

(19) 日本国特許庁(JP)

(12) 特 許 公 報(B2)

(11) 特許番号

特許第3854604号
(P3854604)

(45) 発行日 平成18年12月6日(2006.12.6)

(24) 登録日 平成18年9月15日(2006.9.15)

(51) Int.Cl.		F I		
C 1 2 N	15/09	(2006.01)	C 1 2 N	15/00 Z N A A
C 1 2 P	21/02	(2006.01)	C 1 2 P	21/02 C
C 1 2 Q	1/68	(2006.01)	C 1 2 Q	1/68 A

請求項の数 6 (全 35 頁)

(21) 出願番号	特願2004-15239 (P2004-15239)	(73) 特許権者	398032751
(22) 出願日	平成16年1月23日 (2004.1.23)		デイド・ペーリング・マルブルク・ゲゼル
(62) 分割の表示	特願2000-45662 (P2000-45662)		シャフト・ミット・ベシユレンクテル・ハ
	の分割		フツング
原出願日	平成5年10月5日 (1993.10.5)		ドイツ連邦共和国 マルブルク／ラーン (
(65) 公開番号	特開2004-187686 (P2004-187686A)		番地なし)
(43) 公開日	平成16年7月8日 (2004.7.8)	(74) 代理人	100091731
審査請求日	平成16年1月23日 (2004.1.23)		弁理士 高木 千嘉
(31) 優先権主張番号	P4233646:5	(74) 代理人	100080355
(32) 優先日	平成4年10月6日 (1992.10.6)		弁理士 西村 公佑
(33) 優先権主張国	ドイツ (DE)	(72) 発明者	ルーツ・ゲー・ギユルトラー
(31) 優先権主張番号	P4235718:7		ドイツ連邦共和国 8 1 2 4 9 ミュンヒエン
(32) 優先日	平成4年10月22日 (1992.10.22)		. トイフェルスベルクシュトラッセ 1 5
(33) 優先権主張国	ドイツ (DE)		

最終頁に続く

(54) 【発明の名称】 H I V－グループの免疫不全ウイルスのRNAに対して相補的なDNA

(57) 【特許請求の範囲】

【請求項 1】

European Collection of Animal Cell Cultures (ECACC)にNo.V 9 2 0 9 2 3 1 8
の番号で寄託されたM V P－5 1 8 0／9 1なる呼称を有する免疫不全ウイルスのRNA
に対し相補的であるDNA。

【請求項 2】

請求項 1 記載のDNAを含むことを特徴とする組換えDNA。

【請求項 3】

配列番号 3 9 または 4 6 に記載のアミノ酸配列をコードするDNA。

【請求項 4】

請求項 3 に記載のDNAを用いる配列番号 3 9 または 4 6 に記載のアミノ酸配列を有す
るペプチドの製造方法。

【請求項 5】

請求項 1 または 2 に記載のDNAを用いる免疫不全の原因となるレトロウイルスの検出
方法。

【請求項 6】

請求項 1 または 2 に記載のDNAを用いる免疫不全の原因となるレトロウイルスの検出
キット。

【発明の詳細な説明】

【技術分野】

10

20

【0001】

本発明は、H I V群由来の新規レトロウイルスおよびそのウイルスの本質的性質を有する変異株のRNAまたはその部分に対して相補的であるcDNAに関する。そのレトロウイルスの培養方法も説明される。さらに本発明は、このレトロウイルスの取得のほか、そのウイルス、その部分または抽出物の、医学目的、診断のための、また接種素調製の際における使用にも関する。

【背景技術】

【0002】

いわゆるH I V群に属すレトロウイルスはそれに感染した人間に免疫不全またはエイズ（先天性免疫不全症候群）という集合概念で総括される症状を招く。

10

【0003】

疫学的研究により、ヒト免疫不全ウイルス（H I V）がエイズ（先天性免疫不全症候群）症例の圧倒的多数の病因であることが実証されている。1983年にある患者から単離され特性評価されたレトロウイルスにH I V-1という名称が与えられた（Barre-Sinoussi, F. et al., Science 220, 868-871 [1983]）。H I V-1の変異株がWO 86/02383に記載されている。

第2のヒト免疫不全ウイルス群は1985年に西アフリカで同定され（Clavel, F. et al., Science 233, 343-346 [1986]）、そしてヒト免疫不全ウイルス・タイプ2（H I V-2）と名付けられている（EP-A-0 239 425）。H I V-2レトロウイルスは、明らかにH I V-1とは区別されるが、なおサル免疫不全ウイルス（S I V-2）と近縁関係をも示す。H I V-1と同様、H I V-2もエイズ症状を生じる。

20

免疫不全レトロウイルスのもう一つの変異株がEP-A-0 345 375に記載されており、そこではH I V-3レトロウイルスと名付けられている（ANT 70）。

【0004】

Lancet Vol. 340, Sept. 1992, pp. 681-682には免疫不全ウイルスのもう一つの変異株の単離が記載されている。

高い変異性を示すことがヒト免疫不全ウイルスの一特徴であり、これが様々な単離物の比較の可能性を明らかにめんどろにしている。様々なH I V-1単離物を比較すると、他のゲノム領域は比較的保存されたままであるのに、いくつかのゲノム領域では高い変異性が認められる（Benn, S. et al. Science 230, 949-951 [1985]）。本質的により大きい多形態性はH I V-2についても観察することができた（Clavel, F. et al., Nature 324, 691-695 [1986]）。構造的および酵素的に不可欠なタンパク質をコードしているgagおよびpol遺伝子は大きな遺伝安定性を有し；env遺伝子および調節タンパク質をコードする遺伝子（vif、vpr、tat、rev、nef）は高い変異度を示す。さらにH I V-1に対する抗血清がほんのわずかな配列相同性しかなくても、H I V-2のgagおよびpol遺伝子産生物とも交叉反応することも示すことができた。同様に、あまり厳しくない条件を用いなければ両ウイルス間のハイブリダイゼーションはほとんど有意でなかった（Clavel, F. et al., Nature 324, 691-695 [1986]）。

30

【発明の開示】

【発明が解決しようとする課題】

40

【0005】

H I V群由来レトロウイルスが広く伝播していることから、そして感染時点と、病理学的変化の明らかな徴候が認められるまでの時点との間に数年乃至多年（2～20年）の間隔があることから、H I V群レトロウイルスをできるだけ早くそしてとりわけ確実に測定することは疫学的に極めて重要なことである。これは免疫不全の徴候を示す患者の診断の際だけでなく供血者の検査においても役割を果たす。H I V-1またはH I V-2タイプのレトロウイルスまたはそれらの構成部分をヒト血清の検出系に用いた場合、それら血清が由来する患者に免疫不全の徴候が現われているのに、抗体を全く検出できないかあるいは弱い検出しかなされないことがわかっている。本発明によるH I V群由来レトロウイルスを用いれば一定の場合にそのような検出が可能である。

50

【課題を解決するための手段】

【0006】

1991年に免疫不全の徴候を示した34才のカメルーンの女性患者の末梢リンパ球から単離された、以下MVP-5180/91と称する新規ヒト免疫不全ウイルスの単離および特性評価を記述する。地理的には、このレトロウイルスは、HIV-2およびHIV-1ウイルス感染の伝播を特色とする西アフリカと、ほぼもっぱらにHIV-1が伝播している東中央アフリカとの間に位置するアフリカの地域に由来している。さらに本発明の対象は、MVP-5180/91と称されるHIV群の新規レトロウイルスおよびその変異株のほか、それより導かれるDNS配列およびアミノ酸配列または部分配列、およびこれらを含むテストキットである。レトロウイルスMVP-5180/91はブダペスト条約の条件に従ってEuropean Collection of Animal Cell Cultures (ECACC) にV92092318の番号の下に寄託された。

10

【発明の効果】

【0007】

本発明によるHIV群由来レトロウイルスを用いれば新しいタイプのHIVを特定化することができる。

【発明を実施するための最良の形態】

【0008】

HIV-1およびHIV-2と同様に、本発明によるMVP-5180/91は次の細胞系統、HUT78、Jurkat細胞、C8166細胞およびMT-2細胞で増殖する。ウイルスの単離および増殖は“Viral Quantitation in HIV Infection (HIV感染におけるウイルス定量)」、Jean-Marie Andrien編、John Libbey Eurotext発行、1991年、という本に詳述されている。そこに記述されている操作方を引用により本出願の開示の一部とする。

20

さらに、本発明ウイルスはマグネシウム依存性ではあるがマンガン依存性ではない逆転写酵素を有する。このことは、ウイルスHIV-1およびHIV-2とのもう一つの一致点である。

【0009】

本発明によるMVP-5180/91ウイルスとレトロウイルスHIV-1およびHIV-2の相違をよく理解してもらうために、免疫不全の原因となるレトロウイルスの構築をまず簡単に説明する。ウイルスの内部には、p24 (pはprotein (タンパク質) のpである) の呼称を有するサブユニットより組成された円錐状コアにRNAが存在する。この内部コアは、タンパク質p17で構築されたタンパク質外被 (外部コア) で囲まれ、そして宿主細胞に由来する脂質のほかにトランスメンブレン (transmembrane) タンパク質gp41および外被タンパク質120 (gp120) を含む糖タンパク質外被により囲まれている。このgp120は次いで宿主細胞のCD-4-レセプターと結合することができる。

30

【0010】

知られている限り、HIV-ウイルスのRNAは (簡略化して記述した場合) 次の遺伝子領域を示す：両末端にいわゆるロングターミナルリピート、および次の遺伝子領域、すなわちgag、pol、envおよびnef。gag遺伝子はとりわけ中核 (コア) -タンパク質であるp24およびp17をコードし、pol遺伝子はとりわけ逆転写酵素、RNエース (リボヌクレアーゼ) Hおよびインテグラーゼをコードし、そしてenvはウイルス外被の糖タンパク質であるgp41およびgp120をコードする。nef遺伝子は調整機能を有するタンパク質をコードする。HIV型のレトロウイルスのゲノム配置の概略図を図1に示す。

40

【0011】

レトロウイルスHIV-1とHIV-2との間の区別は、ウイルス抗原がAbbott社のテストキット (HIVAG-1 Monoclonal) として商業的に入手されるモノクローナル抗体を用いてテストしそして (HIV-1) p24に指向させることにより可能になる。ウイルス型HIV-1およびHIV-2における逆転写酵素含量が略等しいことは知られている。そこで可溶化されたウイルスの希釈液について抗原抗体反応によって得られる吸光

50

度 (E 4 9 0 nm) を逆転写酵素の活性に対してプロットすると大体図 2 に相当するグラフが得られる。ここでわかることは、H I V-1 における逆転写酵素含量に比例して使用モノクローナル抗体には p 2 4 に対する極めて高い結合親和性が存在することである。それに対し、H I V-2 については、モノクローナル抗体をこの場合も逆転写酵素含量に関係させて用いた場合極めてわずかな対 p 2 4 結合親和性しか認められない。この測定を M V P-5 1 8 0 / 9 1 について行うとかなり正確に H I V-1 および H I V-2 の曲線の間にくる、すなわちモノクローナル抗体の結合親和性は H I V-1 よりも低下している。図 2 はこれらの事実を図示したものであり、ここで R T は逆転写酵素を意味し、そして抗原 (Ag) としては、Abbott 社より購入されるテストキットに存在するモノクローナル抗体がそれに対して指向するタンパク質 p 2 4 が用いられる。

10

【0012】

多面的に利用可能な遺伝子工学系はいわゆる P C R (ポリメラーゼ連鎖反応) であり、その場合、この方法の実施に必要な成分は購入することができる。この方法を用いれば、増幅すべき配列の D N A 領域が知られていれば D N A 配列を増幅することができる。その際、増幅すべき核酸配列の短い領域に付着する短い相補 D N A 断片 (オリゴヌクレオチド = プライマー) を合成する必要がある。テストの実施には、そのほかにポリメラーゼとヌクレオチドトリホスフェートを含有する反応混合物中で H I V-核酸をそのプライマーと混合する。重合 (D N A 合成) を一定の時間行った後、核酸鎖を加温により分離させる。冷却後、重合を改めて開示させる。従って本発明によるレトロウイルスにおいて H I V-1 または H I V-2 ウイルスが問題とされる場合には、H I V-1 および H I V-2 ウィ

20

ルスの既知配列内で保存されたプライマーを用いて核酸を増幅し得たはずであろう。そのようなプライマーは一部報告されている (pol 3 および pol 4 については Laure, F. et al., Lancet ii, (1988) 538-541、または s k 3 8 / 3 9、s k 6 8 / 6 9 については Ou C. Y. et al., Science 239 (1988) 295-297)。

【0013】

今般次の配列を示す一定のプライマー対、すなわち

【化 1】

HIV-1

gaga : CTACT AGTAC CCTTC AGG

30

gagb : CGGTC TACAT AGTCT CTAAA G

sk38 : CCACC TATCC CAGTA GGAGA A

sk39 : CCTTT GGTCC TTGTC TTATG TCCAG AATGC または

pol 3 : TGGGA AGTTC AATTA GGAAT ACCAC

pol 4 : CCTAC ATAGA AATCA TCCAT GTATT G

pol 3n : TGGAT GTGGG TGATG CATA

40

pol 4n : AGCAC ATTGT ACTGA TATCT A および

SK 145 : AGTGG GGGGA CATCA AGCAG CC

SK 150 : TGCTA TGTCA CTCC CCTTG GT

145-P : CCATG CAAAT GTTAA AAGAG AC

150-P : GGCCT GGTGC AATAG GCCC

50

【0014】

またはpol3およびpol4と

UNI-1: GTGCT TCCAC AGGGA TGGAA

UNI-2: ATCAT CCATG TATTG ATA

(Donehower L.A. et al. (1990) J. Virol. Methods 28, 33-46)

