

(19) 日本国特許庁(JP)

## (12) 特許公報(B2)

(11) 特許番号

特許第3785602号  
(P3785602)

(45) 発行日 平成18年6月14日(2006.6.14)

(24) 登録日 平成18年3月31日(2006.3.31)

(51) Int.C1.

F 1

<b>C 1 2 N</b>	<b>15/09</b>	<b>(2006.01)</b>	C 1 2 N	15/00	Z N A A
<b>C 1 2 N</b>	<b>5/10</b>	<b>(2006.01)</b>	C 1 2 N	5/00	B
<b>C 1 2 N</b>	<b>9/16</b>	<b>(2006.01)</b>	C 1 2 N	9/16	D
<b>C 1 2 N</b>	<b>9/20</b>	<b>(2006.01)</b>	C 1 2 N	9/20	

請求項の数 9 (全 24 頁)

(21) 出願番号

特願平8-86022

(22) 出願日

平成8年3月15日(1996.3.15)

(65) 公開番号

特開平9-248190

(43) 公開日

平成9年9月22日(1997.9.22)

審査請求日

平成15年3月12日(2003.3.12)

特許法第30条第1項適用 平成7年7月25日 社団  
法人日本生化学会発行の「生化学 Vol. 67, No.  
. 7」に発表

(73) 特許権者 596048411

東城 博雅

兵庫県西宮市甲陽園山王町1-88-30

5

(72) 発明者 東城 博雅

兵庫県西宮市甲陽園山王町1-88-30

5

(72) 発明者 長谷川 明

埼玉県入間郡大井町西鶴ヶ岡1丁目3番1

号 東燃株式会社 総合研究所内

審査官 上條 肇

最終頁に続く

(54) 【発明の名称】新規ホスホリパーゼ及びそれをコードするDNA

## (57) 【特許請求の範囲】

## 【請求項1】

ホスホリパーゼB活性及びリパーゼ活性を共に有し、配列番号：1に示すアミノ酸配列中少なくとも第367位のアミノ酸Lysから第712位のアミノ酸Asnまでのアミノ酸配列、又は該アミノ酸配列に対して1個又は数個のアミノ酸の置換、欠失又は付加により修飾されているアミノ酸配列を有する蛋白質。

## 【請求項2】

配列番号：1の第367位のアミノ酸Lysから第712位のアミノ酸Asnまでのアミノ酸配列、又は該アミノ酸配列に対して1又は数個のアミノ酸の置換、欠失又は付加により修飾されているアミノ酸配列を有する、請求項1に記載の蛋白質。 10

## 【請求項3】

請求項1又は2に記載の蛋白質をコードするDNA。

## 【請求項4】

配列番号：1に記載の塩基配列を有するDNAと高ストリンジエントな条件下ハイブリダイズし、且つホスホリパーゼB活性及びリパーゼ活性の両方を有する蛋白質をコードするDNA。

## 【請求項5】

請求項4に記載のDNAによりコードされている蛋白質。

## 【請求項6】

請求項3又は4に記載のDNAを含んで成るベクター。

**【請求項 7】**

請求項 6 に記載のベクターにより形質転換された宿主。

**【請求項 8】**

請求項 7 に記載の宿主を培養し、そして培養物から、ホスホリパーゼ B 活性及びリパーゼ活性を有する蛋白質を採取することを特徴とする、ホスホリパーゼ蛋白質の製造方法。

**【請求項 9】**

同程度の高いホスホリパーゼ A<sub>2</sub> とリパーゼ比活性を示し、小腸、精巣（精子）、食道に特異的に発現する請求項 1 又は 2 に記載の蛋白質。

**【発明の詳細な説明】****【0001】**

10

**【発明の属する技術分野】**

本発明は新規なホスホリパーゼ、該ホスホリパーゼをコードする遺伝子系、及び該ホスホリパーゼの製造方法に関する。本発明のホスホリパーゼはホスホリパーゼ活性及びリパーゼ活性を併せ持ち、膵臓ホスホリパーゼ補充療法剤、ホスホリパーゼ B / リパーゼ測定用試薬等として有用である。

**【0002】**

20

**【従来の技術】**

ホスホリパーゼはリン脂質を加水分解する酵素の総称であり、リン脂質（グリセロールリン脂質）は、グリセロールの末端及び中央のヒドロキシル基に脂肪酸がエステル結合しており、他方の末端のヒドロキシル基にリン酸基を介してコリン、エタノールアミン等が結合している化合物である。グリセロールリン脂質中のグリセロール基の s n - 1 位の脂肪酸エステル結合を加水分解するホスホリパーゼをホスホリパーゼ A<sub>1</sub> と称し、グリセロール基の s n - 2 位の脂肪酸エステル基を加水分解するホスホリパーゼをホスホリパーゼ A<sub>2</sub> と称し、また、ホスホリパーゼ A<sub>1</sub> 活性及びホスホリパーゼ A<sub>2</sub> 活性を併有するホスホリパーゼをホスホリパーゼ B と称する。

**【0003】**

また、リン脂質中の末端又は中央の脂肪酸アシル基の内一方が除去されたリン脂質をリゾリン脂質と称し、リゾリン脂質に作用して残っている脂肪酸エステル結合を加水分解する酵素も、分解生成物が前記ホスホリパーゼ B の場合と同じであるため、ホスホリパーゼ B に含められる。他方、リン脂質のグリセロール基とリン酸基との間のエステル結合を加水分解するホスホリパーゼをホスホリパーゼ C と称し、リン酸基とコリンやエタノールアミン等との間の結合を加水分解するホスホリパーゼをホスホリパーゼ D と称する。

30

他方、脂肪酸のグリセリンエステルのアシル基を加水分解する酵素をリパーゼと称する。従来、ホスホリパーゼ B 活性とリパーゼ活性とを併有する酵素は知られていない。

**【0004】****【発明が解決しようとする課題】**

従って、本発明は、ホスホリパーゼ B 活性とリパーゼ活性とを併有する新規な酵素を提供しようとするものである。

**【0005】**

40

**【課題を解決するための手段】**

従って本発明は、ホスホリパーゼ B 活性及びリパーゼ活性を共に有し、配列番号：1 に示すアミノ酸配列中の少なくとも第 3 6 7 位のアミノ酸 L y s から第 7 1 2 位のアミノ酸 A s nまでのアミノ酸配列、又は該アミノ酸配列に対して 1 個又は数個のアミノ酸の置換、欠失又は付加により修飾されているアミノ酸配列を有する蛋白質、並びに配列番号：1 に示す塩基配列とハイブリダイズすることができる DNA によりコードされており、且つホスホリパーゼ B 活性及びリパーゼ活性を併有する蛋白質を提供する。

**【0006】**

本発明はさらに、上記の蛋白質をコードする DNA、該 DNA を含んで成る組換えベクター、特に発現ベクター、及び該ベクターにより形質転換された宿主に関する。

本発明はまた、上記の宿主を培養し、該培養物から、ホスホリパーゼ B 活性及びリパーゼ

50

活性を併有する酵素を採取することを特徴とする該酵素の製造方法に関する。

【0007】

【発明の実施の形態】

酵素蛋白質

本発明の酵素は、単一の酵素としてホスホリパーゼ活性（リゾホスホリパーゼ活性を含めて）及びリパーゼ活性を有する多機能酵素である。例えば、ラットの小腸から精製した酵素は、ラット小腸膜分画から自己消化によって可溶化され、S D S - P A G E により測定した分子量は非還元条件下で約 35 kDa であり、還元条件下では 14 kDa 及び 21 kDa の 2 本のバンドとして示される。ラットの近位回腸からの c D N A によりコードされている蛋白質は配列番号：1 に示す 1 位のアミノ酸 M e t から 1443 位のアミノ酸 G l n までのアミノ酸配列を有する。 10

【0008】

この蛋白質は、図 1 に示すように、その N - 末端に、1 位の M e t から第 30 位の G l y までのアミノ酸配列を有するシグナルペプチドを有し、C - 末端に 1421 位の L e u から第 1443 位の T r p までのアミノ酸配列を有する膜結合ドメインを有し、これらの間に 4 個の反復配列、すなわち第 43 位の L e u から第 352 位の A s n までの第一反復配列、第 367 位の L y s から第 712 位の A s n までの第二反復配列、第 714 位の G l y から第 1059 位の A s n までの第三反復配列、及び第 1070 位の A s n から第 1408 位の G l n までの第四反復配列が存在し、この内図 4 に示すごとく、第二反復配列にホスホリパーゼ B 活性、リゾホスホリパーゼ活性及びリパーゼ活性が存在する。 20

