

(19) 日本国特許庁(JP)

(12) 特許公報(B2)

(11) 特許番号

特許第5855094号
(P5855094)

(45) 発行日 平成28年2月9日(2016.2.9)

(24) 登録日 平成27年12月18日(2015.12.18)

(51) Int.Cl.	F I
GO 1 N 33/68 (2006.01)	GO 1 N 33/68
GO 1 N 33/53 (2006.01)	GO 1 N 33/53 D
GO 1 N 27/62 (2006.01)	GO 1 N 27/62 V
GO 1 N 30/72 (2006.01)	GO 1 N 27/62 X
	GO 1 N 30/72 C

請求項の数 11 (全 60 頁)

(21) 出願番号	特願2013-513386 (P2013-513386)
(86) (22) 出願日	平成23年6月3日(2011.6.3)
(65) 公表番号	特表2013-527478 (P2013-527478A)
(43) 公表日	平成25年6月27日(2013.6.27)
(86) 国際出願番号	PCT/US2011/039122
(87) 国際公開番号	W02011/153469
(87) 国際公開日	平成23年12月8日(2011.12.8)
審査請求日	平成26年5月12日(2014.5.12)
(31) 優先権主張番号	61/351,183
(32) 優先日	平成22年6月3日(2010.6.3)
(33) 優先権主張国	米国 (US)
(31) 優先権主張番号	61/411,280
(32) 優先日	平成22年11月8日(2010.11.8)
(33) 優先権主張国	米国 (US)

(73) 特許権者	300004500
	アイデックス ラボラトリーズ インコーポレイテッド
	IDEXX Laboratories, Inc.
	アメリカ合衆国 メイン州 ウェストブルック アイデックス ドライブ ワン
	One IDEXX Drive, Westbrook, Maine 04092, United States of America
(74) 代理人	230104019
	弁護士 大野 聖二
(74) 代理人	230111590
	弁護士 金本 恵子

最終頁に続く

(54) 【発明の名称】 腎疾患のためのマーカー

(57) 【特許請求の範囲】

【請求項 1】

腎疾患を診断する方法であって、

(a) 非ヒト患者サンプル中のポリペプチドの少なくとも1つの量を測定し(ここで、該ポリペプチド(単数または複数)はSEQ ID NO:1、SEQ ID NO:2、SEQ ID NO:3、SEQ ID NO:8、SEQ ID NO:9、SEQ ID NO:10、SEQ ID NO:11、SEQ ID NO:12およびSEQ ID NO:13の1つまたはそれ以上を含む)、そして

(b) 非ヒト患者サンプル中の該少なくとも1つのポリペプチドの量をコントロールサンプルと比較する(ここで、患者サンプル中のポリペプチドのレベルとコントロールサンプル中のものとの差異が、腎疾患の指標となる)

ことを含む、上記方法。

【請求項 2】

該ポリペプチドがアポリタンパク質C-I若しくはアポリタンパク質C-IIまたはそれらのフラグメントである、請求項1記載の方法。

【請求項 3】

該ポリペプチドの量の測定を液体クロマトグラフィー/質量分析(LC/MS)で行う、請求項1記載の方法。

【請求項 4】

腎疾患が糸球体性である、請求項1記載の方法。

【請求項 5】

10

20

腎疾患が尿細管性である、請求項 1 記載の方法。

【請求項 6】

該非ヒト患者が哺乳動物である、請求項 1 記載の方法。

【請求項 7】

該非ヒト患者がネコまたはイヌである、請求項 6 記載の方法。

【請求項 8】

該非ヒト患者サンプルが血液、血清、血漿、または尿である、請求項 1 記載の方法。

【請求項 9】

該ポリペプチドがSEQ ID NO:1を含む、請求項 1 記載の方法。

【請求項 10】

ポリペプチドの量の測定をイムノアッセイによって行う、請求項 1 記載の方法。

【請求項 11】

SEQ ID NO:1、SEQ ID NO:2、SEQ ID NO:3、SEQ ID NO:8、SEQ ID NO:9、SEQ ID NO:10、SEQ ID NO:11、SEQ ID NO:12およびSEQ ID NO:13の1つまたはそれ以上からなる、単離されたポリペプチド。

10

【発明の詳細な説明】

【技術分野】

【0001】

関連特許出願の相互参照

本出願は米国特許仮出願第61/351,183号(2010年6月3日出願)および米国特許仮出願第61/411,280号(2010年11月8日)(参照によりその全体が本明細書に組み込まれる)に基づく優先権を主張する。

20

【背景技術】

【0002】

発明の背景

腎疾患は、水分摂取量の増加、頻尿、食欲減退、体重低下、および筋萎縮に関係する。一般に、腎疾患の臨床症状が現れた時には、回復不能な腎障害が起こっている。早期発見により、より早期に治療を行うことができ、それによって疾病の進行が遅延される。現行の治療には、透析、そして低リン・低タンパク質食事療法がある。残念ながら、慢性腎疾患を治癒させる方法はなく、最終的には腎不全が起こる。このため、寿命を延長し、クオリティオブライフを向上するためには、早期発見が極めて重要である。

30

【0003】

哺乳動物において、腎疾患の進行は5つのレベルに分けられる。現行のイヌ腎疾患の検出法には、腎臓の超音波検査、バイオプシー、または尿タンパク/クレアチンレベルの測定がある。バイオプシーは侵襲的であり、クレアチン測定は、腎不全のステージ3(これは、顕著な組織障害が起こった後である)まで正確ではない。イヌ腎疾患を早期段階で検出する方法により疾患の進行が抑制されるため、それらの方法が当該分野で必要とされている。

【発明の概要】

【課題を解決するための手段】

【0004】

発明の概要

本発明は、腎疾患患者を同定するための試薬および方法を提供する。本発明の試薬および方法は、特定の代謝産物、完全長タンパク質およびタンパク質フラグメント、特に患者腎臓サンプル中のイノシンヌクレオシドおよび以下のタンパク質：アポリポタンパク質C-I、アポリポタンパク質C-II、フィブリノーゲン鎖、もしくはフィブリノーゲンA鎖、キニノゲン、ケラチン10(keratin Type I cytoskeleton 10)、シスタチンA、シスタチンB、インターインヒビターH4(ITIH4)、および/またはSEQ ID NO:1-59のうちの1つもしくはそれ以上のレベルの検出に関するものである。完全長タンパク質およびタンバ

40

50

ク質フラグメントの相対レベルが、腎臓/腎性疾患の診断のためのバイオマーカーとなる。本発明の試薬および方法は、更に、腎臓/腎性疾患のバイオマーカーとして、イノシン濃度を測定することに関する。本発明に記載する試薬および方法の特定の態様は、腎疾患に特異的なタンパク質バイオマーカーの検出に適合する。ある態様では、SEQ ID NO:3、7、13、または20に特異的な抗体を用いて、腎疾患患者において生成されるタンパク質およびタンパク質フラグメントに結合させる；本明細書で同定されたそれらのタンパク質の非制限的な例として、アポリポタンパク質C-I、アポリポタンパク質C-II、フィブリノーゲン鎖、またはフィブリノーゲンA鎖がある。更なる態様では、抗体はCysB1、CysA、キニノゲン、インターインヒビターH4 (ITIH4)、またはケラチン10がある。ある特定の態様では、イノシンの示差的レベルを測定する方法により、腎疾患のバイオマーカーが提供される。イノシンレベルは、例えばLC/MSまたはイノシン特異的抗体によって測定してもよい。更なる態様では、本明細書に記載する試薬および方法は、血液、血清、血漿、または尿中のタンパク質レベルの変化を検出することを目的とする。腎疾患で起こる、多数のタンパク質およびタンパク質フラグメントの変化を本明細書に開示するが、それらの非制限的な例として、下記に詳述するアミノ酸配列がある(表1参照)。本発明のある態様では、腎疾患患者サンプル中でレベルの変化を示す、本明細書に開示する1つまたは複数のポリペプチド配列を提供する。更なる態様では、本発明は、SEQ ID NO:1-59からなるポリペプチドの1つまたは複数に特異的な抗体を用いて腎疾患を同定するための診断法を提供する。

10

【0005】

20

本発明のある態様は、SEQ ID NO:1-59からなるポリペプチドの1つまたは複数に特異的に結合する抗体を提供する。好ましい態様では、本発明はSEQ ID NO:3、7、13、または20からなるポリペプチドに特異的に結合する抗体を提供する。上記の配列番号に特異的な抗体は、それぞれの配列番号を含む完全長タンパク質、トランケート型タンパク質、またはタンパク質フラグメントに結合する。本発明は更に、イヌ・アポリポタンパク質C-I、アポリポタンパク質C-II、フィブリノーゲン鎖、またはフィブリノーゲンA鎖に特異的に結合する抗体を提供する。本発明は更に、イヌ・CysB1、CysA、キニノゲン、インターインヒビターH4 (ITIH4)、またはケラチン10に特異的に結合する抗体を提供する。該抗体はモノクローナル抗体、ポリクローナル抗体、抗体の抗原結合フラグメント、または1本鎖抗体であってもよい。

30

【0006】

本発明の別の態様は、被験体における腎疾患を診断する方法を提供する。該方法は、被験体から生体サンプルを採取し；該生体サンプルを、SEQ ID NO:1-59の1つまたは複数に特異的な抗体と、ポリペプチド/抗体複合体の形成が可能な条件下で接触させ；そして、ポリペプチド/抗体複合体のレベルをコントロールサンプル中のレベルと比較して検出することを含む。好ましい態様では、診断用抗体は、SEQ ID NO:3、7、13、または20の1つまたは複数に特異的であり、それらはそれぞれ、アポリポタンパク質C-I、アポリポタンパク質C-II、フィブリノーゲン鎖、またはフィブリノーゲンA鎖に特異的に結合する。本発明は更に、イヌ・シスタチンB、シスタチンA、キニノゲン、インターインヒビターH4 (ITIH4)、またはケラチン10に特異的に結合する抗体を提供する。

40

【0007】

本発明の更に別の態様は、サンプル中の、SEQ ID NO:1-59に特異的なポリペプチドの1つまたは複数と同定することによって腎不全を検出する方法を提供する。該方法は、SEQ ID NO:1-59からなるポリペプチドに特異的に結合する抗体を、ポリペプチド/抗体複合体の形成が可能な条件下でサンプルと接触させ；そして、該ポリペプチド/抗体複合体を検出することを含み、ここで、患者サンプルで形成されたポリペプチド/抗体複合体のレベルとコントロールサンプルで形成されたものの差異が、腎疾患の指標となる。別の態様では、該方法は、SEQ ID NO:3、7、13、または20に特異的に結合する抗体を接触させることを含み、それらの抗体はそれぞれ、アポリポタンパク質C-I、アポリポタンパク質C-II、フィブリノーゲン鎖、またはフィブリノーゲンA鎖に特異的に結合する。更に別の態

50

様では、該抗体は、それぞれの配列番号を含有する完全長タンパク質、トランケート型タンパク質、またはタンパク質フラグメントに特異的に結合する。

【0008】

サンプル中に存在するポリペプチド/抗体複合体のレベルがコントロール（すなわち非罹患）サンプル中のレベルと異なることが検出されれば、これが腎疾患の指標となる。本発明のある態様では、患者サンプル中のポリペプチド/抗体複合体のレベルがコントロール中のレベルより高ければ、疾患を示す。別の態様では（特に、イノシン特異的抗体の場合）、患者におけるポリペプチド/抗体複合体のレベルがコントロールより低ければ、疾患を示す。該抗体は、モノクローナル抗体、ポリクローナル抗体、抗体の抗原結合フラグメント、または1本鎖抗体であってもよい。該抗体は、それぞれの配列番号を含有する完全長タンパク質、トランケート型タンパク質、またはタンパク質フラグメントに特異的に結合してもよい。ある態様では、本発明の方法はメタボロミクス（すなわちLC/MS）を使用し、それによって同定されるバイオマーカーは、現行の検出法より有意に優れている。固形組織サンプルを分析する代わりに、患者の体液または血清サンプル中の細胞生産物またはタンパク質を同定する。このタイプの試験では、患者の苦痛を低減することができ、反復測定が可能となり、より時宜にかなった評価を行うことが可能となる。

10

【0009】

本発明のある態様は、以下を含有する1つまたは複数の精製ポリペプチドを提供する：SEQ ID NO:1-59（該ポリペプチドは約40、30、20、または10個未満の連続する天然型アミノ酸から成る）；SEQ ID NO:1-3（該ポリペプチドは約30個未満の連続する天然型アポリポタンパク質C-Iアミノ酸から成る）；SEQ ID NO:4-7（該ポリペプチドは約40個未満の連続する天然型フィブリノーゲンA-鎖アミノ酸から成る）；SEQ ID NO:8-13（該ポリペプチドは約40個未満の連続する天然型アポリポタンパク質C-IIアミノ酸から成る）；または、SEQ ID NO:14-20（該ポリペプチドは約20個未満の連続する天然型フィブリノーゲン鎖アミノ酸から成る）；SEQ ID NO:21-24（該ポリペプチドは約20個未満の連続する天然型キニノゲン鎖アミノ酸から成る）；SEQ ID NO:25-28（該ポリペプチドは約30個未満の連続する天然型インターインヒビターH4（ITIH4）鎖アミノ酸から成る）；SEQ ID NO:29-31（該ポリペプチドは約20個未満の連続する天然型CysA鎖アミノ酸から成る）；SEQ ID NO:32-38（該ポリペプチドは約20個未満の連続する天然型CysB1鎖アミノ酸から成る）；SEQ ID NO:39-59（該ポリペプチドは約30個未満の連続する天然型ケラチン10鎖アミノ酸から成る）。本発明はまた、本発明の精製ポリペプチドをコードする単離されたポリヌクレオチドも提供する。

20

30

【0010】

このように、本発明は腎疾患を検出、診断、または予後診断を行うための組成物および方法を提供する。

【0011】

本発明の具体的な態様は、以下に、更に詳しく記載する好ましい態様および特許請求の範囲から明らかとなる。

【0012】

本発明のこれらおよび他の目的および特長については、別記の詳細な説明および以下の図面によって、より深く理解されるであろう。

40

【図面の簡単な説明】

【0013】

【図1】図1は、高クレアチニン・イヌおよびコントロール（低クレアチニン）イヌ間の、イノシンレベルのLC/MS測定値を示すグラフである。

【図2】図2は、腎疾患誘導モデルイヌにおける、一定時間にわたるイノシン、NGAL、およびクレアチニンレベルを示すグラフである。測定単位は、イノシンが $\mu\text{g}/\text{デシリットル}$ ；クレアチニンが $\text{mg}/\text{センチリットル}$ ；およびNGALが ng/ml である。

【図3A】図3Aは、腎疾患誘導モデルイヌにおける、一定時間にわたるアポリポタンパク質C1レベルの相対濃度を示すグラフである。

50

【図3B】図3Bは、腎疾患誘導モデルイヌにおける、一定時間にわたるキニノゲンレベルの相対濃度を示すグラフである。

【図3C】図3Cは、腎疾患誘導モデルイヌにおける、一定時間にわたるインター インヒビターH4 (ITI4) レベルの相対濃度を示すグラフである。

【発明を実施するための形態】

【0014】

好ましい態様の説明

本発明について以下に更に具体的に記載するが、本明細書に記載する実施例は単に例証を意図するものであり、多くの改変および変更が当業者には明白である。本明細書および別添の特許請求の範囲における使用では、特に記載しない限り、単数形の記載は複数形も包含する。本明細書で使用する用語は、一般に、本発明の文脈において、また、それぞれの用語が使用される特定の文脈において、当業界での通常の意味を有する。いくつかの用語については、実務者に本発明の説明に関する更なる手引きとなるよう、以下に、より具体的に定義する。

【0015】

他の態様では、本発明は表1に示すポリペプチドを検出する方法を提供し、ここで、開示するポリペプチドの相対レベルによって、腎疾患患者が同定される。これら本発明の方法の適用および実施において、当業界で公知の任意のポリペプチド検出法を用いてもよい。ある態様では、これらの方法は、患者サンプル中の、アポリポタンパク質C-I、アポリポタンパク質C-II、フィブリノーゲン鎖、またはフィブリノーゲンA鎖、CysB1、CysA、キニノゲン、インター インヒビターH4 (ITI4)、またはケラチン10の完全長タンパク質およびポリペプチドフラグメントの発現レベルの同定によって行われ、ここで、コントロールと比較したタンパク質の示差的発現レベルが、腎疾患の指標となる。別の態様では、腎生検 (kidney biopsy) で、免疫組織化学 (IHC) 法を用いて腎疾患を検出する。

【0016】

特定の態様では、本発明は、患者サンプル中のイノシンレベルおよび他のタンパク質 / 代謝産物レベルをコントロールと比較して検出する方法を提供する。相対レベルは、LC/MS (液体クロマトグラフィー / 質量分析法) によって測定してもよい。あるいはまた、イノシンレベルおよび / またはタンパク質レベルは、特異的抗体を用いて測定してもよい。抗イノシン抗体については、Inouye, H.ら, Biochim Biophys Acta 1971, 240:594-603; Bonavida, B.ら, Immunochemistry 1972, 9:443-49; Inouye, H.ら, J Biol Chem 1973, 23:8125-29を参照されたい。イノシンレベルの低下は、腎臓病 / 腎疾患を示す。

