

(19) 日本国特許庁(JP)

(12) 特許公報(B2)

(11) 特許番号

特許第4056566号
(P4056566)

(45) 発行日 平成20年3月5日(2008.3.5)

(24) 登録日 平成19年12月21日(2007.12.21)

(51) Int.Cl.	F 1		
C 1 2 N 15/09	(2006.01)	C 1 2 N 15/00	Z N A A
A 6 1 K 38/00	(2006.01)	A 6 1 K 37/02	
A 6 1 P 13/02	(2006.01)	A 6 1 P 13/02	
C 1 2 Q 1/68	(2006.01)	C 1 2 Q 1/68	A
G O 1 N 33/53	(2006.01)	G O 1 N 33/53	D
請求項の数 3 (全 41 頁) 最終頁に続く			

(21) 出願番号	特願平10-525456	(73) 特許権者	899000057
(86) (22) 出願日	平成9年12月5日(1997.12.5)		学校法人日本大学
(86) 国際出願番号	PCT/JP1997/004468		東京都千代田区九段南四丁目8番24号
(87) 国際公開番号	W01998/024899	(74) 代理人	100092783
(87) 国際公開日	平成10年6月11日(1998.6.11)		弁理士 小林 浩
審査請求日	平成16年12月3日(2004.12.3)	(74) 代理人	100095360
(31) 優先権主張番号	特願平8-325763		弁理士 片山 英二
(32) 優先日	平成8年12月5日(1996.12.5)	(74) 代理人	100120134
(33) 優先権主張国	日本国(JP)		弁理士 大森 規雄
		(74) 代理人	100104282
			弁理士 鈴木 康仁
		(72) 発明者	石渡 哲義
			東京都町田市森野4-17-9

最終頁に続く

(54) 【発明の名称】 I g A腎症関連遺伝子

(57) 【特許請求の範囲】

【請求項1】

以下の(a)もしくは(b)のDNAの塩基配列および/または該DNAと相補的な塩基配列のうち少なくとも21塩基を含むオリゴヌクレオチドを用いて、IgA腎症関連遺伝子のmRNAを検出する方法。

(a) 配列番号31に示される塩基配列を有するDNA

(b) 上記(a)の塩基配列を有するDNAと相補的な塩基配列からなるDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつIgA腎症関連遺伝子のmRNAを検出することができる機能を有するDNA

【請求項2】

以下の(a)もしくは(b)のDNAの塩基配列および/または該DNAと相補的な塩基配列のうち少なくとも21塩基を含むオリゴヌクレオチドを含む、IgA腎症診断薬。

(a) 配列番号31に示される塩基配列を有するDNA

(b) 上記(a)の塩基配列を有するDNAと相補的な塩基配列からなるDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつIgA腎症関連遺伝子のmRNAを検出することができる機能を有するDNA

【請求項3】

以下の(a)もしくは(b)のDNAの塩基配列および/または該DNAと相補的な塩基配列のうち少なくとも21塩基を含むオリゴヌクレオチドを用いて、IgA腎症関連遺伝子の転写および/または核mRNAの翻訳を抑制する方法。

(a) 配列番号 3 1 に示される塩基配列を有するDNA

(b) 上記 (a) の塩基配列を有するDNAと相補的な塩基配列からなるDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつIgA腎症関連遺伝子のmRNAを検出することができる機能を有するDNA

【発明の詳細な説明】

技術分野

本発明は、健常人の白血球と比較して、IgA腎症患者の白血球において発現が変動するmRNAに着目し、ディファレンシャル・ディスプレイ法を用いた新規遺伝子の取得およびその方法に関する。また、新規蛋白質および該蛋白質に対する抗体、該蛋白質をコードするDNA、該蛋白質および該DNAの検出方法、ならびにIgA腎症の診断および治療に関する。

10

背景技術

IgA腎症とは、腎臓の糸球体内に血液由来と考えられるIgA免疫複合体が沈着することを特徴とする慢性糸球体腎炎である。日本では原発性腎疾患の30%以上を占め、単一の腎疾患としては最も多く、そのうちの15~30%は予後不良で腎不全へ移行する。しかしながら、IgA腎症の疾患の原因はまだ不明であるため、根本的な治療法はない。また、IgA腎症の確定診断は、腎臓の一部を生検し、メサンギウムにおけるIgA免疫複合体の沈着を免疫学的染色により確認する方法であるため、患者への負担は大きい。

IgA腎症の患者は約50%の症例で血中IgAの値が高いことが報告されている [ディージェズ・オブ・ザ・キドニー (Diseases of the Kidney) 第5版 (1993)、ネフロン (Nephron), 29, 170 (1981)]。血液中のIgAの産生はB細胞が、その産生の制御はT細胞が担っているとされており、また、IgA患者の末梢T細胞において、サイトカインであるインターロイキン4、インターロイキン5、インターロイキン6あるいはTGF- β (transforming growth factor- β) の産生が健常人に比べて高いという報告 [クリニカル・アンド・エクスperimental・イムノロジー (Clinical & Experimental Immunology), 103, 125 (1996)、キドニー・インターナショナル (Kidney International), 46, 862 (1994)]、末梢リンパ球において、インテグリンであるVLA (very late activation) - 4およびVLA - 5がより強く活性化しているという報告 [ネフロロジー、ダイアリシス、トランスプランテーション (Nephrology, Dialysis, Transplantation), 10, 1342 (1995)] がなされている。これらのことから、IgA腎症は免疫系の異常によりIgAの産生が過剰となり、血液中のIgA免疫複合体が糸球体に沈着し、沈着したIgA免疫複合体に対する補体系の活性化等が糸球体に影響を及ぼし障害をおこしていると考えられているが、IgA腎症の原因についてはまだわかっていない。

20

30

発明の開示

IgA腎症の疾患原因の解明、治療あるいは患者の負担を軽減した診断が望まれている。本発明は、IgA腎症に関与する新規DNAおよびその取得方法を提供すること、また、IgA腎症に関与する新規蛋白質および該蛋白質に対する抗体、該蛋白質をコードするDNA、ならびにそれらを用いた治療薬および診断薬を提供することにある。

本発明は、配列番号 1 から 3 1 に記載の塩基配列を有するIgA腎症関連遺伝子のDNA、該DNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズするDNAに関する。本発明のDNAおよび該DNAと相補的な塩基配列の部分断片に基づくオリゴヌクレオチドを用いてIgA腎症関連遺伝子のmRNAを検出する方法、それらのオリゴヌクレオチドを含む、IgA腎症診断薬に関する。本発明のDNAおよび該DNAと相補的な塩基配列の部分断片に基づくオリゴヌクレオチドを用いて、IgA腎症関連遺伝子の転写および該mRNAの翻訳を抑制する方法、それらのオリゴヌクレオチドを含む、IgA腎症治療薬に関する。また本発明は、IgA腎症患者白血球より、ディファレンシャル・ディスプレイ法を用いたIgA腎症関連遺伝子の取得方法に関する。また、本発明は、配列番号 3 2 に記載のアミノ酸配列を有する蛋白質、ならびに本発明の蛋白質をコードするDNA、配列番号 1 に記載の塩基配列を有するDNA、またはこれらの塩基配列を有するDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズするDNAに関する。また本発明は、該DNAとベクターとからなる組み換えベクター、該組み換えベクターを宿主細胞に導入して得られる形質転換体、および該形質転換体を培地に培養し、培養物中に本発明の

40

50

蛋白質を生成蓄積させ、該培養物から蛋白質を採取することを特徴とする製造方法に関する。また、本発明の蛋白質に特異的に反応する抗体、該抗体を用いて該蛋白質を免疫学的に認識する方法、該抗体を含むIgA腎症診断薬ならびに該抗体を含むIgA腎症治療薬に関する。

本発明では、新規遺伝子を取得するために、IgA腎症患者および健常人の白血球におけるmRNAの発現量の差異に注目したディファレンシャル・ディスプレイ法 [F E B S レターズ (FEBS Letters) 351, 231 (1994)] を用いている。ディファレンシャル・ディスプレイ法とは、発現様式を指標に新規遺伝子をクローニングする方法である。すなわち、細胞から抽出した全RNAあるいはmRNAに対し、各種プライマーを用いてポリメラーゼ・チェーン・リアクション (PCR) 反応を行い、健常人の白血球に比べIgA腎症患者の白血球で、その発現量が顕著に増加あるいは減少する新規な遺伝子のcDNA増幅断片を取得する方法である。以下にその方法について述べる。

IgA腎症患者および健常人の白血球から全RNAを調製する方法としては、チオシアン酸グアニジン・トリフルオロ酢酸セシウム法 [Methods in Enzymol., 154, 3 (1987)]、AGPC法 [実験医学9, 1937, (1991)] またはRNA回収用キットRNAeasy (QIAGEN社) などがあげられる。

また全RNAからポリ(A)⁺ RNAを調製する方法としては、オリゴ(dT)固定化セルロースカラム法 [モレキュラー・クローニング: ア・ラボラトリー・マニュアル (第2版)] などがあげられる。また、IgA腎症患者の白血球および健常人の白血球からmRNAを調製するキットとしては、ファースト・トラック・mRNA・アイソレーション・キット (Fast Track mRNA Isolation Kit; インビトロジェン社製)、クイック・プレップ・mRNA・ピュリフィケーション・キット (Quick Prep mRNA Purification Kit; ファルマシア社製) などがあげられる。

続いて、IgA腎症患者の白血球および健常人の白血球から抽出したRNAから、アンカープライマーを用いてcDNAを合成し、続いて、該cDNAに対して5'末端を蛍光標識したアンカープライマーと任意プライマーとを用いてPCR反応を行う。アンカープライマーとは、チミジンを除く、アデニン、グアニンあるいはシトシンのオリゴヌクレオチドを、mRNAの3'末端ポリA配列に会合するオリゴdT配列の3'末端に付加したプライマーである。任意プライマーとは、多種類のcDNAの配列に対して増幅し、かつ一度の反応で多数のcDNA増幅断片を得ることができるオリゴヌクレオチドのことであり、オリゴヌクレオチドの長さとしては、10mer程度が好ましい。

PCR反応後、ポリアクリルアミドゲルで電気泳動し、フルオロイメジャーで蛍光を検出する。そして、IgA腎症患者および健常人の白血球由来のcDNA増幅断片の泳動パターンを比較し、発現増幅が変動しているcDNA断片をゲルから回収し、該cDNA増幅断片をベクターに組み込み、通常用いられる塩基配列解析方法、例えばSangerらのジデオキシ法 [Proc. Natl. Acad. Sci., U.S.A., 74, 5463 (1977)] 等によって分析することにより、該DNAの塩基配列を決定することができる。

DNA断片を組み込むベクターとしては、pDIRECT [ヌクレイック・アシッド・リサーチ (Nucleic Acids Research) 18, 6069 (1990)]、pCR-Script Amp SK (+) [ストラタジーン社製、ストラテジーズ (Strategies), 5, 6264 (1992)]、pT7Blue (ノバジーン社製)、pCR II [インビトロジェン社製、バイオテクノロジー (Biotechnology), 9, 657 (1991)]、pCR-TRAP (ジーンハンター社製) およびpNoTA_{T7} (5プライム 3プライム社製) などがあげられる。

塩基配列の分析は、塩基配列自動分析装置、例えば373A・DNAシーケンサー (アプライド・バイオシステムズ社製) 等を用いて行うことができる。

本発明のDNAとしては、配列番号1から31に示される塩基配列からなるDNAもしくは該DNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズするDNA配列などがあげられる。

配列番号1から31に示される塩基配列と、ストリンジェントな条件下でハイブリダイズするDNAとは、該蛋白質の本来有する活性を失わない範囲内で、置換、欠失、挿入あるいは付加などの変異が一カ所以上導入されたDNAで、配列番号1から31に示される塩基配

10

20

30

40

50

列を有するDNAまたはその断片をプローブとして、コロニー・ハイブリダイゼーション法あるいはブランク・ハイブリダイゼーション法 [モレキュラー・クローニング：ア・ラボラトリー・マニュアル (Molecular Cloning, Alaboratory manual)、第2版 [サンプルブック (Sambrook)、フリッチ (Fritsch)、マニアチス (Maniatis) 編集、コールド・スプリング・ハーバー・ラボラトリー・プレス (Cold Spring Harbor Laboratory Press)、1989年刊]、以下、モレキュラー・クローニング：ア・ラボラトリー・マニュアル第2版と記す] により得られるDNAを示す。

