

(19)日本国特許庁 (J P)

(12) 公表特許公報 (A)

(11)特許出願公表番号

特表2003 - 517816

(P2003 - 517816A)

(43)公表日 平成15年6月3日(2003.6.3)

(51) Int. Cl ⁷	識別記号	F I	テ-コード* (参考)
C 1 2 N 15/09	ZNA	A 6 1 K 31/7088	2 G 0 4 5
		39/00	H 4 B 0 2 4
A 6 1 K 31/7088		39/395	D 4 B 0 2 9
39/00			H 4 B 0 6 3
39/395		45/00	4 B 0 6 4

審査請求 未請求 予備審査請求 (全255数) 最終頁に続く

(21)出願番号 特願2001 - 515333(P2001 - 515333)

(86) (22)出願日 平成12年8月11日(2000.8.11)

(85)翻訳文提出日 平成14年2月8日(2002.2.8)

(86)国際出願番号 PCT/US00/22061

(87)国際公開番号 W001/011086

(87)国際公開日 平成13年2月15日(2001.2.15)

(31)優先権主張番号 60/148,425

(32)優先日 平成11年8月11日(1999.8.11)

(33)優先権主張国 米国(US)

(71)出願人 イオス バイオテクノロジー, インコーポレイテッド
アメリカ合衆国 カリフォルニア 94080,
サウス サン フランシスコ, ゲイトウ
エイ ブールバード 225エイ

(72)発明者 マーレイ, リチャード
アメリカ合衆国 カリフォルニア 95014,
クパーチノ, ウッドリッジ コート 2
2643

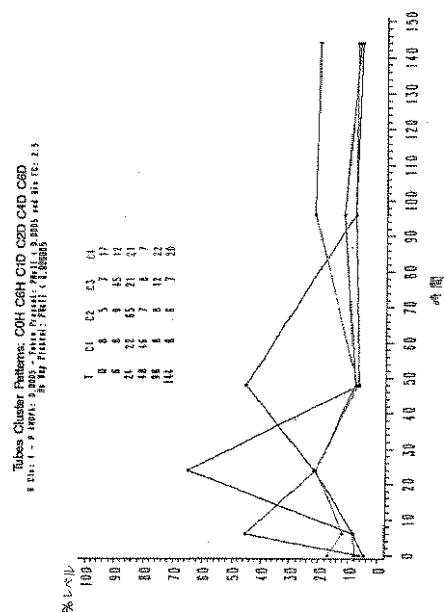
(74)代理人 弁理士 山本 秀策

最終頁に続く

(54)【発明の名称】 新脈管形成の診断の新規方法、新脈管形成調節因子についてのスクリーニングの組成物および方法

(57)【要約】

新脈管形成および脈管形成表現型の診断のために使用され得る方法が、本明細書中に記載される。新脈管形成を調節する能力について、候補生物活性薬剤をスクリーニングするために使用され得る方法もまた、本明細書中に記載される。さらに、新脈管形成に関連する障害への治療的介入のための方法および分子標的（例えば、遺伝子およびこれらの産物）が、記載される。治療部分を脈管形成組織に局在化するための方法もまた、記載される。



【特許請求の範囲】

【請求項1】 薬物候補をスクリーニングする方法であって、以下：

a) 表1、表2、表3、表4および表5の核酸またはそのフラグメントからなる群より選択されるタンパク質をコードする発現プロフィール遺伝子を発現する細胞を提供する工程；

b) 薬物候補を該細胞に添加する工程；ならびに

c) 該発現プロフィール遺伝子の発現に対する該薬物候補の効果を決定する工程、

を包含する、方法。

【請求項2】 前記決定する工程が、前記薬物候補の非存在下での発現のレベルと、該薬物候補の存在下での発現のレベルとを比較することを包含し、ここで、該薬物候補が存在する場合には、該薬物候補の濃度が変化し得、そしてここで、該比較が、該薬物候補の添加または除去の後に起こり得る、請求項1に記載の方法。

【請求項3】 前記プロフィール遺伝子の発現が、前記薬物候補の導入の結果として減少する、請求項1に記載の方法。

【請求項4】 新脈管形成調節因子タンパク質（AMP）に結合し得る生物活性薬剤についてのスクリーニングの方法であって、ここで、該AMPが、表1、表2、表3、表4および表5の核酸またはそのフラグメントからなる群より選択される核酸によってコードされ、該方法が、該AMPと候補生物活性薬剤とを合わせる工程、および該AMPに対する該候補薬剤の結合を決定する工程を包含する、方法。

【請求項5】 新脈管形成調節因子タンパク質（AMP）の活性を調節し得る生物活性薬剤についてスクリーニングするための方法であって、ここで、該AMPが、表1、表2、表3、表4および表5の核酸またはそのフラグメントからなる群より選択される核酸によってコードされ、該方法が、以下：

a) 該AMPと候補生物活性薬剤とを合わせる工程；および

b) 該AMPの生物活性に対する該候補薬剤の効果を決定する工程、
を包含する、方法。

【請求項6】 候補新脈管形成薬物の効果を評価する方法であって、以下：

- a) 該薬物を患者に投与する工程；
- b) 該患者から細胞サンプルを取り出す工程；および
- c) 該細胞の発現プロフィールを決定する工程、

を包含する、方法。

【請求項7】 前記発現プロフィールと、健全な個体の発現プロフィールとを比較する工程をさらに包含する、請求項6に記載の方法。

【請求項8】 新脈管形成を診断する方法であって、以下：

a) 表1、表2、表3、表4および表5の核酸またはそのフラグメントからなる群より選択される1つ以上の遺伝子の、第一の個体の第一の組織型における発現を決定する工程；ならびに

b) 該第一の個体または第二の罹患していない個体に由来の第二の正常組織型からの、該遺伝子の発現を比較する工程であって、ここで、該発現の差異が、該第一の個体が新脈管形成を起こしている組織を有することを示す、工程、を包含する、方法。

【請求項9】 表1、表2、表3、表4および表5に記載の配列からなる群より選択される核酸セグメントを含む、バイオチップであって、ここで、該バイオチップが、1000より少ない核酸プローブを含む、バイオチップ。

【請求項10】 少なくとも2つの核酸セグメントを含む、請求項9に記載のバイオチップ。

【請求項11】 新脈管形成調節因子タンパク質（AMP）またはそのフラグメントと、該AMPまたはそのフラグメントに結合する抗体との結合を、妨害し得る生物活性薬剤について、スクリーニングするための方法であって、該方法が、以下：

a) AMPまたはそのフラグメント、候補生物活性薬剤、および該AMPまたはそのフラグメントに結合する抗体を、合わせる工程；ならびに

b) 該AMPまたはそのフラグメントと、該抗体との結合を、決定する工程、を包含する、方法。

【請求項12】 新脈管形成調節因子タンパク質（AMP）の活性を阻害す

るための方法であって、ここで、該AMPが、表1、表2、表3、表4および表5の核酸またはそのフラグメントからなる群より選択される核酸によってコードされており、該方法が、該AMPにインヒビターを結合させる工程を包含する、方法。

【請求項13】 前記インヒビターが抗体である、請求項12に記載の方法。

【請求項14】 新脈管形成に関連する障害を処置する方法であって、新脈管形成調節因子タンパク質（AMP）のインヒビターを患者に投与する工程を包含し、ここで、該AMPが、表1、表2、表3、表4および表5の核酸またはそのフラグメントからなる群より選択される核酸によってコードされている、方法。

【請求項15】 前記インヒビターが抗体である、請求項14に記載の方法。

【請求項16】 AMPまたはそのフラグメントの効果を中和する方法であって、該タンパク質に対して特異的な薬剤と、該タンパク質とを、中和を生じさせるに十分な量で接触させる工程を包含する、方法。

【請求項17】 治療部分を脈管形成組織に局在化するための方法であって、該組織を、該治療部分が結合体化したAMPまたはそのフラグメントに対する抗体に曝露する工程を包含する、方法。

【請求項18】 前記治療部分が細胞傷害性因子である、請求項17に記載の方法。

【請求項19】 前記治療部分が放射性同位体である、請求項17に記載の方法。

【請求項20】 細胞において新脈管形成を阻害するための方法であって、ここで、該方法が、表1、表2、表3、表4または表5の核酸に対するアンチセンス分子を含有する組成物を、細胞に投与する工程を包含する、方法。

【請求項21】 表1、表2、表3、表4もしくは表5の核酸またはそのフラグメントによってコードされるタンパク質に特異的に結合する、抗体。

【請求項22】 前記抗体がモノクローナル抗体である、請求項21に記載

の抗体。

【請求項23】 前記抗体がヒト化抗体である、請求項21に記載の抗体。

【請求項24】 前記抗体が抗体フラグメントである、請求項21に記載の抗体。

【請求項25】 表1、表2、表3、表4もしくは表5の核酸またはその相補体の配列に対して、少なくとも95%相同である配列を有する、核酸。

【請求項26】 表1、表2、表3、表4もしくは表5の核酸またはその相補体と、高ストリンジェンシー下でハイブリダイズする、核酸。

【請求項27】 請求項25または26に記載の核酸によってコードされる、ポリペプチド。

【請求項28】 個体において免疫応答を惹起する方法であって、該方法が、請求項27に記載のポリペプチドまたはそのフラグメントを含有する組成物を該個体に投与する工程を包含する、方法。

【請求項29】 個体において免疫応答を惹起する方法であって、該方法が、表1、表2、表3、表4もしくは表5の核酸またはそのフラグメントの配列を含む核酸を含有する組成物を、該個体に投与する工程を包含する、方法。

【請求項30】 新脈管形成に関連する障害を有する個体の予後を決定するための方法であって、サンプル中のAMPのレベルを決定する工程を包含し、ここで、高いレベルのAMPが、乏しい予後を示す、方法。

【請求項31】 新脈管形成に関連する障害を処置する方法であって、新脈管形成に関連する障害を有する個体に、治療部分が結合体化したAMPに対する抗体またはそのフラグメントを投与する工程を包含する、方法。

【請求項32】 前記治療部分が細胞傷害性因子である、請求項31に記載の方法。

【請求項33】 前記治療部分が放射性同位体である、請求項31に記載の方法。

【発明の詳細な説明】**【0001】****(発明の分野)**

本発明は、新脈管形成に關与する発現プロフィールおよび核酸の同定、ならびにこのような発現プロフィールおよび核酸の、新脈管形成の診断における使用に關する。本発明は、さらに、新脈管形成を調節する候補薬剤および/または標的を同定するための方法に關する。

【0002】**(発明の背景)**

新たな血管の発達は、静脈の形成(脈管形成)および動脈の形成(新脈管形成)を包含する。新脈管形成は、胚の発達、ならびに月経(menstration)、創傷治癒において、通常の役割を果たす。新脈管形成はまた、種々の疾患状態(癌、増殖性糖尿病性網膜症、および慢性的な炎症部位への血流の維持が挙げられる)において、重大な病原性の役割を果たす。

【0003】

新脈管形成は、多数の段階を有する。新脈管形成の初期の段階としては、内皮細胞プロテアーゼ産生、細胞の移動および増殖が挙げられる。初期の段階はまた、いくつかの増殖因子(VEGF、TGF- β 、アンギオスタチン(angiotatin)、および選択されたケモカイン(全て、推定上は役割を果たす))を必要とするようである。新脈管形成の後期段階としては、壁細胞(周皮細胞または平滑筋細胞)との血管の集団化(population)、基底膜生成および血管床の分化の誘導が挙げられる。血管形成の最終段階としては、「最造形」として公知である段階が挙げられ、ここで、血管系の形成が、安定な成熟血管床となる。

【0004】

従って、遺伝子、タンパク質および新脈管形成の間に起こる調節機構を理解することが望ましい。従って、本発明の目的は、新脈管形成を調節する能力について、候補生物活性薬剤をスクリーニングするために使用され得る方法を、提供することである。さらに、新脈管形成が所望でなく過剰であるか、または欠乏して

いるかのいずれかである、疾患状態への治療的介入のための、分子標的を提供することが、目的である。

【0005】

(発明の要旨)

本発明は、新脈管形成の診断および予後の推定のための、新規な方法、ならびに新脈管形成を調節する組成物についてスクリーニングするための方法を、提供する。新脈管形成に関連する障害を処置する方法および組成物もまた、本明細書中において提供される。