【0009】

従って本発明の酵素蛋白質は、配列番号：1 に示すアミノ酸配列の内、少なくとも第二反復配列に相当する第 367 位の L y s から 712 位の A s n までのアミノ酸配列を有し、このアミノ酸配列の N - 末端及び / 又は C - 末端に更なるアミノ酸又はアミノ酸配列が付加されていてもよい。一般に、天然型酵素のアミノ酸配列中で少数のアミノ酸を変更しても本来の酵素活性が維持されることが知られている。

【0010】

従って、本発明の酵素は、上記のアミノ酸配列において 1 個 ~ 数個、例えば 10 個以下のアミノ酸が付加、欠失及び / 又は他のアミノ酸による置換によって修飾されたアミノ酸配列を有していてもよい。本発明はさらに、配列番号：1 に示す塩基配列を有する D N A と所定のストリンジエンシー条件下、例えば 65 、 16 時間 (5 × S S P E 、 0.5% S D S 、 1 × D e n d a r d t 溶液、 20 μ g / ml サケ精子 D N A ) においてハイブリダイズする D N A によりコードされており、且つホスホリパーゼ B 活性（リゾホスホリパーゼ活性を含む）とリパーゼ活性とを併有する酵素をも包含する。 30

【0011】

遺伝子系

本発明はさらに、本発明の酵素をコードしており、該酵素の製造のために有用な遺伝子系すなわち、前記の種々のアミノ酸配列をコードする D N A 、該 D N A を含んで成る組換えベクター、特に発現ベクター、及び該ベクターにより形質転換された宿主に関する。本発明の D N A の塩基配列は、前記の種々のアミノ酸配列をコードするものであればよいが、一例として、配列番号：1 に示すコード領域の塩基配列又はその一部分から成るものが挙げられる。 40

【0012】

この D N A は、適当な c D N A ライブラリーから選択された c D N A 、またはゲノミック D N A ライブラリーから選択された D N A であってもよい。 c D N A やゲノミック D N A の選択は、例えば、本発明の酵素の部分アミノ酸配列に基いて設計された D N A プローブを用いて行うことができ、あるいはそのようにして設計された D N A をプライマーとして用いて P C R 法により増幅してもよい。

【0013】

また、修飾されたアミノ酸配列を有する酵素をコードする D N A は、前記の D N A ライブ 50

ラリーのスクリーニング又はPCR法により得た、生来の塩基配列を有するDNAを基礎にして、常用の部位特定変異誘発やPCR法を用いて合成することができる。例えば、修飾を導入したい部位を含むDNA断片を、上記により得られたcDNA又はゲノミックDNAの制限酵素消化により得、これを鋳型にして、所望の変異を導入したプライマーを用いて部位特定変異誘発又はPCR法を実施し、所望の修飾を導入したDNA断片を得、これを、目的とする酵素の他の部分をコードするDNAに連結すればよい。

#### 【0014】

あるいはまた、短縮されたアミノ酸配列を有する酵素をコードするDNAを得るには、例えば目的とするアミノ酸配列より長いアミノ酸配列、例えば全長アミノ酸配列をコードするDNAを、所望の制限酵素により切斷し、得られたDNA断片が目的とするアミノ酸配列の全体をコードしていない場合には、不足部分を合成DNAを連結することにより補えばよい。

10

#### 【0015】

本発明はまた、前記のDNAを含んで成る組換えベクター、特に発現ベクター、及び該ベクターにより形質転換された宿主に関する。宿主としては、原核生物又は真核生物を用いることができる。原核生物としては、細菌、例えばエシェリヒア(Escherichia)属に属する細菌、例えば大腸菌(Escherichia coli)、バシルス(Bacillus)属微生物、例えばバシルス・ズブチリス(Bacillus subtilis)、等常用の宿主を用いることができる。

#### 【0016】

真核性宿主としては、下等真核生物、例えば真核性微生物、例えば真菌である酵母又は糸状菌が使用できる。酵母としては、例えばサッカロミセス(Saccharomyces)属微生物、例えばサッカロミセス・セレビシエ(Saccharomyces cerevisiae)等が挙げられ、また糸状菌としてはアスペルギルス(Aspergillus)属微生物、例えばアスペルギルス・オリゼ(Aspergillus oryzae)、アスペルギルス・ニガー(Aspergillus niger)、ペニシリウム(Penicillium)属微生物等が挙げられる。さらに、動物細胞又は植物細胞が使用でき、動物細胞としては、マウス、ハムスター、サル、ヒト等の細胞系が使用される。さらに、昆虫細胞、例えばカイコの細胞、又はカイコの成虫それ自体も宿主として使用される。

20

#### 【0017】

本発明の発現ベクターは、それらを導入すべき宿主の種類に依存して発現制御領域、例えばプロモーター及びターミネーター、複製起点等を含有する。細菌用発現ベクターのプロモーターとしては、常用のプロモーター、例えばlac, T7, trp等が使用され、酵母用プロモーターとしては、例えばADH1, PHO5等が使用され、糸状菌用プロモーターとしては例えば、グルコアミラーゼ遺伝子、-アミラーゼ遺伝子等のプロモーターが使用される。また、動物細胞宿主用プロモーターとしてはウイルス性プロモーター、例えばSV40、単純ヘルペス、チミジンキナーゼ(TK)、プロモーター等が使用される。

30

#### 【0018】

発現ベクターの作製は、制限酵素、リガーゼ等を用いて常法に従って行うことができる。また、発現ベクターによる宿主の形質転換も、常法に従って行うことができる。

40

本発明はまた、ホスホリパーゼB活性及びリパーゼ活性を併有する前記蛋白質の製造方法に関する。前記の発現ベクターにより形質転換された宿主を培養又は飼育し、培養物等から常法に従って、例えば、濾過、遠心分離、細胞の破碎、グルーパークロマトグラフィー、イオン交換クロマトグラフィー等により目的とする蛋白質を回収、精製することができる。本発明の酵素はまた、それを含有する組織又は器官、例えばラット小腸から上記のようにして回収、精製することもできる。

本発明の酵素は、例えば臍臓リパーゼ補充療法剤、小腸疾患の診断薬としてのホスホリパーゼ/リパーゼ測定系の試薬等として有用である。

#### 【0019】

#### 【実施例】

50

次に、本願発明を実施例によりさらに具体的に説明する。

実施例 1 . ホスホリパーゼ B / リパーゼの精製

ラット小腸刷子縁膜からのホスホリパーゼ B / リパーゼの精製を以下のように行なった。ペントバルビタール麻酔下に切除したラット小腸を - 35 度約 2 カ月間保存すると、その間にホスホリパーゼ B / リパーゼは限定分解により刷子縁膜から可溶化された。

【 0020 】

可溶化酵素を Q A E - トヨパール、フェニルセファロース、Q A E - トヨパール、ヒドロキシアバタイト、Con A - セファロース及びコスマゲル Q A の各クロマトグラフィーを用いて、約 8200 倍に精製した。精製標品は非還元条件の SDS - 電気泳動において 35 kDa の位置に単一バンドとして泳動され、このバンドに一致してホスホリパーゼ A<sub>2</sub> 活性、リゾホスホリパーゼ活性及びリパーゼ活性が認められた。 10

【 0021 】

一方、還元条件の SDS - 電気泳動では 35 kDa のバンドは消失し、代りに 21 kDa と 14 kDa の二本のバンドが見られたが酵素活性は検出できなかった。本酵素の至適 pH は、ホスホリパーゼ A<sub>2</sub> 活性、リゾホスホリパーゼ活性及びリパーゼ活性とともに 9 付近であった。1 - アルキル - ホスファチジルコリン、ジアシル - ホスファチジルコリン及びジアシル - ホスファチジルエタノールアミンに対する反応性は、デオキシコール酸との混合ミセルを基質とした場合、大差はなかった。ジラジルリン脂質リポソームに対する反応性は低いが、胆汁酸 / ジラジルリン脂質混合ミセル及びリゾアルキルミセルに対する反応性は高い。したがってホスホリパーゼ A<sub>2</sub> / リゾホスホリパーゼ活性比は、基質の存在様式により異なる。 20