本発明のDNAの塩基配列に基づくオリゴヌクレオチドを用いてIgA腎症に關与するmRNAを検出する方法としては、ノーザンハイブリダイゼーション法 [Molecular Cloning, Alaboratory manual Second edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press (1989)]、PCR法 [PCRプロトコールズ (PCR Protocols), アカデミック・プレス (Academic Press) (1990)] などがあげられる。特に、RT (Room Temperature) - PCR法は、簡便であり、IgA腎症の診断に利用することができる。具体的には、ヒトから採血し、白血球を回収し、そこから単離したRNAを、オリゴ (dT) プライマーと逆転写酵素を用いてcDNAに変換した後、検出したいmRNAに対応する一組のオリゴヌクレオチドプライマーを用いてPCR反応を行い、増幅断片を検出する方法である。

オリゴヌクレオチドプライマーとしては、検出したいmRNAの一部の塩基配列において、5'末端側の塩基配列に相当するセンスプライマーおよび3'末端側の塩基配列に相当するアンチセンスプライマーがあげられる。ただし、mRNAにおいてウラシルに相当する塩基は、オリゴヌクレオチドプライマーにおいてチミジンとなる。

センスプライマーおよびアンチセンスプライマーとしては、両者の融解温度 (T_m) および塩基数が極端に変わることのないオリゴヌクレオチドを用いるのが好ましい。塩基数としては、15~40merが好ましい。

上述のオリゴヌクレオチドプライマーを用いて増幅させる塩基配列部分としては、mRNAのいかなる塩基配列領域でもよいが、塩基配列の長さが50bpから2kbpであり、反復配列あるいはGC (グアニン・シトシン) 塩基に富む配列を含みぬ塩基配列領域が好ましい。

また、同様にアンチセンスRNA/DNA [化学46, 681 (1991)、バイオテクノロジー (Biotechnology) 9, 358 (1992)] を用いて、DNAの転写もしくはmRNAの翻訳を抑制することによりIgA腎症の治療に利用することもできる。

アンチセンスRNA/DNA技術を用いて該蛋白質の生産を抑制するには、本発明の該蛋白質をコードするDNAの一部の塩基配列、好ましくは翻訳開始領域にある10~50塩基の塩基配列を基にしてオリゴヌクレオチドを設計・調製し、生体内に投与することにより可能である。合成オリゴヌクレオチドの塩基配列としては、本発明の該蛋白質をコードするDNAのアンチセンス鎖の塩基配列の一部と一致するもの、あるいは該蛋白質の活性発現を抑制する活性を失わない範囲内で改変したものを利用できる。オリゴヌクレオチドとしてはDNA、RNAまたはその誘導体たとえばメチル体やフォスフォロチオエート体を用いることができる。

前述した方法で得られたcDNA断片からDNA全長を得るには、前述したcDNA増幅断片をプローブとして、各種cDNAライブラリーよりハイブリダイゼーションによりスクリーニングして得ることができる。以下に、cDNAライブラリーの作製法について述べる。

cDNAライブラリー作製法としては、モレキュラー・クローニング：ア・ラボラトリー・マニュアル (第2版) やカレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジー、サプリメント1~34等に記載された方法、あるいは市販のキット、例えばスーパースク립ト・プラスミド・システム・フォー・cDNA・シンセシス・アンド・プラスミド・クローニング (Super Script™ Plasmid System for cDNA Synthesis and Plasmid Cloning、ライフテクノロジー社製) やザップ-cDNA・シンセシス・キット [ZAP-cDNA Synthesis Kit、ストラタジーン (Stratagene) 社製] を用いる方法などがあげられる。さらに、cDNAライブラリーを市販している場合もあり、本発明における、ギブコBRL社製のヒト白血球cDNAライブラリーなどcDNAライブラリーそのものの市販品もある。

cDNAライブラリーの作製の際の、細胞から抽出したmRNAを鋳型として合成したcDNAを組み

10

20

30

40

50

込むベクターは、該cDNAを組み込めるベクターであればいかなるものでも用いることができる。例えば、ZAP Express [ストラテジーズ (Strategies) 5, 58 (1992)]、pBluescript II SK (+) [ヌクレック・アシッド・リサーチ (Nucleic Acids Research) 17, 94 94 (1989)]、zap II (ストラタジーン社製)、gt10、gt11 [DNAクローニング、ア・プラクティカル・アプローチ (DNA Cloning, A Practical Approach), Vol. 1, 49 (1985)]、LambdaBlueMid (クローンテック社製)、ExCell、pT7T3 18U (ファルマシア社製)、pcD2 [モレキュラー・アンド・セルラー・バイオロジー (Mol. Cell. Biol.), 3, 280 (1983)] およびpUC18 [ジーン (Gene), 33, 103 (1985)] 等が用いられる。ベクターにより構築されるcDNAライブラリーを導入する大腸菌としては、該cDNAライブラリーを導入、発現および維持できるものであればいかなるものでも用いることができる。たと

10

えばXL1-Blue MRF' [ストラテジーズ (Strategies) 5, 81 (1992)]、C600 [ジェネティックス (Genetics), 39, 440 (1954)]、Y1088、Y1090 [サイエンス (Science), 22 2, 778 (1983)]、NM522 [ジャーナル・オブ・モレキュラー・バイオロジー (J. Mol. Biol.), 166, 1 (1983)]、K802 [ジャーナル・オブ・モレキュラー・バイオロジー (J. Mol. Biol.), 16, 118 (1966)] およびJM105 [ジーン (Gene), 38, 275 (1985)] 等が用いられる。

また、cDNAライブラリーを作製せずに、cDNAを合成後両端にアダプターを付加し、このアダプターの塩基配列と増幅断片の塩基配列に基づいたプライマーでPCRを行う5'-RACE (rapid amplification of cDNA ends) および3'-RACE [プロシーディングス・オブ・ザ・ナショナル・アカデミー・オブ・サイエンス・オブ・ザ・USA (Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.) 85, 8998 (1988)] によっても得ることができる。また塩基配列に基づいたPCR法、あるいはDNA合成機で化学合成する方法によっても得られることもできる。cDNAライブラリーからのcDNAクローンの選択としては、アイソトープあるいは蛍光標識したプローブを用いたコロニー・ハイブリダイゼーション法あるいはブランク・ハイブリダイゼーション法 [モレキュラー・クローニング：ア・ラボラトリー・マニュアル 第2版] により選択することができる。また、プライマーを調製し、ポリ(A)⁺ RNAあるいはmRNAから合成したcDNAあるいはcDNAライブラリーを鋳型として、ポリメラーゼ・チェイン・リアクション (PCR) 法 [モレキュラー・クローニング：ア・ラボラトリー・マニュアル (第2版)、カレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジー、サブメント1~34] によりcDNAを調製することもできる。

20

30

上記方法により選択されたcDNAクローンを、適当な制限酵素などで切断後、pBluescript KS (+) (ストラタジーン社製) 等のプラスミドにクローニングし、通常用いられる塩基配列解析方法、例えばSangerらのジデオキシ法 [Proc. Natl. Acad. Sci., U.S.A., 74, 63 (1977)] 等によって分析することにより、該DNAの塩基配列を決定することができる。塩基配列の分析は、塩基配列自動分析装置、例えば373A・DNAシーケンサー (アプライド・バイオシステムズ社製) 等を用いて行うことができる。

得られた塩基配列の新規性の確認は、GenBank、EMBLおよびDDBJなどの塩基配列データベースにより行う。

上記方法によって得られたDNAとしては、例えば配列番号1で示される塩基配列を有するDNAもしくは該DNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズするDNAがあげられる。また、該塩基配列より推定されるアミノ酸配列を有する蛋白質としては、配列番号32記載のアミノ酸を有する蛋白質が含まれる。

40

新規蛋白質をコードするDNAの調製および発現は、モレキュラー・クローニング：ア・ラボラトリー・マニュアル (第2版)、カレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジー (Current Protocols in Molecular Biology)、サブメント1~34 (Supplement 1~34) [アウスベル (Ausubel)、ブレント (Brent)、キングストン (Kingston)、ムーア (Moore)、セイドマン (Seidman)、スミス (Smith)、スツール (Struhl) 編集、グリーン・パブリッシング・アソシエイツ・アンド・ウェイリー・インターサイエンス (Green Publishing Associates and Wiley-Interscience) 発行、1987-1996年版、以下、カレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジー、サブメント1~

50

34と記す]等に記載された方法によって、行なうことができる。

すなわち、前述した方法により得られた全長DNAを適当なベクターのプロモーター下流に挿入した組換え体ベクターを造成し、それを宿主細胞に導入することにより、本発明の蛋白質を発現する形質転換体を得ることができる。

宿主としては、細菌、酵母、動物細胞、昆虫細胞など、目的とする遺伝子を発現できるものであれば、いずれでもよい。細菌としては、エシェリヒア・コリ (*Escherichia coli*)、バチルス・ズブチリス (*Bacillus subtilis*)、バチルス・アミロリクエファシネス (*Bacillus amyloliquefaciens*)、ブレビバクテリウム・フラバム (*Brevibacterium flavum*)、ブレビバクテリウム・ラクトファーマンタム (*Brevibacterium lactofermentum*)、コリネバクテリウム・グルタミカム (*Corynebacterium glutamicum*)、ミクロバクテリウム・アンモニアフィラム (*Microbacterium ammoniophilum*) 等のエシェリヒア属、セラチア属、コリネバクテリウム属、ブレビバクテリウム属、シュードモナス属、バチルス属等の微生物が例示される。酵母としては、サッカロミセス・セレビシエ (*Saccharomyces cerevisiae*)、シゾサッカロミセス・ポンベ (*Schizosaccharomyces pombe*)、クリュイベロミセス・ラクチス (*Kluyveromyces lactis*)、トリコスポロン・プルランス (*Trichosporon pullulans*)、シュワニオミセス・アルビウス (*Schwanniomyces alluvius*) 等が例示される。動物細胞としては、ヒトの細胞であるナマルバ細胞、サルの細胞であるCOS細胞、チャイニーズ・ハムスターの細胞であるCHO細胞等が例示される。昆虫細胞としては、*Spodoptera frugiperda*の卵母細胞であるSf9、Sf21 [バキュロウイルス・イクスプレッション・ベクターズ、ア・ラボラトリー・マニュアル (*Baculovirus Expression Vectors, A Laboratory Manual*)、オレリー (O'Reilly)、ミラー (Miller)、ルーコウ (Luckow) 著、ダブリュー・エイチ・フリーマン・アンド・カンパニー (W.H. Freeman and Company)、ニューヨーク (New York)、1992年版 (以下、バキュロウイルス・イクスプレッション・ベクターズ、ア・ラボラトリー・マニュアルと記す)]、*Trichoplusia ni*の卵細胞であり、ファーマンジェン (PharMingen) 社からHigh5として市販されているTn5等が例示される。

本発明のDNAを導入するベクターとしては、該DNAを組み込むことができ、宿主細胞で発現できるものであればいかなるベクターでも用いることができる。

細菌、例えばエシェリヒア・コリ (*Escherichia coli*) を宿主細胞として用いる場合には、プロモーター、リボソーム結合配列、本発明のDNA、転写終結配列、場合によってはプロモーターの制御配列より構成されているのが好ましい。

発現ベクターとしては、例えば、pKYP10 (特開昭58-110600)、pLSA1 [アグリカルチュラル・アンド・バイオロジカル・ケミストリー (*Agric. Biol. Chem.*), 53, 277, (1989)]、pGEL1 [Proc. Natl. Acad. Sci., USA, 82, 4306, (1985)] 等が用いられる。

プロモーターとしては、大腸菌等の宿主細胞中で発現できるものであればいずれを用いてもよい。例えば、trpプロモーター (Ptrp)、lacプロモーター (Plac)、T7lacプロモーター、PLプロモーター、PRプロモーターなどの、大腸菌やファージ等に由来するプロモーターが用いられる。Ptrpを2つ直列させたプロモーター (Ptrp \times 2)、tacプロモーターのように人為的に設計改変されたプロモーター等を用いてもよい。

リボソーム結合配列としては、シャイン・ダルガノ (Shine-Dalgarno) 配列 (以下、SD配列と略記する) と開始コドンの間を適当な距離 (例えば、6~18塩基) に調節して用いることが好ましい。

本発明の組換えベクターにおいては、本発明のDNAの塩基配列が宿主細胞での発現に最適なコドンとなるように、必要に応じて塩基を置換して用いることが好ましい。

本発明の組換えベクターにおいては、本発明のDNAの発現には転写終結配列は必ずしも必要ではないが、好適には構造遺伝子の直下に転写終結配列を配置することが好ましい。

細菌への組換えベクターの導入方法としては、細菌にDNAを導入する方法であれば、例えば、カルシウムイオンを用いる方法 [Proc. Natl. Acad. Sci., USA, 69, 2110-2114 (1972)]、プロトプラスト法 (特開昭63-2483942) 等、いずれの方法も用いられる。