との組合せを用い、そしてネステッド・プライマー (nested primer) を用いたPCRを行うとMVP-5180/91-DNAの弱い増幅物が得られることがわかった。

【0015】

次のプライマー配列

【化2】

10

tat 1 AATGG AGCCA GTAGA TCCTA

tat 2 TGTCT CCGCT TCTTC CTGCC

tat 1P GAGCC CTGGA AGCAT CCAGG

tat 2P GGAGA TFCCT AAGGC TTTTG

enva: TGTTC CTTGG GTTCT TG

envb: GAGTT TTCCA GAGCA ACCCC

20

sk68: AGCAG CAGGA AGCAC TATGG

sk69: GCCCC AGACT GTGAG TTGCA ACAG

5v3e: GCACA GTACA ATGTA CACAT GG

3v3e: CAGTA GAAAA ATTCC CCTCC AC

5v3degi: TCAGG ATCCA TGGGC AGTCT AGCAG AAGAA G

3v3degi: ATGCT CGAGA ACTGC AGCAT CGATT CTGGG TCCCC TCCTG AG

3v3longdegi: CGAGA ACTGC AGCAT CGATG CTGCT CCCAA GAACC CAAGG

30

3v3longext: GGAGC TGCTT GATGC CCCAG A

gagdi: TGATG ACAGC ATGTC AGGGA GT

pol e: GCTGA CATTT ATCAC AGCTG GCTAC

を用いると、増幅物は全く得られなかったが、HIV-1に比べ弱い増幅物しか得られなかったが、これは場合によっては汚染によるかもしれない。

【0016】

gag c: TATCA CCTAG AACTT TAAAT GCATG GG

40

gag d: AGTCC CTGAC ATGCT GTCAT CA

env a: GTGGA GGGGA ATTTT TCTAC TG

env d: CCTGC TGCTC CCAAG AACCC AAGG

を用いるとHIV-1に比べ弱いが使用HIV-2単離物(MVP-11971/87)と同じ強さを示す増幅物が得られた。

【0017】

広く普及しているHIV-抗体の検出方法は、いわゆるウエスタンブロット (免疫ブロット) である。その場合、ウイルスタンパク質はゲル電気泳動的に分離された後、膜に移される。その移されたタンパク質を有する膜は次に検査すべき患者の血清を結合させる。ウイルスタンパク質に対する抗体が存在すれば、これはそのタンパク質に結合する。洗

50

浄後はウイルスタンパク質に対する特異的抗体のみが残る。その抗体は次に、呈色反応を触媒する酵素と規則的にカップリングされた抗抗体により視認可能にできる。この方法により、ウイルスタンパク質のバンドを可視化することができる。

【0018】

本発明によるウイルスMVP-5180/91はウイルスHIV-1およびHIV-2に対し、ウェスタンブロットにおいて二つの著しい本質的相違点を示す。HIV-1は、タンパク質p24に対応する強いバンドと、p23に対応する極めて弱い、しばしばほとんど視認できないバンドを規則的に示す。HIV-2はタンパク質p25に対応する強力なバンドを、そして多くの場合にp23に対応する弱いバンドを示す。これとは対照的に、本発明によるMVP-5180/91ウイルスはタンパク質p24およびp25に相当するほぼ同じ強さの二本のバンドを示す。

10

【0019】

もう一つの著しい相違点は逆転写酵素に対応するバンドに存在する。HIV-1は逆転写酵素に相当する一本のバンド（p53）とRNエースHと結合した逆転写酵素に相当する一本のバンド（p66）を示す。HIV-2ではその逆転写酵素はタンパク質p55に相当し、またそれがRNエースHと結合している場合はタンパク質p68に相当する。それに対し本発明によるMVP-5180/91は、タンパク質p48のところに逆転写酵素に相当する一本のバンド、およびタンパク質p60のところにRNエースHと結合した逆転写酵素に相当する一本のバンドを示す。

これらの結果から、MVP-5180/91の逆転写酵素はHIV-1またはHIV-2の逆転写酵素よりも約3～約7キロダルトン小さい分子量を有すると結論することができる。MVP-5180の逆転写酵素は従ってHIV-1またはHIV-2の逆転写酵素よりも約4,500～約5,500ダルトン小さい分子量を示す。

20

【0020】

本発明によるウイルスMVP-5180/91を用いた場合、抗-env抗体は免疫不全の徴候を示すドイツの患者の血清中にはほんの弱くに検出され得るにすぎないが、本発明によるウイルスに代えてHIV-1ウイルスを用いるとそれらの血清が強く反応することが見出された。この強力な検出反応はとりわけgp41タンパク質に局在した。それらの試験では、一方はドイツの患者に由来し、そして他方は免疫不全の徴候を示すアフリカの患者に由来する血清パネルを対比した。

30

前述の諸特徴が本発明によるMVP-5180/91に相当するようウイルス変異株を特徴付ける。従って、免疫不全徴候を示しそして好ましくはアフリカに由来する人々に由来するヘパリン加供血者血液から免疫不全ウイルスが単離されれば、この方法により本発明によるウイルスまたはその変異株を得ることができる。

【0021】

前述の性質を示すウイルスが単離されたのでcDNAのクローニングを次の方法により行うことができる：そのウイルスを相応の量（約1リットル）の培養液から沈殿させ、そしてホスフェート緩衝食塩水にとる。次に（20％）サッカロースーパッドを通してペレット化を行う。そのウイルスペレットは、20mMジチオトレイトールおよび0.5%Nonidet p40中の6Mグアニジニウムクロライド中に懸濁することができる。CsClを2M濃度になるまで添加しそしてその破碎されたウイルスを含有する溶液を塩化セシウムパッドに適用する。次いでウイルスRNAを遠心分離によりペレット化し、溶解し、フェノール抽出し、そしてエタノールおよび塩化リチウムを用いて沈殿させる。オリゴ（T）プライマーを用いて第一cDNA鎖の合成をウイルスRNAまたはその一部で行う。逆転写酵素を添加しての合成は購入により入手されるキットを用いて行うことができる。第二鎖の合成にはRNA/DNAハイブリッドのRNA鎖をRNエースHで希釈しそして大腸菌（E. coli）DNAポリメラーゼIを用いて合成される。次いでT4 DNAポリメラーゼ平滑末端を作ることができ、そしてこれを制限切断部位に適したリンカーと結合させる。適切な制限エンドヌクレアーゼによる制限消化の後、cDNA断片をアガロースゲルから単離し、そして予め適切な方法で切断されたベクターに結合する。cDNA-インサー

40

50

トを有するそのベクターを次いでコンピテント大腸菌細胞の形質転換に用いることができる。得られたコロニーを次いで膜に移動し、溶菌させそして変性させ、そして最後にハイブリダイゼーションにより、ジゴキシゲニンまたはビオチンで標識された核酸と結合させる。相当する cDNA の遺伝子工学的調製後、レトロウイルスに由来する目的とする DNA 断片の単離が可能である。適切な発現ベクター中でこの断片を構築することにより、次いで目的とするタンパク質またはタンパク質断片を発現させ、そして診断テストに適用することができる。

【0022】

前述の方法とは別の選択肢として、免疫不全ウイルスを PCR 法を用いてクローン化でき、その際前述のプライマーを用いることができる。

10

様々なウイルス単離物の間の類似性を核酸またはタンパク質配列の相同度により絞り出すことができる。例えば 50% 相同性は配列中の 100 のヌクレオチドまたはアミノ酸一位のうち 50 が一致することを意味している。タンパク質の相同性は配列分析により決定される。相同 DNA 配列はハイブリダイゼーション法によっても調べることができる。

【0023】

本発明によれば、まず外被タンパク質の一部について配列決定がされたところ、この配列が HIV 型のウイルスの相当する配列に対して比較的わずかな相同性しか示さないことが確認された。特に gp41 領域に関しては、データバンクを利用して行われた HIV-配列との比較によって高々 66% (核酸配列) の相同性が見出されたにすぎない。

更に、gp41 をコードする領域も配列決定された。この配列を第 1 表または第 3 表に示す。

20

【0024】

従って本発明の主題は、第 1 表および／または第 3 表のヌクレオチド配列に関し、本発明による HIV ウイルス、MVP 5180/91 に対して 66% 以上、好ましくは 75% 以上、そして特に好ましくは 85% 以上の相同性を示すようなウイルスである。

更に本発明の主題は、少なくとも 50、好ましくは 100、ヌクレオチド長の第 3 表に記載の核酸配列の部分配列に対して 66% 以上、好ましくは 75% 以上、そして特に好ましくは 85% 以上の相同性を示すようなウイルスである。これは、少なくとも 16、そして好ましくは 33、のアミノ酸のアミノ酸長に相当する。

【0025】

30

本発明によるウイルスはその配列によって従来より知られるウイルスとは区別される。従って本発明の主題は、相同度により相違度を確認した場合に本発明によるウイルスの配列に広範に対応するようなウイルスおよび相当する核酸またはアミノ酸配列である。従って例えば 85% 以上の相同性は、100 のヌクレオチドまたはアミノ酸のうち少なくとも 85 において同じヌクレオチドまたはアミノ酸を示し残りは異なってもよいような配列が包含されることを意味する。相同性を確認するにあたって、両配列はできるだけ多くの相互に対応するヌクレオチドまたはアミノ酸が相互に一致するように対応される。

【0026】

本発明によるウイルスの DNA 配列として記載された (ほぼ) 完全な配列を第 7 表に示す。ここで本発明の主題は第 7 表による配列を示すウイルス、および第 7 表の配列に対し高い相同性を示すそれらの変異株、およびそれらより導かれる、診断的に使用できるかまたは接種素として通用できるタンパク質、ポリペプチドおよびオリゴペプチドである。

40

【0027】

単離された配列に基づき免疫支配エピートプ (ペプチド) を調製し (konfektioniert) 合成することができる。ウイルスの核酸配列がわかっているので当業者はそれよりアミノ酸配列を導くことができる。アミノ酸配列の部分領域を第 3 表に記述する。従って本発明の主題は、第 7 表または第 4 表に開示された情報を用いて調製することができる抗原、すなわちタンパク質、オリゴペプチドまたはポリペプチドでもある。これらの抗原、タンパク質、ポリペプチドおよびオリゴペプチドは、第 7 表から導き得る、または第 3 表に記載されているアミノ酸配列を示す。それら抗原またはペプチドは第 3 表に記載されているか

50

または第7表より導き得るアミノ酸配列の比較的短い部分配列を示すことができる。このアミノ酸配列は、少なくとも6アミノ酸長、好ましくは少なくとも10アミノ酸長、そして特に好ましくは15アミノ酸長である。これらのペプチドは組換え法によるだけでなく合成法によって調製することもできる。適当な調製方法の一つはMerrifield型の固相合成である。この方法の更なる記述および他の従来技術として知られる方法は文献、例えばM. Bodansky, et al., Peptide Synthesis, John Weeley & Sons, 第二版, 1976にみることができる。

【0028】

診断テストにおいては、検査すべき人の血清検体をMVP-5180/91に由来する一以上のタンパク質または糖タンパク質（それらは真核細胞系統において発現させることができる）のタンパク鎖またはその一部と混合する。好ましいテスト方法には免疫蛍光または免疫酵素テスト法（例えばELISA、イムノブロット）が包含される。

10

免疫酵素テスト（ELISA）においては、例えばMVP-5180/91またはその変異株に由来する抗原をマイクロタイタープレートの壁面に結合することができる。その際に用いられる用量はテストシステムおよびマイクロタイタープレートの操法に本質的に依存する。次いで検査すべき人に由来する血清または血清希釈液をそのマイクロタイタープレートの穴に添加する。一定のインキュベーション時間の後、そのプレートを洗浄する。特異免疫複合体は、ヒト免疫グロブリンに特異的に結合しそして予め酵素例えば西洋わさびペルオキシダーゼ、アルカリ性ホスファターゼなどに結合しておいた抗体により、あるいは酵素標識抗原を用いて検出される。この酵素は無色基質を強く発色した生成物に変えることができ、次いでその色の強さで特異抗-HIV-抗体の存在を読み取ることができる。テストシステムにおける本発明ウイルス利用のもう一つの可能性はウェスタンブロットへの利用である。

20

【0029】

たとえ、免疫不全疾患に対する接種素の調製が極端に困難であるとわかっていても、このウイルスまたはその一部、すなわち免疫支配エピトープおよび細胞性免疫のインデューサー、あるいは遺伝子工学的に調製された抗原は接種素の開発および調製に用いることができる。

【実施例】

【0030】

30

実施例1

本発明による免疫不全ウイルスMVP-5180/91を免疫不全徴候を伴う女性患者の血液から単離した。そのために、HIVに感染していない供血者の血液からの末梢リンパ球（peripheral blood lymphocytes, PBL）および末梢単核細胞（末梢血リンパ球、PBL）を植物性血球凝集素（フィトヘマグルチニン）で刺激しそして培養液に保った。そのために、10%牛胎仔血清含有の普通培地RPMI 1640を用いた。培養条件はLanday A. et al., J. Inf. Dis., 161 (1990) pp. 706-710、に記載されている。次いで巨細胞（Reisenzellen）の形成を顕微鏡観察した。HIVウイルスの生産をAbbott社から購入できるテストを用いたp24-抗原の測定により測定した。ウイルス増殖測定のためのもう一つのテストは粒子結合逆転写酵素を用いたテストであった（Eberle J., Seibl R., J. Virol. Methods 40, 1992, pp. 347-356）。すなわち、ウイルス生産を監視するためにウイルス増殖を培養上清中の酵素活性に基づいて週1~2回測定した。1週間に1回新たな供血者リンパ球を添加した。

