公開公報第98/24893号、Kucherlapati and Jakobovits et al.に記載されたように、ヒト免疫グロブリン遺伝子座を含むように操作されたトランスジェニックマウスを用いて産生させることもできる（Jakobovits, 1998, Exp. Opin. Invest. Drugs 7(4):607-614も参照のこと）。この方法では、ファージディスプレイ技術に際して必要なインビボ操作が回避され、高親和性で真正のヒト抗体が効率的に産生される。
【００５１】
抗体と本発明のアイソフォームとの反応性は、アイソフォーム、アイソフォーム発現細胞またはその抽出物を適宜用いる、ウエスタンブロット分析、免疫沈降分析、ELISA分析およびFACS分析を含む、様々な周知の手段によって確かめることができる。
【００５２】
本発明の抗体またはその断片を、検出可能なマーカーによって標識すること、または第2の分子とコンジュゲートさせることもできる。適した検出可能なマーカーには、放射性同位体、蛍光性化合物、生物発光化合物、化学発光化合物、金属キレート剤または酵素が含まれるが、これらに限定されない。抗体とのコンジュゲーションのための第2の分子は、意図する用途に応じて選択することができる。さらに、2つまたはそれ以上のアイソフォームエピトープに対して特異的な二重特異性抗体を、当技術分野で一般に知られた方法を用いて作製することもできる。ホモ二量体の抗体を当技術分野で知られた架橋法によって作製することもできる（例えば、Wolff et al., Cancer Res. 53:2560-2565）。
【００５３】
本発明のポリヌクレオチド

本発明は、上記のように、1つもしくは複数のCSTCターゲティングペプチド、またはTCCの構成要素のアイソフォームをコードするポリヌクレオチドを提供する。特定のアイソフォームに対するコード配列は、対応するアイソフォームの名称を検索することによってGenBankから入手することができる（表1参照）。好ましいポリヌクレオチドは、以下の表に列記したもの（実施例1参照）のような、CSTCターゲティングペプチドまたはTCCのアイソフォームをコードする、少なくとも15個の連続したヌクレオチド、好ましくは少なくとも30個の連続したヌクレオチド、より好ましくは少なくとも35個の連続したヌクレオチドを含む。そのような配列のいずれかに対して完全に相補的なポリヌクレオチドも本発明の範囲に含まれる。ポリヌクレオチドは一本鎖（コードまたはアンチセンス）でも二本鎖でもよく、DNA（ゲノム、cDNAまたは合成）分子でもRNA分子でもよい。追加的なコード配列または非コード配列が、必ずしも存在しているわけではないものの、本発明のポリヌクレオチドの内部に存在していてもよく、ポリヌクレオチドは、必ずしも連結しているわけではないものの、他の分子および/または支持材料と連結していてもよい。そのようなCSTCターゲティングペプチドの部分は、CSTCターゲティング分子の増幅および検出のためのプライマーおよびプローブとして有用でありうる。

【００５４】

ポリヌクレオチドは、本来の配列（すなわち、上記のCSTCターゲティングペプチドまたはTCCのアイソフォームまたはそれらの一部分をコードする配列）を含んでもよく、またはそのような配列の変異体、もしくはアプタマーを含んでもよい。ポリヌクレオチド変異体は、コードされるペプチドの活性（特異的結合を含む）が本来のペプチドと比べて減じないような1つまたは複数の置換、付加、欠失および/または挿入を含む。変異体は、本来のCSTCターゲティングペプチドまたはその一部分をコードするポリヌクレオチド配列に対して少なくとも約60％の同一性、より好ましくは少なくとも約80％の同一性、最も好ましくは少なくとも約90％の同一性を示すことが好ましい。

【００５５】

2つのポリヌクレオチド配列またはペプチド配列は、下記のように、最大限の対応関係が得られるようにアラインメントを行った時に、2つの配列中のヌクレオチドまたはアミノ酸の配列が同じであれば、「同一」であると言われる。2つの配列間の比較は典型的には、配列類似性を有する局所領域の同定および比較のために、ある比較ウィンドウ（comparison window）にわたって配列を比較することによって行われる。本明細書で用いる「比較ウィンドウ」とは、少なくとも約20個、通常は30～約75個、40～約50個の一続きの位置を有するセグメントを指し、ある配列は、同数の一続きの位置を有する参照配列に対して、2つの配列の最適なアラインメントの後に比較されうる。

【００５６】

比較のための配列の最適なアラインメントは、Lasergeneバイオインフォマティクスソフトウエアスイート（Lasergene suite of bioinformatics software）（DNASTAR, Inc., Madison, WI）に含まれるMegalignプログラムをデフォルトのパラメーターで用いて行うことができる。このプログラムは、以下の参考文献に記載された、いくつかのアラインメント方式を組み入れている：Dayhoff, M.O. (1978) A model of evolutionary change in proteins - Matrices for detecting distant relationships. In Dayhoff, M.O. (ed.) Atlas of Protein Sequence and Structure, National Biomedical Research Foundation, Washington DC Vol. 5, Suppl. 3, pp. 345-358；Hein J. (1990) Unified Approach to Alignment and Phylogenes pp. 626-645 Methods in Enzymology vol. 183, Academic Press, Inc., San Diego, CA；Higgins, D.G. and Sharp, P.M. (1989) CABIOS 5:151-153；Myers, E.W. and Muller W. (1988) CABIOS 4:11-17；Robinson, E.D. (1971) Comb. Theor. 11:105；Santou, N., Nes, M. (1987) Mol. Biol. Evol. 4:406-425；Sneath, P.H.A. and Sokal, R.R. (1973) Numerical Taxonomy the Principles and Practice of Numerical Taxonomy, Freeman Press, San Francisco, CA；Wilbur, W.J. and Lipman, D.J. (1983) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 80:726-730。

【００５７】

好ましくは、「配列同一性のパーセンテージ」は、最適なアラインメントが行われた2つの配列を、少なくとも20個の位置を有する比較ウィンドウにわたって比較することによって決定され、この際、比較ウィンドウにおけるポリヌクレオチド配列またはポリペプチド配列の一部分は、2つの配列の最適なアラインメントのための参照配列（付加も欠失も含まないもの）と比較して20％またはそれ未満、通常は5～15％または10～12％の付加または欠失（すなわち、ギャップ）を含みうる。パーセンテージは、同一な核酸塩基またはアミノ酸残基が両方の配列に存在する位置の数を決定して、一致する位置の数を求め、一致する位置の数を参照配列における位置の総数（すなわち、ウィンドウのサイズ）で除算し、その結果に100を掛けて配列同一性のパーセンテージを得ることによって算出される。

【００５８】

変異体はさらに、または代替的に、本来の遺伝子、またはその一部分もしくは相補体に対して実質的に相同であってもよい。そのようなポリヌクレオチド変異体は、中程度にストリンジェントな条件下で、本来のタンパク質をコードする天然に存在するDNA配列（または相補的配列）とハイブリダイズすることができる。

【００５９】

適した「中程度にストリンジェントな条件」には、5×SSC、0.5％ SDS、1.0mM EDTA（pH 8.0）溶液中での予洗；50℃～65℃、5×SSCでの一晩のハイブリダイゼーション；その後に0.1％ SDSを含む2×、0.5×、および0.2×SSCのそれぞれにより65℃で20分間の洗浄を行うことが含まれる。

【００６０】

本明細書で用いる場合、「高度にストリンジェントな条件」または「高ストリンジェンシー条件」は以下のものである：（1）洗浄のために低イオン強度および高温を用いる、例えば、0.015M塩化ナトリウム/0.0015Mクエン酸ナトリウム/0.1％ドデシル硫酸ナトリウムを50℃で用いるか；（2）ハイブリダイゼーション中にホルムアミドなどの変性剤を用いる、例えば、50％（v/v）ホルムアミドを、0.1％ウシ血清アルブミン/0.1％Ficoll/0.1％ポリビニルピロリドン/750mM塩化ナトリウム、75mMクエン酸ナトリウムを含む50mMリン酸ナトリウム緩衝液（pH 6.5）とともに42℃で用いるか；または（3）50％ホルムアミド、5×SSC（0.75M NaCl、0.075Mクエン酸ナトリウム）、50mMリン酸ナトリウム（pH 6.8）、0.1％ピロリン酸ナトリウム、5×デンハルト溶液、超音波サケ精子DNA（50μg/ml）、0.1％ SDSおよび10％硫酸デキストランを42℃で用い、0.2×SSC（塩化ナトリウム/クエン酸ナトリウム）により42℃、および50％ホルムアミドにより55℃で洗浄した後に、EDTAを含む0.1×SSC、55℃による高ストリンジェンシー洗浄を行う。当業者は、プローブ長などの要因に対応させるために温度、イオン強度などを必要に応じて調整する方法を認識していると考えられる。

【００６１】

遺伝暗号の縮重度の結果として、本明細書に記載したポリペプチドをコードするヌクレオチド配列が数多く存在することは当業者に理解されると考えられる。これらのポリヌクレオチドの中には、どの本来の遺伝子のヌクレオチド配列に対してもわずかな相同性しか有していないものがある。しかしながら、コドンの使用法の違いが理由で異なるポリヌクレオチドは、本発明により明確に想定されている。さらに、本明細書で提供されるポリヌクレオチド配列を含む遺伝子の対立遺伝子も、本発明の範囲に含まれる。対立遺伝子とは、ヌクレオチドの欠失、付加および/または置換などの1つまたは複数の変異の結果として変化した内因性遺伝子のことである。その結果生じるmRNAおよびタンパク質は、必ずしも有するわけではないが、変化した構造または機能を有しうる。対立遺伝子は、標準的な手法（ハイブリダイゼーション、増幅および/またはデータベースの配列の比較）を用いて同定することができる。

【００６２】

ポリヌクレオチドは、例えばオリゴヌクレオチド合成を含む、当技術分野で公知の各種手法のうちの任意のものを用いて調製することができる。関心対象の遺伝子またはそれに

よってコードされるタンパク質を同定するために設計されたプローブによって、ライブラリーをスクリーニングすることができる。選択されたプローブによるcDNAライブラリーまたは他のライブラリーのスクリーニングは、Sambrook et al., Molecular Cloning: A Laboratory Manual（New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989）に記載されたものなどの標準的な手順を用いて行うことができる。

【００６３】

プローブとして選択されるオリゴヌクレオチド配列は、偽陽性が最小限に抑えられるように十分に長くかつ十分に非多義的（unambiguous）であるべきである。オリゴヌクレオチドは、スクリーニングされるライブラリー中のDNAとのハイブリダイゼーション後にそれを検出しうるように、標識されることが好ましい。標識の方法は当技術分野で周知であり、これには^{32}P標識ATPなどの放射性標識、ビオチン化、または酵素標識の使用が含まれる。中程度のストリンジェンシーおよび高度のストリンジェンシーを含むハイブリダイゼーション条件は、Sambrookら、前記に提示されている。

【００６４】

ポリヌクレオチド変異体は一般に、例えば固相ホスホラミダイト化学合成による化学合成を含む、当技術分野で公知の任意の方法によって調製することができる。オリゴヌクレオチド定方向部位特異的突然変異誘発法（Adelman et al., DNA 2:183, 1983を参照）などの標準的な突然変異誘発法を用いて、ポリヌクレオチド配列に改変を導入することもできる。または、適したRNAポリメラーゼプロモーター（T7またはSP6など）を有するベクター中にDNAが組み入れられる条件では、CSTCターゲティングペプチドまたはその部分をコードするDNA配列のインビトロまたはインビボ転写によって、RNA分子を生成させることもできる。本明細書に記載したように、コードされるポリペプチドを調製するために、ある特定の部分を用いることもできる。追加的または代替的に、コードされるポリペプチドがインビボで生成されるように、一部分を患者に投与することもできる（例えば、樹状細胞などの抗原提示細胞に対して、CSTCターゲティングペプチドをコードするcDNA構築物をトランスフェクトし、そのトランスフェクト細胞を患者に投与することによる）。

【００６５】

任意のポリヌクレオチドを、インビボでの安定性を高めるためにさらに修飾することもできる。考えられる修飾には、5'末端および/もしくは3'末端での隣接配列の付加；骨格にホスホジエステラーゼ結合ではなくホスホロチオエートまたは2'O-メチルを用いること；ならびに/または、イノシン、キューオシンおよびウィブトシン（wybutosine）といった通常とは異なる塩基、さらにはアデニン、シチジン、グアニン、チミンおよびウリジンのアセチル化形態、メチル化形態、チオ化形態および他の修飾形態を含めることが含まれるが、これらに限定されない。特定のタンパク質表面を認識してそれと結合し、それ故にコレギュレーターアイソフォームのタンパク質活性に干渉することができるオリゴヌクレオチドであるアプタマーは、典型的には治療用途のために修飾される。しかし、急速な排出が望まれる場合には、修飾されていないアプタマーを本発明の方法に用いることができる。

【００６６】

確立された組換えDNA法を用いて、ヌクレオチド配列を様々な他のヌクレオチド配列と連結することができる。例えば、ポリヌクレオチドを、プラスミド、ファージミド、λファージ派生物およびコスミドを含む、様々なクローニングベクターの任意のものの中にクローニングすることもできる。特に関心が持たれるベクターには、発現ベクター、複製ベクター、プローブ生成ベクターおよびシークエンシングベクターが含まれる。ベクターは一般に、少なくとも1つの生物において機能する複製起点、都合のよい制限エンドヌクレアーゼ部位、および1つまたは複数の選択マーカーを含むと考えられる。その他の要素は所望の用途に依存すると考えられ、これは当業者には明らかであると考えられる。

【００６７】

ある態様の範囲においては、ポリヌクレオチドが哺乳動物細胞に進入できるように、およびその中で発現できるように、ポリヌクレオチドを製剤化することができる。そのよう

な製剤は、以下に述べるように、治療の目的に特に有用である。当業者は、標的細胞におけるポリヌクレオチドの発現を実現するためには多くの方法があること、および任意の適した方法を用いうることを理解していると考えられる。例えば、ポリヌクレオチドを、アデノウイルス、アデノ随伴ウイルス、レトロウイルス、またはワクシニアウイルスもしくは他のポックスウイルス（例えば、鶏痘ウイルス）などの、ただしこれらには限定されないウイルスベクターに組み入れることもできる。DNAをこの種のベクターに組み入れるための手法は当業者に周知である。レトロウイルスベクターはさらに、ベクターに標的特異性を付与するために、選択マーカー（形質導入を受けた細胞の同定または選択を補助するため）および/またはターゲティング部分の遺伝子、例えば、特定の標的細胞上にある受容体に対するリガンドをコードする遺伝子を移入すること、または組み入れることができる。ターゲティングは、当業者に公知の方法によって、抗体を用いて達成することもできる。本発明のペプチドのいくつかの態様は、細胞への侵入の促進のためにペプチド中に組み入れられる細胞透過性ペプチド（CPP）とともに本明細書において記載されている。

【００６８】

治療目的のその他の製剤には、高分子複合体、ナノカプセル、ミクロスフェア、ビーズ、ならびに水中油型エマルション、ミセル、混合ミセルおよびリポソームを含む脂質ベースのシステムといったコロイド分散システムが含まれる。インビトロおよびインビボでの送達媒体として用いるのに好ましいコロイドシステムには、リポソーム（すなわち、人工的な膜小胞）がある。この種のシステムの調製および使用は当技術分野で周知である。

【００６９】

アンチセンス分子および阻害性核酸分子

本発明のアンチセンス分子は、本明細書に記載したようなCSTCターゲティングペプチドおよび/または転写モジュレーターのがん特異的アイソフォームをコードする核酸分子の全体または断片に対して、実質的に相補的な、または好ましくは完全に相補的な配列が含まれる。これには、コード配列内部のオリゴヌクレオチドの断片、ならびにCSTCおよび/または転写モジュレーターのがん特異的アイソフォームの発現を阻害する阻害性ヌクレオチドが含まれる。特定の遺伝子の新たに生成された核内RNA転写物が転写用のmRNAへと成熟するのを防止するために、イントロンとエクソンとの境界にある配列に対して相補的なDNAまたはRNAのアンチセンスオリゴヌクレオチドを用いることができる。特定の遺伝子に対して相補的な、siRNAを含むアンチセンスRNAは、その遺伝子のmRNAとハイブリダイズしてその翻訳を防ぐことができる。アンチセンス分子は、DNA、RNA、またはそれらの誘導体もしくはハイブリッド体、例えばキメラギャップマー（chimeric gapmer）などでありうる。そのような誘導体分子の例には、ペプチド核酸（PNA）、ならびにホスホロチオエートを基盤とする分子、例えばデオキシリボ核酸グアニジン（DNG）またはリボ核酸グアニジン（RNG）などが含まれるが、これらに限定されない。

【００７０】

本発明のアンチセンス分子は、本発明のアイソフォームをコードする核酸配列に対して相補的である。必要な相同性の度合いは、本発明の具体的なポリヌクレオチドに依存すると考えられる。siRNAの場合は少なくとも約60％の相同性で十分であるが、一方、より大型のアンチセンス分子およびPCRプライマーは約70％またはそれ以上の相同性を必要とする。

【００７１】

アンチセンスRNAは、インビトロで合成された「すぐに使える（ready-to-use）」RNAとして、または転写後にアンチセンスRNAが生成される、細胞内に安定的にトランスフェクトされたアンチセンス遺伝子として、細胞に与えることができる。mRNAとのハイブリダイゼーションにより、ハイブリダイズした分子のRNアーゼHによる分解および/または翻訳複合体形成の阻害が起こる。これらはいずれも、元の遺伝子の産物を産生できないという結果になる。

【００７２】

本発明のアンチセンスRNA分子およびアンチセンスDNA分子ならびにリボザイムはいずれ

も、RNA分子の合成を目的とする当技術分野で公知の任意の方法によって調製することができる。これらには、固相ホスホラミダイト化学合成のようなオリゴヌクレオチドの化学合成のための手法が含まれる。または、RNA分子を、アンチセンスRNA分子をコードするDNA配列のインビトロまたはインビボでの転写によって生成させることもできる。そのようなDNA配列を、T7またはSP6といった適切なRNAポリメラーゼプロモーターを有する多種多様なベクター中に組み入れてもよい。または、アンチセンスRNAを構成性または誘導性に合成するアンチセンスcDNA構築物を、細胞株、細胞または組織に導入することもできる。

【００７３】

siRNA分子の設計は当技術分野で公知であり、製造供給元（例えば、Applied Biosystems/Ambion, Austin, Texas）による供給が可能である。転写物のAUG開始コドンから始めて、AAジヌクレオチド配列をスキャンすることによって着手することができる。各AAおよび3'側の隣接19ヌクレオチドを、可能性のあるsiRNA標的部位として同定することができる。siRNA標的部位を選択するためのこの戦略は、3'側に突出したUUジヌクレオチドを有するsiRNAが最も有効であるという、Elbashir et al.（2001, EMBO J 20:6877-6888）の観察所見に基づいている。RNA Pol IIIは4～6ヌクレオチドのポリ（T）トラクトの箇所で転写を終結させて、短いポリ（U）尾部を有するRNA分子を作り出すため、これはヘアピンsiRNAを転写させるためにRNA Pol IIIを用いることとも適合する。いくつかの態様において、siRNA標的配列の選択は、標的配列がGGから始まっていて、かつBLAST検索による分析で他の遺伝子との大きな配列相同性を有しない限り、純粋に経験的に決定される。または、内因性mRNAにおける任意の到達可能部位を、合成オリゴデオキシリボヌクレオチド/RNアーゼH法による分解の標的とすることもできる（Lee, N.S., et al. (2002) Nature Biotechnology 20: 500-505）。続いて、このようにして同定された任意の到達可能部位を、U6プロモーターにより作動するsiRNA構築物中の挿入配列として用いる。典型的には、siRNA発現カセットはステム長が19ヌクレオチドである。21ヌクレオチド長から25～29ヌクレオチド長までの範囲にわたるsiRNAステムも遺伝子サイレンシングに有用でありうる。

【００７４】

細胞内での安定性および半減期を増大させるために、DNA分子を修飾してもよい。考えられる修飾には、5'末端および/もしくは3'末端に隣接配列を付加すること、または分子の骨格内にホスホジエステラーゼ結合ではなくホスホロチオエートもしくは2'O-メチルを用いることが含まれる。その他の修飾には、キメラアンチセンス化合物を用いることが含まれる。本発明のキメラアンチセンス化合物は、2つまたはそれ以上のオリゴヌクレオチド、修飾オリゴヌクレオチド、オリゴヌクレオシド、および/またはオリゴヌクレオチド模倣物による複合構造物として形成することができる。そのような化合物は当技術分野でハイブリッドまたはギャップマーとも呼ばれる。この種のハイブリッド構造の調製について開示している代表的な米国特許には、米国特許第5,700,922号および第6,277,603号が含まれるが、これらに限定されない。

【００７５】

本発明に従って用いられるアンチセンス化合物は、固相合成の周知の手法によって首尾良くかつ慣行的に作製することができる。そのような合成のための装置は、例えばApplied Biosystems（Foster City, Calif.）を含む、いくつかの製造供給元から市販されている。当技術分野で公知であるそのような合成のための任意の他の手段を追加的または代替的に用いてもよい。ホスホロチオエートおよびアルキル化誘導体といったオリゴヌクレオチドを調製するための同様の手法も周知である。

【００７６】

本発明のアンチセンス組成物には、DNA二重らせん内のホモプリンの局所的な連鎖を認識し、主溝におけるそれと結合して三重らせんを形成することができるホモピリミジンで構成されたオリゴヌクレオチドが含まれる。Helen, C and Toulme, J J. Specific regulation of gene expression by antisense, sense, and antigene nucleic acids. Biochem. Biophys Acta, 1049:99-125, 1990を参照。三重らせんの形成は、その特定の遺伝子の、RNAポリメラーゼによる転写を受ける能力を妨げると考えられる。myc特異的オリゴヌク

レオチドを用いた三重らせんの形成が観察されている。Cooney, M, et al. Science 241: 456-459を参照のこと。

【００７７】

DNAまたはRNAのアンチセンス配列を細胞に送達することができる。これらの分子が特異的配列を認識する能力を損なわずに、その安定性を延長させ、機能を向上させるための化学的修飾がいくつか開発されている。これらには、ホスホトリエステル、メチルホスホネート、ホスホロチオエート、α-アノマーを含め、DNアーゼによる分解に対するその抵抗性を高めること、ソラレンなどの種々のインターカレート剤との共有結合によって結合パートナーに対する親和性を高めること、およびポリリシンを含む種々の基とのコンジュゲーションによって細胞による取り込みを増加させることが含まれる。これらの分子はmRNA中にコードされている特定の配列を認識し、それらのハイブリダイゼーションはこれらのメッセージの翻訳を妨げるとともにその分解を増加させる。

【００７８】

転写および翻訳の阻害のための、オリゴヌクレオチド、その誘導体および類似体を含むアンチセンス組成物、コンジュゲーションプロトコール、ならびにアンチセンス戦略は以下に全般的に記載されている：Antisense Research and Applications, Crooke, S. and B. Lebleu, eds. CRC Press, Inc. Boca Raton Fla. 1993；Nucleic Acids in Chemistry and Biology Blackburn, G. and M. J. Gait, eds. IRL Press at Oxford University Press, Inc. New York 1990；and Oligonucleotides and Analogues: A Practical Approach Eckstein, F. ed., IRL Press at Oxford University Press, Inc. New York 1991；これらはそれぞれ、参照により本明細書に組み入れられる参考文献中に引用されたすべての参考文献を含め、参照により本明細書に組み入れられる。

【００７９】

薬学的組成物

本発明は、薬学的組成物中に組み入れられた、CSTCターゲティングペプチド、転写モジュレーターのがん特異的アイソフォーム、ポリヌクレオチド、T細胞および/または抗原提示細胞を提供する。薬学的組成物は1つまたは複数のそのような化合物を含み、任意で、生理学的に許容される担体も含む。ワクチンは、1つまたは複数のそのような化合物と、非特異的な免疫応答増強物質としての役割を果たすアジュバントとを含む。アジュバントは外因性抗原に対する免疫応答を増強する任意の物質であってよい。アジュバントの例には、従来のアジュバント、生分解性ミクロスフェア（例えば、ポリ乳酸ガラクチド（polylactic galactide））、免疫賦活性オリゴヌクレオチド、およびリポソーム（その内部に化合物が組み入れられる；例えば、Fullerton、米国特許第4,235,877号を参照）が含まれる。ワクチンの調製は、例えば、M.F. Powell and M.J. Newman, eds., "Vaccine Design (the subunit and adjuvant approach)," Plenum Press (NY, 1995)に全般的に記載されている。本発明の範囲に含まれる薬学的組成物およびワクチンは、生物学的に活性であってもまたは不活性であってもよい他の化合物を含んでもよい。例えば、他の腫瘍抗原の1つまたは複数の免疫原性部分が、融合ポリペプチドに組み入れられた状態または単独の化合物として、組成物またはワクチンの内部に存在してもよい。

【００８０】

薬学的組成物は、本明細書に記載したようなペプチドの1つまたは複数をコードするDNAを、そのペプチドがインサイチューで生成されるように含むことができる。上記のように、DNAは、核酸発現システム、細菌発現システムおよびウイルス発現システムを含む、当業者に公知の様々な送達システムの任意のものの内部に存在してよい。Rolland, Crit. Rev. Therap. Drug Carrier Systems 15:143-198, 1998およびその中に引用された参考文献に記載されたもののような、数多くの遺伝子送達法が当技術分野で周知である。適切な核酸発現システムは、患者における発現のために必要なDNA配列（適したプロモーターシグナルおよび終結シグナルなど）を含む。細菌送達システムは、ポリペプチドの免疫原性部分を細胞表面に発現する、またはそのようなエピトープを分泌する細菌（カルメット・ゲラン桿菌（Bacillus-Calmette-Guerrin）など）の投与を伴う。

【００８１】
好ましい態様において、DNAはウイルス発現システム（例えば、ワクシニアウイルスまたは他のポックスウイルス、レトロウイルスまたはアデノウイルス）を用いて導入することができ、これには非病原性（欠損ウイルス）で複製能のあるウイルスの使用が含まれうる。適したシステムは、例えば以下に開示されている：Fisher-Hoch et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 86:317-321, 1989；Flexner et al., Ann. N. Y. Acad Sci. 569:86-103, 1989；Flexner et al., Vaccine 8:17-21, 1990；米国特許第4,603,112号、第4,769,330号および第5,017,487号；国際公開公報第89/01973号；米国特許第4,777,127号；GB 2,200,651；EP 0,345,242；国際公開公報第91/02805号；Berkner-Biotechniques 6:616-627,1988；Rosenfeld et al., Science 252:431-434, 1991；Kolls et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 91:215-219, 1994；Kass-Eisler et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 90:11498-11502, 1993；Guzman et al., Circulation 88:2838-2848, 1993；およびGuzman et al., Cir. Res. 73:1202-1207, 1993。そのような発現システムにDNAを組み入れるための手法は当業者に周知である。DNAは「裸の」状態であってもよく、これは例えば、Ulmer et al., Science 259:1745-1749, 1993に記載され、Cohen, Science 259:1691-1692, 1993によって総説されている。裸のDNAの取り込みは、細胞内に効率的に輸送される生分解性ビーズの表面にDNAをコーティングすることによって増大させることができる。

【００８２】
当業者に公知の任意の適切な担体を本発明の薬学的組成物に用いることができるが、担体の種類は投与の様式に依存すると考えられる。本発明の組成物は、任意の適した投与様式のために製剤化しうると考えられ、これには例えば、局所、経口、経鼻、静脈内、頭蓋内、腹腔内、皮下、皮内、または筋肉内投与が含まれる。皮下注射などの非経口投与のためには、担体には好ましくは水、生理食塩水、アルコール、脂肪、蝋状物質、または緩衝液が含まれる。経口投与のためには、上記の担体または固体担体の任意のもの、例えばマンニトール、ラクトース、デンプン、ステアリン酸マグネシウム、サッカリンナトリウム、タルク、セルロース、グルコース、スクロース、および炭酸マグネシウムなどを用いうる。生分解性ミクロスフェア（例えば、ポリラクテートポリグリコレート）を、本発明の薬学的組成物のための担体として用いることもできる。適した生分解性ミクロスフェアは、例えば、米国特許第4,897,268号および第5,075,109号に開示されている。

【００８３】
さらに担体は、製剤のpH、容量オスモル濃度、粘度、透明性、色調、無菌性、安定性、溶解速度、または匂いを改変または維持するための他の薬学的に許容される添加剤も含みうる。同様に、担体は、送達される分子の安定性、溶解速度、放出、または脳血液関門を介した吸収もしくは浸透を改変または維持するためのさらに別の薬学的に許容される添加剤も含みうる。そのような添加剤は、単回投与もしくは多回投与の形態での非経口投与のために、または植え込んだポンプからの連続的もしくは定期的な注入によるCSF中への直接注入のために通常および慣例的に用いられている物質である。

【００８４】
そのような組成物はまた、緩衝液（例えば、中性緩衝生理食塩水またはリン酸緩衝生理食塩水）、糖質（例えば、グルコース、マンノース、スクロースまたはデキストラン）、マンニトール、タンパク質、ポリペプチド、またはグリシンなどのアミノ酸、抗酸化物質、EDTAもしくはグルタチオンなどのキレート剤、アジュバント（例えば、水酸化アルミニウム）および/または保存料も含みうる。または、本発明の組成物を凍結乾燥物として製剤化することもできる。周知の技術を用いて化合物をリポソーム中に封入することもできる。

【００８５】
本明細書に記載した組成物を、持続放出製剤（すなわち、投与後に化合物の緩徐な放出を生じるカプセルまたはスポンジなどの製剤）の一部として投与することもできる。そのような製剤は公知の技術を用いて一般に調製され、例えば、経口的、直腸内、もしくは皮下移植によって、または腫瘍の外科的切除部位のような所望の標的部位への移植によって

投与される。持続放出製剤は、ペプチド、ポリヌクレオチド、または抗体を、担体マトリックス中に分散された状態、および/または速度制御性の膜に囲まれたレザバー内に包含された状態で含みうる。そのような製剤の内部に用いるための担体は生体適合性があり、さらに生分解性であってもよい；製剤により、有効成分の比較的一定したレベルの放出が得られることが好ましい。持続放出製剤内に含まれる活性化合物の量は、移植の部位、放出の速度および予想持続期間、ならびに治療または予防しようとする病状の性質に依存する。

【００８６】

治療法および予防法

治療には予防法および治療法が含まれる。予防法または治療法は、単一または複数の部位へ、単一の時点または複数の時点において、単回の直接注射により行うことができる。投与を複数の部位にほぼ同時に行うこともできる。患者または対象には、ヒト、ウシ、ウマ、イヌ、ネコ、ブタ、およびヒツジなどの哺乳動物が含まれる。対象は好ましくはヒトである。

【００８７】

がんは、悪性腫瘍の存在を含む、当技術分野で一般に認められている基準を用いて診断することができる。薬学的組成物およびワクチンは、原発性腫瘍の外科的切除および/または放射線療法もしくは従来の化学治療薬の投与のような治療の前または後のいずれかに投与されうる。

【００８８】

治療されるがんには、黒色腫、結腸直腸がん、肺がん（小細胞がんおよび非小細胞がん）、肝細胞がん（原発性肝がん）、膵がん、前立腺がん、膠芽細胞腫、星状細胞腫および神経芽細胞腫を含む脳腫瘍、軟骨肉腫を含む肉腫、乳がん、卵巣がん、および奇形がん腫が含まれるが、これらに限定されない。

【００８９】

ペプチドまたは核酸ベースの薬物（例えば、アンチセンスRNA、siRNA、mRNA）は、化学的手段、生物学的手段、担体ペプチド、ベクター、または物理的送達システムを介して、細胞に送達することができる。代表的な化学的手段には、以下に限定されないが、ポリエチレンイミン（PEI）などのカチオン性ポリマーおよびカチオン性脂質を含む、特定の化学物質が含まれる。生物学的な送達手段の一例には、細胞透過性ペプチド（CPP）がある。例示的な担体ペプチドは、トランスポータン（transportan）である。ベクターには、プラスミドおよびウイルス、または細胞が含まれる。代表的な物理的送達システムには、電気を利用するシステム（electrically-based system）、および遺伝子銃のように機械力を用いるものが含まれるが、これらに限定されない。

【００９０】

本発明のアイソフォームは、これらのアイソフォームのみを認識するペプチドとの特異的相互作用により、タンパク質複合体のメンバーとして、または単独のタンパク質として標的とされうる。また、アイソフォームの活性を中和するペプチドの活性を、従来のプロテオミクス法（例えば、クロマチン免疫沈降（ChIP）を含む免疫沈降、レポーターアッセイ、特異的抗体を用いる免疫検出）を用いて、または細胞活性をモニタリングすることによって検出することもできる。

【００９１】

ある態様の範囲においては、能動的免疫療法などの免疫療法を用いることができ、この場合の治療は、内因性宿主免疫系のインビボ刺激に依拠し、免疫応答修飾物質（本明細書に開示するペプチドおよびポリヌクレオチドなど）の投与を用いて、腫瘍または感染細胞に対して反応させる。

【００９２】

他の態様の範囲において、免疫療法は受動的免疫療法であり得、この場合の治療は、抗腫瘍効果を直接的または間接的に媒介しうる腫瘍免疫反応性が確立された作用物質（エフェクター細胞または抗体）の送達を伴い、完全な宿主免疫系には必ずしも依存しない。エ

フェクター細胞の例には、上記に考察したT細胞のほか、Tリンパ球（CD8+細胞傷害性Tリンパ球およびCD4+ Tヘルパー腫瘍浸潤性リンパ球など）、キラー細胞（ナチュラルキラー細胞およびリンホカイン活性化キラー細胞など）、本明細書で提供するペプチドを発現するB細胞および抗原提示細胞（樹状細胞およびマクロファージなど）が含まれる。好ましい態様においては、ペプチドを提示するように樹状細胞をインビトロで改変し、これらの改変APCを対象に投与する。本明細書に列挙したペプチドに対して特異的なT細胞受容体および抗体受容体をクローニングし、発現させ、他のベクターまたは養子免疫療法のためのエフェクター細胞に移入することもできる。本明細書で提供するペプチドを、受動的免疫療法のための抗体または抗イディオタイプ抗体の作製のために用いる（上記および米国特許第4,918,164号における記載のように）こともできる。

【００９３】

投与および投与量

組成物は任意の適した様式で、しばしば薬学的に許容される担体とともに投与される。本発明の状況下で対象に細胞を投与するのに適した方法を利用することができる。さらに、特定の細胞組成物の投与には複数の経路を用いることができるが、特定の経路によって他の経路よりも迅速かつ有効な反応を得ることができる。

【００９４】

患者に対して投与される投与量は、本発明の状況下では、患者にある期間にわたって有益な治療反応を生じさせる、または疾患の進行を抑制するのに十分であるべきである。したがって、組成物は、疾患による症状および/もしくは合併症を緩和、軽減、および治癒、もしくは少なくとも部分的に制止させるのに、ならびに/または特異的抗原に対する有効な免疫応答を誘発するのに十分な量で、対象に投与される。これを達成するのに十分な量は「治療的有効量」と定義される。

【００９５】

本明細書に開示される治療用組成物の投与の経路および頻度ならびに投与量は、個人によって異なると考えられ、これは標準的な手法を用いて容易に確定することができる。一般に、薬学的組成物およびワクチンは、注射により（例えば、皮内、腫瘍内、筋肉内、静脈内、または皮下）、鼻腔内（例えば、吸引による）または経口的に投与しうる。1～10回の投与を52週間にわたって行うことが好ましい。6回の投与を1カ月間隔で行い、その後に追加免疫処置を定期的に行うことが好ましい。個々の患者に対して代替的なプロトコールが適切な場合もある。1つの態様においては、組成物の皮内注射を2回、10日間隔で行う。別の態様においては、長期間、例えば数週間または数カ月にわたって、毎日または2～3日毎に投薬物の投与を行う。

【００９６】

適した用量とは、上記のように投与した場合に、抗腫瘍応答を促し、基礎（すなわち、未治療）レベルよりも少なくとも10～50％高くすることができる化合物の量のことである。そのような応答は、例えば、患者における腫瘍サイズもしくは抗腫瘍抗体のレベルの低下を測定することにより、または患者の腫瘍細胞をインビトロで死滅させうる細胞溶解性エフェクター細胞のワクチン依存的な生成により、モニタリングが可能である。そのような治療法はまた、治療されていない患者と比較して、患者における臨床的転帰の改善（例えば、完全寛解もしくは部分寛解の頻度の上昇、または無病生存期間の延長）をもたらす応答を生じさせることもできるはずである。一般に、1つまたは複数のペプチドを含む薬学的組成物およびワクチンに関して、1回分の用量に存在する各ペプチドの量は宿主体重1kg当たり約100μg～5mgの範囲である。適した容量は患者の大きさによって異なるが、典型的には約0.1mL～約5mLの範囲と考えられる。

【００９７】

一般に、適切な投与量および治療レジメンは、治療的および/または予防的な利益を得るのに十分な量の活性化合物を与える。そのような応答は、治療されていない患者と比較して、治療された患者における改善した臨床的転帰（例えば、完全寛解もしくは部分寛解の頻度の上昇、または無病生存期間の延長）を確かめることにより、モニタリングが可能

である。腫瘍タンパク質に対する既存の免疫応答の増大は、臨床的転帰の改善と一般に相関する。そのような免疫応答は一般に、標準的な増殖アッセイ、細胞傷害性アッセイ、またはサイトカインアッセイを用いて評価することができ、これらは治療前後の患者から入手した試料を用いて行うことができる。

【００９８】

診断法

本発明は、組織中のがんを検出するための方法であって、本明細書に記載したCSTCまたは転写モジュレーター（またはTCC）のがん特異的アイソフォームを認識してそれと結合する分子と、組織とを接触させる段階を含む方法を提供する。分子は例えば、CSTCターゲティングペプチド、CSTCに対するもしくは転写モジュレーターのがん特異的アイソフォームに対する抗体、またはがん特異的分子に対するオリゴヌクレオチドプローブもしくはアンチセンス分子でありうる。

【００９９】

組織は、ヒト、ウシ、ウマ、イヌ、ネコ、ブタ、およびヒツジ組織などのように哺乳動物に由来するものでよい。組織はヒトのものであることが好ましい。組織には、腫瘍検体、組織検体、血液、管液（ductal fluid）、唾液、尿、脳脊髄液を含む体液検体、またはその他の適した検体が含まれうる。

【０１００】

1つの態様において、本方法は、ELISA型アッセイの使用を含む。別の態様において、本方法は、定量的PCR、または組織中に存在するアイソフォームのレベルの他の評価を含む。いくつかの態様において、本アッセイは組織検体または培養調製物を利用する。当業者は、検体中のがん特異的分子の検出を通じて組織中のがんを検出する方法のために適した、さらなる変法を認識していると考えられる。検出は、コレギュレーターのがん特異的アイソフォームのタンパク質形態の直接的な検出、またはmRNAの検出によるものであってよい。mRNAに関しては、典型的にはRT-PCRを基にした手法が用いられるが、RNAをノーザンブロット分析、RNアーゼ保護アッセイ、ドットブロット、インサイチューハイブリダイゼーション、ランオンアッセイ（run-on-assay）などによって検出することもできる。タンパク質を基にしたアッセイでは、典型的には、特異的抗体が免疫細胞化学-組織学的分析、免疫沈降分析、ChiP分析のために用いられる。別の選択肢は、細胞を基にしたアッセイを用いて、タンパク質活性をモニタリングすることである。1つの態様において、本アッセイは、該当するタンパク質の機能の消失を決定することを含む。例えば、ある種のコレギュレーターアイソフォームは、がん細胞の生存に対して作用する。それらの活性の阻止は、がん細胞が増殖するのを停止させて、プログラム細胞死を誘導すると考えられる。

【０１０１】

この方法はまた、がんに対する治療を受けている患者の組織中のがん特異的分子のレベルをモニタリングするために用いることもできる。CSTCを標的とする治療レジメンの、初期治療または継続的治療に対しての適切さを、この方法を用いてそのようなレベルをモニタリングすることによって決定することができる。

【０１０２】

いくつかの態様においては、インビボでのリアルタイム画像化のために、または検出可能な標識が結合の同定を容易にするような他のアッセイのために、所望であれば、ペプチドおよび/または核酸を標識することができる。ペプチドまたは核酸がコレギュレーターアイソフォームの合成または活性に干渉し、これを従来のmRNAまたはタンパク質同定手法によってモニターすることができれば、検出可能な標識は不要となる。

【０１０３】

本発明はさらに、がん細胞の増殖を阻害する分子を同定するための方法も提供する。本方法は、CSTCと候補分子とを接触させる段階、および候補分子がCSTCの生物活性を妨げるか否かを決定する段階を含む。CSTCの生物活性の妨害により、がん細胞の増殖を阻害する分子が示される。代表的な分子には、タンパク質、ペプチド、アプタマー、およびヌクレオチドが含まれる。

【０１０４】
キット
本明細書に記載した診断的および治療的な用途に用いるために、キットも本発明の範囲に含まれる。そのようなキットは、バイアル、管などの1つまたは複数の容器を収容するための保持具（carrier）、パッケージ、または容器を含むことができ、容器のそれぞれは本方法に用いるための別個の要素のいずれかを含む。例えば、容器は、検出可能な、または検出可能なように標識しうるプローブを含みうる。プローブは、本発明のがん特異的分子に対して特異的なポリペプチドまたはポリヌクレオチドでありうる。キットはまた、標的核酸配列の増幅用のヌクレオチドを含む容器、および/または検出可能な標識、例えば酵素標識、蛍光標識もしくは放射性同位体標識と結合したビオチン結合性タンパク質、例えばアビジンもしくはストレプトアビジンなどのレポーター手段を含む容器も含みうる。キットは、本明細書に記載された配列のアミノ酸配列の全体もしくは一部、またはそのようなアミノ酸配列をコードする核酸分子を含みうる。
【０１０５】
本発明のキットは典型的には、上記の容器と、緩衝剤、希釈剤、フィルター、針、シリンジおよび使用上の指示が記載された添付文書を含む、商業上および利用者の観点から望ましい材料を含む1つまたは複数の他の容器とを含むと考えられる。さらに、本組成物が特定の治療的または非治療的な用途に用いられることを示すための表示を容器の表面に用意することもでき、これは上記のもののような、インビトロまたはインビボでの使用のための指示も示しうる。指示および/またはその他の情報を、キットに同封される挿入物に含めることもできる。
【０１０６】
実施例
実施例1．TCC構成要素のアイソフォームをコードするmRNAの単離およびシークエンシング黒色腫細胞における転写コレギュレーターのアイソフォームの同定
ヒトがん細胞株および原発性腫瘍から、RNA単離キット（Qiagen）を用いてRNAを単離した。コレギュレーターのアイソフォームの同定にはRT-PCRを用いた。
【０１０７】
第一鎖cDNAは、種々の細胞株からの5～10μgのmRNAをテンプレートとして用いて、逆転写酵素（SuperscriptII, Life Technologies Inc.）により合成した。PCR反応は、テンプレートとしてのRT反応物の1割と、GC-Rich PCR SystemまたはExpand（商標）Long Distance PCR Systemキット（Roche）とを含む25μlの容量中で、製造元の指示に従って行った。TCCの構成要素の新規なタンパク質アイソフォームを同定するために、増幅されたすべてのPCR産物のシークエンシングを行って、配列を解析した。
【０１０８】
（表１）TCC構成要素の同定されたアイソフォームのタンパク質配列
GTF: 51種のアイソフォーム
TAF: 30種のアイソフォーム
SWI/SNF: 37種のアイソフォーム
MED: 80種のアイソフォーム
コアクチベーター/コリプレッサー: 6種のアイソフォーム
【０１０９】
表1の全詳細を以下に提供する。
GTF2A2 (ID: P52657)

GTF2A2_1 (SEQ ID NO: 6)
MAYQLYRNTTLGNSLQESLDELIQILAPILQNE*

GTF2H1 (ID: P32780)

GTF2H1_1 (DA040572) (SEQ ID NO: 7)
MATSSEEVLLIVKKVRQKKQDGALYLMAERIAWAPEGKDRFTISHMYADIKCKSAILSSDVFVCHSC*

GTF2H1_2 (BU171510) (SEQ ID NO: 8)
MATSSEEVLLIVKKVRQKKQDGALYLMAERIAWAPEGKDRFTISHMYADIKCQKISPEGKAKIQLQLVLHAGDTTNFHFS
NESTAVKERDAVKDLLQQLLPKFKRKANKELEEKNRMLQEDPVLFQLYKDLVVSQVISAEEFWANRLNVNATDSSSTSNH
KQDVGISAAFLADVRPQTDGCNGLRYNLTSDIIESIFRTYPAVKMKYAENVPHNMTEKEFWTRFFQSHYFHRDRLNTGSK
DLFAECAKIDEKGLKTMVSLGVKNPLLDLTALEDKPLDEGYGISSVPSASNSKSIKENSNAAIIKRFNHHSAMVLAAGLR
KQEAQNEQTSEPSNMDGNSGDADCFQPAVKRVWAKKYEPFGAQVSPNTLCDCKYCIRLFPVTQFF*

GTF2H1_3 (SEQ ID NO: 9)
MATSSEEVLLIVKKVRQKKQDGALYLMAERIAWAPEGKDRFTISHMYADIKCQKILRHFWSCFPVNTPFLEEKVVKMKSN
LERFQVTKLCPFQEKIRRQYLSTNLVSHIEEMLQTAYNKLHTWQSRRLMKKT*

GTF2H1_4 (SEQ ID NO: 10)
MKSNLERFQVTKLCPFQEKIRRQYLSTNLVSHIEEMLQTAYNKLHTWQSRRLMKKT*

GTF2H1_5 (SEQ ID NO: 11)
MQGGTQQAINQMVPNDIQSELKHLYVAVGELLRHFWSCFPVNTPFLEEKVVKMKSNLERFQVTKLCPFQEKIRRQYLSTN
LVSHIEEMLQTAYNKLHTWQSRRLMKKT*

GTF2H2 (ID: Q13888)

GTF2H2_1 (BG571175など) (SEQ ID NO: 12)
MDEEPERTKRWEGGYERTWEILKEDESGSLKATIEDILFKAKRKRVFEHHGQVRLGMMRHLYVVVDGSRTMEDQDLKPNR
LTCTLKLLEYFVEEYFDQNPISQIGIIVTKSKRAEKLTELSGNPRKHITSLKKAVDMTCHGEPSLYNSLSIAMQTLKLVL
YIMYN*

GTF2H2_2 (SEQ ID NO: 13)
MDEEPERTKRWEGGYERTWEILKEDESGSLKATIEDILFKAKRKRVFEHHGQVRLGMMRHLYVVVDGSRTMEDQDLKPNR
LTCTLKLLEYFVEEYFDQNPISQIGIIVTKSKRAEKLTELSGNPRKHITSLKKAVDMTCHGEPSLYNSLSIAMQTLKFCY
GCQGELKDQHVYVCAVCQNVFCVDCDVFVHDSLHCCPGCIHKIPAPSGV*

GTF2H2_3 (SEQ ID NO: 14)
MDEEPERTKRWEGGYERTWEILKEDESGSLKATIEDILFKAKRKRVFEHHGQVRLGMVYVCAVCQNVFCVDCDVFVHDSL
HCCPGCIHKIPAPSGV*

GTF2H2_4 (SEQ ID NO: 15)
MDEEPERTKRWEGGYERTWHLDGNTEPGLTLGGYFCPQCRAKYCELPVECKICGLTLVSAPHLARSYHHLFPLDAFQEIP
LEEYNGERFCYGCQGELKDQHVYVCAVCQNVFCVDCDVFVHDSLHCCPGCIHKIPAPSGV*

GTF2H2_5 (BX460945) (SEQ ID NO: 16)
MDEEPERTKRWEGGYERTWEILKEDESGSLKATIEDILFKAKRKRVFEHHGQVRLGMMRHLYVVVDGSRTMEDQDLKPNR
LTCTLKLLEYFVEEYFDQNPISQIGIIVTKSKRAEKLTELSGNPRKHITSLKKAVDMTCHGEPSLYNSLSIAMQTLKLVL
YIMYN*

GTF2H2_6 (BX537982) (SEQ ID NO: 17)
MDEEPERTKRWEGGYERTWEILKEDESGSLKATIEDILFKAKRKRVFEHHGQVRLGMMRHLYVVVDGSRTMEDQDLKPNR
LTCTLKLLEYFVEEYFDQNPISQIGIIVTKSKRAEKLTELSDGVLLCRQARVQWHNFGSLQSPPHGFKRFPASAS*

GTF2H3 (ID: Q13889)

GTF2H3_1 (BI550734) (SEQ ID NO: 18)
MVLGNSHLFMNRSNKLAVIASHIQESRFLYPGKNGRLGDFFGDPGNPPEFNPSGSKDGKYELLTSANEVIVEEIKDLMTK
SDIKGQHTETLLAGSLAKALCYIHRMNKEVKDNQEMKSRILVIKAAEDSALQYMNFMNVIFAAQKQNILIDACVLDSDSG
LLQQACDITGGLYLKVPQMPSLLQYLLWVFLPDQDQRSQLILPPPVHVDYRAACFCHRNLIEIGYVCSVCLSIFCNFSPI
CTTCETAFKISLPPVLKAKKKKLKVSA*

GTF2H3_2 (BG720598) (SEQ ID NO: 19)
MVSDEDELNLLVIVVDANPIWWGKQALKESQFTLSKCIDAVMVLGNSHLFMNRSNKLAVIASHIQESRFLYPGKNGRLGD
FFGDPGNPPEFNPSGSKDGKYELLTSANEVIVEEIKDLMTKSDIKGQHTETLLAGSLAKALCYIHRMNKEVKDNQEMKSR
ILACDITGGLYLKVPQMPSLLQYLLWVFLPDQDQRSQLILPPPVHVDYRAACFCHRNLIEIGYVCSVCLSIFCNFSPICT
TCETAFKISLPPVLKAKKKKLKVSA*

GTF2H3_3 (CN263926) (SEQ ID NO: 20)
MVSDEDELNLLVIVVDANPIWWGKQALKESQFTLSKCIDAVMVLGNSHLFMNRSNKLAVIASHIQESRFLYPGFTPFSCL
SLPSSWDYYSTEPMRQKFETILPNVVKTW*

GTF2H3_4 (SEQ ID NO: 21)
MVSDEDELNLLVIVVDANPIWWGKQALKESQFTLSKCIDAVMVLGNSHLFMNRSNKLAVIASHIQESRFLYPGKNGRLGD
FFGDPGNPPESGSSL*

GTF2H3_5 (SEQ ID NO: 22)
MVSDEDELNLLVIVVDANPIWWGKQALKESQFTLSKCIDAVMVLGNSHLFMNRSNKLAVIASHIQESRFLYPGKNGRLGD
FFGDPGNPPEFNPSGSKDGKYELLTSANEVIVEEIKDLMTKSDIKGQHTETLLAGSLAKALCYIHRMNKEVKDNQEMKSR
ILVIKAAEDSALQYMNFMNVIFAAQKQNILIDACVLDSDSGLLQQACDITGGLYLKVPQMPSLLQYLLWVFLPDQDQRSQ
PPK*