酵母を宿主細胞として用いる場合には、発現ベクターとして、例えば、YEp13 (ATCC37115

10

20

30

40

50

)、YEp24 (ATCC37051)、YCp50 (ATCC37419) 等が用いられる。

プロモーターとしては、酵母中で発現できるものであればいずれのものを用いてもよいが、例えば、ヘキソースキナーゼ等の解糖系の遺伝子のプロモーター、gal 1プロモーター、gal 10プロモーター、ヒートショック蛋白質プロモーター、MF 1プロモーター、CUP 1プロモーター等があげられる。

酵母への組換えベクターの導入方法としては、酵母にDNAを導入する方法であれば、例えば、エレクトロポレーション法 [Methods. Enzymol., 194, 182-187 (1990)]、スフェロプラスト法 [Proc. Natl. Acad. Sci., USA, 84, 1929-1933 (1978)]、酢酸リチウム法 [J. Bacteriol., 153, 163-168 (1983)] 等、いずれの方法も用いられる。

動物細胞を宿主細胞として用いる場合には、発現ベクターとして、例えば、pAGE107 [特開平3-22979; サイトテクノロジー (Cytotechnology), 3, 133, (1990)]、pAS3-3 (特開平2-227075)、pAMoERC3Sc, pcDM8 [ネイチャー (Nature), 329, 840, (1987)]、p cDNA I / Amp、p cDNA I (いずれもフナコシ社製) 等が用いられる。

プロモーターとしては、動物細胞中で発現できるものであればいかなるものを用いてもよいが、例えば、サイトメガロウイルス (CMV) のIE (immediateearly) 遺伝子のプロモーター、SV40あるいはメタロチオネインのプロモーター等があげられる。また、ヒトCMVのIE遺伝子のエンハンサーをプロモーターとともに用いてもよい。

動物細胞への組換えベクターの導入方法としては、動物細胞にDNAを導入する方法であれば、例えば、エレクトロポレーション法 [Cytotechnology, 3, 133 (1990)]、リン酸カルシウム法 (特開平2-227075)、リポフェクション法 [Proc. Natl. Acad. Sci., USA, 84, 7413 (1987)] 等、いずれの方法も用いられる。

昆虫細胞を宿主細胞として用いる場合には、例えばカレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジー、サプリメント1-34、バキュロウイルス・イクスプレッション・ベクターズ、ア・ラボラトリー・マニュアル等に記載された方法によって、タンパク質を発現することができる。すなわち、以下に述べる組換え遺伝子導入ベクターおよびバキュロウイルスを昆虫細胞に共導入して昆虫細胞培養上清中に組換えウイルスを得たのち、さらに組換えウイルスを昆虫細胞に感染させ、タンパク質発現昆虫細胞を取得する。遺伝子導入ベクターとしては、例えば、pVL1392、pVL1393、pBlueBac111 (ともにインビトロジェン社製) 等が用いられる。

バキュロウイルスとしては、例えば、夜盗蛾科昆虫に感染するウイルスであるアウトグラフィ・カリフォルニカ・ヌクレアー・ポリヘドロシス・ウイルス (Autographa californica nuclear polyhedrosis virus) などが用いられる。

組換えウイルスを調製するための、昆虫細胞への上記組換え遺伝子導入ベクターと上記バキュロウイルスの共導入方法としては、例えば、リン酸カルシウム法 (特開平2-227075)、リポフェクション法 [Proc. Natl. Acad. Sci., USA, 84, 7413 (1987)] 等が用いられる。

以上のようにして得られる形質転換体を培地に培養し、培養物中に本発明の蛋白質を生成蓄積させ、該培養物から採取することにより、本発明の蛋白質を製造することができる。本発明の形質転換体を培地に培養する方法は、宿主細胞の培養に用いられる通常の方法に従って行われる。

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

炭素源としては、グルコース、フラクトース、スクロース、糖蜜、デンプン、デンプン加水分解物等の炭水化物、酢酸、プロピオン酸等の有機酸、エタノール、プロパノールなどのアルコール類が用いられる。

窒素源としては、アンモニア、塩化アンモニウム、硫酸アンモニウム、酢酸アンモニウム、りん酸アンモニウム等の無機酸もしくは有機酸のアンモニウム塩またはその他の含窒素化合物の他、ペプトン、肉エキス、酵母エキス、コーンステープリカー、カゼイン加水分解物、大豆粕および大豆粕加水分解物、各種発酵菌体またはその消化物等が用いられる。

10

20

30

40

50

無機物としては、りん酸第一カリウム、りん酸第二カリウム、りん酸マグネシウム、硫酸マグネシウム、塩化ナトリウム、硫酸第一鉄、硫酸マンガン、硫酸銅、炭酸カルシウム等が用いられる。

培養は、通常振盪培養または深部通気攪拌培養などの好氣的条件下、15～40℃で16～96時間行う。培養期間中、pHは3.0～9.0に保持する。pHの調整は、無機または有機の酸、アルカリ溶液、尿素、炭酸カルシウム、アンモニアなどを用いて行う。

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

プロモーターとして誘導性のプロモーターを用いた発現ベクターで形質転換した微生物を培養するときには、必要に応じてインデューサーを培地に添加してもよい。例えば、lacプロモーターを用いた発現ベクターで形質転換した微生物を培養するときにはイソプロピル-D-チオガラクトピラノシド(IPTG)等を、trpプロモーターを用いた発現ベクターで形質転換した微生物を培養するときにはインドールアクリル酸(IAA)等を培地に添加してもよい。

10

動物細胞を宿主細胞として得られた形質転換体を培養する培地としては、一般に使用されているRPM11640培地、EagleのMEM培地またはこれら培地に牛胎児血清等を添加した培地等が用いられる。培養は、通常5%CO₂存在下、35～37℃で3～7日間行い、培養中は必要に応じて、カナマイシン、ペニシリン等の抗生物質を培地に添加してもよい。

昆虫細胞を宿主細胞として得られた形質転換体を培養する培地としては、一般に使用されているTNM-FH培地[ファーマンジェン(Pharmingen)社製]、Sf9001ISFM[ライフテクノロジーズ(Life Technologies)社製]、ExCell400、ExCell405[いずれもJRHバイオサイエンス(JRH Biosciences)社製]等が用いられる。培養は、25～30℃で1～4日間行い、培養中は必要に応じて、ゲンタマイシン等の抗生物質を培地に添加してもよい。

20

本発明の蛋白質が、細胞内に溶解状態で発現した場合または細胞内に不溶体を形成した場合には、培養終了後、細胞を遠心分離し、水系緩衝液にけん濁後、超音波法、フレンチプレス法などにより細胞を破碎し、その遠心分離上清に該蛋白質を回収する。

さらに、細胞内に不溶体を形成した場合には、不溶体をタンパク質変性剤で可溶化後、タンパク質変性剤を含まないあるいはタンパク質変性剤の濃度がタンパク質が変性しない程度に希薄な溶液に希釈、或いは透析し、タンパク質の立体構造を形成せしめることができる。

30

本発明の蛋白質あるいはその糖修飾体等の誘導体が細胞外に分泌された場合には、培養上清に該蛋白質あるいはその糖鎖付加体等の誘導体を回収することができる。単離精製については、溶媒抽出、有機溶媒による分別沈殿、塩析、透析、遠心分離、限外ろ過、イオン交換クロマトグラフィー、ゲルろ過クロマトグラフィー、疎水性クロマトグラフィー、アフィニティークロマトグラフィー、逆相クロマトグラフィー、結晶化、電気泳動などの分離操作を単独あるいは組み合わせで行うことができる。

また、本発明の蛋白質は配列番号32記載のアミノ酸配列に基づいた、化学合成法によっても製造することができる。

また、本発明の蛋白質、あるいは配列番号32記載のアミノ酸配列に基づいて化学合成した本発明の蛋白質の一部であるペプチドを抗原として免疫することにより、抗体を製造することができる。すなわち免疫した動物の脾細胞とマウスのミエローマ細胞とを融合させてハイブリドーマを作製し、このハイブリドーマを培養するか、動物に投与して該動物を腹水癌化させ、該培養液または腹水を採取することにより本発明の蛋白質に対するモノクローナル抗体を製造することができる。また、免疫した動物の免疫血清を採取することにより本発明の蛋白質に対するポリクローナル抗体を製造することができる。これらの抗体はIgA腎症の診断や治療に利用することができる。

40

以下、本発明の実施例を示す。

【実施例】

実施例1 IgA腎症患者および健常人の白血球のディファレンシャル・ディスプレイ

50

(1) IgA腎症患者および健常人の白血球からの全RNAの取得

IgA腎症の患者5名および健常人5名各々から20ml採血し、1000単位/mlヘパリンナトリウム溶液(清水製薬社製)500 μ lを添加して凝固を抑制後、遠心チューブに移し、室温で3,300rpm、15分間遠心後、白血球画分として中間層のパフィーコートを用いた遠心チューブに移した。AGPC法〔実験医学9, 1937, (1991)〕により全RNAを取得した。

(2) IgA腎症患者および健常人の白血球全RNAを用いた蛍光ディファレンシャル・ディスプレイ

それぞれの全RNA2.5 μ gについて蒸留水を全体が9 μ lになるように添加し、5'末端をフルオレセインイソチオシアネート(以下、FITCと称す)で蛍光標識したアンカープライマー(サワディー社製50 μ M)1 μ lを加えて70 $^{\circ}$ で5分間加熱後、すぐ氷冷した。蛍光標識アンカープライマーとしては以下に示す3種類の配列(FAH:5'-FITC-GT₁₅A-3'、FGH:5'-FITC-GT₁₅G-3'、FCH:5'-FITC-GT₁₅C-3')のうちの1種類ずつ反応に用いるので、1サンプルの全RNAについて計3組の反応を行った。5 \times 逆転写酵素反応用緩衝液〔250mM トリス(ヒドロキシメチル)アミノメタン(Tris)-HCl(pH8.3)、375mM KCl、15mM MgCl₂〕4 μ l、100mMジチオスレイトール(DTT)2 μ l、10mM dNTP(dATP、dGTP、dTTPおよびdCTP)1 μ l、蒸留水1 μ l、逆転写酵素SUPERSCRIPT II RNase H⁻ Reverse Transcriptase(BRL社製)1 μ l(200単位)を添加して混合し、室温で10分間静置後、42 $^{\circ}$ で50分間反応させてcDNAを合成し、90 $^{\circ}$ 5分間加熱して反応を停止させた。この反応液にTE緩衝液〔10mM Tris-HCl(pH8.0)、1mMエチレンジアミン四酢酸二ナトリウム(EDTA)(pH8.0)〕40 μ lを添加した。

続いて、合成した各々のcDNA1 μ lに、蒸留水14.7 μ l、10 \times PCR用緩衝液〔100mM Tris-HCl(pH8.8)、500mM KCl、15mM MgCl₂、1%トライトンX-100〕2 μ l、2.5mM dNTP 0.8 μ l、50 μ M蛍光標識アンカープライマー(FAH、FGH、FGHのうちcDNA合成時に用いたのと同じ種類のもの)0.3 μ l、10 μ M任意プライマー(オペロン社製)1 μ l、DNAポリメラーゼGene Taq(ニッポンジーン社製、5単位/ μ l)0.2 μ lを添加し、サーマルサイクラーにセットした。94 $^{\circ}$ で3分間、40 $^{\circ}$ で5分間、72 $^{\circ}$ で5分間反応させた後、95 $^{\circ}$ で15秒間、40 $^{\circ}$ で2分間、72 $^{\circ}$ で1分間からなる工程を1サイクルとして27サイクル反応を行い、最後に72 $^{\circ}$ で5分間反応させてPCRを行った。蛍光標識アンカープライマーとしては前述した3種類のうちから1種類、任意プライマーとしては、オペロン社製のOPD-1~20、OPE-1~20およびOPV-1~20の60種類のうちから1種類を組み合わせて反応を行うため、合計180組、さらに蛍光標識アンカープライマーFGHと任意プライマーOPB-2(オペロン社製)の反応も行うため、1つの全RNAについて合計で181組の反応を行っている。

各々のPCR反応液4 μ lに電気泳動サンプル用溶液(95%ホルムアミド、0.1%キシレンシアノール、0.1%プロムフェノールブルー)3 μ lを添加し、95 $^{\circ}$ で2分間加熱後すぐ氷冷し、6%アクリルアミドゲル、1500V、2.5時間で電気泳動を行った。電気泳動用緩衝液としては89mM Tris、89mMホウ酸、2mM EDTAを用いた。フルオロイメージャー(モレキュラー・ダイナミックス社製)を用いて電気泳動後のゲルの蛍光を測定することにより、PCRで増幅した断片を検出し、比較した。健常人5例に比較して、IgA腎症患者の白血球5例で共通して顕著に増加あるいは減少したバンドを記録した。

再度、別のIgA腎症患者3例と健常人3例から全く同様に全RNAを取得し、同様にディファレンシャル・ディスプレイを行い、2度のディファレンシャル・ディスプレイでともに増加あるいは減少がみられた197バンドをゲルから切り出した。