【0006】

1つの局面において、薬物候補をスクリーニングする方法は、発現プロフィール遺伝子またはそのフラグメントを発現する細胞を提供する工程を包含する。発現プロフィール遺伝子の好ましい実施形態は、他の細胞と比較して新脈管形成細胞において差示的に発現する、遺伝子である。本明細書中の方法において使用される発現プロフィール遺伝子の好ましい実施形態としては、AAA4、AAA1、Edg-1、51インテグリン、エンドムチン、およびマトリックスメタロプロテイナーゼ10からなる群が挙げられるが、これらに限定されない；この群のタンパク質のフラグメントもまた、好ましい。本発明における使用のための分子は、列挙された分子の任意の形態または任意のサブセットの形態であり得ることが、理解される。従って、例えば、上に列挙された遺伝子のいずれか1つ以上が、本明細書中の方法において使用され得る。別の実施形態においては、核酸は、表1、2、3、4または5から選択される。好ましい核酸は、表4に示されるものであり、そして最も好ましくは、表5のものである。この方法は、薬物候補を細胞に添加する工程、および発現プロフィール遺伝子の発現に対するこの薬物候補の効果を決定する工程を、さらに包含する。

【0007】

1つの実施形態において、薬物候補をスクリーニングする方法は、薬物候補の非存在下での発現レベルを、薬物候補の存在下での発現レベルとを比較する工程を包含し、ここで、この薬物候補が存在する場合には、この薬物候補の濃度は、変化し得、そしてここで、この比較は、薬物候補の添加または除去の後に、起こ

り得る。好ましい実施形態においては、細胞は、少なくとも2つの発現プロフィール遺伝子を発現する。これらのプロフィール遺伝子は、増加または減少を示し得る。

【0008】

本明細書中にはまた、新脈管形成調節因子タンパク質（AMP）に結合し得る生物活性薬剤についてスクリーニングする方法が提供され、この方法は、このAMPと候補生物活性薬剤とを合わせる工程、およびAMPに対するこの候補薬剤の結合を決定する工程を包含する。好ましくは、AMPは、AAA4、AAA1、Edg-1、51インテグリン、エンドムチンおよびマトリックスメタロプロテイナーゼ10からなる群より選択される、タンパク質またはそのフラグメントである。別の実施形態においては、このタンパク質は、表1、2、3、4または5から選択される核酸によって、コードされている。好ましい核酸は、表4に示されており、そして最も好ましくは、表5のものである。

【0009】

本明細書中にはさらに、AMPの活性を調節し得る生物活性薬剤についてスクリーニングするための方法が提供される。1つの実施形態においては、この方法は、AMPと候補生物活性薬物とを合わせる工程、およびAMPの生物活性に対するこの候補薬剤の効果を決定する工程を、包含する。好ましくは、AMPは、AAA4、AAA1、Edg-1、51インテグリン、エンドムチンおよびマトリックスメタロプロテイナーゼ10からなる群より選択される、タンパク質またはそのフラグメントである。別の実施形態においては、このタンパク質は、表1、2、3、4または5から選択される核酸によって、コードされている。好ましい核酸は、表4に示されており、そして最も好ましくは、表5のものである。

【0010】

候補新脈管形成薬物の効果を評価する方法もまた提供され、この方法は、AMPを発現または過剰発現するトランスジェニック動物、あるいはAMPが欠乏している動物（例えば、遺伝子ノックアウトの結果として）に、この薬物を投与する工程を包含する。

【0011】

さらに、本明細書中には、候補新脈管形成薬物の効果を評価する方法が提供され、この方法は、患者にこの薬物を投与する工程、およびこの患者から細胞サンプルを取り出す工程を包含する。次いで、細胞の発現プロファイルが決定される。この方法は、この発現プロファイルを、健全な個体の発現プロファイルと比較する工程を、さらに包含し得る。好ましい実施形態においては、発現プロファイルは、表1、表2、表3、表4または表5の遺伝子を含む。

【0012】

さらに、本明細書中には、新脈管形成タンパク質をコードする1つ以上の核酸セグメントを含むバイオチップが提供され、このタンパク質は、好ましくは、AAA4、AAA1、Edg-1、51インテグリン、エンドムチンおよびマトリックスメタロプロテイナーゼまたはそのフラグメントからなる群より選択され、ここで、このバイオチップは、1000未満の核酸プローブを含む。好ましくは、少なくとも2つの核酸セグメントが、含まれる。別の実施形態においては、表1、2、3、4または5から選択される核酸である。好ましい核酸は、表4に示され、そして最も好ましくは、表5に示されるものである。

【0013】

さらに、新脈管形成に関連する障害を診断する方法が、提供される。この方法は、AAA4、AAA1、Edg-1、51インテグリン、エンドムチンおよびマトリックスメタロプロテイナーゼ10からなる群より好ましくは選択される、新脈管形成タンパク質またはそのフラグメントをコードする遺伝子の、第一の個体の第一の組織型における発現を決定する工程、および第一の個体または第二の罹患していない個体に由来の第二の正常組織型からの遺伝子の発現への分布を比較する工程を包含する。別の実施形態においては、このタンパク質は、表1、2、3、4または5から選択される核酸によって、コードされる。好ましい核酸は、表4に示されるものであり、そして最も好ましくは、表5に示されるものである。発現における差異は、第一の個体が、新脈管形成に関連する障害を有することを示す。

【0014】

別の局面において、本発明は、新脈管形成に特異的に結合する抗体を提供し、これは、好ましくは、AAA4、AAA1、Edg-1、51インテグリン、エンドムチンおよびマトリックスメタロプロテイナーゼ10、またはそのフラグメントからなる群より選択される。別の実施形態においては、このタンパク質は、表1、2、3、4または5から選択される核酸によって、コードされる。好ましい核酸は、表4に示されるものであり、そして最も好ましくは、表5に示されるものである。好ましい実施形態においては、AAA1のフラグメントが、AAA1p1またはAAA1p2から選択される。新脈管形成タンパク質のための他の好ましいフラグメントを、図に示す。

【0015】

1つの実施形態においては、新脈管形成調節タンパク質(AMP)またはそのフラグメントと、AMPまたはそのフラグメントに結合する抗体との結合を、妨害し得る生物活性薬剤について、スクリーニングするための方法である。好ましい実施形態においては、この方法は、AMPまたはそのフラグメント、候補生物活性薬剤、およびAMPまたはそのフラグメントに結合する抗体を合わせる工程を、包含する。この方法は、AMPまたはそのフラグメントと、この抗体との結合を決定する工程を、さらに包含する。結合に変化がある場合には、薬剤は、妨害薬剤と同定される。この妨害薬剤は、アゴニストまたはアンタゴニストであり得る。好ましくは、この薬剤は、新脈管形成を阻害する。

【0016】

さらなる局面において、新脈管形成を阻害するための方法が提供される。1つの実施形態において、この方法は、新脈管形成調節タンパク質(好ましくは、AAA4、AAA1、Edg-1、51インテグリン、エンドムチンおよびマトリックスメタロプロテイナーゼ10、またはそのフラグメントからなる群より選択される)に対する抗体を含有する組成物を、細胞に投与する工程を包含する。別の実施形態においては、このタンパク質は、表1、2、3、4または5から選択される核酸によって、コードされる。好ましい核酸は、表4に示されるものであり、そして最も好ましくは、表5に示されるものである。この方法は、インビトロまたはインビボで実施され得、好ましくは、個体に対するインビボであ

る。好ましい実施形態意においては、新脈管形成を阻害する方法は、癌のような新脈管形成に関連する障害を有する個体に対して、提供される。本明細書中に記載されるように、新脈管形成を阻害する方法は、新脈管形成タンパク質（この遺伝子に対するアンチセンス分子またはその遺伝子産物、および好ましい低分子を含む）の活性のインヒビターを投与することによって、実施され得る。

【0017】

本明細書中にはまた、個体において免疫応答を惹起する方法が提供される。1つの実施形態において、本明細書中に提供される方法は、個体に、新脈管形成調節タンパク質（好ましくは、AAA4、AAA1、Edg-1、51インテグリン、エンドムチンおよびマトリックスメタロプロテイナーゼ10、またはそのフラグメントからなる群より選択される）を含有する組成物を投与する工程を包含する。別の実施形態においては、このタンパク質は、表1、2、3、4または5から選択される核酸によって、コードされる。好ましい核酸は、表4に示されるものであり、そして最も好ましくは、表5に示されるものである。別の局面においては、この組成物は、新脈管形成調節タンパク質（好ましくは、AAA4、AAA1、Edg-1、51インテグリン、エンドムチンおよびマトリックスメタロプロテイナーゼ10、またはそのフラグメントからなる群より選択される）をコードする配列を含む核酸を含有する。別の実施形態においては、このタンパク質は、表1、2、3、4または5から選択される核酸によって、コードされる。好ましい核酸は、表4に示されるものであり、そして最も好ましくは、表5に示されるものである。

【0018】

本明細書中には、さらに、個体において免疫応答を惹起し得る組成物が提供される。1つの実施形態においては、本明細書中に提供される組成物は、新脈管形成調節タンパク質（好ましくは、AAA4、AAA1、Edg-1、51インテグリン、エンドムチンおよびマトリックスメタロプロテイナーゼ10、またはそのフラグメントからなる群より選択される）を含有する。別の実施形態においては、このタンパク質は、表1、2、3、4または5から選択される核酸によって、コードされる。好ましい核酸は、表4に示されるものであり、そして最も

好ましくは、表5に示されるものである。別の実施形態においては、この組成物は、新脈管形成調節タンパク質（好ましくは、AAA4、AAA1、Edg-1、51インテグリン、エンドムチンおよびマトリックスメタロプロテイナーゼ10、またはそのフラグメントからなる群より選択される）をコードする配列を含む核酸、および薬学的に受容可能なキャリアを含有する。

【0019】

別の実施形態においては、表1、2、3、4または5から選択される核酸である。好ましい核酸は、表4に示されるものであり、そして最も好ましくは、表5に示されるものである。

【0020】

新脈管形成調節タンパク質（好ましくは、AAA4、AAA1、Edg-1、51インテグリン、エンドムチンおよびマトリックスメタロプロテイナーゼ10、またはそのフラグメントからなる群より選択される）の効果を中和する方法は、このタンパク質に対して特異的な薬剤を、このタンパク質に、中和を生じるに十分な量で接触させる工程を包含する。別の実施形態においては、このタンパク質は、表1、2、3、4または5から選択される核酸によってコードされる。好ましい核酸は、表4に示されるものであり、そして最も好ましくは、表5に示されるものである。

【0021】

本発明の別の局面においては、新脈管形成に関連する疾患に対して個体を処置する方法が、提供される。1つの実施形態においては、この方法は、この個体に、Edg-1のインヒビターを投与する工程を包含する。別の実施形態においては、この方法は、新脈管形成を有する障害を有する患者に、治療部分が結合体化したEdg-1に対する抗体を投与する工程を包含する。このような治療部分は、細胞傷害性因子または放射性同位体であり得る。

【0022】

新規な配列が、本明細書中に提供される。化合物および組成物もまた、提供される。本発明の他の局面は、以下の発明の説明によって、当業者に明らかとなる。

。

【0023】

(表および図の詳細な説明)

表1は、その発現レベルが新脈管形成を起こしていない組織と比較して新脈管形成を起こしている組織において時間の関数として変化する、発現配列タグを含む1774の遺伝子についての登録番号(登録番号が提供される場合には、その全体が、本明細書中および本出願全体にわたって組み込まれる)を提供する。

【0024】

表2は、その発現レベルが新脈管形成を起こしていない組織と比較して新脈管形成を起こしている組織において時間の関数として変化する、発現配列タグを含む559の遺伝子の好ましいサブセットについての登録番号を(登録番号が提供される場合には、その全体が、本明細書中および本出願全体にわたって組み込まれる)提供する。これらの配列は、分泌タンパク質(SS)または膜貫通(TM)タンパク質をコードすると予測されると特徴付けられる。

【0025】

表3は、その発現レベルが新脈管形成を起こしていない組織と比較して新脈管形成を起こしている組織において時間の関数として変化する、発現配列タグを含む1916の遺伝子についての登録番号(登録番号が提供される場合には、その全体が、本明細書中および本出願全体にわたって組み込まれる)を提供する。