GTF2H3_6 (SEQ ID NO: 23)
MVSDEDELNLLVIVVDANPTWWGKQALKESQFTLSKCIDAVMVLGNSHLFMNRSNKLAVIASHIQESRFLYPGKNGRLGD
FFGDPGNPPEFNPSGSKDGKYELLTSASQVAGITTLLNP*

GTF2H3_7 (SEQ ID NO: 24)
MVSDEDELNLLVIVVDANPIWWGKQALKESQPPK*

GTF2H3_8 (SEQ ID NO: 25)
MVSDEDELNLLVIVVDANPIWWGKQALKESQVAGITTLLNP*

GTF2H3_9 (SEQ ID NO: 26)
MVSDEDELNLLVIVVDANPIWWGKQALKESQFTLSKCIDAVMVLGNSHLFMNRSNKLAVIASHIQESRFLYPGKNGRLGD
FFGDPGNPPEFNPSGSKDGKYELLTSANEVIVEEIKDLMTKSDIKGQHTETLLAGSLAKALCYIHRMNKEVKDNQEMKSR
ILACDITGGLYLKVPQMPSLLQYLLWVFLPDQDQRSQLSLPSSWDYYSTEPMRQKFETILPNVVKTW*

GTF2H3_10 (SEQ ID NO: 27)
MVSDEDELNLLVIVVDANPIWWGKQALKESQFTLSKCIDAVMVLGNSHLFMNRSNKLAVIASHIQESRFLYPGKNGRLGD
FFGDPGNPPEFNPSGSKDGKYELLTSANEVIVEEIKDLMTKSDIKGQHTETLLAGSLAKALCYIHRMNKEVKDNQEMKSR
ILVIKAAEDSALQYMNFMNVIFAAQKQNILIDACVLDSDSGLLQQACDITGGLYLKVPQMPSLLQYLLWVFLPDQDQRSQ
LILPPPVHVDYRAACFCHRNLIEIGYVCSVCLSIFCNFSPICTTCETAFKISQPPK*

GTF2H3_11 (SEQ ID NO: 28)

MVLGNSHLFMNRSNKLAVIASHIQESRFLYPGKNGRLGDFFGDPGNPPEFNPSGSKDGKYELLTSANEVIVEEIKDLMTK
SDIKGQHTETLLAGSLAKALCYIHRMNKEVKDNQEMKSRILVIKAAEDSALQYMNFMNVIFAAQKQNILIDACVLDSDSG
LLQQACDITGGLYLKVPQMPSLLQYLLWVFLPDQDQRSQPPK*

GTF2H3_12 (DA394527) (SEQ ID NO: 29)
MVSDEDELNLLVIVVDANPIWWGKQALKESQFTLSKCIDAVMVLGNSHLFMNRSNKLAVIASHIQESRFLYPGKNGRLGD
FFGDPGNPPEFNPSGSKDGKYELLTSANEVIVEEIKDLMTKSNNF*

GTF2H3_13 (BP281711) (SEQ ID NO: 30)
MVLGNSHLFMNRSNKLAVIASHIQESRFLYPGKNGRLGDFFGDPGNPPEFNPSGSKDGKYELLTSANEVIVEEIKDLMTK
SNNF*

GTF2H4 (Q92759)

GTF2H4_1 (SEQ ID NO: 31)
MREREVMESTPSRGLNRVHLQCRNLQEFLGGLSPGVLDRLYGHPATCLAVFRELPSLAKNWVMRMLFLEQPLPQAAVALW
VKKEFSKAQEESTGLLSGLRIWHTQLLPGGLQGLILNPIFRQNLRIALLGGGKAWSDDTSQLGPDKHARDVPSLDKYAEE
RWEVVLHFMVGSPSAAVSQDLAQLLSQAGLMKSTEPGEPPCITSAGFQFLLLDTPAQLWYFMLQYLQTAQSRGMDLVEIL
SFLFQLSFSTLGKDYSVEGMSDSLLNFLQHLREFGLVFQRKRKSRRYYPTRLAINLSSGVSGAGGTVHQPGFIVVETNYR
LYAYTESELQIALIALFSEMLYRFPNMVVAQVTRESVQQAIASGITAQQIIHFLRTRAHPVMLKQTPVLPPTITDQIRLW
ELERDRLRFTEGVLYNQFLSQVDFELLLAHARELGVLVFENSAKRLMVVTPAGHSDVKRFWKRQKHSS*

GTF2H4_2 (SEQ ID NO: 32)
MVVTPAGHSDVKRFWKRQKHSS*

GTF2H4_3 (SEQ ID NO: 33)
MLKQTPVLPPTITDQIRLWELERDRLRFTEGVLYNQFLSQVDFELLLAHARELGVLVFENSAKRLMVVTPAGHSDVKRFW
KRQKHSS*

GTF2H4_4 (SEQ ID NO: 34)
MLKQTPVLPPTITDQIRLWELERDRLRFTEGVLYNQFLSQVDFELLLAHARELGVLVFENSAKRLMVVTPAGHSDVKRFW
KRQKHSS*

GTF2H4_5 (SEQ ID NO: 35)
MESTPSRGLNRVHLQCRNLQEFLGGLSPGVLDRLYGHPATCLAVFREFPSLAKNWVMRMLFLEQPLPQAAVALWVKKEFS
KAQEESTGLLSGLRIWHTQLLPGGLQGLILNPIFRQNLRIAPPSPTRSGSGSWKGTDSGSLRVSCITSSCRKWTLSCCWP
TRGSWACSCSRTRPSGSWW*

GTF2H4_6 (SEQ ID NO: 36)
MESTPSRGLNRVHLQCRNLQEFLGGLSPGVLDRLYGHPATCLAVFRELPSLAKNWVMRMLFLEQPLPQAAVALWVKKEFS
KAQEESTGLLSGLRIWHTQLLPGGLQGLILNPIFRQNLRIALLGGGKAWSDDTSQLGPDKHARDVPSLDKYAEERWEVVL
HFMVGSPSAAVSQDLAQLLSQAGLMKSTEPGEPPCITSAGFQFLLLDTPAQLWELERDRLRFTEGVLYNQFLSQVDFELL
LAHARELGVLVFENSAKRLMVVTPAGHSDVKRFWKRQKHSS*

GTF2H4_7 (SEQ ID NO: 37)
MESTPSRGLNRVHLQCRNLQEFLGGLSPGVLDRLYGHPATCLAVFRELPSLAKNWVMRMLFLEQPLPQAAVALWVKKEFS
KAQEESTGLLSGLRIWHTQLLPGGLQGLILNPIFRQNLRIALLGGGKAWSDDTSQLGPDKHARDVPSLDKYAEERWEVVL
HFMVGSPSAAVSQDLAQLLSQAGLMKSTEPGEPPCITSAGFQFLLLDTPAQLWYFMLQYLQTARAQRRQALLEAAET*

GTF2H4_8 (SEQ ID NO: 38)

MESTPSRGLNRVHLQCRNLQEFLGGLSPGVLDRLYGHPATCLAVFRELPSLAKNWVMRMLFLEQPLPQAAVALWVKKEFS
K*

GTF2H4_9 (SEQ ID NO: 39)
MESTPSRGLNRVHLQCRNLQEFLGGLSPGVLDRLYGHPATCLAVFR*

GTF2H4_10 (BQ017927) (SEQ ID NO: 40)
MESTPSRGLNRVHLQCRNLQEFLGGLSPGVLDRLYGHPATCLAVFRELPSLAKNWVMRMLFLEQPLPQAAVALWVKKEFS
K*

ERCC2 (ID: P18074)

ERCC2_1 (AL535248) (SEQ ID NO: 41)
MRELKRTLDAKGHGVLEMPSGTGKTVSLLALIMAYQRAYPLEVTKLIYCSRTVPEIEKVIEELRKLLNFYEKQEGEKLPF
LGLALSSRKNLCIHPEVTPLRFGKDVDGKCHSLTASYVRAQYQHDTSLPHCRFYEEFDAHGREVPLPAGIYNLDDLKALG
RRQGWCPYFLARYSILHANVVVYSYHYLLDPKIADLVSKELARKAVVVFDEAHNIDNVCIDSMSVNLTRRTLDRCQGNLE
TLQKTVLRIKETDEQRLRDEYRRLVEGLREASAARETDAHLANPVLPDEVLQEAVPGSIRTAEHFLGFLRRLLEYVKWRL
RVQHVVQESPPAFLSGLAQRVCIQRKPLRFCAERLRSLLHTLEITDLADFSPLTLLANFATLVSTYAKGFTIIIEPFDDR
TPTIANPILHFSCMDASLAIKPVFERFQSVIITSGTLSPLDIYPKILDFHPVTMATFTMTLARVCLCPMIIGRGNDQVAI
SSKFETREDIAVIRNYGNLLLEMSAVVPDGIVAFFTSYQYMESTVASWYEQGILENIQRNKLLFIETQDGAETSVALEKY
QEACENGRGAILLSVARGKVSEGIDFVHHYGRAVIMFGVPYVYTQSRILKARLEYLRDQFQIRENDFLTFDAMRHAAQCV
GRAIRGKTDYGLMVFADKRFARGDKRGKLPRWIQEHLTDANLNLTVDEGVQVAKYFLRQMAQPFHREDQLGLSLLSLEQL
ESEETLKRIEQIAQQL*

ERCC2_2 (BI562139) (SEQ ID NO: 42)
MRELKRTLDAKAYPLEVTKLIYCSRTVPEIEKVIEELRKLLNFYEKQEGEKLPFLGLALSSRKNLCIHPEVTPLRFGKDV
DGKCHSLTASYVRAQYQHDTSLPHCRFYEEFDAHGREVPLPAGIYNLDDLKALGRRQGWCPYFLARYSILHANVVVYSYH
YLLDPKIADLVSKELARKAVVVFDEAHNIDNVCIDSMSVNLTRRTLDRCQGNLETLQKTVLRIKETDEQRLRDEYRRLVE
GLREASAARETDAHLANPVLPDEVLQEAVPGSIRTAEHFLGFLRRLLEYVKWRLRVQHVVQESPPAFLSGLAQRVCIQRK
PLRFCAERLRSLLHTLEITDLADFSPLTLLANFATLVSTYAKGFTIIIEPFDDRTPTIANPILHFSCMDASLAIKPVFER
FQSVIITSGTLSPLDIYPKILDFHPVTMATFTMTLARVCLCPMIIGRGNDQVAISSKFETREDIAVIRNYGNLLLEMSAV
VPDGIVAFFTSYQYMESTVASWYEQGILENIQRNKLLFIETQDGAETSVALEKYQEACENGRGAILLSVARGKVSEGIDF
VHHYGRAVIMFGVPYVYTQSRILKARLEYLRDQFQIRENDFLTFDAMRHAAQCVGRAIRGKTDYGLMVFADKRFARGDKR
GKLPRWIQEHLTDANLNLTVDEGVQVAKYFLRQMAQPFHREDQLGLSLLSLEQLESEETLKRIEQIAQQL*

ERCC2_3 (BG719746など) (SEQ ID NO: 43)
MRELKRTLDAKGHGVLEMPSGTGKTVSLLALIMAYQRAYPLEVTKLIYCSRTVPEIEKVIEELRKLLNFYEKQEGEKLPF
LGLALSSRKNLCIHPEVTPLRFGKDVDGKCHSLTASYVRAQYQHDTSLPHCRFYEEFDAHGREVPLPAGIYNLDDLKALG
RRQGWCPYFLARYSILHANVVVYSYHYLLDPKIADLVSKELARKAVVVFDEAHNIDNVCIDSMSVNLTRRTLDRCQGNLE
TLQKTVLRIKETDEQRLRDEYRRLVEGLREASAARETDAHLANPVLPDEVLQEAVPGSIRTAEHFLGFLRRLLEYVKWRL
RVQHVVQESPPAFLSGLAQRVCIQRKPLRFCAERLRSLLHTLEITDLADFSPLTLLANFATLVSTYAKGFTIIIEPFDDR
TPTIANPILHFSCMDASLAIKPVFERFQSVIITSGTLSPLDIYPKILDFHPVTMATFTMTLARVCLCPMIIGRGNDQVAI
SSKFETREDIAVIRNYGNLLLEMSAVVPDGIVAFFTSYQYMESTVASWYEQGILENIQRNKLLFIETQDGAETSVALEKY
QEACENGRGAILLSVARGKVSEGIDFVHHYGRAVIMFGVPYVYTQSRILKARLEYLRDQFQIRENDFLTFDAMRHAAQCV
GRAIRGKTDYGLMVFADKRFARGDKRGKLPRWIQEHLTDANLNLTVDEGVQVAKYFLRQMAQPFHREDQLGLSLLSLEQL
ESEETLKRIEQIAQQL*

ERCC3 (ID: P19447)

ERCC3_1 (CD693399) (SEQ ID NO: 44)

MQILQNFKHNPKINTIFISKVGDTSFDLPEANVLIQISSHGGSRRQEAQRLGRVLRAKKGMVAEEYNAFFYSLVSQDTQE
MAYSTKRQRFLVDQGYSFKVITKLAGMEEEDLAFSTKEEQQQLLQKVLAATDLDAEEEVVAGEFGSRSSQASRRFGTMSS
MSGADDTVYMEYHSSRSKAPSKHVHPLFKRFRK*

MNAT1 (ID: P51948)

MNAT1_1 (AW590418) (SEQ ID NO: 45)
MDDQGCPRCKTTKYRNPSLKLMVNVCGHTLCESCVDLLFVRGAGNCPECGTPLRKSNFRVQLFEDPTVDKEVEIRKKVLK
IYNKREEDFPSLREYNDFLEEVEEIVFNLTNNVDLDNTKKKMEIYQKENKDVIQKNKLKLTREQEELEEALEVERQENEQ
RRLFIQKEEQLQQILKRKNKQAFLDELESSDLPVALLLAQHKDRSTQLEMQLEKPKPVKPVTFSTGIKMGQHISLAPIHK
LEEALYEYQPLQIETYGPHVPELEMLGRLGGFDTISLI*

CDK7 (ID: P50613)

CDK7_1 (SEQ ID NO: 46)
MALDVKSRAKRYEKLDFLGEGQFATVYKARDKNTNQIVAIKKIKLGHRSEAKDGINRTALREIKLLQELSHPNIIGVIIK
DNSLVLTPSHIKAYMLMTLQGLEYLHQHWILHRDLKPNNLLLDENGVLKLADFGLAKSFGSPNRAYTHQVVTRWYRAPEL
LFGARMYGVGVDMWAVGCILAELLLRVPFLPGDSDLDQLTRIFETLGTPTEEQWPDMCSLPDYVTFKSFPGIPLHHIFSA
AGDDLLDLIQGLFLFNPCARITATQALKMKYFSNRPGPTPGCQLPRPNCPVETLKEQSNPALAIKRKRTEALEQGGLPKK
LIF*

CCNH (ID: P51946)

CCNH_1 (AB209342) (SEQ ID NO: 47)
MYHNSSQKRHWTFSSEEQLARLRADANRKFRCKAVANGKVLPNDPVFLEPHEEMTLCKYYEKRLLEFCSVFKPAMPRSVV
GTACMYFKRFYLNNSVMEYHPRIIMLTCAFLACKVDEFNVSSPQFVGNLRESPLGQEKALEQILEYELLLIQQLNFHLIV
HNPYRPFEGFLIDLKTRYPILENPEILRKTADDFLNRIALTDAYLLYTPSQIALTAILSSASRAGITMESYLSESLMLKE
NRTCLSQLLDIMKSMRNLVKKYEPPRSEEVAVLKQKLERCHSAELALNVITKKRKGYEDDDYVSKKSKHEEVCFTPKMNS
KLFLLYILV*

GTF2F1 (ID: P35269)

GTF2F1_1 (BF796638) (SEQ ID NO: 48)
MAALGPSSQNVTEYVVRVPKNTTKKYNIMAFNAADKVNFATWNQARLERDLSNKKIYQEEEMPESGAGSEFNRKLREEAR
RKFKGIKKGGVTENTSYYIFTQCPDGAFEAFPVHNWYNFTPLARHRTLTAEEAEEEWERRNKVLNHFSIMQQRRLKDQDQ
DEDEEEKEKRGRRKASELRIHDLEDDLEMSSDASDASGEEGGRVPKAKKKAPLAKGGRKKKKKKGSDDEAFEDSDDGDFE
GQEVDYMSDGSSSSQEEPESKAKAPQQEEGPKGVDEQSDSSEESEEEKPPEEDKEEEEEKKAPTPQEKKRRKDSSEESDS
SEESDIDSEASSALFMAKKKTPPKRERKPSGGSSRGNSRPGTPSAEGGSTSSTLRAAASKLEQGKRVSEMPAAKRLRLDT
GPQSLSGKSTPQPPSGKTTPNSGDVQVTEDAVRRYLTRKPMTTKDLLKKFQTKKTGLSSEQTVNVLAQILKRLNPERKMI
NDKMHFSLKE*

GTF2F1_2 (BG425542) (SEQ ID NO: 49)
MAALGPSSQNVTEYVVRVPKNTTKKYNIMAFNAADKVNFATWNQARLERDLSNKKIYQEEEKEKRGRRKASELRIHDLED
DLEMSSDASDASGEEGGRVPKAKKKAPLAKGGRKKKKKKGSDDEAFEDSDDGDFEGQEVDYMSDGSSSSQEEPESKAKAP
QQEEGPKGVDEQSDSSEESEEEKPPEEDKEEEEEKKAPTPQEKKRRKDSSEESDSSEESDIDSEASSALFMAKKKTPPKR
ERKPSGGSSRGNSRPGTPSAEGGSTSSTLRAAASKLEQGKRVSEMPAAKRLRLDTGPQSLSGKSTPQPPSGKTTPNSGDV
QVTEDAVRRYLTRKPMTTKDLLKKFQTKKTGLSSEQTVNVLAQILKRLNPERKMINDKMHFSLKE*

GTF2F1_3 (BQ069267) (SEQ ID NO: 50)
MAALGPSSQNVTEYVVRVPKNTTKKYNIMAFNAADKVNFATWNQARLERDLSNKKIYQEEEMPESGAGSEFNRKLREEAR

RKKYGIVLKEFRPEDQPWLLRVNGKSGRKFKGIKKGGVTENTSYYIFTQCPDGAFEAFPVHNWYNFTPLARHRTLTAEEA
EEEWERRNKVLNHFSIMQQRRLKDQDQDEDEEEKEKRGRRKASELRIHDLEDDLEMSSDASDASGEEGGRVPKAKKKAPL
AKGGRKKKKKKGSDDEAFEDSDDGDFEGQEVDYMSDGSSSSQEEPESKAKAPQQEEGPKGVDEQSDSSEESEEEKPPEED
KEEEEEKKAPTPQEKKRRKDSSEESDSSEESDIDSEASSAFFMAVRPSPVAGEAWASVCRLTHLPTLTSAEEEDATQERA
EAVGRELKGQQPPRHAQRRGWQHLLHPAGGCQQTRAREAGERDACSQAVAAGHGTPEPVWEVDTPATIRQDNTQQRRRAG
D*

GTF2F1_4 (SEQ ID NO: 51)
MAALGPSSQNVTEYVVRVPKNTTKKYNIMAFNAADKVNFATWNQARLERDLSNKKIYQEEEMPESGAGSEFNRKLREEAR
RKKYGIVLKEFRPEDQPWLLRVNGKSGRKFKGIKKGGVTENTSYYIFTQCPDGAFEAFPVHNWYNFTPLARHRTLTAEEA
EEEWERRNKVLNHFSIMQQRRLKDQDQDEDEEEKEKRGRRKASELRIHDLEDDLEMSSDASDASGEEGGRVPKAKKKAPL
AKGGRKKKKKKGSDDEAFEDSDDGDFEGQEVDYMSDGSSSSQEEPESKAKAPQQEEGPKGVDEQSDSSEESEEEKPPEED
KEEEEEKKAPTPQEKKRRKDSSEESDSSEESDIDSEASSALFMAVRPSPVAGEAWASVCRLTHLPTLTSAEEEDATQERA
EAVGRELKGQQPPRHAQRRGWQHLLHPAGGCQQTRAR*

GTF2F1_5 (SEQ ID NO: 52)
MAALGPSSQNVTEYVVRVPKNTTKKYNIMAFNAADKVNFATWNQARLERDLSNKKIYQEEEMPESGAGSEFNRKLREEAR
RKKYGIVLKEFRPEDQPWLLRVNGKSGRKFKGIKKGGVTENTSYYIFTQCPDGAFEAFPVHNWYNFTPLARHRTLTAEEA
EEEWERRNKVLNHFSIMQQRRLKDQDQDEDEEEKEKRGRRKASELRIHDLEDDLEMSSDASDASGEEGGRVPKAKKKAPL
AKGGRKKKKKKGSDDEAFEDSDDGDFEGQEVDYMSDGSSSSQEEPESKAKAPQQEEGPKGVDEQSDTDQGPVLPTG*

GTF2F1_6 (SEQ ID NO: 53)
MAALGPSSQNVTEYVVRVPKNTTKKYNIMAFNAADKVNFATWNQARLERDLSNKKIYQEEEMPESGAGSEFNRKLREEAR
RKKYGIVLKEFRPEDQPWLLRVNGKSGRKFKGIKKGGVTENTSYYIFTQCPDGAFEAFPVHNWYNFTPLARHRTLTAPSP
S*

GTF2F1_7 (SEQ ID NO: 54)
MAALGPSSQNVTEYVVRVPKNTTKKYNIMAFNAADKVNFATWNQARLERDLSNKKIYQEEEMPESGAGSEFNRKLREEAR
RKKYGIVLKEFRPEDQPWLLRVNGKSGRKFKGIKKGGVTENTSYYIFTQCPDGAFEAFPVHNWYNFTPLARHRTLTAEEA
EEEWERRNKVLNHFSIMQQRRLKDQDQDEDEEEKEKRGRRKASELRIHDLEDDLEMSSDASDASGEEGGRVPKAKKKAPL
AKGGRKKKKKKGSDDEAFEDSDDGDFEGQEVDYMSDGSSSSQEEPESKAKAPQQEEGPKGVDEQSDSSEESEEEKPPEED
KEEEEEKKAPTPQEKKRRKDSSEESDSSEESDIDSEASSAFFMAVRPSPVAGEAWASVCRLTHLPTLTSAEEEDATQERA
EAVGRELKGQQPPRHAQRRGWQHLLHPAGGCQQTRAREAGERDACSQAVAAGHGTPEPVWEVDTPATIRQDNTQQRVS*

GTF2F1_8 (SEQ ID NO: 55)
MAALGPSSQNVTEYVVRVPKNTTKKYNIMAFNAADKVNFATWNQARLERDLSNKKIYQEEEMPESGAGSEFNRKLREEAR
RKKYGIVLKEFRPEDQPWLLRVNGKSGRKFKGIKKGGVTENTSYYIFTQCPDGAFEAFPVHNWYNFTPLARHRTLTAEEA
EEEWERRNKVLNHFSIMQQRRLKDQDQDEDEEEKEKRGRRKASELRIHDLEDDLEMSSDASDASGEEGGRVPKAKKKAPL
AKGGRKKKKKKGSDDEAFEDSDDGDFEGQEVDYMSDGSSSSQEEPESKGLCCPLGNFYSSPFHFPKSLFSCDLSTT*

GTF2F1_9 (SEQ ID NO: 56)
MAALGPSSQNVTEYVVRVPKNTTKKYNIMAFNAADKVNFATWNQARLERDLSNKKIYQEEEMPESGAGSEFNRKLREEAR
RKKYGIVLKEFRPEDQPWLLRVNGKSGRKFKGIKKGGVTENTSYYIFTQCPDGAFEAFPVHNWYNFTPLARHRTLTAEEA
EEEWERRNKVLNHFSIMQQRRLKDQDQDEDEEEKEKRGRRKASELRIHDLEDDLEMSSDASDASGEEGGRVPKAKKKAPL
AKGGRKKKKKKGSDDEAFEDSDDGDFEGQEVDYMSDGSSSSQEEPESKAKAPQQEEGPKGVDEQSDSSEESEEEKPPEKP
PPGSASLTLTKGLCCPLGNFYSSPFHFPKSLFSCDLSTT*

TAF1 (ID: P21675)

TAF1_1 (内部の442 aa欠損(125-567 aa) (SEQ ID NO: 57)

MGPGCDLLLRTAATITAAAIMSDTDSDEDSAGGGPFSLAGFLFGNINGAGQLEGESVLDDECKKHLAGLGALGLGSLITE
LTANEELTGTDGALVNDEGWVRSTEDAVDYSDINEVAEVKDPWNLSNDEYYYPKQQGLRGTFGGNIIQHSIPAVELRQPF
FPTHMGPIKLRQFHRPPLKKYSFGALSQPGPHSVQPLLKHIKKKAKMREQERQASGGGEMFFMRTPQDLTGKDGDLILAE
YSEENGPLMMQVGMATKIKNYYKRKPGKDPGAPDCKYGETVYCHTSPFLGSLHPGQLLQAFENNLFRAPIYLHKMPETDF
LIIRTRQGYYIRELVDIFVVGQQCPLFEVPGPNSKRANTHIRDFLQVFIYRLFWKSKDRPRRIRMEDIKKAFPSHSESSI
RKRLKLCADFKRTGMDSNWWVLKSDFRLPTEEEIRAMVSPEQCCAYYSMIAAEQRLKDAGYGEKSFFAPEEENEEDFQMK
IDDEVRTAPWNTTRAFIAAMKGKCLLEVTGVADPTGCGEGFSYVKIPNKPTQQKDDKEPQPVKKTVTGTDADLRRLSLKN
AKQLLRKFGVPEEEIKKLSRWEVIDVVRTMSTEQARSGEGPMSKFARGSRFSVAEHQERYKEECQRIFDLQNKVLSSTEV
LSTDTDSSSAEDSDFEEMGKNIENMLQNKKTSSQLSREREEQERKELQRMLLAAGSAASGNNHRDDDTASVTSLNSSATG
RCLKIYRTFRDEEGKEYVRCETVRKPAVIDAYVRIRTTKDEEFIRKFALFDEQHREEMRKERRRIQEQLRRLKRNQEKEK
LKGPPEKKPKKMKERPDLKLKCGACGAIGHMRTNKFCPLYYQTNAPPSNPVAMTEEQEEELEKTVIHNDNEELIKVEGTK
IVLGKQLIESADEVRRKSLVLKFPKQQLPPKKKRRVGTTVHCDYLNRPHKSIHRRRTDPMVTLSSILESIINDMRDLPNT
YPFHTPVNAKVVKDYYKIITRPMDLQTLRENVRKRLYPSREEFREHLELIVKNSATYNGPKHSLTQISQSMLDLCDEKLK
EKEDKLARLEKAINPLLDDDDQVAFSFILDNIVTQKMMAVPDSWPFHHPVNKKFVPDYYKVIVNPMDLETIRKNISKHKY
QSRESFLDDVNLILANSVKYNGPESQYTKTAQEIVNVCYQTLTEYDEHLTQLEKDICTAKEAALEEAELESLDPMTPGPY
TPQPPDLYDTNTSLSMSRDASVFQDESNMSVLDIPSATPEKQVTQEGEDGDGDLADEEEGTVQQPQASVLYEDLLMSEGE
DDEEDAGSDEEGDNPFSAIQLSESGSDSDVGSGGIRPKQPRMLQENTRMDMENEESMMSYEGDGGEASHGLEDSNISYGS
YEEPDPKSNTQDTSFSSIGGYEVSEEEEDEEEEEQRSGPSVLSQVHLSEDEEDSEDFHSIAGDSDLDSDE

TAF1_2 (BG289819) (SEQ ID NO: 58)
MGPGCDLLLRTAATITAAAIMSDTDSDEDSAGGGPFSLAGFLFGNINGAGQLEGESVLDDECKKHLAGLGALGLGSLITE
LTANEELTGTDGALVNDEGWVRSTEDAVDYSDINEVAEDESRRYQQTMGSLQPLCHSDYDEDDYDADCEDIDCKLMPPPP
PPPGPMKKDKDQDSITGEKVDFSSSSDSESEMGPQEATQAESEDGKLTLPLAGIMQHDATKLLPSVTELFPEFRPGKVLR
FLRLFGPGKNVPSVWRSARRKRKKKHRELIQEEQIQEVECSVESEVSQKSLWNYDYAPPPPPEQCLSDDEITMMAPVESK
FSQSTGDIDKVTDTKPRVAEWRYGPARLWYDMLGVPEDGSGFDYGFKLRKTEHEPVIKSRMIEEFRKLEENNGTDLLADE
NFLMVTQLHWEDDIIWDGEDVKHKGTKPQRASLAGWLPSSMTRNAMAYNVQQGFAATLDDDKPWYSIFPIDNEDLVYGRW
EDNIIWDAQAMPRLLEPPVLTLDPNDENLILEIPDEKEEATSNSPSKESKKESSLKKSRILLGKTGVIKEEPQQNMSQPE
VKDPWNLSNDEYYYPKQQGLRGTFGGNIIQHSIPAVELRQPFFPTHMGPIKLRQFHRPPLKKYSFGALSQPGPHSVQPLL
KHIKKKAKMREQERQASGGGEMFFMRTPQDLTGKDGDLILAEYSEENGPLMMQVGMATKIKNYYKRKPGKDPGAPDCKYG
ETVYCHTSPFLGSLHPGQLLQAFENNLFRAPIYLHKMPETDFLIIRTRQGYYIRELVDIFVVGQQCPLFEVPGPNSKRAN
THIRDFLQVFIYRLFWKSKDRPRRIRMEDIKKAFPSHSESSIRKRLKLCADFKRTGMDSNWWVLKSDFRLPTEEEIRAMV
SPEQCCAYYSMIAAEQRLKDAGYGEKSFFAPEEENEEDFQMKIDDEVRTAPWNTTRAFIAAMKGKCLLEVTGVADPTGCG
EGFSYVKIPNKPTQQKDDKEPQPVKKTVTGTDADLRRLSLKNAKQLLRKFGVPEEEIKKLSRWEVIDVVRTMSTEQARSG
EGPMSKFARGSRFSVAEHQERYKEECQRIFDLQNKVLSSTEVLSTDTDSSSAEDSDFEEMGKNIENMLQNKKTSSQLSRE
REEQERKELQRMLLAAGSAASGNNHRDDDTASVTSLNSSATGRCLKIYRTFRDEEGKEYVRCETVRKPAVIDAYVRIRTT
KDEEFIRKFALFDEQHREEMRKERRRIQEQLRRLKRNQEKEKLKGPPEKKPKKMKERPDLKLKCGACGAIGHMRTNKFCP
LYYQTNAPPSNPVAMTEEQEEELEKTVIHNDNEELIKVEGTKIVLGKQLIESADEVRRKSLVLKFPKQQLPPKKKRRVGT
TVHCDYLNRPHKSIHRRRTDPMVTLSSILESIINDMRDLPNTYPFHTPVNAKVVKDYYKIITRPMDLQTLRENVRKRLYP
SREEFREHLELIVKNSATYNGPKHSLTQISQSMLDLCDEKLKEKEDKLARLEKAINPLLDDDDQVAFSFILDNIVTQKMM
AVPDSWPFHHPVNKKFVPDYYKVIVNPMDLETIRKNISKHKYQSRESFLDDVNLILANSVKYNGPESQYTKTAQEIVNVC
YQTLTEYDEHLTQLEKDICTAKEAALEEAELESLDPMTPGPYTPQPPDLYDTNTSLSMSRDASVFQDESNMSVLDIPSAT
PEKQVTQMRQGRGRLGEEDSDVDIEGYDDEEEDGKPKTPAPEGEDGDGDLADEEEGTVQQPQASVLYEDLLMSEGEDDEE
DAGSDEEGDNPFSAIQLSESGSDSDVGSGGIRPKQPRMLQENTRMDMENEESMMSYEGDGGEASHGLEDSNISYGSYEEP
DPKSNTQDTSFSSIGGYEVSEEEEDEEEEEQRSGPSVLSQVHLSEDEEDSEDFHSIAGDSDLDSDE

TAF1_3 (内部の455 aa欠損(105-560 aa)) (SEQ ID NO: 59)
MGPGCDLLLRTAATITAAAIMSDTDSDEDSAGGGPFSLAGFLFGNINGAGQLEGESVLDDECKKHLAGLGALGLGSLITE
LTANEELTGTDGALVNDEGWVRSTEVKDPWNLSNDEYYYPKQQGLRGTFGGNIIQHSIPAVELRQPFFPTHMGPIKLRQF
HRPPLKKYSFGALSQPGPHSVQPLLKHIKKKAKMREQERQASGGGEMFFMRTPQDLTGKDGDLILAEYSEENGPLMMQVG
MATKIKNYYKRKPGKDPGAPDCKYGETVYCHTSPFLGSLHPGQLLQAFENNLFRAPIYLHKMPETDFLIIRTRQGYYIRE

LVDIFVVGQQCPLFEVPGPNSKRANTHIRDFLQVFIYRLFWKSKDRPRRIRMEDIKKAFPSHSESSIRKRLKLCADFKRT
GMDSNWWVLKSDFRLPTEEEIRAMVSPEQCCAYYSMIAAEQRLKDAGYGEKSFFAPEEENEEDFQMKIDDEVRTAPWNTT
RAFIAAMKGKCLLEVTGVADPTGCGEGFSYVKIPNKPTQQKDDKEPQPVKKTVTGTDADLRRLSLKNAKQLLRKFGVPEE
EIKKLSRWEVIDVVRTMSTEQARSGEGPMSKFARGSRFSVAEHQERYKEECQRIFDLQNKVLSSTEVLSTDTDSSSAEDS
DFEEMGKNIENMLQNKKTSSQLSREREEQERKELQRMLLAAGSAASGNNHRDDDTASVTSLNSSATGRCLKIYRTFRDEE
GKEYVRCETVRKPAVIDAYVRIRTTKDEEFIRKFALFDEQHREEMRKERRRIQEQLRRLKRNQEKEKLKGPPEKKPKKMK
ERPDLKLKCGACGAIGHMRTNKFCPLYYQTNAPPSNPVAMTEEQEEELEKTVIHNDNEELIKVEGTKIVLGKQLIESADE
VRRKSLVLKFPKQQLPPKKKRRVGTTVHCDYLNRPHKSIHRRRTDPMVTLSSILESIINDMRDLPNTYPFHTPVNAKVVK
DYYKIITRPMDLQTLRENVRKRLYPSREEFREHLELIVKNSATYNGPKHSLTQISQSMLDLCDEKLKEKEDKLARLEKAI
NPLLDDDDQVAFSFILDNIVTQKMMAVPDSWPFHHPVNKKFVPDYYKVIVNPMDLETIRKNISKHKYQSRESFLDDVNLI
LANSVKYNGPESQYTKTAQEIVNVCYQTLTEYDEHLTQLEKDICTAKEAALEEAELESLDPMTPGPYTPQPPDLYDTNTS
LSMSRDASVFQDESNMSVLDIPSATPEKQVTQEGEDGDGDLADEEEGTVQQPQASVLYEDLLMSEGEDDEEDAGSDEEGD
NPFSAIQLSESGSDSDVGSGGIRPKQPRMLQENTRMDMENEESMMSYEGDGGEASHGLEDSNISYGSYEEPDPKSNTQDT
SFSSIGGYEVSEEEEDEEEEEQRSGPSVLSQVHLSEDEEDSEDFHSIAGDSDLDSDE

TAF1_4 (内部の497 aa欠損(113-610 aa)) (SEQ ID NO: 60)
MGPGCDLLLRTAATITAAAIMSDTDSDEDSAGGGPFSLAGFLFGNINGAGQLEGESVLDDECKKHLAGLGALGLGSLITE
LTANEELTGTDGALVNDEGWVRSTEDAVDYSDIKLRQFHRPPLKKYSFGALSQPGPHSVQPLLKHIKKKAKMREQERQAS
GGGEMFFMRTPQDLTGKDGDLILAEYSEENGPLMMQVGMATKIKNYYKRKPGKDPGAPDCKYGETVYCHTSPFLGSLHPG
QLLQAFENNLFRAPIYLHKMPETDFLIIRTRQGYYIRELVDIFVVGQQCPLFEVPGPNSKRANTHIRDFLQVFIYRLFWK
SKDRPRRIRMEDIKKAFPSHSESSIRKRLKLCADFKRTGMDSNWWVLKSDFRLPTEEEIRAMVSPEQCCAYYSMIAAEQR
LKDAGYGEKSFFAPEEENEEDFQMKIDDEVRTAPWNTTRAFIAAMKGKCLLEVTGVADPTGCGEGFSYVKIPNKPTQQKD
DKEPQPVKKTVTGTDADLRRLSLKNAKQLLRKFGVPEEEIKKLSRWEVIDVVRTMSTEQARSGEGPMSKFARGSRFSVAE
HQERYKEECQRIFDLQNKVLSSTEVLSTDTDSSSAEDSDFEEMGKNIENMLQNKKTSSQLSREREEQERKELQRMLLAAG
SAASGNNHRDDDTASVTSLNSSATGRCLKIYRTFRDEEGKEYVRCETVRKPAVIDAYVRIRTTKDEEFIRKFALFDEQHR
EEMRKERRRIQEQLRRLKRNQEKEKLKGPPEKKPKKMKERPDLKLKCGACGAIGHMRTNKFCPLYYQTNAPPSNPVAMTE
EQEEELEKTVIHNDNEELIKVEGTKIVLGKQLIESADEVRRKSLVLKFPKQQLPPKKKRRVGTTVHCDYLNRPHKSIHRR
RTDPMVTLSSILESIINDMRDLPNTYPFHTPVNAKVVKDYYKIITRPMDLQTLRENVRKRLYPSREEFREHLELIVKNSA
TYNGPKHSLTQISQSMLDLCDEKLKEKEDKLARLEKAINPLLDDDDQVAFSFILDNIVTQKMMAVPDSWPFHHPVNKKFV
PDYYKVIVNPMDLETIRKNISKHKYQSRESFLDDVNLILANSVKYNGPESQYTKTAQEIVNVCYQTLTEYDEHLTQLEKD
ICTAKEAALEEAELESLDPMTPGPYTPQPPDLYDTNTSLSMSRDASVFQDESNMSVLDIPSATPEKQVTQEGEDGDGDLA
DEEEGTVQQPQASVLYEDLLMSEGEDDEEDAGSDEEGDNPFSAIQLSESGSDSDVGSGGIRPKQPRMLQENTRMDMENEE
SMMSYEGDGGEASHGLEDSNISYGSYEEPDPKSNTQDTSFSSIGGYEVSEEEEDEEEEEQRSGPSVLSQVHLSEDEEDSE
DFHSIAGDSDLDSDE

TAF1_5 (内部の531 aa欠損(81-612 aa)) (SEQ ID NO: 61)
MGPGCDLLLRTAATITAAAIMSDTDSDEDSAGGGPFSLAGFLFGNINGAGQLEGESVLDDECKKHLAGLGALGLGSLITE
LRQFHRPPLKKYSFGALSQPGPHSVQPLLKHIKKKAKMREQERQASGGGEMFFMRTPQDLTGKDGDLILAEYSEENGPLM
MQVGMATKIKNYYKRKPGKDPGAPDCKYGETVYCHTSPFLGSLHPGQLLQAFENNLFRAPIYLHKMPETDFLIIRTRQGY
YIRELVDIFVVGQQCPLFEVPGPNSKRANTHIRDFLQVFIYRLFWKSKDRPRRIRMEDIKKAFPSHSESSIRKRLKLCAD
FKRTGMDSNWWVLKSDFRLPTEEEIRAMVSPEQCCAYYSMIAAEQRLKDAGYGEKSFFAPEEENEEDFQMKIDDEVRTAP
WNTTRAFIAAMKGKCLLEVTGVADPTGCGEGFSYVKIPNKPTQQKDDKEPQPVKKTVTGTDADLRRLSLKNAKQLLRKFG
VPEEEIKKLSRWEVIDVVRTMSTEQARSGEGPMSKFARGSRFSVAEHQERYKEECQRIFDLQNKVLSSTEVLSTDTDSSS
AEDSDFEEMGKNIENMLQNKKTSSQLSREREEQERKELQRMLLAAGSAASGNNHRDDDTASVTSLNSSATGRCLKIYRTF
RDEEGKEYVRCETVRKPAVIDAYVRIRTTKDEEFIRKFALFDEQHREEMRKERRRIQEQLRRLKRNQEKEKLKGPPEKKP
KKMKERPDLKLKCGACGAIGHMRTNKFCPLYYQTNAPPSNPVAMTEEQEEELEKTVIHNDNEELIKVEGTKIVLGKQLIE
SADEVRRKSLVLKFPKQQLPPKKKRRVGTTVHCDYLNRPHKSIHRRRTDPMVTLSSILESIINDMRDLPNTYPFHTPVNA
KVVKDYYKIITRPMDLQTLRENVRKRLYPSREEFREHLELIVKNSATYNGPKHSLTQISQSMLDLCDEKLKEKEDKLARL
EKAINPLLDDDDQVAFSFILDNIVTQKMMAVPDSWPFHHPVNKKFVPDYYKVIVNPMDLETIRKNISKHKYQSRESFLDD
VNLILANSVKYNGPESQYTKTAQEIVNVCYQTLTEYDEHLTQLEKDICTAKEAALEEAELESLDPMTPGPYTPQPPDLYD

TNTSLSMSRDASVFQDESNMSVLDIPSATPEKQVTQEGEDGDGDLADEEEGTVQQPQASVLYEDLLMSEGEDDEEDAGSD
EEGDNPFSAIQLSESGSDSDVGSGGIRPKQPRMLQENTRMDMENEESMMSYEGDGGEASHGLEDSNISYGSYEEPDPKSN
TQDTSFSSIGGYEVSEEEEDEEEEEQRSGPSVLSQVHLSEDEEDSEDFHSIAGDSDLDSDE

TAF1_6（648 aa短いN末端）（SEQ ID NO: 62）
MREQERQASGGGEMFFMRTPQDLTGKDGDLILAEYSEENGPLMMQVGMATKIKNYYKRKPGKDPGAPDCKYGETVYCHTS
PFLGSLHPGQLLQAFENNLFRAPIYLHKMPETDFLIIRTRQGYYIRELVDIFVVGQQCPLFEVPGPNSKRANTHIRDFLQ
VFIYRLFWKSKDRPRRIRMEDIKKAFPSHSESSIRKRLKLCADFKRTGMDSNWWVLKSDFRLPTEEEIRAMVSPEQCCAY
YSMIAAEQRLKDAGYGEKSFFAPEEENEEDFQMKIDDEVRTAPWNTTRAFIAAMKGKCLLEVTGVADPTGCGEGFSYVKI
PNKPTQQKDDKEPQPVKKTVTGTDADLRRLSLKNAKQLLRKFGVPEEEIKKLSRWEVIDVVRTMSTEQARSGEGPMSKFA
RGSRFSVAEHQERYKEECQRIFDLQNKVLSSTEVLSTDTDSSSAEDSDFEEMGKNIENMLQNKKTSSQLSREREEQERKE
LQRMLLAAGSAASGNNHRDDDTASVTSLNSSATGRCLKIYRTFRDEEGKEYVRCETVRKPAVIDAYVRIRTTKDEEFIRK
FALFDEQHREEMRKERRRIQEQLRRLKRNQEKEKLKGPPEKKPKKMKERPDLKLKCGACGAIGHMRTNKFCPLYYQTNAP
PSNPVAMTEEQEEELEKTVIHNDNEELIKVEGTKIVLGKQLIESADEVRRKSLVLKFPKQQLPPKKKRRVGTTVHCDYLN
RPHKSIHRRRTDPMVTLSSILESIINDMRDLPNTYPFHTPVNAKVVKDYYKIITRPMDLQTLRENVRKRLYPSREEFREH
LELIVKNSATYNGPKHSLTQISQSMLDLCDEKLKEKEDKLARLEKAINPLLDDDDQVAFSFILDNIVTQKMMAVPDSWPF
HHPVNKKFVPDYYKVIVNPMDLETIRKNISKHKYQSRESFLDDVNLILANSVKYNGPESQYTKTAQEIVNVCYQTLTEYD
EHLTQLEKDICTAKEAALEEAELESLDPMTPGPYTPQPPDLYDTNTSLSMSRDASVFQDESNMSVLDIPSATPEKQVTQE
GEDGDGDLADEEEGTVQQPQASVLYEDLLMSEGEDDEEDAGSDEEGDNPFSAIQLSESGSDSDVGSGGIRPKQPRMLQEN
TRMDMENEESMMSYEGDGGEASHGLEDSNISYGSYEEPDPKSNTQDTSFSSIGGYEVSEEEEDEEEEEQRSGPSVLSQVH
LSEDEEDSEDFHSIAGDSDLDSDE

TAF1_7（内部の497 aa欠損(112-609 aa)）（SEQ ID NO: 63）
MGPGCDLLLRTAATITAAAIMSDTDSDEDSAGGGPFSLAGFLFGNINGAGQLEGESVLDDECKKHLAGLGALGLGSLITE
LTANEELTGTDGALVNDEGWVRSTEDAVDYSDIKLRQFHRPPLKKYSFGALSQPGPHSVQPLLKHIKKKAKMREQERQAS
GGGEMFFMRTPQDLTGKDGDLILAEYSEENGPLMMQVGMATKIKNYYKRKPGKDPGAPDCKYGETVYCHTSPFLGSLHPG
QLLQAFENNLFRAPIYLHKMPETDFLIIRTRQGYYIRELVDIFVVGQQCPLFEVPGPNSKRANTHIRDFLQVFIYRLFWK
SKDRPRRIRMEDIKKAFPSHSESSIRKRLKLCADFKRTGMDSNWWVLKSDFRLPTEEEIRAMVSPEQCCAYYSMIAAEQR
LKDAGYGEKSFFAPEEENEEDFQMKIDDEVRTAPWNTTRAFIAAMKGKCLLEVTGVADPTGCGEGFSYVKIPNKPTQQKD
DKEPQPVKKTVTGTDADLRRLSLKNAKQLLRKFGVPEEEIKKLSRWEVIDVVRTMSTEQARSGEGPMSKFARGSRFSVAE
HQERYKEECQRIFDLQNKVLSSTEVLSTDTDSSSAEDSDFEEMGKNIENMLQNKKTSSQLSREREEQERKELQRMLLAAG
SAASGNNHRDDDTASVTSLNSSATGRCLKIYRTFRDEEGKEYVRCETVRKPAVIDAYVRIRTTKDEEFIRKFALFDEQHR
EEMRKERRRIQEQLRRLKRNQEKEKLKGPPEKKPKKMKERPDLKLKCGACGAIGHMRTNKFCPLYYQTNAPPSNPVAMTE
EQEEELEKTVIHNDNEELIKVEGTKIVLGKQLIESADEVRRKSLVLKFPKQQLPPKKKRRVGTTVHCDYLNRPHKSIHRR
RTDPMVTLSSILESIINDMRDLPNTYPFHTPVNAKVVKDYYKIITRPMDLQTLRENVRKRLYPSREEFREHLELIVKNSA
TYNGPKHSLTQISQSMLDLCDEKLKEKEDKLARLEKAINPLLDDDDQVAFSFILDNIVTQKMMAVPDSWPFHHPVNKKFV
PDYYKVIVNPMDLETIRKNISKHKYQSRESFLDDVNLILANSVKYNGPESQYTKTAQEIVNVCYQTLTEYDEHLTQLEKD
ICTAKEAALEEAELESLDPMTPGPYTPQPPDLYDTNTSLSMSRDASVFQDESNMSVLDIPSATPEKQVTQEGEDGDGDLA
DEEEGTVQQPQASVLYEDLLMSEGEDDEEDAGSDEEGDNPFSAIQLSESGSDSDVGSGGIRPKQPRMLQENTRMDMENEE
SMMSYEGDGGEASHGLEDSNISYGSYEEPDPKSNTQDTSFSSIGGYEVSEEEEDEEEEEQRSGPSVLSQVHLSEDEEDSE
DFHSIAGDSDLDSDE

TAF1_8（内部の254 aa欠損(144-398 aa)）（SEQ ID NO: 64）
MGPGCDLLLRTAATITAAAIMSDTDSDEDSAGGGPFSLAGFLFGNINGAGQLEGESVLDDECKKHLAGLGALGLGSLITE
LTANEELTGTDGALVNDEGWVRSTEDAVDYSDINEVAEDESRRYQQTMGSLQPLCHSDYDEDDYDENFLMVTQLHWEDDI
IWDGEDVKHKGTKPQRASLAGWLPSSMTRNAMAYNVQQGFAATLDDDKPWYSIFPIDNEDLVYGRWEDNIIWDAQAMPRL
LEPPVLTLDPNDENLILEIPDEKEEATSNSPSKESKKESSLKKSRILLGKTGVIKEEPQQNMSQPEVKDPWNLSNDEYYY
PKQQGLRGTFGGNIIQHSIPAVELRQPFFPTHMGPIKLRQFHRPPLKKYSFGALSQPGPHSVQPLLKHIKKKAKMREQER
QASGGGEMFFMRTPQDLTGKDGDLILAEYSEENGPLMMQVGMATKIKNYYKRKPGKDPGAPDCKYGETVYCHTSPFLGSL
HPGQLLQAFENNLFRAPIYLHKMPETDFLIIRTRQGYYIRELVDIFVVGQQCPLFEVPGPNSKRANTHIRDFLQVFIYRL

FWKSKDRPRRIRMEDIKKAFPSHSESSIRKRLKLCADFKRTGMDSNWWVLKSDFRLPTEEEIRAMVSPEQCCAYYSMIAA
EQRLKDAGYGEKSFFAPEEENEEDFQMKIDDEVRTAPWNTTRAFIAAMKGKCLLEVTGVADPTGCGEGFSYVKIPNKPTQ
QKDDKEPQPVKKTVTGTDADLRRLSLKNAKQLLRKFGVPEEEIKKLSRWEVIDVVRTMSTEQARSGEGPMSKFARGSRFS
VAEHQERYKEECQRIFDLQNKVLSSTEVLSTDTDSSSAEDSDFEEMGKNIENMLQNKKTSSQLSREREEQERKELQRMLL
AAGSAASGNNHRDDDTASVTSLNSSATGRCLKIYRTFRDEEGKEYVRCETVRKPAVIDAYVRIRTTKDEEFIRKFALFDE
QHREEMRKERRRIQEQLRRLKRNQEKEKLKGPPEKKPKKMKERPDLKLKCGACGAIGHMRTNKFCPLYYQTNAPPSNPVA
MTEEQEEELEKTVIHNDNEELIKVEGTKIVLGKQLIESADEVRRKSLVLKFPKQQLPPKKKRRVGTTVHCDYLNRPHKSI
HRRRTDPMVTLSSILESIINDMRDLPNTYPFHTPVNAKVVKDYYKIITRPMDLQTLRENVRKRLYPSREEFREHLELIVK
NSATYNGPKHSLTQISQSMLDLCDEKLKEKEDKLARLEKAINPLLDDDDQVAFSFILDNIVTQKMMAVPDSWPFHHPVNK
KFVPDYYKVIVNPMDLETIRKNISKHKYQSRESFLDDVNLILANSVKYNGPESQYTKTAQEIVNVCYQTLTEYDEHLTQL
EKDICTAKEAALEEAELESLDPMTPGPYTPQPPDLYDTNTSLSMSRDASVFQDESNMSVLDIPSATPEKQVTQEGEDGDG
DLADEEEGTVQQPQASVLYEDLLMSEGEDDEEDAGSDEEGDNPFSAIQLSESGSDSDVGSGGIRPKQPRMLQENTRMDME
NEESMMSYEGDGGEASHGLEDSNISYGSYEEPDPKSNTQDTSFSSIGGYEVSEEEEDEEEEEQRSGPSVLSQVHLSEDEE
DSEDFHSIAGDSDLDSDE