切り出したゲルの約1/4に蒸留水38 μ l、10 \times PCR用緩衝液5 μ l、2.5mM dNTP4 μ l、アンカープライマー(蛍光標識なし:サワディー社製34 μ M)0.6 μ l、10 μ M任意プライマー2 μ l、DNAポリメラーゼGene Taq 0.5 μ lを添加し、94 $^{\circ}$ で3分間加熱後、95 $^{\circ}$ で15秒間、40 $^{\circ}$ で2分間、72 $^{\circ}$ で1分間からなる工程を1サイクルとして30サイクル反応を行い、最後に72 $^{\circ}$ で5分間反応させてPCRを行った。アンカープライマーおよび任意プライマーの組み合わせについては、最初に行ったディファレンシャル・ディスプレイ法と同様のものを用いた。反応後の液をフェノール-クロロホルム(1:1)抽出し、さらにク

10

20

30

40

50

クロロホルム - イソアミルアルコール (24 : 1) 抽出後、エタノール沈殿をした。これを精製するため1.5%低融点アガロースゲル〔シーブラクGTG (SEAPLAQUE GTG : FMCバイオプロダクツ社製) 〕で電気泳動してエチジウムブロマイド染色をし、増幅断片を切り出した。これを65 で15分間加熱してアガロースを融解させ、フェノール - クロロホルム抽出し、さらにクロロホルム - イソアミルアルコール抽出後エタノール沈殿をし、10 μ l の TE 緩衝液に溶解させた。

増幅断片 1 μ l とPCR断片クローニング用ベクターpT7BlueT-Vector (ノバジェン社製) 1 μ l を混合し、DNAライゲーションキットver.1 (宝酒造社製) を用いて、キットの指示に従い、プラスミドに増幅断片を組み込んだ。大腸菌DH5 (ギブコBRL社製) を形質転換し、アンピシリン耐性株を得た。該形質転換株コロニーを蒸留水20 μ l に懸濁し、10 \times PCR用緩衝液2.5 μ l、2.5mM dNTP 2 μ l、34 μ Mアンカープライマー0.3 μ l、10 μ M任意プライマー 1 μ l、DNAポリメラーゼGene Taq 0.5 μ l を添加し、増幅断片の再増幅と同じ条件でPCRを行って電気泳動をし、最初のディファレンシャル・ディスプレイ時と同じ長さの断片が増幅することから、該プラスミドに増幅断片が組み込まれたことを確認した。増幅断片の塩基配列はDNAシークエンサー (パーキンエルマー社製) を用いて決定した。塩基配列決定に用いた試薬および方法についてはパーキンエルマー社のダイプライマーサイクルシーケンシング (Dye primer cycle sequencing) キットを使用し、キットの指示に従った。ここで得られた塩基配列中にある制限酵素部位で、もとのディファレンシャル・ディスプレイ時の反応物を切断して電気泳動し、切り出した増幅断片に相当するバンドが確かに切断されて泳動位置が変化することを確認した。得られた塩基配列を塩基配列データベースGenBankと比較し、一致する塩基配列がデータベース中の既存の塩基配列にはないもの、データベースの塩基配列の中でexpressed sequence tagとのみ一致するものを66クローン選択した。

実施例 2 RT-PCRによるmRNAの発現の特異性の検出

実施例 1 で得られたIgA腎症患者 5 例および健常者 5 例の白血球からの全RNA 2 μ g に対して一本鎖cDNA合成キットSuperscript preamplificationsystem (B R L 社製) を用いて、キットに付属のオリゴdTプライマーにより一本鎖cDNAを合成した。具体的試薬および方法は、キットに付属のプロトコールに従った。反応後の溶液21 μ l に蒸留水399 μ l を添加して全体を420 μ l にし、そのうちの10 μ l を用いて、RT-PCRにより各増幅断片に対応するmRNAの発現量を検出した。すなわち、白血球一本鎖cDNA10 μ l に蒸留水15.8 μ l、10 \times PCR用緩衝液4 μ l、2.5mM d N T P 3.2 μ l、D M S O 2 μ l、10 μ M遺伝子特異的5'末端側センスプライマー 2 μ l、10 μ M遺伝子特異的3'側アンチセンスプライマー 2 μ l、1 単位 / μ l に希釈したDNAポリメラーゼGene Taq 2 μ l を添加し、97 5 分間加熱し、氷中で5分間冷却した後、94 で30秒間、65 で1分間、72 で2分間からなる工程を1サイクルとして24~35サイクルのPCR反応を行った。2%アガロースゲル電気泳動後、0.01%サイバークリーン (宝酒造社製) で染色し、増幅した断片の量をフルオロイメージャーで定量し、mRNAの相対発現量とした。

mRNAの量を校正するために、ハウスキーピング遺伝子であるグリセルアルデヒド3 - リン酸デヒドロゲナーゼ (G 3 P D H) 遺伝子について特異的プライマー (5' -CCCATCACCATCTCCAGGAGC-3'、5' -TTCACCACCTTCTTGATGTCATCATA-3') 同様の反応を行い、各遺伝子のmRNAの発現量をG3PDH mRNAの発現量に対する比で校正した後、IgA腎症患者 5 例の平均値と健常者 5 例の平均値を比較し、その値に差のある遺伝子 3 1 クローンについてIgA腎症患者で発現量が増えている遺伝子として選択した。表 1 - 1 および表 1 - 2 に、選択された遺伝子についてまとめた。

表1-1

配列表 の番号	遺伝子	増幅プライマー ¹⁾	bp ²⁾	発現 変動 ³⁾	RT-PCR プライマー ⁴⁾	RT-PCR cycle 数
1	INP377-A	FGH/OPD-1	256	5.0	55,56	28
2	INM063-7	FGH/OPB-2	155	12.5	33,34	28
3	INP303-A	FAH/OPD-5	305	9.9	35,36	28
4	INM315-10	FAH/OPD-9	278	2.8	37,38	35
5	INP319-3	FAH/OPD-10	135	14.4	39,40	28
6	INP324-A	FAH/OPD-12	197	19.9	41,42	28
7	INP332-A	FAH/OPD-16	137	16.6	43,44	28
8	INM335-3	FAH/OPD-17	274	4.2	45,46	28
9	INM336-A	FAH/OPD-17	171	0.14	47,48	28
10	INM351-10	FCH/OPD-4	161	1.8	49,50	28
11	INP356-4	FCH/OPD-7	323	18.5	51,52	35
12	INP364-A	FCH/OPD-12	138	3.8	53,54	28
13	INP379-A	FGH/OPD-2	244	8.6	57,58	35
14	INP380-A	FGH/OPD-2	135	15.7	59,60	35
15	INP401-A	FGH/OPD-20	258	16.7	61,62	24
16	INP403-A	FAH/OPE-3	219	2.3	63,64	28
17	INP407-A	FAH/OPE-5	191	9.1	65,66	28
18	INM408-A	FAH/OPE-5	148	0.65	67,68	28
19	INP410-5	FAH/OPE-6	306	2.0	69,70	28
20	INM419-14	FAH/OPE-11	357	0.064	71,72	35

10

20

表1-2

21	INP429-A	FGH/OPE-7	219	2.4	73,74	28
22	INP431-A	FGH/OPE-8	251	13.1	75,76	24
23	INP438-A	FGH/OPE-11	233	5.4	77,78	24
24	INP444-A	FGH/OPE-15	176	3.3	79,80	24
25	INP451-2	FCH/OPE-4	241	14.0	81,82	32
26	INP458-A	FCH/OPE-11	217	9.2	83,84	28
27	INP463-A	FCH/OPE-19	232	18.2	85,86	35
28	INP470-A	FCH/OPV-4	228	5.8	87,88	28
29	INP482-A	FCH/OPV-10	298	9.9	89,90	28
30	INP485-6	FCH/OPV-17	291	8.5	91,92	28
31	GTINP332A -21 ⁵⁾	-	869	4.6	93,94	24

1) デフェレンシャル・ディスプレイ時に用いたアンカープライマーと任意プライマーの組み合わせを示した。

2) GTINP332A-21 以外はデフェレンシャル・ディスプレイ時の増幅断片の長さを示した。

3) 発現変動は Ig A腎症の患者5例のmRNAの発現量の平均値/健常人5例のmRNAの発現量の平均値の値を示した。

4) RT-PCRのプライマーは配列表の番号を示した。

5) GTINP332A-21 は、デフェレンシャル・ディスプレイでその増幅断片が得られた遺伝子ではなく、実施例3と同様にして、INP332-A の全長のcDNAクローンをヒト白血球cDNAライブラリーから取得を試みた際に、形質転換株から得られたcDNAクローンである。そのcDNAの塩基配列の一部を実施例4と同様にして決定したところ INP332-A の塩基配列とは異なる新規遺伝子のcDNAクローンであり、その塩基配列に基づいて実施例2で行った RT-PCR の結果は、Ig A腎症の患者白血球で健常人と比較してmRNAの発現が上昇していることがわかったため、この表にいった。

これらの遺伝子についてのプライマーと、検体白血球のmRNA由来cDNAとを、RT-PCR法により反応させて、遺伝子増幅を観察することで、IgA腎症の診断が可能となる。

実施例3 INP377-A cDNAのクローン化

(1) INP377-A cDNAクローンの単離

ベクターにpCMV-SPORT (ギブコBRL社) を用いたヒト白血球cDNAライブラリー (ギブコBRL社製) から、ジーントラッパー-cDNAポジティブセレクションシステム (GENE TRAPPER cDNA Positive Selection System ギブコBRL社製) を用いて、INP377-A cDNAクローンを取得した。すなわち、cDNAライブラリーをGene II蛋白とエクソヌクラーゼIIIを用いて、一本鎖にした後、INP377-A遺伝子と対応するビオチン化した相補的なオリゴヌクレオチド (実施例2で用いた5'側センスプライマーを用いた) をプローブとしてハイブリダイズさせ、さらにストレプトアビジン付加したマグネティックビーズでプローブを結合させて単離させた。ハイブリダイズしていた一本鎖cDNAクローンをプローブからはずした後、DNA

ポリメラーゼによって二本鎖にして大腸菌を形質転換することにより、INP377-A cDNAクローンをアンピシリン耐性株として出現させた。具体的試薬および方法はキットに付加するプロトコールにしたがった。それぞれの形質転換株コロニーを蒸留水18 μ lに懸濁し、10 \times PCR用緩衝液2.5 μ l、2.5mM dNTP 2 μ l、10 μ M遺伝子特異的5'側センスプライマー1 μ l、10 μ M遺伝子特異的3'側アンチセンスプライマー1 μ l、DNAポリメラーゼGene Taq0.5 μ lを添加し、RT-PCRと同じ条件でPCRを行って電気泳動をし、プライマーの位置から推定される約200bpのINP377-A cDNA断片が増幅する形質転換株をINP377-A cDNAクローンとして単離した。

このクローンから公知の方法（モレキュラー・クローニング：ア・ラボラトリー・マニュアル 第2版）に従ってプラスミドDNAを単離し、このプラスミドをpGTINP377A-46Cと名付けた。またプラスミドDNAを制限酵素Sal IおよびNot I（ともに宝酒造社製）で消化後、アガロースゲル電気泳動を行ったところ、cDNAのサイズは約3 kbであった。

（2）INP377-A cDNAの塩基配列の決定

pGTINP377A-46C中のINP377-A cDNAの塩基配列をパーキンエルマー社の377DNAシーケンサーを用いて決定した。塩基配列決定のための具体的試薬および方法はパーキンエルマー社のダイプライマーサイクルシーケンシングFSレディリアクション（Dye primer cycle sequencing FS Ready Reaction）キットを使用し、キットの指示に従った。得られた塩基配列を配列番号1に示した。この塩基配列には143アミノ酸からなるオープンリーディングフレーム（ORF）が存在した。377-AのcDNAの塩基配列をデータベースと比較したところ、N末の137アミノ酸に相当する部分は、ショウジョウバエのガン抑制遺伝子Sxlと相同性をもつヒトの遺伝子LUCA15のN末137アミノ酸に相当する部分と一致するが、その後、全く相同性のない塩基配列が続き、ディファレンシャル・ディスプレイで得られた配列は、この全く相同性のない塩基配列中に存在することがわかった。