40

【0031】

HIVウイルス増殖が確認できた後、HIVで感染されていない健常供血者の血液からの新鮮末梢リンパ球（PBL）を初代培養液上清で感染させた。この段階を反復した後その上清でH9またはHUT78細胞を感染させた。この方法により免疫不全ウイルスの永続的生産が可能であった。そのウイルスはECCCにNo. V 920 92 318の番号で寄託された。

【0032】

50

実施例 2

H I V 感染の検出には、現在のところいわゆるウェスタンブロットまたはイムノブロットが標準的方法である。J. Virol. Meth. 15 (1987) pp. 11-23にGuertlerらが記載している手順に従って様々な血清を検査した。その際に、ドイツの患者の血清をアフリカの患者から得られた血清と対比させた。その際に得られた結果は次のとおりであった。

ウイルス型：ドイツの患者から単離されたH I V－1 ウイルス

ドイツの血清 強い反応

アフリカの血清 g p 4 1 と強い反応

ウイルス型：M V P－5 1 8 0／9 1

ドイツの血清 g p 4 1 と無反応乃至弱い反応

アフリカの血清 強い反応

10

【0033】

前述の結果は、ドイツの患者から単離されたH I V－1 型ウイルスをH I V－感染の検出に用いる場合、患者が本発明によるM V P－5 1 8 0／9 1 に相当するウイルスに感染しているときは、一義的結果は多分全く得られないことを示している。さらにそれによって、本発明によるウイルスを用いればゲノム全体に関し少くとも約85%相同性を本発明ウイルスに対して示すようなウイルスを検出できると結論される。

【0034】

実施例 3

実施例 2 に記載の手順に従ってさらなるウェスタンブロットを行った。その結果を添付した図 3 に示す。このテストでは、本発明による免疫不全ウイルスM V P－5 1 8 0／9 1 のウイルスタンパク質、およびH I V－1 型ウイルス (M V P－8 9 9) のウイルスタンパク質をそれぞれ、ゲル電気泳動分離した後セルロースフィルターに移した。これらフィルター片を様々な患者の血清と共にインキュベートした後特異抗体を呈色反応により視認できるようにした。M V P－5 1 8 0 の標題のある図の左半分は本発明による免疫不全ウイルスを示す。図の右半分は、H I V－1 ウイルスに関係する、ドイツの供血者から単離されたウイルス (M V P－8 9 9) を示す。

20

それら個々のフィルター片を今度は様々な患者の血清と共にインキュベートした。図 3 からわかるように、それぞれ同じ (ドイツの患者の) 血清を各々 2 つのフィルター片と反応させた。8 と 2 6 ; 9 と 2 7 ; 1 0 と 2 8 ; 1 1 と 2 9 ; 1 3 と 3 0 ; 1 3 と 3 1 ; 1 4 と 3 2 ; 1 5 と 3 3 および 1 6 と 3 4 の番号は同じ血清を表示している。1 7 および 1 8 番のウェスタンブロットでは、アフリカの患者の血清を適用した。右側余白の数値は概ねの分子量を 1 0 0 0 (K D) 単位で記述したものである。

30

【0035】

図 3 は、本発明による免疫不全ウイルスを有するドイツの患者の血清がウェスタンブロットにおいて g p 4 1 とは極めて弱くしか反応しないことを明らかに示している。これに対し、アフリカの患者の血清は本発明による免疫不全ウイルスと極めて強く反応する。従って図 3 は、本発明による免疫不全ウイルスを用いればH I V－1 またはH I V－2 ウイルスを用いた場合には不確かな、すなわち一義的でない陽性結果しか得られないような免疫不全感染を検出できることを明らかにしている。この検出可能性は遠大な診断上の意義を有し得る。何故ならば、ウェスタンブロットで不確かな結果しか得られない場合は、免疫不全ウイルスによる感染が関係しているかどうかを明確な確実さをもって確認することができないからである。しかしながら本発明による免疫不全ウイルスを用いてかかる不確かな結果が本発明によるタイプのウイルスによる感染と関連させることができるところ、これは診断上大変な進歩である。

40

【0036】

実施例 4

H I V－単離物M V P－5 1 8 0／9 1 のゲノム断片のD N A単離、増幅および構造的特徴評価

M V P－5 1 8 0／9 1 に感染させたH U T 7 8 細胞よりのゲノムD N Aを標準的方法

50

により単離した。

単離物MVP-5180/91のゲノム領域の特徴評価をするためにPCR（ポリメラーゼ連鎖反応）実験を外被タンパク質領域gp41からのプライマー対を用いて行った。そのPCR実験の実施は次の改変を加えたSaikiら（Saiki et al., Science 239: 487-491, 1988）の方法により行った：HIV-特異的DNA領域を増幅するために、MVP-5180/91に感染させたHUT78細胞からの5 μ lのゲノムDNAを100 μ lの反応混合物（0.25 mM dNTP、各1 μ Mのプライマー1およびプライマー2、10 mM Tris HCl pH8.3、50 mM KCl、1.5 mM MgCl₂、0.001%ゼラチン、2.5単位のTaqポリメラーゼ（Perkin Elmer社））にピペットで取り、そして次の温度プログラムに従って増幅した：1. 初期変性：3分95℃、2. 増幅：90秒94℃、60秒56℃、90秒72℃（30サイクル）。 10

【0037】

前記PCRおよびヌクレオチド配列決定に用いたプライマーはBioResearch社のオリゴヌクレオチド合成装置8750で合成された。

プライマー1：AGC AGC AGG AAG CAC TAT GG

（HIV単離物HXB2からの座標（コーディネート）：塩基7795-7814、プライマーsk68に相当）

プライマー2：GAG TTT TCC AGA GCA ACC CC

（HIV1単離物HXB2からの座標：塩基8003-8022、プライマー env bに相当）。 20

【0038】

増幅したDNAを3%“Nusieve”アガロースゲル（Biozyme社）で分離し、増幅した断片を切り取りそして等容の緩衝液（1×TBE（0.09 M Trisボレート、0.002 M EDTA、pH8.0）と混合した。そのDNA-アガロースゲル混合物を70℃で10分間インキュベートし、次いでフェノール抽出した後、そのDNAを水性相から1/10容の3 M NaAc（pH5.5）および2容のエタノールを添加することにより-20℃で15分間沈殿させ、次いで遠心分離機（Eppendorf社）でペレット化した（13000 rpm、10分、4℃）。ペレット化したDNAを乾燥し、水にとり、そして分光光度計（Beckman社）において260 nmでのDNA濃度を光度計測定した後、Sanger（F. Sanger, Proc. Natl. Acad. Sci., 74: 5463, 1977）の方法により配列決定した。Klenow DNAポリメラーゼを用いた配列決定に代えてApplied Biosystems社のキット（“Taq Dye Deoxy Terminator Cycle Sequencing”、注文番号（Best.-Nr.）：401150）を用いて配列決定反応を行った。プライマーとしては別々の配列決定反応にプライマー1またはプライマー2（各1 μ M）を適用した。配列決定反応系の分析はDNA配列決定装置373A（Applied Biosystems社）で、装置製造元の指示に従って行われた。 30

増幅されたDNA領域のヌクレオチド配列およびそれより導かれたアミノ酸配列を第1表に示す。

【0039】

【表 1】

第 1 表

```

GCGCAGCGGCAACAGCGCTGACGGTACGGACCCACAGTGTACTGAAGGGTATAGTGCAAC
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
CGCGTCGCCGTTGTTCGCGACTGCCATGCCTGGGTGTACATGACTTCCCATATCACGTTG

  A  A  A  T  A  L  T  V  R  T  H  S  V  L  K  G  I  V  Q  Q

AGCAGGACAACCTGCTGAGAGCGATACAGGCCAGCAACACTTGCTGAGGTTATCTGTAT
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
TCGTCTGTTGGACGACTCTCGCTATGTCCGGGTCGTTGTGAACGACTCCAATAGACATA

  Q  D  N  L  L  R  A  I  Q  A  Q  Q  H  L  L  R  L  S  V  W

GGGGTATTAGACAACTCCGAGCTCGCCTGCAAGCCTTAGAAACCCTTATACAGAAATCAGC
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
CCCCATAATCTGTTGAGGCTCGAGCGGACGTTTCGGAATCTTTGGGAATATGTCTTAGTTCG

  G  I  R  Q  L  R  A  R  L  Q  A  L  E  T  L  I  Q  N  Q  Q

AACGCCTAAACCTAT
-----+----- 195
TTGCGGATTTGGATA

  R  L  N  L  -

```

10

20

【0040】

実施例 5

確認された第 1 表記載のヌクレオチド配列の相同配列を G E N E B A N K データバンク (リリース 7 2、1992 年 6 月) で G C G-コンピュータープログラム (Genetic Computer Group, Inc. 社、米国ウイスコンシン州、バージョン 7.1、1992 年 3 月) を用

30

いて調べた。このデータバンクには 1992 年 7 月までに知られた、ヒト起源の免疫不全ウイルスのおよび霊長類からの単離物のヌクレオチド配列のほとんどが含まれている。

【0041】

第 1 表のヌクレオチド配列は最良の場合にはチンパンジーからの単離物に対し 66% の相同性を示す。H I V 1 単離物に対して、M V P 5 1 8 0 / 9 1 は調べた DNA 配列において最良の場合に 64% 相同である。H I V 2 単離物に対し第 1 表の DNA は 56% 相同である。チンパンジーからの単離物の外には第 1 表のヌクレオチド配列と霊長類からの単離物 (S I V : サル免疫不全ウイルス) からの DNA 断片の間の最良の相同性は、単離物 S I V (アフリカ産オナガザル) T Y O-1 の外被タンパク質の部分領域をコードする DNA 配列に存在する。その相同性は 61.5% である。

40

【0042】

実施例 6

確認された第 1 表に記載のアミノ酸配列の相同配列を S W I S S P R O T タンパク質データベース (リリース 2 2、1992 年 6 月) において G C G-コンピュータープログラムを用いて調べた。このデータバンクには 1992 年 6 月までに知られた、ヒト起源の免疫不全ウイルスのおよび霊長類からの単離物のタンパク質配列のほとんどが含まれている。

【0043】

第 1 表記載のアミノ酸配列は前述のチンパンジーからの単離物の外被タンパク質断片に対し最良の場合 62.5% 相同である。H I V 1-外被タンパク質の下では、第 1 表のア

50

ミノ酸配列との最良の相同性は単離物H I V 1 M a lに認められる。その相同性は59%である。H I V 2-外被タンパク質に対しては第1表のアミノ酸配列との相同性は最良の場合52%（単離物H I V 2 R o d）である。H I V 1およびH I V 2-単離物も最良の場合対応するタンパク質断片においてわずか64%が一致するに過ぎないことから、単離物M V P-5180/91の場合はH I V 1およびH I V 2とは明らかに構造的に区別され従ってそれらから独立したH I V ウイルス群の代表であるH I V 変異株が関係していると思われる。

【0044】

H I V 単離物M V P-5180/91の増幅されたDNA領域のアミノ酸配列（第1表）は、H I V 1の外被タンパク質の免疫診断的に重要な領域（アミノ酸584-618＊）とオーバーラップする（第2表）（Gnann et al., J. Inf. Dis. 156:261-267, 1987; Norrby et al., Nature, 329:248-250, 1987）。

10

H I V 2およびS I Vの外被タンパク質の対応するアミノ酸領域も同様に免疫診断的に保存されている（Gnann et al., Science, pp. 1346-1349, 1987）。従ってH I V 1およびH I V 2のこの外被タンパク質領域からのペプチドは多くの商業的に入手し得るH I V 1/2抗体スクリーニングテストに固相抗原として適用される。それによって約99%の抗H I V 1および抗H I V 2陽性血清を捕捉することができる。

【0045】

M V P-5180/91-外被タンパク質のアミノ酸領域（第1表）は、g p 41の免疫診断的に重要な領域とオーバーラップしていることから、血清診断的に重要であり得る。特に、H I V 感染した患者の抗血清が商業的に入手される抗体スクリーニングテストのいずれとも陽性に反応しない場合にはそうである。これらの場合には、M V P-5180/91と密接な関係にあるウイルスによる感染が存在し得る。

20

【0046】

【表2】

第 2 表

.....RILAVERYLKDQQLLGIWGC SGKLICTTAVPWNAS
|: |:| :.: :|| |.:
WGIRQLRRLQALETLIQNQQRLNL.....