TAF1_9（内部の564 aa欠損(46-610 aa)）(SEQ ID NO: 65)
MGPGCDLLLRTAATITAAAIMSDTDSDEDSAGGGPFSLAGFLFGNIKLRQFHRPPLKKYSFGALSQPGPHSVQPLLKHIK
KKAKMREQERQASGGGEMFFMRTPQDLTGKDGDLILAEYSEENGPLMMQVGMATKIKNYYKRKPGKDPGAPDCKYGETVY
CHTSPFLGSLHPGQLLQAFENNLFRAPIYLHKMPETDFLIIRTRQGYYIRELVDIFVVGQQCPLFEVPGPNSKRANTHIR
DFLQVFIYRLFWKSKDRPRRIRMEDIKKAFPSHSESSIRKRLKLCADFKRTGMDSNWWVLKSDFRLPTEEEIRAMVSPEQ
CCAYYSMIAAEQRLKDAGYGEKSFFAPEEENEEDFQMKIDDEVRTAPWNTTRAFIAAMKGKCLLEVTGVADPTGCGEGFS
YVKIPNKPTQQKDDKEPQPVKKTVTGTDADLRRLSLKNAKQLLRKFGVPEEEIKKLSRWEVIDVVRTMSTEQARSGEGPM
SKFARGSRFSVAEHQERYKEECQRIFDLQNKVLSSTEVLSTDTDSSSAEDSDFEEMGKNIENMLQNKKTSSQLSREREEQ
ERKELQRMLLAAGSAASGNNHRDDDTASVTSLNSSATGRCLKIYRTFRDEEGKEYVRCETVRKPAVIDAYVRIRTTKDEE
FIRKFALFDEQHREEMRKERRRIQEQLRRLKRNQEKEKLKGPPEKKPKKMKERPDLKLKCGACGAIGHMRTNKFCPLYYQ
TNAPPSNPVAMTEEQEEELEKTVIHNDNEELIKVEGTKIVLGKQLIESADEVRRKSLVLKFPKQQLPPKKKRRVGTTVHC
DYLNRPHKSIHRRRTDPMVTLSSILESIINDMRDLPNTYPFHTPVNAKVVKDYYKIITRPMDLQTLRENVRKRLYPSREE
FREHLELIVKNSATYNGPKHSLTQISQSMLDLCDEKLKEKEDKLARLEKAINPLLDDDDQVAFSFILDNIVTQKMMAVPD
SWPFHHPVNKKFVPDYYKVIVNPMDLETIRKNISKHKYQSRESFLDDVNLILANSVKYNGPESQYTKTAQEIVNVCYQTL
TEYDEHLTQLEKDICTAKEAALEEAELESLDPMTPGPYTPQPPDLYDTNTSLSMSRDASVFQDESNMSVLDIPSATPEKQ
VTQEGEDGDGDLADEEEGTVQQPQASVLYEDLLMSEGEDDEEDAGSDEEGDNPFSAIQLSESGSDSDVGSGGIRPKQPRM
LQENTRMDMENEESMMSYEGDGGEASHGLEDSNISYGSYEEPDPKSNTQDTSFSSIGGYEVSEEEEDEEEEEQRSGPSVL
SQVHLSEDEEDSEDFHSIAGDSDLDSDE

TAF1_10（より短いタンパク質，1392 aa）(SEQ ID NO: 66)
MGPGCDLLLRTAATITAAAIMSDTDSDEDSAGGGPFSLAGFLFGNINGAGQLEGESVLDDECKKHLAGLGALGLGSLITE
LTANEELTGTDGALVNDEGWVRSTEDAVDYSDINEVAEDESRRYQQTMGSLQPLCHSDYDEDDYDADCEDIDCKLMPPPP
PPPGPMKKDKDQDSITGEKVDFSSSSDSESEMGPQEATQAESEDGKLTLPLAGIMQHDATKLLPSVTELFPEFRPGKVLR
FLRLFGPGKNVPSVWRSARRKRKKKHRELIQEEQIQEVECSVESEVSQKSLWNYDYAPPPPPEQCLSDDEITMMAPVESK
FSQSTGDIDKVTDTKPRVAEWRYGPARLWYDMLGVPEDGSGFDYGFKLRKTEHEPVIKSRMIEEFRKLEENNGTDLLADE
NFLMVTQLHWEDDIIWDGEDVKHKGTKPQRASLAGWLPSSMTRNAMAYNVQQGFAATLDDDKPWYSIFPIDNEDLVYGRW
EDNIIWDAQAMPRLLEPPVLTLDPNDENLILEIPDEKEEATSNSPSKESKKESSLKKSRILLGKTGVIKEEPQQNMSQPE
VKDPWNLSNDEYYYPKQQGLRGTFGGNIIQHSIPAVELRQPFFPTHMGPIKLRQFHRPPLKKYSFGALSQPGPHSVQPLL
KHIKKKAKMREQERQASGGGEMFFMRTPQDLTGKDGDLILAEYSEENGPLMMQVGMATKIKNYYKRKPGKDPGAPDCKYG
ETVYCHTSPFLGSLHPGQLLQAFENNLFRAPIYLHKMPETDFLIIRTRQGYYIRELVDIFVVGQQCPLFEVPGPNSKRAN
THIRDFLQVFIYRLFWKSKDRPRRIRMEDIKKAFPSHSESSIRKRLKLCADFKRTGMDSNWWVLKSDFRLPTEEEIRAMV
SPEQCCAYYSMIAAEQRLKDAGYGEKSFFAPEEENEEDFQMKIDDEVRTAPWNTTRAFIAAMKGKCLLEVTGVADPTGCG
EGFSYVKIPNKPTQQKDDKEPQPVKKTVTGTDADLRRLSLKNAKQLLRKFGVPEEEIKKLSRWEVIDVVRTMSTEQARSG
EGPMSKFARGSRFSVAEHQERYKEECQRIFDLQNKVLSSTEVLSTDTDSSSAEDSDFEEMGKNIENMLQNKKTSSQLSRE
REEQERKELQRMLLAAGSAASGNNHRDDDTASVTSLNSSATGRCLKIYRTFRDEEGKEYVRCETVRKPAVIDAYVRIRTT

KDEEFIRKFALFDEQHREEMRKERRRIQEQLRRLKRNQEKEKLKGPPEKKPKKMKERPDLKLKCGACGAIGHMRTNKFCP
LYYQTNAPPSNPVAMTEEQEEELEKTVIHNDNEELIKVEGTKIVLGKQLIESADEVRRKSLVLKFPKQQLPPKKKRRVGT
TVHCDYLNRPHKSIHRRRTDPMVTLSSILEPG*

TAF1_11（より短いタンパク質，1488 aa）(SEQ ID NO: 67)
MGPGCDLLLRTAATITAAAIMSDTDSDEDSAGGGPFSLAGFLFGNINGAGQLEGESVLDDECKKHLAGLGALGLGSLITE
LTANEELTGTDGALVNDEGWVRSTEDAVDYSDINEVAEDESRRYQQTMGSLQPLCHSDYDEDDYDADCEDIDCKLMPPPP
PPPGPMKKDKDQDSITGEKVDFSSSSDSESEMGPQEATQAESEDGKLTLPLAGIMQHDATKLLPSVTELFPEFRPGKVLR
FLRLFGPGKNVPSVWRSARRKRKKKHRELIQEEQIQEVECSVESEVSQKSLWNYDYAPPPPPEQCLSDDEITMMAPVESK
FSQSTGDIDKVTDTKPRVAEWRYGPARLWYDMLGVPEDGSGFDYGFKLRKTEHEPVIKSRMIEEFRKLEENNGTDLLADE
NFLMVTQLHWEDDIIWDGEDVKHKGTKPQRASLAGWLPSSMTRNAMAYNVQQGFAATLDDDKPWYSIFPIDNEDLVYGRW
EDNIIWDAQAMPRLLEPPVLTLDPNDENLILEIPDEKEEATSNSPSKESKKESSLKKSRILLGKTGVIKEEPQQNMSQPE
VKDPWNLSNDEYYYPKQQGLRGTFGGNIIQHSIPAVELRQPFFPTHMGPIKLRQFHRPPLKKYSFGALSQPGPHSVQPLL
KHIKKKAKMREQERQASGGGEMFFMRTPQDLTGKDGDLILAEYSEENGPLMMQVGMATKIKNYYKRKPGKDPGAPDCKYG
ETVYCHTSPFLGSLHPGQLLQAFENNLFRAPIYLHKMPETDFLIIRTRQGYYIRELVDIFVVGQQCPLFEVPGPNSKRAN
THIRDFLQVFIYRLFWKSKDRPRRIRMEDIKKAFPSHSESSIRKRLKLCADFKRTGMDSNWWVLKSDFRLPTEEEIRAMV
SPEQCCAYYSMIAAEQRLKDAGYGEKSFFAPEEENEEDFQMKIDDEVRTAPWNTTRAFIAAMKGKCLLEVTGVADPTGCG
EGFSYVKIPNKPTQQKDDKEPQPVKKTVTGTDADLRRLSLKNAKQLLRKFGVPEEEIKKLSRWEVIDVVRTMSTEQARSG
EGPMSKFARGSRFSVAEHQERYKEECQRIFDLQNKVLSSTEVLSTDTDSSSAEDSDFEEMGKNIENMLQNKKTSSQLSRE
REEQERKELQRMLLAAGSAASGNNHRDDDTASVTSLNSSATGRCLKIYRTFRDEEGKEYVRCETVRKPAVIDAYVRIRTT
KDEEFIRKFALFDEQHREEMRKERRRIQEQLRRLKRNQEKEKLKGPPEKKPKKMKERPDLKLKCGACGAIGHMRTNKFCP
LYYQTNAPPSNPVAMTEEQEEELEKTVIHNDNEELIKVEGTKIVLGKQLIESADEVRRKSLVLKFPKQQLPPKKKRRVGT
TVHCDYLNRPHKSIHRRRTDPMVTLSSILESIINDMRDLPNTYPFHTPVNAKVVKDYYKIITRPMDLQTLRENVRKRLYP
SREEFREHLDDRWRPCLKKKKKEEETWLSEYAFHKPTRGCSLPTQSQF*

TAF1_12（より短いタンパク質，1425 aa）(SEQ ID NO: 68)
MGPGCDLLLRTAATITAAAIMSDTDSDEDSAGGGPFSLAGFLFGNINGAGQLEGESVLDDECKKHLAGLGALGLGSLITE
LTANEELTGTDGALVNDEGWVRSTEDAVDYSDINEVAEDESRRYQQTMGSLQPLCHSDYDEDDYDADCEDIDCKLMPPPP
PPPGPMKKDKDQDSITGEKVDFSSSSDSESEMGPQEATQAESEDGKLTLPLAGIMQHDATKLLPSVTELFPEFRPGKVLR
FLRLFGPGKNVPSVWRSARRKRKKKHRELIQEEQIQEVECSVESEVSQKSLWNYDYAPPPPPEQCLSDDEITMMAPVESK
FSQSTGDIDKVTDTKPRVAEWRYGPARLWYDMLGVPEDGSGFDYGFKLRKTEHEPVIKSRMIEEFRKLEENNGTDLLADE
NFLMVTQLHWEDDIIWDGEDVKHKGTKPQRASLAGWLPSSMTRNAMAYNVQQGFAATLDDDKPWYSIFPIDNEDLVYGRW
EDNIIWDAQAMPRLLEPPVLTLDPNDENLILEIPDEKEEATSNSPSKESKKESSLKKSRILLGKTGVIKEEPQQNMSQPE
VKDPWNLSNDEYYYPKQQGLRGTFGGNIIQHSIPAVELRQPFFPTHMGPIKLRQFHRPPLKKYSFGALSQPGPHSVQPLL
KHIKKKAKMREQERQASGGGEMFFMRTPQDLTGKDGDLILAEYSEENGPLMMQVGMATKIKNYYKRKPGKDPGAPDCKYG
ETVYCHTSPFLGSLHPGQLLQAFENNLFRAPIYLHKMPETDFLIIRTRQGYYIRELVDIFVVGQQCPLFEVPGPNSKRAN
THIRDFLQVFIYRLFWKSKDRPRRIRMEDIKKAFPSHSESSIRKRLKLCADFKRTGMDSNWWVLKSDFRLPTEEEIRAMV
SPEQCCAYYSMIAAEQRLKDAGYGEKSFFAPEEENEEDFQMKIDDEVRTAPWNTTRAFIAAMKGKCLLEVTGVADPTGCG
EGFSYVKIPNKPTQQKDDKEPQPVKKTVTGTDADLRRLSLKNAKQLLRKFGVPEEEIKKLSRWEVIDVVRTMSTEQARSG
EGPMSKFARGSRFSVAEHQERYKEECQRIFDLQNKVLSSTEVLSTDTDSSSAEDSDFEEMGKNIENMLQNKKTSSQLSRE
REEQERKELQRMLLAAGSAASGNNHRDDDTASVTSLNSSATGRCLKIYRTFRDEEGKEYVRCETVRKPAVIDAYVRIRTT
KDEEFIRKFALFDEQHREEMRKERRRIQEQLRRLKRNQEKEKLKGPPEKKPKKMKERPDLKLKCGACGAIGHMRTNKFCP
LYYQTNAPPSNPVAMTEEQEEELEKTVIHNDNEELIKVEGTKIVLGKQLIESADEVRRKSLVLKFPKQQLPPKKKRRVGT
TVHCDYLNRPHKSIHRRRTDPMVTLSSILESIINDMRDLPNTYPFHTPVNAKVVKDYYKIITQPG*

TAF1_13（より短いタンパク質，1432 aa）(SEQ ID NO: 69)
MGPGCDLLLRTAATITAAAIMSDTDSDEDSAGGGPFSLAGFLFGNINGAGQLEGESVLDDECKKHLAGLGALGLGSLITE
LTANEELTGTDGALVNDEGWVRSTEDAVDYSDINEVAEDESRRYQQTMGSLQPLCHSDYDEDDYDADCEDIDCKLMPPPP
PPPGPMKKDKDQDSITGEKVDFSSSSDSESEMGPQEATQAESEDGKLTLPLAGIMQHDATKLLPSVTELFPEFRPGKVLR
FLRLFGPGKNVPSVWRSARRKRKKKHRELIQEEQIQEVECSVESEVSQKSLWNYDYAPPPPPEQCLSDDEITMMAPVESK

FSQSTGDIDKVTDTKPRVAEWRYGPARLWYDMLGVPEDGSGFDYGFKLRKTEHEPVIKSRMIEEFRKLEENNGTDLLADE
NFLMVTQLHWEDDIIWDGEDVKHKGTKPQRASLAGWLPSSMTRNAMAYNVQQGFAATLDDDKPWYSIFPIDNEDLVYGRW
EDNIIWDAQAMPRLLEPPVLTLDPNDENLILEIPDEKEEATSNSPSKESKKESSLKKSRILLGKTGVIKEEPQQNMSQPE
VKDPWNLSNDEYYYPKQQGLRGTFGGNIIQHSIPAVELRQPFFPTHMGPIKLRQFHRPPLKKYSFGALSQPGPHSVQPLL
KHIKKKAKMREQERQASGGGEMFFMRTPQDLTGKDGDLILAEYSEENGPLMMQVGMATKIKNYYKRKPGKDPGAPDCKYG
ETVYCHTSPFLGSLHPGQLLQAFENNLFRAPIYLHKMPETDFLIIRTRQGYYIRELVDIFVVGQQCPLFEVPGPNSKRAN
THIRDFLQVFIYRLFWKSKDRPRRIRMEDIKKAFPSHSESSIRKRLKLCADFKRTGMDSNWWVLKSDFRLPTEEEIRAMV
SPEQCCAYYSMIAAEQRLKDAGYGEKSFFAPEEENEEDFQMKIDDEVRTAPWNTTRAFIAAMKGKCLLEVTGVADPTGCG
EGFSYVKIPNKPTQQKDDKEPQPVKKTVTGTDADLRRLSLKNAKQLLRKFGVPEEEIKKLSRWEVIDVVRTMSTEQARSG
EGPMSKFARGSRFSVAEHQERYKEECQRIFDLQNKVLSSTEVLSTDTDSSSAEDSDFEEMGKNIENMLQNKKTSSQLSRE
REEQERKELQRMLLAAGSAASGNNHRDDDTASVTSLNSSATGRCLKIYRTFRDEEGKEYVRCETVRKPAVIDAYVRIRTT
KDEEFIRKFALFDEQHREEMRKERRRIQEQLRRLKRNQEKEKLKGPPEKKPKKMKERPDLKLKCGACGAIGHMRTNKFCP
LYYQTNAPPSNPVAMTEEQEEELEKTVIHNDNEELIKVEGTKIVLGKQLIESADEVRRKSLVLKFPKQQLPPKKKRRVGT
TVHCDYLNRPHKSIHRRRTDPMVTLSSILESIINDRWRPCLKKKKKEEETWLSEYAFHKPTRGCSLPTQSQF*

TAF1_14（より短いタンパク質，1466 aa）(SEQ ID NO: 70)
MGPGCDLLLRTAATITAAAIMSDTDSDEDSAGGGPFSLAGFLFGNINGAGQLEGESVLDDECKKHLAGLGALGLGSLITE
LTANEELTGTDGALVNDEGWVRSTEDAVDYSDINEVAEDESRRYQQTMGSLQPLCHSDYDEDDYDADCEDIDCKLMPPPP
PPPGPMKKDKDQDSITGEKVDFSSSSDSESEMGPQEATQAESEDGKLTLPLAGIMQHDATKLLPSVTELFPEFRPGKVLR
FLRLFGPGKNVPSVWRSARRKRKKKHRELIQEEQIQEVECSVESEVSQKSLWNYDYAPPPPPEQCLSDDEITMMAPVESK
FSQSTGDIDKVTDTKPRVAEWRYGPARLWYDMLGVPEDGSGFDYGFKLRKTEHEPVIKSRMIEEFRKLEENNGTDLLADE
NFLMVTQLHWEDDIIWDGEDVKHKGTKPQRASLAGWLPSSMTRNAMAYNVQQGFAATLDDDKPWYSIFPIDNEDLVYGRW
EDNIIWDAQAMPRLLEPPVLTLDPNDENLILEIPDEKEEATSNSPSKESKKESSLKKSRILLGKTGVIKEEPQQNMSQPE
VKDPWNLSNDEYYYPKQQGLRGTFGGNIIQHSIPAVELRQPFFPTHMGPIKLRQFHRPPLKKYSFGALSQPGPHSVQPLL
KHIKKKAKMREQERQASGGGEMFFMRTPQDLTGKDGDLILAEYSEENGPLMMQVGMATKIKNYYKRKPGKDPGAPDCKYG
ETVYCHTSPFLGSLHPGQLLQAFENNLFRAPIYLHKMPETDFLIIRTRQGYYIRELVDIFVVGQQCPLFEVPGPNSKRAN
THIRDFLQVFIYRLFWKSKDRPRRIRMEDIKKAFPSHSESSIRKRLKLCADFKRTGMDSNWWVLKSDFRLPTEEEIRAMV
SPEQCCAYYSMIAAEQRLKDAGYGEKSFFAPEEENEEDFQMKIDDEVRTAPWNTTRAFIAAMKGKCLLEVTGVADPTGCG
EGFSYVKIPNKPTQQKDDKEPQPVKKTVTGTDADLRRLSLKNAKQLLRKFGVPEEEIKKLSRWEVIDVVRTMSTEQARSG
EGPMSKFARGSRFSVAEHQERYKEECQRIFDLQNKVLSSTEVLSTDTDSSSAEDSDFEEMGKNIENMLQNKKTSSQLSRE
REEQERKELQRMLLAAGSAASGNNHRDDDTASVTSLNSSATGRCLKIYRTFRDEEGKEYVRCETVRKPAVIDAYVRIRTT
KDEEFIRKFALFDEQHREEMRKERRRIQEQLRRLKRNQEKEKLKGPPEKKPKKMKERPDLKLKCGACGAIGHMRTNKFCP
LYYQTNAPPSNPVAMTEEQEEELEKTVIHNDNEELIKVEGTKIVLGKQLIESADEVRRKSLVLKFPKQQLPPKKKRRVGT
TVHCDYLNRPHKSIHRRRTDPMVTLSSILESIINDMRDLPNTYPFHTPVNAKVVKDYYKIITRPMDLQTLRENVRKRLYP
SREEFREHLELIVKNSATYNAGSFSI*

TAF1_15（1485 aa，より短いタンパク質）(SEQ ID NO: 71)
MGPGCDLLLRTAATITAAAIMSDTDSDEDSAGGGPFSLAGFLFGNINGAGQLEGESVLDDECKKHLAGLGALGLGSLITE
LTANEELTGTDGALVNDEGWVRSTEDAVDYSDINEVAEDESRRYQQTMGSLQPLCHSDYDEDDYDADCEDIDCKLMPPPP
PPPGPMKKDKDQDSITGEKVDFSSSSDSESEMGPQEATQAESEDGKLTLPLAGIMQHDATKLLPSVTELFPEFRPGKVLR
FLRLFGPGKNVPSVWRSARRKRKKKHRELIQEEQIQEVECSVESEVSQKSLWNYDYAPPPPPEQCLSDDEITMMAPVESK
FSQSTGDIDKVTDTKPRVAEWRYGPARLWYDMLGVPEDGSGFDYGFKLRKTEHEPVIKSRMIEEFRKLEENNGTDLLADE
NFLMVTQLHWEDDIIWDGEDVKHKGTKPQRASLAGWLPSSMTRNAMAYNVQQGFAATLDDDKPWYSIFPIDNEDLVYGRW
EDNIIWDAQAMPRLLEPPVLTLDPNDENLILEIPDEKEEATSNSPSKESKKESSLKKSRILLGKTGVIKEEPQQNMSQPE
VKDPWNLSNDEYYYPKQQGLRGTFGGNIIQHSIPAVELRQPFFPTHMGPIKLRQFHRPPLKKYSFGALSQPGPHSVQPLL
KHIKKKAKMREQERQASGGGEMFFMRTPQDLTGKDGDLILAEYSEENGPLMMQVGMATKIKNYYKRKPGKDPGAPDCKYG
ETVYCHTSPFLGSLHPGQLLQAFENNLFRAPIYLHKMPETDFLIIRTRQGYYIRELVDIFVVGQQCPLFEVPGPNSKRAN
THIRDFLQVFIYRLFWKSKDRPRRIRMEDIKKAFPSHSESSIRKRLKLCADFKRTGMDSNWWVLKSDFRLPTEEEIRAMV
SPEQCCAYYSMIAAEQRLKDAGYGEKSFFAPEEENEEDFQMKIDDEVRTAPWNTTRAFIAAMKGKCLLEVTGVADPTGCG
EGFSYVKIPNKPTQQKDDKEPQPVKKTVTGTDADLRRLSLKNAKQLLRKFGVPEEEIKKLSRWEVIDVVRTMSTEQARSG

EGPMSKFARGSRFSVAEHQERYKEECQRIFDLQNKVLSSTEVLSTDTDSSSAEDSDFEEMGKNIENMLQNKKTSSQLSRE
REEQERKELQRMLLAAGSAASGNNHRDDDTASVTSLNSSATGRCLKIYRTFRDEEGKEYVRCETVRKPAVIDAYVRIRTT
KDEEFIRKFALFDEQHREEMRKERRRIQEQLRRLKRNQEKEKLKGPPEKKPKKMKERPDLKLKCGACGAIGHMRTNKFCP
LYYQTNAPPSNPVAMTEEQEEELEKTVIHNDNEELIKVEGTKIVLGKQLIESADEVRRKSLVLKFPKQQLPPKKKRRVGT
TVHCDYLNRPHKSIHRRRTDPMVTLSSILESIINDMRDLPNTYPFHTPVNAKVVKDYYKIITRPMDLQTLRENVRKRLYP
SREEFREHLELIVKNSATYNGKNQMFRDCKGHCSDPYSLLALNSD*

TAF1_16 (AI806456, 1484 aa) (SEQ ID NO: 72)
MGPGCDLLLRTAATITAAAIMSDTDSDEDSAGGGPFSLAGFLFGNINGAGQLEGESVLDDECKKHLAGLGALGLGSLITE
LTANEELTGTDGALVNDEGWVRSTEDAVDYSDINEVAEDESRRYQQTMGSLQPLCHSDYDEDDYDADCEDIDCKLMPPPP
PPPGPMKKDKDQDSITGEKVDFSSSSDSESEMGPQEATQAESEDGKLTLPLAGIMQHDATKLLPSVTELFPEFRPGKVLR
FLRLFGPGKNVPSVWRSARRKRKKKHRELIQEEQIQEVECSVESEVSQKSLWNYDYAPPPPPEQCLSDDEITMMAPVESK
FSQSTGDIDKVTDTKPRVAEWRYGPARLWYDMLGVPEDGSGFDYGFKLRKTEHEPVIKSRMIEEFRKLEENNGTDLLADE
NFLMVTQLHWEDDIIWDGEDVKHKGTKPQRASLAGWLPSSMTRNAMAYNVQQGFAATLDDDKPWYSIFPIDNEDLVYGRW
EDNIIWDAQAMPRLLEPPVLTLDPNDENLILEIPDEKEEATSNSPSKESKKESSLKKSRILLGKTGVIKEEPQQNMSQPE
VKDPWNLSNDEYYYPKQQGLRGTFGGNIIQHSIPAVELRQPFFPTHMGPIKLRQFHRPPLKKYSFGALSQPGPHSVQPLL
KHIKKKAKMREQERQASGGGEMFFMRTPQDLTGKDGDLILAEYSEENGPLMMQVGMATKIKNYYKRKPGKDPGAPDCKYG
ETVYCHTSPFLGSLHPGQLLQAFENNLFRAPIYLHKMPETDFLIIRTRQGYYIRELVDIFVVGQQCPLFEVPGPNSKRAN
THIRDFLQVFIYRLFWKSKDRPRRIRMEDIKKAFPSHSESSIRKRLKLCADFKRTGMDSNWWVLKSDFRLPTEEEIRAMV
SPEQCCAYYSMIAAEQRLKDAGYGEKSFFAPEEENEEDFQMKIDDEVRTAPWNTTRAFIAAMKGKCLLEVTGVADPTGCG
EGFSYVKIPNKPTQQKDDKEPQPVKKTVTGTDADLRRLSLKNAKQLLRKFGVPEEEIKKLSRWEVIDVVRTMSTEQARSG
EGPMSKFARGSRFSVAEHQERYKEECQRIFDLQNKVLSSTEVLSTDTDSSSAEDSDFEEMGKNIENMLQNKKTSSQLSRE
REEQERKELQRMLLAAGSAASGNNHRDDDTASVTSLNSSATGRCLKIYRTFRDEEGKEYVRCETVRKPAVIDAYVRIRTT
KDEEFIRKFALFDEQHREEMRKERRRIQEQLRRLKRNQEKEKLKGPPEKKPKKMKERPDLKLKCGACGAIGHMRTNKFCP
LYYQTNAPPSNPVAMTEEQEEELEKTVIHNDNEELIKVEGTKIVLGKQLIESADEVRRKSLVLKFPKQQLPPKKKRRVGT
TVHCDYLNRPHKSIHRRRTDPMVTLSSILESIINDMRDLPNTYPFHTPVNAKVVKDYYKIITRPMDLQTLRENVRKRLYP
SREEFREHLELIVKNSATYNGIGIRIKHTRSIEKGHSHHHLPRE*

TAF1_17 (1460 aa, より短いタンパク質) (SEQ ID NO: 73)
MGPGCDLLLRTAATITAAAIMSDTDSDEDSAGGGPFSLAGFLFGNINGAGQLEGESVLDDECKKHLAGLGALGLGSLITE
LTANEELTGTDGALVNDEGWVRSTEDAVDYSDINEVAEDESRRYQQTMGSLQPLCHSDYDEDDYDADCEDIDCKLMPPPP
PPPGPMKKDKDQDSITGEKVDFSSSSDSESEMGPQEATQAESEDGKLTLPLAGIMQHDATKLLPSVTELFPEFRPGKVLR
FLRLFGPGKNVPSVWRSARRKRKKKHRELIQEEQIQEVECSVESEVSQKSLWNYDYAPPPPPEQCLSDDEITMMAPVESK
FSQSTGDIDKVTDTKPRVAEWRYGPARLWYDMLGVPEDGSGFDYGFKLRKTEHEPVIKSRMIEEFRKLEENNGTDLLADE
NFLMVTQLHWEDDIIWDGEDVKHKGTKPQRASLAGWLPSSMTRNAMAYNVQQGFAATLDDDKPWYSIFPIDNEDLVYGRW
EDNIIWDAQAMPRLLEPPVLTLDPNDENLILEIPDEKEEATSNSPSKESKKESSLKKSRILLGKTGVIKEEPQQNMSQPE
VKDPWNLSNDEYYYPKQQGLRGTFGGNIIQHSIPAVELRQPFFPTHMGPIKLRQFHRPPLKKYSFGALSQPGPHSVQPLL
KHIKKKAKMREQERQASGGGEMFFMRTPQDLTGKDGDLILAEYSEENGPLMMQVGMATKIKNYYKRKPGKDPGAPDCKYG
ETVYCHTSPFLGSLHPGQLLQAFENNLFRAPIYLHKMPETDFLIIRTRQGYYIRELVDIFVVGQQCPLFEVPGPNSKRAN
THIRDFLQVFIYRLFWKSKDRPRRIRMEDIKKAFPSHSESSIRKRLKLCADFKRTGMDSNWWVLKSDFRLPTEEEIRAMV
SPEQCCAYYSMIAAEQRLKDAGYGEKSFFAPEEENEEDFQMKIDDEVRTAPWNTTRAFIAAMKGKCLLEVTGVADPTGCG
EGFSYVKIPNKPTQQKDDKEPQPVKKTVTGTDADLRRLSLKNAKQLLRKFGVPEEEIKKLSRWEVIDVVRTMSTEQARSG
EGPMSKFARGSRFSVAEHQERYKEECQRIFDLQNKVLSSTEVLSTDTDSSSAEDSDFEEMGKNIENMLQNKKTSSQLSRE
REEQERKELQRMLLAAGSAASGNNHRDDDTASVTSLNSSATGRCLKIYRTFRDEEGKEYVRCETVRKPAVIDAYVRIRTT
KDEEFIRKFALFDEQHREEMRKERRRIQEQLRRLKRNQEKEKLKGPPEKKPKKMKERPDLKLKCGACGAIGHMRTNKFCP
LYYQTNAPPSNPVAMTEEQEEELEKTVIHNDNEELIKVEGTKIVLGKQLIESADEVRRKSLVLKFPKQQLPPKKKRRVGT
TVHCDYLNRPHKSIHRRRTDPMVTLSSILESIINDMRDLPNTYPFHTPAWMTDGDPVSKRKKKKKKRGFQSMLSTSPLGV
ALCPHRANSEWRGLPPRSLL*

TAF1_18 (BG289819) (SEQ ID NO: 74)

MGPGCDLLLRTAATITAAAIMSDTDSDEDSAGGGPFSLAGFLFGNINGAGQLEGESVLDDECKKHLAGLGALGLGSLITE
LTANEELTGTDGALVNDEGWVRSTEDAVDYSDINEVAEDESRRYQQTMGSLQPLCHSDYDEDDYDADCEDIDCKLMPPPP
PPPGPMKKDKDQDSITGEKVDFSSSSDSESEMGPQEATQAESEDGKLTLPLAGIMQHDATKLLPSVTELFPEFRPGKVLR
FLRLFGPGKNVPSVWRSARRKRKKKHRELIQEEQIQEVECSVESEVSQKSLWNYDYAPPPPPEQCLSDDEITMMAPVESK
FSQSTGDIDKVTDTKPRVAEWRYGPARLWYDMLGVPEDGSGFDYGFKLRKTEHEPVIKSRMIEEFRKLEENNGTDLLADE
NFLMVTQLHWEDDIIWDGEDVKHKGTKPQRASLAGWLPSSMTRNAMAYNVQQGFAATLDDDKPWYSIFPIDNEDLVYGRW
EDNIIWDAQAMPRLLEPPVLTLDPNDENLILEIPDEKEEATSNSPSKESKKESSLKKSRILLGKTGVIKEEPQQNMSQPE
VKDPWNLSNDEYYYPKQQGLRGTFGGNIIQHSIPAVELRQPFFPTHMGPIKLRQFHRPPLKKYSFGALSQPGPHSVQPLL
KHIKKKAKMREQERQASGGGEMFFMRTPQDLTGKDGDLILAEYSEENGPLMMQVGMATKIKNYYKRKPGKDPGAPDCKYG
ETVYCHTSPFLGSLHPGQLLQAFENNLFRAPIYLHKMPETDFLIIRTRQGYYIRELVDIFVVGQQCPLFEVPGPNSKRAN
THIRDFLQVFIYRLFWKSKDRPRRIRMEDIKKAFPSHSESSIRKRLKLCADFKRTGMDSNWWVLKSDFRLPTEEEIRAMV
SPEQCCAYYSMIAAEQRLKDAGYGEKSFFAPEEENEEDFQMKIDDEVRTAPWNTTRAFIAAMKGKCLLEVTGVADPTGCG
EGFSYVKIPNKPTQQKDDKEPQPVKKTVTGTDADLRRLSLKNAKQLLRKFGVPEEEIKKLSRWEVIDVVRTMSTEQARSG
EGPMSKFARGSRFSVAEHQERYKEECQRIFDLQNKVLSSTEVLSTDTDSSSAEDSDFEEMGKNIENMLQNKKTSSQLSRE
REEQERKELQRMLLAAGSAASGNNHRDDDTASVTSLNSSATGRCLKIYRTFRDEEGKEYVRCETVRKPAVIDAYVRIRTT
KDEEFIRKFALFDEQHREEMRKERRRIQEQLRRLKRNQEKEKLKGPPEKKPKKMKERPDLKLKCGACGAIGHMRTNKFCP
LYYQTNAPPSNPVAMTEEQEEELEKTVIHNDNEELIKVEGTKIVLGKQLIESADEVRRKSLVLKFPKQQLPPKKKRRVGT
TVHCDYLNRPHKSIHRRRTDPMVTLSSILESIINDMRDLPNTYPFHTPVNAKVVKDYYKIITRPMDLQTLRENVRKRLYP
SREEFREHLELIVKNSATYNGPKHSLTQISQSMLDLCDEKLKEKEDKLARLEKAINPLLDDDDQVAFSFILDNIVTQKMM
AVPDSWPFHHPVNKKFVPDYYKVIVNPMDLETIRKNISKHKYQSRESFLDDVNLILANSVKYNGPESQYTKTAQEIVNVC
YQTLTEYDEHLTQLEKDICTAKEAALEEAELESLDPMTPGPYTPQPPDLYDTNTSLSMSRDASVFQDESNMSVLDIPSAT
PEKQVTQMRQGRGRLGEEDSDVDIEGYDDEEEDGKPKTPAPEGEDGDGDLADEEEGTVQQPQASVLYEDLLMSEGEDDEE
DAGSDEEGDNPFSAIQLSESGSDSDVGSGGIRPKQPRMLQENTRMDMENEESMMSYEGDGGEASHGLEDSNISYGSYEEP
DPKSNTQDTSFSSIGGYEVSEEEEDEEEEEQRSGPSVLSQVHLSEDEEDSEDFHSIAGDSDLDSDE

TAF2 (ID: O60668)

TAF2_1 (CR997208) (SEQ ID NO: 75)
MPLTGVEPARMNRKKGDKGFESPRPYKLTHQVVCINNINFQRKSVVGFVELTIFPTVANLNRIKLNSKQCRIYRVRINDL
EAAFIYNDPTLEVCHSESKQRNLNYFSNAYAAAVSAVDPDAGNGELCIKVPSELWKHVDELKVLKIHINFSLDQPKGGLH
FVVPSVEGSMAERGAHVFSCGYQNSTRFWFPCVDSYSELCTWKLEFTVDAAMVAVSNGDLVETVYTHDMRKKTFHYMLTI
PTAASNISLAIGPFEILVDPYMHEVTHFCLPQLLPLLKHTTSYLHEVFEFYEEILTCRYPYSCFKTVFIDEAYVEVAAYA
SMSIFSTNLLHSAMIIDETPLTRRCLAQSLAQQFFGCFISRMSWSDEWVLKGISGYIYGLWMKKTFGVNEYRHWIKEELD
KIVAYELKTGGVLLHPIFGGGKEKDNPASHLHFSIKHPHTLSWEYYTMFQCKAHLVMRLIENRISMEFMLQVFNKLLSLA
STASSQKFQSHMWSQMLVSTSGFLKSISNVSGKDIQPLIKQWVDQSGVVKFYGSFAFNRKRNVLELEIKQDYTSPGTQKY
VGPLKVTVQELDGSFNHTLQIEENSLKHDIPCHSKSRRNKKKKIPLMNGEEVDMDLSAMDADSPLLWIRIDPDMSVLRKV
EFEQADFMWQYQLRYERDVVAQQESILALEKFPTPASRLALTDILEQEQCFYRVRMSACFCLAKIANSMVSTWTGPPAMK
SLFTRMFCCKSCPNIVKTNNFMSFQSYFLQKTMPVAMALLRDVHNLCPKEVLTFILDLIKYNDNRKNKFSDNYYRAEMID
ALANSVTPAVSVNNEVRTLDNLNPDVRLILEEITRFLNMEKLLPSYRHTITVSCLRAIRVLQKNGHVPSDPALFKSYAEY
GHFVDIRIAALEAVVDYTKVDRSYEELQWLLNMIQNDPVPYVRHKILNMLTKNPPFTKNMESPLCNEALVDQLWKLMNSG
TSHDWRLRCGAVDLYFTLFGLSRPSCLPLPELGLVLNLKEKKAVLNPTIIPESVAGNQEAANNPSSHPQLVGFQNPEDDH
LAKEASCNISAHQQGVKRKSDTPLGSPLEPGQILEKNEDSSKVKLKIRFSSSQDEEEIDMDTVHDSQAFISHHLNMLERP
STPGLSKYRPASSRSALIPQHSAGCDSTPTTKPQWSLELARKGTGKEQAPLEMSMHPAASAPLSVFTKESTASKHSDHHH
HHHHEHKKKKKKHKHKHKHKHKHDSKEKDKEPFTFSSPASGRSIRSPSLSD*

TAF4 (ID: O00268)

TAF4_1 (内部の432 aa欠損(22-454 aa)) (SEQ ID NO: 76)
MAAGSDLLDEVFFNSEVDEKVGMVLVRSENGQLLMIPQQALAQMQAQAHAQPQTTMAPRPATPTSAPPVQISTVQAPGTP
IIARQVTPTTIIKQVSQAQTTVQPSATLQRSPGVQPQLVLGGAAQTASLGTATAVQTGTPQRTVPGATTTSSAATETMEN

VKKCKNFLSTLIKLASSGKQSTETAANVKELVQNLLDGKIEAEDFTSRLYRELNSSPQPYLVPFLKRSLPALRQLTPDSA
AFIQQSQQQPPPPTSQATTALTAVVLSSSVQRTAGKTAATVTSALQPPVLSLTQPTQVGVGKQGQPTPLVIQQPPKPGAL
IRPPQVTLTQTPMVALRQPHNRIMLTTPQQIQLNPLQPVPVVKPAVLPGTKALSAVSAQAAAAQKNKLKEPGGGSFRDDD
DINDVASMAGVNLSEESARILATNSELVGTLTRSCKDETFLLQAPLQRRILEIGKKHGITELHPDVVSYVSHATQQRLQN
LVEKISETAQQKNFSYKDDDRYEQASDVRAQLKFFEQLDQIEKQRKDEQEREILMRAAKSRSRQEDPEQLRLKQKAKEMQ
QQELAQMRQRDANLTALAAIGPRKKRKVDCPGPGSGAEGSGPGSVVPGSSGVGTPRQFTRQRITRVNLRDLIFCLENERE
TSHSLLLYKAFLK*

TAF5L (ID: O75529)

TAF5L_1 (より短いタンパク質, 85 aa) (SEQ ID NO: 77)
MKRVRTEQIQMAVSCYLKRRQYVDSDGPLKQGLRLSQTAEEMAANLTVQSESGCANIVSAAPCQAEPQQYEVQFGRLRNF
LTGCL*

TAF6L (ID: Q9Y6J9)

TAF6L_1 (460 aaの後に異なるC末端) (SEQ ID NO: 78)
MSEREERRFVEIPRESVRLMAESTGLELSDEVAALLAEDVCYRLREATQNSSQFMKHTKRRKLTVEDFNRALRWSSVEAV
CGYGSQEALPMRPAREGELYFPEDREVNLVELALATNIPKGCAETAVRVHVSYLDGKGNLAPQGSVPSAVSSLTDDLLKY
YHQVTRAVLGDDPQLMKVALQDLQTNSKIGALLPYFVYVVSGVKSVSHDLEQLHRLLQVARSLFRNPHLCLGPYVRCLVG
SVLYCVLEPLAASINPLNDHWTLRDGAALLLSHIFWTHGDLVSGLYQHILLSLQKILADPVRPLCCHYGAVVGLHALGWK
AVERVLYPHLSTYWTNLQAVLDDYSVSNAQVKADGHKVYGAILVAVERLLKMKAQAAEPNRGGPGGRGCRRLDDLPWDSL
LFQESSSGGGAEPSFGSGLPLPPGGAGPEDPSLSVTLADIYRELYAFFGDSLATRFGTGLALRAETAHDRPYQPPRPPVG
ALGLLAVLAALSQWPLRSL*

TAF6L_2 (316 aaのタンパク質, 292 aaの後に異なる配列) (SEQ ID NO: 79)
MSEREERRFVEIPRESVRLMAESTGLELSDEVAALLAEDVCYRLREATQNSSQFMKHTKRRKLTVEDFNRALRWSSVEAV
CGYGSQEALPMRPAREGELYFPEDREVNLVELALATNIPKGCAETAVRVHVSYLDGKGNLAPQGSVPSAVSSLTDDLLKY
YHQVTRAVLGDDPQLMKVALQDLQTNSKIGALLPYFVYVVSGVKSVSHDLEQLHRLLQVARSLFRNPHLCLGPYVRCLVG
SVLYCVLEPLAASINPLNDHWTLRDGAALLLSHIFWTHGDLVSGLYQHILLSRPPVGALGLLAVLAALSQWPLRSL*

TAF7L (ID: Q5H9L6)

TAF7L_1 (AK026810) (SEQ ID NO: 80)
MSESQDEVPDEVENQFILRLPLEHACTVRNLARSQSVKMKDKLKIDLLPDGRHAVVEVEDVPLAAKLVDLPCVIESLRTL
DKKTFYKTADISQMLVCTADGDIHLSPEEPAASTDPNIVRKKERGREEKCVWKHGITPPLKNVRKKRFRKTQKKVPDVKE
MEKSSFTEYIESPDVENEVKRLLRSDAEAVSTRWEVIAEDGTKEIESQGSIPGFLISSGMSSHKQGHTSSVMEIQKQIEK
KEKKLHKIQNKAQRQKDLIMKVENLTLKNHFQSVLEQLELQEKQKNEKLISLQEQLQRFLKK*

TAF7L_2 (135 aaの後に異なる配列) (SEQ ID NO: 81)
MSESQDEVPDEVENQFILRLPLEHACTVRNLARSQSVKMKDKLKIDLLPHFPTGTVAAFSEEVRRAIGVAHKPWIHHPDC
RLDETVHVFVPSVALC*

TAF8 (ID: Q7Z7C8)

TAF8_1 (164 aaの後に異なるC末端) (SEQ ID NO: 82)
MADAAATAGAGGSGTRSGSKQSTNPADNYHLARRRTLQVVVSSLLTEAGFESAEKASVETLTEMLQSYISEIGRSAKSYC
EHTARTQPTLSDIVVTLVEMGFNVDTLPAYAKRSQRMVITAPPVTNQPVTPKALTAGQNRPHPPHIPSHFPEFPDPHTYI
KTPEDSGAEKENTSVLQQNPSLSGSRNGEENIIDNPYLRPVKKPKIRRKKPDTF*

TAF15 (ID: Q92804)

TAF15_1 (393aaの後に異なるC末端) (SEQ ID NO: 83)
MSDSGSYGQSGGEQQSYSTYGNPGSQGYGQASQSYSGYGQTTDSSYGQNYSGYSSYGQSQSGYSQSYGGYENQKQSSYSQ
QPYNNQGQQQNMESSGSQGGRAPSYDQPDYGQQDSYDQQSGYDQHQGSYDEQSNYDQQHDSYSQNQQSYHSQRENYSHHT
QDDRRDVSRYGEDNRGYGGSQGGGRGRGGYDKDGRGPMTGSSGGDRGGFKNFGGHRDYGPRTDADSESDNSDNNTIFVQG
LGEGVSTDQVGEFFKQIGIIKTNKKTGKPMINLYTDKDTGKPKGEATVSFDDPPSAKAAIDWFDGKEFHGNIIKVSFATR
RPEFMRGGGSGGGRRGRGGYRGRGGFQGRGGDPKSGDWVCPNPSCGNMNFARRNSCNQCNEPRPEDSRPSGGETTTEMIS
ATDHTDDCFECSFVSDMIHSEIARVLPAAFLVASSWVVKLSDIWIFIWVGGLGQFFF*

TAF15_2 (内部の112 aa欠損(439-551 aa)) (SEQ ID NO: 84)
MSDSGSYGQSGGEQQSYSTYGNPGSQGYGQASQSYSGYGQTTDSSYGQNYSGYSSYGQSQSGYSQSYGGYENQKQSSYSQ
QPYNNQGQQQNMESSGSQGGRAPSYDQPDYGQQDSYDQQSGYDQHQGSYDEQSNYDQQHDSYSQNQQSYHSQRENYSHHT
QDDRRDVSRYGEDNRGYGGSQGGGRGRGGYDKDGRGPMTGSSGGDRGGFKNFGGHRDYGPRTDADSESDNSDNNTIFVQG
LGEGVSTDQVGEFFKQIGIIKTNKKTGKPMINLYTDKDTGKPKGEATVSFDDPPSAKAAIDWFDGKEFHGNIIKVSFATR
RPEFMRGGGSGGGRRGRGGYRGRGGFQGRGGDPKSGDWVCPNPSCGNMNFARRNSCNQCNEPRPEDSRPSGGDFRGRGYG
GERGYRGRGGRGGDRGGYGGDRSGGGYGGDRSSGGGYSGDRSGGGYGGDRGGGYGGDRGGYGGKMGGRNDYRNDQRNRPY
*

TAF15_3 (内部の60 aa欠損(469-529 aa)) (SEQ ID NO: 85)
MSDSGSYGQSGGEQQSYSTYGNPGSQGYGQASQSYSGYGQTTDSSYGQNYSGYSSYGQSQSGYSQSYGGYENQKQSSYSQ
QPYNNQGQQQNMESSGSQGGRAPSYDQPDYGQQDSYDQQSGYDQHQGSYDEQSNYDQQHDSYSQNQQSYHSQRENYSHHT
QDDRRDVSRYGEDNRGYGGSQGGGRGRGGYDKDGRGPMTGSSGGDRGGFKNFGGHRDYGPRTDADSESDNSDNNTIFVQG
LGEGVSTDQVGEFFKQIGIIKTNKKTGKPMINLYTDKDTGKPKGEATVSFDDPPSAKAAIDWFDGKEFHGNIIKVSFATR
RPEFMRGGGSGGGRRGRGGYRGRGGFQGRGGDPKSGDWVCPNPSCGNMNFARRNSCNQCNEPRPEDSRPSGGDFRGRGYG
GERGYRGRGGRGGDRGGYGGDRSGGGYGGDRSSGGGYSGDRSGGGYGGDRSGGGYGGDRGGGYGGDRGGGYGGDRGGGSG
YGGDRSGGYGGDRSGGGYGGDRGGGYGGDRGGYGGKMGGRNDYRNDQRNRPY*

TAF15_4 (BU192829) (SEQ ID NO: 86)
MSDSGSYGQSGGEQQSYSTYGNPGSQGYGQASQSYSGYGQTTDSSYGQNYSGYSSYGQSQSGYSQSYGGYENQKQSSYSQ
QPYNNQGQQQNMESSGSQGGRAPSYDQPDYGQQDSYDQQSGYDQHQGSYDEQSNYDQQHDSYSQNQQSYHSQRENYSHHT
QDDRRDVSRYGEDNRGYDKDGRGPMTGSSGGDRGGFKNFGGHRDYGPRTDADSESDNSDNNTIFVQGLGEGVSTDQVGEF
FKQIGIIKTNKKTGKPMINLYTDKDTGKPKGEATVSFDDPPSAKAAIDWFDGKEFHGNIIKVSFATRRPEFMRGGGSGGG
RRGRGGYRGRGGFQGRGGDPKSGDWVCPNPSCGNMNFARRNSCNQCNEPRPEDSRPSGGDFRGRGYGGERGYRGRGGRGG
DRGGYGGDRSGGGYGGDRSSGGGYSGDRSGGGYGGDRSGGGYGGDRGGGYGGDRGGGYGGDRGGGYGGDRGGGYGGDRGGY
GGKMGGRNDYRNDQRNRPY

MED1 (ID: Q15648)

MED1_1 (内部の421 aa欠損(203-624 aa)) (SEQ ID NO: 87)
MKAQGETEESEKLSKMSSLLERLHAKFNQNRPWSETIKLVRQVMEKRVVMSSGGHQHLVSCLETLQKALKVTSLPAMTDR
LESIARQNGLGSHLSASGTECYITSDMFYVEVQLDPAGQLCDVKVAHHGENPVSCPELVQQLREKNFDEFSKHLKGLVNL
YNLPGDNKLKTKMYLALQSLEQDLSKMAIMYWKATNAGPLDKIPHHTPPPVSSMAGNTKNHPMLMNLLKDNPAQDFSTLY
GSSPLERQNSSSGSPRMEICSGSNKTKKKKSSRLPPEKPKHQTEDDFQRELFSMDVDSQNPIFDVNMTADTLDTPHITPA
PSQCSTPPTTYPQPVPHPQPSIQRMVRLSSSDSIGPDVTDILSDIAEEASKLPSTSDDCPAIGTPLRDSSSSGHSQSTLF
DSDVFQTNNNENPYTDPADLIADAAGSPSSDSPTNHFFHDGVDFNPDLLNSQSQSGFGEEYFDESSQSGDNDDFKGFASQ
ALNTLGVPMLGGDNGETKFKGNNQADTVDFSIISVAGKALAPADLMEHHSGSQGPLLTTGDLGKEKTQKRVKEGNGTSNS
TLSGPGLDSKPGKRSRTPSNDGKSKDKPPKRKKADTEGKSPSHSSSNRPFTPPTSTGGSKSPGSAGRSQTPPGVATPPIP
KITIQIPKGTVMVGKPSSHSQYTSSGSVSSSGSKSHHSHSSSSSSSASTSGKMKSSKSEGSSSSKLSSSMYSSQGSSGSS