産業上の利用可能性

本発明により得られる新規遺伝子を用いることによりIgA腎症の治療や診断が可能である。

【配列表】

配列番号：1

配列の長さ：2689

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA

起源

生物名：ヒト

組織の種類：白血球

配列

10

20

30

GTTGGAGGTT CTGGGGCGCA GAACCGCTAC TGCTGCTTCG GTCTCTCCTT GGGAAAAAAT 60
 AAAATTTGAA CCTTTTGGAG CTGTGTGCTA AATCTTCAGT GGGACA ATG GGT TCA 115
 Met Gly Ser
 1
 GAC AAA AGA GTG AGT AGA ACA GAG CGT AGT GGA AGA TAC GGT TCC ATC 163
 Asp Lys Arg Val Ser Arg Thr Glu Arg Ser Gly Arg Tyr Gly Ser Ile 10
 5 10 15
 ATA GAC AGG GAT GAC CGT GAT GAG CGT GAA TCC CGA AGC AGG CGG AGG 211
 Ile Asp Arg Asp Asp Arg Asp Glu Arg Glu Ser Arg Ser Arg Arg Arg
 20 25 30 35
 GAC TCA GAT TAC AAA AGA TCT AGT GAT GAT CGG AGG GGT GAT AGA TAT 259
 Asp Ser Asp Tyr Lys Arg Ser Ser Asp Asp Arg Arg Gly Asp Arg Tyr
 40 45 50 20
 GAT GAC TAC CGA GAC TAT GAC AGT CCA GAG AGA GAG CGT GAA AGA AGG 307
 Asp Asp Tyr Arg Asp Tyr Asp Ser Pro Glu Arg Glu Arg Glu Arg Arg
 55 60 65
 AAC AGT GAC CGA TCC GAA GAT GGC TAC CAT TCA GAT GGT GAC TAT GGT 355
 Asn Ser Asp Arg Ser Glu Asp Gly Tyr His Ser Asp Gly Asp Tyr Gly
 70 75 80 30

GAG CAC GAC TAT AGG CAT GAC ATC AGT GAC GAG AGG GAG AGC AAG ACC	403	
Glu His Asp Tyr Arg His Asp Ile Ser Asp Glu Arg Glu Ser Lys Thr		
85 90 95		
ATC ATG CTG CGC GGC CTT CCC ATC ACC ATC ACA GAG AGC GAT ATT CGA	451	
Ile Met Leu Arg Gly Leu Pro Ile Thr Ile Thr Glu Ser Asp Ile Arg		
100 105 110 115		10
GAA ATG ATG GAG TCC TTC GAA GGC CCT CAG CCT GCG GAT GTG AGG CTG	499	
Glu Met Met Glu Ser Phe Glu Gly Pro Gln Pro Ala Asp Val Arg Leu		
120 125 130		
ATG AAG AGG AAA ACA GGT GAG AGC TTG CTT AGT TCC TGATATTATT	545	
Met Lys Arg Lys Thr Gly Glu Ser Leu Leu Ser Ser		
135 140		
GTTCTCTTCC CCATTCCCAC CTCAGTCCCT AAAGAACATC CTGATTCCCC CAGTCTTCAA	605	20
GCACATGAAT TCAGAATGAA AGGTTTGCCA TGGCTAAGGA ATGTGACTCT TTGAAAACCA	665	
TGTTAGCATC TGAGGAACTT TTTTAACTT TGTTTTAGGG ACTTTTTTTT CCTTAGGTAA	725	
GTAATGATTT ATAACTCCT TTTTTTTTTT TTACTATAG TCGGTTGCAT GGTTACTTTA	785	
AGCGTGGAAT CAAATGGAGT GGCATTTAGT TCAGGCGGCT TGTTCCTTGC CATGGCAAAG	845	
TATCAAGAAG ATCCCAAGT CAAGTCACAT TTGTAAAGCT GCTTCCCAAT TGGCTTTGTC	905	
ACGCAGTGTT GAAGCAGTGG GAGAGAGATT CACCTGTTAT AAAGGAACTG ACTAACACAA	965	30
GTATCCCGTC TATATCTGAA TGCTGTCTCT AGGTGTAAGC CGTGGTTTCG CCTTCGTGGA	1025	
GTTTTATCAC TTGCAAGATG CTACCAGCTG GATGGAAGCC AATCAGGTG CTTCACTCAC	1085	
CAAGTCTAGA TATTCATGAA AATGGAACAA GTCTGTACAA TTTAAAAAA AGGTTGAAGG	1145	
AGTGTTTGT TCCAAAGGAG TGACTTTTTT TAAAAAAA AAGCTTTGTA TATATTA AAA	1205	
TTGATGTTAC TAGAATAAGT ACAGTACCAA GGACTTCATT ATAGAATTTG TTCTGCCTTT	1265	
AAACATGGCT ACCTACCTGG CAGGGCTTTG TTAACACTG AATACCTGTC TGGTAATCAC	1325	
TAAAACATCT TAATGTTTCC CTTTTTCTA GTTTGTATA TTCCTATTAT GTCCATTGAG	1385	40
AGTAAGCTTA GTATATCAAA CTCTCCATTT GACAGTGAAG AGAACATAGT GAAAGTCTGT	1445	
GGCGGCATTT TTATAAGTAA TTCCTTATTT CTGCCTGAAG ACCACAAAGC CTCCTGGAGG	1505	
CGTAACTGCT CAGACCGGTC TTCAGGGAAT ATTTAAGGAC TTAGTGGAAT TTATGAACAA	1565	
TAAGTCTGAT GAGATTAGCC TGGGAGTGGT GTCCTGCAGC TGTCTAATCT AGTTAGAGTG	1625	

GCATTAACAT TCTAATCTCC TTGAGAATGC CTTTTATAGT CTGTTCAAAG CAAGTCATTG 1685
 ATGGTTCTTC GAGGTAGTGT TAACTGAAGT GTTCTTCAGT TTGTCAAGAT AATGTTTCAGT 1745
 GCTTGGCACT TAAATAACAT TTTTGGCAAG AACTCCAAGG CACATTATTG AATGCCTTTA 1805
 ACCAAGTGCA TTCTGGGAAG TTTGCTTGAC TCATTATCTT GCTTTTCTGC AGCATTCTGT 1865
 GATTTGAGTC ATCCATGAAT CCATGAATAA AAGTTACATT CTTTGATTGG TAATATTGCC 1925
 ATTTATAACA AGACTCACTA ATGAGGGTAT CACTTTGACT GACTGATTG TTAAGTTTT 1985
 TAAGCCTCTC ATTTTCCTAA CCCAGAAATC ACAGCCTGAT TTTATTAATA GTAGAGCTTC 2045
 ATTCATTTCA TACCATAGAT ACCATCCTAG TAAATCCAGA ACATATACAA GGTTTCATGTG 2105
 AGTCTGCTTT CTTGACATGA TAGCATTGTT TGATGCAGTG GATATGTCAG AATGACTAAC 2165
 CTAGGAGTTT AAAACTCCTA AGAAACTAAA ACCTGTAAGA CATTTAAAAG TCTCCACAAT 2225
 TTTAATGTAT ACAAAGCTAT GTTACTGTGT AACACATTAC AGTTCAAATT CACTCCAGAA 2285
 ATAAAAGGCC AGTAGGATTA GGGACTCACT GGTAGTTTGG AGTCTCCCAG CACACATCCC 2345
 TCCTAGTGGG ATGATCTATT CACATATCTC CCAGCTTTTT TATTTTTGCT TCTGTATATC 2405
 ACAGTGAGTG GATGGCCCTT CAGCTTTTTT TCTCCTGGCC AGACATGCAG TCTTGCCCTT 2465
 AGATATCGCA GAGACAAAAT TCACAGCATG TCTTAAATCT TCCAGGATTT GCAAGAACCA 2525
 AATTGCTCAA CAGTATGTAT GTTTAGAGGG GTTAGACTCC TTTTAAAAT CTGGATATCT 2585
 AACCACCTAC TTAATCTGT TTGATAGTGT CAAACCACCC CCACCCTTGA TCCTCCCACC 2645
 CCCAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAA 2689

10

20

配列番号：1

配列の長さ：2660

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA

起源

生物名：ヒト

組織の種類：白血球

配列

CCCACGCGTC CGGTTGGAGG TTCTGGGGCG CAGAACCGCT ACTGCTGCTT CGGTCTCTCC 60

TTGGGAAAAA ATAAAATTTG AACCTTTTGG AGCTGTGTGC TAAATCTTCA GTGGGACA 118

30

40

CCTTAGGTAA GTAATGATTT ATAAACTCCT TTTTTTTTTT TTGACTATAG TCGGTTGCAT 787
 GGTTACTTTA AGCGTGGAAT CAAATGGAGT GGCATTTAGT TCAGGCGGCT TGTTCCTTGC 847
 CATGGCAAAG TATCAAGAAG ATCCCAAGT CAAGTCACAT TTGTAAAGCT GCTTCCCAAT 907
 TGGCTTTGTC ACGCAGTGT GAAGCAGTGG GAGAGAGATT CACCTGTTAT AAAGGAACTG 967
 ACTAACACAA GTATCCCGTC TATATCTGAA TGCTGTCTCT AGGTGTAAGC CGTGGTTTCG 1027
 CCTTCGTGGA GTTTTATCAC TTGCAAGATG CTACCAGCTG GATGGAAGCC AATCAGGTTG 1087
 CTTCACTCAC CAAGTCTAGA TATTCATGAA AATGGAACAA GTCTGTACAA TTTTAAAAAA 1147
 AGGTTGAAGG AGTGGTTTGT TCCAAAGGAG TGACTIONTTTT TAAAAAAA AAGCTTTGTA 1207
 TATATTAATA TTGATGTTAC TAGAATAAGT ACAGTACCAA GGACTTCATT ATAGAATTTG 1267
 TTCTGCCTTT AAACATGGCT ACCTACCTGG CAGGGCTTTG TTAACACTG AATACCTGTC 1327
 TGTAATCAC TAAAACATCT TAATGTTTCC CTTTTTCTA GTTTGTTATA TTCCTATTAT 1387
 GTCCATTGAG AGTAAGCTTA GTATATCAA CTCTCCATTT GACAGTGAAG AGAACATAGT 1447
 GAAAGTCTGT GCGGCATT TTATAAGTAA TTCCTTATTT CTGCCTGAAG ACCACAAAGC 1507
 CTCCTGGAGG CGTAACTGCT CAGACCGGTC TTCAGGGAAT ATTTAAGGAC TTAGTGAAT 1567
 TTATGAACAA TAAGTCTGAT GAGATTAGCC TGGGAGTGGT GTCCTGCAGC TGTCTAATCT 1627
 AGTTAGAGTG GCATTAACAT TCTAATCTCC TTGAGAATGC CTTTATAGT CTGTTCAAAG 1687
 CAAGTCATTG ATGGTTCTC GAGGTAGTGT TAACTGAAGT GTTCTTCAGT TTGTCAAGAT 1747
 AATGTTTCAGT GCTTGGCACT TAAATAACAT TTTTTCGCAAG AACTCCAAGG CACATTATTG 1807
 AATGCCTTTA ACCAAGTGCA TTCTGGGAAG TTTGCTTGAC TCATTATCTT GCTTTTCTGC 1867
 AGCATTCTGT GATTTGAGTC ATCCATGAAT CCATGAATAA AAGTTACATT CTTTGATTGG 1927
 TAATATTGCC ATTTATAACA AGACTCACTA ATGAGGGTAT CACTTTGACT GACTGATTTG 1987
 TTAAAGTTTT TAAGCCTCTC ATTTTCCTAA CCCAGAAATC ACAGCCTGAT TTTATTAATA 2047
 GTAGAGCTTC ATTCATTTCA TACCATAGAT ACCATCCTAG TAAATCCAGA ACATATACAA 2107
 GGTTCATGTG AGTCTGCTTT CTGACATGA TAGCATTGTT TGATGCAGTG GATATGTCAG 2167
 AATGACTAAC CTAGGAGTTT AAAACTCCTA AGAAACTAAA ACCTGTAAGA CATTTAAAAG 2227
 TCTCCACAAT TTTAATGTAT ACAAAGCTAT GTTACTGTGT AACACATTAC AGTTCAAATT 2287
 CACTCCAGAA ATAAAAGGCC AGTAGGATTA GGGACTCACT GGTAGTTTGG AGTCTCCAG 2347
 CACACATCCC TCCTAGTGGG ATGATCTATT CACATATCTC CCAGCTTTTT TATTTTTGCT 2407
 TCTGTATATC ACAGTGAGTG GATGGCCCTT CAGCTTTTTT TCTCCTGGCC AGACATGCAG 2467
 TCTTGCTTTT AGATATCGCA GAGACAAAAT TCACAGCATG TCTTAAATCT TCCAGGATTT 2527

10

20

30

40

GCAAGAACCA AATTGCTCAA CAGTATGTAT GTTTAGAGGG GTTAGACTCC TTTTAAAAT 2587
 CTGGATATCT AACCCACTAC TAAATCTGT TTGATAGTGT CAAACCACCC CCACCCTGA 2647
 TCYTCCCACC CCC 2660

配列番号：2
 配列の長さ：155
 配列の型：核酸
 鎖の数：二本鎖
 トポロジー：直鎖状
 配列の種類：cDNA
 起源
 生物名：ヒト
 組織の種類：白血球
 配列