【0026】

表4は、その発現レベルが新脈管形成を起こしていない組織と比較して新脈管形成を起こしている組織において時間の関数として変化する、図4に示す558の登録番号の好ましいサブセットを提供する。

【0027】

表5は、その発現レベルが新脈管形成を起こしていない組織と比較して新脈管形成を起こしている組織において時間の関数として変化する、図4に示す20の登録番号の好ましいサブセットを提供する。

【0028】

(発明の詳細な説明)

上記の目的に従って、本発明は、新脈管形成(ときどき、本明細書中で、新脈

管形成障害またはADといわれる)に関連する障害の診断についての新規の方法、ならびに、新脈管形成を調節する組成物のスクリーニングについての方法を提供する。本明細書中における「新脈管形成に関連する障害」または「新脈管形成に関連する疾患」は、血管の発生の過度または不足のどちらかによって特徴付けられる疾患状態を意味する。新脈管形成障害は、癌および増殖性糖尿病網膜症を含むが、それに限定されない。ADを処置する方法もまた提供される。

【0029】

1つの局面では、遺伝子の発現レベルは、発現プロファイルを提供するために、診断情報が所望である異なった患者のサンプルにおいて決定される。特定のサンプルの発現プロファイルは、基本的に、このサンプルの状態の「フィンガープリント」である；2つの状態は、任意の特定の遺伝子を類似して発現し得るが、多数の遺伝子の評価は、同時に、細胞の状態における独特の遺伝子発現プロファイルの作製を可能にする。すなわち、正常組織は、AD組織から区別され得る。既知の異なった新脈管形成状態における組織の発現プロファイルを比較することによって、これらの状態の各々で、どの遺伝子が重要であるか(遺伝子のアップレギュレーションおよびダウンレギュレーションの両方を含む)に関する情報が獲得される。非脈管形成組織に比較して脈管形成において差示的に発現される配列の同定は、多数の方法で、この情報の使用を可能にする。例えば、特定の処置レジームの評価は評価され得る：化学療法薬物は、新脈管形成をダウンレギュレーションするために作用し、従って、特定の患者における腫瘍増殖または再発をダウンレギュレーションする。同様に、患者サンプルを既知の発現プロファイルと比較することによって、診断は、行なわれ得るかまたは確かめられ得る。さらに、これらの遺伝子発現プロファイル(または個々の遺伝子)は、特定の発現プロファイルを模倣または変化するために、目を使用して、候補薬物のスクリーニングを可能にする：例えば、スクリーニングは、脈管形成発現プロファイルを抑制する薬物について行なわれ得る。このことは、重要な新脈管形成遺伝子のセットを含むバイオチップを作製することによって行なわれ得、次いで、この遺伝子は、これらのスクリーニングで使用され得る。これらの方法はまた、タンパク質ベースで行なわれ得る；すなわち、脈管形成タンパク質のタンパク質発現レベル

は、診断目的のために評価され得るかまたは候補薬剤をスクリーニングするために評価され得る。さらに、脈管形成核酸配列は、遺伝子治療目的のために投与され得、これは、アンチセンス核酸の投与、または、治療薬物として投与される脈管形成タンパク質（抗体および他のそのモジュレーターを含む）を含む。

【0030】

従って、本発明は、新脈管形成において差示的に発現される核酸およびタンパク質配列（本明細書中で「新脈管形成配列」といわれる）を提供する。以下に要約するように、新脈管形成配列は、新脈管形成に関連した障害においてアップレギュレーションされる（すなわち、より高いレベルで発現される）配列、およびダウンレギュレーションされる（すなわち、より低いレベルで発現される）配列を含む。好ましい実施形態では、新脈管形成配列は、ヒト由来である；しかし、当業者によって理解されるように、他の生物由来の新脈管形成配列は、疾患および薬物評価の動物モデルにおいて有用であり得る；従って、脊椎動物（哺乳動物（げっ歯類（ラット、マウス、ハムスター、モルモットなど）、霊長類、農業動物（ヒツジ、ヤギ、ブタ、ウシ、ウマなどを含む）を含む）から、他の新脈管形成配列が提供される。他の生物由来の新脈管形成配列は、以下に要約される技術を使用して、獲得され得る。

【0031】

新脈管形成配列は、核酸およびアミノ酸配列の両方を含み得る。好ましい実施形態では、この新脈管形成配列は、組換え核酸である。本明細書中において、用語「組換え核酸」は、一般的に、ポリメラーゼおよびエンドヌクレアーゼによる核酸操作によって、元来インビトロで形成される、天然に通常見出されない形態の核酸を意味する。従って、単離された核酸（直鎖状形態の）または通常加えられないDNA分子をインビトロで連結することにより形成される発現ベクターは共に、本発明の目的のための組換え体として考えられる。一旦、組換え核酸が、作製され、そして、宿主細胞または生物に再導入されると、組換え核酸は、非組換え的に（すなわち、インビトロ操作ではなく宿主細胞のインビボの細胞の仕組みを使用して）複製することが理解される；しかし、このような核酸は、一旦組換え的に生成されると、続いて非組換え的に複製されるが、本発明の目的につい

て、なお組換え体と考えられる。

【0032】

同様に、「組換えタンパク質」とは、組換え技術を使用して（すなわち、上記のように組換え核酸の発現を介して）作製されたタンパク質である。組換えタンパク質は、少なくとも1つ以上の特徴によって、天然に存在するタンパク質と区別される。例えば、このタンパク質は、その野生型宿主において通常関連するタンパク質および化合物のいくつかまたは全てから単離または精製され得、従って、実質的に純粋であり得る。例えば、単離されたタンパク質は、その天然の状態において通常関連する物質の少なくともいくつかを伴わず、所定のサンプル中の総タンパク質の重量の、好ましくは、少なくとも約0.5%、さらに好ましくは、少なくとも約5%を構成する。実質的に純粋なタンパク質は、総タンパク質の重量の少なくとも約75%、好ましくは、少なくとも約80%、そして、特に好ましくは、少なくとも約90%を含む。この定義は、ある生物体由来の新脈管形成タンパク質の異なった生物体または宿主細胞における産生を含む。あるいは、このタンパク質は、誘導性プロモーターまたは高発現プロモーターの使用を介して、通常みられるよりも有意に高い濃度で作製され得、その結果、このタンパク質は、増加した濃度レベルで作製される。あるいは、このタンパク質は、以下に考察されるように、エピトープタグの付加またはアミノ酸置換、挿入および欠失にみられるように、通常天然に見出されない形態で存在し得る。

【0033】

好ましい実施形態では、新脈管形成配列は核酸である。当業者によって理解され、そして、以下に十分に要約されるように、新脈管形成配列は、診断適用（これは、天然に存在する核酸を検出する）およびスクリーニング適用を含む種々の適用において有用である；例えば、新脈管形成配列に対する核酸プローブを含むバイオチップが作製され得る。次いで、最も幅広い意味では、本明細書中において「核酸」または「オリゴヌクレオチド」または文法的等価物は、共に共有結合的に連結された少なくとも2つの核酸を意味する。本発明の核酸は、一般的に、ホスホジエステル結合を含むが、以下に要約されるように、いくつかの場合において、他の骨格（例えば、以下を含む）を有し得る核酸アナログが含まれる：ホ

スホルミデート (Beaucageら、Tetrahedron 49(10) : 1925(1993) およびその中の参考文献) ; Letsinger, J. Org. Chem. 35: 3800(1970) ; Sprizlら、Eur. J. Biochem. 81: 579(1977) ; Letsingerら、Nucleic Acids Res. 14: 3487(1986) ; Sawaiら、Chem. Lett. 805(1984) , Letsingerら、J. Am. Chem. Soc. 110: 4470(1988) ; および Pauwelsら、Chemica Scripta 26: 141-9(1986))、ホスホロチオエート (Magら、Nucleic Acids Res. 19: 1437(1991) ; および米国特許第5,644,048号)、ホスホロジチオエート (Briuら、J. Am. Chem. Soc. 111: 2321(1989))、O-メチルホスホロアミダイト連結 (Eckstein, Oligonucleotides and Analogues: A Practical Approach, Oxford University Press を参照のこと)、およびペプチド核酸骨格および連結 (Egholm, J. Am. Chem. Soc. 114: 1895(1992) ; Meierら、Chem. Int. Ed. Engl. 31: 1008(1992) ; Nielsen, Nature, 365: 566(1993) ; Carlssonら、Nature 380: 207(1996) を参照のこと) (これら全てが参考として援用される)。他のアナログ核酸としては、以下を有するものが挙げられる：陽性骨格 (Denpcyら、Proc. Natl. Acad. Sci. USA 92: 6097(1995) ; 非イオン性骨格 (米国特許第5,386,023号、同第5,637,684号、同第5,602,240号、同第5,216,141号、同第4,469,863号 ; Kiedrowskiら、Angew. Chem. Intl. Ed. English 30: 423(1991) ; Letsingerら、J. Am. Chem. Soc. 110: 4470(1988) ; Letsingerら、Nucleoside & Nucleotide 13: 1597(1994) ; ASC Symposium Series 580、第2章および第3章、「Carbohydrate Modifications in Antisen

se Research」Y. S. SanghuiおよびP. Dan Cook 編; Mesmaekerら、Bioorganic & Medicinal Chem. Lett. 4: 395 (1994); Jeffsら、J. Biomolecular NMR 34: 17 (1994); Tetrahedron Lett. 37: 743 (1996)) ならびに非リボース骨格(米国特許第5, 235, 033号および第5, 034, 506号およびASC Symposium Series 580、第6章および第7章、「Carbohydrate Modifications in Antisense Research」Y. S. SanghuiおよびP. Dan Cook 編において記載される骨格を含む)。1つ以上の炭素環式の糖を含む核酸もまた、核酸の1つの定義内に含まれる(Jenkinsら、Chem. Soc. Rev. (1995) 169~176頁を参照のこと)。いくつかの核酸アナログが、Rawls, C & E News June 2, 1997 35頁に記載されている。これらの参考文献の全ては、本明細書中に参考として明確に援用される。これらのリボース-リン酸骨格は、種々の理由のため、例えば、生理学的環境におけるこのような分子の安定性および半減期を増加するためにまたはバイオチップ上のプローブとして、行なわれ得る。

【0034】

当業者によって理解されるように、これらの核酸アナログの全ては、本発明における用途を見出し得る。さらに、天然に存在する核酸およびアナログの混合物は、作製され得る;あるいは、異なった核酸アナログの混合物ならびに天然に存在する核酸およびアナログの混合物が、作製され得る。

【0035】

特に好ましいのは、ペプチド核酸アナログを含むペプチド核酸(PNA)である。これらの骨格は、天然に存在する核酸の高く荷電したリン酸ジエステル骨格とは対照的に、中性条件下で、実質的に非イオン性である。これは、2つの利点を生じる。第1に、このPNA骨格は、改善したハイブリダイゼーション動態を示す。PNAは、完全にマッチした塩基対と比較してミスマッチ塩基対についての融解温度(T_m)におけるより大きい変化を有する。DNAおよびRNAは、

代表的には、内部ミスマッチについてTmにおける2~4の低下を示す。非イオン性PNA骨格の場合は、この低下は、7~9に近い。同様に、これらの非イオン性性質に起因して、これらの骨格に付着した塩基のハイブリダイゼーションは、塩濃度に対して比較的非感受性である。さらに、PNAは、細胞内酵素によって分解されず、従って、より安定であり得る。

【0036】

核酸は、具体的には、一本鎖もしくは二本鎖であり得るか、または、二本鎖もしくは一本鎖配列の両方の部分を含み得る。当業者に理解されるように、一本鎖(「Watson」)の描写はまた、他方の鎖(「Crick」)の配列を定義する；従って、本明細書中に記載される配列はまた、この配列の相補体を含む。この核酸は、DNA(ゲノムDNAおよびcDNAの両方)、RNAまたはハイブリッドであり得、ここで、この核酸は、デオキシリボヌクレオチドおよびリボヌクレオチドの任意の組み合わせ、ウラシル、アデニン、チミン、シトシン、グアニン、イノシン、キサンチン、ヒポキサンチン、イソシトシン、イソグアニンなどを含む塩基の任意の組み合わせを含む。本明細書中で使用される場合、用語「ヌクレオシド」は、ヌクレオチドおよびヌクレオシドおよびヌクレオチドアナログおよびアミノ改変ヌクレオシドなどの改変ヌクレオシドを含む。さらに、「ヌクレオシド」は、天然に存在しないアナログ構造を含む。従って、例えば、ペプチド核酸(それぞれが塩基を含む)の個々のユニットは、本明細書中では、ヌクレオシドといわれる。