【 0022 】

実施例 2 . ホスホリパーゼ B / リパーゼの部分アミノ酸配列の決定

精製された酵素を還元カルボキシメチル化し、逆相 HPLC で分離して 14 kDa と 21 kDa の二種類のポリペプチド鎖を得た。それぞれの N 末端からのアミノ酸配列をシークエンサーで決定した。その結果、14 kDa のポリペプチド及び 21 kDa のポリペプチドからそれぞれ次のアミノ酸配列が得られた。

(1) Glu Gly Thr Lys Phe Thr Cys Pro Asp Lys Asp Pro Ser Asp Ser Ile Pro  
o (配列番号 : 2) 30

(2) Phe Ser Pro Gln Thr Phe Thr Asp Asn Ile Lys Thr Ala Leu Asp Ile Le  
u His Ala Glu Val Pro Arg Ala Phe Val Asn Met Val Ser (配列番号 : 3)

【 0023 】

上記のアミノ酸配列中 9 個又は 10 個のアミノ酸に基いて下記のプライマー K F 及び Q T を設計し、常法に従って合成した。なお、プライマー K F の 5' - 末端の 8 塩基は人為的に付加した Bam HI 認識配列である。

プライマー K F : ccggatccAA(A/G)TT(C/T)ACITG(C/T)CCIGA(C/T)AA(A/G)GA(C/T)CC (配列番号 : 4) 40

プライマー Q T : GCIGT(C/T)TTIAT(A/G)TT(A/G)TCIGT(A/G)AANGT(C/T)TG (配列番号 5)

【 0024 】

実施例 3 . cDNA のクローニング

実施例 2 において合成したプライマーを用いてラット cDNA ライブライマーを用いて、DNA 断片をクローニングした。ラット cDNA ライブライマーは次のようにして作製した。常法により回腸から抽出した 1 μg の RNA を鑄型として、200 U の逆転写酵素 ( Super Script RT ) により cDNA を合成した。1 / 2 量の合成 cDNA と上記プライマー K F とプライマー Q T ( 各 100 pmol ) を用い PCR 法によりホスホリパー 50

ゼB／リバーゼcDNA断片を増巾した。PCR1サイクルの条件は、94℃、40秒；54℃、1分；72℃、1分であり、これを30サイクル行なった。

#### 【0025】

増幅産物は、5%ポリアクリルアミドゲル上単一バンド(540bp)であったため、pCR IIプラスミドベクターに直接挿入した。こうして、540bpのDNA断片を得た。この断片は、ホスホリバーゼB／リバーゼの一部分をコードしており、全長をコードしていないので、このcDNA断片をプローブとして、ラット近位回腸から、MOSE1oxクローニングベクター(Amersham)を用いて、cDNAライブラリーを作製した。このcDNAライブラリーは、次の様にして作製した。

#### 【0026】

ラット回腸から精製したポリ(A)<sup>+</sup>RNA 6μgを用いて、常法により2本鎖cDNAを合成した。cDNAの両端を平滑化後E<sub>c0</sub>RIアダプターを付加し、500bpより長いcDNAをスパンカラムにより集めた。このcDNAをMOSE1oxのE<sub>c0</sub>RI部位に挿入した。このベクターを用い常法によりin vitroパッケージング反応を行なってライブラリーを完成させた。

#### 【0027】

スクリーニングのためのハイブリダイゼーションは次の様にして行った。上記の540bp cDNAを<sup>32</sup>Pでラベルした。ラベル化プローブ(5×10<sup>7</sup>cpm)を100mlの5×SSPE、0.5%SDS、1×Denhardt溶液、20μg/ml変性サケ精子DNAを含む緩衝液中で65℃16時間ナイロンフィルター上のレプリカと反応させた。未反応のプローブは、65℃0.2×SSPE、0.1%SDS中で洗浄した。

#### 【0028】

こうして、19個の陽性クローンを得、その1つをpMOS-RIPLBと称し、その全塩基配列をサンガー法により決定した。その結果を配列番号：1に示す。このDNAは、全長4613bpのcDNAであり、1450個のアミノ酸から成るアミノ酸配列をコードする1個のオープンリーディングフレーム(ORF)を含有し、そのN-末端には約30残基のシグナル配列を含んでいた。このアミノ酸配列において、成熟蛋白質部分は4回の相同的な繰り返し配列と、C-末端側の疎水性の膜結合部位とから構成されていた。この構成を図1に模式的に示す。

なお、配列番号：1において、プライマーKFは第371位から第379位までのアミノ酸に対応し、プライマーQTは第532位のアミノ酸から第541位のアミノ酸までに対応した。

#### 【0029】

##### 実施例4．酵素活性部位の決定

図1に示す全長蛋白質のどの部分に酵素活性があるかを明らかにするため図2に示すように、全長蛋白質の発現プラスミドpSVL-RIPLBに加えて、膜結合ドメインのみを除去した蛋白質(配列番号：1中、第1位のMetから第1408位のGlnまでのアミノ酸配列を有する)をコードする発現プラスミドpSVL-C、シグナルペプチドと第一反復配列とで構成される蛋白質(配列番号：1中、第1位のMetから第357位のGlnまでのアミノ酸配列を有する)をコードする発現プラスミドpSVL-#1、

#### 【0030】

シグナルペプチドと第二反復配列とから構成される蛋白質(配列番号：1中、第1位のMetから第40位のPheまでのアミノ酸配列と、第366位のMetから第712位のAsnまでのアミノ酸配列を有する)をコードする発現プラスミドpSVL-#2、シグナルペプチドと第三反復配列とから構成される蛋白質(配列番号：1中、第1位のMetから第40位のPheまでのアミノ酸配列と、第712位のAsnから第1059位のAsnまでのアミノ酸配列を有する)をコードする発現プラスミドpSVL-#3、及びシグナルペプチドと第四反復配列とから構成される蛋白質(第1位のMetから第40位のPheまでのアミノ酸配列と、第1068位のIleから第1408位のGlnまでのアミノ酸配列とを有する)をコードする発現プラスミドpSVL-#4を、次の様にして作

10

20

20

30

40

50

製した。なお、この作製過程を図3及び4に示す。

【0031】

pMOS-RIPLBをBamHIで切断して、cDNAをアガロース電気泳動で回収し、発現用ベクターpSVLのBamHI部位に挿入した。このベクターをpSVL-RIPLBと名づけた。シグナル配列部分をそれぞれの反復配列cDNAに連結するため、まず、第1位Metから第40位PheまでをコードするcDNAとその3末端にNheI, DraI、ストップコドン、BamHIの順序のクローニングサイトを連結したDNA断片をPCR法により合成した。この際、プライマーとしてU18とNrevを用い、鑄型としてpSVL-RIPLBを用いた。

【0032】

このcDNA断片をpMOSblueに挿入し、pMOS-headと名付けた。次にpMOS-headをApaIとBamHIで切断したcDNA断片と、pSVL-RIPLBを同様に切断したプラスミッド側断片を回収し、お互いにつなぎ合わせてpSVL-headを作成した。pSVL-headには、NheI, DraI, MluI, BamHIのクローニングサイトが存在するので、これをを利用してpSVL-#1, pSVL-#2, pSVL-#3, pSVL-#4, pSVL-Cを作成した。

【0033】

(1) pSVL-#1の作成：pSVL-RIPLBからApaIとPuvIIで切り出したcDNA断片と、pSVL-headからApaIとDraIで切断したプラスミッド側断片を連結して、pSVL-#1を作成した。

(2) pSVL-#2, -#3, -#4の作成：5末端にNheI配列のあるセンス方向のプライマー(F2, F3, F4)と5末端にMluIとストップコドンのあるアンチセンス方向のプライマー(R2, R3, R4)、鑄型としてpSVL-RIPLBを用いてPCR法により第2、第3および第4反復配列部分cDNAを合成した。これらのPCR産物を、pSVL-headをNheIとMluIで切断したプラスミッド側断片にクローニングして、pSVL-#2, -#3および-#4を作成した。

(3) pSVL-Cの作成：pSVL-RIPLBをBamHIで切断して作成したプラスミッド側断片にpSVL-#4のBamHI断片を挿入してpSVL-Cを作成した。