30

【0047】

実施例7

（g p 41をコードする）H I V 単離物M V P-5180/91のゲノム診断のDNA単離、増幅および構造的特徴評価

M V P-5180/91に感染したH U T 78細胞からのゲノムDNAを前述の如く単離した。

単離物M V P-5180/91のゲノム領域の特徴評価を行うために、外被タンパク質領域g p 41からのプライマー対を用いてP C R（ポリメラーゼ連鎖反応）実験を行った。P C R（Saiki et al., Science 239:487-491, 1988）および逆P C R（Triglia et al., Nucl. Acids, Res. 16:8186, 1988）は次の改変を加えて行われた：

40

【0048】

1. P C R

H I V-特異的DNA領域を増幅するために、M V P-5180/91に感染させたH U T 78細胞からの5 μ l（218 μ g/ml）のゲノムDNAを100 μ lの反応混合物（0.25 mM d N T P、各1 μ Mのプライマー163 envおよびプライマーenvend、10 mM Tris H C l（pH 8.3）、50 mM K C l、1.5 mM M g C l₂、0.001%ゼラチン、2.5単位のT a q ポリメラーゼ（Perkin Elmer社））にピペットでとりそして次の温

50

度プログラムに従って増殖した：1. 初期変性：3分間95℃、2. 増幅：90秒間94℃、60秒間56℃、90秒間72℃（30サイクル）。

【0049】

2. gp41の5'領域（N-末端）およびgp120の3'配列を“逆PCR”により増幅した。そのために、MVP-5180/91に感染させたHUT78細胞からの100μlのゲノムDNA調製物（218μg/ml）を10単位の制限エンドヌクレアーゼSau3aを含む200μlの最終容量中37℃で1時間消化した。そのDNAを次にフェノール処理し、そして酢酸ナトリウム（最終濃度300mM）および2.5容エタノールを用いて-70℃で10分間沈殿させ、エッペンドルフ遠心分離機で遠心分離し、そしてそのペレットを乾燥しそして890μlの蒸留水に再懸濁した。100μlのリガーゼ緩衝液（50mM Tris HCl、pH7.8、10mM MgCl₂、10mM DTT、1mM ATP、25μg/ml牛血清アルブミン）および10μlのT4 DNA-リガーゼ（Boehringer社、マンハイム）を添加した後、それらDNA断片を室温で3時間結合し、改めてフェノール処理し、そして前述の如く酢酸ナトリウムおよびエタノールを用いて沈殿させた。遠心分離および乾燥後、そのDNAを40μlの蒸留水に再懸濁し、そして10単位の制限エンドヌクレアーゼSac I（Boehringer社、マンハイム）を用いて1時間消化した。次に5μlのこの混合物を“1. PCR”に記載の如くPCR実験に適用した。プライマー163 envおよびenvendに代えてプライマー168；および169；を逆PCRに用いた。

【0050】

それらプライマー163 env、168；および169；は、HIV-単離物MVP-5180のすでに確認されている部分配列から選択した（実施例4）。

PCR/逆PCRおよびヌクレオチド配列決定に用いられたプライマーはBioResearch社のオリゴヌクレオチド合成装置8750で合成したところ、該プライマーは次の配列を示す：

プライマー163 env： 5' CAG AAT CAG CAA CGC CTA AAC C 3'

プライマーenvend： 5' GCC CTG TCT TAT TCT TCT AGG 3'

（HIV1単離物BH10での位置：塩基8129-8109）

プライマー168 i： 5' GCC TGC AAG CCT TAG AAA CC 3'

プライマー169 i： 5' GCA CTA TAC CCT TCA GTA CAC TG 3'

【0051】

増幅されたDNAを3%“Nusieve”-アガロースゲル（Biozyme社）で分離し、増幅された断片を切り取りそして等容の緩衝液（1×TBE（0.09M Trisボレート、0.002M EDTA、pH8.0）と混合した。そのDNA-アガロースゲル混合物を70℃で10分間インキュベーションし次いでフェノール抽出した後、DNAを水性相から1/10容の3M NaAc、pH5.5および2容のエタノールを用いて-20℃で15分間沈殿させ、次いでエッペンドルフ遠心分離機でペレット化した（13000rpm、10分間、4℃）。そのペレット化されたDNAを乾燥し、水にとり、そして分光光度計（Beckman社）により260nmでのDNA濃度を光度計測定した後、Sanger（F. Sanger, Proc. Natl. Acad. Sci., 74:5463, 1977）の方法に従って配列決定した。Klenow DNAポリメラーゼを用いた配列決定に代えてApplied Biosystems社のキット（“Taq Dye Deoxy Terminator Cycle Sequencing”、注文番号：401150）を用いて配列決定反応を行った。プライマーとしては別々の配列決定反応にプライマー163 envまたはプライマーenvend（各1μM）を適用した。この逆PCR実験で増幅されたDNAをプライマー168；および169；を用いて配列決定した。配列決定反応の分析はDNA配列決定装置373A（Applied Biosystems社）で装置製造元の指示に従って行われた。

増幅されたDNA領域のヌクレオチド配列およびそれより導かれたアミノ酸配列を第3表に示す。

【0052】

【表 3】

第 3 表

1	AAATGTCAAGACCAATAATAAACATTACACCCCTCACAGGGAAAAAGAGCAGTAGGAT -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ TTTACAGTTCTGGTTATTATTTGTAAGTGTGGGGAGTGTCCCTTTTTTCTCGTCATCCTA	60	
	M S R P I I N I H T P H R E K R A V G L gp120←-----→gp41		
61	TGGGAATGCTATTCTTGGGGGTGCTAAGTGCAGCAGGTAGCACTATGGGCGCAGCGGCAA -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ ACCCTTACGATAAGAACCCCCACGATTACGTCGTCATCGTGATACCCGCGTCGCCGTT	120	10
	G M L F L G V L S A A G S T M G A A A T		
121	CAGCGCTGACGGTACGGACCCACAGTGTACTGAAGGGTATAGTGCAACAGCAGGACAACC -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ GTCGCGACTGCCATGCCTGGGTGTCACATGACTTCCCATATCACGTTGTCGTCTGTGG	180	
	A L T V R T H S V L K G I V Q Q Q D N L		
181	TGCTGAGAGCGATACAGGCCCAGCAACACTTGCTGAGGTTATCTGTATGGGGTATTAGAC -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ ACGACTCTCGCTATGTCCGGGTCGTTGTGAACGACTCCAATAGACATACCCCATAACTCTG	240	
	L R A I Q A Q Q H L L R L S V W G I R Q		20
241	AACTCCGAGCTCGCCTGCAAGCCTTAGAAACCCTTATACAGAATCAGCAACGCCTAAACC -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ TTGAGGCTCGAGCGGACGTTCCGAATCTTTGGGAATATGTCCTTAGTCGTTGCGGATTGG	300	
	L R A R L Q A L E T L I Q N Q Q R L N L		
301	TATGGGGCTGTAAAGGAAAACTAATCTGTTACACATCAGTAAAATGGAACACATCATGGT -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ ATACCCCGACATTTCCCTTTTGATTAGACAATGTGTAGTCATTTTACCTTGTGTAGTACCA	360	
	W G C K G K L I C Y T S V K W N T S W S		
361	CAGGAGGATATAATGATGACAGTATTTGGGACAACCTTACATGGCAGCAATGGGACCAAC -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ GTCCTCCTATATTACTACTGTCATAAACCTGTTGGAATGTACCGTCGTTACCCTGGTTG	420	30
	G G Y N D D S I W D N L T W Q Q W D Q H		
421	ACATAAACAATGTAAAGCTCCATTATATATGATGAAATACAAGCAGCACAAAGACCAACAGG -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ TGTATTTGTTACATTCGAGGTAATATATACTACTTTATGTTTCGTGTTCTGGTTGTCC	480	
	I N N V S S I I Y D E I Q A A Q D Q Q E		
481	AAAAGAATGTAAAAGCATTGTTGGAGCTAGATGAATGGGCCTCTCTTTGGAATTGTTTG -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ TTTTCTTACATTTTCGTAACAACCTCGATCTACTTACCCGAGAGAAACCTTAACCAAAC	540	40
	K N V K A L L E L D E W A S L W N W F D		
541	ACATAACTAAATGGTTGTGGTATATAAAAAATAGCTATAATCATAGTGGGAGCACTAATAG -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ TGTATTGATTTACCAACACCATATATTTTTATCGATATTAGTATCACCTCGTGATTATC	600	
	I T K W L W Y I K I A I I I V G A L I G		

【0053】

第 3 表 (続き)

【 0 0 5 4 】

確認された第3表記載のヌクレオチド配列の相同配列をGENEBANK-データベース（リリース72、1992年6月）においてGCG-コンピュータープログラム（Genetic Computer Group, Inc.社、米国ウイスクンシン州、バージョン7.1、1992年3月）を用いて調べた。このデータベースには1992年7月までに知られた、ヒト起源の免疫不全ウイルスのおよび霊長類からの単離物のヌクレオチド配列のほとんどが含まれている。

第3表のヌクレオチド配列から導かれるアミノ酸配列の相同配列をSWISSPROTタンパク質データバンク(リリース22、1992年6月)においてGCG-コンピュータプログラムを用いて調べた。このデータバンクには1992年6月までに知られた、

ヒト起源の免疫不全ウイルスのおよび霊長類からの単離物のタンパク質配列のほとんどが含まれている。

【0055】

第3表記載のアミノ酸配列はチンパンジーからの単離物C I V (SIVcpz) の相当する外被タンパク質断片に対し最良の場合54%相同であり、そしてH I V 1単離物M a l に対して54.5%相同である。H I V 2—外被タンパク質に対する第3表記載のアミノ酸配列の相同性は最良の場合34% (単離物H I V 2 D 1 9 4) である。

それに対し、H I V 1のg p 4 1—アミノ酸配列をSWISSRPOT—データベースに存在するH I V 1 g p—4 1配列と比較すると期待されたとおり最良の場合ほぼ100%の相同性、そして最悪の場合に78%の相同性が得られる。

10

第3表記載の配列領域とH I V 1およびH I V 2の対応する断片との間にこのような明らかな構造的相違があることから、単離物M V P—5 1 8 0 / 9 1の場合は、H I V 1およびH I V 2とは明らかに構造的に区別されるH I V変異株が関係していると思われる。おそらくM V P—5 1 8 0 / 9 1はH I V 1およびH I V 2とは区別される特別なH I Vウイルス群に帰属すると思われる。

【0056】

H I V 1—外被タンパク質領域のアミノ酸584—618のペプチドは血清診断的に特に重要である (番号付けは次による: Wain Hobson et al., Cell 40: 9-17, 1985, Gnann et al., J. Inf. Dis. 156: 261-267, 1987; Norrby et al., Nature, 329: 248-250, 1987)。H I V 2およびS I Vの外被タンパク質の相当するアミノ酸領域も同じく免疫診断的に保存されている (Gnann et al., Science, pp. 1346-1349, 1987)。従ってH I V 1およびH I V 2のこの外被タンパク質領域からのペプチドは多くの商業的に入手し得るH I V 1/2抗体スクリーニングテストに固相抗原として適用される。それによって約99%の抗—H I V 1および抗—H I V 2陽性血清を捕捉することができる。

20

M V P—5 1 8 0 / 9 1外被タンパク質の相当するアミノ酸領域 (第4表) およびこの単離物のg p 4 1全体は、H I V感染患者の抗血清が商業的に入手される抗体スクリーニングテストにおいてほんの弱くしかあるいはそもそも全く反応しない場合に特に血清診断的に重要であり得る。これらの場合には、M V P—5 1 8 0 / 9 1と密接な関係にあるウイルスによる感染が存在し得る。

【0057】

30

【表5】

第 4 表

1 RILAVERYLKDQQLLGIWGC SGKLICTTAVPWNAS

2 LQ L TLIQN R NL K Y S K T

1 g p 4 1由来のH I V 1アミノ酸配列

40

2 g p 4 1由来のM V P—5 1 8 0配列。H I V 1配列と相違して
いるところだけが記されている。

【0058】

M V P 5 1 8 0に由来する情報を用いて確認されたペプチドは従って次のアミノ酸配列を有する: R L Q A L E T L I Q N Q Q R L N L W G C K G K L I C Y T S V K W N T S。

従って本発明の主題は、組換えまたは合成により調製することかでき、そして前述の配列または、少なくとも6個の連続するアミノ酸、好ましくは9個そして特に好ましくは12

50

個の連続するアミノ酸を示す部分配列を示すペプチドである。

【0059】

実施例9

HIV単離物MVP5180の全ゲノムのクローニング

a) ゲノムライブラリーの調製

MVP5180感染HUT78細胞由来のゲノムDNAを前述の如く単離した。

300 μ gのこのDNAを770 μ lの容量として0.24 Uの制限酵素Sau3Aと共に45分間インキュベートした。それによって部分的にのみ切断されたDNAを次いで0.7%アガロース（低融点アガロース、Nusieve）でサイズ分画し、そして10 kbと21 kbの間の断片を切り取った。そのアガロースを70℃で10分間溶融し、そして等容の緩衝液（1×TBE、0.2 M NaCl）と混合した。次いでフェノールで2回、そしてクロロホルムで1回抽出した後、1/10容の3 M酢酸ナトリウム溶液（pH 5.9）および2.5容のエタノールの添加により-70℃で10分間DNAを沈殿させた。沈殿したDNAを遠心分離し、乾燥しそして1 μ g/ μ l濃度で水に溶解した。

10

【0060】

サイズ分画されたDNAの収量は約60 μ gであった。5 μ gのこのDNAを1 Uアルカリ性ホスファターゼと共に相当する緩衝液中、37℃で20分間インキュベートした。5'-末端ホスフェート残基を分離することによってサイズ分画されたDNAの過度の多重な挿入を減少させた。そのホスファターゼ処理をフェノール処理により停止し、DNAを前述の如く沈殿させ、1 μ gのベクター（2 DASH、BamHI切断Stratagene No.: 247611）と、全容量を6 μ lとして2 Weiss単位のラムダT4リガーゼを用いて15℃で12時間結合した。結合が行われた後、そのDNAをパッキングキット（Gigapack II Gold, Stratagene No.: 247611）を用いて製造元の指示に正しく従ってファージ外被にパッキングした。

20

【0061】

b) DNAプローブの放射性標識

標識にはBoehringer Mannheim社の“ラムダ・プライムド・DNA・ラベリング・キット（Random Primed DNA Labeling Kit）”（No.: 713 023）を適用した。実施例3に記載の如くプライマー sk68およびenvbを用いて得られたPCR生成物を標識した。1 μ gのこのDNAを2×5分間煮沸した後氷水中で冷却することにより変性した。標識のために50 mCi [α -³²P]-dCTP（NEN, No.: NEX-053H）を添加した。その他の添加物質を製造元の指示に従ってピペットで添加した。37℃で30分間インキュベーションした後、放射性標識済みのDNAを沈殿させた。