【0017】

本明細書における使用では、本明細書に開示する方法によって治療すべき「患者」または「被験体」とは、ヒトまたは非ヒト動物のいずれをも意味するが、特定の態様では、ヒト、ネコ、またはイヌである。

【0018】

本明細書で使用する「患者サンプル」には、限定される訳ではないが、患者由来の血液、血清、血漿、または尿がある。

【0019】

本明細書で使用する「コントロールサンプル」とは、非罹患個体または非罹患集団、より具体的には、腎疾患に罹患していない個体または集団由来のサンプルを意味する。

【0020】

「ポリペプチド」という用語は、1つまたはそれ以上の、1つのタイプのポリペプチド (一組のポリペプチド) を意味する。「ポリペプチド」はまた、2つまたはそれ以上の異なるタイプのポリペプチドの混合物 (すなわち、限定される訳ではないが、完全長タンパク質、トランケート型タンパク質、またはタンパク質フラグメントを含むポリペプチドの混合物) も意味する。「ポリペプチド (複数)」または「ポリペプチド (単数)」という用語は、それぞれ、「1つまたはそれ以上のポリペプチド」も意味する。

【0021】

10

20

30

40

50

本明細書で使用する「完全長」という用語は、インビボで発現されるのと同じ天然型アミノ酸配列を含有するタンパク質またはその変異体をいう。「トランケート型」という用語は、タンパク質のN-またはC-末端からアミノ酸が欠失したタンパク質をいう。「ペプチドフラグメント」という用語は、より大型のタンパク質のうちの一部のアミノ酸配列をいう。特定の態様では、ペプチドフラグメントは10、20、30、40、または50アミノ酸長である。

【0022】

本明細書に開示するように、本発明で同定および提供するポリペプチドは、腎疾患患者において発現が変化する（例えば増加する、または低下する）1つまたは複数のタンパク質を含有する。ある態様では、本明細書に記載するポリペプチドの異常レベルは、腎不全 10
に 関係する；それらには、特に、アポリポタンパク質C-Iポリペプチドフラグメントの増加、アポリポタンパク質C-IIポリペプチドフラグメントの増加、フィブリノーゲンA-鎖ポリペプチドフラグメントの低下、またはフィブリノーゲン鎖ポリペプチドフラグメントの低下（特に、本発明のポリペプチドに特異的な抗体によって検出されるもの）がある。ある態様では、更なるポリペプチドおよびタンパク質の異常レベルが含まれ、それらには、特に、イノシン代謝産物および以下のタンパク質がある：アポリポタンパク質C-I、アポリポタンパク質C-II、フィブリノーゲン鎖、またはフィブリノーゲンA-鎖、キニノゲン、およびインターインヒビターH4（ITI4）。ある態様では、タンパク質は血液、血清、血漿、または尿中で観察される。特定のポリペプチドの相対レベルは、腎不全の 20
進行度および重篤度を示す。

【0023】

いずれの態様でも、タンパク質発現の変化はコントロール（例えば非腎疾患）サンプルと比較したものであり、本発明はコントロールサンプルと比較した示差的発現レベルを示す。本発明は、患者サンプルにおいて腎疾患を同定し、それによって予後診断および診断を行うための、表1のポリペプチドに特異的な抗体およびその使用法を提供する。本明細書に記載するポリペプチドの発現の変化が当業者に公知の方法を用いて容易に検出できることは、本発明の利点である。

【0024】

特定の態様では、本発明は、哺乳動物、特にイヌ、ネコ、およびヒトにおいて腎疾患を同定するための試薬および方法を提供する。ある態様では、本発明は腎疾患患者の診断および予後診断を行うための方法を提供する。本明細書に開示するように、患者サンプルにおける本発明のポリペプチドの同定は、腎臓病の独自の予測因子または病期（例えば第15期）の同定因子となりうる。有益なことに、本発明によれば、第3期以前の腎臓病を診断および同定することが可能であり、これは患者の年齢または体重によって制約されない。このように、本発明の更なる態様は、本発明のポリペプチドを用いて行われた該腎疾患患者の予後診断を用いて、好適な腎臓療法を選択することに関する。

【0025】

本発明の目的では、「免疫学的試薬」という用語は、抗血清および抗体、特にモノクローナル抗体、並びに、それらのフラグメント（F(ab)、F(ab)₂、F(ab)₃、およびFvフラグメントなど）を含むことを意図する。また、免疫学的試薬の定義には、キメラ抗体、ヒト 40
化抗体、および組換えによって生成された抗体、そしてそれらのフラグメントも包含される。本発明の試薬に関連して使用される免疫学的方法には、直接および間接（例えばサンドイッチ）標識法、免疫アフィニティーカラム、免疫磁性ビーズ、蛍光活性化セルソーティング（FACS）、酵素結合免疫吸着アッセイ（ELISA）、ラジオイムノアッセイ（RIA）、並びに、1次抗体を検出するためのペルオキシダーゼ標識2次抗体がある。

【0026】

好ましくは、本発明の免疫学的試薬は検出可能な標識が施与されており、最も好ましくは、それらの標識は、市販の装置（例えば、そして最も好ましくは、蛍光活性化セルソーター）を用いて検出するのに適した励起波長および発光波長を有する蛍光標識である。本発明の実施に有用な蛍光標識の例として、フィコエリトリン（PE）、フルオレセインイソ 50

チオシアネート (FITC)、ローダミン (RH)、テキサスレッド (TX)、Cy3、ヘキスト33258、および4',6-ジアミジノ-2-フェニルインドール (DAPI) がある。それらの標識を免疫学的試薬、例えば抗体 (最も好ましくはモノクローナル抗体) に、標準的な技術によってコンジュゲートさせてもよい (Mainoら, 1995, Cytometry 20: 127-133)。

【0027】

本発明の抗体は、表1に示す本発明のポリペプチド、本発明のポリペプチドの変異体、またはそのフラグメントに特異的に結合する抗体分子である。本発明の抗体は、アポリタンパク質C-I、アポリタンパク質C-II、フィブリノーゲン鎖、またはフィブリノーゲンA鎖のポリペプチドフラグメントに特異的であってもよく、例えば、SEQ ID NO:3、7、13、または20の1つまたは複数に特異的な抗体であってもよい。本発明の抗体は、好ましくは、複数のタンパク質産物を認識する。例えば、SEQ ID NO:3に特異的な抗体は、アポリタンパク質C-Iの複数のペプチドフラグメント (SEQ ID NO:1-2を含む) 並びに完全長タンパク質を認識する。当業者は、抗体が表1のポリペプチドに特異的であるか否かを、本明細書に記載するアッセイを用いて容易に確認することができる。本発明の抗体は、ポリクローナル抗体、モノクローナル抗体、一本鎖抗体 (scFv)、または抗体の抗原結合フラグメントであってもよい。抗体の抗原結合フラグメントは、無傷抗体の抗原結合部位または可変領域を含有する、無傷抗体の一部であっても、該部分は該無傷抗体のFc領域の重鎖定常ドメインを含有しない。抗体の抗原結合フラグメントの例には、Fab、Fab'、Fab'-SH、F(ab')₂、およびFvフラグメントがある。

【0028】

本発明の抗体は、任意の抗体クラスであってもよく、それらには例えばIgG、IgM、IgA、IgD、およびIgEがある。抗体またはそのフラグメントは、本発明のポリペプチドのエピトープに結合する。抗体は、好適な実験動物においてインビボで作製するか、または組換えDNA法を用いてインビトロで作製してもよい。抗体の調製法およびキャラクタリゼーション法は、当該分野で公知である。例えばDean, Methods Mol. Biol. 80:23-37 (1998); Dean, Methods Mol. Biol. 32:361-79 (1994); Baileg, Methods Mol. Biol. 32:381-88 (1994); Gullick, Methods Mol. Biol. 32:389-99 (1994); Drenckhahnら Methods Cell. Biol. 37:7-56 (1993); Morrison, Ann. Rev. Immunol. 10:239-65 (1992); Wrightら Crit. Rev. Immunol. 12:125-68 (1992)参照。例えば、ポリクローナル抗体は、本発明のポリペプチドを動物 (例えばヒトもしくは他の霊長類、マウス、ラット、ウサギ、モルモット、ヤギ、ブタ、イヌ、ウシ、ヒツジ、ロバ、またはウマ) に投与することによって作製してもよい。免疫化した動物由来の血清を回収し、例えば硫酸アンモニウム沈殿後にクロマトグラフィー (例えばアフィニティークロマトグラフィー) を行うことによって、抗体を血漿から精製する。ポリクローナル抗体の作製法および処理法は、当該分野で公知である。

【0029】

「特異的に結合する」または「~に特異的である」とは、第1の抗原 (例えば表1のポリペプチド) が本発明の抗体を、他の非特異的分子に対するより高いアフィニティーで認識および結合することを意味する。また、「特異的に結合する」または「~に特異的である」とは、第1の抗体 (例えばSEQ ID NO:1-59に対して産生させた抗体) がSEQ ID NO:1-59を、他の非特異的分子に対するより高いアフィニティーで認識および結合することを意味する。非特異的分子は、該第1の抗原と共通のエピトープを有さない抗原である。特異的結合は、例えば酵素結合免疫吸着アッセイ (ELISA)、ラジオイムノアッセイ (RIA)、またはウエスタンブロットアッセイを用い、当該分野で公知の方法論によって試験できる。

【0030】

本明細書で使用する「結合を巡って競合する」という用語は、特定のポリペプチド配列または抗原に結合アフィニティーを有し、それが存在する場合に、他の非特異的分子より該ペプチド配列/抗原に優先的かつ特異的に結合するような抗体を示す。この場合も、非特異的分子は、該第1の抗原と共通のエピトープを有さない抗原である。

【0031】

本発明の抗体には、以下のような抗体およびその抗原結合フラグメントが包含される：
 (a) SEQ ID NO:1-59もしくはその抗原結合フラグメントへの結合を巡って参照抗体と競合する；
 (b) 参照抗体と同じSEQ ID NO:1-59もしくはその抗原結合フラグメントのエピトープに結合する；
 (c) 参照抗体と実質的に同じKdでSEQ ID NO:1-59もしくはその抗原結合フラグメントに結合する；
 および/または、
 (d) 参照抗体と実質的に同じオフレートでSEQ ID NO:1-59もしくはその抗原結合フラグメントに結合する（ここで、該参照抗体はSEQ ID NO:1-59のポリペプチドまたはその抗原結合フラグメントに $K_a = 10^7$ l/molまたはそれ以上の結合アフィニティーで特異的に結合する抗体またはその抗原結合フラグメントである）。

10

【0032】

分子Xの、そのパートナーYに対するアフィニティーは、解離定数(Kd)で表すことができる。平衡解離定数(Kd)は、 k_{off}/k_{on} の比で計算される。Chen, Y.ら, 1999, J. Mol. Biol. 293: 865-881参照。親和定数を測定するための種々の方法が当該分野で知られており、そのいずれを本発明の目的に使用してもよい。特定の態様では、参照抗体は、SEQ ID NO:1-59のポリペプチドに対して特定の K_{on} 速度/会合速度または K_{off} 速度の結合アフィニティーを有する抗体またはその抗原結合フラグメントである。ある態様では、本発明の抗体は、 $K_{on} = 6 \times 10^5 \text{ M}^{-1}\text{s}^{-1}$ 以上で特異的に結合する； K_{off} 速度 $= 5 \times 10^{-6} \text{ s}^{-1}$ 以上で特異的に結合する；または500pM、400pM、300pM、200pM、100pM、50pM、40pM、30pM、20pMもしくはそれ以上の結合アフィニティーで特異的に結合する。

20

【0033】

更に、本発明のポリペプチド上に存在するエピトープを標的とするモノクローナル抗体も、容易に作製することができる。例えば、本発明のポリペプチドで免疫化した哺乳動物（例えばマウス）由来の正常B細胞を、例えばHAT感受性マウス骨髄腫細胞と融合させて、ハイブリドーマを作製してもよい。ポリペプチド特異的抗体を産生するハイブリドーマを、RIAまたはELISAを用いて同定し、半流動寒天でのクローニングまたは限界希釈によって単離してもよい。特定の抗体を産生するクローンを、更なるスクリーニングによって単離する。モノクローナル抗体の特異性に関するスクリーニングを、標準的な方法を用いて、例えば本発明のポリペプチドをマイクロタイタープレートに結合させ、ELISAアッセイによってモノクローナル抗体の結合を測定することによって行ってもよい。モノクローナル抗体の作製法および処理法は、当該分野で公知である。例えばKohlerおよびMilstein, Nature, 256:495 (1975)参照。特定のアイソタイプのモノクローナル抗体を、最初の融合体から選択して直接調製してもよく、あるいは、異なるアイソタイプのモノクローナル抗体を分泌する親ハイブリドーマから同胞選択(sib selection)法を用いてクラス・スイッチ変異体を単離することによって二次的に調製してもよい。Steplewskiら, P.N.A.S. U.S.A. 82:8653 1985; Spriaら, J. Immunolog. Meth. 74:307, 1984参照。本発明のモノクローナル抗体は、組換えモノクローナル抗体であってもよい。例えば米国特許第4,474,893号；米国特許第4,816,567号参照。本発明の抗体は、化学的に構築してもよい。例えば米国特許第4,676,980号参照。

30

【0034】

本発明の抗体はキメラ抗体（例えば米国特許第5,482,856号参照）、ヒト化抗体（例えばJonesら, Nature 321:522 (1986)；Reichmannら, Nature 332:323 (1988)；Presta, Curr. Op. Struct. Biol. 2:593 (1992)参照）、イヌ化抗体、イヌ抗体、またはヒト抗体であってもよい。ヒト抗体は、例えば直接的不死化、ファージディスプレイ、トランスジェニックマウス、またはトリメラ(Trimer)法によって作製してもよい（例えばReisenerら, Trends Biotechnol. 16:242-246 (1998)参照）。

40

【0035】

SEQ ID NO:1-59に特異的に結合する抗体は、動物由来のサンプル（例えば血清、血液、血漿、細胞、組織、または尿サンプル）中の、腎疾患に特異的なポリペプチドフラグメントの存在の検出に特に有用である。イムノアッセイは1つの抗体または複数の抗体を使用

50

してもよい。イムノアッセイは、例えば1つのエピトープに特異的なモノクローナル抗体（単数）、1つのポリペプチドのエピトープ（複数）に特異的なモノクローナル抗体（複数）の組み合わせ、異なるポリペプチド（複数）のエピトープ（複数）に特異的なモノクローナル抗体（複数）、同じ抗原（単数）に特異的なポリクローナル抗体（複数）、異なる抗原（複数）に特異的なポリクローナル抗体（複数）、または、モノクローナル抗体およびポリクローナル抗体の組み合わせを使用してもよい。免疫アッセイプロトコルは、例えば競合、直接反応、またはサンドイッチ型アッセイ（例えば標識された抗体を使用する）に基づくものであってもよい。本発明の抗体は、当該分野で公知の任意のタイプの標識（例えば蛍光、化学発光、放射能、酵素、コロイド金属、放射性同位体、および生物発光体）で標識してもよい。

10

【0036】

本発明の抗体またはその抗原結合フラグメントを支持体に結合させ、これを用いて腎疾患で示差的に生成されるタンパク質の存在を検出してもよい。支持体には、例えばガラス、ポリスチレン、ポリプロピレン、ポリエチレン、デキストラン、ナイロン、アミラーゼ、天然および変性セルロース、ポリアクリルアミド、アガロース、およびマグネタイト（magletite）がある。

【0037】

更に、本発明の抗体を使用して、免疫アフィニティーカラムによってポリペプチドを単離してもよい。抗体を（例えば吸着または共有結合によって）、その免疫学的選択活性を保持するようにして、固相支持体に固定化してもよい。必要により、抗体の抗原結合部位をアクセス可能な状態に保持するようにして、スパーサー基を含有させてもよい。その後、固定化した抗体を用いて、生体サンプル（限定されるわけではないが、唾液、血清、血液、および尿など）由来の表1のポリペプチドに結合させてもよい。

20

【0038】

また、本発明の抗体を免疫局在性の研究に使用し、種々の細胞事象または生理学的条件における本発明のポリペプチドの存在および分布を分析してもよい。更に、抗体を使用して、受動免疫に関与する分子の同定、および非タンパク質抗原の生合成に関与する分子の同定を行ってもよい。それらの分子の同定は、ワクチン開発に有用でありうる。本発明の抗体（例えばモノクローナル抗体および1本鎖抗体）を使用して、腎疾患の寛解の経過をモニタリングしてもよい。動物由来試験サンプル中の、表1に示すポリペプチドに特異的な抗体の増加または減少を測定することによって、疾患の寛解を目的とする特定の治療計画が有効であるか否かを判定してもよい。例えば、直接結合アッセイ、例えばRIA、ELISA、またはウェスタンブロット・アッセイを用いて、抗体の検出および/または定量を行ってもよい。