【0034】

実施例5. 蛋白質の発現

実施例4に記載した各プラスミドを用いて常法に従ってCOS細胞を形質転換した後、形質転換されたCOS細胞をダルベコ・改変イーグル培地で37にて72時間培養し培養上清を採取後、細胞を剥離し、600μlのHEPES緩衝生食水に浮遊させた。細胞浮遊液を30秒2回超音波破碎し、1000g10分間4で遠心して上清を回収した。さらに上清を4で100,000g、45分間遠心し上清と沈殿に分離した。沈殿画分はHEPES生食200μlに分散させた。

【0035】

以上のようにサンプルを調製し、酵素活性(ホスホリパーゼA<sub>2</sub>活性、リゾホスホリパーゼ活性、及びリパーゼ活性)を次のようにして測定した。

酵素活性は、基質(1mM)としてホスホリパーゼA<sub>2</sub>反応には、1-パルミトイール-2-オレオイル-ホスファチジルコリン(POPC)、リパーゼ反応にはトリオレオイルグリセロール(TOG)、リゾホスホリパーゼ反応には、1-パルミトイール-グリセロホスホコリン(LPC)を用い、0.1M Tris-HCl(pH8.5)、0.1M NaCl、胆汁酸(ホスホリパーゼA<sub>2</sub>反応では6mMコール酸、リパーゼ反応では、6mMデオキシコール酸、リゾホスホリパーゼ反応では無添加)、10mMEDTAを含む溶液50μl中37で測定した。

反応はDole試薬(n-ヘプタン/2-プロパノール/2NH<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>、10:40:1v/v)200μlを加え停止し、さらにn-ヘプタン120μl、水70μl、内部標準物質マルガリン酸5nmolを加え、反応産物の脂肪酸をn-ヘプタン層に抽出した。抽

10

20

30

40

50

出した脂肪酸を 9 - アントリルジアゾメタンで誘導体化後、逆相 HPLC (98%アセトニトリル / 2% H<sub>2</sub>O、アイソクラティック溶出) で分離、定量した。検出は、254 nm の UV 吸収を用いて行った。

#### 【0036】

その結果、図 5 に示すように、いずれの酵素活性も、全長蛋白質 (プラスミド pSVL-RIPLB から発現) 及び第二反復配列 (及びシグナル配列) から成る蛋白質 (プラスミド pSVL-#2 から発現) において認められ、酵素活性部位が第二反復配列中に存在することが確認された。

さらに、前記の試料をイムノプロッティング法により分析し、また前記培養細胞中の RNA についてノーザンプロッティング法による分析を行った。

#### 【0037】

イムノプロッティング：試料として、pSVL-RIPLB で形質転換された細胞の場合は膜画分、それ以外のベクターを導入した細胞の場合には、培養上清を用いた。10% SDS - ポリアクリルアミドゲル各レーンに 20 μg の蛋白質量をのせた。泳動後 PVDF 膜にプロットした。1 次抗体として、ホスホリパーゼ B / リパーゼの第 450 ~ 1450 番目のアミノ酸配列に対応する蛋白質に対するウサギポリクローナル抗体を用い、2 次抗体としてペルオキシダーゼラベル化抗ウサギ IgG 抗体を用いた。コニカイムノステイン HRP キットにより発色させた。

#### 【0038】

ノーザンプロッティング：培養細胞から酸グアニジニウム - チオシアネート - フェノール - クロロホルム抽出法により全 RNA 画分を調製 < 各レーンに 30 μg の全 DNA をのせた。> した。<sup>32</sup>P ラベル化全長 RIPLB cDNA をプローブとして 5 × S S P E、5 × Denhardt 溶液、0.5% SDS、20 μg/ml 精子 DNA 溶液中、42°、16 時間ハイブリダイズさせた。洗浄は 65° で行なった。その結果を図 6 に示す。

#### 【0039】

発現ベクター pSVL-C, pSVL-#1, pSVL-#2, pSVL-#3, pSVL-#4 を導入した COS 細胞では、それぞれの cDNA に対応する大きさの mRNA が発現していたが、cDNA を含まない pSVL のみを導入した細胞では本酵素の mRNA の発現は見られなかった。pSVL-RIPLB 導入細胞では膜分画に 200 kDa の酵素が検出されたが (C - 末端疎水領域を欠く pSVL-C 導入細胞では培養上清に酵素が検出された。この結果、C - 末端疎水性ドメインが膜結合に関与することが明らかとなつた。また、第 2、第 4 反復配列に対応する酵素は、培養上清に検出されたが第 1、第 3 反復配列に対応する酵素は検出できなかつた。本実験に用いた抗体の反応性が各々の反復配列部分で異なっていることが示唆される。

#### 【0040】

##### 実施例 6. ホスホリパーゼ B / リパーゼの生体内分布

ホスホリパーゼ B / リパーゼ酵素の生体内分布を調べるために、ラットの小腸、脳、肺、食道、胃、十二指腸、回腸、盲腸、結腸、心臓、肝臓、腎臓、脾臓、胸腺、精巣及び卵巣から RNA を抽出し、前記の cDNA をプローブとして用いて、ノーザンプロット法により、ホスホリパーゼ B / リパーゼ酵素をコードする遺伝子の分布を観察した。その結果、図 7 に示すように、小腸のほかに、食道及び精巣にも、小腸からの mRNA と同じ長さであり、且つプローブ cDNA とハイブリダイズする mRNA が存在することが明らかとなり、本酵素が消化以外の役割を担っている可能性が示された。

また、十二指腸、空腸、回腸（上部）及び回腸（下部）の粘膜、並びに食道の粘膜及び筋肉からの抽出した RNA の結果を図 8 に示す。

#### 【0041】

ホスホリパーゼ B / リパーゼは、小腸口側よりも肛門側の回腸とりわけ上部回腸粘膜に豊富に存在していた。したがって、食物中の脂質は、まず、小腸上部の管腔内で脾臓から分泌されたリパーゼやホスホリパーゼ A<sub>2</sub> の作用で分解され、その後、回腸の本酵素により経末消化を受けることが示唆された。食道上皮は、小腸上皮と異なり刷子縁を持たない偏