30

【0062】

c) ファージライブラリーのスクリーニング

200 μ lの30℃で一夜培養した培養液（10 mM MgSO₄のほか0.2%マルトースを含有するLB培地中のSRB（P2）株〔Stratagene, No.: 247611〕）に、100 μ lのSM緩衝液（5.8 gのNaCl、2 gのMgSO₄、50 mlの1 M Tris、pH 7.5、および5 mlの2%ゼラチン溶液を1リットルのH₂Oに溶解）中の20000 pfu（プラーク形成単位）のライブラリーを添加し、ファージを20分間37℃で細菌に吸着させ、7.5 mlの55℃に冷却したTop-アガロースと混合しそして予め加温した直径14 cmのLB-寒天プレートで分別した。約8時間後にプラークが全面に及んだ。そこでプレートにニトロセルロースフィルターを数分間重ねそして非対称的マーキングを設けた。注意深く取り除いた後そのフィルターを2分間変性し（0.5 M NaOH、1.5 M NaCl）そして次に5分間中和した（0.5 M Tris、pH 8、1.5 M NaCl）。そのフィルターを次に80℃で60分間ベーキング後プローブとハイブリダイズさせることができた。

40

【0063】

プレハイブリダイゼーションを行うべき、そのフィルターをフィルター1枚あたり15 mlのハイブリダイゼーション溶液（50%ホルムアミド、0.5% SDS、5×SSPE、5×Denhardt溶液および0.1 mg/mlサケ精子DNA）中、42℃で振盪しながら2～

50

3時間インキュベートした。〔 ^{32}P 〕標識DNAプローブを2～5分間100℃で変性し、氷冷し、プレハイブリダイゼーション溶液を添加しそして12時間42℃でハイブリダイズした。次にそのフィルターを60℃で、まず2×SSC/0.1%SDSで、次に0.2×SSC/0.1%SDSで洗浄した。そのフィルターを乾燥後、ハイブリダイゼーションシグナルをレントゲンフィルムX-OMATTHAR (Kodak社)を用いて検出した。

あるシグナルを帰属させることができたプラークをSM緩衝液で溶出後さらなる希釈段階で分離した。

2×10⁶プラークのスクリーニング後、下記のクローンを確認することができた。

【0064】

d) ファージDNAの単離およびサブクロニング

10

SM緩衝液中のファージ溶出液10μlを用いて宿主株SRB(P2)の一夜培養物を、培養物の最初の濃密な増殖の後、約6～8時間後に溶解(Lyse)が行われるように感染させた。その溶解培養物から、9000gで2回10分間遠心分離することにより細胞残渣を分離した。次にファージを遠心分離(35000g、1時間)によりペレット化し、700μlの10mM MgSO₄にとり、そしてタンパク質中間相(インターフェーズ)がもはやみられなくなるまでフェノール処理した。そこでファージDNAを沈殿させ、制限酵素EcoRIで切断し、そしてそれによって得られたEcoRI断片をベクターBluescript KS⁻ (Stratagene, No.: 212208)にサブクロン化した。全部で4つのクローンが得られた:

【0065】

20

【表6】

第 5 表

プラスミド	最 初 ¹	最 後 ¹
pSP1	1	1785
pSP2	1786	5833
pSP3	5834	7415
pSP4	7660	9793

30

1) 下記の全配列に関して

【0066】

不足している塩基7416と7659の間の断片はプライマー157(CCA TAA TAT TCA GCA GAA CTA G)および226(GCT GAT TCT GTA TAA GGG)を用いたPCRにより得た。DNA鋳型としてはクローンのファージDNAを用いた。PCRの条件は次のとおりとした: 1) 初期変性: 94℃、3分間、2) 増幅: 1.5分間94℃、1分間56℃および1分間72℃(30サイクル)。

DNAの配列決定は実施例4に記載の如く行った。全ゲノムからその鎖のほかに対向鎖も配列決定した。すべてのEcoRI切断部位の場合に、クローンのファージDNAを鋳型として用いたPCRによって、サブクロン移行時点で各々単一のEcoRI切断部位が関係していることが確認された。

40

【0067】

【表 7】

第 6 表

MvP5180の全配列におけるウイルスタンパク質
GAG、POLおよびENVの遺伝子の位置

<u>遺伝子</u>	<u>開 始 ¹</u>	<u>停 止 ¹</u>
GAG	817	2310
POL	2073	5153
ENV	6260	8887

10

1) 数値はMvP5180／91の全配列における塩基位置

MvP5180／91の全配列は次の第7表に示されている。

【0068】

【表 8】

第7表 M v P 5180 の配列

1	CTGGATGGGT TAATTTACTC CCATAAGAGA GCAGAAATCC TGGATCTCTG	
51	GATATATCAC ACTCAGGGAT TCTTCCCTGA TTGGCAGTGT TACACACCGG	
101	GACCAGGACC TAGATTCCCA CTGACATTTG GATGGTTGTT TAAACTGGTA	
151	CCAGTGTCTAG CAGAAGAGGC AGAGAGACTG GGTAATACAA ATGAAGATGC	
201	TAGTCTTCTA CATCCAGCTT GTAATCATGG AGCTGAGGAT GCACACGGGG	10
251	AGATACTAAA ATGGCAGTTT GATAGATCAT TAGGCTTAAC ACATATAGCC	
301	CTGCAAAAGC ACCCAGAGCT CTTCCCCAAG TAACTGACAC TGCGGGACTT	
351	TCCAGACTGC TGACACTGCG GGGACTTTCC AGCGTGGGAG GGATAAGGGG	
401	CGGTTCGGGG AGTGGCTAAC CCTCAGATGC TGCATATAAG CAGCTGCTTT	
451	CCGCTTGCTAC CGGGTCTTAG TTAGAGGACC AGGTCTGAGC CCGGGAGCTC	
501	CCTGGCCTCT AGCTGAACCC GCTGCTTAAC GCTCAATAAA GCTTGCCTTG	
551	AGTGAGAAGC AGTGTGTGCT CATCTGTTCA ACCCTGGTGT CTAGAGATCC	20
601	CTCAGATCAC TTAGACTGAA GCAGAAAATC TCTAGCAGTG GCGCCCGAAC	
651	AGGGACGCGA AAGTGAAAGT GGAACCAGGG AAGAAAACCT CCGACGCAAC	
701	GGGCTCGGCT TAGCGGAGTG CACCTGCTAA GAGGCGAGAG GAACTCACAA	
751	GAGGGTGAGT AAATTTGCTG GCGGTGGCCA GACCTAGGGG AAGGGCGAAG	
801	TCCCTAGGGG AGGAAGATGG GTGCGAGAGC GTCTGTGTTG ACAGGGAGTA	
851	AATTGGATGC ATGGGAACGA ATTAGGTTAA GGCCAGGATC TAAAAAGGCA	30
901	TATAGGCTAA AACATTTAGT ATGGGCAAGC AGGGAGCTGG AAAGATACGC	
951	ATGTAATCCT GGTCTATTAG AAAGTGCAGA AGGTACTGAG CAACTGCTAC	
1001	AGCAGTTAGA GCCAGCTCTC AAGACAGGGT CAGAGGACCT GAAATCTCTC	
1051	TGGAACGCAA TAGCAGTACT CTGGTGCGTT CACAACAGAT TTGACATCCG	
1101	AGATACACAG CAGGCAATAC AAAAGTTAAA GGAAGTAATG GCAAGCAGGA	
1151	AGTCTGCAGA GGCCGCTAAG GAAGAAACAA GCCCTAGGCA GACAAGTCAA	
1201	AATTACCCTA TAGTAACAAA TGCACAGGGA CAAATGGTAC ATCAAGCCAT	40
1251	CTCCCCCAGG ACTTTAAATG CATGGGTAAA GGCAGTAGAA GAGAAGGCCT	
1301	TTAACCCTGA AATTATTCCT ATGTTTATGG CATTATCAGA AGGGGCTGTC	
1351	CCCTATGATA TCAATACCAT GCTGAATGCC ATAGGGGGAC ACCAAGGGGC	

【0069】

【表 9】

第 7 表 (続き)

1401	TTTACAAGTG	TTGAAGGAAG	TAATCAATGA	GGAAGCAGCA	GAATGGGATA
1451	GAACTCATCC	ACCAGCAATG	GGGCCGTTAC	CACCAGGGCA	GATAAGGGAA
1501	CCAACAGGAA	GTGACATTGC	TGGAACAAC	AGCACACAGC	AAGAGCAAAT
1551	TATATGGACT	ACTAGAGGGG	CTAACTCTAT	CCCAGTAGGA	GACATCTATA
1601	GAAAATGGAT	AGTGCTAGGA	CTAAACAAAA	TGGTAAAAAT	GTACAGTCCA
1651	GTGAGCATCT	TAGATATTAG	GCAGGGACCA	AAAGAACCAT	TCAGAGATTA
1701	TGTAGATCGG	TTTTACAAAA	CATTAAGAGC	TGAGCAAGCT	ACTCAAGAAG
1751	TAAAGAATTG	GATGACAGAA	ACCTTGCTTG	TTCAGAATTC	AAACCCAGAT
1801	TGTAAACAAA	TTCTGAAAGC	ATTAGGACCA	GAAGCTACTT	TAGAAGAAAT
1851	GATGGTAGCC	TGTCAAGGAG	TAGGAGGGCC	AACTCACAA	GCAAAAATAC
1901	TAGCAGAAGC	AATGGCTTCT	GCCCAGCAAG	ATTTAAAAGG	AGGATACACA
1951	GCAGTATTCA	TGCAAAGAGG	GCAGAATCCA	AATAGAAAAG	GGCCCATAAA
2001	ATGCTTCAAT	TGTGGAAAAG	AGGGACATAT	AGCAAAAAAC	TGTCGAGCAC
2051	CTAGAAAAAG	GGGTTGCTGG	AAATGTGGAC	AGGAAGGTCA	CCAAATGAAA
2101	GATTGCAAAA	ATGGAAGACA	GGCAAATTTT	TTAGGGAAGT	ACTGGCCTCC
2151	GGGGGGCACG	AGGCCAGGCA	ATTATGTGCA	GAAACAAGTG	TCCCCATCAG
2201	CCCCACCAAT	GGAGGAGGCA	GTGAAGGAAC	AAGAGAATCA	GAGTCAGAAG
2251	GGGGATCAGG	AAGAGCTGTA	CCCATTGCGC	TCCCTCAAAT	CCCTCTTTGG
2301	GACAGACCAA	TAGTCACAGC	AAAGGTTGGG	GGTCATCTAT	GTGAGGCTTT
2351	ACTGGATACA	GGGGCAGATG	ATACAGTATT	AAATAACATA	CAATTAGAAG
2401	GAAGATGGAC	ACCAAAAATG	ATAGGGGGTA	TAGGAGGCTT	TATAAAAGTA
2451	AAAGAGTATA	ACAATGTGAC	AGTAGAAGTA	CAAGGAAAGG	AAGTACAGGG
2501	AACAGTATTG	GTGGGACCTA	CTCCTGTAA	TATTCTTGGG	AGAAACATAT
2551	TGACAGGATT	AGGATGTACA	CTAAATTTCC	CTATAAGTCC	CATAGCCCCA
2601	GTGCCAGTAA	AGCTAAAACC	AGGAATGGAT	GGACCAAAAG	TAAAACAATG
2651	GCCCCTATCT	AGAGAGAAAA	TAGAAGCACT	AACTGCAATA	TGTCAAGAAA
2701	TGGAACAGGA	AGGAAAAATC	TCAAGAATAG	GACCTGAAAA	TCCTTATAAT
2751	ACACCTATTT	TTGCTATAAA	AAAGAAAGAT	AGCACTAAGT	GGAGAAAATT

10

20

30

40

【 0 0 7 0 】

【表 10】

第7表 (続き)