QSKNSSQSGGKPGSSPITKHGLSSGSSSTKMKPQGKPSSLMNPSLSKPNISPSHSRPPGGSDKLASPMKPVPGTPPSSKA
KSPISSGSGGSHMSGTSSSSGMKSSSGLGSSGSLSQKTPPSSNSCTASSSSFSSSGSSMSSSQNQHGSSKGKSPSRNKKP
SLTAVIDKLKHGVVTSGPGGEDPLDGQMGVSTNSSSHPMSSKHNMSGGEFQGKREKSDKDKSKVSTSGSSVDSSKKTSES
KNVGSTGVAKIIISKHDGGSPSIKAKVTLQKPGESSGEGLRPQMASSKNYGSPLISGSTPKHERGSPSHSKSPAYTPQNL
DSESESGSSIAEKSYQNSPSSDDGIRPLPEYSTEKHKKHKKEKKKVKDKDRDRDRDKDRDKKKSHSIKPESWSKSPISSD
QSLSMTSNTILSADRPSRLSPDFMIGEEDDDLMDVALIGN

MED1_2（78 aaのタンパク質，62 aaの後に異なる配列）（SEQ ID NO: 88）
MKAQGETEESEKLSKMSSLLERLHAKFNQNRPWSETIKLVRQVMEKRVVMSSGGHQHLVSCLFDGRQHQEPPDAHEPS*

MED1_3（584 aaのタンパク質，547 aaの後に異なる配列）（SEQ ID NO: 4）
MKAQGETEESEKLSKMSSLLERLHAKFNQNRPWSETIKLVRQVMEKRVVMSSGGHQHLVSCLETLQKALKVTSLPAMTDR
LESIARQNGLGSHLSASGTECYITSDMFYVEVQLDPAGQLCDVKVAHHGENPVSCPELVQQLREKNFDEFSKHLKGLVNL
YNLPGDNKLKTKMYLALQSLEQDLSKMAIMYWKATNAGPLDKILHGSVGYLTPRSGGHLMNLKYYVSPSDLLDDKTASPI
ILHENNVSRSLGMNASVTIEGTSAVYKLPIAPLIMGSHPVDNKWTPSFSSITSANSVDLPACFFLKFPQPIPVSRAFVQK
LQNCTGIPLFETQPTYAPLYELITQFELSKDPDPIPLNHNMRFYAALPGQQHCYFLNKDAPLPDGRSLQGTLVSKITFQH
PGRVPLILNLIRHQVAYNTLIGSCVKRTILKEDSPGLLQFEVCPLSESRFSVSFQHPVNDSLVCVVMDVQDSTHVSCKLY
KGLSDALICTDDFIAKVVQRCMSIPVTMRAIRRKAETIQADTPALSLIAETVEDMVKKNLPPASSPGERGVYHWLESDPS
SSHAATCLFDGRQHQEPPDAHEPS*

MED1_4（311 aa欠損(1148-1459 aa)）（SEQ ID NO: 89）
MKAQGETEESEKLSKMSSLLERLHAKFNQNRPWSETIKLVRQVMEKRVVMSSGGHQHLVSCLETLQKALKVTSLPAMTDR
LESIARQNGLGSHLSASGTECYITSDMFYVEVQLDPAGQLCDVKVAHHGENPVSCPELVQQLREKNFDEFSKHLKGLVNL
YNLPGDNKLKTKMYLALQSLEQDLSKMAIMYWKATNAGPLDKILHGSVGYLTPRSGGHLMNLKYYVSPSDLLDDKTASPI
ILHENNVSRSLGMNASVTIEGTSAVYKLPIAPLIMGSHPVDNKWTPSFSSITSANSVDLPACFFLKFPQPIPVSRAFVQK
LQNCTGIPLFETQPTYAPLYELITQFELSKDPDPIPLNHNMRFYAALPGQQHCYFLNKDAPLPDGRSLQGTLVSKITFQH
PGRVPLILNLIRHQVAYNTLIGSCVKRTILKEDSPGLLQFEVCPLSESRFSVSFQHPVNDSLVCVVMDVQDSTHVSCKLY
KGLSDALICTDDFIAKVVQRCMSIPVTMRAIRRKAETIQADTPALSLIAETVEDMVKKNLPPASSPGYGMTTGNNPMSGT
TTSTNTFPGGPIATLFNMSMSIKDRHESVGHGEDFSKVSQNPILTSLLQITGNGGSTIGSSPTPPHHTPPPVSSMAGNTK
NHPMLMNLLKDNPAQDFSTLYGSSPLERQNSSSGSPRMEICSGSNKTKKKKSSRLPPEKPKHQTEDDFQRELFSMDVDSQ
NPIFDVNMTADTLDTPHITPAPSQCSTPPTTYPQPVPHPQPSIQRMVRLSSSDSIGPDVTDILSDIAEEASKLPSTSDDC
PAIGTPLRDSSSSGHSQSTLFDSDVFQTNNNENPYTDPADLIADAAGSPSSDSPTNHFFHDGVDFNPDLLNSQSQSGFGE
EYFDESSQSGDNDDFKGFASQALNTLGVPMLGGDNGETKFKGNNQADTVDFSIISVAGKALAPADLMEHHSGSQGPLLTT
GDLGKEKTQKRVKEGNGTSNSTLSGPGLDSKPGKRSRTPSNDGKSKDKPPKRKKADTEGKSPSHSSSNRPFTPPTSTGGS
KSPGSAGRSQTPPGVATPPIPKITIQIPKGTVMVGKPSSHSQYTSSGSVSSSGSKSHHSHSSSSSSSASTSGKMKSSKSE
GSSSSKLSSSMYSSQGSSGSSQSKNSSQNLDSESESGSSIAEKSYQNSPSSDDGIRPLPEYSTEKHKKHKKEKKKVKDKD
RDRDRDKDRDKKKSHSIKPESWSKSPISSDQSLSMTSNTILSADRPSRLSPDFMIGEEDDDLMDVALIGN

MED1_5（内部の26 aa欠損(167-193 aa)）（SEQ ID NO: 90）
MKAQGETEESEKLSKMSSLLERLHAKFNQNRPWSETIKLVRQVMEKRVVMSSGGHQHLVSCLETLQKALKVTSLPAMTDR
LESIARQNGLGSHLSASGTECYITSDMFYVEVQLDPAGQLCDVKVAHHGENPVSCPELVQQLREKNFDEFSKHLKGLVNL
YNLPGDKKATNAGPLDKILHGSVGYLTPRSGGHLMNLKYYVSPSDLLDDKTASPIILHENNVSRSLGMNASVTIEGTSAV
YKLPIAPLIMGSHPVDNKWTPSFSSITSANSVDLPACFFLKFPQPIPVSRAFVQKLQNCTGIPLFETQPTYAPLYELITQ
FELSKDPDPIPLNHNMRFYAALPGQQHCYFLNKDAPLPDGRSLQGTLVSKITFQHPGRVPLILNLIRHQVAYNTLIGSCV
KRTILKEDSPGLLQFEVCPLSESRFSVSFQHPVNDSLVCVVMDVQDSTHVSCKLYKGLSDALICTDDFIAKVVQRCMSIP
VTMRAIRRKAETIQADTPALSLIAETVEDMVKKNLPPASSPGYGMTTGNNPMSGTTTSTNTFPGGPIATLFNMSMSIKDR
HESVGHGEDFSKVSQNPILTSLLQITGNGGSTIGSSPTPPHHTPPPVSSMAGNTKNHPMLMNLLKDNPAQDFSTLYGSSP
LERQNSSSGSPRMEICSGSNKTKKKKSSRLPPEKPKHQTEDDFQRELFSMDVDSQNPIFDVNMTADTLDTPHITPAPSQC
STPPTTYPQPVPHPQPSIQRMVRLSSSDSIGPDVTDILSDIAEEASKLPSTSDDCPAIGTPLRDSSSSGHSQSTLFDSDV
FQTNNNENPYTDPADLIADAAGSPSSDSPTNHFFHDGVDFNPDLLNSQSQSGFGEEYFDESSQSGDNDDFKGFASQALNT

LGVPMLGGDNGETKFKGNNQADTVDFSIISVAGKALAPADLMEHHSGSQGPLLTTGDLGKEKTQKRVKEGNGTSNSTLSG
PGLDSKPGKRSRTPSNDGKSKDKPPKRKKADTEGKSPSHSSSNRPFTPPTSTGGSKSPGSAGRSQTPPGVATPPIPKITI
QIPKGTVMVGKPSSHSQYTSSGSVSSSGSKSHHSHSSSSSSSASTSGKMKSSKSEGSSSSKLSSSMYSSQGSSGSSQSKN
SSQSGGKPGSSPITKHGLSSGSSSTKMKPQGKPSSLMNPSLSKPNISPSHSRPPGGSDKLASPMKPVPGTPPSSKAKSPI
SSGSGGSHMSGTSSSSGMKSSSGLGSSGSLSQKTPPSSNSCTASSSSFSSSGSSMSSSQNQHGSSKGKSPSRNKKPSLTA
VIDKLKHGVVTSGPGGEDPLDGQMGVSTNSSSHPMSSKHNMSGGEFQGKREKSDKDKSKVSTSGSSVDSSKKTSESKNVG
STGVAKIIISKHDGGSPSIKAKVTLQKPGESSGEGLRPQMASSKNYGSPLISGSTPKHERGSPSHSKSPAYTPQNLDSES
ESGSSIAEKSYQNSPSSDDGIRPLPEYSTEKHKKHKKEKKKVKDKDRDRDRDKDRDKKKSHSIKPESWSKSPISSDQSLS
MTSNTILSADRPSRLSPDFMIGEEDDDLMDVALIGN

MED1_6（内部の25 aa欠損(143-168 aa)）(SEQ ID NO: 91)
MKAQGETEESEKLSKMSSLLERLHAKFNQNRPWSETIKLVRQVMEKRVVMSSGGHQHLVSCLETLQKALKVTSLPAMTDR
LESIARQNGLGSHLSASGTECYITSDMFYVEVQLDPAGQLCDVKVAHHGENPVSCPELVQQLSKLKTKMYLALQSLEQDL
SKMAIMYWKATNAGPLDKILHGSVGYLTPRSGGHLMNLKYYVSPSDLLDDKTASPIILHENNVSRSLGMNASVTIEGTSA
VYKLPIAPLIMGSHPVDNKWTPSFSSITSANSVDLPACFFLKFPQPIPVSRAFVQKLQNCTGIPLFETQPTYAPLYELIT
QFELSKDPDPIPLNHNMRFYAALPGQQHCYFLNKDAPLPDGRSLQGTLVSKITFQHPGRVPLILNLIRHQVAYNTLIGSC
VKRTILKEDSPGLLQFEVCPLSESRFSVSFQHPVNDSLVCVVMDVQDSTHVSCKLYKGLSDALICTDDFIAKVVQRCMSI
PVTMRAIRRKAETIQADTPALSLIAETVEDMVKKNLPPASSPGYGMTTGNNPMSGTTTSTNTFPGGPIATLFNMSMSIKD
RHESVGHGEDFSKVSQNPILTSLLQITGNGGSTIGSSPTPPHHTPPPVSSMAGNTKNHPMLMNLLKDNPAQDFSTLYGSS
PLERQNSSSGSPRMEICSGSNKTKKKKSSRLPPEKPKHQTEDDFQRELFSMDVDSQNPIFDVNMTADTLDTPHITPAPSQ
CSTPPTTYPQPVPHPQPSIQRMVRLSSSDSIGPDVTDILSDIAEEASKLPSTSDDCPAIGTPLRDSSSSGHSQSTLFDSD
VFQTNNNENPYTDPADLIADAAGSPSSDSPTNHFFHDGVDFNPDLLNSQSQSGFGEEYFDESSQSGDNDDFKGFASQALN
TLGVPMLGGDNGETKFKGNNQADTVDFSIISVAGKALAPADLMEHHSGSQGPLLTTGDLGKEKTQKRVKEGNGTSNSTLS
GPGLDSKPGKRSRTPSNDGKSKDKPPKRKKADTEGKSPSHSSSNRPFTPPTSTGGSKSPGSAGRSQTPPGVATPPIPKIT
IQIPKGTVMVGKPSSHSQYTSSGSVSSSGSKSHHSHSSSSSSSASTSGKMKSSKSEGSSSSKLSSSMYSSQGSSGSSQSK
NSSQSGGKPGSSPITKHGLSSGSSSTKMKPQGKPSSLMNPSLSKPNISPSHSRPPGGSDKLASPMKPVPGTPPSSKAKSP
ISSGSGGSHMSGTSSSSGMKSSSGLGSSGSLSQKTPPSSNSCTASSSSFSSSGSSMSSSQNQHGSSKGKSPSRNKKPSLT
AVIDKLKHGVVTSGPGGEDPLDGQMGVSTNSSmSHPMSSKHNMSGGEFQGKREKSDKDKSKVSTSGSSVDSSKKTSESKN
VGSTGVAKIIISKHDGGSPSIKAKVTLQKPGESSGEGLRPQMASSKNYGSPLISGSTPKHERGSPSHSKSPAYTPQNLDS
ESESGSSIAEKSYQNSPSSDDGIRPLPEYSTEKHKKHKKEKKKVKDKDRDRDRDKDRDKKKSHSIKPESWSKSPISSDQS
LSMTSNTILSADRPSRLSPDFMIGEEDDDLMDVALIGN

MED1_7（547 aaの後に異なる配列）(SEQ ID NO: 92)
MKAQGETEESEKLSKMSSLLERLHAKFNQNRPWSETIKLVRQVMEKRVVMSSGGHQHLVSCLETLQKALKVTSLPAMTDR
LESIARQNGLGSHLSASGTECYITSDMFYVEVQLDPAGQLCDVKVAHHGENPVSCPELVQQLREKNFDEFSKHLKGLVNL
YNLPGDNKLKTKMYLALQSLEQDLSKMAIMYWKATNAGPLDKILHGSVGYLTPRSGGHLMNLKYYVSPSDLLDDKTASPI
ILHENNVSRSLGMNASVTIEGTSAVYKLPIAPLIMGSHPVDNKWTPSFSSITSANSVDLPACFFLKFPQPIPVSRAFVQK
LQNCTGIPLFETQPTYAPLYELITQFELSKDPDPIPLNHNMRFYAALPGQQHCYFLNKDAPLPDGRSLQGTLVSKITFQH
PGRVPLILNLIRHQVAYNTLIGSCVKRTILKEDSPGLLQFEVCPLSESRFSVSFQHPVNDSLVCVVMDVQDSTHVSCKLY
KGLSDALICTDDFIAKVVQRCMSIPVTMRAIRRKAETIQADTPALSLIAETVEDMVKKNLPPASSPGERGVYHWLESDPS
SSHAATCLFDGRQHQEPPDAHEPS*

MED1_8（1150 aaのタンパク質（より短いC末端））(SEQ ID NO: 93)
MKAQGETEESEKLSKMSSLLERLHAKFNQNRPWSETIKLVRQVMEKRVVMSSGGHQHLVSCLETLQKALKVTSLPAMTDR
LESIARQNGLGSHLSASGTECYITSDMFYVEVQLDPAGQLCDVKVAHHGENPVSCPELVQQLREKNFDEFSKHLKGLVNL
YNLPGDNKLKTKMYLALQSLEQDLSKMAIMYWKATNAGPLDKILHGSVGYLTPRSGGHLMNLKYYVSPSDLLDDKTASPI
ILHENNVSRSLGMNASVTIEGTSAVYKLPIAPLIMGSHPVDNKWTPSFSSITSANSVDLPACFFLKFPQPIPVSRAFVQK
LQNCTGIPLFETQPTYAPLYELITQFELSKDPDPIPLNHNMRFYAALPGQQHCYFLNKDAPLPDGRSLQGTLVSKITFQH
PGRVPLILNLIRHQVAYNTLIGSCVKRTILKEDSPGLLQFEVCPLSESRFSVSFQHPVNDSLVCVVMDVQDSTHVSCKLY
KGLSDALICTDDFIAKVVQRCMSIPVTMRAIRRKAETIQADTPALSLIAETVEDMVKKNLPPASSPGYGMTTGNNPMSGT

TTSTNTFPGGPIATLFNMSMSIKDRHESVGHGEDFSKVSQNPILTSLLQITGNGGSTIGSSPTPPHHTPPPVSSMAGNTK
NHPMLMNLLKDNPAQDFSTLYGSSPLERQNSSSGSPRMEICSGSNKTKKKKSSRLPPEKPKHQTEDDFQRELFSMDVDSQ
NPIFDVNMTADTLDTPHITPAPSQCSTPPTTYPQPVPHPQPSIQRMVRLSSSDSIGPDVTDILSDIAEEASKLPSTSDDC
PAIGTPLRDSSSSGHSQSTLFDSDVFQTNNNENPYTDPADLIADAAGSPSSDSPTNHFFHDGVDFNPDLLNSQSQSGFGE
EYFDESSQSGDNDDFKGFASQALNTLGVPMLGGDNGETKFKGNNQADTVDFSIISVAGKALAPADLMEHHSGSQGPLLTT
GDLGKEKTQKRVKEGNGTSNSTLSGPGLDSKPGKRSRTPSNDGKSKDKPPKRKKADTEGKSPSHSSSNRPFTPPTSTGGS
KSPGSAGRSQTPPGVATPPIPKITIQIPKGTVMVGKPSSHSQYTSSGSVSSSGSKSHHSHSSSSSSSASTSGKMKSSKSE
GSSSSKLSSSMYSSQGSSGSSQSKNSSQTL*

MED4 (ID: Q9NPJ6)

MED4_1 (BG771094) (SEQ ID NO: 94)
MAASSSGEKEKERLGGGLGVAGGNSTRERLLSALEDLEVLSRELIEMLAISRNQKLLQAGEENQVLELLIHRDGEFQELM
KLALNQGKIHHEMQVLEKEVEKRDSDIQQLQKQLKEAEQILATAVYQAKEKLKSIEKARKGAISSEEIIKYAHRISASNA
VCAPLTWVPGDPRRPYPTDLEMRSGLLGQMNNPSTNGVNGHLPGDALAAGRLPDVLAPQYPWQSNDMSMNMLPPNHSSDF
LLEPPGHNKENEDDVEIMSTDSSSSSSESD

MED6 (ID: O75586)

MED6_1 (BM802752; 257 aa, 12 aa長いC末端) (SEQ ID NO: 95)
MAAVDIRDNLLGISWVDSSWIPILNSGSVLDYFSERSNPFYDRTCNNEVVKMQRLTLEHLNQMVGIEYILLHAQEPILFI
IRKQQRQSPAQVIPLADYYIIAGVIYQAPDLGSVINSRVLTAVHGIQSAFDEAMSYCRYHPSKGYWWHFKDHEEQDKVRP
KAKRKEEPSSIFQRQRVDALLLDLRQKFPPKFVQLKPGEKPVPVDQTKKEAEPIPETVKPEEKETTKNVQQTVSAKGPPE
KRMRLHYIILSIKINSC*

MED6_2 (BP350015; 97 aaのタンパク質) (SEQ ID NO: 96)
MAAVDIRDNLLGISWVDSSWIPILNSGSVLDYFSERSNPFYDRTCNNEVVKMQRLTLEHLNQMVGIEYILLHAQEPILFI
IRKQQRQSPAQGKMCKL

MED6_3 (205 aaの後に異なる配列) (SEQ ID NO: 97)
MAAVDIRDNLLGISWVDSSWIPILNSGSVLDYFSERSNPFYDRTCNNEVVKMQRLTLEHLNQMVGIEYILLHAQEPILFI
IRKQQRQSPAQVIPLADYYIIAGVIYQAPDLGSVINSRVLTAVHGIQSAFDEAMSYCRYHPSKGYWWHFKDHEEQDKVRP
KAKRKEEPSSIFQRQRVDALLLDLRQKFPPKFVQLKPGEKPVPVDHLRSEVQDQPDQYGETPSLLKIQKLAGRGGGRP*

MED10 (ID: Q8N2G1)

MED10_1 (BI462618; 69 aaのタンパク質) (SEQ ID NO: 98)
MAEKFDHLEEHLEKFVENIRQLGIIVSDFQPSSQAGLNQKLNFIVTGLQDIDKCRQQLHDITVPLEVFE*

MED11 (ID: Q6NS89)

MED11_1 (AL534685; 93 aaのタンパク質, 74 aaの後に異なる配列) (SEQ ID NO: 99)
MATYSLANERLRALEDIEREIGAILQNAGTVILELSKEKTNERLLDRQAAAFTASVQHVEAELSAQIRYLTQVGVSGGFC
ERTPALGQSLRLG*

MED12 (ID: Q7Z3Z5)

MED12_1 (96 aa欠損(1904-2000 aa)) (SEQ ID NO: 100)
MKQSMPSLHTKKILFCYFHLTNSWCLRRYGLGKMAAFGILSYEHRPLKRPRPRLGPPDVYPQDPKQKEDELTALNVKQGF
NNQPAVSGDEHGSAKNVSFNPAKISSNFSSIIAEKLRCNTLPDTGRRKPQVNQKDNFWLVTARSQSAINTWFTDLAGTKP

LTQLAKKVPIFSKKEEVFGYLAKYTVPVMRAAWLIKMTCAYYAAISETKVKKRHVDPFMEWTQIITKYLWEQLQKMAEYY
RPGPAGSGGCGSTIGPLPHDVEVAIRQWDYTEKLAMFMFQDGMLDRHEFLTWVLECFEKIRPGEDELLKLLLPLLLRYSG
EFVQSAYLSRRLAYFCTRRLALQLDGVSSHSSHVISAQSTSTLPTTPAPQPPTSSTPSTPFSDLLMCPQHRPLVFGLSCI
LQTILLCCPSALVWHYSLTDSRIKTGSPLDHLPIAPSNLPMPEGNSAFTQQVRAKLREIEQQIKERGQAVEVRWSFDKCQ
EATAGFTIGRVLHTLEVLDSHSFERSDFSNSLDSLCNRIFGLGPSKDGHEISSDDDAVVSLLCEWAVSCKRSGRHRAMVV
AKLLEKRQAEIEAERCGESEAADEKGSIASGSLSAPSAPIFQDVLLQFLDTQAPMLTDPRSESERVEFFNLVLLFCELIR
HDVFSHNMYTCTLISRGDLAFGAPGPRPPSPFDDPADDPEHKEAEGSSSSKLEDPGLSESMDIDPSSSVLFEDMEKPDFS
LFSPTMPCEGKGSPSPEKPDVEKEVKPPPKEKIEGTLGVLYDQPRHVQYATHFPIPQEESCSHECNQRLVVLFGVGKQRD
DARHAIKKITKDILKVLNRKGTAETDQLAPIVPLNPGDLTFLGGEDGQKRRRNRPEAFPTAEDIFAKFQHLSHYDQHQVT
AQVSRNVLEQITSFALGMSYHLPLVQHVQFIFDLMEYSLSISGLIDFAIQLLNELSVVEAELLLKSSDLVGSYTTSLCLC
IVAVLRHYHACLILNQDQMAQVFEGLCGVVKHGMNRSDGSSAERCILAYLYDLYTSCSHLKNKFGELFSDFCSKVKNTIY
CNVEPSESNMRWAPEFMIDTLENPAAHTFTYTGLGKSLSENPANRYSFVCNALMHVCVGHHDPDRVNDIAILCAELTGYC
KSLSAEWLGVLKALCCSSNNGTCGFNDLLCNVDVSDLSFHDSLATFVAILIARQCLLLEDLIRCAAIPSLLNAACSEQDS
EPGARLTCRILLHLFKTPQLNPCQSDGNKPTVGIRSSCDRHLLAASQNRIVDGAVFAVLKAVFVLGDAELKGSGFTVTGG
TEELPEEEGGGGSGGRRQGGRNISVETASLDVYAKYVLRSICQQEWVGERCLKSLCEDSNDLQDPVLSSAQAQRLMQLIC
YPHRLLDNEDGENPQRQRIKRILQNLDQWTMRQSSLELQLMIKQTPNNEMNSLLENIAKATIEVFQRSAETGSSSGSTAS
NMPSSSKTKPVLSSLERSGVWLVAPLIAKLPTSVQGHVLKAAGEELEKGQHLGSSSRKERDRQKQKSMSLLSQQPFLSLV
LTCLKGQDEQREGLLTSLYSQVHQIVNNWRDDQYLDDCKPKQLMHEALKLRLNLVGGMFDTVQRSTQQTTEWAMLLLEII
ISGTVDMQSNNELFTTVLDMLSVLINGTLAADMSSISQGSMEENKRAYMNLAKKLQKELGERQSDSLEKVRQLLPLPKQT
RDVITCEPQGSLIDTKGNKIAGFDSIFKKEGLQVSTKQKISPWDLFEGLKPSAPLSWGWFGTVRVDRRVARGEEQQRLLL
YHTHLRPRPRAYYLEPLPLPPEDEEPPAPTLLEPEKKAPEPPKTDKPGAAPPSTEERKKKSTKGKKRSQPATKTEDYGMG
PGRSGPYGVTVPPDLLHHPNPGSITHLNYRQGSIGLYTQNQPLPAGGPRVDPYRPVRLPMQKLPPSYSSQPYQSTHPSTN
PTLVDPTRHLQQRPSGYVHQQAPTYGHGLTSTQRFSHQTLQQTPMISTMTPMSAQGVQAGVRSTAILPEQQQQQQQQQQQ
QQQQQQQQQQQQQQQYHIRQQQQQQILRQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQHQQQQQQQAAPPQPQPQSQPQFQRQG
LQQTQQQQQTAALVRQLQQQLSNTQPQPSTNIFGRY*

MED12_2 (25 aa欠損(1996-2021 aa)) (SEQ ID NO: 101)
MKQSMPSLHTKKILFCYFHLTNSWCLRRYGLGKMAAFGILSYEHRPLKRPRPRLGPPDVYPQDPKQKEDELTALNVKQGF
NNQPAVSGDEHGSAKNVSFNPAKISSNFSSIIAEKLRCNTLPDTGRRKPQVNQKDNFWLVTARSQSAINTWFTDLAGTKP
LTQLAKKVPIFSKKEEVFGYLAKYTVPVMRAAWLIKMTCAYYAAISETKVKKRHVDPFMEWTQIITKYLWEQLQKMAEYY
RPGPAGSGGCGSTIGPLPHDVEVAIRQWDYTEKLAMFMFQDGMLDRHEFLTWVLECFEKIRPGEDELLKLLLPLLLRYSG
EFVQSAYLSRRLAYFCTRRLALQLDGVSSHSSHVISAQSTSTLPTTPAPQPPTSSTPSTPFSDLLMCPQHRPLVFGLSCI
LQTILLCCPSALVWHYSLTDSRIKTGSPLDHLPIAPSNLPMPEGNSAFTQQVRAKLREIEQQIKERGQAVEVRWSFDKCQ
EATAGFTIGRVLHTLEVLDSHSFERSDFSNSLDSLCNRIFGLGPSKDGHEISSDDDAVVSLLCEWAVSCKRSGRHRAMVV
AKLLEKRQAEIEAERCGESEAADEKGSIASGSLSAPSAPIFQDVLLQFLDTQAPMLTDPRSESERVEFFNLVLLFCELIR
HDVFSHNMYTCTLISRGDLAFGAPGPRPPSPFDDPADDPEHKEAEGSSSSKLEDPGLSESMDIDPSSSVLFEDMEKPDFS
LFSPTMPCEGKGSPSPEKPDVEKEVKPPPKEKIEGTLGVLYDQPRHVQYATHFPIPQEESCSHECNQRLVVLFGVGKQRD
DARHAIKKITKDILKVLNRKGTAETDQLAPIVPLNPGDLTFLGGEDGQKRRRNRPEAFPTAEDIFAKFQHLSHYDQHQVT
AQVSRNVLEQITSFALGMSYHLPLVQHVQFIFDLMEYSLSISGLIDFAIQLLNELSVVEAELLLKSSDLVGSYTTSLCLC
IVAVLRHYHACLILNQDQMAQVFEGLCGVVKHGMNRSDGSSAERCILAYLYDLYTSCSHLKNKFGELFSDFCSKVKNTIY
CNVEPSESNMRWAPEFMIDTLENPAAHTFTYTGLGKSLSENPANRYSFVCNALMHVCVGHHDPDRVNDIAILCAELTGYC
KSLSAEWLGVLKALCCSSNNGTCGFNDLLCNVDVSDLSFHDSLATFVAILIARQCLLLEDLIRCAAIPSLLNAACSEQDS
EPGARLTCRILLHLFKTPQLNPCQSDGNKPTVGIRSSCDRHLLAASQNRIVDGAVFAVLKAVFVLGDAELKGSGFTVTGG
TEELPEEEGGGGSGGRRQGGRNISVETASLDVYAKYVLRSICQQEWVGERCLKSLCEDSNDLQDPVLSSAQAQRLMQLIC
YPHRLLDNEDGENPQRQRIKRILQNLDQWTMRQSSLELQLMIKQTPNNEMNSLLENIAKATIEVFQRSAETGSSSGSTAS
NMPSSSKTKPVLSSLERSGVWLVAPLIAKLPTSVQGHVLKAAGEELEKGQHLGSSSRKERDRQKQKSMSLLSQQPFLSLV
LTCLKGQDEQREGLLTSLYSQVHQIVNNWRDDQYLDDCKPKQLMHEALKLRLNLVGGMFDTVQRSTQQTTEWAMLLLEII
ISGTVDMQSNNELFTTVLDMLSVLINGTLAADMSSISQGSMEENKRAYMNLAKKLQKELGERQSDSLEKVRQLLPLPKQT
RDVITCEPQGSLIDTKGNKIAGFDSIFKKEGLQVSTKQKISPWDLFEGLKPSAPLSWGWFGTVRVDRRVARGEEQQRLLL
YHTHLRPRPRAYYLEPLPLPPEDEEPPAPTLLEPEKKAPEPPKTDKPGAAPPSTEERKKKSTKGKKRSQPATKTEDYGMG

PGRSGPYGVTVPPDLLHHPNPGSITHLNYRQGSIGLYTQNQPLPAGGPRVDPYRPVRLPMQKLPTRPTYPGVLPTTMTGV
MGLEPSSYKTSVYRQQQPAVPQGQRLRQQLQAKIQSQGMLGQSSVHQMTPSSSYGLQTSQGYTPYVSHVGLQQHTGPADP
TRHLQQRPSGYVHQQAPTYGHGLTSTQRFSHQTLQQTPMISTMTPMSAQGVQAGVRSTAILPEQQQQQQQQQQQQQQQQQ
QQQQQQQQQYHIRQQQQQQILRQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQHQQQQQQQAAPPQPQPQSQPQFQRQGLQQTQQ
QQQTAALVRQLQQQLSNTQPQPSTNIFGRY*

MED12_3（2047 aaのタンパク質，2014 aaの後に異なる配列）（SEQ ID NO: 102）
MKQSMPSLHTKKILFCYFHLTNSWCLRRYGLGKMAAFGILSYEHRPLKRPRPRLGPPDVYPQDPKQKEDELTALNVKQGF
NNQPAVSGDEHGSAKNVSFNPAKISSNFSSIIAEKLRCNTLPDTGRRKPQVNQKDNFWLVTARSQSAINTWFTDLAGTKP
LTQLAKKVPIFSKKEEVFGYLAKYTVPVMRAAWLIKMTCAYYAAISETKVKKRHVDPFMEWTQIITKYLWEQLQKMAEYY
RPGPAGSGGCGSTIGPLPHDVEVAIRQWDYTEKLAMFMFQDGMLDRHEFLTWVLECFEKIRPGEDELLKLLLPLLLRYSG
EFVQSAYLSRRLAYFCTRRLALQLDGVSSHSSHVISAQSTSTLPTTPAPQPPTSSTPSTPFSDLLMCPQHRPLVFGLSCI
LQTILLCCPSALVWHYSLTDSRIKTGSPLDHLPIAPSNLPMPEGNSAFTQQVRAKLREIEQQIKERGQAVEVRWSFDKCQ
EATAGFTIGRVLHTLEVLDSHSFERSDFSNSLDSLCNRIFGLGPSKDGHEISSDDDAVVSLLCEWAVSCKRSGRHRAMVV
AKLLEKRQAEIEAERCGESEAADEKGSIASGSLSAPSAPIFQDVLLQFLDTQAPMLTDPRSESERVEFFNLVLLFCELIR
HDVFSHNMYTCTLISRGDLAFGAPGPRPPSPFDDPADDPEHKEAEGSSSSKLEDPGLSESMDIDPSSSVLFEDMEKPDFS
LFSPTMPCEGKGSPSPEKPDVEKEVKPPPKEKIEGTLGVLYDQPRHVQYATHFPIPQEESCSHECNQRLVVLFGVGKQRD
DARHAIKKITKDILKVLNRKGTAETDQLAPIVPLNPGDLTFLGGEDGQKRRRNRPEAFPTAEDIFAKFQHLSHYDQHQVT
AQVSRNVLEQITSFALGMSYHLPLVQHVQFIFDLMEYSLSISGLIDFAIQLLNELSVVEAELLLKSSDLVGSYTTSLCLC
IVAVLRHYHACLILNQDQMAQVFEGLCGVVKHGMNRSDGSSAERCILAYLYDLYTSCSHLKNKFGELFSDFCSKVKNTIY
CNVEPSESNMRWAPEFMIDTLENPAAHTFTYTGLGKSLSENPANRYSFVCNALMHVCVGHHDPDRVNDIAILCAELTGYC
KSLSAEWLGVLKALCCSSNNGTCGFNDLLCNVDVSDLSFHDSLATFVAILIARQCLLLEDLIRCAAIPSLLNAACSEQDS
EPGARLTCRILLHLFKTPQLNPCQSDGNKPTVGIRSSCDRHLLAASQNRIVDGAVFAVLKAVFVLGDAELKGSGFTVTGG
TEELPEEEGGGGSGGRRQGGRNISVETASLDVYAKYVLRSICQQEWVGERCLKSLCEDSNDLQDPVLSSAQAQRLMQLIC
YPHRLLDNEDGENPQRQRIKRILQNLDQWTMRQSSLELQLMIKQTPNNEMNSLLENIAKATIEVFQRSAETGSSSGSTAS
NMPSSSKTKPVLSSLERSGVWLVAPLIAKLPTSVQGHVLKAAGEELEKGQHLGSSSRKERDRQKQKSMSLLSQQPFLSLV
LTCLKGQDEQREGLLTSLYSQVHQIVNNWRDDQYLDDCKPKQLMHEALKLRLNLVGGMFDTVQRSTQQTTEWAMLLLEII
ISGTVDMQSNNELFTTVLDMLSVLINGTLAADMSSISQGSMEENKRAYMNLAKKLQKELGERQSDSLEKVRQLLPLPKQT
RDVITCEPQGSLIDTKGNKIAGFDSIFKKEGLQVSTKQKISPWDLFEGLKPSAPLSWGWFGTVRVDRRVARGEEQQRLLL
YHTHLRPRPRAYYLEPLPLPPEDEEPPAPTLLEPEKKAPEPPKTDKPGAAPPSTEERKKKSTKGKKRSQPATKTEDYGMG
PGRSGPYGVTVPPDLLHHPNPGSITHLNYRQGSIGLYTQNQPLPAGGPRVDPYRPVRLPMQKLPTRPTYPGVLPTTMTGV
MGLEPSSYKTSVYRQQQPAVPQGQRLRQQLQAKIQSQGMLGQSSVHQMTPSSSYGLQTSQGYTPYVSHVGLQQHTGPAGT
MVPPSYSSQPYQSTHPFLLIPNPIPGLAPVVVGALPSGSIFNKFLVFLLM*

MED12_4（内部の504 aa欠損(1387-1891 aa)）（SEQ ID NO: 103）
MKQSMPSLHTKKILFCYFHLTNSWCLRRYGLGKMAAFGILSYEHRPLKRPRPRLGPPDVYPQDPKQKEDELTALNVKQGF
NNQPAVSGDEHGSAKNVSFNPAKISSNFSSIIAEKLRCNTLPDTGRRKPQVNQKDNFWLVTARSQSAINTWFTDLAGTKP
LTQLAKKVPIFSKKEEVFGYLAKYTVPVMRAAWLIKMTCAYYAAISETKVKKRHVDPFMEWTQIITKYLWEQLQKMAEYY
RPGPAGSGGCGSTIGPLPHDVEVAIRQWDYTEKLAMFMFQDGMLDRHEFLTWVLECFEKIRPGEDELLKLLLPLLLRYSG
EFVQSAYLSRRLAYFCTRRLALQLDGVSSHSSHVISAQSTSTLPTTPAPQPPTSSTPSTPFSDLLMCPQHRPLVFGLSCI
LQTILLCCPSALVWHYSLTDSRIKTGSPLDHLPIAPSNLPMPEGNSAFTQQVRAKLREIEQQIKERGQAVEVRWSFDKCQ
EATAGFTIGRVLHTLEVLDSHSFERSDFSNSLDSLCNRIFGLGPSKDGHEISSDDDAVVSLLCEWAVSCKRSGRHRAMVV
AKLLEKRQAEIEAERCGESEAADEKGSIASGSLSAPSAPIFQDVLLQFLDTQAPMLTDPRSESERVEFFNLVLLFCELIR
HDVFSHNMYTCTLISRGDLAFGAPGPRPPSPFDDPADDPEHKEAEGSSSSKLEDPGLSESMDIDPSSSVLFEDMEKPDFS
LFSPTMPCEGKGSPSPEKPDVEKEVKPPPKEKIEGTLGVLYDQPRHVQYATHFPIPQEESCSHECNQRLVVLFGVGKQRD
DARHAIKKITKDILKVLNRKGTAETDQLAPIVPLNPGDLTFLGGEDGQKRRRNRPEAFPTAEDIFAKFQHLSHYDQHQVT
AQVSRNVLEQITSFALGMSYHLPLVQHVQFIFDLMEYSLSISGLIDFAIQLLNELSVVEAELLLKSSDLVGSYTTSLCLC
IVAVLRHYHACLILNQDQMAQVFEGLCGVVKHGMNRSDGSSAERCILAYLYDLYTSCSHLKNKFGELFSDFCSKVKNTIY
CNVEPSESNMRWAPEFMIDTLENPAAHTFTYTGLGKSLSENPANRYSFVCNALMHVCVGHHDPDRVNDIAILCAELTGYC
KSLSAEWLGVLKALCCSSNNGTCGFNDLLCNVDVSDLSFHDSLATFVAILIARQCLLLEDLIRCAAIPSLLNAACSEQDS

EPGARLTCRILLHLFKTPQLNPCQSDGNKPTVGIRSSCDRHLLAASQNRIVDGAVFAVLKAVFVLGDAELKGSGFTVTGG
TEELPEEEGGGGSGGRRQGGRNISVETASLDVYAKYVLRSICQQEWVGERCLKSLCEDSNDLQDPVLSSAQAQRLMQLIC
YPHRLLDNEDGENPQRQRIKRILQNLDPYRPVRLPMQKLPTRPTYPGVLPTTMTGVMGLEPSSYKTSVYRQQQPAVPQGQ
RLRQQLQQSQGMLGQSSVHQMTPSSSYGLQTSQGYTPYVSHVGLQQHTGPAGTMVPPSYSSQPYQSTHPSTNPTLVDPTR
HLQQRPSGYVHQQAPTYGHGLTSTQRFSHQTLQQTPMISTMTPMSAQGVQAGVRSTAILPEQQQQQQQQQQQQQQQQQQQ
QQQQQQQYHIRQQQQQQILRQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQHQQQQQQQAAPPQPQPQSQPQFQRQGLQQTQQQQ
QTAALVRQLQQQLSNTQPQPSTNIFGRY*

MED12_5 (397 aa欠損(1769-2166 aa)) (SEQ ID NO: 104)
MKQSMPSLHTKKILFCYFHLTNSWCLRRYGLGKMAAFGILSYEHRPLKRPRPRLGPPDVYPQDPKQKEDELTALNVKQGF
NNQPAVSGDEHGSAKNVSFNPAKISSNFSSIIAEKLRCNTLPDTGRRKPQVNQKDNFWLVTARSQSAINTWFTDLAGTKP
LTQLAKKVPIFSKKEEVFGYLAKYTVPVMRAAWLIKMTCAYYAAISETKVKKRHVDPFMEWTQIITKYLWEQLQKMAEYY
RPGPAGSGGCGSTIGPLPHDVEVAIRQWDYTEKLAMFMFQDGMLDRHEFLTWVLECFEKIRPGEDELLKLLLPLLLRYSG
EFVQSAYLSRRLAYFCTRRLALQLDGVSSHSSHVISAQSTSTLPTTPAPQPPTSSTPSTPFSDLLMCPQHRPLVFGLSCI
LQTILLCCPSALVWHYSLTDSRIKTGSPLDHLPIAPSNLPMPEGNSAFTQQVRAKLREIEQQIKERGQAVEVRWSFDKCQ
EATAGFTIGRVLHTLEVLDSHSFERSDFSNSLDSLCNRIFGLGPSKDGHEISSDDDAVVSLLCEWAVSCKRSGRHRAMVV
AKLLEKRQAEIEAERCGESEAADEKGSIASGSLSAPSAPIFQDVLLQFLDTQAPMLTDPRSESERVEFFNLVLLFCELIR
HDVFSHNMYTCTLISRGDLAFGAPGPRPPSPFDDPADDPEHKEAEGSSSSKLEDPGLSESMDIDPSSSVLFEDMEKPDFS
LFSPTMPCEGKGSPSPEKPDVEKEVKPPPKEKIEGTLGVLYDQPRHVQYATHFPIPQEESCSHECNQRLVVLFGVGKQRD
DARHAIKKITKDILKVLNRKGTAETDQLAPIVPLNPGDLTFLGGEDGQKRRRNRPEAFPTAEDIFAKFQHLSHYDQHQVT
AQVSRNVLEQITSFALGMSYHLPLVQHVQFIFDLMEYSLSISGLIDFAIQLLNELSVVEAELLLKSSDLVGSYTTSLCLC
IVAVLRHYHACLILNQDQMAQVFEGLCGVVKHGMNRSDGSSAERCILAYLYDLYTSCSHLKNKFGELFSDFCSKVKNTIY
CNVEPSESNMRWAPEFMIDTLENPAAHTFTYTGLGKSLSENPANRYSFVCNALMHVCVGHHDPDRVNDIAILCAELTGYC
KSLSAEWLGVLKALCCSSNNGTCGFNDLLCNVDVSDLSFHDSLATFVAILIARQCLLLEDLIRCAAIPSLLNAACSEQDS
EPGARLTCRILLHLFKTPQLNPCQSDGNKPTVGIRSSCDRHLLAASQNRIVDGAVFAVLKAVFVLGDAELKGSGFTVTGG
TEELPEEEGGGGSGGRRQGGRNISVETASLDVYAKYVLRSICQQEWVGERCLKSLCEDSNDLQDPVLSSAQAQRLMQLIC
YPHRLLDNEDGENPQRQRIKRILQNLDQWTMRQSSLELQLMIKQTPNNEMNSLLENIAKATIEVFQRSAETGSSSGSTAS
NMPSSSKTKPVLSSLERSGVWLVAPLIAKLPTSVQGHVLKAAGEELEKGQHLGSSSRKERDRQKQKSMSLLSQQPFLSLV
LTCLKGQDEQREGLLTSLYSQVHQIVNNWRDDQYLDDCKPKQLMHEALKLRLNLVGGMFDTVQRSTQQTTEWAMLLLEII
ISGTVDMQSNNELFTTVLDMLSVLINGTLAADMSSISQGSMEENKRAYMNLAKKLQKELGERQSDSLEKVRQLLPLPKQT
RDVITCEPQGSLIDTKGNKIAGFDSIFKKEGLQVSTKQKISPWDLFEGLKPSAPLSWGWFGTVRVDRRVARGEEQQRLLL
YHTHLRPRPQSQPQFQRQGLQQTQQQQQTAALVRQLQQQLSNTQPQPSTNIFGRY*

MED13 (ID: Q9UHV7)

MED13_1 (内部の37 aa欠損(392-429 aa)) (SEQ ID NO: 105)
MSASFVPNGASLEDCHCNLFCLADLTGIKWKKYVWQGPTSAPILFPVTEEDPILSSFSRCLKADVLGVWRRDQRPGRREL
WIFWWGEDPVLLTLFTMTYQKKKMECGRMDFPMNAVLCFSKAVHNLLERCLMNRNFVRIGKWFVKPYEKDEKPINKSEHL
SCSFTFFLHGDSNVCTSVEINQHQPVYLLSEEHITLAQQSNSPFQVILCPFGLNGTLTGQAFKMSDSATKKLIGEWKQFY
PISCCLKEMSEEKQEDMDWEDDSLAAVEVLVAGVRMIYPACFVLVPQSDIPTPSPVGSTHCSSSCLGVHQVPASTRDPAM
SSVTLTPPTSPEEVQTVDPQSVQKWVKFSSVSDGFNSDSTSHHGGKIPRKLANHVVDRVWQECNMNRAQNKHKNLKSRNA
GQQGQAPSLGQQQQILPKHKTNEKQEKSEKPQKRPLTPFHHRVSVSDDVGMDADSASQRLVISAPDSQVRFSNIRTNDVA
KTPQMHGTEMANSPQPPPLSPHPCDVVDEGVTKTPSTPQSQHFYQMPTPDPLVPSKPMEDRIDSLSQSFPPQYQEAVEPT
VYVGTAVNLEEDEANIAWKYYKFPKKKDVEFLPPQLPSDKFKDDPVGPFGQESVTSVTELMVQCKKPLKVSDELVQQYQI
KNQCLSAIASDAEQEPKIDPYAFVEGDEEFLFPDKKDRQNSEREAGKKHKVEDGTSSVTVLSHEEDAMSLFSPSIKQDAP
RPTSHARPPSTSLIYDSDLAVSYTDLDNLFNSDEDELTPGSKRSANGSDDKASCKESKTGNLDPLSCISTADLHKMYPTP
PSLEQHIMGFSPMNMNNKEYGSMDTTPGGTVLEGNSSSIGAQFKIEVDEGFCSPKPSEIKDFSYVYKPENCQILVGCSMF
APLKTLPSQYLPLIKLPEECIYRQSWTVGKLELLSSGPSMPFIKEGDGSNMDQEYGTAYTPQTHTSCGMPPSSAPPSNSG
AGILPSPSTPRFPTPRTPRTPRTPRGAGGPASAQGSVKYENSDLYSPASTPSTCRPLNSVEPATVPSIPEAHSLYVNLIL
SESVMNLFKDCNSDSCCICVCNMNIKGADVGVYIPDPTQEAQYRCTCGFSAVMNRKFGNNSGLFLEDELDIIGRNTDCGK

EAEKRFEALRATSAEHVNGGLKESEKLSDDLILLLQDQCTNLFSPFGAADQDPFPKSGVISNWVRVEERDCCNDCYLALE
HGRQFMDNMSGGKVDEALVKSSCLHPWSKRNDVSMQCSQDILRMLLSLQPVLQDAIQKKRTVRPWGVQGPLTWQQFHKMA
GRGSYGTDESPEPLPIPTFLLGYDYDYLVLSPFALPYWERLMLEPYGSQRDIAYVVLCPENEALLNGAKSFFRDLTAIYE
SCRLGQHRPVSRLLTDGIMRVGSTASKKLSEKLVAEWFSQAADGNNEAFSKLKLYAQVCRYDLGPYLASLPLDSSLLSQP
NLVAPTSQSLITPPQMTNTGNANTPSATLASAASSTMTVTSGVAISTSVATANSTLTTASTSSSSSSNLNSGVSSNKLPS
FPPFGSMNSNAAGSMSTQANTVQSGQLGGQQTSALQTAGISGESSSLPTQPHPDVSESTMDRDKVGIPTDGDSHAVTYPP
AIVVYIIDPFTYENTDESTNSSSVWTLGLLRCFLEMVQTLPPHIKSTVSVQIIPCQYLLQPVKHEDREIYPQHLKSLAFS
AFTQCRRPLPTSTNVKTLTGFGPGLAMETALRSPDRPECIRLYAPPFILAPVKDKQTELGETFGEAGQKYNVLFVGYCLS
HDQRWILASCTDLYGELLETCIINIDVPNRARRKKSSARKFGLQKLWEWCLGLVQMSSLPWRVVIGRLGRIGHGELKDWS
CLLSRRNLQSLSKRLKDMCRMCGISAADSPSILSACLVAMEPQGSFVIMPDSVSTGSVFGRSTTLNMQTSQLNTPQDTSC
THILVFPTSASVQVASATYTTENLDLAFNPNNDGADGMGIFDLLDTGDDLDPDIINILPASPTGSPVHSPGSHYPHGGDA
GKGQSTDRLLSTEPHEEVPNILQQPLALGYFVSTAKAGPLPDWFWSACPQAQYQCPLFLKASLHLHVPSVQSDELLHSKH
SHPLDSNQTSDVLRFVLEQYNALSWLTCDPATQDRRSCLPIHFVVLNQLYNFIMNML

MED13_2 (内部の228 aa欠損(429-657 aa)) (SEQ ID NO: 106)
MSASFVPNGASLEDCHCNLFCLADLTGIKWKKYVWQGPTSAPILFPVTEEDPILSSFSRCLKADVLGVWRRDQRPGRREL
WIFWWGEDPVLLTLFTMTYQKKKMECGRMDFPMNAVLCFSKAVHNLLERCLMNRNFVRIGKWFVKPYEKDEKPINKSEHL
SCSFTFFLHGDSNVCTSVEINQHQPVYLLSEEHITLAQQSNSPFQVILCPFGLNGTLTGQAFKMSDSATKKLIGEWKQFY
PISCCLKEMSEEKQEDMDWEDDSLAAVEVLVAGVRMIYPACFVLVPQSDIPTPSPVGSTHCSSSCLGVHQVPASTRDPAM
SSVTLTPPTSPEEVQTVDPQSVQKWVKFSSVSDGFNSDSTSHHGGKIPRKLANHVVDRVWQECNMNRAQNKKKYSASSGG
LCEEEATAAKVASWDFVEATQRTNCSCLRLMVQCKKPLKVSDELVQQYQIKNQCLSAIASDAEQEPKIDPYAFVEGDEEFL
FPDKKDRQNSEREAGKKHKVEDGTSSVTVLSHEEDAMSLFSPSIKQDAPRPTSHARPPSTSLIYDSDLAVSYTDLDNLFN
SDEDELTPGSKKSANGSDDKASCKESKTGNLDPLSCISTADLHKMYPTPPSLEQHIMGFSPMNMNNKEYGSMDTTPGGTV
LEGNSSSIGAQFKIEVDEGFCSPKPSEIKDFSYVYKPENCQILVGCSMFAPLKTLPSQYLPLIKLPEECIYRQSWTVGKL
ELLSSGPSMPFIKEGDGSNMDQEYGTAYTPQTHTSCGMPPSSAPPSNSGAGILPSPSTPRFPTPRTPRTPRTPRGAGGPA
SAQGSVKYENSDLYSPASTPSTCRPLNSVEPATVPSIPEAHSLYVNLILSESVMNLFKDCNSDSCCICVCNMNIKGADVG
VYIPDPTQEAQYRCTCGFSAVMNRKFGNNSGLFLEDELDIIGRNTDCGKEAEKRFEALRATSAEHVNGGLKESEKLSDDL
ILLLQDQCTNLFSPFGAADQDPFPKSGVISNWVRVEERDCCNDCYLALEHGRQFMDNMSGGKVDEALVKSSCLHPWSKRN
DVSMQCSQDILRMLLSLQPVLQDAIQKKRTVRPWGVQGPLTWQQFHKMAGRGSYGTDESPEPLPIPTFLLGYDYDYLVLS
PFALPYWERLMLEPYGSQRDIAYVVLCPENEALLNGAKSFFRDLTAIYESCRLGQHRPVSRLLTDGIMRVGSTASKKLSE
KLVAEWFSQAADGNNEAFSKLKLYAQVCRYDLGPYLASLPLDSSLLSQPNLVAPTSQSLITPPQMTNTGNANTPSATLAS
AASSTMTVTSGVAISTSVATANSTLTTASTSSSSSSNLNSGVSSNKLPSFPPFGSMNSNAAGSMSTQANTVQSGQLGGQQ
TSALQTAGISGESSSLPTQPHPDVSESTMDRDKVGIPTDGDSHAVTYPPAIVVYIIDPFTYENTDESTNSSSVWTLGLLR
CFLEMVQTLPPHIKSTVSVQIIPCQYLLQPVKHEDREIYPQHLKSLAFSAFTQCRRPLPTSTNVKTLTGFGPGLAMETAL
RSPDRPECIRLYAPPFILAPVKDKQTELGETFGEAGQKYNVLFVGYCLSHDQRWILASCTDLYGELLETCIINIDVPNRA
RRKKSSARKFGLQKLWEWCLGLVQMSSLPWRVVIGRLGRIGHGELKDWSCLLSRRNLQSLSKRLKDMCRMCGISAADSPS
ILSACLVAMEPQGSFVIMPDSVSTGSVFGRSTTLNMQTSQLNTPQDTSCTHILVFPTSASVQVASATYTTENLDLAFNPN
NDGADGMGIFDLLDTGDDLDPDIINILPASPTGSPVHSPGSHYPHGGDAGKGQSTDRLLSTEPHEEVPNILQQPLALGYF
VSTAKAGPLPDWFWSACPQAQYQCPLFLKASLHLHVPSVQSDELLHSKHSHPLDSNQTSDVLRFVLEQYNALSWLTCDPA
TQDRRSCLPIHFVVLNQLYNFIMNML