【0037】

新脈管形成配列は、本明細書中に要約される新脈管形成配列に対する有意な核酸および/またはアミノ酸配列相同性によって最初に同定され得る。このような相同性は、核酸またはアミノ酸配列全体に基づき得、そして、一般的に以下に要約されるように、相同性プログラムまたはハイブリダイゼーション条件のどちらかを使用して決定される。

【0038】

新脈管形成スクリーニングは、Hiraoka, Cell 95:365(1998)(これは、参考として明確に援用される)に記載されるように新脈管形

成のインビトロモデル中で同定される遺伝子を、コントロール中で同定される遺伝子と比較する工程を包含する。正常組織および新脈管形成を起こす組織のサンプルを、核酸プローブを含むバイオチップに適用する。このサンプルを、最初に、適用可能であれば、顕微解剖し、mRNAの調製のために当該分野で公知のように処理する。適切なバイオチップは、例えば、Affymetrixから市販されている。本明細書中に記載される遺伝子発現プロフィールを作製し、そして、データを分析した。

【0039】

好ましい実施形態では、正常状態と疾患状態との間のような発現における変化を示す遺伝子は、他の正常な組織（肺、心臓、脳、肝臓、乳房、腎臓、筋肉、前立腺、小腸、大腸、脾臓、骨および胎盤を含むがそれに限定されない）において発現される遺伝子と比較される。好ましい実施形態では、他の組織において任意の有意な量で発現される、新脈管形成スクリーニングの間に同定される遺伝子は、いくつかの実施形態においてはこのことは必ずしも必要ではないが、プロフィールから取り出される。すなわち、薬物についてのスクリーニングの場合では、ありうる副作用を最小限にするために、標的は疾患特異的であることが好ましい。

【0040】

好ましい実施形態では、新脈管形成配列は、新脈管形成障害においてアップレギュレーションされる配列である；すなわち、これらの遺伝子の発現は、正常組織と比較して疾患組織でより高い。本明細書中で使用される場合、「アップレギュレーション」は、少なくとも約2倍の変化、好ましくは、少なくとも約3倍の変化を意味し、少なくとも、約5倍またはより高い変化が好ましい。本明細書中の全ての登録番号は、GenBank配列データベースの番号であり、そして、登録番号の配列は、本明細書中に参考として明確に援用される。GeneBankは、当該分野で公知であり、例えば、Benson, D.A.ら、Nucleic Acids Research 26:1-7 (1998)および<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>を参照のこと。さらに、これらの遺伝子は、心臓、脳、肺、肝臓、乳房、腎臓、前立腺、小腸および脾臓にお

いて、限られた量で発現されるかまたは全く発現されないことが見出された。

【0041】

好ましい実施形態では、新脈管形成配列は、新脈管形成障害においてダウンレギュレーションされる配列である；すなわち、これらの遺伝子の発現は、正常組織と比較して、脈管形成組織でより低い。本明細書中で使用される場合、「ダウンレギュレーション」とは、少なくとも約2倍の変化、好ましくは、少なくとも約3倍の変化を意味し、少なくとも約5倍またはより高い変化が好ましい。

【0042】

本発明による新脈管形成配列は、この配列の共通の発現プロフィールに基づいて個々の配列クラスターに分類され得る。新脈管形成配列の発現レベルは、新脈管形成の誘導と相関する様式で、時間の関数として、増加または減少し得る。あるいは、新脈管形成配列の発現レベルは、時間の関数として、増加および減少の両方をし得る。例えば、いくつかの新脈管形成配列の発現レベルは、新脈管形成表現型に変わる間に、一次的に誘導されるかまたは減少され、続いて、発現レベルのベースラインへと戻る。表1は、1774の遺伝子を示し、この発現は、正常組織と比較する場合、新脈管形成組織における時間の関数として変化する。図1は、表1に同定される新脈管形成遺伝子の個々の発現プロフィールを示す。

【0043】

特に好ましい実施形態は、559の新脈管形成配列（この発現は、正常組織と比較される場合、新脈管形成において変化する）の好ましいサブセットを示す表2に記載されるような配列を含む。

【0044】

さらなる実施形態は、発現配列タグを含む1916の遺伝子（これらの発現レベルは、新脈管形成でない組織と比較して、新脈管形成を起こす組織における時間の関数として変化する）を示す表3に記載される配列を含む（登録番号が提供される場合、その全体が本明細書中および出願全体に援用される）。

【0045】

好ましい実施形態は、表3に同定される558の遺伝子の好ましいサブセットを示す表4に記載される配列（これらの発現レベルは、新脈管形成でない組織と

比較して、新脈管形成を起こす組織における時間の関数として変化する)を含む。

【0046】

特に好ましい実施形態は、表3に同定される20の登録番号の好ましいサブセットを提供する表5に記載される配列(これらの発現レベルは、新脈管形成でない組織と比較して、新脈管形成を起こす組織における時間の関数として変化する)を含む。

【0047】

特に好ましい実施形態では、新脈管形成配列は、一定の期間誘導され、続いてベースラインレベルに戻る配列である。一過的に誘導される配列は、新脈管形成組織(例えば、新生血管形成腫瘍)を標的化するが、永続的な血管新生を必要とする急速に増殖する組織を避ける方法を提供する。このような陽性脈管形成因子としては、aFGF、bFGF、VEGF、アンジオゲニンなどが挙げられる。

【0048】

誘導された新脈管形成配列はまた、誘導の時間に関してさらに分類される。例えば、いくつかの新脈管形成遺伝子は、初期の時間帯(例えば、新脈管形成の誘導の10分後)で誘導され得る。他の遺伝子は、後に(例えば、5分と60分との間)誘導され得るが、さらに他の遺伝子は、約2時間以上の期間で誘導され得、続いてベースライン発現レベルへと戻る。

【0049】

別の好ましい実施形態では、新脈管形成配列が、時間の関数として阻害されるかまたは減少され、続いて「正常な」発現レベルへと戻る。新脈管形成のインヒビターは、この発現プロフィールを有する分子の例である。これらの配列はまた、消失した発現の時間に依存して群にさらに分けられ得る。例えば、いくつかの分子は、新脈管形成の誘導後10分で、減少した発現を示し得る。他の分子は、より遅く(例えば、5分と60分との間)消失し得るが、さらに他の分子は、約2時間以上の期間で消失し得、続いてベースラインに戻る。このような陰性脈管形成因子の例としては、いくつか名前を挙げると、トロンボスポンジンおよびエンドスタチンが挙げられる。

【0050】

さらに別の好ましい実施形態では、新脈管形成配列は、延長した期間誘導される。これらの配列は、代表的には、新脈管形成の誘導に関連しており、そして、新脈管形成表現型の誘導および/または維持に関与し得る。

【0051】

別の好ましい実施形態では、新脈管形成配列は、その発現が、脈管形成組織において、延長した期間、減少するかまたは消失する。これらの配列は、代表的には、新脈管形成インヒビターであり、そして、これらの消失は、新脈管形成における増加と相関する。

【0052】

本発明の新脈管形成タンパク質は、分泌タンパク質、膜貫通タンパク質または細胞内タンパク質として分類され得る。好ましい実施形態では、この新脈管形成タンパク質は、細胞内タンパク質である。細胞内タンパク質は、細胞質および/または核で検出され得る。細胞内タンパク質は、細胞機能および複製（例えば、シグナル伝達経路を含む）の全ての局面に関与する；このようなタンパク質の異常な発現は、未制御または誤制御の細胞プロセスを生じる。例えば、多数の細胞内タンパク質は、プロテインキナーゼ活性、プロテインホスファターゼ活性、プロテアーゼ活性、ヌクレオチドシクラーゼ活性、ポリメラーゼ活性などの酵素活性を有する。細胞内タンパク質はまた、タンパク質の複合体を組織化すること、または種々の亜細胞内局在化へタンパク質を標的化することに関与し、そして、細胞小器官の構造的統合性を維持することに関与するドッキングタンパク質として機能する。

【0053】

細胞内タンパク質を特徴付ける際のますます理解される概念は、所定の機能が寄与する1つ以上のモチーフの、タンパク質における存在である。タンパク質の酵素学的ドメインに見出される高度に保存された配列に加えて、高度に保存された配列が、タンパク質-タンパク質相互作用に関与するタンパク質で、同定されてきた。例えば、Src-ホモロジー-2(SH2)ドメインは、配列に依存した様式で、チロシンリン酸化標的に結合する。PTBドメイン(SH2ドメイン

とは区別される)もまた、チロシンリン酸化標的に結合する。SH3ドメインは、プロリンリッチな標的に結合する。さらに、いくつかのみ名前を挙げると、PHドメイン、テトラトリコペプチド反復およびWDドメインは、タンパク質-タンパク質相互作用を媒介することが示されてきた。これらのいくつかはまた、リン脂質または他の第2メッセンジャーへの結合に関与し得る。当業者によって理解されるように、これらのモチーフは、一次配列に基づいて同定され得る;従って、タンパク質の配列の分析は、このタンパク質が会合し得る分子(単数)および/または分子(複数)の両方の酵素学的潜在能力に洞察を提供し得る。

【0054】

好ましい実施形態では、新脈管形成配列は、膜貫通タンパク質である。膜貫通タンパク質は、細胞のリン脂質二重層に広がる分子である。これらは、細胞内ドメイン、細胞外ドメイン、または両方を有し得る。このようなタンパク質の細胞内ドメインは、細胞内タンパク質についてすでに記載された機能を含む多数の機能を有し得る。例えば、細胞内ドメインは、酵素学的活性を有し得、そして/または、さらなるタンパク質についての結合部位として機能し得る。しばしば、膜貫通タンパク質の細胞内ドメインは、両方の役割を果たす。例えば、特定のレセプターチロシンキナーゼは、プロテインキナーゼ活性およびSH2ドメインの両方を有する。さらに、レセプター分子それ自身上でのチロシンの自己リン酸化は、さらなるSH2ドメイン含有タンパク質についての結合部位を作製する。

【0055】

膜貫通タンパク質は、1から多数の膜貫通ドメインを含み得る。例えば、レセプターチロシンキナーゼ、特定のサイトカインレセプター、レセプターグアニリルシクラーゼおよびレセプターセリン/トレオニンプロテインキナーゼは、単一の膜貫通ドメインを含む。しかし、チャネルおよびアデニリルシクラーゼを含む種々の他のタンパク質は、多数の膜貫通ドメインを含む。多数の重要な細胞表面レセプターは、これらが7つの膜スパンニング(spanning)領域を含むので、「7回膜貫通ドメイン」タンパク質として分類される。重要な膜貫通タンパク質レセプターとしては、インスリンレセプター、インスリン様増殖因子レセプター、ヒト増殖ホルモンレセプター、グルコース輸送体、トランスフェリンレセ

プター、上皮増殖因子レセプター、低密度リポタンパク質レセプター、上皮増殖因子レセプター、レプチンレセプター、インターロイキンレセプター（例えば、IL-1レセプター、IL-2レセプターなど）が挙げられるが、これらに限定されない。

【0056】

膜貫通ドメインの特徴は、荷電アミノ酸が後に続き得る、約20の継続的な疎水性アミノ酸を含む。従って、特定のタンパク質のアミノ酸配列の分析の際、タンパク質内の膜貫通ドメインの局在化および数が、予想され得る。

【0057】

膜貫通タンパク質の細胞外ドメインは、多様である；しかし、保存されたモチーフが、種々の細胞外ドメイン内で反復して見出される。保存された構造および/または機能は、異なった細胞外モチーフに起因すると考えられてきた。例えば、サイトカインレセプターは、システインおよびWSXWS（W=トリプトファン、S=セリン、X=任意のアミノ酸）モチーフのクラスターによって特徴付けられる。免疫グロブリン様ドメインは、高度に保存されている。ムチン様ドメインは、細胞付着に関与し得、そして、ロイシンリッチリピートは、タンパク質-タンパク質相互作用に関与する。