10

CACTTATAAA ATGTTAGGGC TTAATATTAT TCATAGATCG AGGATAGTTT CATTCTTAGT 60
 CGCCTCCTTA GTCACTCTTC CTATACCAAT CTGAGACCAT TTTACAATTT AGAAAAGACA 120
 AATAACTGGT TGGGTTACTT GATAGTATAA TAACC 155

20

配列番号：3
 配列の長さ：305
 配列の型：核酸
 鎖の数：二本鎖
 トポロジー：直鎖状
 配列の種類：cDNA
 起源
 生物名：ヒト
 組織の種類：白血球
 配列

30

TCATGAAGTG AAGCCAACCTG TTTAGACTAG AATGTTATGA GATTAAACCC ACNNNNNNTT 60
 ATTCATAGAC ATAAACCCTC ATTTTAATTA GTGGATCTGG ATTTTTGTCA TATGTGGAAT 120
 CATAATTTAA ACAAATCAA CTAAGATGAT CCAAGTTCCA CACAACCTGCA CTTCAATATT 180
 CAAGTCGGTG TGAAGATGCC TGACTIONTGC GTCACAAGAT TCTGAGCTGT CGTAAAAAGC 240
 CTGGCTCGTG GTTCTATTT ATAGTGTACA CATGTTGGGT TATAATCACA AACCTGGAAC 300
 TCTGT 305

40

配列番号：4
 配列の長さ：278
 配列の型：核酸
 鎖の数：二本鎖
 トポロジー：直鎖状
 配列の種類：cDNA
 起源
 生物名：ヒト
 組織の種類：白血球
 配列

50

GAAGGAGAAT ATGAAGAGGT TAGAAAAGNT CNGGNTTCTG TTGGTCAAAT GAAGGATGAA 60
 GGGGAAGAGA CATTAAATTA TCCTGATACT ACCATTGACT TGTCTCACCT TCAACCCCAA 120
 AGGTCCATCC AGAAATTGGC TTCAAAGAG GAATCTTCTA ATTCTAGTGA CAGTAAATCA 180
 CAGAGCCGGA GACATTTGTC AGCCAAGGAA AGAAGGGAAA TGAAAAAGAA AAAACTTCCA 240
 AGTGACTCAG GAGATTTAGA AGCGTTAGAG GGAAAGGA 278

配列番号 : 5

配列の長さ : 135

10

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : cDNA

起源

生物名 : ヒト

組織の種類 : 白血球

配列

TTCTGACAAT GAGTAAGAAG AAAGAGGGTC TTGCCCTTTG GTTATTAAGA TTTATCATAG 60
 AGCAATAATA ASTAAATCGG TGTTATACCA GCACAGAGAT TAGACAAATA AACCAAGGGA 120
 CTGGACTAAA TAAGC 135

20

配列番号 : 6

配列の長さ : 197

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : cDNA

起源

30

生物名 : ヒト

組織の種類 : 白血球

配列

ATGGTACCCA GTTTCAAATT AACATGGTTA TTTTACTTGT GTTCCCAAAT TTAACATTAG 60
 GGAATTTTTG GTTGTGGGTC TGTTATCACT AGAAAAATAT ATATATTGGT GCTGAAGATA 120
 ATTTTGAGAT AATTAGACAA GACAGTTTAG CATTTACAAG AACAAAGTTTG GCAGTTGAAG 180
 AATCTATTTA TATGACT 197

配列番号 : 7

配列の長さ : 137

40

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : cDNA

起源

生物名 : ヒト

組織の種類 : 白血球

配列

CCACCGCACC TGGCTGATGC TTTTCTATCT GACTTCTTTC AGAGGACCCT GAAAGACACT 60
 AAGTGAATC TTTCCTTGAA GTCTTCCAAG CTAACAACAT TCTCTGGAAA GATCACCTCT 120
 GTTCAGTCCT GGTCTCT 137

配列番号：8

配列の長さ：274

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA

起源

生物名：ヒト

組織の種類：白血球

配列

CGTTTACAGA TTCTCTTGGC GCTGGCGGTG GAACTACAAA GGGATCGGTG CCTATATCAC 60
 AATACCAAAC TTGATAATAA TCTAGATTCT GTGYTCTGC TTATAGACCA TGTTTGTAGT 120
 AGGTAAGAGG AAAACTTCCT ATATTCTGAA ACAGCCTAAC ATTTTACAAA ATTTTAGTTT 180
 TCTTTTTTAG AGTCTTATCC TGTAGCTATA TAACAGTTCA TGTCTGATT AGCATTGT 240
 CACGAGTAAA GCTGGAATA TGAAAATTGA AAAT 274

10

20

配列番号：9

配列の長さ：171

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA

起源

生物名：ヒト

組織の種類：白血球

配列

GATTAGGTGA CCTCCTTGA ARAGCCACGG GTTTCCATA TCGAAATGCT ATTCATTACC 60
 CGAGTCACCT ANGTTCTTAC AAAGGAAGCG AGAAAATTGC TTTTGTGGG CCATGCCCT 120
 TTTGCANAGG TTCCTAAGTA TAGTCGCCAN AATTTTTTTA ATGGCCTAAA G 171

30

配列番号：10

配列の長さ：161

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA

起源

生物名：ヒト

組織の種類：白血球

配列

40

AGGGGCGCTT GTTCTGCTCT CAGCAGATTG GTTACACGCG TCAGGTGGTG GCGATGACTT 60
 AATTCCTAGC CCAAGAAGAA TATAATGTTA AACTGGTTA TGTAATTTTT GTGCCTCTCC 120
 TTTTAAATGC AGTATTTAGT TCAGATGTTG GCGATTTTTC A 161

配列番号：11

配列の長さ：323

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA

起源

生物名：ヒト

組織の種類：白血球

配列

TATAAGGWGG GAACCTTACT ATCTCTAATG ACCTTACTGA TGCTGACTTT AATACTCTGT 60
 GAAGGTTAGA GTTCAGTGAA TGTTACCTAG AACAGCCCC GGCTGTGGAA TACTTTATTC 120
 TTAGCCCTAT ATTTGGGGTT TGGATGTCCA CTGTGCTGGT TCCCAGAGAT AGTAAGGGGA 180
 TGAGAGTATT GGTACATCT CCTGACCCAC ATACTTAAGA TCCAGATGAA CAAGACAGTT 240
 TTCACTCCTG CTTGGTAGAA CCTATTTGYK SHAGGAAACA GYTCTAAAG AATGGTTCTA 300
 GCCAGACCCT GTCGYTACCA GAA 323

配列番号：12

配列の長さ：138

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA

起源

生物名：ヒト

組織の種類：白血球

配列

AGTATGACAA ATAGTTTCTG CCTGATTGGT GAGATTTGGG ATGGGCCCC ACTTTGTTTC 60
 TCTTTCTGCA TAAAAATTC AACATTTTAA CAAAATTTTC AAAAACTTCT CCTCAGTCTG 120
 TACATCTTTG TTAATCAG 138

配列番号：13

配列の長さ：244

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA

起源

生物名：ヒト

組織の種類：白血球

配列

10

20

30

40

TACTCTTCAA CCATGATTTT TCTCTGATGG CCTGTGTGAA CAGATTAATG GTGTCCATCT 60
 AATTCCTTCC CCACTGGGGG AAAGCAAATC ATCAGGCCCA TTGCAAAAAC TGCTCTTGGT 120
 TGAGCTTCCT GCCTTAAATC ATACCCACAG TGAATGGCGT CCCTTTATCA CCGCTAATGA 180
 CTCTGACATC TCTCTCCACT CACATGTGAG CCTCCTCAGC TCTCGANAAA CAAGTCNGTC 240
 TCGG 244

配列番号：14

配列の長さ：135

10

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA

起源

生物名：ヒト

組織の種類：白血球

配列

TGATCCCCAC AATTTCTTGT GATTGGTGAG GAACTATAAA TGACTCCCAT CCAAGCTTAT 60
 ACCAGAAAA AGGAGCACAT TTTCTACAAA TTATATCATT TTTAATCCAT TACCACATTA 120
 TTTTAGGGGA ACTAC 135

20

配列番号：15

配列の長さ：258

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA

起源

生物名：ヒト

組織の種類：白血球

配列

TCTCAGAAAA CTCCAGATCA AATGAGATGA GTATGGTGNN NAGGGCTGGC AATTAGAGGA 60
 TACTCTCCAA TGGTGATGAA GGGAGATGTC TGGGGGAAAT CCAGCAGGAT GTTGATTTAG 120
 TATGTACACA GTGAGAGGAT ACTTGTAGAG AACCTAGAAT CTTCTCTGAA TGTGACGGGC 180
 CCTCAGAGAT AATTGTAAAC AGATAAGTGG ATGATTAAT ACACTTCCTC CAGTAGGCTA 240
 GATGTAAAGA CGGAGATC 258

30

40

配列番号：16

配列の長さ：219

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA

起源

生物名：ヒト

組織の種類：白血球

50

配列

CTGAGAGGAG CCATGTATAC AAACCACTTT TTCTAACATG GTCTTTATTA AACTTTGAAT 60
 ATAAGTACAC CTGCTCGAAG TGTTTCATCTA TATTATTTAA GAACAAGCAA CTGTAAAACA 120
 GTAAAATCAC AAAAGGTAAG TTGTTGGAAG ACAACAAAAA AGAATTACTA TATCTGATCC 180
 TGCCTGTTTA TTTTAGAATC TGTTAATAGG CCTACAGCT 219

配列番号 : 17

配列の長さ : 191

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : cDNA

起源

生物名 : ヒト

組織の種類 : 白血球

配列

ACAGTGAGTG TGGCTGAAAC CTAAGCTGAA GGAAGGGAGG AGCAGGCACT GCCATGAGGC 60
 GTCCCTGGAC AGAACTCTT CAGCAGGCCT TGAAGTTAG TTCAGGGGCT ACATGGAATA 120
 CCACTATTTA GCACACAGCT GTGATCTGAG GTGAGGGACT ACCTTTTCGA TCTTGTTTT 180
 CTCATTTATT T 191

配列番号 : 18

配列の長さ : 148

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : cDNA

起源

生物名 : ヒト

組織の種類 : 白血球

配列

CTGGAGGTGA AGGGAAGGAA AGAAAGGAAA AACTATCTAC CTGGCAGGAA AAGAGATAAG 60
 CTCCAAGAA CACCAAAGCA GATGATGAGT CTAGCTCTAC CCAGCCTTCC TCCCCACGAA 120
 TCCAGATCAT AGTAAGAAAC TCTGGGCT 148

配列番号 : 19

配列の長さ : 306

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : cDNA

起源

生物名 : ヒト

組織の種類 : 白血球

配列

10

20

30

40

CCACCACCAG AAATGAACAA AAAGCATTTT ACCTAAAAAT ACACCAGCAA AATGTA CTCA 60
 GCTTCAATCA CAAATACGAC TGCTTAAAAC CGCAGAAATT TCCTCAACAC TCAGCCTTTA 120
 TCACTCAGCT GGATTTTTTC CTTCAACAAT CACTACTCCA AGCATTGGGG AACACA ACTT 180
 TTAATCATAC TCCAGTCGTT TCACAATGCA TTCTAATAGC AGCGGGATCA GAACAGTACT 240
 GCATTTACTT GCCAACAGAA CAGACAGACC TGAAGTCAAG ACAACTGCAT TCTCTGTGAA 300
 GTCTGT 306

10

配列番号：20
 配列の長さ：357
 配列の型：核酸
 鎖の数：二本鎖
 トポロジー：直鎖状
 配列の種類：cDNA
 起源
 生物名：ヒト
 組織の種類：白血球

配列
 GTAGCATTTT GGCAGAACCA TTGTTAATTA AAGGGACTTY TGGACCGCAA CYTTAATGTA 60
 CCAGATTATT GAGCRGCCCA ATGAATGCTT CATTCTCATT GTTTAAGGTG CTGCTTTGAT 120
 TTTTTTTTCA ATTCTTTGTA CTATTTTTTA TTTTTTGGAG AGGCACATCC CCAAATTTGG 180
 ATGAGGTATT TGTTGATAAA TAATTCATCA ATTTCCACAA TGCAGACAAA AATGTCTGCC 240
 CAGAGTGGAA AAATAAAACA AGGGGGAGAA GAGTTTGAGT AACGGAGAAG TTCTGTGGAA 300
 TCCTAGTGAC AAAAGTTGAG AAACCTACCTT TAAATAAGAC AGTGAGGTAA CAAATGT 357

20

配列番号：21
 配列の長さ：219
 配列の型：核酸
 鎖の数：二本鎖
 トポロジー：直鎖状
 配列の種類：cDNA
 起源
 生物名：ヒト
 組織の種類：白血球