MED14 (ID: O60244)

MED14_1 (BQ325013; 内部の44 aa欠損(1045-1089 aa)) (SEQ ID NO: 107)
MAPVQLENHQLVPPGGGGGGSGGPPSAPAPPPPGAAVAAAAAAAASPGYRLSTLIEFLLHRAYSELMVLTDLLPRKSDVE
RKIEIVQFASRTRQLFVRLLALVKWANNAGKVEKCAMISSFLDQQAILFVDTADRLASLARDALVHARLPSFAIPYAIDV
LTTGSYPRLPTCIRDKIIPPDPITKIEKQATLHQLNQILRHRLVTTDLPPQLANLTVANGRVKFRVEGEFEATLTVMGDD
PDVPWRLLKLEILVEDKETGDGRALVHSMQISFIHQLVQSRLFADEKPLQDMYNCLHSFCLSLQLEVLHSQTLMLIRERW
GDLVQVERYHAGKCLSLSVWNQQVLGRKTGTASVHKVTIKIDENDVSKPLQIFHDPPLPASDSKLVERAMKIDHLSIEKL
LIDSVHARAHQKLQELKAILRGFNANENSSIETALPALVVPILEPCGNSECLHIFVDLHSGMFQLMLYGLDQATLDDMEK

SVNDDMKRIIPWIQQLKFWLGQQRCKQSIKHLPTISSETLQLSNYSTHPIGNLSKNKLFIKLTRLPQYYIVVEMLEVPNK
PTQLSYKYYFMSVNAADREDSPAMALLLQQFKENIQDLVFRTKTGKQTRTNAKRKLSDDPCPVESKKTKRAGEMCAFNKV
LAHFVAMCDTNMPFVGLRLELSNLEIPHQGVQVEGDGFSHAIRLLKIPPCKGITEETQKALDRSLLDCTFRLQGRNNRTW
VAELVFANCPLNGTSTREQGPSRHVYLTYENLLSEPVGGRKVVEMFLNDWNSIARLYECVLEFARSLPDIPAHLNIFSEV
RVYNYRKLILCYGTTKGSSISIQWNSIHQKFHISLGTVGPNSGCSNCHNTILHQLQEMFNKTPNVVQLLQVLFDTQAPLN
AINKLPTVPMLGLTQRTNTAYQCFSILPQSSTHIRLAFRNMYCIDIYCRSRGVVAIRDGAYSLFDNSKLVEGFYPAPGLK
TFLNMFVDSNQDARRRSVNEDDNPPSPIGGDMMDSLISQLQPPPQQQPFPKQPGTSGAYPLTSPPTSYHSTVNQSPSMMH
TQSPGTLDPSSPYTMVSPSGRAGNWPGSPQVSGPSPAARMPGMSPANPSLHSPVPDASHSPRAGTSSQTMPTNMPPPRKL
PQRSWAASIPTILTHSALNILLLPSPTPGLVPGLAGSYLCSPLERFLGSVIMRRHLQRIIQQETLQLINSNEPGVIMFKT
DALKCRVALSPKTNQTLQLKLTPENAGQWKPDELQVLEKFFETRVAGPPFKANTLIAFTKLLGAPTHILRDCVHIMKLEL
FPDQATQLKWNVQFCLTIPPSAPPIAPPGTPAVVLKSKMLFFLQLTQKTSVPPQEPVSIIVPIIYDMASGTTQQADIPRQ
QNSSVAAPMMVSNILKRFAEMNPPRQGECTIFAAVRDLMANLTLPPVGRP

MED14_2 (CN282118; 116 aa短いN末端) (SEQ ID NO: 108)
MISSFLDQQAILFVDTADRLASLARDALVHARLPSFAIPYAIDVLTTGSYPRLPTCIRDKIIPPDPITKIEKQATLHQLN
QILRHRLVTTDLPPQLANLTVANGRVKFRVEGEFEATLTVMGDDPDVPWRLLKLEILVEDKETGDGRALVHSMQISFIHQ
LVQSRLFADEKPLQDMYNCLHSFCLSLQLEVLHSQTLMLIRERWGDLVQVERYHAGKCLSLSVWNQQVLGRKTGTASVHK
VTIKIDENDVSKPLQIFHDPPLPASDSKLVERAMKIDHLSIEKLLIDSVHARAHQKLQELKAILRGFNANENSSIETALP
ALVVPILEPCGNSECLHIFVDLHSGMFQLMLYGLDQATLDDMEKSVNDDMKRIIPWIQQLKFWLGQQRCKQSIKHLPTIS
SETLQLSNYSTHPIGNLSKNKLFIKLTRLPQYYIVVEMLEVPNKPTQLSYKYYFMSVNAADREDSPAMALLLQQFKENIQ
DLVFRTKTGKQTRTNAKRKLSDDPCPVESKKTKRAGEMCAFNKVLAHFVAMCDTNMPFVGLRLELSNLEIPHQGVQVEGD
GFSHAIRLLKIPPCKGITEETQKALDRSLLDCTFRLQGRNNRTWVAELVFANCPLNGTSTREQGPSRHVYLTYENLLSEP
VGGRKVVEMFLNDWNSIARLYECVLEFARSLPDIPAHLNIFSEVRVYNYRKLILCYGTTKGSSISIQWNSIHQKFHISLG
TVGPNSGCSNCHNTILHQLQEMFNKTPNVVQLLQVLFDTQAPLNAINKLPTVPMLGLTQRTNTAYQCFSILPQSSTHIRL
AFRNMYCIDIYCRSRGVVAIRDGAYSLFDNSKLVEGFYPAPGLKTFLNMFVDSNQDARRRSVNEDDNPPSPIGGDMMDSL
ISQLQPPPQQQPFPKQPGTSGAYPLTSPPTSYHSTVNQSPSMMHTQSPGNLHAASSPSGALRAPSPASFVPTPPPSSHGI
SIGPGASFASPHGTLDPSSPYTMVSPSGRAGNWPGSPQVSGPSPAARMPGMSPANPSLHSPVPDASHSPRAGTSSQTMPT
NMPPPRKLPQRSWAASIPTILTHSALNILLLPSPTPGLVPGLAGSYLCSPLERFLGSVIMRRHLQRIIQQETLQLINSNE
PGVIMFKTDALKCRVALSPKTNQTLQLKLTPENAGQWKPDELQVLEKFFETRVAGPPFKANTLIAFTKLLGAPTHILRDC
VHIMKLELFPDQATQLKWNVQFCLTIPPSAPPIAPPGTPAVVLKSKMLFFLQLTQKTSVPPQEPVSIIVPIIYDMASGTT
QQADIPRQQNSSVAAPMMVSNILKRFAEMNPPRQGECTIFAAVRDLMANLTLPPVGRP

MED14_3 (AI436571; 短いタンパク質, 118 aa) (SEQ ID NO: 109)
MAPVQLENHQLVPPGGGGGGSGGPPSAPAPPPPGAAVAAAAAAAASPGYRLSTLIEFLLHRAYSELMVLTDLLPRKSDVE
RKIEIVQFASRTRQLFVRLLALVKWANNAGKVEKCAVS*

MED14_4 (BF196217; 1431 aaの後に異なるC末端) (SEQ ID NO: 110)
MAPVQLENHQLVPPGGGGGGSGGPPSAPAPPPPGAAVAAAAAAAASPGYRLSTLIEFLLHRAYSELMVLTDLLPRKSDVE
RKIEIVQFASRTRQLFVRLLALVKWANNAGKVEKCAMISSFLDQQAILFVDTADRLASLARDALVHARLPSFAIPYAIDV
LTTGSYPRLPTCIRDKIIPPDPITKIEKQATLHQLNQILRHRLVTTDLPPQLANLTVANGRVKFRVEGEFEATLTVMGDD
PDVPWRLLKLEILVEDKETGDGRALVHSMQISFIHQLVQSRLFADEKPLQDMYNCLHSFCLSLQLEVLHSQTLMLIRERW
GDLVQVERYHAGKCLSLSVWNQQVLGRKTGTASVHKVTIKIDENDVSKPLQIFHDPPLPASDSKLVERAMKIDHLSIEKL
LIDSVHARAHQKLQELKAILRGFNANENSSIETALPALVVPILEPCGNSECLHIFVDLHSGMFQLMLYGLDQATLDDMEK
SVNDDMKRIIPWIQQLKFWLGQQRCKQSIKHLPTISSETLQLSNYSTHPIGNLSKNKLFIKLTRLPQYYIVVEMLEVPNK
PTQLSYKYYFMSVNAADREDSPAMALLLQQFKENIQDLVFRTKTGKQTRTNAKRKLSDDPCPVESKKTKRAGEMCAFNKV
LAHFVAMCDTNMPFVGLRLELSNLEIPHQGVQVEGDGFSHAIRLLKIPPCKGITEETQKALDRSLLDCTFRLQGRNNRTW
VAELVFANCPLNGTSTREQGPSRHVYLTYENLLSEPVGGRKVVEMFLNDWNSIARLYECVLEFARSLPDIPAHLNIFSEV
RVYNYRKLILCYGTTKGSSISIQWNSIHQKFHISLGTVGPNSGCSNCHNTILHQLQEMFNKTPNVVQLLQVLFDTQAPLN
AINKLPTVPMLGLTQRTNTAYQCFSILPQSSTHIRLAFRNMYCIDIYCRSRGVVAIRDGAYSLFDNSKLVEGFYPAPGLK
TFLNMFVDSNQDARRRSVNEDDNPPSPIGGDMMDSLISQLQPPPQQQPFPKQPGTSGAYPLTSPPTSYHSTVNQSPSMMH

TQSPGNLHAASSPSGALRAPSPASFVPTPPPSSHGISIGPGASFASPHGTLDPSSPYTMVSPSGRAGNWPGSPQVSGPSP
AARMPGMSPANPSLHSPVPDASHSPRAGTSSQTMPTNMPPPRKLPQRSWAASIPTILTHSALNILLLPSPTPGLVPGLAG
SYLCSPLERFLGSVIMRRHLQRIIQQETLQLINSNEPGVIMFKTDALKCRVALSPKTNQTLQLKLTPENAGQWKPDELQV
LEKFFETRVAGPPFKANTLIAFTKLLGAPTHILRDCVHIMKLELFPDQATQLKWNVQFCLTIPPSAPPIAPPGTPAVVLK
SKMLFFLQLTQKTSVPPQEPVSIIVPIIYDMASGTTQQADIPRQQNSSVAAPMMVSNILKRFAEMNPPRQGSIKGTGCPS
DFL*

MED15 (ID: Q96RN5)

MED15_1 (CB156495; 26 aa短いN末端) (SEQ ID NO: 111)
MRKAGVAHSKSSKDMESHVFLKAKTRDEYLSLVARLIIHFRDIHNKKSQASVSDPMNALQSLTGGPAAGAAGIGMPPRGP
GQSLGGMGSLGAMGQPMSLSGQPPPGTSGMAPHSMAVVSTATPQTQLQLQQVALQQQQQQQQFQQQQQAALQQQQQQQQQ
QQFQAQQSAMQQQFQAVVQQQQQLQQQQQQQQHLIKLHHQNQQQIQQQQQQLQRIAQLQLQQQQQQQQQQQQQQQQQALQA
QPPIQQPPMQQPQPPPSQALPQQLQQMHHTQHHQPPPQPQQPPVAQNQPSQLPPQSQTQPLVSQAQALPGQMLYTQPPLK
FVRAPMVVQQPPVQPQVQQQQTAVQTAQAAQMVAPGVQMITEALAQGGMHIRARFPPTTAVSAIPSSSIPLGRQPMAQVS
QSSLPMLSSPSPGQQVQTPQSMPPPPQPSPQPGQPSSQPNSNVSSGPAPSPSSFLPSPSPQPSQSPVTARTPQNFSVPSP
GPLNTPVNPSSVMSPAGSSQAEEQQYLDKLKQLSKYIEPLRRMINKIDKNEDRKKDLSKMKSLLDILTDPSKRCPLKTLQ
KCEIALEKLKNDMAVPTPPPPPVPPTKQQYLCQPLLDAVLANIRSPVFNHSLYRTFVPAMTAIHGPPITAPVVCTRKRRL
EDDERQSIPSVLQGEVARLDPKFLVNLDPSHCSNNGTVHLICKLDDKDLPSVPPLELSVPADYPAQSPLWIDRQWQYDAN
PFLQSVHRCMTSRLLQLPDKHSVTALLNTWAQSVHQACLSAA

MED15_2 (CN336649; 内部の82 aa欠損(71-152 aa)) (SEQ ID NO: 112)
MDVSGQETDWRSTAFRQKLVSQIEDAMRKAGVAHSKSSKDMESHVFLKAKTRDEYLSLVARLIIHFRDIPQLQLQQVALQ
QQQQQQQFQQQQQAALQQQQQQQQQQQFQAQQSAMQQQFQAVVQQQQQLQQQQQQQQHLIKLHHQNQQQIQQQQQQLQRI
AQLQLQQQQQQQQQQQQQQQQQALQAQPPIQQPPMQQPQPPPSQALPQQLQQMHHTQHHQPPPQPQQPPVAQNQPSQLPPQ
SQTQPLVSQAQALPGQMLYTQPPLKFVRAPMVVQQPPVQPQVQQQQTAVQTAQAAQMVAPGVQVSQSSLPMLSSPSPGQQ
VQTPQSMPPPPQPSPQPGQPSSQPNSNVSSGPAPSPSSFLPSPSPQPSQSPVTARTPQNFSVPSPGPLNTPVNPSSVMSP
AGSSQAEEQQYLDKLKQLSKYIEPLRRMINKIDKNEDRKKDLSKMKSLLDILTDPSKRCPLKTLQKCEIALEKLKNDMAV
PTPPPPPVPPTKQQYLCQPLLDAVLANIRSPVFNHSLYRTFVPAMTAIHGPPITAPVVCTRKRRLEDDERQSIPSVLQGE
VARLDPKFLVNLDPSHCSNNGTVHLICKLDDKDLPSVPPLELSVPADYPAQSPLWIDRQWQYDANPFLQSVHRCMTSRLL
QLPDKHSVTALLNTWAQSVHQACLSAA

MED15_3 (BF983466; 670 aaの後に異なるC末端) (SEQ ID NO: 113)
MDVSGQETDWRSTAFRQKLVSQIEDAMRKAGVAHSKSSKDMESHVFLKAKTRDEYLSLVARLIIHFRDIHNKKSQASVSD
PMNALQSLTGGPAAGAAGIGMPPRGPGQSLGGMGSLGAMGQPMSLSGQPPPGTSGMAPHSMAVVSTATPQTQLQLQQVAL
QQQQQQQQFQQQQQAALQQQQQQQQQQQFQAQQSAMQQQFQAVVQQQQQLQQQQQQQQHLIKLHHQNQQQIQQQQQQLQR
IAQLQLQQQQQQQQQQQQQQQQALQAQPPIQQPPMQQPQPPPSQALPQQLQQMHHTQHHQPPPQPQQPPVAQNQPSQLPP
QSQTQPLVSQAQALPGQMLYTQPPLKFVRAPMVVQQPPVQPQVQQQQTAVQTAQAAQMVAPGVQMITEALAQGGMHIRAR
FPPTTAVSAIPSSSIPLGRQPMAQVSQSSLPMLSSPSPGQQVQTPQSMPPPPQPSPQPGQPSSQPNSNVSSGPAPSPSSF
LPSPSPQPSQSPVTARTPQNFSVPSPGPLNTPVNPSSVMSPAGSSQAEEQQYLDKLKQLSKYIEPLRRMINKIDKNEDRK
KDLSKMKSLLDILTDPSKRCPLKTLQKCEIALEKLKNDMAVPTPPPPPVPPTKQQYLCQPLLDAVLANIRSPVFNHSLYR
TFVPAMTAIHGPPITAPVVCTRKRRLEDDERQSIPSVLQGEVARLDPKFLVNLDPSHCSNNGTVHLICKLGECPEGRDWC
GKAGPDRSPRTLPSKPDGTAPRTHPVFTPRQAVCSILTHTGLQTAWPCLSPHCQSPHTLTSPTQMWLCLPGP*

MED15_4 (694 aaのタンパク質, 656 aaの後に異なるC末端) (SEQ ID NO: 114)
MDVSGQETDWRSTAFRQKLVSQIEDAMRKAGVAHSKSSKDMESHVFLKAKTRDEYLSLVARLIIHFRDIHNKKSQASVSD
PMNALQSLTGGPAAGAAGIGMPPRGPGQSLGGMGSLGAMGQPMSLSGQPPPGTSGMAPHSMAVVSTATPQTQLQLQQVAL
QQQQQQQQFQQQQQAALQQQQQQQQQQQFQAQQSAMQQQFQAVVQQQQQLQQQQQQQQHLIKLHHQNQQQIQQQQQQLQR
IAQLQLQQQQQQQQQQQQQQQQALQAQPPIQQPPMQQPQPPPSQALPQQLQQMHHTQHHQPPPQPQQPPVAQNQPSQLPP
QSQTQPLVSQAQALPGQMLYTQPPLKFVRAPMVVQQPPVQPQVQQQQTAVQTAQAAQMVAPGVQMITEALAQGGMHIRAR

FPPTTAVSAIPSSSIPLGRQPMAQVSQSSLPMLSSPSPGQQVQTPQSMPPPPQPSPQPGQPSSQPNSNVSSGPAPSPSSF
LPSPSPQPSQSPVTARTPQNFSVPSPGPLNTPVNPSSVMSPAGSSQAEEQQYLDKLKQLSKYIEPLRRMINKIDKNEDRK
KDLSKMKSLLDILTDPSKRCPLKTLQKCEIALEKLKNDMAVPTPPPPPVPPTKQQYLCQPLLDAVLANIRSPVFNHSLYR
TFVPAMTAIHGPPITYVQLGWALRRAASPGPRVPGVVTMPPPQGPSGVHPEAQA*

MED15_5 (106 aa欠損(198-304 aa)) (SEQ ID NO: 115)
MDVSGQETDWRSTAFRQKLVSQIEDAMRKAGVAHSKSSKDMESHVFLKAKTRDEYLSLVARLIIHFRDIHNKKSQASVSD
PMNALQSLTGGPAAGAAGIGMPPRGPGQSLGGMGSLGAMGQPMSLSGQPPPGTSGMAPHSMAVVSTATPQTQLQLQQVAL
QQQQQQQQFQQQQQAALQQQQQQQQQQQFQAQQSAMQQPQQPPVAQNQPSQLPPQSQTQPLVSQAQALPGQMLYTQPPLK
FVRAPMVVQQPPVQPQVQQQQTAVQTAQAAQMVAPGVQMITEALAQGGMHIRARFPPTTAVSAIPSSSIPLGRQPMAQVS
QSSLPMLSSPSPGQQVQTPQSMPPPPQPSPQPGQPSSQPNSNVSSGPAPSPSSFLPSPSPQPSQSPVTARTPQNFSVPSP
GPLNTPVNPSSVMSPAGSSQAEEQQYLDKLKQLSKYIEPLRRMINKIDKNEDRKKDLSKMKSLLDILTDPSKRCPLKTLQ
KCEIALEKLKNDMAVPTPPPPPVPPTKQQYLCQPLLDAVLANIRSPVFNHSLYRTFVPAMTAIHGPPITAPVVCTRKRRL
EDDERQSIPSVLQGEVARLDPKFLVNLDPSHCSNNGTVHLICKLDDKDLPSVPPLELSVPADYPAQSPLWIDRQWQYDAN
PFLQSVHRCMTSRLLQLPDKHSVTALLNTWAQSVHQACLSAA

MED16 (ID: Q9Y2X0) - Anri

MED16_1 (内部の778 aa欠損(5-783 aa)) (SEQ ID NO: 116)
MCDLRRLHLGACPTEECKACTRCGCVTMLKSPNRTTAVKQWEQRWIKNCLAVEGRGPDACVTSRASEEAPAFVQLGPQST
HHSPRTPRSLDHLHPEDRP

MED16_2 (内部の640 aa欠損(146-786 aa)) (SEQ ID NO: 117)
MCDLRRPAAGGMMDLAYVCEWEKWSKSTHCPSVPLACAWSCRNLIAFTMDLRSDDQDLTRMIHILDTEHPWDLHSIPSEH
HEAITCLEWDQSGSRLLSADADGQIKCWSMADHLANSWESSVGSLVEGDPIVALSWLHNGVKLALHLGACPTEECKACTR
CGCVTMLKSPNRTTAVKQWEQRWIKNCLAVEGRGPDACVTSRASEEAPAFVQLGPQSTHHSPRTPRSLDHLHPEDRP

MED16_3 (509 aa欠損(44-553 aa)) (SEQ ID NO: 118)
MCDLRRPAAGGMMDLAYVCEWEKWSKSTHCPSVPLACAWSCRNLIAISSTLKSLLRPHFLNTPDKSPGDRLTEICTKITD
VDIDKVMINLKTEEFVLDMNTLQALQQLLQWVGDFVLYLLASLPNQGSLLRPGHSFLRDGTSLGMLRELMVVIRIWGLLK
PSCLPVYTATSDTQDSMSLLFRLLTKLWICCRDEGPASEPDEALVDECCLLPSQLLIPSLDWLPASDGLVSRLQPKQPLR
LQFGRAPTLPGSAATLQLDGLARAPGQPKIDHLRRLHLGACPTEECKACTRCGCVTMLKSPNRTTAVKQWEQRWIKNCLA
VEGRGPDACVTSRASEEAPAFVQLGPQSTHHSPRTPRSLDHLHPEDRP

MED16_4 (239 aa欠損(143-382 aa)) (SEQ ID NO: 119)
MCDLRRPAAGGMMDLAYVCEWEKWSKSTHCPSVPLACAWSCRNLIAFTMDLRSDDQDLTRMIHILDTEHPWDLHSIPSEH
HEAITCLEWDQSGSRLLSADADGQIKCWSMADHLANSWESSVGSLVEGDPIVALSWLHNGVKLALAFHDGSVHIVHRLSL
QTMAVFYSSAAPRPVDEPAMKRPRTAGPAVHLKAMQLSWTSLALVGIDSHGKLSVLRLSPSMGHPLEVGLALRHLLFLLE
YCMVTGYDWWDILLHVQPSMVQSLVEKLHEEYTRQTAALQQVLSTRILAMKASLCKLSPCTVTRVCDYHTKLFLIAISST
LKSLLRPHFLNTPDKSPGDRLTEICTKITDVDIDKVMINLKTEEFVLDMNTLQALQQLLQWVGDFVLYLLASLPNQGSLL
RPGHSFLRDGTSLGMLRELMVVIRIWGLLKPSCLPVYTATSDTQDSMSLLFRLLTKLWICCRDEGPASEPDEALVDECCL
LPSQLLIPSLDWLPASDGLVSRLQPKQPLRLQFGRAPTLPGSAATLQLDGLARAPGQPKIDHLRRLHLGACPTEECKACT
RCGCVTMLKSPNRTTAVKQWEQRWIKNCLAVEGRGPDACVTSRASEEAPAFVQLGPQSTHHSPRTPRSLDHLHPEDRP

MED16_5 (595 aa短いN末端) (SEQ ID NO: 120)
MINLKTEEFVLDMNTLQALQQLLQWVGDFVLYLLASLPNQGSLLRPGHSFLRDGTSLGMLRELMVVIRIWGLLKPSCLPV
YTATSDTQDSMSLLFRLLTKLWICCRDEGPASEPDEALVDECCLLPSQLLIPSLDWLPASDGLVSRLQPKQPLRLQFGRA
PTLPGSAATLQLDGLARAPGQPKIDHLRRLHLGACPTEECKACTRCGCVTMLKSPNRTTAVKQWEQRWIKNCLAVEGRGP
DACVTSRASEEAPAFVQLGPQSTHHSPRTPRSLDHLHPEDRP

MED16_6 (147 aa, 114 aaの後に異なる配列) (SEQ ID NO: 121)
MCDLRRPAAGGMMDLAYVCEWEKWSKSTHCPSVPLACAWSCRNLIAFTMDLRSDDQDLTRMIHILDTEHPWDLHSIPSEH
HEAITCLEWDQSGSRLLSADADGQIKCWSMADHPAAARATARPGLSSARLTSARPAGLLKAVGRTPA*

MED16_7 (469 aa欠損(17-486 aa)) (SEQ ID NO: 122)
MCDLRRPAAGGMMDLAYDWWDILLHVQPSMVQSLVEKLHEEYTRQTAALQQVLSTRILAMKASLCKLSPCTVTRVCDYHT
KLFLIAISSTLKSLLRPHFLNTPDKSPGDRLTEICTKITDVDIDKVMINLKTEEFVLDMNTLQALQQLLQWVGDFVLYLL
ASLPNQGSLLRPGHSFLRDGTSLGMLRELMVVIRIWGLLKPSCLPVYTATSDTQDSMSLLFRLLTKLWICCRDEGPASEP
DEALVDECCLLPSQLLIPSLDWLPASDGLVSRLQPKQPLRLQFGRAPTLPGSAATLQLDGLARAPGQPKIDHLRRLHLGA
CPTEECKACTRCGCVTMLKSPNRTTAVKQWEQRWIKNCLAVEGRGPDACVTSRASEEAPAFVQLGPQSTHHSPRTPRSLD
HLHPEDRP*

MED16_8 (512 aa欠損(51-563 aa)) (SEQ ID NO: 123)
MCDLRRPAAGGMMDLAYVCEWEKWSKSTHCPSVPLACAWSCRNLIAFTMDLLRPHFLNTPDKSPGDRLTEICTKITDVDI
DKVMINLKTEEFVLDMNTLQALQQLLQWVGDFVLYLLASLPNQGSLLRPGHSFLRDGTSLGMLRELMVVIRIWGLLKPSC
LPVYTATSDTQDSMSLLFRLLTKLWICCRDEGPASEPDEALVDECCLLPSQLLIPSLDWLPASDGLVSRLQPKQPLRLQF
GRAPTLPGSAATLQLDGLARAPGQPKIDHLRRLHLGACPTEECKACTRCGCVTMLKSPNRTTAVKQWEQRWIKNCLAVEG
RGPDACVTSRASEEAPAFVQLGPQSTHHSPRTPRSLDHLHPEDRP

MED16_9 (380 aa欠損(78-458 aa)) (SEQ ID NO: 124)
MCDLRRPAAGGMMDLAYVCEWEKWSKSTHCPSVPLACAWSCRNLIAFTMDLRSDDQDLTRMIHILDTEHPWDLHSIPSPS
MGHPLEVGLALRHLLFLLEYCMVTGYDWWDILLHVQPSMVQSLVEKLHEEYTRQTAALQQVLSTRILAMKASLCKLSPCT
VTRVCDYHTKLFLIAISSTLKSLLRPHFLNTPDKSPGDRLTEICTKITDVDIDKVMINLKTEEFVLDMNTLQALQQLLQW
VGDFVLYLLASLPNQGSLLRPGHSFLRDGTSLGMLRELMVVIRIWGLLKPSCLPVYTATSDTQDSMSLLFRLLTKLWICC
RDEGPASEPDEALVDECCLLPSQLLIPSLDWLPASDGLVSRLQPKQPLRLQFGRAPTLPGSAATLQLDGLARAPGQPKID
HLRRLHLGACPTEECKACTRCGCVTMLKSPNRTTAVKQWEQRWIKNCLAVEGRGPDACVTSRASEEAPAFVQLGPQSTHH
SPRTPRSLDHLHPEDRP

MED16_10 (内部の69 aa欠損(452-521 aa)) (SEQ ID NO: 125)
MCDLRRPAAGGMMDLAYVCEWEKWSKSTHCPSVPLACAWSCRNLIAFTMDLRSDDQDLTRMIHILDTEHPWDLHSIPSEH
HEAITCLEWDQSGSRLLSADADGQIKCWSMADHLANSWESSVGSLVEGDPIVALSWLHNGVKLALHVEKSGASSFGEKFS
RVKFSPSLTLFGGKPMEGWIAVTVSGLVTVSLLKPSGQVLTSTESLCRLRGRVALADIAFTGGGNIVVATADGSSASPVQ
FYKVCVSVVSEKCRIDTEILPSLFMRCTTDLNRKDKFPAITHLKFLARDMSEQVLLCASSQTSSIVECWSLRKEGLPVNN
IFQQISPVVGDKQPTILKWRILSATNDLDRVSAVALPKLPISLTNTDLKVASDTQFYPGLGLALAFHDGSVHIVHRLSLQ
TMAVFYSSAAPRPVDEPAMKRPRTAGPAVHLKAMQLSWTSLALVGIDSHGKVLSTRILAMKASLCKLSPCTVTRVCDYHT
KLFLIAISSTLKSLLRPHFLNTPDKSPGDRLTEICTKITDVDIDKVMINLKTEEFVLDMNTLQALQQLLQWVGDFVLYLL
ASLPNQGSLLRPGHSFLRDGTSLGMLRELMVVIRIWGLLKPSCLPVYTATSDTQDSMSLLFRLLTKLWICCRDEGPASEP
DEALVDECCLLPSQLLIPSLDWLPASDGLVSRLQPKQPLRLQFGRAPTLPGSAATLQLDGLARAPGQPKIDHLRRLHLGA
CPTEECKACTRCGCVTMLKSPNRTTAVKQWEQRWIKNCLAVEGRGPDACVTSRASEEAPAFVQLGPQSTHHSPRTPRSLD
HLHPEDRP

MED16_11 (内部の412 aa欠損(149-561 aa)) (SEQ ID NO: 126)
MCDLRRPAAGGMMDLAYVCEWEKWSKSTHCPSVPLACAWSCRNLIAFTMDLRSDDQDLTRMIHILDTEHPWDLHSIPSEH
HEAITCLEWDQSGSRLLSADADGQIKCWSMADHLANSWESSVGSLVEGDPIVALSWLHNGVKLALHVEKSLLRPHFLNTP
DKSPGDRLTEICTKITDVDIDKVMINLKTEEFVLDMNTLQALQQLLQWVGDFVLYLLASLPNQGSLLRPGHSFLRDGTSL
GMLRELMVVIRIWGLLKPSCLPVYTATSDTQDSMSLLFRLLTKLWICCRDEGPASEPDEALVDECCLLPSQLLIPSLDWL
PASDGLVSRLQPKQPLRLQFGRAPTLPGSAATLQLDGLARAPGQPKIDHLRRLHLGACPTEECKACTRCGCVTMLKSPNR
RTTAVKQWEQRWIKNCLAVEGRGPDACVTSRASEEAPAFVQLGPQSTHHSPRTPRSLDHLHPEDRP

MED16_12 (528 aa短いN末端) (SEQ ID NO: 127)

MKASLCKLSPCTVTRVCDYHTKLFLIAISSTLKSLLRPHFLNTPDKSPGDRLTEICTKITDVDIDKVMINLKTEEFVLDM
NTLQALQQLLQWVGDFVLYLLASLPNQGSLLRPGHSFLRDGTSLGMLRELMVVIRIWGLLKPSCLPVYTATSDTQDSMSL
LFRLLTKLWICCRDEGPASEPDEALVDECCLLPSQLLIPSLDWLPASDGLVSRLQPKQPLRLQFGRAPTLPGSAATLQLD
GLARAPGQPKIDHLRRLHLGACPTEECKACTRCGCVTMLKSPNRTTAVKQWEQRWIKNCLAVEGRGPDACVTSRASEEAP
AFVQLGPQSTHHSPRTPRSLDHLHPEDRP

MED16_13 (内部の369 aa欠損(14-383 aa)) (SEQ ID NO: 128)
MCDLRRPAAGGMMALAFHDGSVHIVHRLSLQTMAVFYSSAAPRPVDEPAMKRPRTAGPAVHLKAMQLSWTSLALVGIDSH
GKLSVLRLSPSMGHPLEVGLALRHLLFLLEYCMVTGYDWWDILLHVQPSMVQSLVEKLHEEYTRQTAALQQVLSTRILAM
KASLCKLSPCTVTRVCDYHTKLFLIAISSTLKSLLRPHFLNTPDKSPGDRLTEICTKITDVDIDKVMINLKTEEFVLDMN
TLQALQQLLQWVGDFVLYLLASLPNQGSLLRPGHSFLRDGTSLGMLRELMVVIRIWGLLKPSCLPVYTATSDTQDSMSLL
FRLLTKLWICCRDEGPASEPDEALVDECCLLPSQLLIPSLDWLPASDGLVSRLQPKQPLRLQFGRAPTLPGSAATLQLDG
LARAPGQPKIDHLRRLHLGACPTEECKACTRCGCVTMLKSPNRTTAVKQWEQRWIKNCLAVEGRGPDACVTSRASEEAPA
FVQLGPQSTHHSPRTPRSLDHLHPEDRP

MED17 (ID: Q9NVC6)

MED17_1 (505 aa; 382 aaの後に異なる配列) (SEQ ID NO: 129)
MSGVRAVRISIESACEKQVHEVGLDGTETYLPPLSMSQNLARLAQRIDFSQGSGSEEEEAAGTEGDAQEWPGAGSSADQD
DEEGVVKFQPSLWPWDSVRNNLRSALTEMCVLYDVLSIVRDKKFMTLDPVSQDALPPKQNPQTLQLISKKKSLAGAAQIL
LKGAERLTKSVTENQENKLQRDFNSELLRLRQHWKLRKVGDKILGDLSYRSAGSLFPHHGTFEVIKNTDLDLDKKIPEDY
CPLDVQIPSDLEGSAYIKVSIQKQAPDIGDLGTVNLFKRPLPKSKPGSPHWQTKLEAAQNVLLCKEIFAQLSREAVQIKS
QVPHIVVKNQIISQPFPSLQLSISLCHSSNDKKSQKFATEKQCPEDHLYVLEHNLHLLIREFVMDLKVAARLWFSFLVTN
VKTFQKVMFYKITNGVIFVGHSKKFSGIKWKVEILFIKWSCLCLHLALVYYDFFQMFPKEVSRNFDLKCLQINYKHKEEI
TSKRVLFLKIIIRKCLFSTFKLFTL*

MED19 (ID: Q8IV02)

MED19_1 (AY148462; 50 aa長いC末端) (SEQ ID NO: 130)
MRELPGSTELTGSTNLITHYNLEQAYNKFCGKKVKEKLSNFLPDLPGMIDLPGSHDNSSLRSLIEKPPILSSSFNPITGT
MLAGFRLHTGPLPEQCRLMHIQPPKKKNKHKHKQSRTQDPVPPETPSDSDHKKKKKKKEEDPERKRKKKEKKKKKNRHSP
DHPGMGSSQASSSSSLR*

MED19_2 (BM926711; 18 aa長いC末端) (SEQ ID NO: 131)
MENFTALFGAQADPPPPPTALGFGPGKPPPPPPPPAGGGPGTAPPPTAATAPPGADKSGAGCGPFYLMRELPGSTELTGS
TNLITHYNLEQAYNKFCGKKVKEKLSNFLPDLPGMIDLPGSHDNSSLRSLIEKPPILSSSFNPITGTMLAGFRLHTGPLP
EQCRLMHIQPPKKKNKHKHKQSRTQDPVPPGKKQFYSKQKKKKKKKNLTF*

MED19_3 (CB990038; 158 aaの後に異なるC末端) (SEQ ID NO: 132)
MENFTALFGAQADPPPPPTALGFGPGKPPPPPPPPAGGGPGTAPPPTAATAPPGADKSGAGCGPFYLMRELPGSTELTGS
TNLITHYNLEQAYNKFCGKKVKEKLSNFLPDLPGMIDLPGSHDNSSLRSLIEKPPILSSSFNPITGTMLAGFRLHTGPVS
PVGGRRQMGRPKHGDGFSLQVCSFIMEQNG*

MED20 (ID: Q9H944)

MED20_1 (8 aa短いN末端) (SEQ ID NO: 133)
MPVAEGKSVQQTVELLTRKLEMLGAEKQGTFCVDCETYHTAASTLGSQGQTGKLMYVMHNSEYPLSCFALFENGPCLIAD
TNFDVLMVKLKGFFQSAKASKIETRGTRYQYCDFLVKVGTVTMGPSARGISVEVEYGPCVVASDCWSLLLEFLQSFLGSH
TPGAPAVFGNRHDAVYGPADTMVQYMELFNKIRKQQQVPVAGIR

MED20_2 (BX366933; より短いタンパク質, 145 aa) (SEQ ID NO: 134)
MGVTCVSQMPVAEGKSVQQTVELLTRKLEMLGAEKQGTFCVDCETYHTAASTLGSQGQTGKLMYVMHNSEYPLSCFALFE
NGPCLIADTNFDVLMVKLKGFFQSAKASKIETRGTRYQYCDFLVKVGTVTMGPSARGISVEVRPW*

MED21 (ID: Q13503)

MED21_1 (BP213142; より長いタンパク質 (159 aa), 135 aaの後に異なる配列) (SEQ ID NO: 135)
MADRLTQLQDAVNSLADQFCNAIGVLQQCGPPASFNNIQTAINKDQPANPTEEYAQLFAALIARTAKDIDVLIDSLPSEE
STAALQAASLYKLEEENHEAATCLEDVVYRGDMLLEKIQSALADIAQSQLKTRSGEVSVTQAEVQFCDHGSLQLHPGFR*

MED22 (ID: Q15528)

MED22_1 (DA228337; 53 aaのタンパク質, 41 aaの後に異なる配列) (SEQ ID NO: 136)
MAQQRALPQSKETLLQSYNKRLKDDIKSIMDNFTEIIKTAKVGVGWPTKGSRV*

MED23 (ID: Q9ULK4) - Anri

MED23_1 ()

MED24 (ID: O75448)

MED24_1 (AI815881; 188 aaの後、タンパク質配列の中央部に余剰の19 aa) (SEQ ID NO: 5)
MKVVNLKQAILQAWKERWSDYQWAINMKKFFPKGATWDILNLADALLEQAMIGPSPNPLILSYLKYAISSQMVSYSSVLT
AISKFDDFSRDLCVQALLDIMDMFCDRLSCHGKAEECIGLCRALLSALHWLLRCTAASAERLREGLEAGTPAAGEKQLAM
CLQRLEKTLSSTKNRALLHIAKLEEASLHTSQGLGQGGTRANQPTASWTAIEHSLLKLGEILANLSNPQLRSQAEQCGTL
IRSIPTMLSVHAEQMHKTGFPTVHAVILLEGTMNLTGETQSLVEQLTMVKRMQHIPTPLFVLEIWKACFVGLIESPEGTE
ELKWTAFTFLKIPQVLVKLKKYSHGDKDFTEDVNCAFEFLLKLTPLLDKADQRCNCDCTNFLLQECGKQGLLSEASVNNL
MAKRKADREHAPQQKSGENANIQPNIQLILRAEPTVTNILKTMDADHSKSPEGLLGVLGHMLSGKSLDLLLAAAAATGKL
KSFARKFINLNEFTTYGSEESTKPASVRALLFDISFLMLCHVAQTYGSEVILSESRTGAEVPFFETWMQTCMPEEGKILN
PDHPCFRPDSTKVESLVALLNNSSEMKLVQMKWHEACLSISAAILEILNAWENGVLAFESIQKITDNIKGKVCSLAVCAV
AWLVAHVRMLGLDEREKSLQMIRQLAGPLFSENTLQFYNERVVIMNSILERMCADVLQQTATQIKFPSTGVDTMPYWNLL
PPKRPIKEVLTDIFAKVLEKGWVDSRSIHIFDTLLHMGGVYWFCNNLIKELLKETRKEHTLRAVELLYSIFCLDMQQVTL
VLLGHILPGLLTDSSKWHSLMDPPGTALAKLAVWCALSSYSSHKGQASTRQKKRHREDIEDYISLFPLDDVQPSKLMRLL
SSNEDDANILSSPTDRSMSSSLSASQLHTVNMRDPLNRVLANLFLLISSILGSRTAGPHTQFVQWFMEECVDCLEQGGRG
SVLQFMPFTTVSELVKVSAMSSPKVVLAITDLSLPLGRQVAAKAIAAL

MED24_2 (AK022508; 内部の12 aa欠損(72-84 aa)) (SEQ ID NO: 137)
MKVVNLKQAILQAWKERWSDYQWAINMKKFFPKGATWDILNLADALLEQAMIGPSPNPLILSYLKYAISSQFDDFSRDLC
VQALLDIMDMFCDRLSCHGKAEECIGLCRALLSALHWLLRCTAASAERLREGLEAGTPAAGEKQLAMCLQRLEKTLSSTK
NRALLHIAKLEEASSWTAIEHSLLKLGEILANLSNPQLRSQAEQCGTLIRSIPTMLSVHAEQMHKTGFPTVHAVILLEGT
MNLTGETQSLVEQLTMVKRMQHIPTPLFVLEIWKACFVGLIESPEGTEELKWTAFTFLKIPQVLVKLKKYSHGDKDFTED
VNCAFEFLLKLTPLLDKADQRCNCDCTNFLLQECGKQGLLSEASVNNLMAKRKADREHAPQQKSGENANIQPNIQLILRA
EPTVTNILKTMDADHSKSPEGLLGVLGHMLSGKSLDLLLAAAAATGKLKSFARKFINLNEFTTYGSEESTKPASVRALLF
DISFLMLCHVAQTYGSEVILSESRTGAEVPFFETWMQTCMPEEGKILNPDHPCFRPDSTKVESLVALLNNSSEMKLVQMK
WHEACLSISAAILEILNAWENGVLAFESIQKITDNIKGKVCSLAVCAVAWLVAHVRMLGLDEREKSLQMIRQLAGPLFSE
NTLQFYNERVVIMNSILERMCADVLQQTATQIKFPSTGVDTMPYWNLLPPKRPIKEVLTDIFAKVLEKGWVDSRSIHIFD

TLLHMGGVYWFCNNLIKELLKETRKEHTLRAVELLYSIFCLDMQQVTLVLLGHILPGLLTDSSKWHSLMDPPGTALAKLA
VWCALSSYSSHKGQASTRQKKRHREDIEDYISLFPLDDVQPSKLMRLLSSNEDDANILSSPTDRSMSSSLSASQLHTVNM
RDPLNRVLANLFLLISSILGSRTAGPHTQFVQWFMEECVDCLEQGGRGSVLQFMPFTTVSELVKVSAMSSPKVVLAITDL
SLPLGRQVAAKAIAAL*

MED24_3 (内部の13 aa欠損(71-84 aa), 187 aaの後に余剰の19 aa) (SEQ ID NO: 138)
MKVVNLKQAILQAWKERWSDYQWAINMKKFFPKGATWDILNLADALLEQAMIGPSPNPLILSYLKYAISSQFDDFSRDLC
VQALLDIMDMFCDRLSCHGKAEECIGLCRALLSALHWLLRCTAASAERLREGLEAGTPAAGEKQLAMCLQRLEKTLSSTK
NRALLHIAKLEEASLHTSQGLGQGGTRANQPTASWTAIEHSLLKLGEILANLSNPQLRSQAEQCGTLIRSIPTMLSVHAE
QMHKTGFPTVHAVILLEGTMNLTGETQSLVEQLTMVKRMQHIPTPLFVLEIWKACFVGLIESPEGTEELKWTAFTFLKIP
QVLVKLKKYSHGDKDFTEDVNCAFEFLLKLTPLLDKADQRCNCDCTNFLLQECGKQGLLSEASVNNLMAKRKADREHAPQ
QKSGENANIQPNIQLILRAEPTVTNILKTMDADHSKSPEGLLGVLGHMLSGKSLDLLLAAAAATGKLKSFARKFINLNEF
TTYGSEESTKPASVRALLFDISFLMLCHVAQTYGSEVILSESRTGAEVPFFETWMQTCMPEEGKILNPDHPCFRPDSTKV
ESLVALLNNSSEMKLVQMKWHEACLSISAAILEILNAWENGVLAFESIQKITDNIKGKVCSLAVCAVAWLVAHVRMLGLD
EREKSLQMIRQLAGPLFSENTLQFYNERVVIMNSILERMCADVLQQTATQIKFPSTGVDTMPYWNLLPPKRPIKEVLTDI
FAKVLEKGWVDSRSIHIFDTLLHMGGVYWFCNNLIKELLKETRKEHTLRAVELLYSIFCLDMQQVTLVLLGHILPGLLTD
SSKWHSLMDPPGTALAKLAVWCALSSYSSHKGQASTRQKKRHREDIEDYISLFPLDDVQPSKLMRLLSSNEDDANILSSP
TDRSMSSSLSASQLHTVNMRDPLNRVLANLFLLISSILGSRTAGPHTQFVQWFMEECVDCLEQGGRGSVLQFMPFTTVSE
LVKVSAMSSPKVVLAITDLSLPLGRQVAAKAIAAL

MED24_4 (CN307366; 874 aaの後に余剰の44 aa) (SEQ ID NO: 139)
MKVVNLKQAILQAWKERWSDYQWAINMKKFFPKGATWDILNLADALLEQAMIGPSPNPLILSYLKYAISSQMVSYSSVLT
AISKFDDFSRDLCVQALLDIMDMFCDRLSCHGKAEECIGLCRALLSALHWLLRCTAASAERLREGLEAGTPAAGEKQLAM
CLQRLEKTLSSTKNRALLHIAKLEEASSWTAIEHSLLKLGEILANLSNPQLRSQAEQCGTLIRSIPTMLSVHAEQMHKTG
FPTVHAVILLEGTMNLTGETQSLVEQLTMVKRMQHIPTPLFVLEIWKACFVGLIESPEGTEELKWTAFTFLKIPQVLVKL
KKYSHGDKDFTEDVNCAFEFLLKLTPLLDKADQRCNCDCTNFLLQECGKQGLLSEASVNNLMAKRKADREHAPQQKSGEN
ANIQPNIQLILRAEPTVTNILKTMDADHSKSPEGLLGVLGHMLSGKSLDLLLAAAAATGKLKSFARKFINLNEFTTYGSE
ESTKPASVRALLFDISFLMLCHVAQTYGSEVILSESRTGAEVPFFETWMQTCMPEEGKILNPDHPCFRPDSTKVESLVAL
LNNSSEMKLVQMKWHEACLSISAAILEILNAWENGVLAFESIQKITDNIKGKVCSLAVCAVAWLVAHVRMLGLDEREKSL
QMIRQLAGPLFSENTLQFYNERVVIMNSILERMCADVLQQTATQIKFPSTGVDTMPYWNLLPPKRPIKEVLTDIFAKVLE
KGWVDSRSIHIFDTLLHMGGVYWFCNNLIKELLKETRKEHTLRAVELLYSIFCLDMQQVTLVLLGHILPGLLTDSSKWHS
LMDPPGTALAKLAVWCALSSYSSHKGQASTRQKKRHREDIEDYISLFPLDDVQPSKLMRLLSSNEDDANILSSPRSSLGS
PCTSYLRWVKVGLGHPRGAPLLHSAGCFPALHLLRPTADRSMSSSLSASQLHTVNMRDPLNRVLANLFLLISSILGSRTA
GPHTQFVQWFMEECVDCLEQGGRGSVLQFMPFTTVSELVKVSAMSSPKVVLAITDLSLPLGRQVAAKAIAAL*

MED24_5 (内部の503 aa欠損(80-583 aa)) (SEQ ID NO: 140)
MKVVNLKQAILQAWKERWSDYQWAINMKKFFPKGATWDILNLADALLEQAMIGPSPNPLILSYLKYAISSQMVSYSSVLT
AILEILNAWENGVLAFESIQKITDNIKGKVCSLAVCAVAWLVAHVRMLGLDEREKSLQMIRQLAGPLFSENTLQFYNERV
VIMNSILERMCADVLQQTATQIKFPSTGVDTMPYWNLLPPKRPIKEVLTDIFAKVLEKGWVDSRSIHIFDTLLHMGGVYW
FCNNLIKELLKETRKEHTLRAVELLYSIFCLDMQQVTLVLLGHILPGLLTDSSKWHSLMDPPGTALAKLAVWCALSSYSS
HKGQASTRQKKRHREDIEDYISLFPLDDVQPSKLMRLLSSNEDDANILSSPTDRSMSSSLSASQLHTVNMRDPLNRVLAN
LFLLISSILGSRTAGPHTQFVQWFMEECVDCLEQGGRGSVLQFMPFTTVSELVKVSAMSSPKVVLAITDLSLPLGRQVAA
KAIAAL

MED24_6 (内部の276 aa欠損(180-456 aa)) (SEQ ID NO: 141)
MKVVNLKQAILQAWKERWSDYQWAINMKKFFPKGATWDILNLADALLEQAMIGPSPNPLILSYLKYAISSQMVSYSSVLT
AISKFDDFSRDLCVQALLDIMDMFCDRLSCHGKAEECIGLCRALLSALHWLLRCTAASAERLREGLEAGTPAAGEKQLAM
CLQRLEKTLSSTKNRALLHIATGKLKSFARKFINLNEFTTYGSEESTKPASVRALLFDISFLMLCHVAQTYGSEVILSES
RTGAEVPFFETWMQTCMPEEGKILNPDHPCFRPDSTKVESLVALLNNSSEMKLVQMKWHEACLSISAAILEILNAWENGV
LAFESIQKITDNIKGKVCSLAVCAVAWLVAHVRMLGLDEREKSLQMIRQLAGPLFSENTLQFYNERVVIMNSILERMCAD