【0058】

多数の細胞外ドメインは、他の分子への結合に関与する。1つの局面では、細胞外ドメインは、レセプターである。レセプタードメインに結合する因子としては、循環リガンド（これは、ペプチド、タンパク質、またはアデノシンのような小分子などであり得る）が挙げられる。例えば、EGF、FGFおよびPDGFなどの増殖因子は、種々の細胞内応答を開始するために同族のレセプターに結合する循環増殖因子である。他の因子としては、サイトカイン、マイトジェン因子、神経栄養因子などが挙げられる。細胞外ドメインはまた、細胞関連分子に結合する。この局面において、これらは、細胞-細胞相互作用を媒介する。細胞関連リガンドは、例えば、グリコシルホスファチジルイノシトール（GPI）アンカーを介して、細胞につながれ得るか、または、それ自体が膜貫通タンパク質であり得る。細胞外ドメインはまた、細胞外マトリックスに関連し、そして、細胞

構造の維持に貢献する。

【0059】

推定の膜貫通新脈管形成タンパク質は、表2に示されるTM欄に「Y」で標識された配列によってコードされるタンパク質を含む。

【0060】

膜貫通である新脈管形成タンパク質は、本明細書中に記載されるように、これらは免疫治療についての優れた標的であるため、本発明において特に好ましい。さらに、以下に要約されるように、膜貫通タンパク質はまた、画像化様式において有用であり得る。

【0061】

膜貫通タンパク質は、例えば、組換え方法を介して、膜貫通配列を除去することによって可溶性となり得ることが、当業者により理解される。さらに、可溶性となった膜貫通タンパク質は、適切なシグナル配列を付加することによる組換え方法を介して、分泌されるようになされ得る。

【0062】

好ましい実施形態では、新脈管形成タンパク質は、分泌タンパク質である；この分泌は、構成的であるかまたは調節されるかのいずれかであり得る。これらのタンパク質は、分子を分泌経路へと標的化するシグナルペプチドまたはシグナル配列を有する。分泌タンパク質は、多数の生理学的事象に関与する；これらの循環性質のために、これらは、シグナルを種々の他の細胞型へ伝達するために役立つ。この分泌タンパク質は、オートクライン様式（因子を分泌する細胞に作用する）で、パラクリン様式（因子を分泌する細胞に近接した細胞に作用する）で、または、内分泌様式（離れた細胞に作用する）で、機能し得る。従って、分泌された分子は、生理学の多数の局面を調節および変化する際の用途を見出す。分泌タンパク質である新脈管形成タンパク質は、例えば、血液試験について、これらは診断マーカーとして優れた標的として役立つので、本発明において特に好ましい。

【0063】

推定の分泌された新脈管形成タンパク質は、表2に示されるSS欄に「Y」で

標識された配列（しかし、TM欄では「N」）によってコードされるタンパク質を含む。

【0064】

新脈管形成配列は、本明細書中に要約される新脈管形成配列に対する有意な核酸および/またはアミノ酸配列相同性によって最初に同定される。このような相同性は、核酸またはアミノ酸配列全体に基づき得、そして、一般的に以下に要約されるように、相同性プログラムまたはハイブリダイゼーション条件のどちらかを使用して決定される。

【0065】

本明細書中で使用される場合、表1、表2、表3、表4または表5の核酸の1つに対する核酸配列の全体の相同性が、好ましくは、約75%より高く、さらに好ましくは、約80%より高く、なおさらに好ましくは、約85%より高く、最も好ましくは、90%より高い場合、核酸は「新脈管形成核酸」である。いくつかの実施形態では、相同性は、約93~95または98%ほども高い。この文脈での相同性は、配列類似性または同一性を意味し、同一性が好まれる。相同性目的についての好ましい比較は、正確な配列に対して配列決定のエラーを含む配列を比較することである。この相同性は、当該分野で公知の標準技術を使用して決定され、この技術は、以下を含むが、これらに限定されない：Smith & Waterman, Adv. Appl. Math. 2: 482 (1981)の局所的な相同性アルゴリズム、Needleman & Wunsch, J. Mol. Biol. 48: 443 (1970)の相同性整列アルゴリズム、Pearson & Lipman, PNAS USA 85: 2444 (1988)の類似性方法の検索、3つのアルゴリズム (Wisconsin Genetics Software Package, Genetics Computer Group, 575 Science Drive, Madison, WIにおけるGAP、BESTFIT、FASTA、およびTFASTA)のコンピュータ化された実施、Devereuxら、Nucl. Acid Res. 12: 387-395 (1984)によって記載されるBest Fit配列プログラム、好ましくはデフォルト設定の使用または検査。

【0066】

好ましい実施形態では、配列同一性または類似性を決定するために使用される配列は、表および図において示される配列、好ましくは、表4において示される配列、より好ましくは、表5に示される配列、さらにより好ましくは、図2、3、7、11、12、17、21、23およびそのフラグメントの配列、から選択される。1つの好ましい実施形態では、本明細書中で利用される配列は、表および図で示される配列である。別の実施形態では、この配列は、表および図で示される配列の天然に存在する対立遺伝子の変形である。別の実施形態では、この配列は、本明細書中にさらに説明されるような配列の変形である。

【0067】

有用なアルゴリズムの1つの例は、PILEUPである。PILEUPは、進行性の対を成す整列を使用して、関連した配列の群より多数の配列整列を作製する。PILEUPはまた、この整列を作製するために使用されるクラスター化関係を示す樹形図をプロットし得る。PILEUPは、Feng & Doolittle, *J. Mol. Evol.* 35:351-360 (1987)の進行性整列方法の単純化した方法を使用する；この方法は、Higgins & Sharp *CABIOS* 5:151-153 (1989)によって記載される方法に類似している。有用なPILEUPパラメーターとしては、3.00のデフォルト間隔重み、0.10のデフォルト間隔長重み、および重み付けされた末端間隔が挙げられる。

【0068】

有用なアルゴリズムの別の例は、Altschulら、*J. Mol. Biol.* 215, 403-410 (1990)およびKarlinら、*PNAS USA* 90:5873-5787 (1993)に記載されるBLASTアルゴリズムである。特に有用なBLASTプログラムは、Altschulら、*Methods in Enzymology*, 266:460-480 (1996)から得られるWU-BLAST-2プログラムである；<http://blast.wustl.edu>。WU-BLAST-2はいくつかの検索パラメーターを使用し、その大部分は、デフォルト値に対して設定される。この調整可能なパラメーター

は、以下の値を使用して設定される：重複範囲 = 1、重複部分 = 0.125、単語許容限界 (T) = 11。HSP S および HSP S 2 パラメーターは、動的値であり、そして、特定の配列の組成および目的の配列が検索される特定のデータベースの組成に依存して、プログラム自身によって確立される；しかし、この値は、感度を増加するために調整され得る。アミノ酸配列同一性値の%は、マッチングした同一の残基の数を、整列された領域における「より長い」配列の残基の総数によって割ることによって決定される。「より長い」配列は、整列領域において最も多くの実際の残基を有する配列である（整列スコアを最大化するために、WU-BLAST-2によって導入された間隙は無視される）。

【0069】

従って、「パーセント (%) 核酸配列同一性」は、図の核酸のヌクレオチド残基と同一である候補配列におけるヌクレオチド残基の割合として、定義される。好ましい方法は、重複範囲および重複部分をそれぞれ1および0.125に設定して、デフォルトパラメーターに対して設定されたWU-BLAST-2のBLASTNモジュールを利用する。

【0070】

この整列は、整列される配列における間隙の導入を含み得る。さらに、図の核酸の整列よりもより多いまたはより少ないヌクレオチドのどちらかを含む配列について、相同性の割合は、ヌクレオシドの総数に関する相同なヌクレオシドの数に基づいて決定されることが理解される。従って、例えば、本明細書中で同定されそして以下で考察される配列の整列より短い配列の相同性は、より短い配列のヌクレオシドの数を用いて、決定される。

【0071】

1つの実施形態では、核酸相同性は、ハイブリダイゼーション研究を介して決定される。従って、例えば、図に同定される核酸またはその相補体にハイストリンジェンシー下で、ハイブリダイズする核酸は、新脈管形成配列として考えられる。ハイストリンジェンシー条件は、当該分野で公知である；例えば、Maniatisら、Molecular Cloning: A Laboratory Manual、第2版、1989、およびShort Protocols

in Molecular Biology、Ausubelら編、を参照のこと、これらの両方が本明細書中に参考として援用される。ストリンジェント条件は、配列依存であり、そして、異なった状況で異なる。より長い配列は、より高い温度で、特異的にハイブリダイズする。核酸のハイブリダイゼーションに対する広範な手引きは、Tijssen, Techniques in Biochemistry and Molecular Biology - Hybridization with Nucleic Acid Probes, 「Overview of principles of hybridization and the strategy of nucleic acid assays」(1993)において見出される。一般的に、ストリンジェント条件は、規定のイオン強度pHにおいて、特定の配列についての熱融点(T_m)よりも約5~10 低く選択される。この T_m は、平衡状態で、標的に対して相補的なプローブの50%が標的配列にハイブリダイズする温度(規定のイオン強度、pHおよび核酸濃度下)である(標的配列が過剰に存在するので、 T_m において、プローブの50%が、平衡状態において有される)。ストリンジェント条件は、pH7.0~8.3で、塩濃度が約1.0Mナトリウムイオン濃度未満、代表的には、約0.01~1.0Mナトリウムイオン濃度(または他の塩)であり、そして、温度が、短いプローブ(例えば、10~50ヌクレオチド)について少なくとも約30、そして、長いプローブ(例えば、50ヌクレオチドより大きい)について少なくとも60 である条件である。ストリンジェント条件はまた、ホルムアミドのような不安定化剤の添加で達成され得る。

【0072】

別の実施形態では、よりストリンジェントでないハイブリダイゼーション条件が使用される；例えば、中間または低いストリンジェンシー条件が、当該分野で公知のように、使用され得る；ManiatisおよびAusubel、前出、およびTijssen、前出、を参照のこと。

【0073】

さらに、本発明の新脈管形成核酸配列は、より大きい遺伝子のフラグメントである(すなわち、これらは、核酸セグメントである)。この文脈における「遺伝

子」は、コード領域、非コード領域、ならびにコード領域および非コード領域の混合物を含む。従って、本明細書中で提供される配列を用いて、当業者によって理解されるように、より長い配列または全長配列のどちらかをクローニングするための当該分野で周知の方法を用いて、新脈管形成遺伝子のさらなる配列が獲得され得る；ManiatisらおよびAusubelら、前出を参照のこと、これは、本明細書中に参考文献として援用される。

【0074】

一旦、新脈管形成核酸が同定されると、これはクローニングされ、必要であれば、この構成成分部分は組換えられ、全体の新脈管形成核酸を形成し得る。一旦、その天然供給源（例えば、プラスミドまたは他のベクターに含まれるかまたは直鎖状核酸セグメントとしてそれらから切断される）から単離されると、この組換え新脈管形成核酸は、他の新脈管形成核酸（例えば、さらなるコード領域）を同定および単離するためのプローブとしてさらに使用され得る。これはまた、改変されたまたは改変体新脈管形成核酸およびタンパク質を作製するために、「前駆体」核酸として使用され得る。

【0075】

本発明の新脈管形成核酸は、いくつかの方法において使用される。第1の実施形態では、新脈管形成核酸に対する核酸プローブが、以下に要約されるように、スクリーニングおよび診断方法において使用されるために、または投与のために（例えば、遺伝子治療および/またはアンチセンス適用のために）作製されて、そしてバイオチップに付着される。あるいは、新脈管形成タンパク質のコード領域を含む新脈管形成核酸は、再びスクリーニング目的のためにかまたは患者に対して投与するためのどちらかのために、新脈管形成タンパク質の発現のための発現ベクターに組み込まれ得る。

【0076】

好ましい実施形態では、新脈管形成核酸に対する核酸プローブ（図に概説された核酸配列および/またはその相補体の両方）が作製される。バイオチップに付着された核酸プローブを、新脈管形成核酸（すなわち、標的配列（サンプルの標的配列か、または例えば、サンドウィッチアッセイにおける他のプローブ配列に