30

【0039】

本発明の方法を用いて、表1のポリペプチドフラグメントまたは表1のアミノ酸配列を含有する完全長タンパク質を検出してもよく、ここで、抗体または抗体の抗原結合フラグメントはSEQ ID NO:159に特異的である。生体サンプルには、例えば哺乳動物（イヌ、ネコ、またはヒトなど）由来の血清、血液、細胞、血漿、唾液、または尿がある。試験サンプルは、未処理であるか、または沈殿、分画、分離、希釈、濃縮、もしくは精製を行ってもよい。

40

【0040】

ある態様では、本発明の方法は、試験サンプルを、ポリペプチド/抗体複合体（すなわち免疫複合体）の形成が可能な条件下で、SEQ ID NO:159に特異的な抗体の1つまたは複数と接触させることを含む。すなわち、本発明の抗体は、サンプル中に存在するSEQ ID NO:159のポリペプチドの1つまたは複数と特異的に結合する。当業者は、抗体/ポリペプチド複合体結合の検出に使用されるアッセイおよび条件に詳しい。サンプル中のポリペプチドおよび抗体間の複合体形成を検出する。抗体/ポリペプチド複合体が形成されれば、患者サンプル中にポリペプチドが存在することを示す。

【0041】

50

例えば腎疾患に罹患している疑いのあるヒト、ネコ、またはイヌから試験サンプルを採取することによって、腎疾患を診断する方法に、本発明の抗体を使用することができる。試験サンプルを、抗体抗原複合体（すなわち免疫複合体）の形成が可能な条件下で、本発明の抗体と接触させる。抗原/抗体複合体の形成を可能とし、これに好適な条件は、当業者に公知である。抗体-抗原複合体の量を、当該分野で公知の方法によって測定してもよい。

【0042】

本発明の方法は、コントロールと比較した、患者サンプル中の表1のポリペプチドの示差的発現を確認することにより、患者における腎疾患を診断することを含む。これらの方法は、病期（例えば第15期）の診断または同定を含む。本発明は更に、患者サンプル中の本発明の特定のポリペプチドのレベルを測定することによる、患者の健康状態の予後診断、疾病進行のモニタリング、および/または、治療効果の評価/モニタリングのための方法を含む。ある観点では、本発明の方法は、疾病の進行または治療効果を評価するために、複数の時点で実施してもよい。特定の態様では、特定の療法が疾病の進行を低下または改善すべき場合に、診断時および治療後の特定の時点（複数）で該方法を実施してもよい。

10

【0043】

別の態様では、本発明の方法を使用して、腎疾患の進行を改善するための組成物または治療計画（組成物または食事）の有効性を評価する。同様に、本発明の方法を使用して、患者における表1のポリペプチドのレベルに対する組成物または治療計画の活性（activity）の評価を行ってもよい。

20

【0044】

患者サンプルおよびコントロールサンプル中に存在する抗体複合体レベルの差異が、腎疾患の指標となる。本発明のある態様では、抗体は表1のポリペプチドの1つまたは複数に特異的である。本発明の抗体を試験サンプルと接触させてもよい。試験サンプル中に存在する、該ポリペプチドに特異的な抗体は、好適な条件下で、抗原-抗体複合体を形成する。抗体-抗原複合体の量は、当該分野で公知の方法によって測定できる。

【0045】

本発明のある態様では、被験体において腎疾患を検出することができる。生体サンプルを被験体から採取する。SEQ ID NO:1-59を含有するポリペプチドまたは他の本発明のポリペプチドに特異的な抗体の1つまたはそれ以上を、ポリペプチド/抗体複合体の形成が可能な条件下で生体サンプルと接触させる。ポリペプチド/抗体複合体を検出する。コントロールと比較してポリペプチド/抗体複合体のレベルの差異が検出されれば、該哺乳動物が腎疾患に罹患していることを示す。

30

【0046】

本発明のある態様では、抗体に結合した指示薬（例えば酵素コンジュゲート）が検出可能な反応を触媒すると、ポリペプチド/抗体複合体が検出される。必要により、シグナル生成化合物を含有する指示薬を、ポリペプチド/抗体/指示薬複合体の形成が可能な条件下でポリペプチド/抗体複合体に適用してもよい。ポリペプチド/抗体/指示薬を検出する。必要により、ポリペプチド/抗体複合体形成の前に、ポリペプチドまたは抗体を指示薬で標識してもよい。方法は、必要により、陽性コントロールまたは陰性コントロールを含んでもよい。

40

【0047】

本発明のある態様では、1つまたはそれ以上の本発明の抗体を、固相または基材に結合させる。本発明のポリペプチドを含むタンパク質を含有する可能性のある試験サンプルを基材に添加する。本発明のポリペプチドに特異的に結合する1つまたはそれ以上の抗体を添加する。抗体は固相上に使用する抗体と同じであるか、または異なる供与源または異なる種由来であってもよく、指示薬（例えば酵素コンジュゲート）に結合させてもよい。各添加の前に洗浄工程を行ってもよい。発色団（chromophore）または酵素基質を添加し、呈色させる。呈色反応を停止させ、例えば分光光度計を用いて、色を定量する。

50

【 0 0 4 8 】

本発明の別の態様では、1つまたはそれ以上の本発明の抗体を固相または基材に結合させる。本発明のポリペプチドを含むタンパク質を含有する可能性のある試験サンプルを基材に添加する。本発明のポリペプチドに特異的に結合する第2の抗種抗体 (anti-species antibodies) を添加する。これら第2の抗体は、固相抗体と異なる種由来である。第2の抗体と特異的に結合し、固相固体とは特異的に結合しない第3の抗種抗体 (anti-species antibodies) を添加する。第3の抗体は指示薬(例えば酵素コンジュゲート)を含有してもよい。各添加の前に洗浄工程を行ってもよい。発色団または酵素基質を添加し、呈色させる。呈色反応を停止させ、例えば分光光度計を用いて、色を定量する。

【 0 0 4 9 】

ある態様では、1つまたはそれ以上の捕捉抗体が、本発明のポリペプチドの1つまたはそれ以上のエピトープに特異的に結合してもよい。捕捉抗体(単数または複数)を使用して、SEQ ID NO:1-59のポリペプチドの1つまたは複数を、例えば固相に、固定化してもよい。1つまたはそれ以上の検出抗体が、本発明のポリペプチドの、同じ1つもしくはそれ以上のエピトープ、または異なる1つもしくはそれ以上のエピトープに特異的に結合してもよい。検出抗体を使用して、本発明のポリペプチドの固相への固定化を検出または可視化してもよい。この態様は、1つの抗体だけを使用して捕捉および検出の両方を行うアッセイに比較して、より特異的、かつ、より高感度であるため、有利である。

【 0 0 5 0 】

本発明のアッセイには、それらに限定されるわけではないが、競合、直接反応、またはサンドイッチ型アッセイに基づくものがあり、それらに限定されるわけではないが酵素結合免疫吸着アッセイ(ELISA)、ウェスタンブロット、IFA、ラジオイムノアッセイ(RIA)、血球凝集(HA)、蛍光偏光イムノアッセイ(FPIA)、およびマイクロタイタープレート・アッセイ(マイクロタイタープレートの1つまたはそれ以上のウェル中で行うアッセイ)がある。本発明のあるアッセイは、リバーシブルフロクロマトグラフィー結合アッセイ、例えばSNAP(登録商標)アッセイを含む。例えば米国特許第5,726,010号参照。

【 0 0 5 1 】

アッセイは、固相もしくは基材を使用するか、または、免疫沈降もしくは固相を使用しない他の任意の方法で実施してもよい。固相または基材を使用する場合、1つまたはそれ以上の本発明のポリペプチドを、以下のような固相支持体または基材に直接または間接的に結合させる：マイクロタイター・ウェル、磁気ビーズ、非磁気ビーズ、カラム、マトリクス、膜、合成もしくは天然ファイバー(例えばガラスもしくはセルロースを主成分とする物質、または、例えばポリエチレン、ポリプロピレン、もしくはポリエステルなどの熱可塑性ポリマー)から成る繊維性のマット、粒子物質(例えばガラスまたは種々の熱可塑性ポリマー)から成る焼結構造、または、ニトロセルロース、ナイロン、ポリスルホンなど(性質上、一般に合成である)から成るキャスト膜フィルム。本発明のある態様では、基材は焼結した微細ポリエチレン粒子であり、これは、一般に多孔性ポリエチレンとして知られている(例えばChromex社(ニューメキシコ州アルバカーキ)製、10-15ミクロン多孔性ポリエチレン)。これらの基材物質はすべて、好適な形状(例えばフィルム、シート、またはプレート)で使用することができ、あるいは、好適な不活性キャリア(例えば紙、ガラス、プラスチックフィルム、または織物)上にコーティングするか、またはそれに結合もしくはラミネートさせてもよい。抗体を固相上に固定化するための好適な方法には、イオン性相互作用、疎水性相互作用、共有結合性相互作用などがある。

【 0 0 5 2 】

あるアッセイ形式では、1つまたはそれ以上の抗体を固相または基材上にコーティングしてもよい。表1のポリペプチドまたはそのフラグメントを含有する疑いのある試験サンプルを、該ポリペプチドに特異的な抗体または抗体フラグメントにコンジュゲートしたシグナル生成化合物を含む指示薬と共に、固相の抗体が試験サンプルのポリペプチドに結合するか、またはポリペプチドに特異的な抗体にコンジュゲートした指示薬化合物が固相の抗体に結合するかのいずれかによって抗原/抗体複合体が形成されるのに十分な時間およ

10

20

30

40

50

び条件下でインキュベートする。抗ポリペプチド抗体にコンジュゲートした指示薬の固相への結合を、定量的に測定してもよい。コントロールサンプルから生成されるシグナルと比較して、測定可能なシグナル変化があれば、これは本発明のポリペプチド (SEQ ID NO: 1-59) の存在を示す。このタイプのアッセイでは、試験サンプル中のポリペプチドを定量化できる。

【0053】

別のタイプのアッセイ形式では、1つまたはそれ以上の本発明の抗体を支持体または基材上にコーティングする。本発明の抗体を指示薬にコンジュゲートさせ、試験サンプルに添加する。この混合物を支持体または基材に適用する。本発明のポリペプチドが試験サンプル中に存在すれば、それらは指示薬にコンジュゲートした抗体の1つまたはそれ以上、および、支持体上に固定化された抗体の1つまたはそれ以上に結合する。その後、このポリペプチド/抗体/指示薬複合体を検出することができる。このタイプのアッセイでは、試験サンプル中のポリペプチドを定量化できる。

10

【0054】

別のタイプのアッセイ形式では、1つまたはそれ以上の本発明の抗体を支持体または基材上にコーティングする。試験サンプルを支持体または基材に適用し、インキュベートする。洗浄溶液で固相支持体を洗浄することにより、サンプル由来の未結合成分を除去する。表1のポリペプチドが試験サンプル中に存在すれば、それらは固相上にコーティングされた抗体に結合する。このポリペプチド/抗体複合体を、指示薬にコンジュゲートした第2の種特異的抗体 (species-specific antibody) を用いて検出できる。その後、ポリペプチド/抗体/抗種抗体指示薬複合体を検出することができる。このタイプのアッセイでは、試験サンプル中のポリペプチドを定量化できる。

20

【0055】

ポリペプチド/抗体複合体またはポリペプチド/抗体/指示薬複合体の形成は、例えば放射測定、比色測定、蛍光測定、サイズ分離、または沈殿法によって検出できる。必要により、ポリペプチド/抗体複合体を、シグナル生成化合物を含む指示薬に結合した二次抗体を添加することによって検出する。ポリペプチド/抗体複合体に結合したシグナル生成化合物 (標識) を含む指示薬は上記の方法で検出できるが、それらには発色剤、触媒 (例えば酵素コンジュゲート)、蛍光化合物 (例えばフルオレセインおよびローダミン)、化学発光化合物 (例えばジオキセタン、アクリジニウム、フェナントリジニウム、ルテニウム、およびルミノール)、放射性元素、直接目視できる標識、並びにコファクター、阻害剤、磁気粒子などがある。酵素コンジュゲートの例としてアルカリホスファターゼ、ホースラディッシュペルオキシダーゼ、ガラクトシダーゼなどがある。特定の標識を選択することが重要な訳ではないが、それ自体によって、または1つもしくはそれ以上の更なる物質とコンジュゲートすることによって、シグナルを生成することができる。

30

【0056】

コントロールと比較して複合体の形成レベルが異なれば、腎疾患の存在を示す。このように、本発明の方法を使用して、動物における腎疾患を診断できる。

【0057】

本明細書で使用する「量の測定」という用語は、患者サンプル中の1つまたは複数のポリペプチドのレベルを測定または同定することをいう。特定の態様では、完全長タンパク質、トランケート型タンパク質、およびタンパク質フラグメントを含む、複数の長さのポリペプチド中の特定のエピトープが同定される。これは、当該分野で公知の、抗体の使用を伴うポリペプチド検出のための方法論によって行うことができ、それらには、例えば酵素結合免疫吸着アッセイ (ELISA)、ラジオイムノアッセイ (RIA)、ウェスタンブロットアッセイ、または免疫組織化学がある。あるいはまた、本発明のポリペプチド、SEQ ID NO: 1-59は、質量分析法、または当業者に公知の同様の方法によって測定してもよい。患者サンプル中に存在するポリペプチドの量の測定は、例えばインビトロの分析および実験操作によって行うことができる。存在するポリペプチドの量は、単なる検査で評価することはできない。

40

50

【0058】

別の態様では、患者サンプル中に存在する1つまたは複数の表1のポリペプチド転写産物のレベルの上昇または低下を、本発明のポリペプチドに選択的にハイブリダイズする核酸プローブがハイブリダイズする過程によって検出する。検出手段として使用する核酸プローブと、本発明のポリペプチド転写産物を、高ストリンジェンシー条件下でハイブリダイズさせ、ここで、核酸複合体の形成および検出レベルは、サンプル中の転写産物のレベルを示す。ポリペプチドのレベルの上昇または低下は、腎疾患を示す。ポリペプチド転写産物に特異的な核酸プローブの作製法は、当該分野で公知である。

【0059】

本発明の方法により、試験サンプル中の、表1のポリペプチドまたは表1のポリペプチド配列を含む完全長タンパク質の総量または数量を明らかにすることもできる。ある態様では、特定のポリペプチドの総量または数量は、病期（例えば第15期）、疾病の進行、および/または予後診断の指標となる。多くの指示薬（例えば酵素コンジュゲート）で、存在するポリペプチドの総量は生成されるシグナルと正比例する。試験サンプルのタイプに基づき、好適なバッファー試薬で希釈するか、濃縮するか、または処理を行わずに固相と接触させることができる。例えば、ポリペプチドの存在および/または量を測定するため、予め希釈した血清もしくは血漿、または高濃度の標本（例えば尿）を試験するのが通常好ましい。

【0060】

本発明のポリペプチドおよびアッセイを、腎疾患の存在を検出するための他のポリペプチドまたはアッセイと組み合わせてもよい。例えば、本発明のポリペプチドおよびアッセイを、クレアチニンまたは一般のタンパク質レベルを測定するための試薬（reagents that creatinine or general protein levels）と組み合わせてもよい。

【0061】

本発明はまた、本明細書に開示する方法を実施するためのキットを提供する。ある態様では、本発明のキットは、表1のポリペプチドの1つまたは複数に特異的な1つまたは複数の抗体を含み、特定の態様では、該抗体はモノクローナル抗体、ポリクローナル抗体、抗体の抗原結合フラグメント、または1本鎖抗体である。必要により、本発明のキットの特定の態様では、使用説明書、並びに、特に当業者によって理解されるサンドイッチアッセイに有用な2次抗体を含んでもよい。該キットの識別可能に標識した抗体コンポーネント、並びに、該抗体を標識するための試薬および方法も、本発明のキットの、便宜に提供されるコンポーネントである。

【0062】

更なる態様では、本発明のキットは、示差的タンパク質発現をする表1のポリペプチドの1つまたは複数に特異的に結合する1つまたは複数の抗体を含む。ある態様では、該抗体は固相（非限定的な例として、チップ、マイクロアレイ、ビーズなどがある）上で提供される。必要により、本発明のキットの特定の態様では、使用説明書、並びに、特に当業者によって理解されるサンドイッチアッセイに有用な2次抗体を含んでもよい。該キットの識別可能に標識した抗体コンポーネント、並びに、該抗体を標識するための試薬および方法も、本発明のキットの、便宜に提供されるコンポーネントである。

【0063】

本発明のキット（例えば製品）は、患者サンプル中の表1のポリペプチドまたはそのタンパク質フラグメントを検出するためのものである。キットは、1つまたはそれ以上の本発明の抗体、および、サンプル中に存在する表1のアミノ酸配列を含有する完全長タンパク質またはタンパク質フラグメントへの該抗体の結合を測定する方法を含んでもよい。また、キットまたは製品は、1つまたはそれ以上の本発明の抗体または抗体フラグメント、および、サンプル中のポリペプチドへの該抗体または抗体フラグメントの結合を測定する方法を含んでもよい。キットは、1つまたはそれ以上の本発明のポリペプチドまたは抗体を含有する装置、および、（例えば哺乳動物における腎疾患の同定のための）該1つまたはそれ以上のポリペプチドまたは抗体の使用説明書を含んでもよい。また、キットは、キ