VLQQTATQIKFPSTGVDTMPYWNLLPPKRPIKEVLTDIFAKVLEKGWVDSRSIHIFDTLLHMGGVYWFCNNLIKELLKET
RKEHTLRAVELLYSIFCLDMQQVTLVLLGHILPGLLTDSSKWHSLMDPPGTALAKLAVWCALSSYSSHKGQASTRQKKRH
REDIEDYISLFPLDDVQPSKLMRLLSSNEDDANILSSPTDRSMSSSLSASQLHTVNMRDPLNRVLANLFLLISSILGSRT
AGPHTQFVQWFMEECVDCLEQGGRGSVLQFMPFTTVSELVKVSAMSSPKVVLAITDLSLPLGRQVAAKAIAAL

MED24_7（内部の413 aa欠損(265-678 aa)）(SEQ ID NO: 142)
MKVVNLKQAILQAWKERWSDYQWAINMKKFFPKGATWDILNLADALLEQAMIGPSPNPLILSYLKYAISSQMVSYSSVLT
AISKFDDFSRDLCVQALLDIMDMFCDRLSCHGKAEECIGLCRALLSALHWLLRCTAASAERLREGLEAGTPAAGEKQLAM
CLQRLEKTLSSTKNRALLHIAKLEEASSWTAIEHSLLKLGEILANLSNPQLRSQAEQCGTLIRSIPTMLSVHAEQMHKTG
FPTVHAVILLEGTMNLTGETQSLVEQQTATQIKFPSTGVDTMPYWNLLPPKRPIKEVLTDIFAKVLEKGWVDSRSIHIFD
TLLHMGGVYWFCNNLIKELLKETRKEHTLRAVELLYSIFCLDMQQVTLVLLGHILPGLLTDSSKWHSLMDPPGTALAKLA
VWCALSSYSSHKGQASTRQKKRHREDIEDYISLFPLDDVQPSKLMRLLSSNEDDANILSSPTDRSMSSSLSASQLHTVNM
RDPLNRVLANLFLLISSILGSRTAGPHTQFVQWFMEECVDCLEQGGRGSVLQFMPFTTVSELVKVSAMSSPKVVLAITDL
SLPLGRQVAAKAIAAL

MED24_8（より短いC末端（837 aa））(SEQ ID NO: 143)
MKVVNLKQAILQAWKERWSDYQWAINMKKFFPKGATWDILNLADALLEQAMIGPSPNPLILSYLKYAISSQMVSYSSVLT
AISKFDDFSRDLCVQALLDIMDMFCDRLSCHGKAEECIGLCRALLSALHWLLRCTAASAERLREGLEAGTPAAGEKQLAM
CLQRLEKTLSSTKNRALLHIAKLEEASSWTAIEHSLLKLGEILANLSNPQLRSQAEQCGTLIRSIPTMLSVHAEQMHKTG
FPTVHAVILLEGTMNLTGETQSLVEQLTMVKRMQHIPTPLFVLEIWKACFVGLIESPEGTEELKWTAFTFLKIPQVLVKL
KKYSHGDKDFTEDVNCAFEFLLKLTPLLDKADQRCNCDCTNFLLQECGKQGLLSEASVNNLMAKRKADREHAPQQKSGEN
ANIQPNIQLILRAEPTVTNILKTMDADHSKSPEGLLGVLGHMLSGKSLDLLLAAAAATGKLKSFARKFINLNEFTTYGSE
ESTKPASVRALLFDISFLMLCHVAQTYGSEVILSESRTGAEVPFFETWMQTCMPEEGKILNPDHPCFRPDSTKVESLVAL
LNNSSEMKLVQMKWHEACLSISAAILEILNAWENGVLAFESIQKITDNIKGKVCSLAVCAVAWLVAHVRMLGLDEREKSL
QMIRQLAGPLFSENTLQFYNERVVIMNSILERMCADVLQQTATQIKFPSTGVDTMPYWNLLPPKRPIKEVLTDIFAKVLE
KGWVDSRSIHIFDTLLHMGGVYWFCNNLIKELLKETRKEHTLRAVELLYSIFCLDMQQVTLVLLGHILPGLLTDSSKWHS
LMDPPGTALAKLAVWCALSSYSSHKGQASTRQKKRHL*

MED24_9（より短いタンパク質(852 aa)，848 aaの後に異なる配列）(SEQ ID NO: 144)
MKVVNLKQAILQAWKERWSDYQWAINMKKFFPKGATWDILNLADALLEQAMIGPSPNPLILSYLKYAISSQMVSYSSVLT
AISKFDDFSRDLCVQALLDIMDMFCDRLSCHGKAEECIGLCRALLSALHWLLRCTAASAERLREGLEAGTPAAGEKQLAM
CLQRLEKTLSSTKNRALLHIAKLEEASSWTAIEHSLLKLGEILANLSNPQLRSQAEQCGTLIRSIPTMLSVHAEQMHKTG
FPTVHAVILLEGTMNLTGETQSLVEQLTMVKRMQHIPTPLFVLEIWKACFVGLIESPEGTEELKWTAFTFLKIPQVLVKL
KKYSHGDKDFTEDVNCAFEFLLKLTPLLDKADQRCNCDCTNFLLQECGKQGLLSEASVNNLMAKRKADREHAPQQKSGEN
ANIQPNIQLILRAEPTVTNILKTMDADHSKSPEGLLGVLGHMLSGKSLDLLLAAAAATGKLKSFARKFINLNEFTTYGSE
ESTKPASVRALLFDISFLMLCHVAQTYGSEVILSESRTGAEVPFFETWMQTCMPEEGKILNPDHPCFRPDSTKVESLVAL
LNNSSEMKLVQMKWHEACLSISAAILEILNAWENGVLAFESIQKITDNIKGKVCSLAVCAVAWLVAHVRMLGLDEREKSL
QMIRQLAGPLFSENTLQFYNERVVIMNSILERMCADVLQQTATQIKFPSTGVDTMPYWNLLPPKRPIKEVLTDIFAKVLE
KGWVDSRSIHIFDTLLHMGGVYWFCNNLIKELLKETRKEHTLRAVELLYSIFCLDMQQVTLVLLGHILPGLLTDSSKWHS
LMDPPGTALAKLAVWCALSSYSSHKGQASTRQKKRHREDIEDYISLFPAPDS*

MED24_10（312 aa短いN末端）(SEQ ID NO: 145)
MPLVPRWCPTLLSSQPSIPQVLVKLKKYSHGDKDFTEDVNCAFEFLLKLTPLLDKADQRCNCDCTNFLLQECGKQGLLSE
ASVNNLMAKRKADREHAPQQKSGENANIQPNIQLILRAEPTVTNILKTMDADHSKSPEGLLGVLGHMLSGKSLDLLLAAA
AATGKLKSFARKFINLNEFTTYGSEESTKPASVRALLFDISFLMLCHVAQTYGSEVILSES

MED24_11（498 aa短いN末端）(SEQ ID NO: 146)
MLCHVAQTYGSEVILSESRTGAEVPFFETWMQTCMPEEGKILNPDHPCFRPDSTKVESLVALLNNSSEMKLVQMKWHEAC
LSISAAILEILNAWENGVLAFESIQKITDNIKGKVCSLAVCAVAWLVAHVRMLGLDEREKSLQMIRQLAGPLFSENTLQF
YNERVVIMNSILERMCADVLQQTATQIKFPSTGVDTMPYWNLLPPKRPIKEVLTDIFAKVLEKGWVDSRSIHIFDTLLHM

GGVYWFCNNLIKELLKETRKEHTLRAVELLYSIFCLDMQQVTLVLLGHILPGLLTDSSKWHSLMDPPGTALAKLAVWCAL
SSYSSHKGQASTRQKKRHREDIEDYISLFPLDDVQPSKLMRLLSSNEDDANILSSPTDRSMSSSLSASQLHTVNMRDPLN
RVLANLFLLISSILGSRTAGPHTQFVQWFMEECVDCLEQGGRGSVLQFMPFTTVSELVKVSAMSSPKVVLAITDLSLPLG
RQVAAKAIAAL

MED25 (ID: Q6P143) - Anri

MED25_1 (213 aa欠損(61-274 aa)) (SEQ ID NO: 147)
MVPGSEGPARAGSVVADVVFVIEGTANLGPYFEGLRKHYLLPAIEYFNGGPPAETDFGGDVPGNLSAAQVAAQNAVEAAK
NQKAGLGPRFSPITPLQQAAPGVGPPFSQAPAPQLPPGPPGAPKPPPASQPSLVSTVAPGSGLAPTAQPGAPSMAGTVAP
GGVSGPSPAQLGAPALGGQQSVSNKLLAWSGVLEWQEKPKPASVDANTKLTRSLPCQVYVNHGENLKTEQWPQKLIMQLI
PQQLLTTLGPLFRNSRMVQFHFTNKDLESLKGLYRIMGNGFAGCVHFPHTAPCEVRVLMLLYSSKKKIFMGLIPYDQSGF
VNGIRQVITNHKQVQQQKLEQQQRGMGGQQAPPGLGPILEDQARPSQNLLQLRPPQPQPQGTVGASGATGQPQPQGTAQP
PPGAPQGPPGAASGPPPPGPILRPQNPGANPQLRSLLLNPPPPQTGVPPPQASLHHLQPPGAPALLPPPHQGLGQPQLGP
PLLHPPPAQSWPAQLPPRAPLPGQMLLSGGPRGPVPQPGLQPSVMEDDILMDLI*

MED25_2 (616 aa欠損(26-642 aa)) (SEQ ID NO: 148)
MVPGSEGPARAGSVVADVVFVIEGTANPQLRSLLLNPPPPQTGVPPPQASLHHLQPPGAPALLPPPHQGLGQPQLGPPLL
HPPPAQSWPAQLPPRAPLPGQMLLSGGPRGPVPQPGLQPSVMEDDILMDLI*

MED25_3 (579 aa欠損(51-630 aa)) (SEQ ID NO: 149)
MVPGSEGPARAGSVVADVVFVIEGTANLGPYFEGLRKHYLLPAIEYFNGGPPGPILRPQNPGANPQLRSLLLNPPPPQTG
VPPPQASLHHLQPPGAPALLPPPHQGLGQPQLGPPLLHPPPAQSWPAQLPPRAPLPGQMLLSGGPRGPVPQPGLQPSVME
DDILMDLI*

MED26 (ID: O95402)

MED26_1 (BC105952; 92 aaのタンパク質, 76 aaの後に異なる配列) (SEQ ID NO: 150)
MTAAPASPQQIRDRLLQAIDPQSNIRNMVAVLEVISSLEKYPITKEALEETRLGKLINDVRKKTKNEELAKRAKKLPGWQ
WACRPRGQPPGA*

MED26_2 (内部の86 aa欠損(61-147 aa)) (SEQ ID NO: 151)
MTAAPASPQQIRDRLLQAIDPQSNIRNMVAVLEVISSLEKYPITKEALEETRLGKLINDVRKRRGDQRDLGHPGPPPKVS
KASHDPLVPNSSPLPTNGISGSPESFASSLDGSGHAGPEGSRLERDENDKHSGKIPVNAVRPHTSSPGLGKPPGPCLQPK
ASVLQQLDRVDETPGPPHPKGPPRCSFSPRNSRHEGSFARQQSLYAPKGSVPSPSPRPQALDATQVPSPLPLAQPSTPPV
RRLELLPSAESPVCWLEQPESHQRLAGPGCKAGLSPAEPLLSRAGFSPDSSKADSDAASSGGSDSKKKKRYRPRDYTVNL
DGQVAEAGVKPVRLKERKLTFDPMTRQIKPLTQKEPVRADSPVHMEQQSRTELDKQEAKASLQSPFEQTNWKELSRNEII
QSYLSRQSSLLSSSGAQTPGAHHFMSEYLKQEESTRQGARQLHVLVPQSPPTDLPGLTREVTQDDLDRIQASQWPGVNGC
QDTQGNWYDWTQCISLDPHGDDGRLNILPYVCLD

MED27 (ID: Q6P2C8)

MED27_1 (BC070331; より短いタンパク質, 195 aa) (SEQ ID NO: 152)
MADVINVSVNLEAFSQAISAIQALRSSVSRVFDCLKDGMRNKETLEGREKAFIAHFQDNLHSVNRDLNELERLSNLVGKP
SENHPLHNSGLLSLDPVQDKTPLYSQLLQAYKWSNKLQYHAGLASGLLNQQSLKRSANQMGVSAKRRPKAQPTTLVLPPQ
YVDDVISRIDRMFPEMSIHLSRPNGTSAMLLVRSA*

MED28 (ID: Q9H204)

MED28_1 (AF317678; 4 aa長いC末端) (SEQ ID NO: 153)

MAAPLGGMFSGQPPGPPQAPPGLPGQASLLQAAPGAPRPSSSTLVDELESSFEACFASLVSQDYVNGTDQEEIRTGVDQC
IQKFLDIARQTECFFLQKRLQLSVQKPEQVIKEDVSELRNELQRKDALVQKHLTKLRHWQQVLEDINVQHKKPADIPQGS
LAYLEQASANIPAPLKPTHLTG*

MED28_2 (より短いタンパク質(125 aa), 113 aaの後に異なる配列) (SEQ ID NO: 154)
MAAPLGGMFSGQPPGPPQAPPGLPGQASLLQAAPGAPRPSSSTLVDELESSFEACFASLVSQDYVNGTDQEEIRTGVDQC
IQKFLDIARQTECFFLQKRLQLSVQKPEQVIKEVFLLRKKKTTCP*

MED30 (ID: Q96HR3)

MED30_1 (AA811383; より短いタンパク質, 112 aaの後に異なる配列) (SEQ ID NO: 155)
MSTPPLAASGMAPGPFAGPQAQQAAREVNTASLCRIGQETVQDIVYRTMEIFQLLRNMQLPNGVTYHTGTYQDRLTKLQD
NLRQLSVLFRKLRLVYDKCNENCGGMDPIPVEVIFCDRGRMNIRCELVSRQLLIFFLSLLF*

MED30_2 (AW371008; より短いタンパク質, 153 aa) (SEQ ID NO: 156)
MSTPPLAASGMAPGPFAGPQAQQAAREVNTASLCRIGQETVQDIVYRTMEIFQLLRNMQLPNGVTYHTGTYQDRLTKLQD
NLRQLSVLFRKLRLVYDKCNENCGGMDPIPVEQLIPYVEEDGSKNDDRAGPPRFASEERREIAEVNKVLGEAF*

MED30_3 (157 aaのタンパク質, 147 aaの後に異なる配列) (SEQ ID NO: 157)
MSTPPLAASGMAPGPFAGPQAQQAAREVNTASLCRIGQETVQDIVYRTMEIFQLLRNMQLPNGVTYHTGTYQDRLTKLQD
NLRQLSVLFRKLRLVYDKCNENCGGMDPIPVEQLIPYVEEDGSKNDDRAGPPRFASEERREIAEVNKALSSVPEFLP*

MED31 (ID: Q9Y3C7)

MED31_1 (AK130946; 43 aaのタンパク質) (SEQ ID NO: 158)
MAAAVAMETDDAGNRLRFQLELEFVQCLANPNYLNCTLSVYTC*

MED31_2 (BU678904; 74 aa短いN末端) (SEQ ID NO: 159)
MLELLQYEHFRKELVNAQCAKFIDEQQILHWQHYSRKRMRLQQALAEQQQQNNTSGK*

MED31_3 (BX489859; 短いタンパク質, 44 aa) (SEQ ID NO: 160)
MAAAVAMETDDAGNRLRFQLELEFVQCLANPNYLNCKLLSTSLN*

CDK8 (ID: P49336)

CDK8_1 (BE884669; 内部の48 aa欠損(216-264 aa)) (SEQ ID NO: 161)
MDYDFKVKLSSERERVEDLFEYEGCKVGRGTYGHVYKAKRKDGKDDKDYALKQIEGTGISMSACREIALLRELKHPNVIS
LQKVFLSHADRKVWLLFDYAEHDLWHIIKFHRASKANKKPVQLPRGMVKSLLYQILDGIHYLHANWVLHRDLKPANILVM
GEGPERGRVKIADMGFARLFNSPLKPLADLDPVVVTFWYRAPELLLGARHYTKAIDKDWEDIKKMPEHSTLMKDFRRNTY
TNCSLIKYMEKHKVKPDSKAFHLLQKLLTMDPIKRITSEQAMQDPYFLEDPLPTSDVFAGCQIPYPKREFLTEEEPDDKG
DKKNQQQQQGNNHTNGTGHPGNQDSSHTQGPPLKKVRVVPPTTTSGGLIMTSDYQRSNPHAAYPNPGPSTSQPQSSMGYS
ATSQQPPQYSHQTHRY

CCNC (ID: P24863)

CCNC_1 (BC026272; より短いタンパク質 (163 aa), 135 aaの後に異なる配列) (SEQ ID NO: 162)
MVAPRPLRRVVLFYQGKLCSMAGNFWQSSHYLQWILDKQDLLKERQKDLKFLSEEEYWKLQIFFTNVIQALGEHLKLRQQ
VIATATVYFKRFYARYSLKSIDPVLMAPTCVFLASKVEEFGVVSNTRLIAAATSVCKCKKYICFKDVILKKAPEYIDFFF
FSL*

CCNC_2 (BX387621; 短いタンパク質, 50 aa) (SEQ ID NO: 163)
MAGNFWQSSHYLQWILDKQDLLKERQKDLKFLSEEEYWKLQIFFTNGKLF*

CCNC_3 (AI479346; 285 aaの後に異なる配列) (SEQ ID NO: 164)
MVAPRPLRRVVLFYQGKLCSMAGNFWQSSHYLQWILDKQDLLKERQKDLKFLSEEEYWKLQIFFTNVIQALGEHLKLRQQ
VIATATVYFKRFYARYSLKSIDPVLMAPTCVFLASKVEEFGVVSNTRLIAAATSVLKTRFSYAFPKEFPYRMNHILECEF
YLLELMDCCLIVYHPYRPLLQYVQDMGQEDMLLPLAWRIVNDTYRTDLCLLYPPFMIALACLHVACVVQQKDARQWFAEL
SVDMEKILEIIRVILKLYEQWKNFDERKEMATILSKMPKPKPPPNRNSLSDSPLVAGPEAAR*

SMARCA1 (ID: P28370)

SMARCA1_1 (BC051825; 内部の12 aa欠損(467-477 aa)) (SEQ ID NO: 165)
MDPEYEEKMKADRAKRFEFLLKQTELFAHFIQPSAQKSPTSPLNMKLGRPRIKKDEKQSLISAGDYRHRRTEQEEDEELL
SESRKTSNVCIRFEVSPSYVKGGPLRDYQIRGLNWLISLYENGVNGILADEMGLGKTLQTIALLGYLKHYRNIPGPHMVL
VPKSTLHNWMNEFKRWVPSLRVICFVGDKDARAAFIRDEMMPGEWDVCVTSYEMVIKEKSVFKKFHWRYLVIDEAHRIKN
EKSKLSEIVREFKSTNRLLLTGTPLQNNLHELWALLNFLLPDVFNSADDFDSWFDTKNCLGDQKLVERLHAVLKPFLLRR
IKTDVEKSLPPKKEIKIYLGLSKMQREWYTKILMKDIDVLNSSGKMDKMRLLNILMQLRKCCNHPYLFDGAEPGPPYTTD
EHIVSNSGKMVVLDKLLAKLKEQGSRVLIFSQMTRLLDILEDYCMWRGYEYCRLDGQTPHEEREEAIEAFNAPNSSKFIF
MLSTRAGGLGINLASADVVILYDSDWNPQVDLQAMDRAHRIGQKKPVRVFRLITDNTVEERIVERAEIKLRLDSIVIQQG
RLIDQQSNKLAKEEMLQMIRHGATHVFASKESELTDEDITTILERGEKKTAEMNERLQKMGESSLRNFRMDIEQSLYKFE
GEDYREKQKLGMVEWIEPPKRERKANYAVDAYFREALRVSEPKIPKAPRPPKQPNVQDFQFFPPRLFELLEKEILYYRKT
IGYKVPRNPDIPNPALAQREEQKKIDGAEPLTPEETEEKEKLLTQGFTNWTKRDFNQFIKANEKYGRDDIDNIAREVEGK
SPEEVMEYSAVFWERCNELQDIEKIMAQIERGEARIQRRISIKKALDAKIARYKAPFHQLRIQYGTSKGKNYTEEEDRFL
ICMLHKMGFDRENVYEELRQCVRNAPQFRFDWFIKSRTAMEFQRRCNTLISLIEKENMEIEERERAEKKKRATKTPMVKF
SAFS*

SMARCA1_2 (内部の139 aa欠損(463-602 aa)) (SEQ ID NO: 166)
MDPEYEEKMKADRAKRFEFLLKQTELFAHFIQPSAQKSPTSPLNMKLGRPRIKKDEKQSLISAGDYRHRRTEQEEDEELL
SESRKTSNVCIRFEVSPSYVKGGPLRDYQIRGLNWLISLYENGVNGILADEMGLGKTLQTIALLGYLKHYRNIPGPHMVL
VPKSTLHNWMNEFKRWVPSLRVICFVGDKDARAAFIRDEMMPGEWDVCVTSYEMVIKEKSVFKKFHWRYLVIDEAHRIKN
EKSKLSEIVREFKSTNRLLLTGTPLQNNLHELWALLNFLLPDVFNSADDFDSWFDTKNCLGDQKLVERLHAVLKPFLLRR
IKTDVEKSLPPKKEIKIYLGLSKMQREWYTKILMKDIDVLNSSGKMDKMRLLNILMQLRKCCNHPYLFDGAEPGPPYTTD
EHIVSNSGKMVVLDKLLAKLKEQGSRVLIFSQMTRLLDILEDYCMWRGYEYCRLDGQTPHEERESELTDEDITTILERGE
KKTAEMNERLQKMGESSLRNFRMDIEQSLYKFEGEDYREKQKLGMVEWIEPPKRERKANYAVDAYFREALRVSEPKIPKA
PRPPKQPNVQDFQFFPPRLFELLEKEILYYRKTIGYKVPRNPDIPNPALAQREEQKKIDGAEPLTPEETEEKEKLLTQGF
TNWTKRDFNQFIKANEKYGRDDIDNIAREVEGKSPEEVMEYSAVFWERCNELQDIEKIMAQIERGEARIQRRISIKKALD
AKIARYKAPFHQLRIQYGTSKGKNYTEEEDRFLICMLHKMGFDRENVYEELRQCVRNAPQFRFDWFIKSRTAMEFQRRCN
TLISLIEKENMEIEERERAEKKKRATKTPMVKFSAFS

SMARCA2 (ID: P51531)

SMARCA2_1 (アイソフォーム2, 内部の18 aa欠損(1400-1418)) (SEQ ID NO: 167)
MSTPTDPGAMPHPGPSPGPGPSPGPILGPSPGPGPSPGSVHSMMGPSPGPPSVSHPMPTMGSTDFPQEGMHQMHKPIDGI
HDKGIVEDIHCGSMKGTGMRPPHPGMGPPQSPMDQHSQGYMSPHPSPLGAPEHVSSPMSGGGPTPPQMPPSQPGALIPGD
PQAMSQPNRGPSPFSPVQLHQLRAQILAYKMLARGQPLPETLQLAVQGKRTLPGLQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQPQ
QQPPQPQTQQQQQPALVNYNRPSGPGPELSGPSTPQKLPVPAPGGRPSPAPPAAAQPPAAAVPGPSVPQPAPGQPSPVLQ
LQQKQSRISPIQKPQGLDPVEILQEREYRLQARIAHRIQELENLPGSLPPDLRTKATVELKALRLLNFQRQLRQEVVACM
RRDTTLETALNSKAYKRSKRQTLREARMTEKLEKQQKIEQERKRRQKHQEYLNSILQHAKDFKEYHRSVAGKIQKLSKAV

ATWHANTEREQKKETERIEKERMRRLMAEDEEGYRKLIDQKKDRRLAYLLQQTDEYVANLTNLVWEHKQAQAAKEKKKRR
RRKKKAEENAEGGESALGPDGEPIDESSQMSDLPVKVTHTETGKVLFGPEAPKASQLDAWLEMNPGYEVAPRSDSEESDS
DYEEEDEEEESSRQETEEKILLDPNSEEVSEKDAKQIIETAKQDVDDEYSMQYSARGSQSYYTVAHAISERVEKQSALLI
NGTLKHYQLQGLEWMVSLYNNNLNGILADEMGLGKTIQTIALITYLMEHKRLNGPYLIIVPLSTLSNWTYEFDKWAPSVV
KISYKGTPAMRRSLVPQLRSGKFNVLLTTYEYIIKDKHILAKIRWKYMIVDEGHRMKNHHCKLTQVLNTHYVAPRRILLT
GTPLQNKLPELWALLNFLLPTIFKSCSTFEQWFNAPFAMTGERVDLNEEETILIIRRLHKVLRPFLLRRLKKEVESQLPE
KVEYVIKCDMSALQKILYRHMQAKGILLTDGSEKDKKGKGGAKTLMNTIMQLRKICNHPYMFQHIEESFAEHLGYSNGVI
NGAELYRASGKFELLDRILPKLRATNHRVLLFCQMTSLMTIMEDYFAFRNFLYLRLDGTTKSEDRAALLKKFNEPGSQYF
IFLLSTRAGGLGLNLQAADTVVIFDSDWNPHQDLQAQDRAHRIGQQNEVRVLRLCTVNSVEEKILAAAKYKLNVDQKVIQ
AGMFDQKSSSHERRAFLQAILEHEEENEEEDEVPDDETLNQMIARREEEFDLFMRMDMDRRREDARNPKRKPRLMEEDEL
PSWIIKDDAEVERLTCEEEEEKIFGRGSRQRRDVDYSDALTEKQWLRAIEDGNLEEMEEEVRLKKRKRRRNVDKDPAKED
VEKAKKRRGRPPAEKLSPNPPKLTKQMNAIIDTVINYKDSSGRQLSEVFIQLPSRKELPEYYELIRKPVDFPLSTLSNWT
YEFDKWAPSVVKISYKGTPAMRRSLVPQLRSGKFNVLLTTYEYIIKDKHILAKIRWKYMIVDEGHRMKNHHCKLTQVLNT
HYVAPRRILLTGTPLQNKLPELWALLNFLLPTIFKSCSTFEQWFNAPFAMTGERVDLNEEETILIIRRLHKVLRPFLLRR
LKKEVESQLPEKVEYVIKCDMSALQKILYRHMQAKGILLTDGSEKDKKGKGGAKTLMNTIMQLRKICNHPYMFQHIEESF
AEHLGYSNGVINGAELYRASGKFELLDRILPKLRATNHRVLLFCQMTSLMTIMEDYFAFRNFLYLRLDGTTKSEDRAALL
KKFNEPGSQYFIFLLSTRAGGLGLNLQAADTVVIFDSDWNPHQDLQAQDRAHRIGQQNEVRVLRLCTVNSVEEKILAAAK
YKLNVDQKVIQAGMFDQKSSSHERRAFLQAILEHEEENEEEDEVPDDETLNQMIARREEEFDLFMRMDMDRRREDARNPK
RKPRLMEEDELPSWIIKDDAEVERLTCEEEEEKIFGRGSRQRRDVDYSDALTEKQWLRAIEDGNLEEMEEEVRLKKRKRR
RNVDKDPAKEDVEKAKKRRGRPPAEKLSPNPPKLTKQMNAIIDTVINYKDRCNVEKVPSNSQLEIEGNSSGRQLSEVFIQ
LPSRKELPEYYELIRKPVDFKKIKERIRNHKYRSLGDLEKDVMLLCHNAQTFNLEGSQIYEDSIVLQSVFKSARQKIAKE
EESEDESNEEEEEEDEEESESEAKSVKVKIKLNKKDDKGRDKGKGKKRPNRGKAKPVVSDFDSDEEQDEREQSEGSGTDD
E*

SMARCA2_2（アイソフォーム2だが、50 aa短いC末端（1509 aaの後に異なる配列）（SEQ ID NO: 168）
MSTPTDPGAMPHPGPSPGPGPSPGPILGPSPGPGPSPGSVHSMMGPSPGPPSVSHPMPTMGSTDFPQEGMHQMHKPIDGI
HDKGIVEDIHCGSMKGTGMRPPHPGMGPPQSPMDQHSQGYMSPHPSPLGAPEHVSSPMSGGGPTPPQMPPSQPGALIPGD
PQAMSQPNRGPSPFSPVQLHQLRAQILAYKMLARGQPLPETLQLAVQGKRTLPGLQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQPP
QPQTQQQQQPALVNYNRPSGPGPELSGPSTPQKLPVPAPGGRPSPAPPAAAQPPAAAVPGPSVPQPAPGQPSPVLQLQQK
QSRISPIQKPQGLDPVEILQEREYRLQARIAHRIQELENLPGSLPPDLRTKATVELKALRLLNFQRQLRQEVVACMRRDT
TLETALNSKAYKRSKRQTLREARMTEKLEKQQKIEQERKRRQKHQEYLNSILQHAKDFKEYHRSVAGKIQKLSKAVATWH
ANTEREQKKETERIEKERMRRLMAEDEEGYRKLIDQKKDRRLAYLLQQTDEYVANLTNLVWEHKQAQAAKEKKKRRRRKK
KAEENAEGGESALGPDGEPIDESSQMSDLPVKVTHTETGKVLFGPEAPKASQLDAWLEMNPGYEVAPRSDSEESDSDYEE
EDEEEESSRQETEEKILLDPNSEEVSEKDAKQIIETAKQDVDDEYSMQYSARGSQSYYTVAHAISEWVEKQSALLINGTL
KHYQLQGLEWMVSLYNNNLNGILADEMGLGKTIQTIALITYLMEHKRLNGPYLIIVPLSTLSNWTYEFDKWAPSVVKISY
KGTPAMRRSLVPQLRSGKFNVLLTTYEYIIKDKHILAKIRWKYMIVDEGHRMKNHHCKLTQVLNTHYVAPRRILLTGTPL
QNKLPELWALLNFLLPTIFKSCSTFEQWFNAPFAMTGERVDLNEEETILIIRRLHKVLRPFLLRRLKKEVESQLPEKVEY
VIKCDMSALQKILYRHMQAKGILLTDGSEKDKKGKGGAKTLMNTIMQLRKICNHPYMFQHIEESFAEHLGYSNGVINGAE
LYRASGKFELLDRILPKLRATNHRVLLFCQMTSLMTIMEDYFAFRNFLYLRLDGTTKSEDRAALLKKFNEPGSQYFIFLL
STRAGGLGLNLQAADTVVIFDSDWNPHQDLQAQDRAHRIGQQNEVRVLRLCTVNSVEEKILAAAKYKLNVDQKVIQAGMF
DQKSSSHERRAFLQAILEHEEENEEDEVPDDETLNQMIARREEEFDLFMRMDMDRRREDARNPKRKPRLMEEDELPSWI
IKDDAEVERLTCEEEEEKIFGRGSRQRRDVDYSDALTEKQWLRAIEDGNLEEMEEEVRLKKRKRRRNVDKDPAKEDVEKA
KKRRGRPPAEKLSPNPPKLTKQMNAIIDTVINYKDSSGRQLSEVFIQLPSRKELPEYYELIRKPVDFKKIKERIRNHKYR
SLGDLEKDVMLLCHNAQTFNLEGSQIYEDSIVLQSVFKSARQKIAKEEESEDESNEEEEEEDEEESESEGTVRRKWDG*

SMARCA2_3（1400 aaの後に異なる配列）（SEQ ID NO: 169）
MSTPTDPGAMPHPGPSPGPGPSPGPILGPSPGPGPSPGSVHSMMGPSPGPPSVSHPMPTMGSTDFPQEGMHQMHKPIDGI
HDKGIVEDIHCGSMKGTGMRPPHPGMGPPQSPMDQHSQGYMSPHPSPLGAPEHVSSPMSGGGPTPPQMPPSQPGALIPGD
PQAMSQPNRGPSPFSPVQLHQLRAQILAYKMLARGQPLPETLQLAVQGKRTLPGLQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQPQ

QQPPQPQTQQQQQPALVNYNRPSGPGPELSGPSTPQKLPVPAPGGRPSPAPPAAAQPPAAAVPGPSVPQPAPGQPSPVLQ
LQQKQSRISPIQKPQGLDPVEILQEREYRLQARIAHRIQELENLPGSLPPDLRTKATVELKALRLLNFQRQLRQEVVACM
RRDTTLETALNSKAYKRSKRQTLREARMTEKLEKQQKIEQERKRRQKHQEYLNSILQHAKDFKEYHRSVAGKIQKLSKAV
ATWHANTEREQKKETERIEKERMRRLMAEDEEGYRKLIDQKKDRRLAYLLQQTDEYVANLTNLVWEHKQAQAAKEKKKRR
RRKKKAEENAEGGESALGPDGEPIDESSQMSDLPVKVTHTETGKVLFGPEAPKASQLDAWLEMNPGYEVAPRSDSEESDS
DYEEEDEEEESSRQETEEKILLDPNSEEVSEKDAKQIIETAKQDVDDEYSMQYSARGSQSYYTVAHAISERVEKQSALLI
NGTLKHYQLQGLEWMVSLYNNNLNGILADEMGLGKTIQTIALITYLMEHKRLNGPYLIIVPLSTLSNWTYEFDKWAPSVV
KISYKGTPAMRRSLVPQLRSGKFNVLLTTYEYIIKDKHILAKIRWKYMIVDEGHRMKNHHCKLTQVLNTHYVAPRRILLT
GTPLQNKLPELWALLNFLLPTIFKSCSTFEQWFNAPFAMTGERVDLNEEETILIIRRLHKVLRPFLLRRLKKEVESQLPE
KVEYVIKCDMSALQKILYRHMQAKGILLTDGSEKDKKGKGGAKTLMNTIMQLRKICNHPYMFQHIEESFAEHLGYSNGVI
NGAELYRASGKFELLDRILPKLRATNHRVLLFCQMTSLMTIMEDYFAFRNFLYLRLDGTTKSEDRAALLKKFNEPGSQYF
IFLLSTRAGGLGLNLQAADTVVIFDSDWNPHQDLQAQDRAHRIGQQNEVRVLRLCTVNSVEEKILAAAKYKLNVDQKVIQ
AGMFDQKSSSHERRAFLQAILEHEEENEEEDEVPDDETLNQMIARREEEFDLFMRMDMDRRREDARNPKRKPRLMEEDEL
PSWIIKDDAEVERLTCEEEEEKIFGRGSRQRRDVDYSDALTEKQWLRAIEDGNLEEMEEEVRLKKRKRRRNVDKDPAKED
VEKAKKRRGRPPAEKLSPNPPKLTKQMNAIIDTVINYKDRNSQKEVGRMMSDQYGPFSLVELNSFLPCLISTQ*

SMARCA4 (ID: P5153)

SMARCA4_1 (内部の33 aa欠損(1259-1292 aa)) (SEQ ID NO: 170)
MSTPDPPLGGTPRPGPSPGPGPSPGAMLGPSPGPSPGSAHSMMGPSPGPPSAGHPIPTQGPGGYPQDNMHQMHKPMESMH
EKGMSDDPRYNQMKGMGMRSGGHAGMGPPPSPMDQHSQGYPSPLGGSEHASSPVPASGPSSGPQMSSGPGGAPLDGADPQ
ALGQQNRGPTPFNQNQLHQLRAQIMAYKMLARGQPLPDHLQMAVQGKRPMPGMQQQMPTLPPPSVSATGPGPGPGPGPGP
GPGPAPPNYSRPHGMGGPNMPPPGPSGVPPGMPGQPPGGPPKPWPEGPMANAAAPTSTPQKLIPPQPTGRPSPAPPAVPP
AASPVMPPQTQSPGQPAQPAPMVPLHQKQSRITPIQKPRGLDPVEILQEREYRLQARIAHRIQELENLPGSLAGDLRTKA
TIELKALRLLNFQRQLRQEVVVCMRRDTALETALNAKAYKRSKRQSLREARITEKLEKQQKIEQERKRRQKHQEYLNSIL
QHAKDFKEYHRSVTGKIQKLTKAVATYHANTEREQKKENERIEKERMRRLMAEDEEGYRKLIDQKKDKRLAYLLQQTDEY
VANLTELVRQHKAAQVAKEKKKKKKKKKAENAEGQTPAIGPDGEPLDETSQMSDLPVKVIHVESGKILTGTDAPKAGQLE
AWLEMNPGYEVAPRSDSEESGSEEEEEEEEEEQPQAAQPPTLPVEEKKKIPDPDSDDVSEVDARHIIENAKQDVDDEYGV
SQALARGLQSYYAVAHAVTERVDKQSALMVNGVLKQYQIKGLEWLVSLYNNNLNGILADEMGLGKTIQTIALITYLMEHK
RINGPFLIIVPLSTLSNWAYEFDKWAPSVVKVSYKGSPAARRAFVPQLRSGKFNVLLTTYEYIIKDKHILAKIRWKYMIV
DEGHRMKNHHCKLTQVLNTHYVAPRRLLLTGTPLQNKLPELWALLNFLLPTIFKSCSTFEQWFNAPFAMTGEKVDLNEEE
TILIIRRLHKVLRPFLLRRLKKEVEAQLPEKVEYVIKCDMSALQRVLYRHMQAKGVLLTDGSEKDKKGKGGTKTLMNTIM
QLRKICNHPYMFQHIEESFSEHLGFTGGIVQGLDLYRASGKFELLDRILPKLRATNHKVLLFCQMTSLMTIMEDYFAYRG
FKYLRLDGTTKAEDRGMLLKTFNEPGSEYFIFLLSTRAGGLGLNLQSADTVIIFDSDWNPHQDLQAQDRAHRIGQQNEVR
VLRLCTVNSVEEKILAAAKYKLNVDQKVIQAGMFDQKSSSHERRAFLQAILEHEEQDEEEDEVPDDETVNQMIARHEEEF
DLFMRMDLDRRREEARNPKRKPRLMEEDELPSWIIKDDAEVERLTCEEEEEKMFGRGSRHRKEVDYSDSLTEKQWLKAIE
EGTLEEIEEEVRQKKSSRKRKRDSDAGSSTPTTSTRSRDKDDESKKQKKRGRPPAEKLSPNPPNLTKKMKKIVDAVIKYK
DSSSGRQLSEVFIQLPSRKELPEYYELIRKPVDFKKIKERIRNHKYRSLNDLEKDVMLLCQNAQTFNLEGSLIYEDSIVL
QSVFTSVRQKIEKEDDSEGEESEEEEEGEEEGSESESRSVKVKIKLGRKEKAQDRLKGGRRRPSRGSRAKPVVSDDDSEE
EQEEDRSGSGSEED*

SMARCA4_2 (内部の213 aa欠損(615-828 aa)) (SEQ ID NO: 171)
MSTPDPPLGTPRPGPSPGPGPSPGAMLGPSPGPSPGSAHSMMGPSPGPPSAGHPIPTQGPGGYPQDNMHQMHKPMESMHE
KGMSDPRYNQMKGMGMRSGGHAGMGPPPSPMDQHSQGYPSPLGGSEHASSPVPASGPSSGPQMSSGPGGAPLDGADPQAL
GQQNRGPTPFNQNQLHQLRAQIMAYKMLARGQPLPDHLQMAVQGKRPMPGMQQQMPTLPPPSVSATGPGPGPGPGPGPGP
GPAPPNYSRPHGMGGPNMPPPGPSGVPPGMPGQPPGGPPKPWPEGPMANAAAPTSTPQKLIPPQPTGRPSPAPPAVPPAA
SPVMPPQTQSPGQPAQPAPMVPLHQKQSRITPIQKPRGLDPVEILQEREYRLQARIAHRIQELENLPGSLAGDLRTKATI
ELKALRLLNFQRQLRQEVVVCMRRDTALETALNAKAYKRSKRQSLREARITEKLMEKQQKIEQERKRRQKHQEYLNSILQ
HAKDFKEYHRSVTGKIQKLTKAVATYHANTEREQKKENERIEKERMRRLMAEDEEGYRKLIDQKKDKRLAYLLQQTDEYV

ANLTELVRQHKAAQVAKEKKKKKKKKKAENAEGQTPAIGPDGEPLDETSQMSDLPVKVSYKGSPAARRAFVPQLRSGKFN
VLLTTYEYIIKDKHILAKIRWKYMIVDEGHRMKNHHCKLTQVLNTHYVAPRRLLLTGTPLQNKLPELWALLNFLLPTIFK
SCSTFEQWFNAPFAMTGEKVDLNEEETILIIRRLHKVLRPFLLRRLKKEVEAQLPEKVEYVIKCDMSALQRVLYRHMQAK
GVLLTDGSEKDKKGKGGTKTLMNTIMQLRKICNHPYMFQHIEESFSEHLGFTGGIVQGLDLYRASGKFELLDRILPKLRA
TNHKVLLFCQMTSLMTIMEDYFAYRGFKYLRLDGTTKAEDRGMLLKTFNEPGSEYFIFLLSTRAGGLGLNLQSADTVIIF
DSDWNPHQDLQAQDRAHRIGQQNEVRVLRLCTVNSVEEKILAAAKYKLNVDQKVIQAGMFDQKSSSHERRAFLQAILEHE
EQDESRHCSTGSGSASFAHTAPPPAGVNPDLEEPPLKEEDEVPDDETVNQMIARHEEEFDLFMRMDLDRRREEARNPKRK
PRLMEEDELPSWIIKDDAEVERLTCEEEEEKMFGRGSRHRKEVDYSDSLTEKQWLKAIEEGTLEEIEEEVRQKKSSRKRK
RDSDAGSSTPTTSTRSRDKDDESKKQKKRGRPPAEKLSPNPPNLTKKMKKIVDAVIKYKDSSSGRQLSEVFIQLPSRKEL
PEYYELIRKPVDFKKIKERIRNHKYRSLNDLEKDVMLLCQNAQTFNLEGSLIYEDSIVLQSVFTSVRQKIEKEDDSEGEE
SEEEEEGEEEGSESESRSVKVKIKLGRKEKAQDRLKGGRRRPSRGSRAKPVVSDDDSEEEQEEDRSGSGSEED

SMARCA4_3 (277 aa欠損(527-804 aa)) (SEQ ID NO: 172)
MSTPDPPLGTPRPGPSPGPGPSPGAMLGPSPGPSPGSAHSMMGPSPGPPSAGHPIPTQGPGGYPQDNMHQMHKPMESMHE
KGMSDPRYNQMKGMGMRSGGHAGMGPPPSPMDQHSQGYPSPLGGSEHASSPVPASGPSSGPQMSSGPGGAPLDGADPQAL
GQQNRGPTPFNQNQLHQLRAQIMAYKMLARGQPLPDHLQMAVQGKRPMPGMQQQMPTLPPPSVSATGPGPGPGPGPGPGP
GPAPPNYSRPHGMGGPNMPPPGPSGVPPGMPGQPPGGPPKPWPEGPMANAAAPTSTPQKLIPPQPTGRPSPAPPAVPPAA
SPVMPPQTQSPGQPAQPAPMVPLHQKQSRITPIQKPRGLDPVEILQEREYRLQARIAHRIQELENLPGSLAGDLRTKATI
ELKALRLLNFQRQLRQEVVVCMRRDTALETALNAKAYKRSKRQSLREARITEKLEKQQKIEQERKRRQKHQEYLNSILQH
AKDFKEYHRSVTGKIQKLTKAVATYHANTEREQKKENERIEKERMRRLIIVPLSTLSNWAYEFDKWAPSVVKVSYKGSPA
ARRAFVPQLRSGKFNVLLTTYEYIIKDKHILAKIRWKYMIVDEGHRMKNHHCKLTQVLNTHYVAPRRLLLTGTPLQNKLP
ELWALLNFLLPTIFKSCSTFEQWFNAPFAMTGEKVDLNEEETILIIRRLHKVLRPFLLRRLKKEVEAQLPEKVEYVIKCD
MSALQRVLYRHMQAKGVLLTDGSEKDKKGKGGTKTLMNTIMQLRKICNHPYMFQHIEESFSEHLGFTGGIVQGLDLYRAS
GKFELLDRILPKLRATNHKVLLFCQMTSLMTIMEDYFAYRGFKYLRLDGTTKAEDRGMLLKTFNEPGSEYFIFLLSTRAG
GLGLNLQSADTVIIFDSDWNPHQDLQAQDRAHRIGQQNEVRVLRLCTVNSVEEKILAAAKYKLNVDQKVIQAGMFDQKSS
SHERRAFLQAILEHEEQDESRHCSTGSGSASFAHTAPPPAGVNPDLEEPPLKEEDEVPDDETVNQMIARHEEEFDLFMRM
DLDRRREEARNPKRKPRLMEEDELPSWIIKDDAEVERLTCEEEEEKMFGRGSRHRKEVDYSDSLTEKQWLKAIEEGTLEE
IEEEVRQKKSSRKRKRDSDAGSSTPTTSTRSRDKDDESKKQKKRGRPPAEKLSPNPPNLTKKMKKIVDAVIKYKDSSSGR
QLSEVFIQLPSRKELPEYYELIRKPVDFKKIKERIRNHKYRSLNDLEKDVMLLCQNAQTFNLEGSLIYEDSIVLQSVFTS
VRQKIEKEDDSEGEESEEEEEGEEEGSESESRSVKVKIKLGRKEKAQDRLKGGRRRPSRGSRAKPVVSDDDSEEEQEEDR
SGSGSEED

SMARCA4_4 (内部の296 aa欠損(1126-1422 aa)) (SEQ ID NO: 173)
MSTPDPPLGTPRPGPSPGPGPSPGAMLGPSPGPSPGSAHSMMGPSPGPPSAGHPIPTQGPGGYPQDNMHQMHKPMESMHE
KGMSDPRYNQMKGMGMRSGGHAGMGPPPSPMDQHSQGYPSPLGGSEHASSPVPASGPSSGPQMSSGPGGAPLDGADPQAL
GQQNRGPTPFNQNQLHQLRAQIMAYKMLARGQPLPDHLQMAVQGKRPMPGMQQQMPTLPPPSVSATGPGPGPGPGPGPGP
GPAPPNYSRPHGMGGPNMPPPGPSGVPPGMPGQPPGGPPKPWPEGPMANAAAPTSTPQKLIPPQPTGRPSPAPPAVPPAA
SPVMPPQTQSPGQPAQPAPMVPLHQKQSRITPIQKPRGLDPVEILQEREYRLQARIAHRIQELENLPGSLAGDLRTKATI
ELKALRLLNFQRQLRQEVVVCMRRDTALETALNAKAYKRSKRQSLREARITEKLEKQQKIEQERKRRQKHQEYLNSILQH
AKDFKEYHRSVTGKIQKLTKAVATYHANTEREQKKENERIEKERMRRLMAEDEEGYRKLIDQKKDKRLAYLLQQTDEYVA
NLTELVPQHKAAQVAKEKKKKKKKKKAENAEGQTPAIGPDGEPLDETSQMSDLPVKVIHVESGKILTGTDAPKAGQLEAW
LEMNPGYEVAPRSDSEESGSEEEEEEEEEEQPQAAQPPTLPVEEKKKIPDPDSDDVSEVDARHIIENAKQDVDDEYGVSQ
ALARGLQSYYAVAHAVTERVDKQSALMVNGVLKQYQIKGLEWLVSLYNNNLNGILADEMGLGKTIQTIALITYLMEHKRI
NGPFLIIVPLSTLSNWAYEFDKWAPSVVKVSYKGSPAARRAFVPQLRSGKFNVLLTTYEYIIKDKHILAKIRWKYMIVDE
GHRMKNHHCKLTQVLNTHYVAPRRLLLTGTPLQNKLPELWALLNFLLPTIFKSCSTFEQWFNAPFAMTGEKVDLNEEETI
LIIRRLHKVLRPFLLRRLKKEVEAQLPEKVEYVIKCDMSALQRVLYRHMQAKGVLLTDGSEKDKKGKGGTKTLMNTIMQL
RKICNHPYMFQHIEESFSEHLGFTGGIVQGLDLYRASGKFELLDRILPKLRATNHKVLLFCQMTSLMTIMEDYFAYRGFK
YLRLDGTTSTRSRDKDDESKKQKKRGRPPAEKLSPNPPNLTKKMKKIVDAVIKYKDSSSGRQLSEVFIQLPSRKELPEYY
ELIRKPVDFKKIKERIRNHKYRSLNDLEKDVMLLCQNAQTFNLEGSLIYEDSIVLQSVFTSVRQKIEKEDDSEGEESEEE
EEGEEEGSESESRSVKVKIKLGRKEKAQDRLKGGRRRPSRGSRAKPVVSDDDSEEEQEEDRSGSGSEED

SMARCA4_5（内部の209 aa欠損(198-407 aa)）(SEQ ID NO: 174)
MSTPDPPLGTPRPGPSPGPGPSPGAMLGPSPGPSPGSAHSMMGPSPGPPSAGHPIPTQGPGGYPQDNMHQMHKPMESMHE
KGMSDPRYNQMKGMGMRSGGHAGMGPPPSPMDQHSQGYPSPLGGSEHASSPVPASGPSSGPQMSSGPGGAPLDGADPQAL
GQQNRGPTPFNQNQLHQLRAQIMAYKMLARGQPLPDHLLNFQRQLRQEVVVCMRRDTALETALNAKAYKRSKRQSLREAR
ITEKLEKQQKIEQERKRRQKHQEYLNSILQHAKDFKEYHRSVTGKIQKLTKAVATYHANTEREQKKENERIEKERMRRLM
AEDEEGYRKLIDQKKDKRLAYLLQQTDEYVANLTELVPQHKAAQVAKEKKKKKKKKKAENAEGQTPAIGPDGEPLDETSQ
MSDLPVKVIHVESGKILTGTDAPKAGQLEAWLEMNPGYEVAPRSDSEESGSEEEEEEEEEEQPQAAQPPTLPVEEKKKIP
DPDSDDVSEVDARHIIENAKQDVDDEYGVSQALARGLQSYYAVAHAVTERVDKQSALMVNGVLKQYQIKGLEWLVSLYNN
NLNGILADEMGLGKTIQTIALITYLMEHKRINGPFLIIVPLSTLSNWAYEFDKWAPSVVKVSYKGSPAARRAFVPQLRSG
KFNVLLTTYEYIIKDKHILAKIRWKYMIVDEGHRMKNHHCKLTQVLNTHYVAPRRLLLTGTPLQNKLPELWALLNFLLPT
IFKSCSTFEQWFNAPFAMTGEKVDLNEEETILIIRRLHKVLRPFLLRRLKKEVEAQLPEKVEYVIKCDMSALQRVLYRHM
QAKGVLLTDGSEKDKKGKGGTKTLMNTIMQLRKICNHPYMFQHIEESFSEHLGFTGGIVQGLDLYRASGKFELLDRILPK
LRATNHKVLLFCQMTSLMTIMEDYFAYRGFKYLRLDGTTKAEDRGMLLKTFNEPGSEYFIFLLSTRAGGLGLNLQSADTV
IIFDSDWNPHQDLQAQDRAHRIGQQNEVRVLRLCTVNSVEEKILAAAKYKLNVDQKVIQAGMFDQKSSSHERRAFLQAIL
EHEEQDESRHCSTGSGSASFAHTAPPPAGVNPDLEEPPLKEEDEVPDDETVNQMIARHEEEFDLFMRMDLDRRREEARNP
KRKPRLMEEDELPSWIIKDDAEVERLTCEEEEEKMFGRGSRHRKEVDYSDSLTEKQWLKAIEEGTLEEIEEEVRQKKSSR
KRKRDSDAGSSTPTTSTRSRDKDDESKKQKKRGRPPAEKLSPNPPNLTKKMKKIVDAVIKYKDSSSGRQLSEVFIQLPSR
KELPEYYELIRKPVDFKKIKERIRNHKYRSLNDLEKDVMLLCQNAQTFNLEGSLIYEDSIVLQSVFTSVRQKIEKEDDSE
GEESEEEEEGEEEGSESESRSVKVKIKLGRKEKAQDRLKGGRRRPSRGSRAKPVVSDDDSEEEQEEDRSGSGSEED