10

20

30

40

50

平上皮細胞から成るので本酵素の分布を上皮と固有筋層に分けて検討した。食道においても本酵素は上皮細胞に存在していた。

## 【0042】

## 【配列表】

配列番号：1

配列の長さ：4613bp

配列の型：核酸

鎖の型：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA

10

起原

生物名：ラット

直接の起原：プラスミドpSVL-RIPLB

特徴

アミノ酸配列 1...30 シグナル

アミノ酸配列 43...352 第一反復配列

アミノ酸配列 367...712 第二反復配列

アミノ酸配列 714...1059 第三反復配列

アミノ酸配列 1070...1408 第四反復配列

アミノ酸配列 1421...1443 膜結合ドメイン

20

## 配列

TACTCAGAGG TCCCAGACAC CTGCAAGACT GAGGG ATG GAG TCA TGG CCA GGC 53

Met Glu Ser Trp Pro Gly

1 5

GTT TCC CTG GTG GGA CTG CTG CTG CTA CTG CTG GGA CAA GGG CCC 101

Val Ser Leu Val Gly Leu Leu Leu Leu Leu Leu Gly Gln Gly Pro

10 15 20

30

TCC CAA ATC CAC GGC TCT TCT GGA GAA AAC ACA TCG CAG CCC CAG CAA 149

Ser Gln Ile His Gly Ser Ser Gly Glu Asn Thr Ser Gln Pro Gln Gln

25 30 35

## 【0043】

GTG TTT CGG ACC CTG AAG AAT TTT TCA TTC CCT TGC AAG CCA AAG AAG 197  
 Val Phe Arg Thr Leu Lys Asn Phe Ser Phe Pro Cys Lys Pro Lys Lys  
   40                  45                  50  
 TTA GAA CTG AGT GTG CTT TCT AAG TCA GTT CAC TCT CTG AGA CCC TCA 245  
 Leu Glu Leu Ser Val Leu Ser Lys Ser Val His Ser Leu Arg Pro Ser  
   55                  60                  65                  70  
 GAC ATT AAA CTC GTG GCA GCC ATC GGC AAC CTA GAA ACT CCT CCA GCC 293 10  
 Asp Ile Lys Leu Val Ala Ala Ile Gly Asn Leu Glu Thr Pro Pro Ala  
   75                  80                  85  
 CCT GGC TCA GGC GTG GTC AAC ATG GAG AAA CCT CAA AGC CTC GAG AGC 341  
 Pro Gly Ser Gly Val Val Asn Met Glu Lys Pro Gln Ser Leu Glu Ser  
   90                  95                  100  
 GAA CTA CAG AAT GTG TGC ATA GGA ATC ATG ACA GCC CTT TCA GAT ATC 389  
 Glu Leu Gln Asn Val Cys Ile Gly Ile Met Thr Ala Leu Ser Asp Ile 20  
   105                 110                 115  
 ATC AGA CAT TTC AAC CCT TCT GTT CTG ATG CCC ACG TGT TCT CCT GGG 437  
 Ile Arg His Phe Asn Pro Ser Val Leu Met Pro Thr Cys Ser Pro Gly  
   120                 125                 130  
 AAG GGT ACT GCA GGC CAC ACT ACT ATT GCC GAA GAC TTG TGG ATT CAG 485  
 Lys Gly Thr Ala Gly His Thr Thr Ile Ala Glu Asp Leu Trp Ile Gln  
   135                 140                 145                 150 30  
 GCT AAA GAG CTG GTG AGG CAT CTG AAA GAC AAC CCG GAA CTT GAT TTT 533  
 Ala Lys Glu Leu Val Arg His Leu Lys Asp Asn Pro Glu Leu Asp Phe  
   155                 160                 165  
 GAG AAG GAC TGG AAA CTC ATC ACT GTG CTC TTC AGT AAC ACA AGC CAG 581  
 Glu Lys Asp Trp Lys Leu Ile Thr Val Leu Phe Ser Asn Thr Ser Gln  
   170                 175                 180

TGC CAC CTG TGT TCC TCT GAT CAG CAG AAA AGG CAC TTG ATG AAG CAC 629  
 Cys His Leu Cys Ser Ser Asp Gln Gln Lys Arg His Leu Met Lys His  
                  185                 190                 195  
 ATG GAG ATG CTG TCA GGG GTG CTG GAT TAC CTG CAT CGT GAG GTC CCC 677  
 Met Glu Met Leu Ser Gly Val Leu Asp Tyr Leu His Arg Glu Val Pro  
                  200                 205                 210  
 AGA GCG TTT GTG AAT TTG GTG GAT CTC TCT GAG GTT TTG ACC ATG GCT 725      10  
 Arg Ala Phe Val Asn Leu Val Asp Leu Ser Glu Val Leu Thr Met Ala  
                  215                 220                 225                 230  
 CAG CAG CAT CAA GAG ACT GGT TTC AGC CCT GCA CCA GAG ATT TGC AAA 773  
 Gln Gln His Gln Glu Thr Gly Phe Ser Pro Ala Pro Glu Ile Cys Lys  
                  235                 240                 245  
 TGC TCA GAG GAA ATA ACG AAG TTA TCC AAG GCT GTC ATG CAG TGG TCC 821  
 Cys Ser Glu Glu Ile Thr Lys Leu Ser Lys Ala Val Met Gln Trp Ser      20  
                  250                 255                 260  
 TAT CAG GAA GCC TGG GAA GAT CTC CTG GCC TCC AGC AAG TTC AAT AAG 869  
 Tyr Gln Glu Ala Trp Glu Asp Leu Leu Ala Ser Ser Lys Phe Asn Lys  
                  265                 270                 275  
 CAT GAG ACC TTC GCT GTG GTT TTC CAG TCT TTC TTC TCT GAG GTA GAA 917  
 His Glu Thr Phe Ala Val Val Phe Gln Ser Phe Phe Ser Glu Val Glu  
                  280                 285                 290      30  
 CTA CCC TTG GAG AGG CCC TCG CCC CAG GAT TCC ACC ACG CTC GCC CTC 965  
 Leu Pro Leu Glu Arg Pro Ser Pro Gln Asp Ser Thr Thr Leu Ala Leu  
                  295                 300                 305                 310  
 AGG ATC TGG AAT AGC ATG ATG GAA CCA GTG GGT CGA AAG GAT GGG ACA 1013  
 Arg Ile Trp Asn Ser Met Met Glu Pro Val Gly Arg Lys Asp Gly Thr  
                  315                 320                 325  
40

CTC AAT GAA GCA GAG AGA AAA ACA ATG AAA TGT CCC TCT CAG GAG AGC 1061  
 Leu Asn Glu Ala Glu Arg Lys Thr Met Lys Cys Pro Ser Gln Glu Ser  
                  330                 335                 340  
 CCC TAT CTG TTC ACC TAC AGA AAT AGC AAC TAC CAG GCC AGA CAG CTG 1109  
 Pro Tyr Leu Phe Thr Tyr Arg Asn Ser Asn Tyr Gln Ala Arg Gln Leu  
                  345                 350                 355  
 AAA CCC ATA GGA AAG TTT CAG ATG AAA GAA GGA ACA AAA TTC ACC TGT 1157      10  
 Lys Pro Ile Gly Lys Phe Gln Met Lys Glu Gly Thr Lys Phe Thr Cys  
                  360                 365                 370  
 CCT GAC AAA GAC CCC TCG GAC TCC ATC CCC ACA ACA GTT CAC AGG CTG 1205  
 Pro Asp Lys Asp Pro Ser Asp Ser Ile Pro Thr Thr Val His Arg Leu  
                  375                 380                 385                 390  
 AGG CCG GCT GAC ATC AAG GTC ATC GGA GCC ATG GGT GAC TCG CTC ACG 1253  
 Arg Pro Ala Asp Ile Lys Val Ile Gly Ala Met Gly Asp Ser Leu Thr      20  
                  395                 400                 405  
 GCA GGC AAC GGG GCA GGG TCC AGC CCT GGG AAT GTC TTG GAT GTC TTA 1301  
 Ala Gly Asn Gly Ala Gly Ser Ser Pro Gly Asn Val Leu Asp Val Leu  
                  410                 415                 420  
 ACT CAA TAC CGA GGC CTG TCG TGG AGT GTG GGC GGA GAT GAG ACC ATC 1349  
 Thr Gln Tyr Arg Gly Leu Ser Trp Ser Val Gly Gly Asp Glu Thr Ile  
                  425                 430                 435      30  
 GAG ACC GTG ACC ACC CTA GCC AAC ATC CTC CGG GAA TTC AAC CCC TCC 1397  
 Glu Thr Val Thr Leu Ala Asn Ile Leu Arg Glu Phe Asn Pro Ser  
                  440                 445                 450  
 TTG AAG GGC TTC TCT GTT GGC ACT GGG AAA GAA AAC ACT CCC CGA GCA 1445  
 Leu Lys Gly Phe Ser Val Gly Thr Gly Lys Glu Asn Thr Pro Arg Ala  
                  455                 460                 465                 470      40