2801	GGTAGACTTC	AGAGAATTAA	ATAAAAGAAC	ACAAGATTTC	TGGGAGGTGC	
2851	AATTAGGTAT	TCCACATCCA	GGGGGTTTAA	AGCAAAGGCA	ATCTGTTACA	
2901	GTCTTAGATG	TAGGAGATGC	TTATTTCTCA	TGCCCTTTAG	ATCCAGACTT	
2951	TAGAAAATAC	ACTGCCTTCA	CTATTCCTAG	TGTGAACAAT	GAGACCCCGAG	
3001	GAGTAAGATA	CCAGTACAAT	GTCCTCCCGC	AAGGGTGGAA	AGGTTACCCA	10
3051	GCCATATTTT	AGAGTTCAAT	GACAAAGATT	CTAGATCCAT	TTAGAAAAAG	
3101	CAACCCAGAA	GTAGAAATTT	ATCAGTACAT	AGATGACTTA	TATGTAGGAT	
3151	CAGATTTACC	ATTGGCAGAA	CATAGAAAGA	GGGTCGAATT	GCTTAGGGAA	
3201	CATTTATATC	AGTGGGGATT	TACTACCCCT	GATAAAAAGC	ATCAGAAGGA	
3251	ACCTCCCTTT	TTATGGATGG	GATATGAGCT	CCACCCAGAC	AAGTGGACAG	
3301	TACAGCCCAT	CCAATTGCCT	GACAAAGAAG	TGTGGACAGT	AAATGATATA	
3351	CAAAAATTAG	TAGGAAAATT	AAATTGGGCA	AGTCAAATCT	ATCAAGGAAT	20
3401	TAGAGTAAAA	GAATTGTGCA	AGTTAATCAG	AGGAACCAAA	TCATTGACAG	
3451	AGGTAGTACC	TTTAAGTAAA	GAGGCAGAAC	TAGAATTAGA	AGAAAACAGA	
3501	GAAAAGCTAA	AAGAGCCAGT	ACATGGAGTA	TATTACCAGC	CTGACAAAGA	
3551	CTTGTGGGTT	AGTATTCAGA	AGCATGGAGA	AGGGCAATGG	ACTTACCAGG	
3601	TATATCAGGA	TGAACATAAG	AACCTTAAAA	CAGGAAAATA	TGCTAGGCAA	
3651	AAGGCCTCCC	ACACAAATGA	TATAAGACAA	TTGGCAGAAG	TAGTCCAGAA	30
3701	GGTGTCTCAA	GAAGCTATAG	TTATATGGGG	GAAATTACCT	AAATTCAGGC	
3751	TGCCAGTTAC	TAGAGAAACT	TGGGAAACTT	GGTGGGCAGA	ATATTGGCAG	
3801	GCCACCTGGA	TTCCTGAATG	GGAATTTGTC	AGCACACCCC	CATTGATCAA	
3851	ATTATGGTAC	CAGTTAGAAA	CAGAACCTAT	TGTAGGGGCA	GAAACCTTTT	
3901	ATGTAGATGG	AGCAGCTAAT	AGGAATACAA	AACTAGGAAA	GGCGGGATAT	
3951	GTTACAGAAC	AAGGAAAACA	GAACATAATA	AAGTTAGAAG	AGACAACCAA	
4001	TCAAAAGGCT	GAATTAATGG	CTGTATTAAT	AGCCTTGCAG	GATTCCAAGG	40
4051	AGCAAGTAAA	CATAGTAACA	GACTCACAAT	ATGTATTGGG	CATCATATCC	
4101	TCCCAACCAA	CACAGAGTGA	CTCCCCTATA	GTTCAGCAGA	TAATAGAGGA	
4151	ACTAACAAAA	AAGGAACGAG	TGTATCTTAC	ATGGGTTCCT	GCTCACAAAG	

【0071】

【表 1 1】

第7表 (続き)

4201	GCATAGGAGG	AAATGAAAAA	ATAGATAAAT	TAGTAAGCAA	AGACATTAGA
4251	AGAGTCCTGT	TCCTGGAAGG	AATAGATCAG	GCACAAGAAG	ATCATGAAAA
4301	ATATCATAGT	AATTGGAGAG	CATTAGCTAG	TGACTTTGGA	TTACCACCAA
4351	TAGTAGCCAA	GGAAATCATT	GCTAGTTGTC	CTAAATGCCA	TATAAAAGGG
4401	GAAGCAACGC	ATGGTCAAGT	AGACTACAGC	CCAGAGATAT	GGCAAATGGA
4451	TTGTACACAT	TTAGAAGGCA	AAATCATAAT	AGTTGCTGTC	CATGTAGCAA
4501	GTGACTTTAT	AGAAGCAGAG	GTGATACCAG	CAGAAACAGG	ACAGGAAACT
4551	GCCTATTTCC	TGTTAAAATT	AGCAGCAAGA	TGGCCTGTCA	AAGTAATACA
4601	TACAGACAAT	GGACCTAATT	TTACAAGTGC	AGCCATGAAA	GCTGCATGTT
4651	GGTGGACAGG	CATACAACAT	GAGTTTGGGA	TACCATATAA	TCCACAAAGT
4701	CAAGGAGTAG	TAGAAGCCAT	GAATAAAGAA	TTAAAATCTA	TTATACAGCA
4751	GGTGAGGGAC	CAAGCAGAGC	ATTTAAAAAC	AGCAGTACAA	ATGGCAGTCT
4801	TTGTTACAA	TTTTAAAAGA	AAAGGGGGGA	TTGGGGGGTA	CACTGCAGGG
4851	GAGAGACTAA	TAGACATACT	AGCATCACAA	ATACAAACAA	CAGAACTACA
4901	AAAACAAATT	TTAAAAATCA	ACAATTTTCG	GGTCTATTAC	AGAGATAGCA
4951	GAGACCCTAT	TTGGAAAGGA	CCGGCACAAAC	TCCTGTGGAA	AGGTGAGGGG
5001	GCAGTAGTCA	TACAAGATAA	AGGAGACATT	AAAGTGGTAC	CAAGAAGAAA
5051	GGCAAAAATA	ATCAGAGATT	ATGGAAAACA	GATGGCAGGT	ACTGATAGTA
5101	TGGCAAATAG	ACAGACAGAA	AGTGAAAGCA	TGGAACAGCC	TGGTGAAATA
5151	CCATAAATAC	ATGTCTAAGA	AGGCCGCGAA	CTGGCGTTAT	AGGCATCATT
5201	ATGAATCCAG	GAATCCAAAA	GTCAGTTCGG	CGGTGTATAT	TCCAGTAGCA
5251	GAAGCTGATA	TAGTGGTCAC	CACATATTGG	GGATTAATGC	CAGGGGAAAG
5301	AGAGGAACAC	TTGGGACATG	GGGTTAGTAT	AGAATGGCAA	TACAAGGAGT
5351	ATAAAACACA	GATTGATCCT	GAAACAGCAG	ACAGGATGAT	ACATCTGCAT
5401	TATTTACAT	GTTTTACAGA	ATCAGCAATC	AGGAAGGCCA	TTCTAGGGCA
5451	GAGAGTGCTG	ACCAAGTGTG	AATACCTGGC	AGGACATAGT	CAGGTAGGGA
5501	CACTACAATT	CTTAGCCTTG	AAAGCAGTAG	TGAAAGTAAA	AAGAAATAAG
5551	CCTCCCCTAC	CCAGTGTCCA	GAGATTAACA	GAAGATAGAT	GGAACAAGCC

10

20

30

40

【0 0 7 2】

【表 1 2】

第 7 表 (続き)

5601	CTGGAAAATC	AGGGACCAGC	TAGGGAGCCA	TTCAATGAAT	GGACACTAGA
5651	GCTCCTGGAA	GAGCTGAAAG	AAGAAGCAGT	AAGACATTTT	CCTAGGCCTT
5701	GGTTACAAGC	CTGTGGGCAG	TACATTTATG	AGACTTATGG	AGACACTTGG
5751	GAAGGAGTTA	TGGCAATTAT	AAGAATCTTA	CAACAACACT	TGTTTACCCA
5801	TTATAGAATT	GGATGCCAAC	ATAGTAGAAT	AGGAATTCTC	CCATCTAACA
5851	CAAGAGGAAG	AGGAAGAAGA	AATGGATCCA	GATAGTCCTG	AGATGCCCCC
5901	TTGGCATCAC	CCTGGGAGCA	AGCCCCAAAC	CCCTTGTAAT	AATTGCTATT
5951	GCAAAAGATG	CTGCTATCAT	TGCTATGTTT	GTTTCACAAA	GAAGGGTTTG
6001	GGAATCTCCC	ATGGCAGGAA	GAAGCGAAGA	AGACCAGCAG	CTGCTGCAAG
6051	CTATCCAGAT	AATAAAGATC	CTGTACCAGA	GCAGTAAGTA	ACGCTGATGC
6101	ATCAAGAGAA	CCTGCTAGCC	TTAATAGCTT	TAAGTGCTTT	GTGTCTTATA
6151	AATGTACTTA	TATGGTTGTT	TAACCTTAGA	ATTTATTTAG	TGCAAAGAAA
6201	ACAAGATAGA	AGGGAGCAGG	AAATACTTGA	AAGATTAAGG	AGAATAAAGG
6251	AAATCAGGGA	TGACAGTGAC	TATGAAAGTA	ATGAAGAAGA	ACAACAGGAA
6301	GTCATGGAGC	TTATACATAG	CCATGGCTTT	GCTAATCCCA	TGTTTGAGTT
6351	ATAGTAAACA	ATTGTATGCC	ACAGTTTATT	CTGGGGTACC	TGTATGGGAA
6401	GAGGCAGCAC	CAGTACTATT	CTGTGCTTCA	GATGCTAACC	TAACAAGCAC
6451	TGAACAGCAT	AATATTTGGG	CATCACAAGC	CTGCGTTCCT	ACAGATCCCA
6501	ATCCACATGA	ATTTCCACTA	GGCAATGTGA	CAGATAACTT	TGATATATGG
6551	AAAAATTACA	TGGTGGACCA	AATGCATGAA	GACATCATT	GTTTGTGGGA
6601	ACAGAGTTTA	AAGCCTTGTG	AGAAAATGAC	TTTCTTATGT	GTACAAATGA
6651	ACTGTGTAGA	TCTGCAAACA	AATAAAACAG	GCCTATTAAA	TGAGACAATA
6701	AATGAGATGA	GAAATTGTAG	TTTTAATGTA	ACTACAGTCC	TCACAGACAA
6751	AAAGGAGCAA	AAACAGGCTC	TATTCTATGT	ATCAGATCTG	AGTAAGGTTA
6801	ATGACTCAAA	TGCAGTAAAT	GGAACAACAT	ATATGTTAAC	TAATTGTAAC
6851	TCCACAATTA	TCAAGCAGGC	CTGTCCGAAG	GTAAGTTTGT	AGCCCATTC
6901	CATACACTAT	TGTGCTCCAA	CAGGATATGC	CATCTTTAAG	TGTAATGACA
6951	CAGACTTTAA	TGGAACAGGC	CTATGCCACA	ATATTTTCAGT	GGTTACTTGT

10

20

30

40

【0 0 7 3】

【表 1 3】

第7表 (続き)

7001	ACACATGGCA	TCAAGCCAAC	AGTAAGTACT	CAACTAATAC	TGAATGGGAC	
7051	ACTCTCTAGA	GAAAAGATAA	GAATTATGGG	AAAAAATATT	ACAGAATCAG	
7101	CAAAGAATAT	CATAGTAACC	CTAAACACTC	CTATAAACAT	GACCTGCATA	
7151	AGAGAAGGAA	TTGCAGAGGT	ACAAGATATA	TATACAGGTC	CAATGAGATG	
7201	GCGCAGTATG	ACACTTAAAA	GAAGTAACAA	TACATCACCA	AGATCAAGGG	10
7251	TAGCTTATTG	TACATATAAT	AAGACTGTAT	GGGAAAATGC	CCTACAACAA	
7301	ACAGCTATAA	GGTATTTAAA	TCTTGTAAC	CAAACAGAGA	ATGTTACCAT	
7351	AATATTCAGC	AGAACTAGTG	GTGGAGATGC	AGAAGTAAGC	CATTTACATT	
7401	TTAACTGTCA	TGGAGAATTC	TTTTATTGTA	ACACATCTGG	GATGTTTAAAC	
7451	TATACTTTTA	TCAACTGTAC	AAAGTCCGGA	TGCCAGGAGA	TCAAAGGGAG	
7501	CAATGAGACC	AATAAAAAATG	GTACTATACC	TTGCAAGTTA	AGACAGCTAG	
7551	TAAGATCATG	GATGAAGGGA	GAGTCGAGAA	TCTATGCACC	TCCCATCCCC	20
7601	GGCAACTTAA	CATGTCATTC	CAACATAACT	GGAATGATTC	TACAGTTAGA	
7651	TCAACCATGG	AATTCCACAG	GTGAAAATAC	ACTTAGACCA	GTAGGGGGAG	
7701	ATATGAAAGA	TATATGGAGA	ACTAAATTGT	ACAACTACAA	AGTAGTACAG	
7751	ATAAACCTT	TTAGTGTAGC	ACCTACAAAA	ATGTCAAGAC	CAATAATAAA	
7801	CATTACACACC	CCTCACAGGG	AAAAAAGAGC	AGTAGGATTG	GGAATGCTAT	
7851	TCTTGGGGGT	GCTAAGTGCA	GCAGGTAGCA	CTATGGGCGC	AGCGGCAACA	
7901	GCGCTGACGG	TACGGACCCA	CAGTGTACTG	AAGGGTATAG	TGCAACAGCA	30
7951	GGACAACCTG	CTGAGAGCGA	TACAGGCCCA	GCAACACTTG	CTGAGGTTAT	
8001	CTGTATGGGG	TATTAGACAA	CTCCGAGCTC	GCCTGCAAGC	CTTAGAAACC	
8051	CTTATACAGA	ATCAGCAACG	CCTAAACCTA	TGGGGCTGTA	AAGGAAAACCT	
8101	AATCTGTTAC	ACATCAGTAA	AATGGAACAC	ATCATGGTCA	GGAAGATATA	
8151	ATGATGACAG	TATTTGGGAC	AACCTTACAT	GGCAGCAATG	GGACCAACAC	
8201	ATAAACAATG	TAAGCTCCAT	TATATATGAT	GAAATACAAG	CAGCACAAGA	40
8251	CCAACAGGAA	AAGAATGTAA	AAGCATTGTT	GGAGCTAGAT	GAATGGGCCT	
8301	CTCTTTGGAA	TTGGTTTGAC	ATAACTAAAT	GGTTGTGGTA	TATAAAAATA	
8351	GCTATAATCA	TAGTGGGAGC	ACTAATAGGT	ATAAGAGTTA	TTATGATAAT	

【0 0 7 4】

【表 1 4】

第7表 (続き)