30

配列
 TGGAATAGCC AGGAGAATTC TGGAAAAGTA GAATAATGAG GTAGGGCTTC CCTTCGCTAT 60
 TTTGAAGTGC AGATTACACT ATGTA AAAACC ATTAGGA ACT GGCACGTGAA TAGACAGATC 120
 AATAGTTAAT AGCTGTATTA GCCAGAAAAT GGTGTAAGGA CAACAGGCTA ACTAACCTG 180
 TCACTTGTTA TGCTAAAATT AAGTCTAGAT AGAGTCCTC 219

40

配列番号：22
 配列の長さ：251
 配列の型：核酸
 鎖の数：二本鎖

50

トポロジ- : 直鎖状

配列の種類 : cDNA

起源

生物名 : ヒト

組織の種類 : 白血球

配列

TGAAAGGGGA ATAGAAGCAC AAGAGTCAGT AATCAATAAC AAACAACCTCA AGGTGCTCCT 60
 TCCTTACACT GGTGTTCCCC AAAGTGAGGT GAATTGCCAG CCACTGGGAG TCAGGGCCAG 120
 TTACATAAGA CATTCTCGGT AAGCCCCCTT TGGGTATCCC AAATAAGGAC TGGGGTGGGT 180
 TTATGTGTAG TCCATTATTA ACAACTAAAC GAACAAACCT AGTGAATTGC AATAAATTCA 240
 CACCAACAGA A 251

10

配列番号 : 23

配列の長さ : 233

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジ- : 直鎖状

配列の種類 : cDNA

起源

生物名 : ヒト

組織の種類 : 白血球

配列

GTTGAAAGAG TCCTTGAAG GCTTTTAGAC CAAACCCCTC TGCATGCTCA ARCCTGGGT 60
 ACAGGATTTT TAAGAAGTGG AACAGTCTCC AGGGGTGTGG ARCTCATCGC TCAAGGCAGG 120
 TTATCTTATC TGAATAATTT TGTCTGTTGA CTATTGGGAT AGTTCTCCTT CAGATGAGCT 180
 GAAATTTTCT CCATAGCTTC CTCTATTAAC CCAATTCCA CTTCTCAGGG TCA 233

20

30

配列番号 : 24

配列の長さ : 176

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジ- : 直鎖状

配列の種類 : cDNA

起源

生物名 : ヒト

組織の種類 : 白血球

配列

CAAAAGCGCT GAAGTTAAGC ATTAATACGC CAGATTCATG ATTTATGATC AGTATCCAAA 60
 ACTCCAACATA CAAACAATGC AAAGTAGTGC TCCTCAGTAT TATTTTTGCA ATTGTTAGTA 120
 ATGTTAAGCA TCAAGGAAAA TAAAACACAT CATTGCACAT TACAGCCGCA AAAAAC 176

40

配列番号 : 25

配列の長さ : 241

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジ- : 直鎖状

50

配列の種類：cDNA

起源

生物名：ヒト

組織の種類：白血球

配列

AGAGAGTAAA GCAAGCTATT TTGACAGCAA CCTAATAACA GCTGTCTTCT TCCACTTCTT 60
 GGCTAACTCA TCCCCAGAT AGCCTTCTTT TCTCTTATCA ATTCCCTGTT GCAACAATAA 120
 TAAATGCCAC ACCTGATGGA GTCATTAGGC ACTTTCCTAG TGACAAGTGC CTAGGACAGA 180
 GGAGAAAACA AAGAAACACT GACAACCACT GAAAACCTGAC ATATCAGGCC AGGCATGTCA 240
 C 241

10

配列番号：26

配列の長さ：217

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA

起源

生物名：ヒト

組織の種類：白血球

配列

GCTGGAGAGG TGGTGATGTT GCTGAATAAT TGCTTTTTAA AGCTGGAGGG GACTTCCAAG 60
 AGTCTCTCAT TTAAGAARAA AAATTAAGA CATAATTGGT AACGGTTTTG ACTGCTGCAG 120
 AGGCAACACT TTGCTCACAA TCCTACAGAT CTACTTCACC TGTAECTACA ATTTTCCTGA 180
 AGACATAGAA GAAAAATCAA TTGTTCTAAT CCATATG 217

20

配列番号：27

配列の長さ：233

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA

起源

生物名：ヒト

組織の種類：白血球

配列

AATCTTAGCA TAATGCTTCC TGGGAAATTC TGAAATTGAT TCCATTTCTG CCGTTACAAA 60
 CACACACGAA GTTCTAGTT CACTGGGACT TCCTGATTTG TTCTTTTAGC TTGCTCCTTC 120
 TCACCTAGAA GCTCTGTTTA TTTCTGAGCA ACCCTGGGGC TTGTCTCATA GGACAGGATT 180
 TATTTATCTC ATCAAGGCTG AGTGTGCCTT AGGAAGTCAT AAACATAAAA AGA 233

30

配列番号：28

配列の長さ：228

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

40

50

配列の種類：cDNA

起源

生物名：ヒト

組織の種類：白血球

配列

TATAGACAGG GTAGGGACGA TTAGCCCCTC GACAACTTTT CACAAATATA CACACGTTTA 60
 ACTACCTCTC AGGTCATGAT AAAGACCGGC CGGGCAGAAA CACTGTAATC CCAGCTACTC 120
 GGGAGCCTGA GGCATGAGAA TCACTTGAAC CTGGGAGGTG GAGGTTGCCA TGAGCCGAGA 180
 TCACGCCATT GCACTACAGC CTTGGCGACA AGAGTGAAAC TCCATCTG 228

10

配列番号：29

配列の長さ：298

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA

起源

生物名：ヒト

組織の種類：白血球

配列

GCTTATGATT ACAAACATCC CTCATATGAA AATCTCAGCA TTNCTGGCT GCTGCCTTCA 60
 ATCGCTTTTT CTGAAATAGG TATCCCTTGA TGTCGACTAT TTGATTTTCA CCAGTCGTTT 120
 CTCTCTGGCA GTGCTCCCTG CAAATGTGTC CTTTCAAGAA AACAAAACCT GCAAGTGGCT 180
 TGTAATGTAC CATGACCTTA TCATGTGAAG GACAAATGGC TCTTGTGCTT ATTAGATAGC 240
 AGATGAACTG ATGAACTGAA TTCTTGGTCT GAAGCTTTGA TAAGGTCAGA TGTCTTTG 298

20

配列番号：30

配列の長さ：291

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA

起源

生物名：ヒト

組織の種類：白血球

配列

ACTTCGAAGG GAAAAAGAGG AAGGAAAAGG ACTGTTAATA AAATAACAAA GGCAGCAATC 60
 AGAATGAACC AGAGCCAGGA CAGCGTAAAG GCTAGGTTCA CAGTGAGATG AAAGAACCTG 120
 AAAACAAGTT TAAAACTCAA AAGAGGATTA TTCTCAAGTT ATACTACAGT GAAAAACAT 180
 GGAAAAACAC AAAAAAGGACA GGCAATAAGG CACAGGCATA CATACAAGGC AAATTGTAAC 240
 ACAATATTTA CTTGCAAAAAG AGCCCACAGA GACATGTCAA TGAAGTCATA G 291

30

配列番号：31

配列の長さ：869

配列の型：核酸

40

50

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA

起源

生物名：ヒト

組織の種類：白血球

配列

```

CGCGTCCGGT GCCTGGCTGC AGTAGCAGCG GCATCTCCCT TGCACAGTTC TCCTCCTCGG 60
CCTGCCCAAG AGTCCACCAG GCCATGGACG CAGTGGCTGT GTATCATGGC AAAATCAGCA 120
GGGAAACCGG CGAGAAGCTC CTGCTTGCCA CTGGGCTGGA TGGCAGCTAT TTGCTGAGGG 180
ACAGCGAGAG CGTGCCAGGC GTGTA CTGCTTGCCA CTGGGCTGGA TGGCAGCTAT TTGCTGAGGG 240
CATAACCGAGT GTCCCAGACA GAAACAGGTT CTTGGAGTGC TGAGACAGCA CCTGGGGTAC 300
ATAAAAGATA TTTCCGAAAA ATAAAAAATC TCATTTTCAGC ATTTTCAGAAG CCAGATCAAG 360
GCATTGTAAT ACCTCTGCAG TATCCAGTTG AGAAGAAGTC CTCAGCTAGA AGTACACAAG 420
GTACTACAGG GATAAGAGAA GATCCTGATG TCTGCCTGAA AGCCCCATGA AGAAAAATAA 480
AACACCTTGT ACTTTATTTT CTATAATTTA AATATATGCT AAGTCTTATA TATTGTAGAT 540
AATACAGTTC GGTGAGCTAC AAATGCATTT CTAAAGCCAT TGTAGTCCTG TAATGGAAGC 600
ATCTAGCATG TCGTCAAAGC TGAAATGGAC TTTTGTACAT AGTGAGGAGC TTTGAAACGA 660
GGATTGGGAA AAAGTAATTC CGTAGGTTAT TTTCAGTTAT TATATTTACA AATGGGAAAC 720
AAAAGGATAA TGAATACTTT ATAAAGGAWT AATGTCAATT CTTGCCAAAT ATAAATAAAA 780
ATAATCCTCA GTTTTTGTGA AAAGCTCCAT TTTTAGTGAA ATATATTTTA TAGCTACTAA 840
TTTTAAAATG TCTGCTGATG TATGTGGAA 869

```

10

20

30

配列番号：32

配列の長さ：143

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

起源

生物名：ヒト

組織の種類：白血球

配列

Met Gly Ser Asp Lys Arg Val Ser Arg Thr Glu Arg Ser Gly Arg Tyr
 1 5 10 15
 Gly Ser Ile Ile Asp Arg Asp Asp Arg Asp Glu Arg Glu Ser Arg Ser
 20 25 30
 Arg Arg Arg Asp Ser Asp Tyr Lys Arg Ser Ser Asp Asp Arg Arg Gly
 35 40 45
 Asp Arg Tyr Asp Asp Tyr Arg Asp Tyr Asp Ser Pro Glu Arg Glu Arg
 50 55 60
 Glu Arg Arg Asn Ser Asp Arg Ser Glu Asp Gly Tyr His Ser Asp Gly
 65 70 75 80
 Asp Tyr Gly Glu His Asp Tyr Arg His Asp Ile Ser Asp Glu Arg Glu
 85 90 95
 Ser Lys Thr Ile Met Leu Arg Gly Leu Pro Ile Thr Ile Thr Glu Ser
 100 105 110
 Asp Ile Arg Glu Met Met Glu Ser Phe Glu Gly Pro Gln Pro Ala Asp
 115 120 125
 Val Arg Leu Met Lys Arg Lys Thr Gly Glu Ser Leu Leu Ser Ser
 130 135 140 143

10

20

配列番号 : 33

配列の長さ : 26

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : 他の核酸、合成DNA

配列

GGGCTTAATA TTATTCATAG ATCGAG

配列番号 : 34

配列の長さ : 26

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : 他の核酸、合成DNA

配列

GTTATTATAC TATCAAGTAA CCCAAC

配列番号 : 35

配列の長さ : 25

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : 他の核酸、合成DNA

30

40

50

配列

GTGGATCTGG ATTTTGTCA TATGT

配列番号：36

配列の長さ：25

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸、合成DNA

配列

GTTTGTGATT ATAACCCAAC ATGTG

配列番号：37

配列の長さ：25

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸、合成DNA

配列

GAAGGGAAG AGACATTAAT TTATC

配列番号：38

配列の長さ：24

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸、合成DNA

配列

GCTTCTAAAT CTCCTGAGTC ACTT

配列番号：39

配列の長さ：24

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸、合成DNA

配列

GACAATGAGT AAGAAGAAAG AGGG

配列番号：40

配列の長さ：24

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸、合成DNA

配列

GTCCAGTCCC TTGGTTTATT TGTC

配列番号：41

配列の長さ：25

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸、合成DNA

配列

GGTACCCAGT TTCAAATTAA CATGG

10

20

30

40

50

配列番号 : 42	
配列の長さ : 25	
配列の型 : 核酸	
鎖の数 : 一本鎖	
トポロジ- : 直鎖状	
配列の種類 : 他の核酸、合成DNA	
配列	
GATTCTTCAA CTGCCAAACT TG TTC	
配列番号 : 43	
配列の長さ : 24	10
配列の型 : 核酸	
鎖の数 : 一本鎖	
トポロジ- : 直鎖状	
配列の種類 : 他の核酸、合成DNA	
配列	
GCTGATGCTT TTCTATCTGA CTC	
配列番号 : 44	
配列の長さ : 22	
配列の型 : 核酸	
鎖の数 : 一本鎖	20
トポロジ- : 直鎖状	
配列の種類 : 他の核酸、合成DNA	
配列	
GACCAGGACT GAACAGAGGT GA	
配列番号 : 45	
配列の長さ : 25	
配列の型 : 核酸	
鎖の数 : 一本鎖	
トポロジ- : 直鎖状	
配列の種類 : 他の核酸、合成DNA	30
配列	
GCTTATAGAC CATGTTTGTA GTAGG	
0 配列番号 : 46	
配列の長さ : 25	
配列の型 : 核酸	
鎖の数 : 一本鎖	
トポロジ- : 直鎖状	
配列の種類 : 他の核酸、合成DNA	
配列	
GTGAACAAAT GCTAAATCAG ACATG	40
配列番号 : 47	
配列の長さ : 22	
配列の型 : 核酸	
鎖の数 : 一本鎖	
トポロジ- : 直鎖状	
配列の種類 : 他の核酸、合成DNA	
配列	
GCCACGGGTT TCCCATATCG AA	
配列番号 : 48	
配列の長さ : 24	50