10

20

30

40

50

ットの該1つまたはそれ以上のポリペプチドまたは抗体を腎不全の同定に使用することができることを示したラベルを含む包装材料を含んでもよい。当業者に公知の他のコンポーネント（例えばバッファー、コントロールなど）がそれらの試験キットに含まれてもよい。本発明のポリペプチド、抗体、アッセイ、およびキットは、例えば患者における腎疾患の個々の症例を診断するのに有用である。

【0064】

本発明のキットは、腎疾患、特にイヌ腎疾患の診断、予後診断、または治療のモニタリングに有用である。

【0065】

ある態様は、SEQ ID NO:1-59を含有する精製ポリペプチドを提供し、該ポリペプチドは、約50、40、35、30、25、20、15、10（または約31から約175の間の任意の範囲）未満の連続する天然型アミノ酸から成る。本発明のある態様では、精製ポリペプチドは約10、15、20、25、30、35、40、50、60以上の連続する天然型アミノ酸から成る。

【0066】

ポリペプチドSEQ ID NO:1-59が完全長タンパク質より小さいということは重要であり、これは、ポリペプチドが小さいほど、完全長ポリペプチドのアッセイに比較して特異度および/または感度が高くなりうるためである。これらの、より小さいポリペプチドは、完全長ポリペプチドに比較して、製造がより安価であり、より高い純度で得られうる。更に、サンプル中に存在する、より小さいフラグメントおよびより小さいフラグメントのレベルは、疾病状態の指標となる。断片化されたタンパク質の示差的発現は、腎疾患のマーカーである。

【0067】

変異型ポリペプチドは、SEQ ID NO:1-59のポリペプチド配列と少なくとも約80%、もしくは約81、82、83、84、85、86、87、88、89、90、91、92、93、94、95、96、97、98、または99%の同一性を有し、これらもまた、本発明のポリペプチドである。例えば、SEQ ID NO:1-59の変異型ポリペプチドは、SEQ ID NO:1-59と少なくとも約97%、94%、90%、87%、84%、または81%の同一性を有する。変異型ポリペプチドは、1つもしくはそれ以上の保存的アミノ酸変化または他のマイナーな変更を有しつつ、生体活性を保持している、すなわち、生物学的機能性を有する同等物である。生物学的に活性な同等物は、相当する野生型ポリペプチドに比較して、実質的に同等の機能を有する。本発明のある態様では、ポリペプチドは約1、2、3、4、5、10、20、またはそれ未満の保存的アミノ酸置換を有する。

【0068】

配列同一性%は、当業界で認識される意味を有し、2つのポリペプチドまたはポリヌクレオチド配列間の同一性を測定するための多くの方法がある。例えば以下参照：Lesk編，Computational Molecular Biology, Oxford University Press, New York, (1988)；Smith編，Biocomputing: Informatics And Genome Projects, Academic Press, New York, (1993)；GriffinおよびGriffin編，Computer Analysis Of Sequence Data, Part I, Humana Press, New Jersey, (1994)；von Heinje，Sequence Analysis In Molecular Biology, Academic Press, (1987)；および、GribskovおよびDevereux編，Sequence Analysis Primer, M Stockton Press, New York, (1991)。ポリヌクレオチドまたはポリペプチドのアラインメント法はコンピュータプログラムに体系化されており、それらには、GCGプログラム・パッケージ（Devereuxら，Nuc. Acids Res. 12:387 (1984)）、BLASTP、BLASTN、FASTA（Atschulら，J. Molec. Biol. 215:403 (1990)）、およびBestfitプログラム（Wisconsin Sequence Analysis Package, Version 8 for Unix, Genetics Computer Group, University Research Park, 575 Science Drive, Madison, WI 53711）（これはSmithおよびWatermanの局所的相同性アルゴリズム（Adv. App. Math., 2:482-489 (1981)）を使用する）がある。例えば、FASTAアルゴリズムを使用するコンピュータ・プログラムALIGNを、ギャップオープンペナルティ = -12、ギャップ伸長ペナルティ = -2のアフィン・ギャップ検索を用いて使用してもよい。

【0069】

いずれかの配列アラインメント・プログラムを使用して、特定の配列が、例えば参照配列と約95%の同一性を有するか否かを判定する場合、参照ポリヌクレオチドの全長にわたって同一性%が計算され、同一性のギャップが参照ポリヌクレオチドのヌクレオチド総数の5%まで許容されるように、パラメータを設定する。

【0070】

一般に、変異型ポリペプチドの同定は、本発明のポリペプチド配列の1つを改変し、改変されたポリペプチドの特性を評価してそれが生物学的同等物であるか否かを判定することによって行うことができる。変異体が、アッセイ（例えば免疫組織化学アッセイ、酵素結合免疫吸着アッセイ（ELISA）、ラジオイムノアッセイ（RIA）、免疫酵素アッセイ、またはウェスタンブロット・アッセイ）で本発明のポリペプチドと実質的に同様に反応すれば（例えば元のポリペプチドの90-110%の活性を有すれば）、その変異体は生物学的同等物である。ある態様では、アッセイは競合アッセイであり、生物学的に同等のポリペプチドは、相当する反応性抗原または抗体への本発明のポリペプチドの結合を約80、95、99、または100%低下させる能力を有する。相当する野生型ポリペプチドに特異的に結合する抗体は、変異型ポリペプチドにも特異的に結合する。

10

【0071】

保存的置換とは、あるアミノ酸が類似した特性を持つ別のアミノ酸で置換されたもので、ペプチド化学分野の当業者によってそのポリペプチドの二次構造およびヒドロパシーが実質的に変更されないと予想されるものである。一般に、以下のアミノ酸群は保存的変更である：(1) ala、pro、gly、glu、asp、gln、asn、ser、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。

20

【0072】

本発明のポリペプチドは、翻訳と同時に、または翻訳後にタンパク質の輸送を指示するシグナル（またはリーダー）配列を更に含有してもよい。ポリペプチドはまた、ポリペプチドの合成、精製、もしくは同定を容易にする（例えばポリHis）、または固相支持体へのポリペプチドの結合を促進するための、リンカーまたは他の配列を含有してもよい。例えばポリペプチドを免疫グロブリンのFc領域またはウシ血清アルブミンにコンジュゲートさせてもよい。

30

【0073】

ポリペプチドは、天然では通常結合していないアミノ酸配列、すなわち異種アミノ酸配列に共有結合または非共有結合していてもよい。異種アミノ酸配列は、異なる生物由来の配列、合成配列、または、通常本発明のポリペプチドのカルボキシもしくはアミノ末端に位置しない配列であってもよい。更に、ポリペプチドはアミノ酸以外の化合物または分子（例えば指示薬）に共有結合または非共有結合していてもよい。ポリペプチドはアミノ酸スペーサー、アミノ酸リンカー、シグナル配列、輸送停止配列、膜貫通ドメイン、タンパク質精製リガンド、またはそれらを組み合わせたものに共有結合または非共有結合していてもよい。また、ポリペプチドは免疫応答を亢進する部分（すなわち官能基（ポリペプチドまたは他の化合物であってもよい））（例えばIL-2のようなサイトカイン）、精製を容易にする部分（例えば6-ヒスチジン・タグ、trpE、グルタチオン、マルトース結合タンパク質のようなアフィニティー・タグ）、またはポリペプチドの安定性を向上する部分（例えばポリエチレングリコール；アミノ末端保護基（例えばアセチル、プロピル、スクシニル、ベンジル、ベンジロキシカルボニル、またはt-ブチロキシカルボニル）；カルボキシル末端保護基（例えばアミド、メチルアミド、およびエチルアミド））に結合していてもよい。本発明のある態様では、タンパク質精製リガンドは、（例えば本発明のポリペプチドのアミノ末端もしくはカルボキシ末端、またはその両方に位置する）1つまたはそれ以上のCアミノ酸残基であってもよい。アミノ酸スペーサーは、天然では本発明のポリペプチドと結合していないアミノ酸配列である。アミノ酸スペーサーは約1、5、10、20、100、または1,000個のアミノ酸を含有してもよい。

40

【0074】

50

必要により、本発明のポリペプチドは融合タンパク質の一部であってもよく、この融合タンパク質は他のアミノ酸配列（例えばアミノ酸リンカー、アミノ酸スペーサー、シグナル配列、TMR輸送停止配列、膜貫通ドメイン）、およびタンパク質の精製に有用なリガンド（例えばグルタチオン-S-トランスフェラーゼ、ヒスチジン・タグ、およびブドウ球菌プロテインA）を更に含有してもよい。1つより多い本発明のポリペプチドが、本発明の融合タンパク質中に存在してもよい。本発明のポリペプチドは、異なる生物のタンパク質に機能的に結合するか、または融合タンパク質を形成してもよい。本発明の融合タンパク質は1つまたはそれ以上の本発明のポリペプチド、そのフラグメント、またはそれらの組み合わせを含有してもよい。融合タンパク質は天然に存在しない。「機能的に結合した」という用語は、本発明のポリペプチドと他のポリペプチドが、本発明のポリペプチドのN末端またはC末端のいずれかにインフレームで融合していることを意味する。

10

【0075】

本発明のポリペプチドは多量体であってもよい。すなわちポリペプチドは、本発明のポリペプチドのコピーを1つもしくはそれ以上含有するか、またはそれらの組み合わせを含有してもよい。多量体ポリペプチドは多抗原ペプチド（MAP）であってもよい。例えばTam, J. Immunol. Methods, 196:17-32 (1996)を参照されたい。

【0076】

本発明のポリペプチドは、SEQ ID NO:1-59のポリペプチドに特異的な抗体に認識される抗原を含有してもよい。抗原は1つまたはそれ以上のエピトープ（すなわち抗原決定基）を含有してもよい。エピトープは直鎖状エピトープ、連続エピトープ（sequential epitope）、またはコンフォメーションエピトープであってもよい。本発明のポリペプチド中のエピトープはいくつかの方法によって同定できる。例えば米国特許第4,554,101号；JamessonおよびWolf, CABIOS 4:181-186 (1988)を参照されたい。例えば、本発明のポリペプチドを単離およびスクリーニングしてもよい。合わせるとポリペプチド配列全体を網羅するような一連の短鎖ペプチドを、タンパク質切断によって調製してもよい。例えば30アミノ酸長のポリペプチド・フラグメント（またはより小さいフラグメント）から開始して、各フラグメントについてELISAによって認識されるエピトープの存在を試験してもよい。例えばELISAアッセイにおいて、本発明のポリペプチド（例えば30アミノ酸長ポリペプチド・フラグメント）を固相支持体（例えばプラスチック製マルチウェル・プレートのウェル）に結合させる。一群の抗体を標識して固相支持体に付加し、非特異的吸着が阻害されるような条件下で未標識の抗原に結合させ、未結合の抗体および他のタンパク質を洗浄除去する。抗体の結合を、例えば無色の基質を有色の反応生成物に変化させる反応によって、検出する。その後、同定された30アミノ酸長から徐々により小さな、オーバーラップしているフラグメントを試験し、目的のエピトープをマッピングしてもよい。

20

30

【0077】

本発明のポリペプチドは組換えによって作製してもよい。当該分野で公知の技術を使用して本発明のポリペプチドをコードするポリヌクレオチドを組換え発現ベクターに導入し、それを好適な発現宿主細胞系で発現させてもよい。種々の細菌、酵母、植物、哺乳動物、および昆虫発現系が当該分野で利用可能であるが、それらの発現系のいずれを使用してもよい。必要により、ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドを無細胞翻訳系で翻訳してもよい。ポリペプチドは化学的に合成するか、または患者のサンプルもしくは細胞から得てもよい。

40

【0078】

本発明の免疫原性ポリペプチドはSEQ ID NO:1-59に示すアミノ酸配列またはそのフラグメントを含有してもよい。免疫原性ポリペプチドは、SEQ ID NO:1-59を有するポリペプチドのエピトープを認識する抗体または他の免疫応答（例えば免疫系のT細胞応答）を惹起することができる。本発明の免疫原性ポリペプチドは、SEQ ID NO:1-6に示すアミノ酸配列を有するポリペプチドのフラグメントであってもよい。本発明の免疫原性ポリペプチド・フラグメントは約10、15、20、25、30、40、50、またはそれ以上のアミノ酸長であってもよい。本発明の免疫原性ポリペプチド・フラグメントは約50、40、30、20、15、10、ま

50

たはそれ未満のアミノ酸長であってもよい。

【0079】

本発明について本明細書に適宜、例証的に記載するが、これを任意の要素（単数または複数）、制限（単数または複数）（それらについては本明細書に具体的に開示していない）を欠いた状態で実施してもよい。従って、例えば本明細書に記載するそれぞれの例で、「を含む」、「本質的に...から成る」、および「から成る」という用語は、それぞれ他の2つの用語のいずれかと置換してもよく、それでもなお、その慣例的な意味を保持する。使用した用語および表現は制限ではなく説明のための用語として使用するものであって、それらの用語および表現の使用において、表示および記載する特長の同等物またはその一部のいずれをも除外する意図はなく、認識されるように、種々の改変が本発明の特許請求の範囲内で可能である。従って、本発明について態様、必要に応じた特長によって具体的に開示したが、当業者は本明細書に開示するコンセプトの改変および変更を実施してもよく、それらの改変および変更は記述および添付の特許請求の範囲に定義される本発明の範囲内であると見なされることは理解されるべきである。

10

【0080】

上記の特長を含む本発明の方法の態様は、本発明の範囲内に包含されることを意図する。

【実施例】

【0081】

実施例

以下の実施例は、本発明の具体的な態様、および、その種々の使用法について例証する。それらは単に説明を目的とするものであって、本発明を制限するものと解釈すべきではない。

20

【0082】

実施例1 血液サンプルの同定および精製

患者血液サンプルをイヌ（複数）から回収した。これらのイヌは単一の家族のメンバーであり、1997年からテキサスA&M大学で飼育されていたものである。より具体的には、この家族は、X連鎖性遺伝性ニューロパチー（XLHN）を有するヘテロ接合（キャリア）のメスのコロニーである。XLHNは、COL4A5遺伝子中の変異によって起こり、メス・イヌでは、IV型コラーゲンペプチドのモザイク状発現が起こり、3から6ヶ月齢で、糸球体性タンパク尿が発症する。Nabityら, J Vet Intern Med 2007; 21:425-430。コントロール対被験（疾患）を選択し、コントロールは健全なイヌ、被験群または疾患群はクレアチニンレベルの上昇を示しているイヌとした。

30

【0083】

実験解析のための患者サンプルの調製には、以下の手順を用いた。0.5mLのProtein LoBindエッペンドルフチューブを使用し、110 μ Lの血清を、200 μ LのN,N-ジメチルアセトアミドの添加によって沈殿させ、その後、ボルテックスで10秒間攪拌し、サンプルを室温で30分間インキュベートした。得られた沈殿を、13000rpm、30分間、10 で遠心分離した。上清を、5.0mLの0.1%ギ酸/水を含むハウケイ酸培養管中にデカントし、均質となるまで混合した。

40

【0084】

その後、希釈した抽出物を、以下のようにCaliper Life Science Rapid trace自動固相抽出装置を用いて、更に分画した：1mL（30mg）のWaters OASIS（登録商標）HLB固相抽出カートリッジを0.5mL/秒で、まず1.0mLの0.1%ギ酸/水、次いで1.0mLの0.1%ギ酸/アセトニトリル、そして最後に2.0mLの0.1%ギ酸/水で平衡化（conditioned）した。流速0.015mL/秒でサンプルをロードした後、1.25mLの0.1%ギ酸/水で洗浄した（流速0.015mL/秒）。次いで、1.25mLずつの画分を、5 μ Lの20mg/mL N-ノニル- β -グルコピラノシド水溶液を含有するハウケイ酸ガラス管に回収した。画分を連続的に溶出し、まず0.1%ギ酸/（35%アセトニトリル/水）、次に0.1%ギ酸/（65%アセトニトリル/水）を用いて、流速0.015mL/秒で個別に回収した。それぞれの送液（run）の間に、カニューレお

50

よび溶媒移送ラインを3.0mLの0.1%ギ酸 / アセトニトリル、次いで3.0mLの0.1%ギ酸 / 水を用いて、流速0.5mL / 秒でパージおよび洗浄した。

【 0 0 8 5 】

画分を半分に分け、Savant Speed Vac Concentrator モデルSVC-100Hを用いて室温で乾燥状態となるまでエバポレートした。次いで、乾燥サンプルを2つのバッチに分け、-80 で保存した。分析には、60 μ Lの0.1%ギ酸 / 5%アセトニトリル（画分の35%）または0.1%ギ酸 / 35%アセトニトリル（画分の65%）でサンプルを再構築し、液体クロマトグラフィー / 質量分析（LC/MS）で分析した。

【 0 0 8 6 】

実施例 2 液体クロマトグラフィー / 質量分析による疾患イヌ中のポリペプチドの同定

10

被験サンプルおよびコントロールサンプルを液体クロマトグラフィー / 質量分析（LC/MS）に施与し、示差的に生成されるポリペプチドを質量によって同定した。その後、既存のデータベースのペプチドID検索を行うことによって、同定されたポリペプチドの質量のアノテーションを行い、相当するタンパク質名を判定した。ペプチドアノテーションのためのユニークなデータベースをNCBI、Swissprot、Uniprotから作製した。