8401	ACTTAATCTA GTGAAGAACA TTAGGCAGGG ATATCAACCC CTCTCGTTGC	
8451	AGATCCCTGT CCCACACCGG CAGGAAGCAG AAACGCCAGG AAGAACAGGA	
8501	GAAGAAGGTG GAGAAGGAGA CAGGCCCAAG TGGACAGCCT TGCCACCAGC	
8551	ATTCTTGCAA CAGTTGTACA CGGATCTCAG GACAATAATC TTGTGGACTT	
8601	ACCACCTCTT GAGCAACTTA ATATCAGGGA TCCGGAGGCT GATCGACTAC	10
8651	CTGGGACTGG GACTGTGGAT CCTGGGACAA AAGACAATTG AAGCTTGTAG	
8701	ACTTTGTGGA GCTGTAATGC AATATTGGCT ACAAGAATTG AAAAAATAGTG	
8751	CTACAAACCT GCTTGATACT ATTGCAGTGT CAGTTGCCAA TTGGACTGAC	
8801	GGCATCATCT TAGGTCTACA AAGAATAGGA CAAGGATTCC TTCACATCCC	
8851	AAGAAGAATT AGACAAGGTG CAGAAAGAAT CTTAGTGTA CATGGGGAAT	
8901	GCATGGAGCA AAAGCAAATT TGCAGGATGG TCAGAAGTAA GAGATAGAAT	
8951	GAGACGATCC TCCTCTGATC CTCAACAACC ATGTGCACCT GGAGTAGGAG	20
9001	CTGTCTCCAG GGAGTTAGCA ACTAGAGGGG GAATATCAAG TTCCCACACT	
9051	CCTCAAAACA ATGCAGCCCT TGCATTCCCTA GACAGCCACA AAGATGAGGA	
9101	TGTAGGCTTC CCAGTAAGAC CTCAAGTGCC TCTAAGGCCA ATGACCTTTA	
9151	AAGCAGCCTT TGACCTCAGC TTCTTTTTAA AAGAAAAGGG AGGACTGGAT	
9201	GGGTTAATTT ACTCCCATAA GAGAGCAGAA ATCCTGGATC TCTGGATATA	
9251	TCACACTCAG GGATTCTTCC CTGATTGGCA GTGTTACACA CCGGGACCAG	
9301	GACCTAGATT CCCACTGACA TTTGGATGGT TGTTTAAACT GGTACCAGTG	30
9351	TCAGCAGAAG AGGCAGAGAG ACTGGGTAAT ACAAATGAAG ATGCTAGTCT	
9401	TCTACATCCA GCTTGTAATC ATGGAGCTGA GGATGCACAC GGGGAGATAC	
9451	TAAAATGGCA GTTTGATAGA TCATTAGGCT TAACACATAT AGCCCTGCAA	
9501	AAGCACCAG AGCTCTTCCC CAAGTAACTG ACACTGCGGG ACTTTCCAGA	
9551	CTGCTGACAC TGCGGGGACT TTCCAGCGTG GGAGGGATAA GGGGCGGTTC	
9601	GGGGAGTGGC TAACCCTCAG ATGCTGCATA TAAGCAGCTG CTTTCCGCTT	40
9651	GTACCGGGTC TTAGTTAGAG GACCAGGTCT GAGCCCGGGA GCTCCCTGGC	
9701	CTCTAGCTGA ACCCGCTGCT TAACGCTCAA TAAAGCTTGC CTTGAGTGAG	
9751	AAGCAGTGTG TGCTCATCTG TTCAACCCTG GTGTCTAGAG ATC	

【0 0 7 5】

実施例 1 0

M v P 5 1 8 0 / 9 1 の全配列の他のH I V 1 単離物からの区別

以下の配列比較の基礎は、遺伝子バンク・リリース 7 5 (1 9 9 3 年 2 月)、E M B L 3 3 (1 9 9 2 年 1 2 月) および Swissprot 2 4 (1 9 9 3 年 1 月) といったデータバン

クであった。相同性比較はGCGソフトウェア（バージョン7.2、1992年10月、Genetics-Computer Group, ウィスコンシン）を用いて行われた。

【0076】

まずアミノ酸レベルでGAG、POLおよびENVの配列をプログラム“Wordsearch”を用いてデータバンクと比較した。50の最良の相同性をプログラム“Pileup”を用いて各々相互比較した。その結果、MvP5180/91がHIV1系統に属するが極めて早い時期に、それどころか更にチンパンジーウイルスSIVcpzより前に分岐し、HIV1の新しい亜科（サブファミリー）を代表していることが明らかにわかる。相同性の数値を得るためにプログラム“Gap”を用いてMvP5180を各々最も適切なHIV1、HIV2およびSIV配列そして更にSIVcpz配列と比較した。

10

【0077】

【表15】

第 8 表

MvP5180/91単離物のGAG、POLおよびENVのアミノ酸配列の相同性値

GAG	SIVcpz	70.2% 83.6%	HIV1u ²	69.9% 81.2%	HIV2d ³	53.6% 71.3%	SIV1a ⁴	55.1% 71.3%
POL	SIVcpz	78.0% 88.0%	HIV1u ²	76.1% 86.8%	HIV2d ³	57.2% 71.9%	SIVgb ⁵	57.7% 74.6%
ENV	SIVcpz	53.4% 67.1%	HIV1h ¹	50.9% 67.2%	HIV2d ³	34.4% 58.7%	SIVat ⁶	34.4% 57.8%

20

¹h=hz321/ザイール、²u=u455/ウガンダ、³d=jrcst、⁴a=agm155、⁵gb=gb1、⁶at=agm

【0078】

上側の数値は両配列の同一性を、下側は類似性を示す。更に、そのデータバンクを“Wordsearch”および“Gap”を用いてヌクレオチドレベルで徹底的に調べた。各々最良の“符合（matches）”についての相同性値を第9表にまとめる。

30

【0079】

【表16】

第 9 表

MvP5180/91のヌクレオチド配列の相同性値

	<u>HIV1</u>		<u>HIV2</u>	
gag	HIVelicg	70.24%	HIV2bihz	60.0%
pol	HIVmal	75.0 %	HIV2cam2	62.9%
env	HIVsimi84	59.7 %	HIV2gha	49.8%

40

【0080】

実施例11

HIV5180単離物のgag遺伝子のPCR増幅、クローニングおよび配列決定の概要説明

50

ウイルス増幅の過程で生じる自然突然変異を明示するためにウイルスゲノムの一部をPCR法によりクローン化しそしてそのように得られたDNA配列を第7表による配列と比較した。

gag配列をMvP5180ゲノムの左端のLTR（“ロング・ターミナル・リピート”、LTR1プライマー）からpol（ポリメラーゼ遺伝子、pol 13.5；プライマー）まで内部をオーバーラップさせながらクローン化した。クローニング手法は図4に概略図で示されている。

それらPCR反応は、HIV-1コンセンサス配列から導かれた配列を有する下記のDNAプライマーを用いて行われた。配列決定はジデオキシ連鎖中断法を用いて行われた。

MvP5180 gag遺伝子をコードする配列は、ヌクレオチド817（ATG開始コドンのA）からヌクレオチド2300（最後のコドンのA）まで延びる。

10

【0081】

LTR1: 5' -CTA GCA GTG GCG CCC GAA CAG G -3'
gag3.5: 5' -AAT GAG GAA GCU GCA GAU TGG GA -3' (U=A/T)
gag3.5i: 5' -TCC CAU TCT GCU GCT TCC TCA TT -3' (U=A/T)
gag5: 5' -CCA AGG GGA AGT GAC ATA GCA GGA AC -3'
gag959: 5' -CGT TGT TCA GAA TTC AAA CCC -3'
gag11i: 5' -TCC CTA AAA AAT TAG CCT GTC -3'
pol3.5i: 5' -AAA CCT CCA ATT CCC CCT A -3'

【0082】

20

PCR法により得られたDNA配列を第7表に示されたDNA配列と対比した。両DNA配列の比較を図5～7に示す。その際、同じウイルスを問題としているのにヌクレオチドが約2%相互に違っていることが確認された。図5～7において各々上列は第7表に示されているDNA配列を表わし、そして下列はPCR法で得られたDNA配列を表わしている。

更に、PCR法により調査されたタンパク質gagのアミノ酸配列を第7表から導かれる相当するタンパク質のアミノ酸配列と対比した。その際約2.2%のアミノ酸相違が認められた。その比較を図8に示すが、図において下列は各々PCR法により得られた配列から導かれたアミノ酸配列を表わす。

【0083】

30

実施例12

本発明によるウイルスMvP5180の配列をHIV1およびHIV2と、そして知られている限りANT-70（WO89/12094）の配列と比較した。

その際に次の結果が得られた：

【表 17】

第 10 表

遺伝子座	相違するヌクレオチド	ヌクレオチド数	%相同性 (近似値)
LTR	207 308 115	630	HIV-1 67% HIV-2 51% ANT 70 82%
GAG	448 570	1501	HIV-1 70% HIV-2 62%
POL	763 1011	3010	HIV-1 74% HIV-2 66%
VIF	183 338	578	HIV-1 68% HIV-2 42%
ENV	1196 1289	2534	HIV-1 53% HIV-2 49%
NEF	285 342	621	HIV-1 54% HIV-2 45%
全体	3082 3858	8874	HIV-1 65% HIV-2 56%

10

20

【0084】

30

前記の表において、“HIV-1”はHIV-1ウイルスのコンセンサス配列を意味し；“HIV-2”はHIV-2ウイルスのコンセンサス配列を意味し；ANT-70はWO 89/12094より知られたHIV-3と表示されるウイルスの部分配列を意味する。

【0085】

従って本発明の主題は、遺伝子座（Genort）に関し第7表に示された配列に対し、%値で表わした場合、高々第11表に記載の割合が異なるような相同性を示すウイルス、DNA配列、アミノ酸配列およびそれらの部分配列である。

【0086】

【表 18】

第 11 表

最大相違率として表わされた遺伝子座に関する相同性

遺伝子座	相 違	好ましい相違	特に好ましい相違
L T R	1 7 %	1 5 %	1 0 %
G A G	2 9 %	2 8 %	1 4 %
P O L	2 5 %	2 4 %	1 2 %
V I F	3 1 %	3 0 %	1 5 %
E N V	4 6 %	4 5 %	2 2 %
N E F	1 6 %	1 2 %	1 0 %

10

【0087】

第 11 表に記載の % 単位の相同性値は、第 7 表による配列を別のウイルスの配列と比較した場合に高々前述の % 値に相当する配列割合だけ異なっていることを意味している。

20

【0088】

実施例 13

V3-ループ/V3-シュラウフェ (Schlaufe)

このシュラウフェは HIV における主に中和性の領域であり、そしてその領域の免疫特異性を示したものが図 9 に要約してある。これは Peter Nara (1990) の研究によるエイズからのコピーである。次に V3-シュラウフェをアミノ酸レベルで記述し、そして IIIB ウイルス (現在の LAI) および最初の HIV-2 単離物 (ROD) と比較した。シスチン架橋の個々のアミノ酸は保存されている。HIV-1 のクローンは GPGR または GPGQ であり、そして HIV-2 のクローンは GHVF であるのに対し、MvP5180/91 のクローンはアミノ酸 GPMR から形成されている。メチオニンを用いたモチーフはこれまで報告されてなく、MvP5180/91 の個性を強めている。

30

【0089】

ウイルスの核酸配列を調べた後、その V3-ループ領域を適切なプライマーを用いた PCR 法により増幅した。その際に、突然変異、特にメチオニンコドン (ATG) からロイシンコドン (CTG) への変化をみることができた。

【0090】

次いでクローン化された核酸から導かれたアミノ酸配列と PCR 法を用いた増幅により得られた配列とを比較した：

MvP5180 (クローン化)：

40

C I R E G I A E V Q D I Y T G P M R W R S M T L K R S N N T S P R S R V A Y C

【0091】

MvP5180 (PCR 法)：

C I R E G I A E V Q D L H T G P L R W R S M T L K K S S N S H T Q P R S K V A Y C

【0092】

実施例 14

本発明によるウイルス MvP5180 またはそれにより導かれる抗原を用いれば、通常の HIV-1 + 2 スクリーニングテストを用いたのでは把握できないような血清も HIV-1 として陽性に検出できることを示すために、カメルーンからの患者の様々な血清を検

50

査した。

【0093】

カメルーンでの研究において156の抗-HIV-1-陽性血清が検査された。二つのこれらの血清において、相当な、診断上重要な相違が認められた。次の第12表に吸光度測定値を記す。CAM-AまたはCAM-Bは異なる患者の血清を表わしている。

【0094】

【表19】

第12表

患者血清	MvP5180-EIA	HIV-1+HIV-2 EIA	10
CAM-A	2.886	1.623	
CAM-B	1.102	0.386	

【0095】

両テストのカットオフ値は0.300であった。

カメルーンからの47の抗-HIV-1陽性血清を用いたもう一つの研究において二つの血清が特に目立った。そのうちの一つ(93-1000)はわずかに症候を示す患者、もう一つ(93-1001)はエイズ病患者に由来する。次の第13表において、両EIAテストの吸光度値を相互に比較する： 20

【0096】

【表20】

第13表

患者血清	MvP5180-EIA	HIV-1+HIV-2 EIA	
93-1000	>2.5	1.495	
93-1001	0.692	0.314	30

【0097】

この場合にもカットオフ値は0.3であった。患者93-1001の吸光度値は、通常のHIV-1+HIV-2 EIAでは失敗し得るのに対し本発明による抗原を適用することにより明瞭な検出が可能であることを示している。