TCC TTC AAC CAG GCC GTA GCA GGA GCC AAA TCT GAT GGC TTA GCT GCC 1493

Ser Phe Asn Gln Ala Val Ala Gly Ala Lys Ser Asp Gly Leu Ala Ala

475 480 485

CAG GCC AAA AAG CTG GTG AGC CTG ATG AAG GAT GAC AAG ACA ATA AAC 1541

Gln Ala Lys Lys Leu Val Ser Leu Met Lys Asp Asp Lys Thr Ile Asn

490 495 500

TTT CAG GAA GAC TGG AAG ATA ATC ACT GTG TTT ATA GGA GGC AAC GAC 1589

Phe Gln Glu Asp Trp Lys Ile Ile Thr Val Phe Ile Gly Gly Asn Asp

505 510 515

CTC TGT GGC TCC TGC AAT AAC CTG GCT CGC TTT TCT CCC CAA ACC TTC 1637

Leu Cys Gly Ser Cys Asn Asn Leu Ala Arg Phe Ser Pro Gln Thr Phe

520 525 530

ACA GAC AAC ATC AAG ACG GCC CTG GAC ATC CTC CAT GCA GAG GTT CCC 1685

Thr Asp Asn Ile Lys Thr Ala Leu Asp Ile Leu His Ala Glu Val Pro

535 540 545 550

CGG GCC TTT GTG AAC ATG GTC TCG GTG ATT GAG ATC ACC CCC TTG AGA 1733

Arg Ala Phe Val Asn Met Val Ser Val Ile Glu Ile Thr Pro Leu Arg

555 560 565

GAA CTG TTC AAT GAA CCT AAA GTC AGC TGC CCA CGG ATG ATC CTC AGG 1781

Glu Leu Phe Asn Glu Pro Lys Val Ser Cys Pro Arg Met Ile Leu Arg

570 575 580

AGC CTG TGT CCT TGT GTC TTG AAC CTT GGT GAG AAC TCA GCA GAA CTT 1829

Ser Leu Cys Pro Cys Val Leu Asn Leu Gly Glu Asn Ser Ala Glu Leu

585 590 595

GCC CAA CTT GTG GAA AGG AAC AGG CAG TAT CAG GAA GAA ACT GGA AAA 1877

Ala Gln Leu Val Glu Arg Asn Arg Gln Tyr Gln Glu Glu Thr Gly Lys

600 605 610

40  
【 0 0 4 7 】

CTG ATT GAG AGT GGC CGA TAC GAC ACC AGG GAT GAC TTC ACC GTG GTC 1925  
 Leu Ile Glu Ser Gly Arg Tyr Asp Thr Arg Asp Asp Phe Thr Val Val  
 615 620 625 630  
 CTC CAG CCC ATG TTT GAA AAT GTC GTC ATG CCA CGG ACC CTG GAG GGC 1973  
 Leu Gln Pro Met Phe Glu Asn Val Val Met Pro Arg Thr Leu Glu Gly  
 635 640 645  
 TTG CCC GAC AGC TCT TTC TTT GCC CCT GAC TGT TTC CAC TTC AAT GTC 2021 10  
 Leu Pro Asp Ser Ser Phe Phe Ala Pro Asp Cys Phe His Phe Asn Val  
 650 655 660  
 AAG ACT CAC GCT CGC TCA GCC ATC GCC CTC TGG AAG AAC ATG CTA GAA 2069  
 Lys Thr His Ala Arg Ser Ala Ile Ala Leu Trp Lys Asn Met Leu Glu  
 665 670 675  
 CCT GTG GGC CGC AAG ACA AGA CAT CAG AAT TTT GAA ATC AAG GTC CCT 2117  
 Pro Val Gly Arg Lys Thr Arg His Gln Asn Phe Glu Ile Lys Val Pro 20  
 680 685 690  
 ATC ATG TGT CCA AAC CAG ACC TCA CCG TTT CTG AGC ACC ACC AAG AAC 2165  
 Ile Met Cys Pro Asn Gln Thr Ser Pro Phe Leu Ser Thr Thr Lys Asn  
 695 700 705 710  
 AGC AAC CTG GGA CAT GGA ACT TCG ATG TCT TGT GAG GAG AAA GCC CCC 2213  
 Ser Asn Leu Gly His Gly Thr Ser Met Ser Cys Glu Glu Lys Ala Pro  
 715 720 725 30  
 TCT GCC TCA CCA CCA ACC TCA GTG CAT ACC CTG AGA CCT GCA GAC ATC 2261  
 Ser Ala Ser Pro Pro Thr Ser Val His Thr Leu Arg Pro Ala Asp Ile  
 730 735 740  
 CAA GTT GTG GCA GCT CTG GGA GAC TCT GTG ACT GCT GGC AAT GGA ATC 2309  
 Gln Val Val Ala Ala Leu Gly Asp Ser Val Thr Ala Gly Asn Gly Ile  
 745 750 755

AGC TCC CAA GAA GGT GAT CTC GCT GAT GTT ACC ACA CAG TAT CGA GGA 2357

Ser Ser Gln Glu Gly Asp Leu Ala Asp Val Thr Thr Gln Tyr Arg Gly

760

765

770

CTG TCC TAC AGT GCT GGT GGG GAC AAG TTC CTG GAG AAT GTG ACC ACC 2405

Leu Ser Tyr Ser Ala Gly Gly Asp Lys Phe Leu Glu Asn Val Thr Thr

775

780

785

790

TTG CCC AAC ATC CTC CGG GAA TTT AAT GGA AAT CTC ACA GGC TAC TCA 2453

10

Leu Pro Asn Ile Leu Arg Glu Phe Asn Gly Asn Leu Thr Gly Tyr Ser

795

800

805

GTC GGA ACC GGT GAC GTC AAC TCT GCA AGC GCG TTC CTT AAC CAG GCT 2501

Val Gly Thr Gly Asp Val Asn Ser Ala Ser Ala Phe Leu Asn Gln Ala

810

815

820

GTC CCT GGG GCA AAG GCT GAG AAC CTT GCA AGT CAA GTC CAG ACT CTG 2549

Val Pro Gly Ala Lys Ala Glu Asn Leu Ala Ser Gln Val Gln Thr Leu

825

830

835

ATT CAG AAG ATG AAG AAT GAC ACC AGA GTG AAC TTT CAC CAA GAC TGG 2597

Ile Gln Lys Met Lys Asn Asp Thr Arg Val Asn Phe His Gln Asp Trp

840

845

850

AAG GTC ATC ACT GTG ATG ATT GGG GCC AGC GAC TTG TGT GAC TTC TGC 2645

Lys Val Ile Thr Val Met Ile Gly Ala Ser Asp Leu Cys Asp Phe Cys

855

860

865

870

30

AAG GAT TCG AAT CGT TAC TCT GCA GCC AAT TTT TCT GAC CAT CTC CGC 2693

Lys Asp Ser Asn Arg Tyr Ser Ala Ala Asn Phe Ser Asp His Leu Arg

875

880

885

AAT GCC TTG GAC ATC CTG CAT AAG GAG GTA CCC AGA GCC CTG GTC AAC 2741

Asn Ala Leu Asp Ile Leu His Lys Glu Val Pro Arg Ala Leu Val Asn

890

895

900

40

CTT GTG GAC TTC ATG AAC CCC AGT ATC ATT CGG CAA GTG TTC CTG AAG 2789

Leu Val Asp Phe Met Asn Pro Ser Ile Ile Arg Gln Val Phe Leu Lys

905 910 915

AAC CCA GAC AAG TGC CCT GTG AAT CAG ACC AGT GTC CTG TGC AAC TGT 2837

Asn Pro Asp Lys Cys Pro Val Asn Gln Thr Ser Val Leu Cys Asn Cys

920 925 930

GTT CTG ACC CCA GGG GAG GAT TCC CAT GAG CTG GCA AGG TTG GAG GCC 2885

10

Val Leu Thr Pro Gly Glu Asp Ser His Glu Leu Ala Arg Leu Glu Ala

935 940 945 950

TTC ACC AAA TCC TAC CAG AGT AGC ATG CTT CAA CTG GTT GAG TCA GGC 2933

Phe Thr Lys Ser Tyr Gln Ser Ser Met Leu Gln Leu Val Glu Ser Gly

955 960 965

CGC TAC GAC ACC CGG GAG GAT TTC TCT GTG GTA CTG CAG CCC TTT CTC 2981

Arg Tyr Asp Thr Arg Glu Asp Phe Ser Val Val Leu Gln Pro Phe Leu

20

970 975 980

TTC AAC ATC AGG CTC CCC ATC CTA GAG AAT GGG AAT CCA GAT ACA TCC 3029

Phe Asn Ile Arg Leu Pro Ile Leu Glu Asn Gly Asn Pro Asp Thr Ser

985 990 995

TTC TTT GCC CCA GAC TGC ATC CTC CTA AGC CAG AAG TTC CAC ACT CAG 3077

Phe Phe Ala Pro Asp Cys Ile Leu Leu Ser Gln Lys Phe His Thr Gln

1000 1005 1010

30

CTC GCG AGA GCC CTT TGG GCC AAT ATG CTT GAA CCC CTG GGA AAG AAA 3125

Leu Ala Arg Ala Leu Trp Ala Asn Met Leu Glu Pro Leu Gly Lys Lys

1015 1020 1025 1030

ATG GAT ACT TTG GAC CCG AAA GAA CTC ATA GCT TTG GCC TGC CCC ACC 3173

Met Asp Thr Leu Asp Pro Lys Glu Leu Ile Ala Leu Ala Cys Pro Thr

1035 1040 1045

40

AAG GAC AAG CCC TTC CTG AGA ACC TTC CGG AAC AGT AAC TAC ACG TAC 3221  
 Lys Asp Lys Pro Phe Leu Arg Thr Phe Arg Asn Ser Asn Tyr Thr Tyr  
 1050 1055 1060