対するものかのいずれか)) に対して、実質的に相補的であるように設計する。その結果、標的配列と本発明のプローブとのハイブリダイゼーションが生じる。以下に概説するように、この相補性は、完全である必要はない；標的配列と本発明の一本鎖核酸との間でのハイブリダイゼーションを阻害する、かなり多数の塩基対ミスマッチが存在し得る。しかし、変異の数が、最も低いストリンジェントのハイブリダイゼーション条件においてさえハイブリダイゼーションが全く生じ得ないほど多い場合に、この配列は、相補的標的配列ではない。従って、「実質的に相補的」とは、本明細書中では、プローブが、本明細書中に概説されるような、通常の反応条件、特に高ストリンジェンシー条件下でハイブリダイズするに十分に標的配列に対して相補的であることを意味する。

【0077】

核酸プローブは、一般的に一本鎖であるが、部分的に一本鎖および部分的に二本鎖になり得る。プローブの鎖性 (strandedness) は、標的配列の構造、組成、および特性によって指示される。一般的に、核酸プローブは、約8～約100塩基長の範囲であり、約10～約80塩基が好ましく、そして約30～約50塩基が特に好ましい。すなわち、一般的には、遺伝子全体は使用されない。いくつかの実施形態では、より長い核酸(数百塩基まで)が使用され得る。

【0078】

好ましい実施形態では、1配列あたり1つより多いプローブが使用され、重複するプローブまたは標的の異なる区画に対するプローブのいずれかが用いられる。すなわち、2個、3個、4個、またはそれより多いプローブ(3個が好ましい)が使用されて、特定の標的についての重複性に組み込まれる。プローブは、重複しても(すなわち、共通のいくつかの配列を有する)、別々でもよい。

【0079】

当業者に理解されるように、核酸は、広範な種々の方法で、固体支持体に付着または固定され得る。本明細書中では、「固定される」および文法上等価な語によって、核酸プローブと固体支持体との間の関係または結合が、以下に概説されるような結合条件、洗浄条件、分析条件、および除去条件下で安定であるに十分であることを意味する。結合は、共有結合的または非共有結合的であり得る。本

明細書中では、「非共有結合」および文法上等価な語によって、静電的相互作用、親水性相互作用、および疎水性相互作用のいずれか1つ以上を意味する。非共有結合に含まれるのは、支持体へのストレプトアビジンのような分子の共有結合的付着、およびストレプトアビジンへのビオチン化プローブの非共有結合である。本明細書中では、「共有結合」および文法上等価な語によって、2つの部分（固体支持体およびプローブ）が、結合、結合、および配位結合を含む少なくとも1つの結合によって結合されることを意味する。共有結合は、プローブと固体支持体との間で直接的に形成され得るか、あるいは架橋によって形成され得るか、あるいは固体支持体もしくはプローブまたはその両方の分子のいずれかにおける特定の反応基を含ませることによって形成され得る。固定はまた、共有結合的相互作用および非共有結合的相互作用の組み合わせを包含し得る。

【0080】

一般的に、当業者によって理解されるように、プローブは広範な種々の方法でバイオチップに付着される。本明細書中に記載したように、核酸は、最初に合成されて、引き続きバイオチップに付着され得るか、またはバイオチップ上で直接的に合成され得るかのいずれかである。

【0081】

バイオチップは、適切な固体基板を含む。本明細書中では、「基板」もしくは「固体支持体」または他の文法上等価な語によって、核酸プローブの付着もしくは結合に適切な別個の部位を含むように改変され得る任意の物質、および少なくとも1つの検出方法に対して許容性である任意の物質を意味する。当業者に理解されるように、可能な基板の数は非常に多く、そしてこれには、ガラス、改変もしくは官能化されたガラス、プラスチック（スチレンおよび他の物質のアクリリックス、ポリスチレン、およびコポリマー、ポリプロピレン、ポリエチレン、ポリブチレン、ポリウレタン、テフロン（登録商標））などを含む）、ポリサッカリド、ナイロン、またはニトロセルロース、樹脂、シリカ、もしくはシリカに基づく物質（シリコーンおよび改変されたシリコーンを含む）、カーボン、金属、無機ガラス、プラスチックなどが挙げられるが、これらに限定されない。一般的に、基板は、光学的検出を可能にし、そしてさほど蛍光性ではない。好ましい基

板は、1999年3月15日付けで出願され、Reusable Low Fluorescent Plastic Biochipと表題付けられた同時係属中の出願である米国特許出願番号09/270,214（その全体において、本明細書中で参考として援用される）に記載されている。

【0082】

一般的に、基板は平面であるが、当業者によって理解されるように、他の外形の基板も同様に使用され得る。例えば、プローブは、貫流サンプル分析のために、管の内側表面に配置されて、サンプル容量を最少化し得る。同様に、基板は可撓性、例えば、可撓性フォーム（特定のプラスチック製の独立気泡フォームを含む）であり得る。

【0083】

好ましい実施形態では、バイオチップの表面およびプローブは、この2つの引き続く付着のために、化学的官能基で誘導体化され得る。従って、例えば、バイオチップは、アミノ基、カルボキシ基、オキソ基、およびチオール基（アミノ基が特に好ましい）を含むが、これらに限定されない化学的官能基で誘導体化される。これらの官能基を使用し、プローブ上の官能基を使用して、このプローブを付着させ得る。例えば、アミノ基を含む核酸は、例えば、当該分野において公知のリンカー（例えば、周知のようなホモまたはヘテロの二官能性リンカー（1994 Pierce Chemical Companyカタログ, cross-linkersのtechnical節, 155-200頁（本明細書中で参考として援用される）を参照のこと））を使用して、アミノ基を含む表面に付着され得る。さらに、いくつかの場合には、さらなるリンカー（例えば、アルキル基（置換およびヘテロアルキル基を含む））を使用し得る。

【0084】

この実施形態では、オリゴヌクレオチドを、当該分野において公知のように合成し、次いで、固体支持体の表面に付着させる。当業者に理解されるように、5'末端もしくは3'末端のいずれかが固体支持体に付着されても、または付着が、内部ヌクレオチドを介してでも良い。

【0085】

さらなる実施形態では、固体支持体への固定は、非共有結合性であるが、非常に強力であり得る。例えば、ビオチン化オリゴヌクレオチドが作製され得、これは、ストレプトアビジンで共有結合的にコーティングされた表面に結合して付着を生じる。

【0086】

あるいは、オリゴヌクレオチドを、当該分野において公知のように、表面上で合成し得る。例えば、光重合化合物および技術を利用する光活性化技術を使用する。好ましい実施形態では、核酸を、以下に記載のような周知の写真平版技術を使用して、インサイチュで合成し得る：WO95/25116；WO95/35505；米国特許第5,700,637号および同第5,445,934号；ならびにこの中で引用された参考文献（このすべては、明らかに参考として援用される）；これらの付着方法は、Affimetrix GeneChip™技術の基礎をなす。

【0087】

好ましい実施形態では、新脈管形成タンパク質をコードする新脈管形成核酸を使用して、新脈管形成タンパク質を発現するための種々の発現ベクターを作製し、この発現ベクターが、次いで、以下に記載のようなスクリーニングアッセイにおいて使用され得る。発現ベクターは、自律複製する染色体外ベクター、または宿主ゲノム中に組み込むベクターのいずれであってもよい。一般的に、これらの発現ベクターは、新脈管形成タンパク質をコードする核酸に作動可能に連結された、転写調節核酸および翻訳調節核酸を含む。用語「制御配列」は、特定の宿主生物体において、作動可能に連結されたコード配列の発現に必要なDNA配列をいう。原核生物に適切な制御配列としては、例えば、プロモーター、必要に応じてオペレーター配列、およびリボソーム結合部位が挙げられる。真核生物細胞は、プロモーター、ポリアデニル化シグナル、およびエンハンサーを利用することが公知である。

【0088】

核酸は、別の核酸配列と機能的な関係に核酸が配置された場合に、「作動可能に連結される」。例えば、プレシークエンス (presequence) または

分泌リーダーについてのDNAは、そのDNAが、ポリペプチドの分泌に關するプレタンパク質として発現される場合に、そのポリペプチドについてのDNAに作動可能に連結されており；プロモーターまたはエンハンサーは、そのプロモーターまたはエンハンサーが、コード配列の転写に影響する場合に、そのコード配列に作動可能に連結されており；または、リボソーム結合部位は、リボソーム結合部位が翻訳を容易にするように位置づけられている場合に、コード配列に作動可能に連結されている。一般的に、「作動可能に連結される(た)」は、連結されているDNA配列が連続性であり、そして分泌リーダーの場合には、連続性でかつ読み取り相(reading phase)にある。しかし、エンハンサーは、連続性である必要はない。連結は、都合の良い制限部位で連結することによって達成される。このような部位が存在しない場合には、合成オリゴヌクレオチドアダプターまたはリンカーを、従来の慣行に従って使用する。転写調節核酸および翻訳調節核酸は、一般的に、新脈管形成タンパク質を発現するために使用される宿主細胞に対して適切である；例えば、Bacillus由来の転写調節核酸配列および翻訳調節核酸配列が、好ましくは、Bacillusにおいて新脈管形成タンパク質を発現させるために使用される。多数の型の適切な発現ベクターおよび適切な調節配列が、種々の宿主細胞について当該分野において公知である。

【0089】

一般的に、転写調節配列および翻訳調節配列としては、プロモーター配列、リボソーム結合部位、転写開始配列および転写終止配列、翻訳開始配列および翻訳終止配列、ならびにエンハンサー配列またはアクチベーター配列が挙げられ得るが、これらに限定されない。好ましい実施形態では、調節配列は、プロモーターならびに転写開始配列および転写終止配列を含む。

【0090】

プロモーター配列は、構成性プロモーターまたは誘導性プロモーターのいずれかをコードする。プロモーターは、天然に存在するプロモーターまたはハイブリッドプロモーターのいずれであっても良い。ハイブリッドプロモーター(これは、1より多くのプロモーターのエLEMENTを組み合わせる)もまた当該分野にお

いて公知であり、そして本発明において有用である。

【0091】

さらに、発現ベクターは、さらなるエレメントを含み得る。例えば、発現ベクターは、2つの複製系を有し得、これによって、2つの生物体中（例えば、発現のための哺乳動物細胞または昆虫細胞中、ならびにクローニングおよび増幅のための原核生物宿主中）において維持されることを可能にする。さらに、組み込み型発現ベクターについて、この発現ベクターは、宿主細胞ゲノムに対して相同な少なくとも1つの配列、そして好ましくは、発現構築物に隣接する2つの相同な配列を含む。組み込み型ベクターは、ベクターに含ませるために適切な相同性配列を選択することによって、宿主細胞中の特定の遺伝子座に指向され得る。組み込み型ベクターについての構築は、当該分野において周知である。

【0092】

さらに、好ましい実施形態では、発現ベクターは、形質転換された宿主細胞の選択を可能にする選択可能なマーカー遺伝子を含む。選択遺伝子は当該分野において周知であり、そして使用される宿主細胞に応じて変動する。

【0093】

本発明の新脈管形成タンパク質は、新脈管形成タンパク質の発現を誘導するかまたは引き起こすために適切な条件下で、新脈管形成タンパク質をコードする核酸を含む発現ベクターで形質転換された宿主細胞を培養することによって生成される。新脈管形成タンパク質の発現に適切な条件は、発現ベクターおよび宿主細胞の選択に応じて変動し、そして慣用的実験を通して、当業者に容易に確認される。例えば、発現ベクターにおいて構成性プロモーターを使用することは、宿主細胞の成長および増殖を最適化することを必要とするが、誘導性プロモーターの使用は、誘導のために適切な成長条件を必要とする。さらに、いくつかの実施形態では、収集のタイミングが重要である。例えば、昆虫細胞発現において使用されるバキュロウイルス系は、溶解性ウイルスである。従って、収集時期の選択は、生成物収率に重要であり得る。

【0094】

適切な宿主細胞としては、酵母細胞、細菌細胞、古細菌細胞、真菌細胞、なら

びに昆虫細胞および動物細胞（哺乳動物細胞を含む）が挙げられる。特に興味深いのは、*Drosophila melanogaster*細胞、*Saccharomyces cerevisiae*および他の酵母、*E. coli*、*Bacillus subtilis*、Sf9細胞、C129細胞、293細胞、*Neurospora*、BHK、CHO、COS、HeLa細胞、HUVEC（ヒト臍静脈内皮細胞）、THP1細胞（マクロファージ細胞株）ならびにヒト細胞および株である。