【 0 0 8 7 】

得られたデータから、表1に示すポリペプチドを得た。SEQ ID NO:1-59は、腎疾患に罹患したイヌで示差的に生成されたポリペプチドである。従って、これらのポリペプチドは、イヌにおける腎疾患の検出のためのユニークなバイオマーカーとなる。

20

【 0 0 8 8 】

【表 1】

表 1：腎疾患イヌにおいて示差的に生成されるポリペプチド

アクセッション番号	ペプチド番号	アミノ酸数	MW [kDa]	説明	発現レベル
P56595	3	88	9.7	アポリポタンパク質 C-I OS=カニス・ファミリアリス GN=APOC1 PE=2 SV=1 - [APOC1_CANFA]	上昇
	配列	m/z [Da]	MH+ [Da]	RT [分]	
	AGEISSTFERIPDKLKEFGNTLEDKA (SEQ. ID NO: 1)	965.83238	2895.48259	27.98	
	EISSTFERIPDKLKEFGNTLEDKA (SEQ. ID NO: 2)	923.14789	2767.42910	27.41	
	DKLKEFGNTLEDKA (SEQ. ID NO: 3)	536.61725	1607.83719	20.36	
Q28243	4	443	45.9	フィブリノーゲン A-α鎖 (フラグメント) OS=カニス・ファミリアリス PE=4 SV=1 - [Q28243_CANFA]	低下
	配列	m/z [Da]	MH+ [Da]	RT [分]	
	IMGSDSDIFITNIGTPEFPSSGKTSSHKQFVTSSTT (SEQ. ID NO: 4)	945.45618	3778.80288	26.50	

【 0 0 8 9 】

10

20

30

40

【 表 2 】

アクセッション番号	ペプチド番号	アミノ酸数	MW [kDa]	説明	発見レベル
	THIMGSDSDIFTNIGTPEFPSSGKTSSH (SEQ. ID NO: 5)	738.34826	2950.37119	26.38	
	THIMGSDSDIFTNIGTPEFPSSGKTSSH (SEQ. ID NO: 6)	1013.13733	3037.39743	26.25	
	IMGSDSDIFTNIGTPEFPSSGKTSSH (SEQ. ID NO: 7)	933.76956	2799.29412	27.29	
P12278	6 配列	101	11.2	アポリポタンパク質 C-II OS=カニス・ファミリアリス GN=APOC2 PE=2 SV=1 - [APOC2_CANFA]	上昇
	AHESQQDETTSSALLTQMQESLYSYWGTA (SEQ. ID NO: 8)	m/z [Da]	MH+ [Da]	RT [分]	
	AHESQQDETTSSALLTQMQESL (SEQ. ID NO: 9)	1335.61365	4004.82639	35.25	
	AHESQQDETTSSALLTQMQESLYSYWGTA (SEQ. ID NO: 10)	1217.55859	2434.10991	28.22	
	AHESQQDETTSSALLTQMQESLYSYWGTA (SEQ. ID NO: 11)	1088.15869	3262.46152	33.89	
	AHESQQDETTSSALLTQMQESL (SEQ. ID NO: 12)	812.04224	2434.11216	28.24	
	AHESQQDETTSSALLTQMQESLYSYWGTA (SEQ. ID NO: 13)	1631.73376	3262.46025	33.91	
	AHESQQDETTSSALLTQMQESLYSYWGTA (SEQ. ID NO: 13)	808.87756	1616.74785	20.77	

【 表 3 】

アクセッション番号	ペプチド番号	アミノ酸数	MW [kDa]	説明	発現レベル
P68213	7	28	3.0	アイブリノーゲン ン α 鎖 (フラグ メント) OS=カ ニス・フアミリ アリス GN=FGA PE=1 SV=1 - [FIBA_CANFA]	低下
	配列	m/z [Da]	MH+ [Da]	RT [分]	
	NSKEGEFIAEGGV (SEQ. ID NO: 14)	697.33575	1393.66423	21.26	
	SKEGEFIAEGGV (SEQ. ID NO: 15)	640.31421	1279.62114	21.32	
	TNSKEGEFIAEGGV (SEQ. ID NO: 16)	747.85939	1494.71151	21.25	
	KEGEFIAEGGV (SEQ. ID NO: 17)	596.79858	1192.58989	21.20	
	ECEGFIAEGGV (SEQ. ID NO: 18)	1064.49362	1064.49362	22.99	
	GEFIAEGGV (SEQ. ID NO: 19)	935.44861	935.44861	22.73	
	FIAEGGV (SEQ. ID NO: 20)	749.38739	749.38739	20.88	
XP_535836	4	653	73.1	キニノゲン	低下
	配列	電荷	m/z [Da]	MH+ [Da]	RT [分]
	HGGRELDLFDLEHQ (SEQ. ID NO: 21)	3	560.93286	1680.78403	20.94
	DEEWDGKEQPTGHC (SEQ. ID NO: 22)	3	622.59778	1865.77878	15.61
	ELDFDLEHQ (SEQ. ID NO: 23)	2	573.26135	1145.51543	24.10
	DCDYKESTQAATGEC (SEQ. ID NO: 24)	3	540.87445	1620.60880	26.40
XP_848765 & XP_843672	4	958	105.0	インター α 阻害 剤H4 (ITIH4)	示差的発現
	配列	電荷	m/z [Da]	MH+ [Da]	RT [分]

【 0 0 9 1 】

10

20

30

40

【 表 4 】

アクセシ ョン番号	ペプチド番号	アミノ酸数	MW [kDa]	説明	発現レベル
	GSEIVVVGKLRDQSPDVL SAKV (SEQ. ID NO: 25)	3	766.10455	2296.29911	24.87
	PRDWKPLLVPASPENVD (SEQ. ID NO: 26)	3	645.01086	1933.01804	18.72
	ETLFSMMPLGLNMTDKTGLL L (SEQ. ID NO: 27)	2	1172.08431	2343.16135	34.46
	AETVQ (SEQ. ID NO: 28)	1	547.27649	547.27649	20.09
XP_545130	66.23	3	77	8.8	CysA 示差的発現
	配列	電荷	m/z [Da]	MH+ [Da]	RT [分]
	VDNSYIHLKIFKGLP (SEQ. ID NO: 29)	3	601.00467	1800.99945	26.31
	LTLTGYQTKSKDDELIG (SEQ. ID NO: 30)	3	662.33471	1984.98957	18.10
	KPQLEKTNETYQEFEA (SEQ. ID NO: 31)	3	695.32800	2083.96946	19.15
XP_535601	75.32	7	77	9.0	CysB 低下
	配列	電荷	m/z [Da]	MH+ [Da]	RT [分]
	YQTNAKHDELAYF (SEQ. ID NO: 32)	3	576.61572	1727.83261	21.46
	QTNKAKHDELAYF (SEQ. ID NO: 33)	3	522.26111	1564.76877	20.82
	ENKPLALSSYQTNK (SEQ. ID NO: 34)	2	796.91620	1592.82513	27.77
	QVVAGTPY (SEQ. ID NO: 35)	1	834.43532	834.43532	31.89
	EERENKYYTFK (SEQ. ID NO: 36)	2	786.90753	1572.80779	31.24
	YFIKVVQDDDEFVHLR (SEQ. ID NO: 37)	3	675.00958	2023.01419	23.40
	VVAGTPYFIKVVQVDDD (SEQ. ID NO: 38)	3	589.30709	1765.90671	19.41
NP_001013443	43.66	21	568	57.6	ケラ チン 10 示差的発現
	配列	電荷	m/z [Da]	MH+ [Da]	RT [分]

【 0 0 9 2 】

10

20

30

40

【表5】

アクセシ ン番号	ペプチド番号	アミノ酸数	MW [kDa]	説明	発現レベル
	MQLNDRLAS (SEQ. ID NO: 39)	2	581.28491	1161.56255	20.90
	FGGCGVSVFGGSGGSGFGG (SEQ. ID NO: 40)	3	624.60724	1871.80716	19.91
	SFGGCGVSVFGG (SEQ. ID NO: 41)	2	546.24731	1091.48735	25.33
	FSRSGGCGVSVFGGSGGSGG (SEQ. ID NO: 42)	3	656.61829	1967.84031	28.01
	EEQLQ (SEQ. ID NO: 43)	1	646.30862	646.30862	15.60
	QNRKDAEAFNEKSK (SEQ. ID NO: 44)	3	617.64661	1850.92527	19.80
	PRDYSKYQTIEDLKNQI (SEQ. ID NO: 45)	3	758.71680	2274.13584	26.49
	KDAEAFNEKSKEL (SEQ. ID NO: 46)	3	565.61548	1694.83188	19.42
	KYNEVALRQVEA (SEQ. ID NO: 47)	3	545.94529	1635.82131	19.39
	KSKELTTEINSNIQM (SEQ. ID NO: 48)	3	622.31818	1864.93998	19.60
	LQIDN (SEQ. ID NO: 49)	1	602.31784	602.31784	16.07
	SIGGGFSSGG (SEQ. ID NO: 50)	1	825.37653	825.37653	34.30
	FGGGFSGGSGGSGGSGG (SEQ. ID NO: 51)	3	719.64934	2156.93346	23.14
	LENEIQTYRSLEEG (SEQ. ID NO: 52)	3	617.64661	1850.92527	19.80
	GSIGGGFSSG (SEQ. ID NO: 53)	1	825.37653	825.37653	34.30
	EDLKNQILNLTIDN (SEQ. ID NO: 54)	2	815.92169	1630.83611	26.45
	GGGCGGSGGSGGSGGSGG (SEQ. ID NO: 55)	3	537.21368	1609.62650	19.61
	GRYCVQLSQAQISS (SEQ. ID NO: 56)	2	890.94928	1780.89128	20.25
	RVLDELILT (SEQ. ID NO: 57)	1	1059.60266	1059.60266	33.79
	RLASYLDKVRALAESNY (SEQ. ID NO: 58)	2	1014.02356	2027.03984	37.86
	GGGCGGSGGSGGSGGSGG (SEQ. ID NO: 59)	2	768.86627	1536.72527	22.51

10

20

30

40

【0093】

LC/MSの実施法は当該分野で公知であるが、本発明の研究に使用した具体的な液体クロマトグラフィー/質量分析法を以下に示す：

液体クロマトグラフィーのパラメータ

溶媒A：0.1%ギ酸/水；溶媒B：0.1%ギ酸/アセトニトリル；カラム：Acquity UPLC BEH13

50

0 C18 1.7 μ M 内径2.1 x 長さ150mm ; ガードカラム : vanguard BEH 300 C18 1.7 μ M ; 注入量 : 25 μ L ; トレイ温度 : 10 ; カラムオープン温度 : 45 ; MS分析時間 : 60分 ; 流路切替バルブ (divert valve) : 無し

【 0 0 9 4 】

【表 6】

表 2 : 35%の画 分のグラ ジエント No	時間	A%	B%	C%	D%	μ L/分
1	0	100	0	0	0	300
2	5	100	0	0	0	300
3	45	50	50	0	0	300
4	46	100	0	0	0	300
5	60	100	0	0	0	300

10

【 0 0 9 5 】

【表 7】

表 3 : 65%の画分のグラジエント

No	時間	A%	B%	C%	D%	μ L/分
1	0	70	30	0	0	300
2	5	70	30	0	0	300
3	45	25	75	0	0	300
4	46	70	30	0	0	300
5	60	70	30	0	0	300

20

【 0 0 9 6 】

30

【表 9】

Add/subtract mass not enabled FT master scan preview mode enabled Charge state screening enabled Monoisotopic precursor selection enabled Non-peptide monoisotopic recognition not enabled Charge state rejection enabled Unassigned charge states: rejected Charge state 1: not rejected Charge state 2: not rejected Charge state 3: not rejected Charge state 4+: not rejected	10
<u>グローバル・データ依存的設定”</u>	
Use global parent and reject mass lists not enabled for differential expression and enabled for targeted identification Exclude parent mass from data dependent selection not enabled Exclusion mass width relative to mass Exclusion mass width relative to low (ppm): 20.00 Exclusion mass width relative to high (ppm): 20.00 Parent mass width relative to mass Parent mass width low (ppm): 10.00 Parent mass width high (ppm): 10.00 Reject mass width relative to mass Reject mass width low (ppm): 20.00 Reject mass width high (ppm): 20.00 Zoom/UltraZoom scan mass width by mass Zoom/UltraZoom scan mass low: 5.00 Zoom/UltraZoom scan mass high: 5.00 FT SIM scan mass width low: 5.00 FT SIM scan mass width high: 5.00 Neutral Loss candidates processed by decreasing intensity Neutral loss mass width by mass Neutral Loss mass width low: 0.50000 Neutral Loss mass width high: 0.50000 Product candidates processed by decreasing intensity Product mass width by mass Product mass width low: 0.50000 Product mass width high: 0.50000 MS mass range: 0.00-1000000.00 Use m/z values as masses not enabled Analog UV data dep. Not enabled Dynamic exclusion enabled Repeat Count: 2 Repeat Duration: 30.00 Exclusion List Size: 500 Exclusion Duration: 60.00	40

【表 1 1】

表 4 : SIEVE パラメータ

アラインメント・パラメータ	
AlignmentBypass	False
CorrelationBinWidth	1
RT LimitsForAlignment	True
TileIncrement	150
TileMaximum	300
TileSize	300
Tile Threshold	0.6
Analysis Definition	
Experiment Target	PROTEOMICS
Experiment Type	AVSB
Frame Parameters	
AvgChargeProcessor	False
ControlGroup	c
FrameIDCriteria	ORDER BY PVALUE ASC
FrameSeedFile	
KMClusters	10
MS2CorrProcessor	False
MZStart	500
MZStop	2000
MZWidth	0.01
ProcessorModules	PCA V1.0:ROC V1.0
RTStart	0
RTStop	59.98
RTWidth	1.5
UseTICNormalizedRatios	False

10

20

30

【 0 1 0 1 】

【表 1 2】

表 5 : 標的化した同定のための 35%画分のグローバルペアレントマス (Global Parent mass 35% fraction for targeted identification)

m/z	開始時間 (分)	終了時間 (分)	
500.837	20.8	21.4	
511.557	20.8	21.4	
516.216	20.8	21.4	
529.195	20.8	21.4	10
534.519	20.8	21.4	
540.878	23.4	24.0	
549.959	44.1	44.7	
554.519	22.1	22.7	
586.686	23.3	23.9	
588.915	20.8	21.4	
590.986	44.1	44.7	
596.798	20.7	21.3	
630.336	26.0	26.6	
632.392	37.0	37.6	20
640.314	20.8	21.4	
646.067	17.9	18.5	
661.491	35.0	35.6	
662.294	27.1	27.7	
666.330	37.3	37.9	
666.770	20.8	21.4	
697.336	20.7	21.3	
697.837	20.7	21.3	
714.396	27.1	27.7	
722.599	20.7	21.3	30
732.085	20.7	21.3	
736.079	20.7	21.3	
745.375	28.8	29.4	
747.859	20.7	21.3	
748.299	20.8	21.4	
746.279	22.5	23.1	
758.347	20.8	21.4	
761.089	20.8	21.4	
762.952	33.1	33.7	
766.832	20.8	21.4	40

【 0 1 0 2】

【表 1 3】

770.824	20.8	21.4	
774.316	20.8	21.4	
785.495	37.0	37.6	
792.484	37.0	37.6	
798.662	27.1	27.7	
815.324	23.7	24.3	
815.292	22.0	22.6	
831.276	22.0	22.6	10
845.270	27.1	27.7	
857.071	27.1	27.7	
883.346	36.5	37.1	
888.005	20.8	21.4	
908.015	20.8	21.4	
926.783	21.2	21.8	
929.445	20.7	21.3	
946.081	37.0	37.6	
963.128	20.7	21.3	
972.536	37.0	37.6	20
980.768	20.7	21.3	
996.811	20.7	21.3	
999.409	20.7	21.3	
1014.449	20.8	21.4	
1017.377	39.7	40.3	
1017.250	39.6	40.2	
1034.163	36.5	37.1	
1061.032	38.0	38.6	
1071.011	20.7	21.3	30
1073.287	38.3	38.9	
1074.429	43.6	44.2	
1075.546	43.0	43.6	
1078.177	40.3	40.9	
1083.736	22.1	22.7	
1089.401	38.0	38.6	
1096.026	20.7	21.3	
1101.960	43.0	43.6	
1104.411	37.4	38.0	
1109.504	20.7	21.3	40
1117.566	42.9	43.5	
1141.310	40.2	40.8	
1140.059	40.2	40.8	
1162.715	39.6	40.2	