SMARCA4_6（内部の259 aa欠損(203-462 aa)）(SEQ ID NO: 175)
MSTPDPPLGTPRPGPSPGPGPSPGAMLGPSPGPSPGSAHSMMGPSPGPPSAGHPIPTQGPGGYPQDNMHQMHKPMESMHE
KGMSDPRYNQMKGMGMRSGGHAGMGPPPSPMDQHSQGYPSPLGGSEHASSPVPASGPSSGPQMSSGPGGAPLDGADPQAL
GQQNRGPTPFNQNQLHQLRAQIMAYKMLARGQPLPDHLQMAVQERKRRQKHQEYLNSILQHAKDFKEYHRSVTGKIQKLT
KAVATYHANTEREQKKENERIEKERMRRLMAEDEEGYRKLIDQKKDKRLAYLLQQTDEYVANLTELVPQHKAAQVAKEKK
KKKKKKKAENAEGQTPAIGPDGEPLDETSQMSDLPVKVIHVESGKILTGTDAPKAGQLEAWLEMNPGYEVAPRSDSEESG
SEEEEEEEEEEQPQAAQPPTLPVEEKKKIPDPDSDDVSEVDARHIIENAKQDVDDEYGVSQALARGLQSYYAVAHAVTER
VDKQSALMVNGVLKQYQIKGLEWLVSLYNNNLNGILADEMGLGKTIQTIALITYLMEHKRINGPFLIIVPLSTLSNWAYE
FDKWAPSVVKVSYKGSPAARRAFVPQLRSGKFNVLLTTYEYIIKDKHILAKIRWKYMIVDEGHRMKNHHCKLTQVLNTHY
VAPRRLLLTGTPLQNKLPELWALLNFLLPTIFKSCSTFEQWFNAPFAMTGEKVDLNEEETILIIRRLHKVLRPFLLRRLK
KEVEAQLPEKVEYVIKCDMSALQRVLYRHMQAKGVLLTDGSEKDKKGKGGTKTLMNTIMQLRKICNHPYMFQHIEESFSE
HLGFTGGIVQGLDLYRASGKFELLDRILPKLRATNHKVLLFCQMTSLMTIMEDYFAYRGFKYLRLDGTTKAEDRGMLLKT
FNEPGSEYFIFLLSTRAGGLGLNLQSADTVIIFDSDWNPHQDLQAQDRAHRIGQQNEVRVLRLCTVNSVEEKILAAAKYK
LNVDQKVIQAGMFDQKSSSHERRAFLQAILEHEEQDESRHCSTGSGSASFAHTAPPPAGVNPDLEEPPLKEEDEVPDDET
VNQMIARHEEEFDLFMRMDLDRRREEARNPKRKPRLMEEDELPSWIIKDDAEVERLTCEEEEEKMFGRGSRHRKEVDYSD
SLTEKQWLKAIEEGTLEEIEEEVRQKKSSRKRKRDSDAGSSTPTTSTRSRDKDDESKKQKKRGRPPAEKLSPNPPNLTKK
MKKIVDAVIKYKDSSSGRQLSEVFIQLPSRKELPEYYELIRKPVDFKKIKERIRNHKYRSLNDLEKDVMLLCQNAQTFNL
EGSLIYEDSIVLQSVFTSVRQKIEKEDDSEGEESEEEEEGEEEGSESESRSVKVKIKLGRKEKAQDRLKGGRRRPSRGSR
AKPVVSDDDSEEEQEEDRSGSGSEED

SMARCA4_7（AB209313; 1183 aaの後に異なるC末端）(SEQ ID NO: 176)
MSTPDPPLGTPRPGPSPGPGPSPGAMLGPSPGPSPGSAHSMMGPSPGPPSAGHPIPTQGPGGYPQDNMHQMHKPMESMHE
KGMSDPRYNQMKGMGMRSGGHAGMGPPPSPMDQHSQGYPSPLGGSEHASSPVPASGPSSGPQMSSGPGGAPLDGADPQAL
GQQNRGPTPFNQNQLHQLRAQIMAYKMLARGQPLPDHLQMAVQGKRPMPGMQQQMPTLPPPSVSATGPGPGPGPGPGPGP
GPAPPNYSRPHGMGGPNMPPPGPSGVPPGMPGQPPGGPPKPWPEGPMANAAAPTSTPQKLIPPQPTGRPSPAPPAVPPAA
SPVMPPQTQSPGQPAQPAPMVPLHQKQSRITPIQKPRGLDPVEILQEREYRLQARIAHRIQELENLPGSLAGDLRTKATI
ELKALRLLNFQRQLRQEVVVCMRRDTALETALNAKAYKRSKRQSLREARITEKLEKQQKIEQERKRRQKHQEYLNSILQH
AKDFKEYHRSVTGKIQKLTKAVATYHANTEREQKKENERIEKERMRRLMAEDEEGYRKLIDQKKDKRLAYLLQQTDEYVA

NLTELVPQHKAAQVAKEKKKKKKKKKAENAEGQTPAIGPDGEPLDETSQMSDLPVKVIHVESGKILTGTDAPKAGQLEAW
LEMNPGYEVAPRSDSEESGSEEEEEEEEEEQPQAAQPPTLPVEEKKKIPDPDSDDVSEVDARHIIENAKQDVDDEYGVSQ
ALARGLQSYYAVAHAVTERVDKQSALMVNGVLKQYQIKGLEWLVSLYNNNLNGILADEMGLGKTIQTIALITYLMEHKRI
NGPFLIIVPLSTLSNWAYEFDKWAPSVVKVSYKGSPAARRAFVPQLRSGKFNVLLTTYEYIIKDKHILAKIRWKYMIVDE
GHRMKNHHCKLTQVLNTHYVAPRRLLLTGTPLQNKLPELWALLNFLLPTIFKSCSTFEQWFNAPFAMTGEKVDLNEEETI
LIIRRLHKVLRPFLLRRLKKEVEAQLPEKVEYVIKCDMSALQRVLYRHMQAKGVLLTDGSEKDKKGKGGTKTLMNTIMQL
RKICNHPYMFQHIEESFSEHLGFTGGIVQGLDLYRASGKFELLDRILPKLRATNHKVLLFCQMTSLMTIMEDYFAYRGFK
YLRLDGTTKAEDRGMLLKTFNEPGSEYFIFLLSTRAGGLGLNLQSADTVIIFDSDWNPHQVKAGRAPGRGEGRGCLQNLE
ETALA*

SMARCC2 (ID: Q8TAQ2)

SMARCC2_1 (内部の495 aa欠損(41-536 aa) + 31 aa欠損(551-582 aa)) (SEQ ID NO: 177)
MAVRKKDGGPNVKYYEAADTVTQFDNVRLWLGKNYKKYIQADTPSGLVPLQPKTPQQTSASQQMLNFPDKGKEKPTDMQN
FGLRTDMYTKKNVPSKSKAAASATREWTEQETLLLLEALEMYKDDWNKVSEHVGSRTQDECILHFLRLPIEDPYLEDSEA
SLGPLAYQPIPFSQSGNPVMSTVAFLASVVDPRVASAAAKSALEEFSKMKEEVPTALVEAHVRKVEEAAKVTGKADPAFG
LESSGIAGTTSDEPERIEESGNDEARVEGQATDEKKEPKEPREGGGAIEEEAKEKTSEAPKKDEEKGKEGDSEKESEKSD
GDPIVDPEKEKEPKEGQEEVLKEVVESEGERKTKVERDIGEGNLSTAAAAALAAAAVKAKHLAAVEERKIKSLVALLVET
QMKKLEIKLRHFEELETIMDREREALEYQRQQLLADRQAFHMEQLKYAEMRARQQHFQQMHQQQQQPPPALPPGSQPIPP
TGAAGPPAVHGLAVAPASVVPAPAGSGAPPGSLGPSEQIGQAGSTAGPQQQQPAGAPQPGAVPPGVPPPGPHGPSPFPNQ
QTPPSMMPGAVPGSGHPGVAGNAPLGLPFGMPPPPPPPAPSIIPFGSLADSISINLPAPPNLHGHHHHLPFAPGTLPPPN
LPVSMANPLHPNLPATTTMPSSLPLGPGLGSAAAQSPAIVAAVQGNLLPSASPLPDPGTPLPPDPTAPSPGTVTPVPPPQ

SMARCC2_2 (内部の449 aa欠損(103-552 aa)) (SEQ ID NO: 178)
MAVRKKDGGPNVKYYEAADTVTQFDNVRLWLGKNYKKYIQAEPPTNKSLSSLVVQLLQFQEEVFGKHVSNAPLTKLPIKC
FLDFKAGGSLCHILAAAYKFKSDQVDADTKAGRKGKELDDLVPETAKGKPELQTSASQQMLNFPDKGKEKPTDMQNFGLR
TDMYTKKNVPSKSKAAASATREWTEQETLLLLEALEMYKDDWNKVSEHVGSRTQDECILHFLRLPIEDPYLEDSEASLGP
LAYQPIPFSQSGNPVMSTVAFLASVVDPRVASAAAKSALEEFSKMKEEVPTALVEAHVRKVEEAAKVTGKADPAFGLESS
GIAGTTSDEPERIEESGNDEARVEGQATDEKKEPKEPREGGGAIEEEAKEKTSEAPKKDEEKGKEGDSEKESEKSDGDPI
VDPEKEKEPKEGQEEVLKEVVESEGERKTKVERDIGEGNLSTAAAAALAAAAVKAKHLAAVEERKIKSLVALLVETQMKK
LEIKLRHFEELETIMDREREALEYQRQQLLADRQAFHMEQLKYAEMRARQQHFQQMHQQQQQPPPALPPGSQPIPPTGAA
GPPAVHGLAVAPASVVPAPAGSGAPPGSLGPSEQIGQAGSTAGPQQQQPAGAPQPGAVPPGVPPPGPHGPSPFPNQQTPP
SMMPGAVPGSGHPGVAGNAPLGLPFGMPPPPPPPAPSIIPFGSLADSISINLPAPPNLHGHHHHLPFAPGTLPPPNLPVS
MANPLHPNLPATTTMPSSLPLGPGLGSAAAQSPAIVAAVQGNLLPSASPLPDPGTPLPPDPTAPSPGTVTPVPPPQ

SMARCC2_3 (NM_003075.2; 31 aa欠損(551-582 aa)) (SEQ ID NO: 179)
MAVRKKDGGPNVKYYEAADTVTQFDNVRLWLGKNYKKYIQAEPPTNKSLSSLVVQLLQFQEEVFGKHVSNAPLTKLPIKC
FLDFKAGGSLCHILAAAYKFKSDQGWRRYDFQNPSRMDRNVEMFMTIEKSLVQNNCLSRPNIFLCPEIEPKLLGKLKDII
KRHQGTVTEDKNNASHVVYPVPGNLEEEEWVRPVMKRDKQVLLHWGYYPDSYDTWIPASEIEASVEDAPTPEKPRKVHAK
WILDTDTFNEWMNEEDYEVNDDKNPVSRRKKISAKTLTDEVNSPDSDRRDKKGGNYKKRKRSPSPSPTPEAKKKNAKKGP
STPYTKSKRGHREEEQEDLTKDMDEPSPVPNVEEVTLPKTVNTKKDSESAPVKGGTMTDLDEQEDESMETTGKDEDENST
GNKGEQTKNPDLHEDNVTEQTHHIIIPSYAAWFDYNSVHAIERRALPEFFNGKNKSKTPEIYLAYRNFMIDTYRLNPQEY
LTSTACRRNLAGDVCAIMRVHAFLEQWGLINYQVDAESRPTPMGPPPTSHFHVLADTPSGLVPLQPKTPQQTSASQQMLN
FPDKGKEKPTDMQNFGLRTDMYTKKNVPSKSKAAASATREWTEQETLLLLEALEMYKDDWNKVSEHVGSRTQDECILHFL
RLPIEDPYLEDSEASLGPLAYQPIPFSQSGNPVMSTVAFLASVVDPRVASAAAKSALEEFSKMKEEVPTALVEAHVRKVE
EAAKVTGKADPAFGLESSGIAGTTSDEPERIEESGNDEARVEGQATDEKKEPKEPREGGGAIEEEAKEKTSEAPKKDEEK
GKEGDSEKESEKSDGDPIVDPEKEKEPKEGQEEVLKEVVESEGERKTKVERDIGEGNLSTAAAAALAAAAVKAKHLAAVE
ERKIKSLVALLVETQMKKLEIKLRHFEELETIMDREREALEYQRQQLLADRQAFHMEQLKYAEMRARQQHFQQMHQQQQQ
PPPALPPGSQPIPPTGAAGPPAVHGLAVAPASVVPAPAGSGAPPGSLGPSEQIGQAGSTAGPQQQQPAGAPQPGAVPPGV
PPPGPHGPSPFPNQQTPPSMMPGAVPGSGHPGVAGNAPLGLPFGMPPPPPPPAPSIIPFGSLADSISINLPAPPNLHGHH

HHLPFAPGTLPPPNLPVSMANPLHPNLPATTTMPSSLPLGPGLGSAAAQSPAIVAAVQGNLLPSASPLPDPGTPLPPDPT
APSPGTVTPVPPPQ

SMARCC2_4（1105 aaの後に余剰の82 aa，1090 aaの後に異なる16 aa）（SEQ ID NO: 180）
MAVRKKDGGPNVKYYEAADTVTQFDNVRLWLGKNYKKYIQAEPPTNKSLSSLVVQLLQFQEEVFGKHVSNAPLTKLPIKC
FLDFKAGGSLCHILAAAYKFKSDQGWRRYDFQNPSRMDRNVEMFMTIEKSLVQNNCLSRPNIFLCPEIEPKLLGKLKDII
KRHQGTVTEDKNNASHVVYPVPGNLEEEEWVRPVMKRDKQVLLHWGYYPDSYDTWIPASEIEASVEDAPTPEKPRKVHAK
WILDTDTFNEWMNEEDYEVNDDKNPVSRRKKISAKTLTDEVNSPDSDRRDKKGGNYKKRKRSPSPSPTPEAKKKNAKKGP
STPYTKSKRGHREEEQEDLTKDMDEPSPVPNVEEVTLPKTVNTKKDSESAPVKGGTMTDLDEQEDESMETTGKDEDENST
GNKGEQTKNPDLHEDNVTEQTHHIIIPSYAAWFDYNSVHAIERRALPEFFNGKNKSKTPEIYLAYRNFMIDTYRLNPQEY
LTSTACRRNLAGDVCAIMRVHAFLEQWGLINYQVDAESRPTPMGPPPTSHFHVLADTPSGLVPLQPKTPQQTSASQQMLN
FPDKGKEKPTDMQNFGLRTDMYTKKNVPSKSKAAASATREWTEQETLLLLEALEMYKDDWNKVSEHVGSRTQDECILHFL
RLPIEDPYLEDSEASLGPLAYQPIPFSQSGNPVMSTVAFLASVVDPRVASAAAKSALEEFSKMKEEVPTALVEAHVRKVE
EAAKVTGKADPAFGLESSGIAGTTSDEPERIEESGNDEARVEGQATDEKKEPKEPREGGGAIEEEAKEKTSEAPKKDEEK
GKEGDSEKESEKSDGDPIVDPEKEKEPKEGQEEEVLKEVVESEGERKTKVERDIGEGNLSTAAAAALAAAAVKAKHLAAVE
ERKIKSLVALLVETQMKKLEIKLRHFEELETIMDREREALEYQRQQLLADRQAFHMEQLKYAEMRARQQHFQQMHQQQQQ
PPPALPPGSQPIPPTGAAGPPAVHGLAVAPASVVPAPAGSGAPPGSLGPSEQIGQAGSTAGPQQQQPAGAPQPGAVPPGV
PPPGPHGPSPFPNQQTPPPAPSIIPFGSLADSISINLPAPPNLHGHHHHLPFAPGTLPPPNLPVSMANPLHPNLPATTTM
PSSLPLGPGLGSAAAQSPAIVAAVQGNLLPSASPLPDPGTPLPPDPTAPSPGTVTPVPPPQ*

SMARCC2_5（内部の31 aa欠損(550-581 aa)，621 aaの後に異なる配列，より短いタンパク質（634 aa））（SEQ ID NO: 181）
MAVRKKDGGPNVKYYEAADTVTQFDNVRLWLGKNYKKYIQAEPPTNKSLSSLVVQLLQFQEEVFGKHVSNAPLTKLPIKC
FLDFKAGGSLCHILAAAYKFKSDQGWRRYDFQNPSRMDRNVEMFMTIEKSLVQNNCLSRPNIFLCPEIEPKLLGKLKDII
KRHQGTVTEDKNNASHVVYPVPGNLEEEEWVRPVMKRDKQVLLHWGYYPDSYDTWIPASEIEASVEDAPTPEKPRKVHAK
WILDTDTFNEWMNEEDYEVNDDKNPVSRRKKISAKTLTDEVNSPDSDRRDKKGGNYKKRKRSPSPSPTPEAKKKNAKKGP
STPYTKSKRGHREEEQEDLTKDMDEPSPVPNVEEVTLPKTVNTKKDSESAPVKGGTMTDLDEQEDESMETTGKDEDENST
GNKGEQTKNPDLHEDNVTEQTHHIIIPSYAAWFDYNSVHAIERRALPEFFNGKNKSKTPEIYLAYRNFMIDTYRLNPQEY
LTSTACRRNLAGDVCAIMRVHAFLEQWGLINYQVDAESRPTPMGPPPTSHFHVLADTPSGLVPLQPKTPQQTSASQQMLN
FPDKGKEKPTDMQNFGLRTDMYTKKNVPSKLLHFLWIKKKKKK*

SMARCC2_6（内部の105 aa欠損(1090-1195 aa）（SEQ ID NO: 182）
MAVRKKDGGPNVKYYEAADTVTQFDNVRLWLGKNYKKYIQAEPPTNKSLSSLVVQLLQFQEEVFGKHVSNAPLTKLPIKC
FLDFKAGGSLCHILAAAYKFKSDQGWRRYDFQNPSRMDRNVEMFMTIEKSLVQNNCLSRPNIFLCPEIEPKLLGKLKDII
KRHQGTVTEDKNNASHVVYPVPGNLEEEEWVRPVMKRDKQVLLHWGYYPDSYDTWIPASEIEASVEDAPTPEKPRKVHAK
WILDTDTFNEWMNEEDYEVNDDKNPVSRRKKISAKTLTDEVNSPDSDRRDKKGGNYKKRKRSPSPSPTPEAKKKNAKKGP
STPYTKSKRGHREEEQEDLTKDMDEPSPVPNVEEVTLPKTVNTKKDSESAPVKGGTMTDLDEQEDESMETTGKDEDENST
GNKGEQTKNPDLHEDNVTEQTHHIIIPSYAAWFDYNSVHAIERRALPEFFNGKNKSKTPEIYLAYRNFMIDTYRLNPQEY
LTSTACRRNLAGDVCAIMRVHAFLEQWGLINYQVDAESRPTPMGPPPTSHFHVLADTPSGLVPLQPKTPQQTSASQQMLN
FPDKGKEKPTDMQNFGLRTDMYTKKNVPSKSKAAASATREWTEQETLLLLEALEMYKDDWNKVSEHVGSRTQDECILHFL
RLPIEDPYLEDSEASLGPLAYQPIPFSQSGNPVMSTVAFLASVVDPRVASAAAKSALEEFSKMKEEVPTALVEAHVRKVE
EAAKVTGKADPAFGLESSGIAGTTSDEPERIEESGNDEARVEGQATDEKKEPKEPREGGGAIEEEAKEKTSEAPKKDEEK
GKEGDSEKESEKSDGDPIVDPEKEKEPKEGQEEEVLKEVVESEGERKTKVERDIGEGNLSTAAAAALAAAAVKAKHLAAVE
ERKIKSLVALLVETQMKKLEIKLRHFEELETIMDREREALEYQRQQLLADRQAFHMEQLKYAEMRARQQHFQQMHQQQQQ
PPPALPPGSQPIPPTGAAGPPAVHGLAVAPASVVPAPAGSGAPPGSLGPSEQIGQAGSTAGPQQQQPAGAPQPGAVPPGV
PPPGPHGPSPFPNQQTPPSMMPGAVPGSGHPGVAGNAPLGLPFGMPPPPPPPDPTAPSPGTVTPVPPPQ*

SMARCC2_7（内部の25 aa欠損(1088-1113 aa)）（SEQ ID NO: 183）
MAVRKKDGGPNVKYYEAADTVTQFDNVRLWLGKNYKKYIQAEPPTNKSLSSLVVQLLQFQEEVFGKHVSNAPLTKLPIKC
FLDFKAGGSLCHILAAAYKFKSDQGWRRYDFQNPSRMDRNVEMFMTIEKSLVQNNCLSRPNIFLCPEIEPKLLGKLKDII

KRHQGTVTEDKNNASHVVYPVPGNLEEEEWVRPVMKRDKQVLLHWGYYPDSYDTWIPASEIEASVEDAPTPEKPRKVHAK
WILDTDTFNEWMNEEDYEVNDDKNPVSRRKKISAKTLTDEVNSPDSDRRDKKGGNYKKRKRSPSPSPTPEAKKKNAKKGP
STPYTKSKRGHREEEQEDLTKDMDEPSPVPNVEEVTLPKTVNTKKDSESAPVKGGTMTDLDEQEDESMETTGKDEDENST
GNKGEQTKNPDLHEDNVTEQTHHIIIPSYAAWFDYNSVHAIERRALPEFFNGKNKSKTPEIYLAYRNFMIDTYRLNPQEY
LTSTACRRNLAGDVCAIMRVHAFLEQWGLINYQVDAESRPTPMGPPPTSHFHVLADTPSGLVPLQPKTPQQTSASQQMLN
FPDKGKEKPTDMQNFGLRTDMYTKKNVPSKSKAAASATREWTEQETLLLLEALEMYKDDWNKVSEHVGSRTQDECILHFL
RLPIEDPYLEDSEASLGPLAYQPIPFSQSGNPVMSTVAFLASVVDPRVASAAAKSALEEFSKMKEEVPTALVEAHVRKVE
EAAKVTGKADPAFGLESSGIAGTTSDEPERIEESGNDEARVEGQATDEKKEPKEPREGGGAIEEEAKEKTSEAPKKDEEK
GKEGDSEKESEKSDGDPIVDPEKEKEPKEGQEEVLKEVVESEGERKTKVERDIGEGNLSTAAAAALAAAAVKAKHLAAVE
ERKIKSLVALLVETQMKKLEIKLRHFEELETIMDREREALEYQRQQLLADRQAFHMEQLKYAEMRARQQHFQQMHQQQQQ
PPPALPPGSQPIPPTGAAGPPAVHGLAVAPASVVPAPAGSGAPPGSLGPSEQIGQAGSTAGPQQQQPAGAPQPGAVPPGV
PPPGPHGPSPFPNQQTPPSMMPGAVPGSGHPGVAGNAPLGLPFGMPPPPNLHGHHHHLPFAPGTLPPPNLPVSMANPLHP
NLPATTTMPSSLPLGPGLGSAAAQSPAIVAAVQGNLLPSASPLPDPGTPLPPDPTAPSPGTVTPVPPPQ*

SMARCC2_8 (NM_003075) (SEQ ID NO: 184)
MAVRKKDGGPNVKYYEAADTVTQFDNVRLWLGKNYKKYIQAEPPTNKSLSSLVVQLLQFQEEVFGKHVSNAPLTKLPIKC
FLDFKAGGSLCHILAAAYKFKSDQGWRRYDFQNPSRMDRNVEMFMTIEKSLVQNNCLSRPNIFLCPEIEPKLLGKLKDII
KRHQGTVTEDKNNASHVVYPVPGNLEEEEWVRPVMKRDKQVLLHWGYYPDSYDTWIPASEIEASVEDAPTPEKPRKVHAK
WILDTDTFNEWMNEEDYEVNDDKNPVSRRKKISAKTLTDEVNSPDSDRRDKKGGNYKKRKRSPSPSPTPEAKKKNAKKGP
STPYTKSKRGHREEEQEDLTKDMDEPSPVPNVEEVTLPKTVNTKKDSESAPVKGGTMTDLDEQEDESMETTGKDEDENST
GNKGEQTKNPDLHEDNVTEQTHHIIIPSYAAWFDYNSVHAIERRALPEFFNGKNKSKTPEIYLAYRNFMIDTYRLNPQEY
LTSTACRRNLAGDVCAIMRVHAFLEQWGLINYQVDAESRPTPMGPPPTSHFHVLADTPSGLVPLQPKTPQQTSASQQMLN
FPDKGKEKPTDMQNFGLRTDMYTKKNVPSKSKAAASATREWTEQETLLLLEALEMYKDDWNKVSEHVGSRTQDECILHFL
RLPIEDPYLEDSEASLGPLAYQPIPFSQSGNPVMSTVAFLASVVDPRVASAAAKSALEEFSKMKEEVPTALVEAHVRKVE
EAAKVTGKADPAFGLESSGIAGTTSDEPERIEESGNDEARVEGQATDEKKEPKEPREGGGAIEEEAKEKTSEAPKKDEEK
GKEGDSEKESEKSDGDPIVDPEKEKEPKEGQEEVLKEVVESEGERKTKVERDIGEGNLSTAAAAALAAAAVKAKHLAAVE
ERKIKSLVALLVETQMKKLEIKLRHFEELETIMDREREALEYQRQQLLADRQAFHMEQLKYAEMRARQQHFQQMHQQQQQ
PPPALPPGSQPIPPTGAAGPPAVHGLAVAPASVVPAPAGSGAPPGSLGPSEQIGQAGSTAGPQQQQPAGAPQPGAVPPGV
PPPGPHGPSPFPNQQTPPSMMPGAVPGSGHPGVAGNAPLGLPFGMPPPPPPPAPSIIPFGSLADSISINLPAPPNLHGHH
HHLPFAPGTLPPPNLPVSMANPLHPNLPATTTMPSSLPLGPGLGSAAAQSPAIVAAVQGNLLPSASPLPDPGTPLPPDPT
APSPGTVTPVPPPQ*

SMARCD1 (ID: Q96GM5)

SMARCD1_1 (DA534102; 23 aa短いN末端) (SEQ ID NO: 185)
MLPGSRMTPQGPSMGPPGYGGNPSVRPGLAQSGMDQSRKRPAPQQIQQVQQQAVQNRNHNAKKKKMADKILPQRIRELVP
ESQAYMDLLAFERKLDQTIMRKRLDIQEALKRPIKQKRKLRIFISNTFNPAKSDAEDGEGTVASWELRVEGRLLEDSALS
KYDATKQKRKFSSFFKSLVIELDKDLYGPDNHLVEWHRTATTQETDGFQVKRPGDVNVRCTVLLMLDYQPPQFKLDPRLA
RLLGIHTQTRPVIIQALWQYIKTHKLQDPHEREFVICDKYLQQIFESQRMKFSEIPQRLHALLMPPEPIIINHVISVDPN
DQKKTACYDIDVEVDDTLKTQMNSFLLSTASQQEIATLDNKIHETIETINQLKTQREFMLSFARDPQGFINDWLQSQCRD
LKTMTDVVGNPEEERRAEFYFQPWAQEAVCRYFYSKVQQRRQELEQALGIRNT

SMARCD1_2 (AL540421; 内部の80 aa欠損(178-258 aa)) (SEQ ID NO: 186)
MAARAGFQSVAPSGGAGASGGAGAAAALGPGGTPGPPVRMGPAPGQGLYRSPMPGAAYPRPGMLPGSRMTPQGPSMGPPG
YGGNPSVRPGLAQSGMDQSRKRPAPQQIQQVQQQAVQNRNHNAKKKKMADKILPQRIRELVPESQAYMDLLAFERKLDQT
IMRKRLDIQEALKRPIKWHRTATTQETDGFQVKRPGDVNVRCTVLLMLDYQPPQFKLDPRLARLLGIHTQTRPVIIQALW
QYIKTHKLQDPHEREFVICDKYLQQIFESQRMKFSEIPQRLHALLMPPEPIIINHVISVDPNDQKKTACYDIDVEVDDTL
KTQMNSFLLSTASQQEIATLDNKIHETIETINQLKTQREFMLSFARDPQGFINDWLQSQCRDLKTMTDVVGNPEEERRAE
FYFQPWAQEAVCRYFYSKVQQRRQELEQALGIRNT

SMARCD1_3 (BX384720; 内部の41 aa欠損(139-180 aa) (SEQ ID NO: 187)
MAARAGFQSVAPSGGAGASGGAGAAAALGPGGTPGPPVRMGPAPGQGLYRSPMPGAAYPRPGMLPGSRMTPQGPSMGPPG
YGGNPSVRPGLAQSGMDQSRKRPAPQQIQQVQQQAVQNRNHNAKKKKMADKILPQRIRELVPESQAYMDLLAFERKLDQT
IMRKRLDIQEALKRPIKSALSKYDATKQKRKFSSFFKSLVIELDKDLYGPDNHLVEWHRTATTQETDGFQVKRPGDVNVR
CTVLLMLDYQPPQFKLDPRLARLLGIHTQTRPVIIQALWQYIKTHKLQDPHEREFVICDKYLQQIFESQRMKFSEIPQRL
HALLMPPEPIIINHVISVDPNDQKKTACYDIDVEVDDTLKTQMNSFLLSTASQQEIATLDNKIHETIETINQLKTQREFM
LSFARDPQGFINDWLQSQCRDLKTMTDVVGNPEEERRAEFYFQPWAQEAVCRYFYSKVQQRRQELEQALGIRNT

SMARCD2 (ID: Q92925)

SMARCD2_1 (213 aaのタンパク質, 178 aaの後に異なる配列) (SEQ ID NO: 188)
MSPGNRMPMARLAGGTPCWLPIWCSSSASTWHPTHHDGSIPKTPACAPAQPPMPAQRRGLKRRKMADKVLPQRIRELVPE
SQAYMDLLAFERKLDQTIARKRMEIQEAIKKPLTQKRKLRIYISNTFSPSKAEGDSAGTAGTPGGTPAGDKVASWELRVE
GKLLDDPSKQKRKFSSFFSFLNLCKRLWPPSSPGMPEGCLSSGLGRGGDTPVL*

SMARCD2_2 (261 aaのタンパク質, 168 aaの後に異なる配列) (SEQ ID NO: 189)
MSPGNRMPMARLAGGTPCWLPIWCSSSASTWHPTHHDGSIPKTPACAPAQPPMPAQRRGLKRRKMADKVLPQRIRELVPE
SQAYMDLLAFERKLDQTIARKRMEIQEAIKKPLTQKRKLRIYISNTFSPSKAEGDSAGTAGTPGGTPAGDKVASWELRVE
GKLLDDPSLSKPKFFAIPTSPALLLVFSFPLGICTILGASFLCGSHFFCTGVSWGFSGSLLGASFFSFLNLCKRLWPPSS
PGMPEGCLSSGLGRGGDTPVL*

SMARCD2_3 (153 aaのタンパク質, 146 aaの後に異なる配列) (SEQ ID NO: 190)
MSPGNRMPMARLAGGTPCWLPIWCSSSASTWHPTHHDGSIPKTPACAPAQPPMPAQRRGLKRRKMADKVLPQRIRELVPE
SQAYMDLLAFERKLDQTIARKRMEIQEAIKKPLTQKRKLRIYISNTFSPSKAEGDSAGTAGTPGGTHVEARVR*

SMARCD2_4 (207 aaのタンパク質, 149 aaの後に異なる配列) (SEQ ID NO: 191)
MSPGNRMPMARLAGGTPCWLPIWCSSSASTWHPTHHDGSIPKTPACAPAQPPMPAQRRGLKRRKMADKVLPQRIRELVPE
SQAYMDLLAFERKLDQTIARKRMEIQEAIKKPLTQKRKLRIYISNTFSPSKAEGDSAGTAGTPGGTPAGEPVRCLLLFFP
QSMQAALAAIISWDARGLPLQRLGPGRGHSSSLAWPEVWGMCMWRPG*

SMARCD2_5 (内部の328 aa欠損(71-399 aa)) (SEQ ID NO: 192)
MLPGPALRGPGPAQYQRPGMSPGNRMPMARLAGGTPCWLPIWCSSSASTWHPTHHDGSIPKTPACAPAQPPMPAQRRGLK
RRKMADKVLPQRRDLKIITDVIGNPEEERRAAFYHQPWAQEAVGRHIFAKVQQRRQELEQVLGIRLT*

SMARCD2_6 (148 aaのタンパク質, 69 aaの後に異なる配列) (SEQ ID NO: 193)
MLPGPALRGPGPAQYQRPGMSPGNRMPMARLAGGTPCWLPIWCSSSASTWHPTHHDGSIPKTPACAPAQPPMPAQRRGLK
RRKMADKVFREPVRCLLLFFPQSMQAALAAIISWDARGLPLQRLGPGRGHSSSLAWPEVWGMCMWRPG*

SMARCD3 (ID: Q6STE5)

SMARCD3_1 (426 aaのタンパク質, 413 aaの後に異なる配列) (SEQ ID NO: 194)
MAADEVAGGARKATKSKLFEFLVHGVRPGMPSGARMPHQGAPMGPPGSPYMGSPAVRPGLAPAGMEPARKRAAPPPGQSQ
AQSQGQPVPTAPARSRSAKRRKMADKILPQRIRELVPESQAYMDLLAFERKLDQTIMRKRVDIQEALKRPMKQKRKLRLY
ISNTFNPAKPDAEDSDGSIASWELRVEGKLLDDPSKQKRKFSSFFKSLVIELDKDLYGPDNHLVEWHRTPTTQETDGFQV
KRPGDLSVRCTLLLMLDYQPPQFKLDPRLARLLGLHTQSRSAIVQALWQYVKTNRLQDSHDKEYINGDKYFQQIFDCPRL
KFSEIPQRLTALLLPPDPIVINHVISVDPSDQKKTACYDIDVEVEEPLKGQMSSFLLSTANQQEISALDSKIHETIESIN
QLKIQRDFMLSFSSITPLPPWGVGLD*

SMARCD3_2 (451 aaのタンパク質, 432 aaの後に異なる配列) (SEQ ID NO: 195)
MAADEVAGGARKATKSKLFEFLVHGVRPGMPSGARMPHQGAPMGPPGSPYMGSPAVRPGLAPAGMEPARKRAAPPPGQSQ

AQSQGQPVPTAPARSRSAKRRKMADKILPQRIRELVPESQAYMDLLAFERKLDQTIMRRVDIQEALKRPMKQKRKLRLYI
SNTFNPAKPDAEDSDGSIASWELRVEGKLLDDPSKQKRKFSSFFKSLVIELDKDLYGPDNHLVEWHRTPTTQETDGFQVK
RPGDLSVRCTLLLMLDYQPPQFKLDPRLARLLGLHTQSRSAIVQALWQYVKTNRLQDSHDKEYINGDKYFQQIFDCPRLK
FSEIPQRLTALLLPPDPIVINHVISVDPSDQKKTACYDIDVEVEEPLKGQMSSFLLSTANQQEISALDSKIHETIESINQ
LKIQRDFMLSFSRDPKGYVQDLLRSQSRDLKVKRETQGVQNTDTCSCSHFL*

SMARCE1 (ID: Q969G3)

SMARCE1_1 (BC047731; 77 aaのタンパク質, 52 aaの後に異なるC末端) (SEQ ID NO: 196)
MSKRPSYAPPPTPAPATQMPSTPGFVGYNPYSHLAYNNYRLGGNPGTNSRVTVGESTITASGKQLELTRNAFRIRSF*

SMARCE1_2 (CR600221; 内部の35 aa欠損(17-52 aa)) (SEQ ID NO: 197)
MSKRPSYAPPPTPAPATASSGITIPKPPKPPDKPLMPYMRYSRKVWDQVKASNPDLKLWEIGKIIGGMWRDLTDEEKQEY
LNEYEAEKIEYNESMKAYHNSPAYLAYINAKSRAEAALEEESRQRQSRMEKGEPYMSIQPAEDPDDYDDGFSMKHTATAR
FQRNHRLISEILSESVVPDVRSVVTTARMQVLKRQVQSLMVHQRKLEAELLQIEERHQEKKRKFLESTDSFNNELKRLCG
LKVEVDMEKIAAEIAQAEEQARKRQEEREKEAAEQAERSQSSIVPEEEQAANKGEEKKDDENIPMETEETHLEETTESQQ
NGEEGTSTPEDKESGQEGVDSMAEEGTSDSNTGSESNSATVEEPPTDPIPEDEKKE*

SMARCE1_3 (BY796605; 70 aa短いN末端) (SEQ ID NO: 198)
MPYMRYSRKVWDQVKASNPDLKLWEIGKIIGGMWRDLTDEEKQEYLNEYEAEKIEYNESMKAYHNSPAYLAYINAKSRAE
AALEEESRQRQSRMEKGEPYMSIQPAEDPDDYDDGFSMKHTATARFQRNHRLISEILSESVVPDVRSVVTTARMQVLKRQ
VQSLMVHQRKLEAELLQIEERHQEKKRKFLESTDSFNNELKRLCGLKVEVDMEKIAAEIAQAEEQARKRQEEREKEAAEQ
AERSQSSIVPEEEQAANKGEEKKDDENIPMETEETHLEETTESQQNGEEGTSTPEDKESGQEGVDSMAEEGTSDSNTGSE
SNSATVEEPPTDPIPEDEKKE*

SMARCE1_4 (218 aaのタンパク質, 180 aaの後に異なる配列) (SEQ ID NO: 199)
MSKRPSYAPPPTPAPATQMPSTPGFVGYNPYSHLAYNNYRLGGNPGTNSRVTASSGITIPKPPKPPDKPLMPYMRYSRKV
WDQVKASNPDLKLWEIGKIIGGMWRDLTDEEKQEYLNEYEAEKIEYNESMKAYHNSPAYLAYINAKSRAEAALEEESRQR
QSRMEKGEPYMSIQPAEDPDGKRKKVGFCLCFLCELRYEKSLKYKFLFLILNGKESII*

SMARCE1_5 (18 aa短いN末端) (SEQ ID NO: 200)
MPSTPGFVGYNPYSHLAYNNYRLGGNPGTNSRVTASSGITIPKPPKPPDKPLMPYMRYSRKVWDQVKASNPDLKLWEIGK
IIGGMWRDLTDEEKQEYLNEYEAEKIEYNESMKAYHNSPAYLAYINAKSRAEAALEEESRQRQSRMEKGEPYMSIQPAED
PDDYDDGFSMKHTATARFQRNHRLISEILSESVVPDVRSVVTTARMQVLKRQVQSLMVHQRKLEAELLQIEERHQEKKRK
FLESTDSFNNELKRLCGLKVEVDMEKIAAEIAQAEEQARKRQEEREKEAAEQAERSQSSIVPEEEQAANKGEEKKDDENI
PMETEETHLEETTESQQNGEEGTSTPEDKESGQEGVDSMAEEGTSDSNTGSESNSATVEEPPTDPIPEDEKKE

BAF250a (ID: O14497)

BAF250a_1 (56 aa欠損(751-807 aa)) (SEQ ID NO: 201)
MAAQVAPAAASSLGNPPPPPPSELKKAEQQQREEAGGEAAAAAAAERGEMKAAAGQESEGPAVGPPQPLGKELQDGAESN
GGGGGGGAGSGGGPGAEPDLKNSNGNAGPRPALNNNLTEPPGGGGGGSSDGVGAPPHSAAAALPPPAYGFGQPYGRSPSA
VAAAAAAVFHQQHGGQQSPGLAALQSGGGGGLEPYAGPQQNSHDHGFPNHQYNSYYPNRSAYPPPAPAYALSSPRGGTPG
SGAAAAAGSKPPPSSSASASSSSSSFAQQRFGAMGGGGPSAAGGGTPQPTATPTLNQLLTSPSSARGYQGYPGGDYSGGP
QDGGAGKGPADMASQCWGAAAAAAAAAAASGGAQQRSHHAPMSPGSSGGGGQPLARTPQPSSPMDQMGKMRPQPYGGTNP
YSQQQGPPSGPQQGHGYPGQPYGSQTPQRYPMTMQGRAQSAMGGLSYTQQIPPYGQQGPSGYGQQGQTPYYNQQSPHPQQ
QQPPYSQQPPSQTPHAQPSYQQQPQSQPPQLQSSQPPYSQQPSQPPHQQSPAPYPSQQSTTQQHPQSQPPYSQPQAQSPY
QQQQPQQPAPSTLSQQAAYPQPQSQQSQQTAYSQQRFPPPQELSQDSFGSQASSAPSMTSSKGGQEDMNLSLQSRPSSLP
DLSGSIDDLPMGTEGALSPGVSTSGISSSQGEQSNPAQSPFSPHTSPHLPGIRGPSPSPVGSPASVAQSRSGPLSPAAVP
GNQMPPRPPSGQSDSIMHPSMNQSSIAQDRGGYPRQPNYNALPNANYPSAGMAGGINPMGAGGQMHGQPGIPPYGTLPPG

RMSHASMGNRPYGPNMANMPPQVGSGMCPPPGGMNRKTQETAVAMHVAANSIQNRPPGYPNMNQGGMMGTGPPYGQGINS
MAGMINPQGPPYSMGGTMANNSAGMAASPEMMGLGDVKLTPATKMNNKADGTPKTESKSKKSSSSTTTNEKITKLYELGG
EPERKMWVDRYLAFTEEKAMGMTNLPAVGRKPLDLYRLYVSVKEIGGLTQVNKNKKWRELATNLNVGTSSSAASSLKKQY
IQCLYAFECKIERGEDPPPDIFAAADSKKSQPKIQPPSPAGSGSMQGPQTPQSTSSSMAEGGDLKPPTPASTPHSQIPPL
PGMSRSNSVGIQDAFNDGSDSTFQKRNSMTPNPGYQPSMNTSDMMGRMSYEPNKDPYGSMRKAPGSDPFMSSGQGPNGGM
GDPYSRAAGPGLGNVAMGPRQHYPYGGPYDRVRTEPGIGPEGNMSTGAPQPNLMPSNPDSGMYSPSRYPPQQQQQQQQRH
DSYGNQFSTQGTPSGSPFPSQQTTMYQQQQQNYKRPMDGTYGPPAKRHEGEMYSVPYSTGQGQPQQQQLPPAQPQPASQQ
QAAQPSPQQDVYNQYGNAYPATATAATERRPAGGPQNQFPFQFGRDRVSAPPGTNAQQNMPPQMMGGPIQASAEVAQQGT
MWQGRNDMTYNYANRQSTGSAPQGPAYHGVNRTDEMLHTDQRANHEGSWPSHGTRQPPYGPSAPVPPMTRPPPSNYQPPP
SMQNHIPQVSSPAPLPRPMENRTSPSKSPFLHSGMKMQKAGPPVPASHIAPAPVQPPMIRRDITFPPGSVEATQPVLKQR
RRLTMKDIGTPEAWRVMMSLKSGLLAESTWALDTINILLYDDNSIMTFNLSQLPGLLELLVEYFRRCLIEIFGILKEYEV
GDPGQRTLLDPGRFSKVSSPAPMEGGEEEEELLGPKLEEEEEEEVVENDEEIAFSGKDKPASENSEEKLISKFDKLPVKI
VQKNDPFVVDCSDKLGRVQEFDSGLLHWRIGGGDTTEHIQTHFESKTELLPSRPHAPCPPAPRKHVTTAEGTPGTTDQEG
PPPDGPPEKRITATMDDMLSTRSSTLTEDGAKSSEAIKESSKFPFGISPAQSHRNIKILEDEPHSKDETPLCTLLDWQDS
LAKRCVCVSNTIRSLSFVPGNDFEMSKHPGLLLILGKLILLHHKHPERKQAPLTYEKEEEQDQGVSCNKVEWWWDCLEML
RENTLVTLANISGQLDLSPYPESICLPVLDGLLHWAVCPSAEAQDPFSTLGPNAVLSPQRLVLETLSKLSIQDNNVDLIL
ATPPFSRLEKLYSTMVRFLSDRKNPVCREMAVVLLANLAQGDSLAARAIAVQKGSIGNLLGFLEDSLAATQFQQSQASLL
HMQNPPFEPTSVDMMRRAARALLALAKVDENHSEFTLYESRLLDISVSPLMNSLVSQVICDVLFLIGQS

NCOA6 (ID: Q14686)

NCOA6_1 (CN348777; 内部の993 aa欠損(972-1965 aa)) (SEQ ID NO: 202)
MVLDDLPNLEDIYTSLCSSTMEDSEMDFDSGLEDDDTKSDSILEDSTIFVAFKGNIDDKDFKWKLDAILKNVPNLLHMES
SKLKVQKVEPWNSVRVTFNIPREAAERLRILAQSNNQQLRDLGILSVQIEGEGAINLALAQNRSQDVRMNGPMGAGNSVR
MEAGFPMASGPGIIRMNNPATVMIPPGGNVSSSMMAPGPNPELQPRTPRPASQSDAMDPLLSGLHIQQQSHPSGSLAPPH
HPMQPVSVNRQMNPANFPQLQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQLQARPPQQHQQQQPQGIRPQFTAPTQVPVPPGWNQ
LPSGALQPPPAQGSLGTMTANQGWKKAPLPGPMQQQLQARPSLATVQTPSHPPPPYPFGSQQASQAHTNFPQMSNPGQFT
APQMKSLQGGPSRVPTPLQQPHLTNKSPASSPSSFQQGSPASSPTVNQTQQQMGPRPPQNNPLPQGFQQPVSSPGRNPMV
QQGNVPPNFMVMQQQPPNQGPQSLHPGLGGMPKRLPPGFSAGQANPNFMQGQVPSTTATTPGNSGAPQLQANQNVQHAGG
QGAGPPQNQMQVSHGPPNMMQPSLMGIHGNMNNQQAGTSGVPQVNLSNMQGQPQQGPPSQLMGMHQQIVPSQGQMVQQQG
TLNPQNPMILSRAQLMPQGQMMVNPPSQNLGPSPQRMTPPKQMLSQQGPQMMAPHNQMMGPQGQVLLQQNPMIEQIMTNQ
MQGNKQQFNTQNQSNVMPGPAQIMRGPTPNMQGNMVQFTGQMSGQMLPQQGPVNNSPSQVMGIQGQVLRPPGPSPHMAQQ
HGDPATTANNDVSLSQMMPDVSIQQTNMVPPHVQAMQGNSASGNHFSGHGMSFNAPFSGAPNGNQMSCGQNPGFPVNKDV
TLTSPLLVNLLQSDISAGHFGVNNKQNNTNANKPKKKKPPRKKKNSQQDLNTPDTRPAGLEEADQPPLPGEQGINLDNSG
PKLPEFSNRPPAPSQNLVSKETSTTALQASVARPELEVNAAIVSGQSSEPKEIVEKSKIPGRRNSRTEEPTVASESVENG
HRKRSSRPASASSSTKDITSAVQSKRRKSK*

NCOR1 (ID: O75376)

NCOR1_1 (DA914568; 120 aa欠損(1841-1961 aa)) (SEQ ID NO: 203)
MSSSGYPPNQGAFSTEQSRYPPHSVQYTFPNTRHQQEFAVPDYRSSHLEVSQASQLLQQQQQQQLRRRPSLLSEFHPGSD
RPQERRTSYEPFHPGPSPVDHDSLESKRPRLEQVSDSHFQRVSAAVLPLVHPLPEGLRASADAKKDPAFGGKHEAPSSPI
SGQPCGDDQNASPSKLSKEELIQSMDRVDREIAKVEQQILKLKKKQQQLEEEAAKPPEPEKPVSPPPVEQKHRSIVQIIY
DENRKKAEEAHKIFEGLGPKVELPLYNQPSDTKVYHENIKTNQVMRKKLILFFKRRNHARKQREQKICQRYDQLMEAWEK
KVDRIENNPRRKAKESKTREYYEKQFPEIRKQREQQERFQRVGQRGAGLSATIARSEHEISEIIDGLSEQENNEKQMRQL
SVIPPMMFDAEQRRVKFINMNGLMEDPMKVYKDRQFMNVWTDHEKEIFKDKFIQHPKNFGLIASYLERKSVPDCVLYYYL
TKKNENYKALVRRNYGKRRGRNQQIARPSQEEKVEEKEEDKAEKTEKKEEEKKDEEEKDEKEDSKENTKEKDKIDGTAEE
TEEREQATPRGRKTANSQGRRKGRITRSMTNEAAAASAAAAAATEEPPPPLPPPPEPISTEPVETSRWTEEEMEVAKKGL
VEHGRNWAAIAKMVGTKSEAQCKNFYFNYKRRHNLDNLLQQHKQKTSRKPREERDVSQCESVASTVSAQEDEDIEASNEE
ENPEDSEVEAVKPSEDSPENATSRGNTEPAVELEPTTETAPSTSPSLAVPSTKPAEDESVETQVNDSISAETAEQMDVDQ

QEHSAEEGSVCDPPPATKADSVDVEVRVPENHASKVEGDNTKERDLDRASEKVEPRDEDLVVAQQINAQRPEPQSDNDSS
ATCSADEDVDGEPERQRMFPMDSKPSLLNPTGSILVSSPLKPNPLDLPQLQHRAAVIPPMVSCTPCNIPIGTPVSGYALY
QRHIKAMHESALLEEQRQRQEQIDLECRSSTSPCGTSKSPNREWEVLQPAPHQVITNLPEGVRLPTTRPTRPPPPLIPSS
KTTVASEKPSFIMGGSISQGTPGTYLTSHNQASYTQETPKPSVGSISLGLPRQQESAKSATLPYIKQEEFSPRSQNSQPE
GLLVRAQHEGVVRGTAGAIQEGSITRGTPTSKISVESIPSLRGSITQGTPALPQTGIPTEALVKGSISRMPIEDSSPEKG
REEAASKGHVIYEGKSGHILSYDNIKNAREGTRSPRTAHEISLKRSYESVEGNIKQGMSMRESPVSAPLEGLICRALPRG
SPHSDLKERTVLSGSIMQGTPRATTESFEDGLKYPKQIKRESPPIRAFEGAITKGKPYDGITTIKEMGRSIHEIPRQDIL
TQESRKTPEVVQSTRPIIEGSISQGTPIKFDNNSGQSAIKHNVKSLITGPSKLSRGMPPLEIVPENIKVVERGKYEDVKA
GETVRSRHTSVVSSGPSVLRSTLHEAPKAQLSPGIYDDTSARRTPVSYQNTMSRGSPMMNRTSDVTISSNKSTNHERKST
LTPTQRESIPAKSPVPGVDPVVSHSPFDPHHRGSTAGEVYRSHLPTHLDPAMPFHRALDPAAAAYLFQRQLSPTPGYPSQ
YQLYAMENTRQTILNDYITSQQMQVNLRPDVARGLSPREQPLGLPYPATRGIIDLTNMPPTILVPHPGGTSTPPMDRITY
IPGTQITFPPRPYNSASMSPGHPTHLAAAASAERERERERERERERERIAAASSDLYLRPGSEQPGRPGSHGYVRSPSPS
VRTQETMLQQRPSVFQGTNGTSVITPLDPTAQLRIMPLPAGGPSISQGLPASRYNTAADALAALVDAAASAPQMDVSKTK
EISSHRYETPSDAIEVISPASSPAPPQEKLQTYQPEVVKANQAENDPTRQYEGPLHHYRPQQESPSPQQQLPPSSQAEGM
GQVPRTHRLITLADHICQIITQDFARNQVSSQTPQQPPTSTFQNSPSALVSTPVRTKTSNRYSPESQAQSVHHQRPGSRV
SPENLVDKSRGSRPGKSPERSHVSSEPYEPISPPQVPVVHEKQDSLLLLSQRGAEPAEQRNDARSPGSISYLPSFFTKLE
NTSPMVKSKKQEIFRKLNSSGGGDSDMAAAQPGTEIFNLPAVTTSGSVSSRGHSFADPASNLGLEDIIRKALMGSFDDKV
EDHGVVMSQPMGVVPGTANTSVVTSGETRREEGDPSPHSGGVCKPKLISKSNSRKSKSPIPGQGYLGTERPSSVSSVHSE
GDYHRQTPGWAWEDRPSSTGSTQFPYNPLTMRMLSSTPPTPIACAPSAVNQAAPHQQNRIWEREPAPLLSAQYETLSDSD
D