【0095】

好ましい実施形態では、新脈管形成タンパク質を、哺乳動物細胞において発現させる。哺乳動物発現系もまた当該分野において公知であり、そしてレトロウイルス系を含む。好ましい発現ベクター系は、以下に一般的に記載されるようなレトロウイルスベクター系である：PCT/US97/01019およびPCT/US97/01048（この両方は、明らかに、本明細書中で参考として援用される）。哺乳動物プロモーターとして特に有用なのは、哺乳動物ウイルス遺伝子由来のプロモーターである。なぜなら、ウイルス遺伝子はしばしば高度に発現され、そして広範な宿主範囲を有するからである。例としては、SV40初期プロモーター、マウス乳腺癌ウイルスLTRプロモーター、アデノウイルス主要後期プロモーター、単純ヘルペスウイルスプロモーター、およびCMVプロモーターが挙げられる。代表的に、哺乳動物細胞によって認識される転写終結配列およびポリアデニル化配列は、翻訳終止コドンに対して3'側に位置づけられ、従って、プロモーターエレメントと共にコード配列に隣接する、調節領域である。転写ターミネーターおよびポリアデニル化シグナルの例としては、SV40由来の転写ターミネーターおよびポリアデニル化シグナルが挙げられる。

【0096】

哺乳動物宿主ならびに他の宿主に外因性核酸を導入する方法は、当該分野において周知であり、そして使用される宿主細胞に応じて変動する。この技術としては、デキストラン媒介性トランスフェクション、リン酸カルシウム沈降、ポリブレン媒介性トランスフェクション、プロトプラスト融合、エレクトロポレーション、ウイルス感染、リポソーム中へのポリヌクレオチドのカプセル化、および核

へのDNAの直接的微量注入が挙げられる。

【0097】

好ましい実施形態では、新脈管形成タンパク質を、細菌系において発現させる。細菌発現系は、当該分野において周知である。バクテリオファージ由来のプロモーターもまた使用され得、そして当該分野において公知である。さらに、合成プロモーターおよびハイブリッドプロモーターもまた有用である；例えば、*tac*プロモーターは、*trp*プロモーター配列および*lac*プロモーター配列のハイブリッドである。さらに、細菌プロモーターとしては、細菌のRNAポリメラーゼに結合する能力を有し、かつ転写を開始する能力を有する、非細菌起源の天然に存在するプロモーターが挙げられ得る。機能するプロモーター配列に加えて、有効なリボソーム結合部位が所望され得る。発現ベクターはまた、細菌において新脈管形成タンパク質の分泌を与えるシグナルペプチド配列を含み得る。このタンパク質は、増殖培地中に分泌される（グラム陽性細菌）か、または、細胞の内膜と外膜との間に位置づけられるペリプラズム間隙中に分泌される（グラム陰性細菌）かのいずれかである。細菌発現ベクターはまた、形質転換された細菌株の選択を可能にする選択可能なマーカー遺伝子を含み得る。適切な選択遺伝子としては、アンピシリン、クロラムフェニコール、エリスロマイシン、カナマイシン、ネオマイシンおよびテトラサイクリンのような、細菌を薬物に対して耐性にさせる遺伝子が挙げられる。選択可能マーカーはまた、生合成遺伝子（例えば、ヒスチジン、トリプトファン、およびロイシンの生合成経路における遺伝子）を含み得る。これらの成分は、発現ベクターにアセンブルされる。細菌についての発現ベクターは当該分野において周知であり、そしてこれには特に、*Bacillus subtilis*、*E. coli*、*Streptococcus cremoris*、および*Streptococcus lividans*についてのベクターが含まれる。細菌発現ベクターは、当該分野において周知の技術（例えば、塩化カルシウム処理、エレクトロポレーションなど）を使用して細菌宿主細胞中に形質転換される。

【0098】

1つの実施形態では、新脈管形成タンパク質を、昆虫細胞において生成させる

。昆虫細胞の形質転換のための発現ベクター、そして特に、バキュロウイルスに基づく発現ベクターは、当該分野において周知である。

【0099】

好ましい実施形態では、新脈管形成タンパク質を、酵母細胞において生成させる。酵母発現系は当該分野において周知であり、そしてこれには、*Saccharomyces cerevisiae*、*Candida albicans*および*C. maltosa*、*Hansenula polymorpha*、*Kluyveromyces fragilis*および*K. lactis*、*Pichia guillierimondii*および*P. pastoris*、*Schizosaccharomyces pombe*、ならびに*Yarrowia lipolytica*についての発現ベクターが含まれる。

【0100】

新脈管形成タンパク質はまた、当該分野において周知の技術を使用して、融合タンパク質として作製され得る。従って、例えば、モノクローナル抗体の作製について、所望されるエピトープが小さい場合には、新脈管形成タンパク質をキャリアタンパク質に融合して、免疫原を形成し得る。あるいは、発現を増加させるため、または他の理由のために、新脈管形成タンパク質を融合タンパク質として作製し得る。例えば、新脈管形成タンパク質が新脈管形成ペプチドである場合、このペプチドをコードする核酸を、発現の目的のために、他の核酸に連結し得る。

【0101】

1つの実施形態では、本発明の新脈管形成核酸、タンパク質、および抗体を標識する。本明細書中では、「標識される(た)」によって、化合物が、その化合物の検出を可能にするために付着された少なくとも1つのエレメント、アイソトープ、または化合物を有することを意味する。一般的に、標識は以下の3つのクラスに分類される：a) アイソトープ標識(これは、放射性アイソトープまたは重元素であり得る)；b) 免疫標識(これは、抗体または抗原であり得る)；およびc) 着色色素または蛍光色素。標識は、新脈管形成核酸、タンパク質、および抗体中の任意の部位に取り込まれ得る。例えば、標識は、検出可能なシグナル

を、直接的または間接的のいずれかで、生成し得るべきである。検出可能部分は、ラジオアイソトープ（例えば、 ^3H 、 ^{14}C 、 ^{32}P 、 ^{35}S 、または ^{125}I ）、蛍光化合物もしくは化学発光化合物（例えば、フルオレセインイソチオシアネート、ローダミン、またはルシフェリン）、または酵素（例えば、アルカリホスファターゼ、 α -ガラクトシダーゼ、または西洋ワサビペルオキシダーゼ）であり得る。標識に抗体を結合体化させるための、当該分野において公知の任意の方法が使用され得、これには、以下に記載の方法が含まれる：Hunterら、*Nature*, 144:945(1962); Davidら、*Biochemistry*, 13:1014(1974); Painら、*J. Immunol. Meth.*, 40:219(1981); およびNygren, *J. Histochem. and Cytochem.*, 30:407(1982)。

【0102】

従って、本発明はまた、新脈管形成タンパク質配列を提供する。本発明の新脈管形成タンパク質は、いくつかの方法で同定され得る。この意味の「タンパク質」は、タンパク質、ポリペプチド、およびペプチドが含まれる。当業者に理解されるように、本発明の核酸配列を使用して、タンパク質配列を生成し得る。これを実施するための種々の方法が存在し、これには、遺伝子全体をクローニングすること、ならびにそのフレームおよびアミノ酸配列を確認すること、または新脈管形成タンパク質が、使用されるデータベース中のいくつかのタンパク質に対して相同性を有すると仮定して、相同性について検索するために既知の配列に対してそれを比較し、フレームを提供することを包含する。一般的に、核酸配列を、相同性について3つすべてのフレームで検索するプログラムに入力する。これは、好ましい実施形態では、以下のNCBI Advanced BLASTパラメーターを使用して実施される。このプログラムは、blastxまたはblastnである。このデータベースはnrである。入力データは、「Sequence in FASTA format」としてである。生物体リストは、「none」である。「expect」は10であり；フィルターはデフォルトである。「descriptions」は500であり、「alignments」は500であり、そして「alignment view」は対様式(pai

wise)である。「Query Genetic Codes」は、標準(1)である。マトリックスはBLOSUM62であり; gap existence costは11であり、per residue gap costは1であり;そしてlambda ratioは0.85デフォルトである。これは、推定タンパク質配列の生成を生じる。

【0103】

また新脈管形成タンパク質の1つの実施形態に含まれるのは、本明細書中において決定されたような、天然に存在する配列のアミノ酸改変体である。好ましくは、改変体は、野生型配列に対して、好ましくは、約75%よりも高い相同性、より好ましくは、約80%よりも高い相同性、さらにより好ましくは、約85%よりも高い相同性、そして最も好ましくは、90%よりも高い相同性である。いくつかの実施形態では、相同性は約93~95%または98%と同じ程度に高い。核酸に関して、この文脈での相同性は、配列類似性または配列同一性を意味する(同一性が好ましい)。この相同性は、核酸相同性について上記に概説したような当該分野において公知の標準的技術を使用して決定される。

【0104】

本発明の新脈管形成タンパク質は、野生型のアミノ酸配列より短くても、長くても良い。従って、好ましい実施形態では、新脈管形成タンパク質の定義に含まれるのは、本明細書中での野生型配列の部分またはフラグメントである。さらに、上記に概説したように、本発明の新脈管形成核酸は、当該分野において公知の技術を使用して、さらなるコード領域を(従って、さらなるタンパク質配列)得るために使用され得る。

【0105】

好ましい実施形態では、新脈管形成タンパク質は、野生型配列と比較した場合の誘導体または改変体の新脈管形成タンパク質である。すなわち、以下でより完全に概説するように、誘導体新脈管形成ペプチドの誘導体は、少なくとも1つのアミノ酸の置換、欠失、または挿入(アミノ酸置換が特に好ましい)を含む。アミノ酸の置換、挿入、または欠失は、新脈管形成ペプチド中の任意の残基で生じ得る。

【0106】

また本発明の新脈管形成タンパク質の1つの実施形態に含まれるのは、アミノ酸配列改変体である。これらの改変体は、以下の3つのクラスの1つ以上に分類される：置換改変体、挿入改変体、または欠失改変体。これらの改変体は、通常、新脈管形成タンパク質をコードするDNAにおけるヌクレオチドの部位特異的変異誘発によって調製され、これは、改変体をコードするDNAを生成するためにカセットもしくはPCR変異誘発、または当該分野において周知の他の技術を使用し、その後、上記に概説されたような組換え細胞培養物中で、このDNAを発現させる。しかし、約100～150個までの残基を有する改変体新脈管形成タンパク質フラグメントは、確立された技術を使用して、インビトロ合成によって調製され得る。アミノ酸配列改変体は、改変体の予め決定された性質、新脈管形成タンパク質アミノ酸配列の天然に存在する対立遺伝子改変体または種間改変体からその改変体を分離する特徴によって、特徴付けられる。改変体は、代表的に、天然に存在するアナログと同じ質的な生物学的活性を示すが、以下でより完全に概説されるような改変された特徴を有する改変体がまた選択され得る。

【0107】

アミノ酸配列改変体を導入する部位または領域が予め決定されるが、変異自体は、予め決定される必要はない。例えば、所定の部位での変異の実施を最適化するために、無作為な変異誘発を標的のコドンまたは領域で実施し得、そして発現された新脈管形成改変体を、所望される活性の最適な組み合わせについてスクリーニングし得る。既知の配列を有するDNA中の予め決定された部位で置換変異体を作製する技術は周知である（例えば、M13プライマー変異誘発およびPCR変異誘発）。変異体のスクリーニングを、新脈管形成タンパク質活性のアッセイを使用して実施する。

【0108】

アミノ酸置換は、代表的に、単一残基の置換であり；挿入は、通常、約1～20アミノ酸のオーダーであるが、かなりより長い挿入が耐性であり得る。欠失は、約1～約20残基の範囲であるが、いくつかの場合では、欠失はより長くても良い。

【0109】

置換、欠失、挿入、またはそれらの任意の組み合わせが、最終的な誘導体に到達するために使用され得る。一般的には、これらの変化は、分子の変更を最小化するために、少数のアミノ酸で実施される。しかし、特定の環境下では、より大きな変化が耐性であり得る。新脈管形成タンパク質の特徴において小さな変更が所望される場合、置換は以下の図表に従ってなされる：