【 0 1 0 3 】

【表 1 4】

1162.285	39.6	40.2	
1175.385	42.8	43.4	
1175.963	20.7	21.3	
1182.040	36.5	37.1	
1185.065	38.6	39.2	
1184.315	38.7	39.3	
1184.044	36.5	37.1	
1186.945	20.7	21.3	10
1189.456	36.5	37.1	
1197.564	38.3	38.9	
1201.052	38.0	38.6	
1205.551	27.1	27.7	
1221.832	38.1	38.7	
1221.330	38.0	38.6	
1221.956	38.1	38.7	
1221.203	38.0	38.6	
1229.059	41.7	42.3	
1229.337	43.0	43.6	20
1234.050	43.3	43.9	
1234.184	43.2	43.8	
1237.197	38.1	38.7	
1239.714	38.3	38.9	
1239.903	40.3	40.9	
1239.906	22.0	22.6	
1239.336	39.3	39.9	
1241.893	22.0	22.6	
1245.780	42.9	43.5	30
1244.893	41.7	42.3	
1244.821	38.2	38.8	
1252.485	42.9	43.5	
1253.180	38.0	38.6	
1262.757	41.7	42.3	
1269.226	43.0	43.6	
1268.942	42.9	43.5	
1271.795	41.7	42.3	
1271.940	41.7	42.3	
1272.223	41.7	42.3	40
1271.511	41.7	42.3	
1271.366	41.5	42.1	
1271.653	43.6	44.2	
1271.939	42.9	43.5	

【 0 1 0 4】

【表 1 5】

1271.663	43.0	43.6	
1279.356	41.7	42.3	
1279.640	41.7	42.3	
1280.487	43.1	43.7	
1282.341	42.9	43.5	
1282.623	42.9	43.5	
1283.501	41.7	42.3	
1283.215	41.7	42.3	10
1287.661	42.8	43.4	
1287.380	42.8	43.4	
1287.671	42.9	43.5	
1289.949	41.4	42.0	
1290.093	41.4	42.0	
1290.231	41.4	42.0	
1295.514	42.8	43.4	
1302.780	40.2	40.8	
1313.671	42.8	43.4	
1326.085	42.9	43.5	20
1329.279	41.4	42.0	
1340.257	42.8	43.4	
1353.504	38.6	39.2	
1353.226	38.0	38.6	
1354.345	38.0	38.6	
1355.998	39.6	40.2	
1361.344	38.6	39.2	
1378.833	43.0	43.6	
1393.662	20.7	21.3	30
1395.947	38.0	38.6	
1395.808	38.1	38.7	
1396.095	38.0	38.6	
1396.238	38.1	38.7	
1403.093	38.1	38.7	
1405.390	37.0	37.6	
1412.808	42.9	43.5	
1416.957	38.2	38.8	
1417.242	38.2	38.8	
1416.813	38.2	38.8	40
1415.521	38.3	38.9	
1416.365	38.2	38.8	
1423.711	43.0	43.6	
1432.054	43.1	43.7	

【 0 1 0 5】

【表 1 6】

1434.534	38.3	38.9	
1444.691	20.7	21.3	
1461.219	39.3	39.9	
1466.392	38.3	38.9	
1480.934	43.0	43.6	
1480.763	42.9	43.5	
1483.434	41.5	42.1	
1483.261	41.5	42.1	10
1483.594	43.1	43.7	
1483.096	41.5	42.1	
1488.084	41.5	42.1	
1488.253	41.5	42.1	
1492.580	41.8	42.4	
1492.738	43.1	43.7	
1494.710	20.7	21.3	
1493.188	41.4	42.0	
1501.262	43.1	43.7	
1501.243	42.8	43.4	20
1504.607	41.4	42.0	
1519.408	40.2	40.8	
1519.963	42.8	43.4	
1533.454	41.4	42.0	
1550.589	42.9	43.5	
1567.262	43.0	43.6	
1566.964	43.2	43.8	
1616.809	42.8	43.4	
1625.276	38.1	38.7	30
1682.802	41.4	42.0	
1708.700	35.2	35.8	
1715.693	43.0	43.6	
1719.490	42.8	43.4	
1720.363	43.1	43.7	
1720.076	41.7	42.3	
1735.925	42.9	43.5	
1735.448	42.9	43.5	
1742.423	42.8	43.4	
1742.691	39.3	39.9	40
1749.090	42.8	43.4	
1755.091	42.9	43.5	
1766.811	43.0	43.6	
1769.294	42.9	43.5	

【 0 1 0 6】

【表 1 7】

1775.798	43.0	43.6	
1802.490	42.8	43.4	
1808.484	42.9	43.5	
1822.120	41.4	42.0	
1893.263	5.0	60.0	
1796.466	5.0	60.0	
1596.971	5.0	60.0	
1368.976	5.0	60.0	10
1150.101	5.0	60.0	
1635.848	5.0	60.0	
1338.604	5.0	60.0	
921.201	5.0	60.0	
775.405	5.0	60.0	
1618.973	5.0	60.0	
1324.797	5.0	60.0	
1121.137	5.0	60.0	
911.113	5.0	60.0	
809.990	5.0	60.0	20
1529.751	5.0	60.0	
1384.157	5.0	60.0	
1263.883	5.0	60.0	
1211.263	5.0	60.0	
1162.853	5.0	60.0	
1247.480	5.0	60.0	
1366.192	5.0	60.0	
1510.899	5.0	60.0	
1950.616	5.0	60.0	30
1540.172	5.0	60.0	
1170.773	5.0	60.0	
1090.293	5.0	60.0	
1185.014	5.0	60.0	
1362.615	5.0	60.0	
1542.070	5.0	60.0	
1445.754	5.0	60.0	
1360.769	5.0	60.0	
1285.227	5.0	60.0	
1217.636	5.0	60.0	40
1156.805	5.0	60.0	
1101.767	5.0	60.0	
1051.732	5.0	60.0	
1006.048	5.0	60.0	

【 0 1 0 7】

【表 1 8】

964.172	5.0	60.0	
14138.386	5.0	60.0	
1768.180	5.0	60.0	
1286.224	5.0	60.0	
1088.498	5.0	60.0	
943.499	5.0	60.0	
884.593	5.0	60.0	
786.924	5.0	60.0	10
745.080	5.0	60.0	
954.251	5.0	60.0	
1040.909	5.0	60.0	
1144.899	5.0	60.0	
1205.104	5.0	60.0	
1526.197	5.0	60.0	
1430.872	5.0	60.0	
1907.494	5.0	60.0	
1760.841	5.0	60.0	
1977.132	5.0	60.0	20
1757.527	5.0	60.0	
1581.907	5.0	60.0	
1438.189	5.0	60.0	
1054.941	5.0	60.0	
879.285	5.0	60.0	
659.716	5.0	60.0	
1897.745	5.0	60.0	
1660.653	5.0	60.0	
1022.328	5.0	60.0	30
633.253	5.0	60.0	
1831.242	5.0	60.0	
1664.857	5.0	60.0	
1526.203	5.0	60.0	
1408.880	5.0	60.0	
1308.318	5.0	60.0	
796.762	5.0	60.0	
733.101	5.0	60.0	
1991.952	5.0	60.0	
1770.739	5.0	60.0	40
1593.766	5.0	60.0	
1448.969	5.0	60.0	
1328.306	5.0	60.0	
1226.206	5.0	60.0	

【 0 1 0 8 】

【表 1 9】

1138.692	5.0	60.0	
1062.846	5.0	60.0	
996.481	5.0	60.0	
937.924	5.0	60.0	
885.873	5.0	60.0	
839.301	5.0	60.0	
797.909	5.0	60.0	
759.464	5.0	60.0	10
724.988	5.0	60.0	
693.511	5.0	60.0	
664.657	5.0	60.0	
638.111	5.0	60.0	
1427.610	5.0	60.0	
1223.810	5.0	60.0	
1070.959	5.0	60.0	
856.969	5.0	60.0	
779.154	5.0	60.0	
782.314	5.0	60.0	20
626.056	5.0	60.0	
1042.755	5.0	60.0	
1037.510	5.0	60.0	
692.009	5.0	60.0	
519.259	5.0	60.0	
1291.643	5.0	60.0	
861.431	5.0	60.0	
646.325	5.0	60.0	
1480.558	5.0	60.0	30
905.177	5.0	60.0	
857.589	5.0	60.0	
1394.901	5.0	60.0	
761.313	5.0	60.0	
1104.010	5.0	60.0	
631.727	5.0	60.0	
883.410	5.0	60.0	
1768.860	5.0	60.0	
708.148	5.0	60.0	
590.291	5.0	60.0	40
785.635	5.0	60.0	
845.991	5.0	60.0	
916.407	5.0	60.0	
999.625	5.0	60.0	

【 0 1 0 9 】

【表 2 0】

1221.540	5.0	60.0	
1831.806	5.0	60.0	
1615.749	5.0	60.0	
1243.116	5.0	60.0	
1077.502	5.0	60.0	
950.855	5.0	60.0	
850.871	5.0	60.0	
1177.032	5.0	60.0	10
969.498	5.0	60.0	
1098.630	5.0	60.0	
1862.260	5.0	60.0	
1676.135	5.0	60.0	
1289.567	5.0	60.0	
1117.759	5.0	60.0	
882.653	5.0	60.0	
1480.757	5.0	60.0	
1253.103	5.0	60.0	
1018.335	5.0	60.0	20
905.299	5.0	60.0	
1472.097	5.0	60.0	
1104.325	5.0	60.0	
1766.315	5.0	60.0	
883.661	5.0	60.0	
679.972	5.0	60.0	
589.443	5.0	60.0	
1809.590	5.0	60.0	
1357.444	5.0	60.0	30
1086.157	5.0	60.0	
958.492	5.0	60.0	
857.704	5.0	60.0	
1286.224	5.0	60.0	
1768.180	5.0	60.0	
1571.827	5.0	60.0	
1414.745	5.0	60.0	
1179.883	5.0	60.0	

【 0 1 1 0】

40

【表 2 1】

表 6

MZ	開始時間	終了時間	
747.8585	20.963	21.963	
748.3594	20.963	21.963	
1494.711	20.973	21.973	
1393.662	20.925	21.925	
997.1431	20.963	21.963	
1091.809	43.558	44.558	10
758.9495	23.687	24.687	
963.4607	20.963	21.963	
996.8089	20.963	21.963	
529.4085	20.079	21.079	
963.1265	20.963	21.963	
1495.694	21.586	22.586	
939.1018	37.446	38.446	
785.4966	37.446	38.446	
1279.621	20.973	21.973	
938.6002	37.446	38.446	20
632.3923	37.449	38.449	
692.862	27.718	28.718	
1245.308	37.446	38.446	
713.5975	24.835	25.835	
766.8335	20.973	21.973	
1118.573	18.91	19.91	
1356.332	40.142	41.142	
713.2632	24.862	25.862	
632.8939	37.449	38.449	30
767.3351	20.973	21.973	
1245.354	45.921	46.921	
1092.202	37.164	38.164	
1091.703	37.446	38.446	
576.0089	45.797	46.797	
774.3157	20.963	21.963	
1398.409	37.446	38.446	
1082.377	29.745	30.745	
1082.521	29.72	30.72	
747.7883	28.871	29.871	40
747.5877	28.871	29.871	
1017.626	40.143	41.143	

【 0 1 1 1 】

【表 2 2】

856.5498	27.091	28.091
1082.234	29.745	30.745
923.815	27.718	28.718
514.3178	45.805	46.805
670.3671	22.036	23.036
1185.613	29.438	30.438
534.9825	45.819	46.819
520.341	45.691	46.691
747.9889	28.871	29.871
886.6	30.939	31.939
1262.604	29.769	30.769
723.3659	32.732	33.732
994.2356	45.096	46.096

【 0 1 1 2】

【表 2 3】

表 7 : 標的化した同定のための 65%画分のグローバルペアレントマス (Global Parent Masses 65% fraction for targeted identification)

m/z	開始時間 (分)	終了時間 (分)	
1222. 77185	18. 898	19. 498	
1222. 62903	18. 898	19. 498	
1222. 91467	18. 898	19. 498	
1222. 48633	18. 898	19. 498	10
1222. 34363	18. 898	19. 498	
535. 41309	44. 458	45. 058	
549. 31537	35. 307	35. 907	
1240. 9231	18. 895	19. 495	
1241. 21008	18. 895	19. 495	
522. 59802	47. 752	48. 352	
500. 20343	24. 938	25. 538	
557. 44525	34. 845	35. 445	
700. 55261	44. 458	45. 058	
502. 29593	31. 133	31. 733	20
576. 00928	20. 109	20. 709	
1229. 77344	19. 099	19. 699	
1227. 05896	21. 087	21. 687	
666. 32935	12. 86	13. 46	
555. 42859	44. 458	45. 058	
919. 62494	10. 837	11. 437	
1086. 43494	18. 895	19. 495	
500. 20352	24. 16	24. 76	
785. 54749	44. 458	45. 058	
1240. 49377	18. 893	19. 493	30
656. 32324	35. 678	36. 278	
576. 00928	20. 962	21. 562	
1044. 64368	33. 755	34. 355	
565. 43127	34. 845	35. 445	
534. 98254	20. 109	20. 709	
689. 45453	33. 647	34. 247	
522. 59821	46. 986	47. 586	
552. 97772	35. 36	35. 96	
1160. 28918	18. 176	18. 776	
535. 41296	40. 034	40. 634	40

【 0 1 1 3 】

【表 2 4】

514.31842	22.557	23.157	
1092.1864	19.016	19.616	
1226.62988	21.087	21.687	
1245.21155	21.073	21.673	
538.27802	31.183	31.783	
595.95276	20.109	20.709	
770.53705	35.665	36.265	
514.13129	22.572	23.172	10
533.19391	45.359	45.959	
503.29941	31.133	31.733	
1035.65649	33.8	34.4	
1228.77197	19.099	19.699	
865.69196	44.492	45.092	
552.64246	35.36	35.96	
621.2735	35.307	35.907	
639.38116	12.36	12.96	
795.98547	12.411	13.011	
788.02655	34.697	35.297	20
816.57715	46.757	47.357	
1245.06909	21.073	21.673	
590.78833	35.36	35.96	
522.59857	46.026	46.626	
1089.55884	16.803	17.403	
785.59174	41.855	42.455	
656.03418	44.963	45.563	
1245.64099	21.073	21.673	
734.5838	41.312	41.912	30
527.42432	44.458	45.058	
816.57703	45.912	46.512	
564.90961	44.767	45.367	
1160.14612	18.176	18.776	
787.98962	33.811	34.411	
1530.9856	33.8	34.4	
834.60272	45.536	46.136	
1013.6778	47.807	48.407	
927.50275	24.16	24.76	
770.53809	41.117	41.717	40
672.8623	20.478	21.078	
1236.03796	18.898	19.498	
827.44568	17.482	18.082	
1021.62933	31.226	31.826	

【 0 1 1 4 】

【表 2 5】

612.2973	35.687	36.287	
818.59338	40.929	41.529	
763.073	44.933	45.533	
884.26294	15.568	16.168	
784.58783	34.201	34.801	
647.50586	43.805	44.405	
816.57739	42.456	43.056	
816.57806	44.856	45.456	10
589.98645	20.109	20.709	
678.38123	29.773	30.373	
574.37909	36.07	36.67	
590.789	33.644	34.244	
550.38953	39.608	40.208	
1234.76331	21.088	21.688	
747.63464	45.81	46.41	
684.06628	43.942	44.542	
834.60327	43.684	44.284	
1226.48657	21.087	21.687	20
537.77429	31.183	31.783	
726.76282	35.307	35.907	
575.44519	44.421	45.021	
856.57281	44.856	45.456	
818.56958	41.989	42.589	
818.59167	37.061	37.661	
780.55658	44.856	45.456	
783.59045	45.191	45.791	
806.57233	36.618	37.218	30
547.08124	12.898	13.498	
1255.62939	19.003	19.603	
1101.73071	47.659	48.259	
616.12958	24.863	25.463	
942.46729	24.16	24.76	
1065.6875	33.644	34.244	
564.9295	35.766	36.366	
1096.42273	16.828	17.428	
816.57843	43.658	44.258	
747.63562	42.131	42.731	40
606.30951	33.644	34.244	
809.47382	43.611	44.211	
1255.79785	12.391	12.991	
868.50171	39.152	39.752	

【 0 1 1 5 】

【表 2 6】

1234.90649	21.088	21.688	
789.95789	31.226	31.826	
576.27594	35.36	35.96	
799.41437	15.568	16.168	
528.29279	35.166	35.766	
842.56836	45.191	45.791	
1081.91406	18.898	19.498	
1865.21143	12.45	13.05	10
536.73425	10.897	11.497	
800.58289	44.856	45.456	
1761.11316	33.8	34.4	
1234.33362	21.088	21.688	
523.28363	46.596	47.196	
692.56415	44.492	45.092	
856.57227	44.038	44.638	
682.36548	42.931	43.531	
584.9256	45.702	46.302	20
508.58325	47.575	48.175	
549.30127	31.216	31.816	
547.81464	35.36	35.96	
640.4176	34.467	35.067	
874.50842	12.645	13.245	
1089.43811	21.069	21.669	
834.58734	44.106	44.706	
548.95966	20.109	20.709	
811.67133	44.9	45.5	
977.78485	43.805	44.405	30
984.71124	45.034	45.634	
816.57745	39.918	40.518	
541.35706	37.363	37.963	
1242.32043	21.087	21.687	
1296.89185	18.895	19.495	
816.57672	41.217	41.817	
834.60321	42.206	42.806	
800.58289	36.618	37.218	
1057.11133	31.226	31.826	
841.43475	46.467	47.067	40
1090.30103	18.898	19.498	
1076.55383	19.11	19.71	
516.23901	44.751	45.351	
699.44244	34.996	35.596	