【図面の簡単な説明】

【0098】

【図1】HIV型レトロウイルスのゲノム配置概略図。

【図2】HIV-1、HIV-2、MVP-5180ウイルスの希釈液について市販テストキットを用いた抗原抗体反応により得られる吸光度と逆転写酵素活性の関係図。 40

【図3】MVP-5180およびMVP-899ウイルスのウェスタンブロット図。

【図4】HIV5180の遺伝子のPCR増幅、クローニングおよび配列決定の手法図。

【図5】PCR法により得られたMVP-5180のDNA配列と第7表に示されたDNA配列の比較図。

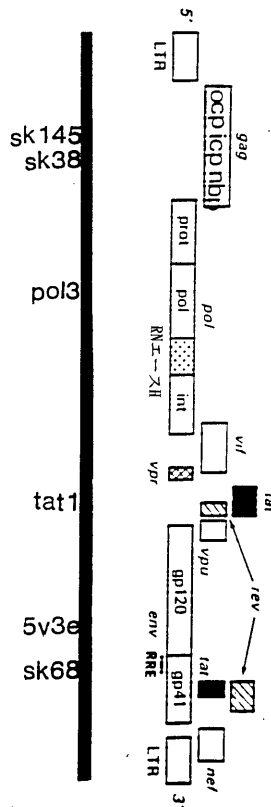
【図6】PCR法により得られたMVP-5180のDNA配列と第7表に示されたDNA配列の図5に続く比較図。

【図7】PCR法により得られたMVP-5180のDNA配列と第7表に示されたDNA配列の図6に続く比較図。

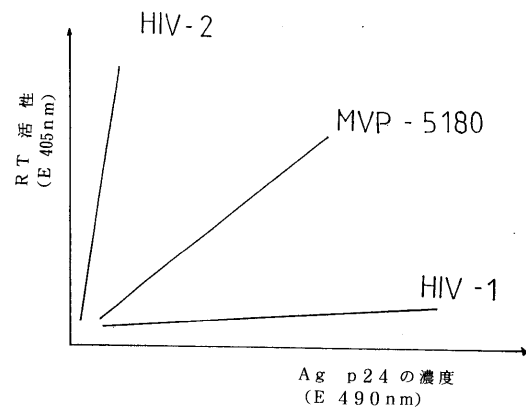
【図8】gagタンパク質の比較図（一つは第7表に従って（各々上列）、一つはPCR法で（各々下列）確認）。 50

【図9】HIV-1 (LAI)、HIV5180およびHIV-2 (ROD) のV3-シ
ュラウフェを示す図。

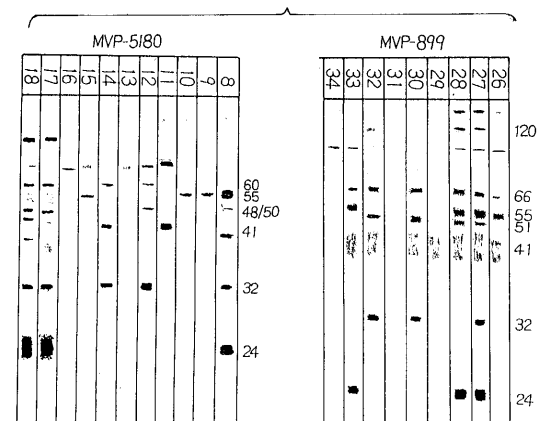
【図1】



【図2】



【図3】



【图 5】

The diagram illustrates the gag-poly gene structure. It consists of several segments and arrows indicating the direction of transcription. The segments are labeled: gag 959, p5180-16-30, pol 5.5i, gag 3.5, p5180-12-6, gag 11i, gag 5, p5180-10-5, gag 11i, gag 3.5i, p5180-8-3, and Pol. The arrows indicate the direction of transcription for each segment.

上列は表 7 に相当し、下列は P C R 法で確認

NvP5180

685	AAACCTCCGACGCAACGGGCTCGGCTTAGCGGAGTGCACCTGCTAAAGGG	734
1	aaacctccaacgcaacgggctcggtctagcggagtgcaacctgctaagagg	50
735	CGAGAGGAATCACAAGAGGCTGAGTAAATTGCTGGCGGTGGCCAGACC	784
51	cgagagggaactcacaagagggtgagtaaatctgctggcgtggccagacc	160
785	TAGGGGAAGGGCGAAGTCCCTAGGGGAGGAAGATGGGTGCGAGAGCGTCT	834
101	taggggaagggcgaagtccctaggggaggaagatgggtgcgagacggtct	150
835	GTGTTGACAGGGAGTAAATTGGATGCATGGGAACGAATTAGGTTAAGGCC	884
151	gtgttgacagggagtaaatggatgcatgggaacgaattaggttaaggcc	260
885	AGGATCTAAAAAGGCATATAGGCTAAAAATTAGTAGTGGGCAAGCAGGG	934
201	aggatctaaaaaggcatataggctaaacatttagtagtggaacagcaggg	250
935	AGCTGGAAAGATACGCATGTAATCCTGGTCTATTAGAAACTGCAGAAGGT	984
251	agctggaagatagcgaatataatcctggtctactagaaactgcagaaggt	300
985	ACTGAGCACTGCTACAGAGTTAGAGCCAGCTCTCAAACAGGGTCAGA	1034
301	actgaacaactgctacagcagttagagccagctctccaagacagggtcaga	350
1035	GGACCTGAAATCTCTCTGGAACGCAATAGCAGTACTCTGGTGCCTTCACA	1084
351	ggacctgaaatccctctggaacgcaatagcagtaactctggctgcgttcaca	400
1085	ACAGATTGTGCATCCGAGATACACAGCAGGCAATACAAAAAGTTAAAGGAA	1134
401	acagattgtgacatccgagatcacagcaggcaatcacaaagttaaaaggaa	450
1135	GTAATGGCAACGAGGAAGTCTGCAGAGGCGCTTAAGGAAGAAACAAGCCC	1184
451	gtaatggcaacgaggaagtctgcagaggcgcctaaggaagaacaagctct	500
1185	TAGGCAGACAAAGTCAAAATTACCCTATAGTACAAAATGCACAGGGACAAA	1234
501	aaggcagcgaagtcaaaattaccctatagtcacaaatgcacagggacaaa	550

【图 7】

1835	CTACTTTAGAGAAATGATGGTAGCCTGTC AAGGAGTAGGAGGGGCCAACT	1884
1151	ctacttttagaagaatgatggtagcctgtcaaggagtaggaggggccaact	1200
1885	CACAAGGCAAAAATACTAGCAGAAACAATGGCTTCTGCCCAAGAGATTT	1934
1201	cacaaggcaaaaatactagcagaaacaaatggcctctgccccaagagattt	1250
1935	AAAAGGAGGATACACAGCAGTATTATGCAAAAGAGGGCAGAATCCAAATA	1984
1251	aaagggaggatcacacagcagtatctatgc aaagaggggcagaatccaaata	1300
1985	GAAAGGGGCCATAAAATGCTTCAATTGTGGA AAAAGAGGGCAGATATAGCA	2034
1301	gaaaaggccataaaaatgtttcaattgtggaaaagagggacatatagca	1350
2035	AAAACTGTCGAGCAGCTAGAAAAAGGGTCTGCGAAATGTGGACAGGA	2084
1351	aaaactgtcgagcagctagaagaagggggttactggaaatgtggacagga	1400
2085	AGGTCACCAAAATGAAGATTGCAAAAAATGGAAGACAGGCCAAATTTTTAG	2134
1401	aggtcacccaaatgaagattgcaaaaaatggaagacagggcatttttttag	1450
2135	GGAAGTACTGGCTCCGGGGGGCAGCAGGCCAGGCAATTAATGTCAGAAA	2184
1451	ggaagtactggcctccggggggcagcaggccagccaattatgtgcagaaa	1500
2185	CAAGTGTCCCACTCAGCCCCACCAATGGAGAGGCGAGTGAAGGAACAAGA	2234
1550	caagtgtcccactcagccccaccaatggaggaggcagtgaaaggacaaga	1550
2235	GAATCAGAGTCAGAAAGGGGATCAGGAAGAGCTGTACCCATTTCCTCCC	2284
1551	gaatcagaatcaaaagggggatcaggaaagagctgtaccatttgcctccc	1600
2285	TCAATCCCTCTTTGGGACAGCCAAATGTCACAGCAAAAGGTTGGGGTCT	2334
1601	tcaatccctctttgggacagccaaatgtgcacagcaaaaggttgggggctc	1650
2335	ATCTATGTAGGCTTTACTGGATACAGGGGCAGATGATACAGTATTAAAT	2384
1651	atctatgtaggctttactggatcacaggggcagatgatcacagtattaaat	1700
2385	AACATCAAAATTAGAAGGAAGATGGACACCAAAA	2417
1701	aacatcaaaattagaaggaaagatggacacccaaa	1733

【图 9】

HIV-1 (LA1)

HIV-5180

HIV-2 (ROD)

0003854604000001.app

フロントページの続き

- (31)優先権主張番号 P4244541:8
(32)優先日 平成4年12月30日(1992.12.30)
(33)優先権主張国 ドイツ(DE)
(31)優先権主張番号 P4318186:4
(32)優先日 平成5年6月1日(1993.6.1)
(33)優先権主張国 ドイツ(DE)

微生物の受託番号 ECACC V92092318

- (72)発明者 ヨーゼフ・エーベルレ
ドイツ連邦共和国85356フライジング、ゾネンシュトラッセ7ツエー
(72)発明者 アルブレヒト・ファウ・ブルン
ドイツ連邦共和国86154アウクスブルク、シューマンシュトラッセ17
(72)発明者 シュテファン・クナブ
ドイツ連邦共和国35041マルブルクーヴェールスハウゼン、ヴェールスホイザーシュトラッセ
6
(72)発明者 ハンスペーター・ハウザー
ドイツ連邦共和国35037マルブルク、ヴァンコプフシュトラッセ12

審査官 渡邊 潤也

- (56)参考文献 特表平02-504583 (JP, A)
エイズ国際会議 (1992年7月19~24日)会議要旨No.PuA6138

- (58)調査した分野(Int.Cl., DB名)
GenBank/EMBL/DDBJ/GeneSeq
SwissProt/PIR/Geneseq
BIOSIS/WPI (DIALOG)

专利名称(译)	与HIV组免疫缺陷病毒RNA互补的DNA		
公开(公告)号	JP3854604B2	公开(公告)日	2006-12-06
申请号	JP2004015239	申请日	2004-01-23
[标]申请(专利权)人(译)	日德白令maru堡ゲゼルシャフトミットベシユレンクテルハフツング		
申请(专利权)人(译)	德灵公司马尔堡，Gezerushiyafuto-Mitsuto-Beshiyurenkuteru-有限公司		
当前申请(专利权)人(译)	德灵公司马尔堡，Gezerushiyafuto-Mitsuto-Beshiyurenkuteru-有限公司		
[标]发明人	ルーツゲーギユルトラー ヨーゼフエーベルレ アルブレヒトフアウブルン シュテファンクナプ ハンスペーターハウザー		
发明人	ルーツ・ゲー・ギユルトラー ヨーゼフ・エーベルレ アルブレヒト・フアウ・ブルン シュテファン・クナプ ハンス・ペーター・ハウザー		
IPC分类号	C12N15/09 C12P21/02 C12Q1/68 A61K39/21 A61K39/00 A61P31/12 A61P31/18 C07K14/00 C07K14/155 C07K14/16 C12N5/02 C12N7/00 C12N7/01 C12N15/48 C12Q1/70 G01N33/53 G01N33/569 G01N33/68		
CPC分类号	A61K39/00 A61P31/12 A61P31/18 C07K14/005 C12N2740/16021 C12N2740/16022 C12N2740/16122 C12N2740/16222 C12Q1/703 G01N33/56988		
FI分类号	C12N15/00.ZNAA C12P21/02.C C12Q1/68.A A61K39/00.H A61P31/18 C12N15/00.A C12N15/00.AZN. A C12Q1/68		
F-TERM分类号	4B024/AA01 4B024/AA14 4B024/BA35 4B024/CA01 4B024/CA11 4B024/HA12 4B063/QA19 4B063/QQ02 4B063/QQ08 4B063/QQ10 4B063/QQ96 4B063/QR48 4B063/QR55 4B063/QS33 4B063/QX01 4B064/AG01 4B064/AG32 4B064/CA19 4B064/CC24 4B064/DA01 4B064/DA15 4C085/AA03 4C085/BB11 4C085/BB23 4C085/CC40 4C085/DD62 4C085/EE01		
代理人(译)	西村 公佑		
优先权	P4233646:5 1992-10-06 DE P4235718:7 1992-10-22 DE P4244541:8 1992-12-30 DE P4318186:4 1993-06-01 DE		
其他公开文献	JP2004187686A		
外部链接	Espacenet		

摘要(译)

要解决的问题：提供用于检测源自HIV组的逆转录病毒的DNA。ŽSOLUTION：提供以下内容；HIV组的免疫缺陷病毒，病毒变体的RNA，或该部分的互补DNA，该病毒具有MVP-5180/91逆转录病毒的基本形态学和免疫学特性，该病毒已经保存在欧洲动物保藏中心细胞培养物（ECACC），编号为V 920 92318.Ž

第 10 表			
遺伝子座	相違するヌクレオチド	ヌクレオチド数	%相同性 (近似値)
LTR	207	630	HIV-1 67%
	308		HIV-2 51%
	115		ANT 70 82%
GAG	448	1501	HIV-1 70%
	570		HIV-2 62%
POL	763	3010	HIV-1 74%
	1011		HIV-2 66%
VIF	183	578	HIV-1 68%
	338		HIV-2 42%
ENV	1196	2534	HIV-1 53%
	1289		HIV-2 49%
NEF	285	621	HIV-1 54%
	342		HIV-2 45%
全体	3082	8874	HIV-1 65%
	3858		HIV-2 56%

0 8 4 1
記の表において、“ HIV- 1” は HIV- 1 ウイルスのコンセンサ
HIV- 2” は HIV- 2 ウイルスのコンセンサス配列を意味し； A
9 / 1 2 0 9 4 より知られた HIV- 3 と表示されるウイルスの部分