NCOR2 (ID: Q9Y618)

NCOR2_1 (2051 aaの後に異なる配列) (SEQ ID NO: 204)
MSGSTQLVAQTWRATEPRYPPHSLSYPVQIARTHTDVGLLEYQHHSRDYASHLSPGSIIQPQRRRPSLLSEFQPGNERSQ
ELHLRPESHSYLPELGKSEMEFIESKRPRLELLPDPLLRPSPLLATGQPAGSEDLTKDRSLTGKLEPVSPPSPPHTDPEL
ELVPPRLSKEELIQNMDRVDREITMVEQQISKLKKKQQQLEEEAAKPPEPEKPVSPPPIESKHRSLVQIIYDENRKKAEA
AHRILEGLGPQVELPLYNQPSDTRQYHENIKINQAMRKKLILYFKRRNHARKQWKQKFCQRYDQLMEALEKKVERIENNP
RRRAKESKVREYYEKQFPEIRKQRELQERMQSRVGQRGSGLSMSAARSEHEVSEIIDGLSEQENLEKQMRQLAVIPPMLY
DADQQRIKFINMNGLMADPMKVYKDRQVMNMWSEQEKETFREKFMQHPKNFGLIASFLERKTVAECVLYYYLTKKNENYK
SLVRRSYRRRGKSQQQQQQQQQQQQQQQQQPMPRSSQEEKDEKEKEKEAEKEEEKPEVENDKEDLLKEKTDDTSGEDNDE
KEAVASKGRKTANSQGRRKGRITRSMANEANSEEAITPQQSAELASMELNESSRWTEEEMETAKKGLLEHGRNWSAIARM
VGSKTVSQCKNFYFNYKKRQNLDEILQQHKLKMEKERNARRKKKKAPAAASEEAAFPPVVEDEEMEASGVSGNEEEMVEE
AEALHASGNEVPRGECSGPATVNNSSDTESIPSPHTEAAKDTGQNGPKPPATLGADGPPPGPPTPPRRTSRAPIEPTPAS
EATGAPTPPPAPPSPSAPPPVVPKEEKEEETAAAPPVEEGEEQKPPAAEELAVDTGKAEEPVKSECTEEAEEGPAKGKDA
EAAEATAEGALKAEKKEGGSGRATTAKSSGAPQDSDSSATCSADEVDEAEGGDKNRLLSPRPSLLTPTGDPRANASPQKP
LDLKQLKQRAAAIPPIQVTKVHEPPREDAAPTKPAPPAPPPPQNLQPESDAPQQPGSSPRGKSRSPAPPADKEAFAAEAQ
KLPGDPPCWTSGLPFPVPPREVIKASPHAPDPSAFSYAPPGHPLPLGLHDTARPVLPRPPTISNPPPLISSAKHPSVLER
QIGAISQGMSVQLHVPYSEHAKAPVGPVTMGLPLPMDPKKLAPFSGVKQEQLSPRGQAGPPESLGVPTAQEASVLRGTAL
GSVPGGSITKGIPSTRVPSDSAITYRGSITHGTPADVLYKGTITRIIGEDSPSRLDRGREDSLPKGHVIYEGKKGHVLSY
EGGMSVTQCSKEDGRSSSGPPHETAAPKRTYDMMEGRVGRAISSASIEGLMGRAIPPERHSPHHLKEQHHIRGSITQGIP
RSYVEAQEDYLRREAKLLKREGTPPPPPPSRDLTEAYKTQALGPLKLKPAHEGLVATVKEAGRSIHEIPREELRHTPELP
LAPRPLKEGSITQGTPLKYDTGASTTGSKKHDVRSLIGSPGRTFPPVHPLDVMADARALERACYEESLKSRPGTASSSGG
SIARGAPVIVPELGKPRQSPLTYEDHGAPFAGHLPRGSPVTMREPTPRLQEGSLSSSKASQDRKLTSTPREIAKSPHSTV
PEHHPHPISPYEHLLRGVSGVDLYRSHIPLAFDPTSIPRGIPLDAAAAYYLPRHLAPNPTYPHLYPPYLIRGYPDTAALE
NRQTIINDYITSQQMHHNTATAMAQRADMLRGLSPRESSLALNYAAGPRGIIDLSQVPHLPVLVPPTPGTPATAMDRLAY
LPTAPQPFSSRHSSSPLSPGGPTHLTKPTTTSSSERERDRDRERDRDRREREKSILTSTTTVEHAPIWRPGTEQSSGSSGS
SGGGGGSSSRPASHSHAHQHSPISPRTQDALQQRPSVLHNTGMKGIITAVEPSKPTVLRSTSTSSPVRPAATFPPATHCP
LGGTLDGVYPTLMEPVLLPKEAPRVARPERPRADTGHAFLAKPPARSGLEPASSPSKGSEPRPLVPPVSGHATIARTPAK
NLAPHHASPDPPAPPASASDPHREKTQSKPFSIQELELRSLGYHGSSYSPQCARSGPHRLPQPTRLLETKSGQVGGQKGQ

VRPGGNGCSEDWTVFFTHRCRSGGKERQM*

BAZ1A (ID: Q9NRL2)

BAZ1A_1 (内部の32 aa欠損(504-536 aa)) (SEQ ID NO: 205)
MPLLHRKPFVRQKPPADLRPDEEVFYCKVTNEIFRHYDDFFERTILCNSLVWSCAVTGRPGLTYQEALESEKKARQNLQS
FPEPLIIPVLYLTSLTHRSRLHEICDDIFAYVKDRYFVEETVEVIRNNGARLQCRILEVLPPSHQNGFANGHVNSVDGET
IIISDSDDSETQSCSFQNGKKKDAIDPLLFKYKVQPTKKELHESAIVKATQISRRKHLFSRDKLKLFLKQHCEPQDGVIK
IKASSLSTYKIAEQDFSYFFPDDPPTFIFSPANRRRGRPPKRIHISQEDNVANKQTLASYRSKATKERDKLLKQEEMKSL
AFEKAKLKREKADALEAKKKEKEDKEKKREELKKIVEEERLKKKEEKERLKVEREKEREKLREEKRKYVEYLKQWSKPRE
DMECDDLKELPEPTPVKTRLPPEIFGDALMVLEFLNAFGELFDLQDEFPDGVTLEVLEEALVGNDSEGPLCELLFFFLTA
IFQAIAEEEEEVAKEQLTDADTKGCSLKSLDLDSCTLSEILRLHILASGADVTSANAKYRYQKRGGFDATDDACMELRLS
NPSLVKKLSSTSVYDLTPGEKMKILHALCGKLLTLVSTRDFIEDYVDILRQAKQEFRELKAEQHRKEREEAAARIRKRKE
EKLKEQEQKMKEKQEKLKEDEQRNSTADISIGEEEREDFDTSIESKDTEQKELDQDMVTEDEDDPGSHKRGRRGKRGQNG
FKEFTRQEQINCVTREPLTADEEEALKQEHQRKEKELLEKIQSAIACTNIFPLGRDRMYRRYWIFPSIPGLFIEEDYSGL
TEDMLLPRPSSFQNNVQSQDPQVSTKTGEPLMSESTSNIDQGPRDHSVQLPKPVHKPNRWCFYSSCEQLDQLIEALNSRG
HRESALKETLLQEKSRICAQLARFSEEKFHFSDKPQPDSKPTYSRGRSSNAYDPSQMCAEKQLELRLRDFLLDIEDRIYQ
GTLGAIKVTDRHIWRSALESGRYELLSEENKENGIIKTVNEDVEEMEIDEQTKVIVKDRLLGIKTETPSTVSTNASTPQS
VSSVVHYLAMALFQIEQGIERRFLKAPLDASDSGRSYKTVLDRWRESLLSSASLSQVFLHLSTLDRSVIWSKSILNARCK
ICRKKGDAENMVLCDGCDRGHHTYCVRPKLKTVPEGDWFCPECRPKQRSRRLSSRQRPSLESDEDVEDSMGGEDDEVDGD
EEEGQSEEEEYEVEQDEDDSQEEEEVSLPKRGRPQVRLPVKTRGKLSSSFSSRGQQQEPGRYPSRSQQSTPKTTVSSKTG
RSLRKINSAPPTETKSLRIASRSTRHSHGPLQADVFVELLSPRRKRRGRKSANKTPENSPNFPNFRVIATKSSEQSRSVN
IASKLSLQESESKRRCKKRQSPEPSPVTLGRRSSGRQGGVHELSAFEQLVVELVRHDDSWPFLKLVSKIQVPDYYDIIKK
PIALNIIREKVNKCEYKLASEFIDDIELMFSNCFEYNPRNTSEAKAGTRLQAFFHIQAQKLGLHVTPSNVDQVSTPPAAK
KSRI

BAZ1A_2 (内部の242 aa欠損(504-746 aa)) (SEQ ID NO: 206)
MPLLHRKPFVRQKPPADLRPDEEVFYCKVTNEIFRHYDDFFERTILCNSLVWSCAVTGRPGLTYQEALESEKKARQNLQS
FPEPLIIPVLYLTSLTHRSRLHEICDDIFAYVKDRYFVEETVEVIRNNGARLQCRILEVLPPSHQNGFANGHVNSVDGET
IIISDSDDSETQSCSFQNGKKKDAIDPLLFKYKVQPTKKELHESAIVKATQISRRKHLFSRDKLKLFLKQHCEPQDGVIK
IKASSLSTYKIAEQDFSYFFPDDPPTFIFSPANRRRGRPPKRIHISQEDNVANKQTLASYRSKATKERDKLLKQEEMKSL
AFEKAKLKREKADALEAKKKEKEDKEKKREELKKIVEEERLKKKEEKERLKVEREKEREKLREEKRKYVEYLKQWSKPRE
DMECDDLKELPEPTPVKTRLPPEIFGDALMVLEFLNAFGELFDLQDEFPDGVTLEVLEEALVGNDSEGPLCELLFFFLTA
IFQAIAEEEEEVAKEQLTDADTKGKRGQNGFKEFTRQEQINCVTREPLTADEEEALKQEHQRKEKELLEKIQSAIACTNI
FPLGRDRMYRRYWIFPSIPGLFIEEDYSGLTEDMLLPRPSSFQNNVQSQDPQVSTKTGEPLMSESTSNIDQGPRDHSVQL
PKPVHKPNRWCFYSSCEQLDQLIEALNSRGHRESALKETLLQEKSRICAQLARFSEEKFHFSDKPQPDSKPTYSRGRSSN
AYDPSQMCAEKQLELRLRDFLLDIEDRIYQGTLGAIKVTDRHIWRSALESGRYELLSEENKENGIIKTVNEDVEEMEIDE
QTKVIVKDRLLGIKTETPSTVSTNASTPQSVSSVVHYLAMALFQIEQGIERRFLKAPLDASDSGRSYKTVLDRWRESLLS
SASLSQVFLHLSTLDRSVIWSKSILNARCKICRKKGDAENMVLCDGCDRGHHTYCVRPKLKTVPEGDWFCPECRPKQRSR
RLSSRQRPSLESDEDVEDSMGGEDDEVDGDEEEGQSEEEEYEVEQDEDDSQEEEEVSLPKRGRPQVRLPVKTRGKLSSSF
SSRGQQQEPGRYPSRSQQSTPKTTVSSKTGRSLRKINSAPPTETKSLRIASRSTRHSHGPLQADVFVELLSPRRKRRGRK
SANKTPENSPNFPNFRVIATKSSEQSRSVNIASKLSLQESESKRRCKKRQSPEPSPVTLGRRSSGRQGGVHELSAFEQLV
VELVRHDDSWPFLKLVSKIQVPDYYDIIKKPIALNIIREKVNKCEYKLASEFIDDIELMFSNCFEYNPRNTSEAKAGTRL
QAFFHIQAQKLGLHVTPSNVDQVSTPPAAKKSRI

BAZ1A_3 (93 aa欠損(38-131 aa)) (SEQ ID NO: 207)
MPLLHRKPFVRQKPPADLRPDEEVFYCKVTNEIFRHYELQCRILEVLPPSHQNGFANGHVNSVDGETIIISDSDDSETQS
CSFQNGKKKDAIDPLLFKYKVQPTKKELHESAIVKATQISRRKHLFSRDKLKLFLKQHCEPQDGVIKIKASSLSTYKIAE
QDFSYFFPDDPPTFIFSPANRRRGRPPKRIHISQEDNVANKQTLASYRSKATKERDKLLKQEEMKSLAFEKAKLKREKAD
ALEAKKKEKEDKEKKREELKKIVEEERLKKKEEKERLKVEREKEREKLREEKRKYVEYLKQWSKPREDMECDDLKELPEP

TPVKTRLPPEIFGDALMVLEFLNAFGELFDLQDEFPDGVTLEVLEEALVGNDSEGPLCELLFFFLTAIFQAIAEEEEEVA
KEQLTDADTKDLTEALDEDADPTKSALSAVASLAAAWPQLHQGCSLKSLDLDSCTLSDILRLHILASGADVTSANAKYRY
QKRGGFDATDDACMELRLSNPSLVKKLSSTSVYDLTPGEKMKILHALCGKLLTLVSTRDFIEDYVDILRQAKQEFRELKA
EQHRKEREEAAARIRKRKEEKLKEQEQKMKEKQEKLKEDEQRNSTADISIGEEEREDFDTSIESKDTEQKELDQDMVTED
EDDPGSHKRGRRGKRGQNGFKEFTRQEQINCVTREPLTADEEEALKQEHQRKEKELLEKIQSAIACTNIFPLGRDRMYRR
YWIFPSIPGLFIEEDYSGLTEDMLLPRPSSFQNNVQSQDPQVSTKTGEPLMSESTSNIDQGPRDHSVQLPKPVHKPNRWC
FYSSCEQLDQLIEALNSRGHRESALKETLLQEKSRICAQLARFSEEKFHFSDKPQPDSKPTYSRGRSSNAYDPSQMCAEK
QLELRLRDFLLDIEDRIYQGTLGAIKVTDRHIWRSALESGRYELLSEENKENGIIKTVNEDVEEMEIDEQTKVIVKDRLL
GIKTETPSTVSTNASTPQSVSSVVHYLAMALFQIEQGIERRFLKAPLDASDSGRSYKTVLDRWRESLLSSASLSQVFLHL
STLDRSVIWSKSILNARCKICRKKGDAENMVLCDGCDRGHHTYCVRPKLKTVPEGDWFCPECRPKQRSRRLSSRQRPSLE
SDEDVEDSMGGEDDEVDGDEEEGQSEEEEYEVEQDEDDSQEEEEVSLPKRGRPQVRLPVKTRGKLSSSFSSRGQQQEPGR
YPSRSQQSTPKTTVSSKTGRSLRKINSAPPTETKSLRIASRSTRHSHGPLQADVFVELLSPRRKRRGRKSANKTPENSPN
FPNFRVIATKSSEQSRSVNIASKLSLQESESKRRCKKRQSPEPSPVTLGRRSSGRQGGVHELSAFEQLVVELVRHDDSWP
FLKLVSKIQVPDYYDIIKKPIALNIIREKVNKCEYKLASEFIDDIELMFSNCFEYNPRNTSEAKAGTRLQAFFHIQAQKL
GLHVTPSNVDQVSTPPAAKKSRI

【０１１０】

実施例2．転写複合体におけるアイソフォームの同定：MudPIT分析

哺乳動物メディエーターサブユニットであるヒトNut2（MED10）（Malik et al., 2000）、マウスMed25（MED9）（Tomomori-Sato et al., 2003）、ヒトIntersex（MED29）（Sato et al., 2003a）、ヒトLCMR1（MED19）（Sato et al., 2003a）、ヒトAK007855（MED28）またはヒトCRSP70（MED26）をいずれもN末端FLAGエピトープタグを伴って安定的に発現する親HeLa細胞および6種のHeLa細胞株から、核抽出物を、Dignam et al. (1983)の方法に従って調製した。核抽出物を、本質的には、FLAG-Nut2を発現するHeLa細胞からのTRAP/SMCCメディエーター複合体の精製に関して記載された通り（Malik et al., 2000）に、抗FLAGアガロースイムノアフィニティークロマトグラフィーに供した。

【０１１１】

ホスホセルロースクロマトグラフィー

HeLa細胞の核抽出物（30ml）をDignam et al.（1983）の方法に従って調製し、HEG緩衝液［20mM HEPES-NaOH（pH 7.6）、0.1mM EDTA、1mM DTTおよび10％（v/v）グリセロール、1mMベンズアミジン、0.25mM PMSF、2g/ml アプロチニン］に対して、0.1M KClを含むHEGのそれと同等な電導度になるまで透析した。

【０１１２】

Ti-45ローター内での40,000rpm、30分間の遠心分離の後に、上清（タンパク質130mg）を、0.1M KClを含むHEGで平衡化したホスホセルロースカラム（充填カラム床容積1ml当たりタンパク質10mg）に対して、1時間当たり充填カラム容積の2倍として適用した。0.1M KClを含むHEGによって同じ流速でカラムを洗浄し、0.3、0.5.および1.0MのKClを含むHEGによって段階的に溶出させた。カラム容積の5分の1ずつの画分を収集した。0.5M KClおよび1.0M KClによってカラムから溶出したタンパク質を、上記の通りにFLAG免疫精製に供した。

【０１１３】

メディエーターサブユニットおよびメディエーター関連タンパク質の同定は、Washburn et al.（2001）によって記載されたMudPIT手順の修正版を用いて行った。各分析に対して、抗FLAGアガロース溶出物の60μlアリコートを用いた。

【０１１４】

結果

MudPIT分析により、免疫沈降したMED複合体から、MED複合体の構成要素の以下のアイソフォームが同定された。

MED1.3 (SEQ ID NO: 4).

MKAQGETEESEKLSKMSSLLERLHAKFNQNRPWSETIKLVRQVMEKRVVMSSGGH
QHLVSCLETLQKALKVTSLPAMTDRLESIARQNGLGSHLSASGTECYITSDMFYVEV
QLDPAGQLCDVKVAHHGENPVSCPELVQQLREKNFDEFSKHLKGLVNLYNLPGDN
KLKTKMYLALQSLEQDLSKMAIMYWKATNAGPLDKILHGSVGYLTPRSGGHLMNLK
YYVSPSDLLDDKTASPIILHENNVSRSLGMNASVTIEGTSAVYKLPIAPLIMGSHPVD
NKWTPSFSSITSANSVDLPACFFLKFPQPIPVSRAFVQKLQNCTGIPLFETQPTYAPL
YELITQFELSKDPDPIPLNHNMRFYAALPGQQHCYFLNKDAPLPDGRSLQGTLVSKI
TFQHPGRVPLILNLIRHQVAYNTLIGSCVKRTILKEDSPGLLQFEVCPLSESRFSVSF
QHPVNDSLVCVVMDVQDSTHVSCKLYKGLSDALICTDDFIAKVVQRCMSIPVTMRAI
RRKAETIQADTPALSLIAETVEDMVKKNLPPASSPGERGVYHWLESDPSSSHAATC
LFDGRQHQEPPDAHEPS*

MED24.1 (SEQ ID NO: 5).

MKVVNLKQAILQAWKERWSDYQWAINMKKFFPKGATWDILNLADALLEQAMIGPSP
NPLILSYLKYAISSQMVSYSSVLTAISKFDDFSRDLCVQALLDIMDMFCDRLSCHGKA
EECIGLCRALLSALHWLLRCTAASAERLREGLEAGTPAAGEKQLAMCLQRLEKTLS
STKNRALLHIAKLEEASLHTSQGLGQGGTRANQPTASWTAIEHSLLKLGEILANLSN
PQLRSQAEQCGTLIRSIPTMLSVHAEQMHKTGFPTVHAVILLEGTMNLTGETQSLVE
QLTMVKRMQHIPTPLFVLEIWKACFVGLIESPEGTEELKWTAFTFLKIPQVLVKLKKY
SHGDKDFTEDVNCAFEFLLKLTPLLDKADQRCNCDCTNFLLQECGKQGLLSEASVN
NLMAKRKADREHAPQQKSGENANIQPNIQLILRAEPTVTNILKTMDADHSKSPEGLL
GVLGHMLSGKSLDLLLAAAAATGKLKSFARKFINLNEFTTYGSEESTKPASVRALLF
DISFLMLCHVAQTYGSEVILSESRTGAEVPFFETWMQTCMPEEGKILNPDHPCFRP
DSTKVESLVALLNNSSEMKLVQMKWHEACLSISAAILEILNAWENGVLAFESIQKITD
NIKGKVCSLAVCAVAWLVAHVRMLGLDEREKSLQMIRQLAGPLFSENTLQFYNERV
VIMNSILERMCADVLQQTATQIKFPSTGVDTMPYWNLLPPKRPIKEVLTDIFAKVLEK
GWVDSRSIHIFDTLLHMGGVYWFCNNLIKELLKETRKEHTLRAVELLYSIFCLDMQQ
VTLVLLGHILPGLLTDSSKWHSLMDPPGTALAKLAVWCALSSYSSHKGQASTRQKK
RHREDIEDYISLFPLDDVQPSKLMRLLSSNEDDANILSSPTDRSMSSSLSASQLHTV
NMRDPLNRVLANLFLLISSILGSRTAGPHTQFVQWFMEECVDCLEQGGRGSVLQF
MPFTTVSELVKVSAMSSPKVVLAITDLSLPLGRQVAAKAIAAL

【０１１５】

実施例3．転写複合体におけるアイソフォームの同定：生化学的分画

材料および方法

哺乳動物細胞からの核抽出物の調製

単層培養物から細胞を収集する。

1．集密化した単層培養物から培養液を取り出す。細胞を、十分なPBSでそれらを覆うよ

うピペット操作を行い、そっと回旋させ、PBSを注ぎ出すことによって洗浄する。細胞を剥離させて新たなPBS中に入れ、目盛付きコニカル遠心管にプールする。

2．細胞を3000rpmで10分間遠心分離することによってペレット化する。

3．上清をデカントして廃棄する。管の目盛を用いてpcvを測定する。

4．pcvの□5倍容量の低張緩衝液中に細胞ペレットを急速に再懸濁させる。

細胞を3000rpmで5分間遠心分離して上清を廃棄する。この段階は素早く行うが、これはタンパク質がこの時点で漏出して上清とともに廃棄される恐れがあるためである。この段階において、次の段階で効率な膨潤が起こるようにPBS溶液から塩が除去される；しかし、ある程度の膨潤がこの段階の間に起こると考えられる。

5．パックされた細胞を低張緩衝液中に再懸濁させて元のpcv（段階3）の3倍の最終容量とし、氷上で10分間膨潤させる。例えば、10mlの元のpcvを段階4で20mlに膨潤させた場合には、この段階で必要な追加の緩衝液は10mlのみである。細胞は少なくとも2倍に膨潤させるべきである。

6．細胞をインスリンシリンジに移す。10回の上下動作によってホモジネート化する。ホモジネート化はゆっくりと行い、特に下降動作ではそのようにする。

7．細胞を遠心管に移す。4000rpm（3300g）で15分間遠心分離することによって核を収集する。上清を取り出し、S-100細胞質の抽出物の調製のために取っておく。

【０１１６】

クロマチン複合体の抽出

8．管の目盛を用いて、段階7によるパック核容積（packed nuclear volume）（pnv）を測定する。核を12pnvに等しい容量の低塩濃度緩衝液中に再懸濁させる。少容量の低塩濃度緩衝液による核の再懸濁化は、高塩濃度緩衝液の添加中の核の急速混合によって可能になる（段階9）。

9．pnvの12倍に等しい容量の高塩濃度緩衝液（段階8による）を、滴下形式でそっと撹拌しながら添加する。高塩濃度緩衝液は頻回かつ連続的な混合の下で滴下して添加しなければならない。速く添加しすぎると、塩の局所濃度が上昇して一部の核が溶解する恐れがある。塩化カリウムの最終濃度は□300mMであるべきである。

10．連続的に穏やかに混合しながら核を30分間にわたって抽出する。混合は、電磁撹拌機による極めて穏やかな撹拌によって、または傾斜台での傾斜によって行うことができる。

11．抽出された核を、14,500rpm（25,000g）で30分間遠心分離することによってペレット化する。その結果得られた上清を流し出す。これが核抽出物である。

【０１１７】

抽出物の透析および保存

12．核抽出物を透析管に入れる。抽出物が100mM KClに達するまで、50倍容量の透析用緩衝液に対して透析する。

13．抽出物を透析バッグから取り出す。抽出物を14,500rpmで20分間遠心分離する。ペレットを廃棄する。これにより、塩化カリウム濃度が透析中に低下した時に沈降するタンパク質および核酸が除去されると考えられる。

14．上清のタンパク質濃度を決定する。所望であれば管に定量分注し、液体窒素中に浸漬させることによって急速に凍結させる。抽出物を-80℃で保存する。

【０１１８】

透析用緩衝液

20mM HEPES、pH 7.9、4℃
20％グリセロール
100mM KCl
0.2mM EDTA
0.2mM PMSF*
0.5mM DTT

【０１１９】

高塩濃度緩衝液
20mM HEPES、pH 7.9、4℃
25％グリセロール
1.5mM MgCl2
0.8、1.0、1.2、1.4または1.8M KCl
0.2mM EDTA
0.2mM PMSF*
0.5mM DTT
* 成分を使用直前に添加する（試薬および溶液についての入門書を参照のこと）。

【０１２０】

低張緩衝液
10mM HEPES、pH 7.9、4℃、
1.5mM MgCl2
10mM KCl
0.2mM PMSF*
0.5mM DTT*

【０１２１】

低塩濃度緩衝液
1.2M KClの代わりに0.02M KClを用いて、高塩濃度緩衝液と同様に調製する。
* 成分を使用直前に添加する（試薬および溶液についての入門書を参照のこと）。

【０１２２】

クロマチン複合体の分画
P11樹脂のプレサイクリング（pre-cycling）
1．樹脂を25倍容量の0.5M NaOH中で5分間撹拌する。
2．濾液pHが11.0となるまでmQで洗浄する。
3．樹脂を25倍容量の0.5M HCl中で5分間撹拌する。
4．濾液pHが3.0を上回るようになるまでmQで洗浄する。
5．プレサイクリングを行ったPCを直ちに20倍容量の5×濃縮緩衝液中に移す：
100mM Hepes pH 7.9
20％v/vグリセロール
2.5mM DTT
1.0mM EDTA
0.5M KCl。
6．正しいpHとなるまでスラリーの微調整を行う。
7．上清をデカントする。
8．PCを20倍容量の出発溶出緩衝液中で撹拌する。
9．3～4分間放置する。
10．pHが正しくなるまで洗浄を繰り返し、+4℃で1週間保存する。

【０１２３】

転写複合体のバッチ精製
タンパク質25mgに対して床容積1mlの充填樹脂が必要である。
11．適量のプレサイクリング樹脂を細胞核抽出物に添加する。
12．+4℃で約1時間回転させる。
13．2000rpm、+4℃で3分間遠心分離する。
14．上清-はフロースルー画分であり、分析時までそれを-80℃で保存する。
15．溶出緩衝液のKCl濃度を0.2Mから1.0Mまで段階的に上昇させながら樹脂を洗浄し、2倍容量の緩衝液を床容積1倍のPCに添加する。すべての工程で樹脂を+4℃で30分間回転し、2000rpmで3分間かけて沈降させる。画分を収集する。

【０１２４】

溶出緩衝液

20mM Hepes pH 7.9
20％グリセロール
0.2mM EDTA
0.5mM DTT
1× PIC
KCl 0.2M～1.0M

【０１２５】

ウエスタンブロット分析

ウエスタンブロット分析は、Ali Sadra, Tomas Cinek and John B. Imboden. "Multiple Probing of an Immunoblot Membrane Using a Non-Block Technique: Advantages in Speed and Sensitivity." Analytical Biochemistry, 278, 2000, p. 235-237において刊行されたプロトコールに従って行った。

【０１２６】

手短に述べると、15μgのタンパク質試料をSDS試料用緩衝液中に可溶化して、10％ SDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動に供した。続いてタンパク質を、Bio-Radセミドライブロッターおよび標準的なTowbin緩衝液（10×濃縮液（0.25M Trisおよび1.92Mグリシンの水溶液））を用いてPVDF膜（Amersham）に移行させた。以降の分析には非ブロック手法を用い、タンパク質のPVDF膜への移行の後に、膜を15分間風乾させ、50％メタノール-水による水和を3サイクル行った。続いて、ブロットした膜を100％メタノール中に2分間置いた上で、37℃のインキュベーター内で10分間かけて完全に乾燥させた。膜が乾燥した後に、それを一次抗体溶液（3％脱脂乳-TBS-T中にて作製）とともに+4℃で一晩インキュベートした。続いて膜をTBS-Tで3回、各洗浄につき10分間ずつ洗浄し、その後に二次抗体溶液（3％脱脂乳-TBS-T中にて作製）とのインキュベーションを穏やかに振盪しながら室温で30分間行った。それぞれ20分間ずつTBS-Tで3回洗浄した後に、標的タンパク質のシグナルのECL検出（Amersham）を行った。

【０１２７】

抗体

一次抗体

・ヒトBaf57の内部領域の内部のエピトープに対するBaf57（C-20）（Santa Cruz）、1：500希釈；
・P62/THIIH1（マウスモノクローナル、MAb 3C9、J.M.Eglyより寄贈）、1：10000希釈；
・ヒトTRAP 95のC末端内部のエピトープに対するMed-16/TRAP 95（C-19）、1：500希釈。

【０１２８】

二次抗体

（Baf57およびMed-16/TRAP 95に対する抗ヤギ、p62/THIIH1に対する抗抗マウス）、1：100000希釈。

【０１２９】

結果

TCCのアイソフォームを検出するための、ウエスタンブロット法の後の核抽出物の分画により、アイソフォームが転写複合体中に存在し、野生型アイソフォームと同様に分画されうることが明らかに示された。

【０１３０】

BAF複合体

BAF複合体の分画を、P11ホスホセルロースを用いて分析した。BAF画分のウエスタンブロット分析により、アイソフォームおよび野生型BAF57が同一画分中に同定され、このことはBAF57アイソフォームが活性BAF57複合体中に存在することを示している。

【０１３１】

図1は、HeLa細胞ならびにヒト黒色腫SK-Mel 28細胞およびWM266-4細胞からのBAF複合体

の分析の結果を示している。HeLa細胞、SKMel28細胞およびWM 266-4細胞の核抽出物のアリコートを、イオン交換PE11カラム上でのクロマトグラフィーにかけた。0.1M KClを含む緩衝液でカラムを十分に洗浄した後に、結合したタンパク質を、0.2（レーン2、8および14）、0.3M KCl（レーン3、9および15）、0.5M KCl（レーン4、10および16）、0.75M KCl（レーン5および11）および1.0M KCl（レーン6および12）を含む緩衝液で溶出させた。最初の「フロースルー」はレーン1、7および13に示されている。

【０１３２】

GTF複合体

GTF複合体の分画を、P11ホスホセルロースを用いて分析した。TFIIHサブユニットp62のウエスタンブロット分析により、アイソフォームおよび野生型p62が同一画分中に同定され、このことはTFIIHサブユニットアイソフォームが活性複合体に存在することを示している。

【０１３３】

図2は、ウエスタンブロット検出を用いてp62（TFIIHサブユニット）を検出することによる、HeLa細胞ならびにヒト黒色腫SK-Mel 28およびWM266-4細胞由来のGTF複合体の分画の分析の結果を示している。HeLa細胞、SKMel28細胞およびWM 266-4細胞の核抽出物のアリコートを、イオン交換PE11カラム上でのクロマトグラフィーにかけた。0.1M KClを含む緩衝液でカラムを十分に洗浄した後に、結合したタンパク質を、0.2（レーン2、8および14）、0.3M KCl（レーン3、9および15）、0.5M KCl（レーン4、10および16）、0.75M KCl（レーン5、11および17）および1.0M KCl（レーン6. 12および18）を含む緩衝液で溶出させた。最初の「フロースルー」はレーン1、7および13に示されている。

【０１３４】

MED複合体

MED複合体の分画を、P11ホスホセルロースを用いて分析した。MEDサブユニットMED16のウエスタンブロット分析により、同一画分中にアイソフォームおよび野生型MED16が同定され、このことはMEDサブユニットアイソフォームが活性複合体中に存在することを示している。

【０１３５】

図3は、HeLa細胞からのNER画分中のMED-16を検出して黒色腫SK-Mel 28細胞と比較することによるメディエーター複合体の精製条件の評価の結果を示している。HeLa細胞およびSKMel28細胞の核抽出物のアリコートを、イオン交換PE11カラム上でのクロマトグラフィーにかけた。0.1M KClを含む緩衝液でカラムを十分に洗浄した後に、結合したタンパク質を、0.2（レーン2および8）、0.3M KCl（レーン3および9）、0.5M KCl（レーン4および10）、0.75M KCl（レーン5および11）および1.0M KCl（レーン6および12）を含む緩衝液で溶出させた。最初の「フロースルー」はレーン1および7に示されている。

【０１３６】

実施例4. BAF57isoのアイソフォームに対するペプチドBAF57p12の結合

材料および方法

タンパク質の精製

本発明者らは、BAF57、BAF57isoをクローニングした上で、pGEX-4T-1（N末端GST）発現ベクターを発現させ、BAF57の野生型およびアイソフォームの両方を発現させた。

【０１３７】

タンパク質の発現は、1mM IPTGにより30℃で8時間かけて誘導した。誘導の後に細胞をペレット化し、非変性抽出緩衝液中で洗浄した：

10mM Na2HPO4、1.8mM KH2PO4（pH7.3）

140mM NaCl

2.7mM KCl

1%Triton X 100

プロテアーゼ阻害薬混合物（Roch Diagnostics、完全、カタログ番号11 836 145 001）。

【０１３８】
GST-Baf57およびGST-BAF57isoタンパク質の精製
超音波処理を用いて細胞を溶解させた：3×15秒間氷上に置き、超音波処理の間は溶解物を冷却した。
【０１３９】
不溶性材料を除去するために溶解物を11000×gで10分間遠心分離した。上清を新たな管に移した。
【０１４０】
グルタチオンセファロース4B（GE Healthcare）の50％スラリーの100μlを、各溶解物上清に添加し、室温で5分間にわたり穏やかに混合した。
【０１４１】
Triton X 100を含まない1×抽出緩衝液の500μlを添加し、短時間のボルテックス処理を行って、セファロースビーズを沈降させるために1分間遠心分離した。
【０１４２】
上清を廃棄し、洗浄を2回繰り返して合計3回の洗浄を行った。
【０１４３】
30μlのグルタチオン溶出緩衝液（10mM還元グルタチオン、50mM Tris-HCl、pH 8.0）の添加によって融合タンパク質を溶出させ、室温で5分間インキュベートした。
【０１４４】
溶液を最大rpmで5分間遠心分離し、上清を新たな管に移した。
【０１４５】
タンパク質純度は、BAF57の野生型およびアイソフォームの両方を認識するBAF57に対する抗体を用いるSDS PAGEおよびウエスタンブロットを用いて分析した。
【０１４６】
結合試験
本発明者らは、非変性条件を用いて抽出および精製されたGST-BAF57およびGST-BAF57isoタンパク質を用いて、結合試験を実施した。
【０１４７】
まずフルオレセイン標識ペプチドBAF57p12を用いて、グルタチオンセファロースと結合した、またはグルタチオンセファロースとの結合後に溶液中にあるGST-BAF57およびGST-BAF57isoに対するその結合を分析した。いずれのプロトコールでも本発明者らには同様の結果が得られ、ペプチドBAF57p12はBAF57isoと高親和性で結合し、それはBAF57とも結合したものの、その親和性は低かった（図4）。これらの実験は1.5年前に合成したペプチドを用いて行った。
【０１４８】
マトリックス結合タンパク質に対するペプチドの結合
マトリックス結合タンパク質（10μg/50μl）を、結合用緩衝液（10mMリン酸、50mM NaCl、5mM MgCl2、2mMスペルミジン、0.3mM DDT、pH 7.9）中にある種々の濃度の標識ペプチド（0.01nM～10μM）とともに室温で15分間インキュベートした。インキュベーションの後に、マトリックスを10倍容量のインキュベーション緩衝液で3回洗浄した。マトリックスからのタンパク質の放出による結合蛍光を、10mM還元グルタチオン、50mM Tris-HCl、pH 8.0を用いて検出した。
【０１４９】
溶液中でのペプチドとタンパク質との結合
濃度10μg/100μlの精製タンパク質を、結合緩衝液（10mMリン酸、50mM NaCl、5mM MgCl2、2mMスペルミジン、0.3mM DDT、pH 7.9）中にある標識ペプチド（0.01nM～10μM）とともに室温で15分間インキュベートした。インキュベーションの後に、捕捉試薬（50μlのグルタチオンセファロース4B（GE Healthcare）を添加し、室温で20分間インキュベートした。結合緩衝液による洗浄（5回）後に、結合したタンパク質を10mM還元グルタチオン、50mM Tris-HCl、pH 8.0で放出させた。

【０１５０】

表面プラズモン共鳴分析

BAF57p12のGST-BAF57およびGST-BAF57iso精製タンパク質との結合を分析するために、本発明者らは、Helsinki大学（Finland）でBiacore 3000システムを用いる表面プラズモン共鳴分析も用いた。このシステムを用いて、関心対象の分子（リガンド-タンパク質GST-BAF57およびGST-BAF57iso）をセンサー表面に固定化し、続いて結合パートナー（分析物ペプチドBAF57p12）を移動水相中にある状態でその上に通過させた。引き続いて、センサー表面上でのそれらの相互作用を、標識を用いずにリアルタイムにモニターすることができる。タンパク質GST-BAF57およびGST-BAF57isoを、タンパク質の第一級（primary）アミノ基をマトリックスに対する共有結合のために利用するBiacore 3000 CM5センサーチップの取扱い説明書に従って、アミンカップリング法によって固定化した。タンパク質-ペプチド相互作用を評価するために、BIAevaluationバージョン4.1ソフトウエア（Biacore, Inc.）により、相互作用の親和性（平衡解離定数（KD））を、試料濃度の関数として平衡下での結合レベルから求めた。ペプチドBAF57p12を泳動用（結合用）緩衝液中に溶解させ、結合実験を20μl/分の流速を用いて泳動用緩衝液中、25℃で行った。本発明者らの予備的な分析結果からは、GST-BAFisoに対するBAF57p12の結合のKd値は5.5×10^{-7}Mであり、GST-BAFに対するBAF57p12の結合のKd値は3×10^{-4}Mであることが示されている。これらの結果は、フルオレセイン標識ペプチドを用いることによって得られた本発明者らのデータを裏づけている。

【０１５１】

実施例5．様々ながんにおけるアイソフォームの発現

本実施例は、様々なタイプのがんにおける転写因子複合体（TCC）の構成要素のアイソフォームの発現について示す。発現は、臨床的がん試料ならびに多数の細胞株のRT-PCR分析によって決定した。半定量的RT-PCR分析に続いて、PCR断片のDNA配列解析を行った。正常組織および非がん性細胞株の分析により、これらのアイソフォームの発現が存在しないことが判明し、これはそれらの発現が、がん特異的であることを示している。以下の表2は、様々なアイソフォーム遺伝子を発現することが示されたがんのタイプを列記している。

【０１５２】

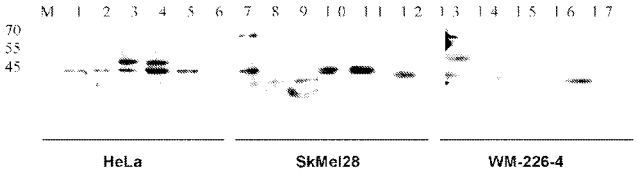
（表２）異なるがんのタイプにおけるTCC構成要素のアイソフォームの発現

遺伝子	がんにおけるアイソフォームの発現
MED24	黒色腫、結腸直腸がん、膠芽細胞腫
MED1	黒色腫、結腸直腸がん、神経膠腫、肺がん
MED4	黒色腫、結腸直腸がん、肺がん、神経膠腫
MED12	黒色腫、結腸直腸がん、乳がん、神経膠腫
MED13	肺がん、乳がん
MED14	卵巣がん、乳がん、肝がん
MED15	軟骨肉腫、前立腺がん
MED28	結腸直腸がん、乳がん
MED30	結腸直腸がん、乳がん、神経芽細胞腫、神経膠腫
BAF57	黒色腫、結腸直腸がん、膠芽細胞腫
BAF250	結腸直腸がん、乳がん、神経芽細胞腫、神経膠腫
BAF155	肺がん、乳がん、前立腺がん
BAF170	肺がん、乳がん、前立腺がん
BAF60	肺がん、奇形がん腫
BAF53	結腸直腸がん、乳がん
BAF47	神経膠腫、神経芽細胞腫、前立腺がん
TAF1	肺がん、肝細胞がん
TAF4	神経芽細胞腫、神経膠腫、膵がん
TAF7L	乳がん、前立腺がん

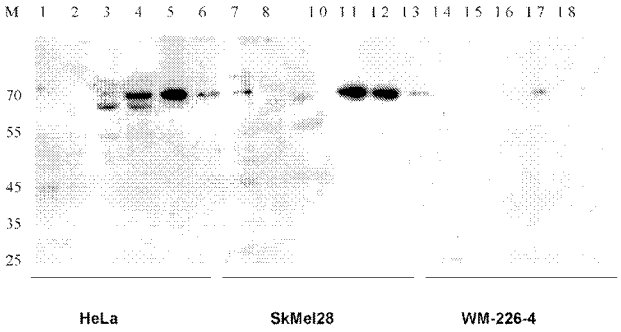
【０１５３】

本発明の具体的な態様を本明細書において例示の目的で説明してきたが、本発明の精神および範囲を逸脱することなく様々な変更を加えうることは前記のことから理解されると考えられる。したがって、本発明は、添付の特許請求の範囲以外のものによって限定されることはない。

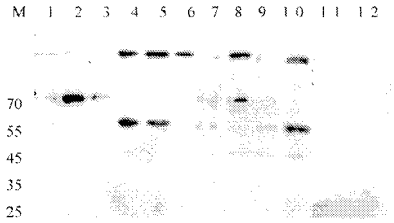
【図１】



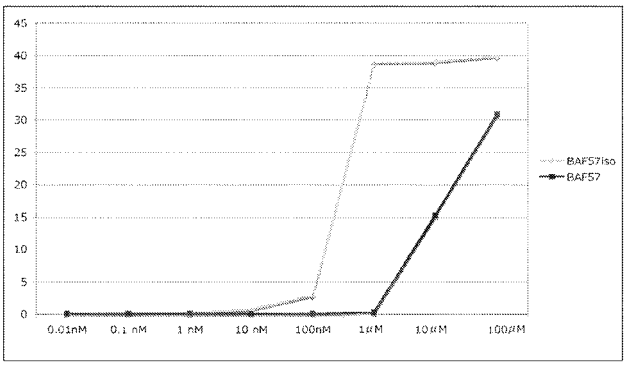
【図２】



【図３】



【図４】



【配列表】

2010529843000001.app

【国際調査報告】

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.
PCT/US2008/065688

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

C12Q 1/00(2006.01)i, C12N 15/19(2006.01)i, C07K 16/26(2006.01)i, G01N 33/574(2006.01)i

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)
IPC 8: C12Q 1/00

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)
eKIPASS, WPI, USPTO, PAJ "transcription coregulator complex, transcription factor, cancer-specific transcription complex, GTF, TAF, SWI/SNF, MED, coactivator, corepressor, isoform, etc."

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	GenBank Accession Number AAP36584, 'Homo sapiens general transcription factor IIH, polypeptide 2' 12 May 2003. See http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/viewer.fcgi?db=protein&id=30584663.	1, 6, 8
A	NUNCIADA SALMA et al. 'Temporal recruitment of transcription factors and SWI/SNF chromatin-remodeling enzymes during adipogenic induction of the peroxisome proliferator-activated receptor gamma nuclear hormone receptor', In: Molecular and Cellular Biology. June 2004, Vol.24(11), pp.4651-4663. See the whole documents.	1, 6, 8
A	DONG KUN LEE and CHAWNSHANG CHANG, 'Molecular communication between androgen receptor and general transcription machinery', In: Journal of Steroid Biochemistry & Molecular Biology. January 2003, Vol.84(1), pp.41-49. See the whole documents.	1, 6, 8
A	BERT W. O'MALLEY, 'Coregulators: from whence came these master genes', In: Molecular Endocrinology. Published Online February 2007, Vol.21(5), pp.1009-1013. See the whole documents.	1, 6, 8

☐ 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 application or patent 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 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	Date of mailing of the international search report
24 DECEMBER 2008 (24.12.2008)	**24 DECEMBER 2008 (24.12.2008)**
Name and mailing address of the ISA/KR Korean Intellectual Property Office Government Complex-Daejeon, 139 Seonsa-ro, Seo-gu, Daejeon 302-701, Republic of Korea Facsimile No. 82-42-472-7140	Authorized officer Heo, Joo-Hyung Telephone No. 82-42-481-8150

Form PCT/ISA/210 (second sheet) (July 2008)

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.
PCT/US2008/065688

Box No. II Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 2 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.: 10-19
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:
Claims 10-19 pertain to methods for treatment of the human or animal body by therapy, as well as diagnostic methods, and thus relate to a subject matter which this International Searching Authority is not required, under Article 17(2)(a)(i) of the PCT and Rule 39.1(iv) of the Regulations under the PCT, to search.

2. ☒ Claims Nos.: 2-5, 7, 9
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:
See the supplemental box

3. ☒ Claims Nos.: 16
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box No. III Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 3 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

1. ☐ As all required addtional 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 and, where applicable, the payment of a protest fee.
☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest but the applicable protest fee was not paid within the time limit specified in the invitation.
☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.
PCT/US2008/065688

- in continuation of Box II

Claims 2-4 and 9 are not clear and concise as required by PCT Article 6, since "a peptide", "a fusion protein comprising a peptide of claim 2 fused with a heterologous peptide", and "a composition comprising a molecule of any claims 1-7"(claims 2-4 are unclear.) are not defined clearly.
Claims 5 and 7 are unclear, because they are described that these claims further define "the fusion protein of claim 3" and "the antibody of claim 5", respectively, but claims 3 and 5 are concerned with "the peptide" and "the fusion protein", respectively.

フロントページの続き

(51)Int.Cl.			FI			テーマコード（参考）
Ｃ１２Ｎ	***5/09***	***(2010.01)***	Ｃ１２Ｎ	5/00	２０２Ｕ	４Ｃ０８５
Ｃ１２Ｑ	***1/04***	***(2006.01)***	Ｃ１２Ｑ	1/04		４Ｈ０４５
Ｃ１２Ｎ	***15/02***	***(2006.01)***	Ｃ１２Ｎ	15/00	Ｃ	
Ａ６１Ｋ	***38/00***	***(2006.01)***	Ａ６１Ｋ	37/02		
Ａ６１Ｐ	***35/00***	***(2006.01)***	Ａ６１Ｐ	35/00		
Ａ６１Ｋ	***39/395***	***(2006.01)***	Ａ６１Ｋ	39/395	Ｄ	
Ｃ１２Ｐ	*21/08*	*(2006.01)*	Ａ６１Ｋ	39/395	Ｎ	
			Ｃ１２Ｐ	21/08		

(81)指定国 AP(BW,GH,GM,KE,LS,MW,MZ,NA,SD,SL,SZ,TZ,UG,ZM,ZW),EA(AM,AZ,BY,KG,KZ,MD,RU,TJ,TM),EP(AT,BE,BG,CH,CY,CZ,DE,DK,EE,ES,FI,FR,GB,GR,HR,HU,IE,IS,IT,LT,LU,LV,MC,MT,NL,NO,PL,PT,RO,SE,SI,SK,TR),OA(BF,BJ,CF,CG,CI,CM,GA,GN,GQ,GW,ML,MR,NE,SN,TD,TG),AE,AG,AL,AM,AO,AT,AU,AZ,BA,BB,BG,BH,BR,BW,BY,BZ,CA,CH,CN,CO,CR,CU,CZ,DE,DK,DM,DO,DZ,EC,EE,EG,ES,FI,GB,GD,GE,GH,GM,GT,HN,HR,HU,ID,IL,IN,IS,JP,KE,KG,KM,KN,KP,KR,KZ,LA,LC,LK,LR,LS,LT,LU,LY,MA,MD,ME,MG,MK,MN,MW,MX,MY,MZ,NA,NG,NI,NO,NZ,OM,PG,PH,PL,PT,RO,RS,RU,SC,SD,SE,SG,SK,SL,SM,SV,SY,TJ,TM,TN,TR,TT,TZ,UA,UG,US,UZ,VC,VN,ZA,ZM,ZW

(74)代理人 100142929
弁理士 井上 隆一
(74)代理人 100148699
弁理士 佐藤 利光
(74)代理人 100128048
弁理士 新見 浩一
(74)代理人 100129506
弁理士 小林 智彦
(74)代理人 100130845
弁理士 渡邉 伸一
(74)代理人 100114340
弁理士 大関 雅人
(74)代理人 100121072
弁理士 川本 和弥
(72)発明者 カザンツェヴァ アンナ
エストニア タリン ヴァルゲ １８ジー－２２
(72)発明者 カザンツェヴァ エカテリーナ
エストニア タリン マフトラ ２６－１６１

Ｆターム(参考) 4B024 AA01 AA12 BA45 BA80 CA12 HA15
4B063 QA19 QQ08 QQ79 QR48 QR56 QR77 QS33 QX01
4B064 AG27 CA20 DA05 DA14
4B065 AA93X CA44 CA46
4C084 AA02 AA07 BA01 BA08 BA17 BA18 BA23 BA41 NA14 ZB261
4C085 AA13 AA14 BB11 DD32 DD62
4H045 AA10 AA20 AA30 BA10 BA41 CA40 CA41 DA76 EA28 EA51
FA72 GA21