【 0 1 1 6 】

【表 2 7】

1082.91907	19.11	19.71	
816.57849	36.279	36.879	
1073.30225	21.087	21.687	
836.44843	35.316	35.916	
928.77789	43.805	44.405	
500.30814	33.647	34.247	
1096.2981	16.79	17.39	
1252.44897	19.099	19.699	10
800.5827	37.369	37.969	
797.4433	31.183	31.783	
780.55627	41.566	42.166	
997.70264	47.786	48.386	
1207.7627	18.983	19.583	
847.11377	44.569	45.169	
1512.69934	18.898	19.498	
1856.21155	12.469	13.069	
1250.02783	19.099	19.699	
1095.60803	33.811	34.411	20
658.4317	36.611	37.211	
1098.92664	19.016	19.616	
972.04376	11.007	11.607	
571.61591	31.37	31.97	
561.2981	31.327	31.927	
591.93182	39.863	40.463	
800.58289	39.551	40.151	
1309.29358	31.226	31.826	
817.58173	41.855	42.455	30
650.42218	31.629	32.229	
591.38416	35.266	35.866	
550.34637	36.076	36.676	
507.32535	32.394	32.994	
1242.32202	19.128	19.728	
1452.40747	16.828	17.428	
640.44788	36.711	37.311	
1296.60388	18.899	19.499	
574.38922	39.095	39.695	
1127.66003	35.36	35.96	40
549.04468	10.94	11.54	
1288.52576	20.914	21.514	
1452.41113	21.087	21.687	
943.24799	33.642	34.242	

【 0 1 1 7 】

【表 2 8】

1244.78503	21.069	21.669	
1236.81531	12.778	13.378	
656.0343	43.815	44.415	
552.31799	33.644	34.244	
533.19354	44.604	45.204	
800.58374	38.715	39.315	
800.58313	41.099	41.699	
1105.16418	19.016	19.616	10
1080.5448	19.042	19.642	
1234.19116	21.088	21.688	
834.58575	37.992	38.592	
722.05969	44.8	45.4	
1537.02759	33.8	34.4	
542.90161	44.569	45.169	
1441.04272	18.895	19.495	
1057.70325	34.656	35.256	
575.38568	44.131	44.731	20
528.40558	36.809	37.409	
694.05194	43.783	44.383	
591.98376	21.656	22.256	
780.55603	42.334	42.934	
832.57202	40.929	41.529	
708.03638	44.492	45.092	
743.07135	41.312	41.912	
731.60846	42.622	43.222	
1350.76477	38.534	39.134	
548.95728	33.799	34.399	30
816.57764	35.123	35.723	
1080.66956	21.088	21.688	
1063.85815	20.109	20.709	
742.09894	35.339	35.939	
527.31049	33.782	34.382	
585.40204	33.044	33.644	
859.44659	35.307	35.907	
1080.41858	21.09	21.69	
818.59222	34.562	35.162	40
1370.99316	44.806	45.406	
1089.53223	19.11	19.71	
1431.85144	12.411	13.011	
695.89008	20.593	21.193	
591.42761	41.789	42.389	

【 0 1 1 8 】

【表 2 9】

504.75061	31.022	31.622	
968.62842	39.552	40.152	
863.56744	43.589	44.189	
1439.88672	21.088	21.688	
809.54089	40.947	41.547	
1234.05066	21.049	21.649	
1080.41943	19.099	19.699	
1259.47473	20.829	21.429	10
1251.28943	12.43	13.03	
1874.19434	12.428	13.028	
1098.1825	12.403	13.003	
678.40588	35.36	35.96	
1080.2937	21.09	21.69	
1163.60168	31.331	31.931	
1081.90649	21.003	21.603	
1303.35498	20.914	21.514	
730.01355	37.502	38.102	
540.86346	41.855	42.455	20
627.93677	39.175	39.775	
1226.34363	21.087	21.687	
754.50586	44.569	45.169	
820.47766	35.368	35.968	
1440.05261	21.087	21.687	
763.05652	39.17	39.77	
965.57751	35.3	35.9	
956.92969	18.895	19.495	
549.7619	33.862	34.462	30
1039.28918	32.404	33.004	
1027.18225	38.565	39.165	
540.86285	40.956	41.556	
1220.05237	18.899	19.499	
646.42871	33.65	34.25	
1864.20129	12.391	12.991	
1279.36121	18.902	19.502	
1501.39685	18.898	19.498	
1238.34937	20.516	21.116	
1252.34387	20.983	21.583	40
1425.90979	33.836	34.436	
1087.41003	19.128	19.728	
1356.00232	16.785	17.385	
804.55017	40.49	41.09	

【 0 1 1 9 】

【表 3 0】

1611.92188	31.276	31.876	
650.42383	33.647	34.247	
1238.32214	17.718	18.318	
795.48767	35.162	35.762	
868.92645	31.353	31.953	
1664.72192	12.411	13.011	
1260.61768	21.069	21.669	
1159.58667	46.467	47.067	10
741.53467	37.131	37.731	
1266.21619	18.902	19.502	
1275.7948	33.733	34.333	
1245.63	20.983	21.583	
696.51019	44.963	45.563	
1089.3103	21.087	21.687	
704.9386	43.649	44.249	
1178.38953	35.3	35.9	
811.95068	10.634	11.234	
751.05286	44.8	45.4	20
936.49298	31.271	31.871	
737.05133	44.458	45.058	
939.39587	24.473	25.073	
1027.66821	33.8	34.4	
714.42725	39.557	40.157	
780.98224	35.166	35.766	
834.58661	41.639	42.239	
571.37	39.418	40.018	30

【 0 1 2 0】

【表 3 1】

表 8

MZ	開始時間	終了時間	
502.2947	30.953	31.953	
576.0092	17.85	18.85	
1035.655	33.622	34.622	
1021.629	31.026	32.026	
787.9893	33.601	34.601	40
534.9822	17.85	18.85	
1530.986	33.601	34.601	
666.3301	12.673	13.673	
789.9586	31.016	32.016	
1027.67	33.601	34.601	
1309.292	31.026	32.026	
595.9525	17.85	18.85	
780.982	35.033	36.033	

【 0 1 2 1 】

Proteome Discoverer 1.1を用い、以下のワークフローで、示差的に発現されたペプチドを同定した：

【 0 1 2 2 】

【表 3 2】

表 9

インプットデータ		
1. 一般的な設定		
Precursor Selection	Use MSI Precursor	
2. スペクトル特性フィルター		
Lower RT Limit	5	
Upper RT Limit	84	
Lowest Charge State	1	
Highest Charge State	4	
Min. Precursor Mass	100 D a	
Max. Precursor Mass	9000 D a	
Total Intensity Threshold	0	
Minimum Peak Count	1	
3. スキャンイベントフィルター		
Mass Analyzer	Is ITMS; FTMS	
MS Order	Is MS2	
Activation Type	Is CID	
Scan Type	Is Full	
Ionization Source	Is ESI	
Polarity Mode	Is +	
3. ピークフィルター		
S/N Threshold	0	
4. 未認識の特性に関する置換 (Replacement for Unrecognized Properties)		
Unrecognized Charge Re	1;2;3;4	
Unrecognized Mass Anal	ITMS	
Unrecognized MS Order	MS2	
Unrecognized Activation	CID	
Unrecognized Polarity	+	
1. スペクトルマッチクライテリア		
Precursor Mass Criterion	Same Measured M	
Presursor Mass Tolerance	7 ppm	
Max. RT Difference [min]	1.5	
Allow Mass Analyzer Mis	False	
Allow MS Order Mismatch	False	
1. 閾値		
S/N Threshold	0	

【 0 1 2 3 】

【表 3 3】

1. フィルター設定	
Mass Analyzer	Is ITMS; FTMS
MS Order	Is MS1; MS2
Activation Type	Is CID
Scan Type	Is Full
Ionization Source	Is ESI
Polarity Mode	Is +
1. スペクトル特性	
Lowest Charge State	1
Highest Charge State	4
Min. Precursor Mass	100 D a
Max. Precursor Mass	9000 D a
2. 閾値	
Total Intensity Threshold	0
Minimum Peak Count	1

10

20

【 0 1 2 4 】

【表 3 4】

表 1 0

1. インプットデータ		
Protein Database	Maha.fasta	
Enzyme Name	No-Enzyme [No	
Maximum Missed Cleavage	0	
2. デコイデータベースサーチ (Decoy Database Search)		
Search Against Decoy D	False	10
Target FDR (Strict)	0.01	
Target FDR (Relaxed)	0.05	
3. トレランス		
Precursor Mass Tolerance	7 ppm	
Fragment Mass Tolerance	0.8 Da	
Use Average Precursor	False	
Use Average Fragment	False	
4. イオンシリーズ		
Use Neutral Loss a Ions	True	20
Use Neutral Loss b Ions	True	
Use Neutral Loss y Ions	True	
Weight of a Ions	0	
Weight of b Ions	1	
Weight of c Ions	0	
Weight of x Ions	0	
Weight of y Ions	1	
Weight of z Ions	0	
5. 動的修飾 (Dynamic Modifications)		
N-Terminal Modification	None	30
C-Terminal Modification	None	
1. Dynamic Modification	None	
2. Dynamic Modification	None	
3. Dynamic Modification	None	
4. Dynamic Modification	None	
5. Dynamic Modification	None	
6. Dynamic Modification	None	
6. 静的修飾 (Static Modifications)		
Peptide N-Terminus	None	40
Peptide C-Terminus	None	

【 0 1 2 5】

ペプチドアノテーションのためのデータベースを、NCBI、Swissprot、およびUniprotから作製した。タンパク質のアノテーションの結果を表1に示す。

【 0 1 2 6】

実施例 3：腎疾患に罹患したイヌにおけるイノシン濃度

イヌ血清を、IDEXX Reference Laboratoriesに提出された野外標本から得た。イヌの品種および年齢は種々であった。血清クレアチニンが<1.8 mg/dLである25サンプルを低ク

レアチニン群とし、血清クレアチニンが > 1.8 mg/dLである25サンプルを高クレアチニン群とした。この場合も、高クレアチニンは腎疾患と関係するため、イノシンレベルを評価し、イノシンが腎機能の低下のバイオマーカーとなり得るか否かを判定した。

【 0 1 2 7 】

高クレアチニンおよび正常クレアチニン・イヌ集団由来の血清サンプルをLC/MSで分析し、示差的に生成される質量特性を、前記のインフォマティクスによって同定した。LC/MSは、各サンプル(すなわちイヌ)毎に、個別に実行した。SIEVEソフトウェア(Thermo Scientific社、マサチューセッツ州ウエルサム)を用いてLC/MSデータの統計解析を行った。LC/MSの生データをSIEVEに読み込ませ、ピークを同定した。統計解析を実施して、低クレアチニンおよび高クレアチニン・サンプルのピークを比較した。イノシンに相当する示差的ピークを同定した。高血清クレアチニンのイヌ25検体中13検体で、血清イノシンの枯渇が観察された。イノシンのイオン強度(LC/MSで測定)を図1に示す。図中、「腎疾患」は高クレアチニンかつイノシン枯渇のイヌ13検体を示し、「コントロール」は低血清クレアチニンのイヌ25検体すべてを示す。

10

【 0 1 2 8 】

図1に示すLC/MS初期分析に使用したプロトコルは以下の通りである: 0.5mLのProtein LoBindエッペンドルフチューブ中で血漿抽出を行った。110 µLのイヌ血清に200 µLのアセトニトリルを添加して沈殿を行った。10秒間ボルテックスを行い、サンプルを室温に30分間放置した後、卓上遠心分離器を用い、13,000rpmで30分間、室温で沈殿を遠心分離した。その後、上清をLC/MSで分析した。SIEVEおよびRを用いて、示差的レベルで存在する分子の同定を行った(p値 < 0.05)。

20

【 0 1 2 9 】

LC法は、溶媒A: 0.1%ギ酸/水、および溶媒B: 0.1%ギ酸/アセトニトリルを用いて行った。

【 0 1 3 0 】

【表 3 5】

No	時間	A%	B%	C%	D%	µL/分
1	0	100	0	0	0	300
2	5	100	0	0	0	300
3	23	65	35	0	0	300
4	26	65	35	0	0	300
5	44	5	95	0	0	300
6	46	5	95	0	0	300
7	46.5	100	0	0	0	300
8	60	100	0	0	0	300

30

カラム: Acquity UPLC BEH130 C18 1.7 µM 内径2.1x 長さ150mm

ガードカラム: vanguard BEH 300 C18 1.7µM

注入量: 25 µL

トレイ温度: 10

カラムオープン温度: 45

MS分析時間: 60分

流路切替バルブ: 廃液へ 0-5、ソースへ 5-55、廃液へ 55-60

40

【 0 1 3 1 】

質量分析法は、以下のパラメータに従って実施した:

MSスキャンイベント 1: FTMS; 分解能30000; スキャン範囲100.0-500.0

MSスキャンイベント 2: FTMS; 分解能30000; スキャン範囲500.0-2000.0

MSチューンファイル値

50

ソースタイプ : ESI
 キャピラリー温度 () : 250.00
 シースガス流 : 24.00
 Auxガス流 : 13.00
 スイープガス流 : 0
 イオントラップMSn AGC Target : 10000
 FTMS Injection waveforms : オフ
 FTMS AGC Target : 500000
 ソース電圧(kV) : 4.50
 ソース電流(μA) : 100.00 10
 キャピラリー電圧(V) : 68.28
 チューブレンズ(V) : 130.00
 スキマーオフセット(V) : 0.00
 多重極RF増幅器 (Multipole RF Amplifier) (Vp-p) : 550.00
 多重極00オフセット(V) : -1.60
 レンズ0電圧(V) : -2.70
 多重極0オフセット(V) : -5.80
 レンズ1電圧(V) : -11.00
 ゲートレンズオフセット(V) : -60.00
 多重極1オフセット(V) : -10.50 20
 フロントレンズ(V) : -5.18
 FTMSフルマイクロスキャン : 1
 FTMSフルMax Ion Time (ms) : 500
 イオントラップMSnマイクロスキャン : 3
 イオントラップMSn Max Ion Time : 100

【 0 1 3 2 】

イノシンが腎疾患のバイオマーカーとなることを証明するために、X連鎖性遺伝性ニューロパチー (XLHN) を有するイヌで、補足研究を行った。XLHNは、遺伝子COL4A5中の変異によって起こる (詳細は実施例 1 参照) 。これらのXLHNイヌは、糸球体異常から始まって尿細管障害に進行する腎疾患のモデルとなる。XLHNを有する4検体のオス仔イヌからの血清および尿サンプル (表 1 1) を、疾患前、疾患の中期、および疾患の後期に回収し、下記の腎臓LC/MSアッセイに記載するように、イノシンの分析を行った。

30

【 0 1 3 3 】

LC/MS移動相の調製 :

- 1 . 移動相A : 1リットルの水に1mlの酢酸を添加し、十分攪拌する。
- 2 . 移動相B : 1リットルのアセトニトリルに1mlの酢酸を添加し、十分攪拌する。

【 0 1 3 4 】

内部標準 (IS溶液) の調製

- 1 . 5mgの重水素化クレアチニンおよび6-クロロプリンリボシドを20mlのバイアルに秤取する。 40
- 2 . 5mlの水を添加して希釈する (1mg/ml溶液) 。
- 3 . # 2 の5mlを2リットルのフラスコに移し、水を2リットルの印まで添加する (2.5 μg/ml溶液) 。
- 4 . # 3 を内部STD添加溶液 (spiking solution) として使用する。

【 0 1 3 5 】

STD曲線の作成

- 1 . 10mgのクレアチニンおよび10mgのイノシンを2mlバイアルに秤取し、10mlの水を添加して溶解する (1mg/ml溶液) 。
- 2 . 345mgのウシ血清アルブミン (BSA) を5mlのリン酸バッファー溶液中に秤取する。十分攪拌する。必要により、スケールアップまたはスケールダウンする (PBS-BSA溶液) 。 50

- 3 . 5 μ l の 1mg/ml 溶液を 990 μ l の PBS-BSA 溶液中に移す (5 μ g/ml 標準点 1) 。
- 4 . # 3 から一連の 1 / 1 希釈液を 1 1 段階調製する (標準点 2 、 3 、 4 、 5 、 6 、 7 、 8 、 9 、 1 0 、 1 1 、 およびブランク) 。

【 0 1 3 6 】

サンプルの調製

- 1 . 血清サンプルを解凍する。
- 2 . サンプルを 10 秒間ボルテックスした後、室温、3000xg で 10 分間遠心分離を行う。
- 3 . 50 μ l のサンプルおよび STD 曲線点をマイクロチューブまたは 96 ウェルプレートに移す。
- 4 . 50 μ l の IS 溶液を各サンプルに添加する。 10
- 5 . 100 μ l のアセトニトリルを添加する。
- 6 . ボルテックスで混合する。
- 7 . 水浴中、20 分間超音波処理を行う。
- 8 . 25 、 3000xg で 20 分間遠心分離を行う。
- 9 . 0.4 ミクロンのナイロンフィルターを用いて、褐色バイアル / 96 ウェルプレート中に上清をろ過する。
- 1 0 . サンプルを LC/MS で分析する。