CCT ATC AAG CCA GCC ATT GAG AAT TGG GGC AGT GAC TTC CTG TGC ACA 3269  
 Pro Ile Lys Pro Ala Ile Glu Asn Trp Gly Ser Asp Phe Leu Cys Thr  
 1065 1070 1075

GAG CAG AGT CCT TCC AGC AAG GTA CCC ACC TCA GTT CAT GAG CTC CGA 3317  
 Glu Gln Ser Pro Ser Ser Lys Val Pro Thr Ser Val His Glu Leu Arg  
 1080 1085 1090

CCA TCA GAC ATC AAG GTG GTG GCA GCA ATG GGT GAC TTT CTG ACG ACA 3365  
 Pro Ser Asp Ile Lys Val Val Ala Ala Met Gly Asp Phe Leu Thr Thr  
 1095 1100 1105 1110

GCC ACC GGA GCT CGA CCA AGT GAG TCC AGC AGT CTA GAC ACC CCC TGG 3413  
 Ala Thr Gly Ala Arg Pro Ser Glu Ser Ser Leu Asp Thr Pro Trp  
 1115 1120 1125

AGG GGG CTG TCT TGG AGC ATT GGA GGA GAT GGA ACG TTG GAG ACC CAT 3461  
 Arg Gly Leu Ser Trp Ser Ile Gly Gly Asp Gly Thr Leu Glu Thr His  
 1130 1135 1140

ACC ACA CTG CCC AAC ATC CTG AAG AAG TTC AAC CCT TCC ATC CTT GGA 3509  
 Thr Thr Leu Pro Asn Ile Leu Lys Lys Phe Asn Pro Ser Ile Leu Gly  
 1145 1150 1155

TTC TCC ACC GGT ACC CTG GAG AAC ACG GCA GGA TTA AAT GTG GCA GAA 3557  
 Phe Ser Thr Gly Thr Leu Glu Asn Thr Ala Gly Leu Asn Val Ala Glu  
 1160 1165 1170

GAA GGC GCC AGA GCT CAG GAC ATG CCG GCC CAG GCT CAG GCC CTG GTG 3605  
 Glu Gly Ala Arg Ala Gln Asp Met Pro Ala Gln Ala Gln Ala Leu Val  
 1175 1180 1185 1190

AAG AAG ATG AAA AGC ACC CCT ACA ATC AAC ATA CAG GAA GAC TGG AAG 3653  
 Lys Lys Met Lys Ser Thr Pro Thr Ile Asn Ile Gln Glu Asp Trp Lys

1195 1200 1205

CTG ATT ACA CTC CTC ATC GGG AAC AAC GAC CTG TGT CTT TAC TGT GAG 3701  
 Leu Ile Thr Leu Leu Ile Gly Asn Asn Asp Leu Cys Leu Tyr Cys Glu  
 1210 1215 1220

GAT CCG GAG AAC TAC TCA ACC AGG GAG TAT GTC AAG TAC ATC CAG CAT 3749  
 Asp Pro Glu Asn Tyr Ser Thr Arg Glu Tyr Val Lys Tyr Ile Gln His

1225 1230 1235

GCC TTG GAC ATC TTC TAT GAG GAG CTT CCC AGG GTT TTC ATC AAC GTG 3797  
 Ala Leu Asp Ile Phe Tyr Glu Glu Leu Pro Arg Val Phe Ile Asn Val  
 1240 1245 1250

GTG GAA GTC ATG GAG CTG TCC GGT CTG CTC CAC GAC CAG GGC GGG AAA 3845  
 Val Glu Val Met Glu Leu Ser Gly Leu Leu His Asp Gln Gly Gly Lys

1255 1260 1265 1270

TGT GCC ATG CCG TTG GCT GTC CAG AAA AAC TGC AGT TGC CTT AAA CGC 3893  
 Cys Ala Met Pro Leu Ala Val Gln Lys Asn Cys Ser Cys Leu Lys Arg  
 1275 1280 1285

TCT CAA AAC CTC ATG GCA ATG CAG GAG CTG AAG AAA GTC AAC GGG AAC 3941  
 Ser Gln Asn Leu Met Ala Met Gln Glu Leu Lys Lys Val Asn Gly Asn

1290 1295 1300

30

CTC CAG AGT GCC CTC TCG GAG CTC TCC TAC TGG CAT CGG TAC ATG CAG 3989  
 Leu Gln Ser Ala Leu Ser Glu Leu Ser Tyr Trp His Arg Tyr Met Gln  
 1305 1310 1315

CGT GAG GAC TTT GCA GTC ACT GTC CAG CCT TTC CGG AAT ACC TTT 4037  
 Arg Glu Asp Phe Ala Val Thr Val Gln Pro Phe Phe Arg Asn Thr Phe

1320 1325 1330

40

GTC CCA CTG GAT GAG CGT GGG GGC CTC GAC CTC ACT TTC TTC TCT GAA 4085  
 Val Pro Leu Asp Glu Arg Gly Gly Leu Asp Leu Thr Phe Phe Ser Glu  
 1335 1340 1345 1350  
 GAC TGT TTC CAC TTC TCA GTC CGT GGG CAT GCT GAG ATG GCC ATT GCC 4133  
 Asp Cys Phe His Phe Ser Val Arg Gly His Ala Glu Met Ala Ile Ala  
 1355 1360 1365  
 CTC TGG AAC AAC ATG CTG GAA CCA GTG GGC AAG AAG ACA ACC TCC AAT 4181 10  
 Leu Trp Asn Asn Met Leu Glu Pro Val Gly Lys Lys Thr Thr Ser Asn  
 1370 1375 1380  
 AAC TTC ACA TAC AAC CGG ACC AAA CTC AAG TGT CCC TCG CCT GAA AAC 4229  
 Asn Phe Thr Tyr Asn Arg Thr Lys Leu Lys Cys Pro Ser Pro Glu Asn  
 1385 1390 1395  
 CCT TTC CTC TAC ACT GTC CGG AAC AGT CAG ATT CTT CTA GAC AAG GCT 4277  
 Pro Phe Leu Tyr Thr Val Arg Asn Ser Gln Ile Leu Leu Asp Lys Ala 20  
 1400 1405 1410  
 AAA GAA AAC TCC AAT ACA CTC TAC TGG GCA GTG CCA GTG GCT GCA GTA 4325  
 Lys Glu Asn Ser Asn Thr Leu Tyr Trp Ala Val Pro Val Ala Ala Val  
 1415 1420 1425 1430  
 GGT GGC CTG GTA GTT GGC ATC CTT GGA ATG ATG TTG TGG AGA ACT GTG 4373  
 Gly Gly Leu Val Val Gly Ile Leu Gly Met Met Leu Trp Arg Thr Val  
 1435 1440 1445 30  
 AGA CTC GTC CAA TAG AA GGAGGAGGAG ACTTTCCAA ATACAAGTGT 4420  
 Arg Leu Val Gln \*\*\*  
 1450  
 GGACCTTGAG TTGACCCAGG GATGCTGTTT CAGAGGAGAA GCTCAGAGAT 4470  
 TGACCCCTGG TACCAAGACAG CAATTACGTA ATCTCAGGGA TGGGGACTGC 4520  
 GTGCCTTCT CTCTTGGAG TTCACCACATCT TCTTTGGAA AGATAAATAA 4570  
 GAAAGAGTGG CTACATCACT AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAA 4613 40