配列の型：核酸
 鎖の数：一本鎖
 トポロジー：直鎖状
 配列の種類：他の核酸、合成DNA
 配列
GACTATACTT AGGAACCTCT GCAA
 配列番号：49
 配列の長さ：24
 配列の型：核酸
 鎖の数：一本鎖 10
 トポロジー：直鎖状
 配列の種類：他の核酸、合成DNA
 配列
GTTCTGCTCT CAGCAGATTG GTTA
 配列番号：50
 配列の長さ：24
 配列の型：核酸
 鎖の数：一本鎖
 トポロジー：直鎖状
 配列の種類：他の核酸、合成DNA 20
 配列
GCCAACATCT GAACTAAATA CTGC
 配列番号：51
 配列の長さ：25
 配列の型：核酸
 鎖の数：一本鎖
 トポロジー：直鎖状
 配列の種類：他の核酸、合成DNA
 配列
GTTTCAGTGAA TGTTACCTAG AAACA 30
 配列番号：52
 配列の長さ：24
 配列の型：核酸
 鎖の数：一本鎖
 トポロジー：直鎖状
 配列の種類：他の核酸、合成DNA
 配列
GGAGTGAAAA CTGTCTTGT CATC
 配列番号：53
 配列の長さ：25 40
 配列の型：核酸
 鎖の数：一本鎖
 トポロジー：直鎖状
 配列の種類：他の核酸、合成DNA
 配列
GTATGACAAA TAGTTTCTGC CTGAT
 配列番号：54
 配列の長さ：25
 配列の型：核酸
 鎖の数：一本鎖 50

トポロジ- : 直鎖状
 配列の種類 : 他の核酸、合成DNA
 配列
GATTAACAAA GATGTACAGA CTGAG
 配列番号 : 55
 配列の長さ : 24
 配列の型 : 核酸
 鎖の数 : 一本鎖
 トポロジ- : 直鎖状
 配列の種類 : 他の核酸、合成DNA 10
 配列
GAGACAGCAT TCAGATATAG ACGG
 配列番号 : 56
 配列の長さ : 22
 配列の型 : 核酸
 鎖の数 : 一本鎖
 トポロジ- : 直鎖状
 配列の種類 : 他の核酸、合成DNA
 配列
GCGTGGAATC AAATGGAGTG GC 20
 配列番号 : 57
 配列の長さ : 24
 配列の型 : 核酸
 鎖の数 : 一本鎖
 トポロジ- : 直鎖状
 配列の種類 : 他の核酸、合成DNA
 配列
GATGGCCTGT GTGAACAGAT TAAT
 配列番号 : 58
 配列の長さ : 24 30
 配列の型 : 核酸
 鎖の数 : 一本鎖
 トポロジ- : 直鎖状
 配列の種類 : 他の核酸、合成DNA
 配列
GAGAGAGATG TCAGAGTCAT TAGC
 配列番号 : 59
 配列の長さ : 24
 配列の型 : 核酸
 鎖の数 : 一本鎖 40
 トポロジ- : 直鎖状
 配列の種類 : 他の核酸、合成DNA
 配列
GATCCCCACA ATTTCTTGTG ATTG
 配列番号 : 60
 配列の長さ : 25
 配列の型 : 核酸
 鎖の数 : 一本鎖
 トポロジ- : 直鎖状
 配列の種類 : 他の核酸、合成DNA 50

配列

GTCCCCCTAA AATAATGTGG TAATG

配列番号：61

配列の長さ：23

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸、合成DNA

配列

GAGGATACTC TCCAATGGTG ATG

配列番号：62

配列の長さ：24

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸、合成DNA

配列

GTCTTAACAT CTAGCCTACT GGAG

配列番号：63

配列の長さ：24

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸、合成DNA

配列

GAGAGGAGCC ATGTATACAA ACCA

配列番号：64

配列の長さ：26

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸、合成DNA

配列

GCACCCAGGA TCAGATATAG TAATTC

配列番号：65

配列の長さ：24

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸、合成DNA

配列

GCTGAAACCT AAGCTGAAGGAAGG

配列番号：66

配列の長さ：22

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸、合成DNA

配列

GTCCCTCACC TCAGATCACA CC

10

20

30

40

50

配列番号：67
 配列の長さ：24
 配列の型：核酸
 鎖の数：一本鎖
 トポロジ－：直鎖状
 配列の種類：他の核酸、合成DNA
 配列
GCTATCTACC TGGCAGGAAA AGAG
 配列番号：68
 配列の長さ：25 10
 配列の型：核酸
 鎖の数：一本鎖
 トポロジ－：直鎖状
 配列の種類：他の核酸、合成DNA
 配列
GAGTTTCTTA CTATGATCTG GATTC
 配列番号：69
 配列の長さ：25
 配列の型：核酸
 鎖の数：一本鎖 20
 トポロジ－：直鎖状
 配列の種類：他の核酸、合成DNA
 配列
GCAAAATGTA CTCAGCTTCA ATCAC
 配列番号：70
 配列の長さ：24
 配列の型：核酸
 鎖の数：一本鎖
 トポロジ－：直鎖状
 配列の種類：他の核酸、合成DNA 30
 配列
GTAAATGCAG TACTGTTCTG ATCC
 配列番号：71
 配列の長さ：26
 配列の型：核酸
 鎖の数：一本鎖
 トポロジ－：直鎖状
 配列の種類：他の核酸、合成DNA
 配列
GAATGCTTCA TTCTCATTGT TTAAGG 40
 配列番号：72
 配列の長さ：24
 配列の型：核酸
 鎖の数：一本鎖
 トポロジ－：直鎖状
 配列の種類：他の核酸、合成DNA
 配列
GTCACTAGGA TTCCACAGAA CTC
 配列番号：73
 配列の長さ：22 50

配列の型：核酸	
鎖の数：一本鎖	
トポロジー：直鎖状	
配列の種類：他の核酸、合成DNA	
配列	
GAGGTAGGGC TTCCCTTCGC TA	
配列番号：74	
配列の長さ：25	
配列の型：核酸	
鎖の数：一本鎖	10
トポロジー：直鎖状	
配列の種類：他の核酸、合成DNA	
配列	
GCATAACAAG TGACAGGGTT AGTTA	
配列番号：75	
配列の長さ：22	
配列の型：核酸	
鎖の数：一本鎖	
トポロジー：直鎖状	
配列の種類：他の核酸、合成DNA	20
配列	
GGTGCTCCTT CCTTACTG GT	
配列番号：76	
配列の長さ：23	
配列の型：核酸	
鎖の数：一本鎖	
トポロジー：直鎖状	
配列の種類：他の核酸、合成DNA	
配列	
GACTACACAT AAACCCACCC CAG	30
配列番号：77	
配列の長さ：24	
配列の型：核酸	
鎖の数：一本鎖	
トポロジー：直鎖状	
配列の種類：他の核酸、合成DNA	
配列	
GGGTACAGGA TTTCTAAGAA GTGG	
配列番号：78	
配列の長さ：25	40
配列の型：核酸	
鎖の数：一本鎖	
トポロジー：直鎖状	
配列の種類：他の核酸、合成DNA	
配列	
GGAGAAAATT TCAGCTCATC TGAAG	
配列番号：79	
配列の長さ：24	
配列の型：核酸	
鎖の数：一本鎖	50

- トポロジ- : 直鎖状
 配列の種類 : 他の核酸、合成DNA
 配列
GCTGAAGTTA AGCATTAATA CGCC
 配列番号 : 80
 配列の長さ : 23
 配列の型 : 核酸
 鎖の数 : 一本鎖
 トポロジ- : 直鎖状
 配列の種類 : 他の核酸、合成DNA 10
 配列
GCGGCTGTAA TGTCCAATGA TGT
 配列番号 : 81
 配列の長さ : 24
 配列の型 : 核酸
 鎖の数 : 一本鎖
 トポロジ- : 直鎖状
 配列の種類 : 他の核酸、合成DNA
 配列
GACAGCAACC TAATAACAGC TGTC 20
 配列番号 : 82
 配列の長さ : 22
 配列の型 : 核酸
 鎖の数 : 一本鎖
 トポロジ- : 直鎖状
 配列の種類 : 他の核酸、合成DNA
 配列
GTCCTAGGCA CTTGTCACTA GG
 配列番号 : 83
 配列の長さ : 22 30
 配列の型 : 核酸
 鎖の数 : 一本鎖
 トポロジ- : 直鎖状
 配列の種類 : 他の核酸、合成DNA
 配列
GAGGGACTT CCAAGAGTCT CT
 配列番号 : 84
 配列の長さ : 25
 配列の型 : 核酸
 鎖の数 : 一本鎖 40
 トポロジ- : 直鎖状
 配列の種類 : 他の核酸、合成DNA
 配列
GTCTTCAGGA AAATTGTAGT TACAG
 配列番号 : 85
 配列の長さ : 24
 配列の型 : 核酸
 鎖の数 : 一本鎖
 トポロジ- : 直鎖状
 配列の種類 : 他の核酸、合成DNA 50

配列

GTTACAAACA CACACGAAGT TCCT

配列番号：86

配列の長さ：22

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸、合成DNA

配列

GACTTCCTAA GGCACACTCA GC

配列番号：87

配列の長さ：24

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸、合成DNA

配列

GTTTAACTAC CTCTCAGGTC ATGA

配列番号：88

配列の長さ：22

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸、合成DNA

配列

GTCGCCAAGG CTGTAGTGCA AT

配列番号：89

配列の長さ：24

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸、合成DNA

配列

GAAATAGGTA TCCCTTGATG TCGA

配列番号：90

配列の長さ：24

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸、合成DNA

配列

GACCAAGAAT TCAGTTCATC AGTT

配列番号：91

配列の長さ：22

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸、合成DNA

配列

GAATGAACCA GAGCCAGGAC AG

10

20

30

40

50

配列番号：92

配列の長さ：22

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸、合成DNA

配列

GCCTTGATG TATGCCTGTG CC

配列番号：93

配列の長さ：21

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸、合成DNA

配列

AAGAGTCCAC CAGGCCATGG A

配列番号：94

配列の長さ：23

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸、合成DNA

配列

TACCTTGTTG ACTTCTAGCT GAG

10

20

フロントページの続き

(51)Int.Cl.		F I	
G 0 1 N 33/577 (2006.01)		G 0 1 N 33/577	B
C 0 7 K 14/47 (2006.01)		C 0 7 K 14/47	
C 1 2 P 21/02 (2006.01)		C 1 2 P 21/02	C

- (72)発明者 桜田 幹子
アメリカ合衆国、カリフォルニア州 9 2 1 2 2、サンディエゴ、フィオレテラス 5 2 2 0 # 2
1 3
- (72)発明者 西村 彩子
東京都世田谷区宮坂 1 1 8 1 1
- (72)発明者 中川 智
東京都町田市中町 3 9 9
- (72)発明者 西 達也
東京都大田区東嶺町 3 9 1 5
- (72)発明者 久我 哲郎
東京都町田市中町 3 9 1 3
- (72)発明者 澤田 滋正
東京都武蔵野市吉祥寺本町 2 1 5 3 2
- (72)発明者 武井 正美
埼玉県狭山市青山 1 2 4 1 4 0

審査官 斎藤 真由美

- (56)参考文献 Database DDBJ/EMBL/GenBank [online], 1 9 9 6 年 4 月 2 日, Accessin No. N89899 , U
R L , <<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/viewer.fcgi?db=nucleotide&val=1443226>>

(58)調査した分野(Int.Cl. , D B 名)

C12N 15/00 - 90
C12N 1/00 - 5/28
C07K 14/00 - 16/46
C12P 21/00 - 08
C12Q 1/00 - 70
G01N 33/00 - 98
PubMed, MEDLINE (STN)
BIOSIS/WPI (DIALOG)
GenBank/DDBJ/EMBL/GeneSeq