【 0 1 3 7 】

LC/MS 法

【 0 1 3 8 】 20

【表 3 6 】

HPLC パラメータ

カラム	50x4.6 XBridge Amide, 3.5um カラム			
フロー	1ml/分			
グラジエント				
ステップ	総時間	流速 (ul/ml)	A%	B%
0	0.1	1000	20	80
1	5.0	1000	100	0
2.	8.00	1000	100	0
3.	8.10	1000	20	80
4.	14.00	1000	20	80
時間	14 分			
温度	室温			

30

【 0 1 3 9 】

【表 3 7】

MS パラメータ

Scan Type:	MRM
Polarity:	Positive
Scan Mode:	N/A
Ion Source:	Turbo Spray
Resolution Q1:	Unit
Resolution Q3:	Unit
Intensity Thres.:	0.00cps
Settling time:	0.000msec
MR pause:	5.000msec
MCA:	No
Step size:	0.00 amu

10

【 0 1 4 0 】

【表 3 8】

イノシン

Q1 Mass (amu)	Q3 Mass (amu)	Dwell (msec)	パラメータ	値	
269.1	137.1	150.00	DP	30	20
			EP	7	
			CEP	8	
			CE	17	
			CXP	3	

クレアチニン

Q1 Mass (amu)	Q3 Mass (amu)	Dwell (msec)	パラメータ	値	
114.20	44.2	150.00	DP	20	30
			EP	6.30	
			CEP	8.34	
			CE	35	
			CXP	4	

重水素化クレアチニン

Q1 Mass (amu)	Q3 Mass (amu)	Dwell (msec)	パラメータ	値	
117.20	47.2	150.00	DP	20	
			EP	6.30	
			CEP	8.47	
			CE	35	
			CXP	4	

6-クロロプリンリボシド

Q1 Mass (amu)	Q3 Mass (amu)	Dwell (msec)	パラメータ	値	
285.29	153.2	150.00	DP	30	40
			EP	7	
			CEP	8	
			CE	17	
			CXP	3	

【 0 1 4 1 】

上記の分析結果として同定されたイノシン濃度を表 1 1 に示す(ここで、血清イノシンおよび尿中イノシンは $\mu\text{g/dL}$ で示し、クレアチニンは mg/dL で示す)。各動物で、腎疾患の進行と共にイノシンの有意な低下が見られる。これらのデータは、イノシンが腎疾患お

50

よび尿細管障害のバイオマーカーの役割を果たすことを立証している。

【0142】

【表39】

表11：XLHN イヌにおけるイノシンレベル

動物 ID	日	血清イノシン	尿中イノシン	血清クレアチニン
RASCAL	0	217.03	182.16	0.34
	84	188.54	44.30	1.88
	119	37.10	25.99	3.02
SANTANA	0	288.08	167.91	0.41
	56	241.82	48.45	1.17
	99	85.80	33.92	6.47
STEEL	0	174.74	556.90	0.35
	87	128.38	N/D	1.84
	147	11.25	199.25	4.01
XELLUS	0	115.96	2335.26	0.74
	91	59.87	N/D	1.88
	129	40.61	1640.90	4.05

10

20

【0143】

実施例4 XLHNにおける腎疾患の進行

実施例1に記載するように、ヘテロ接合性メスXLHNイヌから患者血液サンプルを採取した。サンプルは、実施例1に記載するように調製した。ただし、すべての画分は0.1%ギ酸 / (35%アセトニトリル / 水) で溶出し、サンプルは、0.1%ギ酸 / (3.5%アセトニトリル / 水) で再構築した。

30

【0144】

その後、上記実施例2に示すように、サンプルをLC/MSに施与した。ただし、トレイ温度は10とし、MS分析時間は60分とした。表12に、4検体のヘテロ接合性メスXLHNイヌにおける、一定時間にわたる5つのペプチド (SEQ ID NO:1 (アポリポタンパク質C1) ; SEQ ID NO:31 (シスタチンA) ; SEQ ID NO:18 (フィブリノーゲン鎖) ; SEQ ID NO:25 (インター インヒビターH4 (ITIH4)) ; SEQ ID NO:23 (キニノゲン) のLC/MS測定の結果を示す。表12において、「NF」は「不検出 (not found) 」 (すなわち検出限界未満) の略語であり、「ND」は「未測定 (not determined) 」の略語である。腎疾患の進行に伴い、ApoC1およびインター インヒビターH4 (ITIH4) レベルは上昇し、一方、フィブリノーゲンのレベルは低下した。キニノゲンレベルは、コントロールイヌよりXLHNイヌの方が高かった。シスタチンAレベルは、4検体のXLHNイヌ中少なくとも3検体で、コントロールイヌに比較して高かった。

40

【0145】

【表 4 0】

表 1 2 : 腎疾患進行中のペプチドレベル

動物 ID	月齢	アポリポタンパク質 C1 AA-26 (SEQ ID NO:1)	シスタチン A KA-17 (SEQ ID NO:31)	フィブリノーゲン α 鎖 EV-11 (SEQ ID NO:18)	インター α 阻害剤 (ITI4) GV-22 (SEQ ID NO:25)	キニノゲン EQ-9 (SEQ ID NO:23)	血清クレアチニン (mg/dl)
CONTROL 1	3-4 ヶ月	NF	NF	4386.5	5.9	NF	ND
CONTROL 2	3-4 ヶ月	20.6	NF	3881.7	2.2	NF	ND
CONTROL 3	3-4 ヶ月	17.7	NF	2344.1	3.6	NF	ND
CONTROL 4	3-4 ヶ月	22.3	NF	3741.2	4.3	NF	ND
RASCAL	0	114.4	5.2	6712.9	26.2	42.8	0.34
RASCAL	84	321.6	NF	6819.3	92.3	66.5	1.88
RASCAL	119	247.1	2.7	3741.2	108.1	19.4	3.02
XELLUS	0	122.8	NF	4233.3	58.6	10.7	0.74
XELLUS	91	145.8	NF	3144.7	53.0	1.2	1.88
XELLUS	129	218.6	NF	2595.7	99.0	16.4	4.05
SANTANA	0	152.6	9.8	9439.1	62.2	26.7	0.41
SANTANA	56	149.7	30.9	8811.6	76.6	31.0	1.17
SANTANA	99	202.4	28.2	7140.7	110.9	17.6	6.46
STEEL	0	110.9	5.9	12354.8	58.4	21.3	0.35
STEEL	87	210.9	12.6	8246.6	85.0	38.3	1.84
STEEL	147	305.3	NF	6628.9	71.4	21.5	4.01

【 0 1 4 6 】

実施例 5 腎不全誘導モデルイヌ

種々の種およびサイズのイヌにニクロム酸塩を注射し、具体的には尿細管障害による、腎障害を誘導した。Rueggら, Toxicol Appl Pharmacol. 1987, 90(2):261-7; Pedraza-Chaverriら, BMC Nephrology 2005, 6:4; Chiusoloら, Toxicol Pathol. 2010, 38:338-45 参照。具体的には、イヌに0.2mL/kgのニクロム酸カリウム (5mg/ml) を注射した。種々の時点で回収した血液サンプルから血清を調製した。イヌNGAL ELISAキット(BioPorto Diagnostics社、デンマーク ゲントフテ)を用い、製造者の説明書に従って、NGAL (好中球ゼラチナーゼ結合性リポカリン) のアッセイを行った。ニクロム酸塩注射後の種々の時点で採取した血液サンプル由来の血清中のイノシン濃度を測定した。前記の実施例 (腎臓アッセイLC/MS) に記載したように、イノシンおよびクレアチニンをLC/MSで測定した。

【 0 1 4 7 】

単一イヌにおけるニクロム酸塩注射後のイノシン、クレアチニン、およびNGALレベルの経時変化を図 2 に示す。イノシン濃度は、ニクロム酸塩処理の2時間以内に低下した。処理後約60から70時間の間に、イノシンレベルは回復し始めた。Fatimaら, Hum Exp Toxicol

10

20

30

40

50

I 2005, 24:631-8参照。クレアチニンおよびNGALを、参照マーカーとして含めた(図2)。概して、これらのデータは、イノシンレベルの低下が腎不全および尿細管障害のマーカーとなることを示している。

【0148】

更なる研究で、ニクロム酸塩処理を行ったイヌ由来の血清サンプルを調製し、上記実施例4に記載するように、LC/MSを行った。図3に、2検体のイヌにおける、3つのペプチド(SEQ ID NO:1(アポリポタンパク質C1); SEQ ID NO:23(キニノゲン); SEQ ID NO:25(インター インヒビターH4(ITIH4)))の相対濃度の測定値の経時変化を示す。

【0149】

SEQ ID NO:1(アポリポタンパク質C1)のレベルは、ニクロム酸塩処理の約4時間後から約48時間後の間に増加した(図3A)。処理後約84時間から108時間で、ペプチドSEQ ID NO:1(アポリポタンパク質C1)レベルは回復(低下)し始めた。これらのデータは、SEQ ID NO:1(アポリポタンパク質C1)レベルの上昇が腎不全および尿細管障害のマーカーとなることを示している。

10

【0150】

SEQ ID NO:23(キニノゲン)レベルは、一般的に、ニクロム酸塩処理の最初の1-2日以内に低下し、後の時点で回復(増加)した(図3B)。これらのデータは、SEQ ID NO:23(キニノゲン)レベルの低下が腎不全および尿細管障害のマーカーとなることを示している。

【0151】

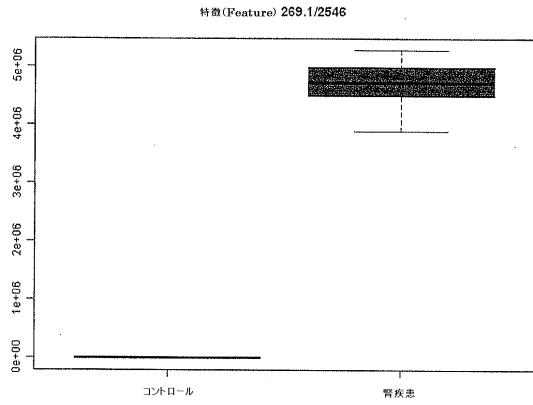
SEQ ID NO:25(インター インヒビターH4(ITIH4))レベルは、一般に、ニクロム酸塩処理の2日目までに低下し、2日目以降、回復(増加)した(図3C)。これらのデータは、SEQ ID NO:25(インター インヒビターH4(ITIH4))レベルが腎不全および尿細管障害のマーカーとなることを示している。

20

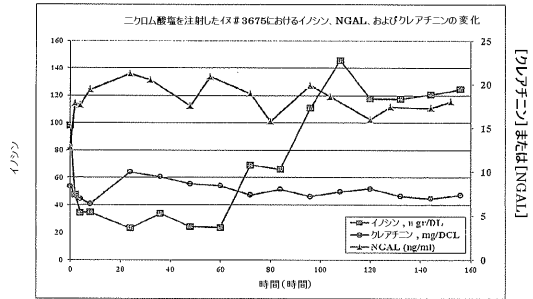
【0152】

更に、本発明は、開示した本発明の態様に限定されることを意図しない。前述の開示は、本発明の特定の具体的な態様を強調するものであり、それらと同等の改変または変更は全て、添付の特許請求の範囲に記載する本発明の意図および範囲内に含まれることは理解されるべきである。

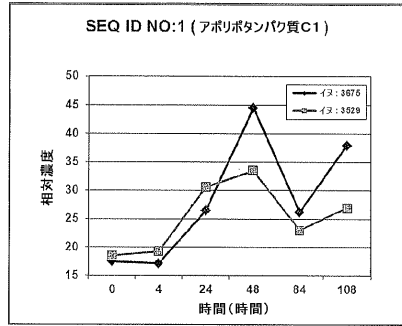
【図1】



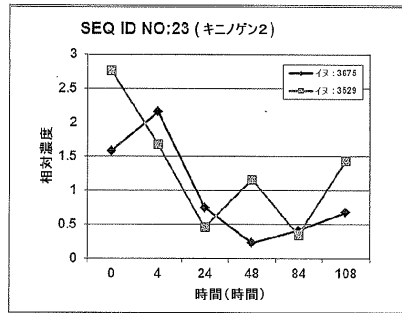
【図2】



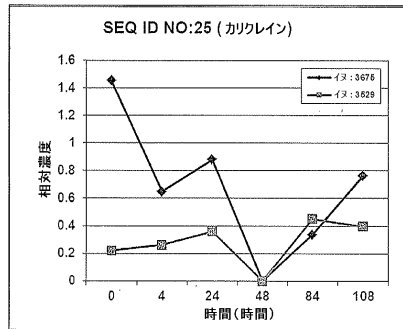
【図3A】



【図3B】



【図3C】



【配列表】

0005855094000001.app

フロントページの続き

- (74)代理人 100105991
弁理士 田中 玲子
- (74)代理人 100119183
弁理士 松任谷 優子
- (74)代理人 100114465
弁理士 北野 健
- (74)代理人 100156915
弁理士 伊藤 奈月
- (74)代理人 100149076
弁理士 梅田 慎介
- (72)発明者 イェラミッリ, マハラクシュミ
アメリカ合衆国 04105 メイン州 ファルマウス, オールド オーク ウェイ 7
- (72)発明者 アトキンソン, マイケル, ランドルフ
アメリカ合衆国 04038 メイン州 ゴルハム, グレイ ロード 50
- (72)発明者 イェラミッリ, マーシー, ヴイ. エス. エヌ.
アメリカ合衆国 04105 メイン州 ファルマウス, オールド オーク ウェイ 7

審査官 藤田 都志行

- (56)参考文献 特表2005-537243(JP, A)
特表2006-507006(JP, A)
米国特許出願公開第2009/0023165(US, A1)
Donald L. Puppione et al., "Mass spectral analysis of the apolipoproteins on dog (Canis lupus familiaris) high density lipoproteins. Detection of apolipoprotein A-II", Comparative Biochemistry and Physiology Part D: Genomics and Proteomics, 2008年12月, Vol.3, No.4, pp.290-296

(58)調査した分野(Int.Cl., DB名)

G01N 33/68

G01N 33/53

G01N 27/62

G01N 30/72

JSTPlus/JMEDPlus/JST7580(JDreamIII)

Science Direct

专利名称(译)	肾脏疾病的标志物		
公开(公告)号	JP5855094B2	公开(公告)日	2016-02-09
申请号	JP2013513386	申请日	2011-06-03
[标]申请(专利权)人(译)	艾德克斯实验室公司		
申请(专利权)人(译)	IDEXX Laboratories , Inc.的		
当前申请(专利权)人(译)	IDEXX Laboratories , Inc.的		
[标]发明人	イエラミツリマハラクシュミ アトキンソンマイケルランドルフ イエラミツリマーシーヴィエスエヌ		
发明人	イエラミツリ,マハラクシュミ アトキンソン,マイケル,ランドルフ イエラミツリ,マーシー,ヴィ.エス.エヌ.		
IPC分类号	G01N33/68 G01N33/53 G01N27/62 G01N30/72		
CPC分类号	G01N33/5308 G01N33/6893 G01N2800/347 G01N2800/60 G01N33/92		
FI分类号	G01N33/68 G01N33/53.D G01N27/62.V G01N27/62.X G01N30/72.C		
代理人(译)	田中玲子 松任谷裕子 北野 健		
优先权	61/351183 2010-06-03 US 61/411280 2010-11-08 US		
其他公开文献	JP2013527478A		
外部链接	Espacenet		

摘要(译)
 本发明提供了用于诊断肾病的试剂和方法。肌苷代谢物和蛋白质的差异水平：载脂蛋白CI，载脂蛋白C-II，纤维蛋白原α链或纤维蛋白原A-α链，激肽原，α间抑制剂H4 (ITIH4)，角蛋白I型细胞骨架蛋白10胱抑素A，胱抑素B和其他多肽及其片段提供肾病的生物标志物并在本文中描述。

(21) 出願番号	特願2013-513386 (P2013-513386)	(73) 特許権者	300004500
(86) (22) 出願日	平成23年6月3日 (2011.6.3)		アイデックス ラボラトリーズ インコーポレイテッド
(65) 公表番号	特表2013-527478 (P2013-527478A)		IDEXX Laboratories, Inc.
(43) 公表日	平成25年6月27日 (2013.6.27)		アメリカ合衆国 メイン州 ウェストブルック アイデックス ドライブ ワン
(86) 国際出願番号	PCT/US2011/039122		One IDEXX Drive, Westbrook, Maine 04092, United States of America
(87) 国際公開番号	W02011/153469		
(87) 国際公開日	平成23年12月8日 (2011.12.8)		
	審査請求日 平成26年5月12日 (2014.5.12)		
(31) 優先権主張番号	61/351,183	(74) 代理人	230104019
(32) 優先日	平成22年6月3日 (2010.6.3)		弁護士 大野 聖二
(33) 優先権主張国	米国 (US)	(74) 代理人	230111590
(31) 優先権主張番号	61/411,280		弁護士 金本 恵子
(32) 優先日	平成22年11月8日 (2010.11.8)		
(33) 優先権主張国	米国 (US)		