## 【 0 0 5 3 】

配列番号 : 2

配列の長さ : 17

配列の型 : アミノ酸

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : タンパク

**配列**

Glu Gly Thr Lys Phe Thr Cys Pro Asp Lys Asp Pro Ser Asp Ser Ile

1	5	10	15
---	---	----	----

Pro

【0054】

配列番号：3

配列の長さ：30

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：タンパク

10

**配列**

Phe Ser Pro Gln Thr Phe Thr Asp Asn Ile Lys Thr Ala Leu Asp Ile

1	5	10	15
---	---	----	----

Leu His Ala Glu Val Pro Arg Ala Phe Val Asn Met Val Ser

20	25	30
----	----	----

20

【0055】

配列番号：4

配列の長さ：34

配列の型：核酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：合成オリゴヌクレオチド

**配列**

CCGGATCAA RTTYACITGY CCIGAYAARG AYCC

34

【0056】

30

配列番号：5

配列の長さ：29

配列の型：核酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：合成オリゴヌクレオチド

**配列**

GCI GTY TTIA TRT RTC IGT RAANG TYTG

29

**【図面の簡単な説明】**

40

【図1】図1は、本発明のホスホリパーゼB／リパーゼ酵素の全長構造を示す模式図である。

【図2】図2は、実施例4において作製した各種発現プラスミドの挿入部の構造を示す模式図である。

【図3】図3は、実施例4における各種発現プラスミドの作製の工程を示す図である。

【図4】図4は、実施例4における各種発現プラスミドの作製の工程を示す図である。

【図5】図5は、各種発現プラスミドにより発現されたタンパク質の酵素活性を示すグラフである。

【図6】図6は、各種発現プラスミドにより発現された蛋白質のイムノプロット図、及び各種発現プラスミドにより形質転換された動物細胞宿主において転写されたmRNAのノ

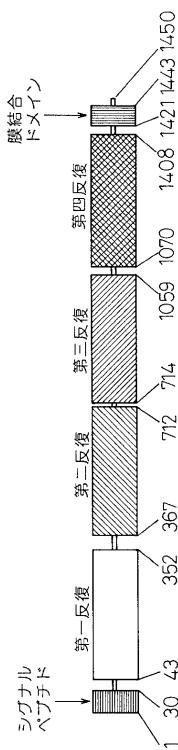
50

ノーザンプロット図であり、電気泳動の結果を表わす図面代用写真である。

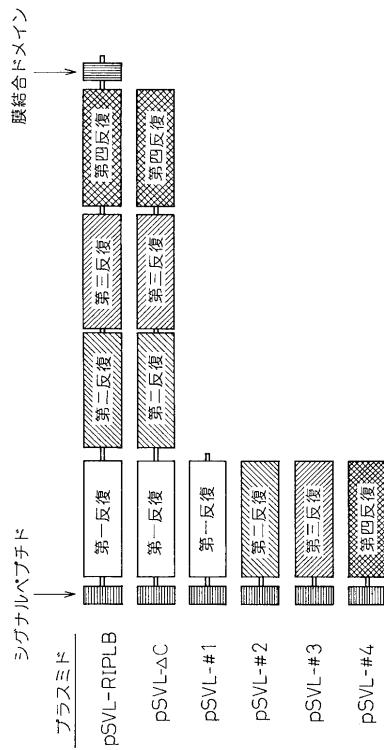
【図7】ラットの種々の組織又は器官から抽出されたRNAを、ホスホリパーゼB／リパーゼをコードするcDNAをプローブとして検出した結果を示すノーザンプロット図であり、電気泳動の結果を示す図面代用写真である。

【図8】図8は、種々の腸粘膜及び食道の組織から抽出したRNAを図6と同様にして検出した結果を示すノーザンプロット図であり、電気泳動の結果を示す図面代用写真である。

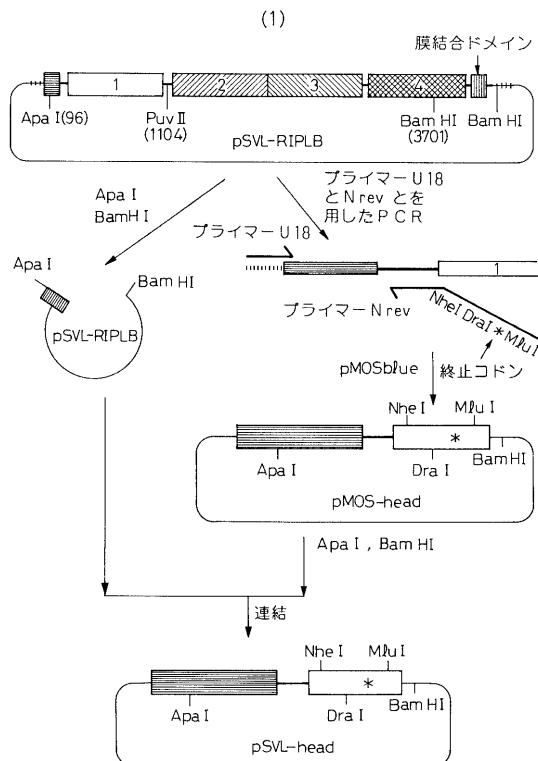
【図1】



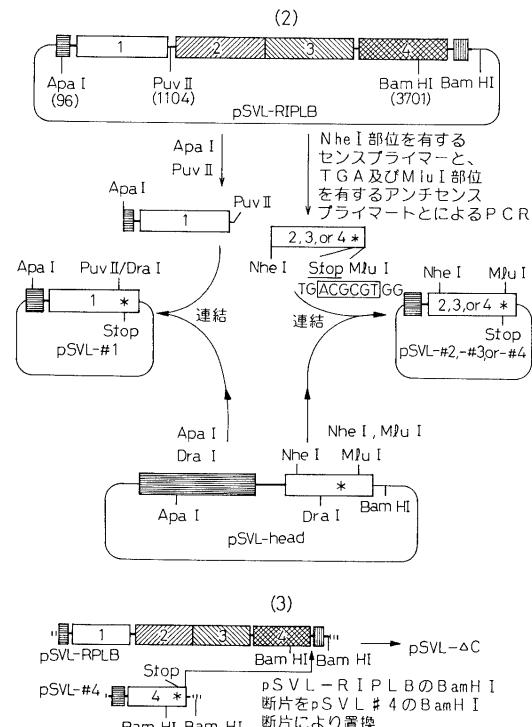
【図2】



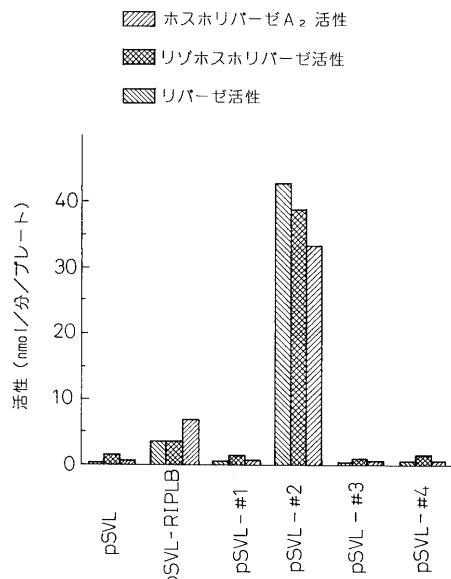
【図3】



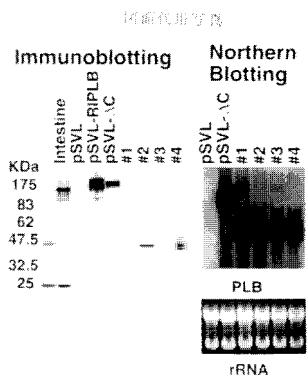
【図4】



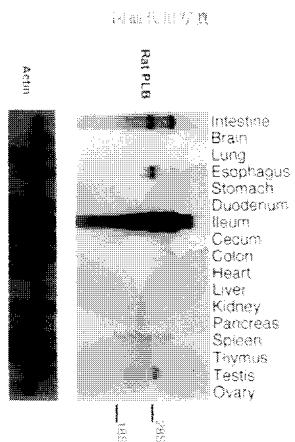
【図5】



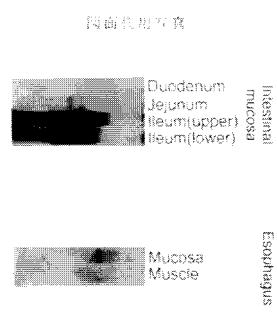
【図6】



【図7】



【図8】



---

フロントページの続き

(56)参考文献 Journal of Biological Chemistry, 米国, 1992年, Vol. 267(19), p. 13418-13424  
Journal of Biological Chemistry, 米国, 1993年, Vol. 268(17), p. 12901-12911

(58)調査した分野(Int.Cl., DB名)

C12N 15/55

C12N 9/16-9/20

SwissProt/PIR/GeneSeq

GenBank/EMBL/DDBJ/GeneSeq

PubMed

JSTPlus(JOIS)