図表1

元々の残基	置換例
A l a	S e r
A r g	L y s
A s n	G l n , H i s
A s p	G l u
C y s	S e r
G l n	A s n
G l u	A s p
G l y	P r o
H i s	A s n , G l n
I l e	L e u , V a l
L e u	I l e , V a l
L y s	A r g , G l n , G l u
M e t	L e u , I l e
P h e	M e t , L e u , T y r
S e r	T h r
T h r	S e r
T r p	T y r
T y r	T r p , P h e
V a l	I l e , L e u。

【0110】

機能または免疫学的同定における実質的な変化は、図表1に示される置換より

も保存性の低い置換を選択することによってなされる。例えば、より顕著に影響する置換がなされ得る：変更の領域におけるポリペプチド骨格構造、例えば、ヘリックス構造またはシート構造；標的部位での分子の電荷もしくは疎水性；または側鎖の高（bulk）。一般的に、ポリペプチドの特性に最大の変化を生じさせると予期される置換は、以下におけるような置換である：（a）親水性残基（例えば、セリルまたはスレオニル）を、疎水性残基（例えば、ロイシル、イソロイシル、フェニルアラニル、バリル、またはアラニル）に対して（または、疎水性残基によって）置換する；（b）システインもしくはプロリンを、任意の他の残基に対して（または、任意の他の残基によって）置換する；（c）電気陽性側鎖を有する残基（例えば、リシル、アルギニル、またはヒスチジニル）を、電気陰性残基（例えば、グルタミンまたはアスパルチル）に対して（または、電気陰性残基によって）置換する；または、嵩高い側鎖を有する残基（例えば、フェニルアラニン）を、側鎖を有さない残基（例えば、グリシン）に対して（または、側鎖を有さない残基によって）置換する。

【0111】

改変体は、代表的に、同じ質的な生物学的活性を示し、そして天然に存在するアナログと同じ免疫応答を誘発するが、改変体はまた、必要とされる新脈管形成タンパク質の特徴を改変するように選択される。あるいは、改変体は、新脈管形成タンパク質の生物学的活性が変更されるように設計され得る。例えば、グリコシル化部位が、改変または除去され得る。

【0112】

新脈管形成ポリペプチドの共有結合的改変は、本発明の範囲に含まれる。共有結合的改変の1つの型としては、選択された側鎖または新脈管形成ポリペプチドのN末端残基もしくはC末端残基と反応し得る有機誘導体化因子と、新脈管形成ポリペプチドの標的アミノ酸残基を反応させることを含む。二官能性因子での誘導体化は、例えば、以下でより完全に記載されるような、抗新脈管形成ポリペプチド抗体を精製する方法またはスクリーニングアッセイにおいて使用するため、水不溶性の支持体マトリックスまたは表面に新脈管形成ポリペプチドを架橋するために有用である。一般的に使用される架橋剤としては、例えば、以下が挙げら

れる：1, 1 - ビス (ジアゾアセチル) - 2 - フェニルエタン, グルタルアルデヒド, N - ヒドロキシスクシンイミドエステル, 例えば、4 - アジドサリチル酸を有するエステル, ホモ二官能性イミドエステル (ジスクシンイミジルエステル (例えば、3, 3' - ジチオビス (スクシンイミジルプロピオネート) を含む) , 二官能性マレイミド (例えば、ビス - N - マレイミド - 1, 8 - オクタン) および、メチル - 3 - [(p - アジドフェニル) ジチオ] プロピオイミデートのような薬剤。

【0113】

他の改変としては、以下が挙げられる：それぞれ、グルタミンおよびアスパラギン残基の対応するグルタミル残基およびアスパルチル残基に対する脱アミド化、プロリンおよびリジンのヒドロキシル化、セリル、スレオニル、またはチロシル残基のヒドロキシル基のリン酸化、リシン、アルギニン、およびヒスチジン側鎖の アミノ基のメチル化 [T . E . Creighton , Proteins : Structure and Molecular Properties , W . H . Freeman & Co . , San Francisco , 79 - 86 頁 (1983)]、N末端アミンのアセチル化、ならびに任意のC末端カルボキシル基のアミド化。

【0114】

本発明の範囲に含まれる新脈管形成ポリペプチドの共有結合的改変の別の型は、このポリペプチドのネイティブなグリコシル化パターンの変更を含む。「ネイティブなグリコシル化パターンの変更」は、本明細書中の目的では、ネイティブな配列の新脈管形成ポリペプチドにおいて見出される1以上の炭水化物部分を欠失させること、および/または、ネイティブな配列の新脈管形成ポリペプチドにおいて存在しない1以上のグリコシル化部位を付加すること、を意味することを意図する。

【0115】

新脈管形成ポリペプチドへのグリコシル化部位の付加は、そのアミノ酸配列を変更することによって達成され得る。変更は、例えば、ネイティブな配列の新脈管形成ポリペプチドに (O結合型グリコシル化部位に対して)、1以上のセリン

もしくはスレオニン残基を付加すること、または、1以上のセリンもしくはスレオニン残基で置換することによって作製され得る。新脈管形成アミノ酸配列は、必要に応じて、DNAレベルでの変更を通して、特に、予め選択された塩基で新脈管形成ポリペプチドをコードするDNAを変異させ、その結果、コドンで、所望されるアミノ酸に翻訳されるように生成させることによって、変更され得る。

【0116】

新脈管形成ポリペプチドにおける炭水化物部分の数を増加させる別の手段は、ポリペプチドにグリコシドを化学的または酵素的にカップリングさせることによる。このような方法は、当該分野において記載されている：例えば、WO87/05330（1987年9月11日公開）、ならびにAplinおよびWriston, CRC Crit. Rev Biochem., 259-306頁（1981）。

【0117】

新脈管形成ポリペプチドに存在する炭水化物部分の除去は、化学的もしくは酵素的に、またはグリコシル化の標的として供されるアミノ酸残基をコードするコドンを変異置換することによって、達成され得る。化学的な脱グリコシル化技術は、当該分野において公知であり、そして例えば、Hakimuddinら, Arch. Biochem. Biophys., 259:52（1987）およびEdgeら, Anal. Biochem., 118:131（1981）に記載される。ポリペプチドにおける炭水化物部分の酵素的除去は、Thotakuraら, Meth. Enzymol., 138:350（1987）に記載されるように、種々のエンドグリコシダーゼおよびエキソグリコシダーゼを使用することによって達成され得る。

【0118】

新脈管形成の共有結合的改変の別の型は、以下に示される様式で、種々の非タンパク質のポリマー（例えば、ポリエチレングリコール、ポリプロピレングリコール、またはポリオキシアルキレン）のうちの1つに対して新脈管形成ポリペプチドを連結することを包含する：米国特許第4,640,835号；同第4,496,689号；同第4,301,144号；同第4,670,417号；同第

4, 791, 192号または同第4, 179, 337号。

【0119】

本発明の新脈管形成ポリペプチドはまた、別の異種のポリペプチドまたはアミノ酸配列に融合された新脈管形成ポリペプチドを含むキメラ分子を形成する様式で改変され得る。1つの実施形態では、このようなキメラ分子は、エピトープ（これに、抗タグ抗体が選択的に結合し得る）を提供するタグポリペプチドとの新脈管形成ポリペプチドの融合物を含む。エピトープタグは、一般的に、新脈管形成ポリペプチドのアミノ末端またはカルボキシル末端に配置される。このような新脈管形成ポリペプチドのエピトープタグ化形態の存在は、タグポリペプチドに対する抗体を使用して検出され得る。また、エピトープタグを提供することによって、新脈管形成ポリペプチドが、抗タグ抗体またはエピトープタグに結合する別の型のアフィニティーマトリックスを使用するアフィニティ精製によって、容易に精製されることを可能にする。代替的な実施形態では、キメラ分子は、免疫グロブリンまたは免疫グロブリンの特定の領域との新脈管形成ポリペプチドの融合物を含み得る。キメラ分子の二価形態について、このような融合物は、IgG分子のFc領域に対してであり得る。

【0120】

種々のタグポリペプチドおよびその個々の抗体が、当該分野において周知である。例としては、以下が挙げられる：ポリ-ヒスチジン（poly-his）またはポリ-ヒスチジン-グリシン（poly-his-gly）タグ；flu HAタグポリペプチドおよびその抗体12C5 [Fieldら, Mol. Cell Biol., 8: 2159-2165 (1988)]；c-mycタグおよびそれに対する8F9, 3C7, 6E10, G4, B7および9E10抗体 [Evanら, Molecular and Cellular Biology, 5: 3610-3616 (1985)]；ならびに単純ヘルペスウイルス糖タンパク質D (gD) タグおよびその抗体 [Paborskyら, Protein Engineering, 3(6): 547-553 (1990)]。他のタグポリペプチドとしては、Flag-ペプチド [Hoppら, Biotechnology, 6: 1204-1210 (1988)]；KT3エピトープペプチド

[Martinら, Science, 255:192-194(1992)]; チューブリンエピトープペプチド [Skinnerら, J. Biol. Chem., 266:15163-15166(1991)]; ならびに、T7遺伝子10タンパク質ペプチドタグ [Lutz-Freyermuthら, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 87:6393-6397(1990)]。

【0121】

新脈管形成タンパク質の実施形態には、新脈管形成ファミリーの他の新脈管形成タンパク質、および他の生物由来の新脈管形成タンパク質もまた含まれ、これらは以下に概説されるようにクローニングされそして発現される。従って、プローブまたは縮重ポリメラーゼ連鎖反応(PCR)プライマー配列を使用して、ヒトまたは他の生物由来の他の関連する新脈管形成タンパク質を見出し得る。当業者によって理解されるように、特に有用なプローブおよび/またはPCRプライマー配列は、新脈管形成核酸配列の固有の領域を含む。当該分野で一般に公知のように、好ましいPCRプライマーは、約15~約35ヌクレオチド長であり、約20~約30が好ましく、そして必要とされる場合、イノシンを含み得る。PCR反応のための条件は、当該分野で周知である。

【0122】

さらに、本明細書中で概説されるように、例えば、さらなる配列の解明、エピトープまたは精製タグの付加、他の融合配列の付加などによって、図面の核酸によってコードされるタンパク質より長い新脈管形成タンパク質が作製され得る。

【0123】

新脈管形成タンパク質はまた、新脈管形成核酸によってコードされるように同定され得る。従って、新脈管形成タンパク質は、本明細書中に概説されるように、配列表の配列、またはそれらの相補体にハイブリダイズする核酸によってコードされる。

【0124】

好ましい実施形態において、新脈管形成タンパク質が、例えば、免疫療法のための抗体を生成するために使用される場合、新脈管形成タンパク質は、少なくとも

も1つのエピトープまたは決定基を、全長タンパク質と共有すべきである。本明細書中で「エピトープ」または「決定基」は、MHCの文脈で、抗体またはT細胞レセプターを生成および/または結合するタンパク質の一部を意味する。従って、ほとんどの場合において、より小さい新脈管形成タンパク質に対して作製される抗体は、全長タンパク質に結合し得る。好ましい実施形態において、エピトープは固有である；すなわち、固有のエピトープに対して生成された抗体は、交差反応性(cross-reactivity)をほとんど示さないか、または示さない。好ましい実施形態において、エピトープがAAA4p1およびAAA4p2から選択される。別の好ましい実施形態において、エピトープは、AAA1p1およびAAA1p2から選択される。別の好ましい実施形態において、エピトープは、AAA7p1、AAA7p2、AAA7p3およびAAA7p1mから選択される。

【0125】

1つの実施形態において、用語「抗体」は、抗体フラグメントを含み、これは当該分野で公知であり、Fab、Fab₂、一本鎖抗体(例えば、Fv)、キメラ抗体などが挙げられ、抗体全体の改変によって生成されるかまたは組換えDNA技術を使用して最初から合成されるものかのいずれかである。

【0126】

ポリクローナル抗体を調製する方法は、当業者に公知である。ポリクローナル抗体は、例えば、免疫剤および所望ならばアジュバンドの1回以上の注入によって、哺乳動物において惹起され得る。代表的に、免疫剤および/またはアジュバンドは、複数の皮下注入または腹腔内注入によって、哺乳動物内に注入される。免疫剤は、図面の核酸またはそれらのフラグメントまたはそれらの融合タンパク質によってコードされるタンパク質を含み得る。免疫剤を、免疫される哺乳動物において免疫原性であることが公知であるタンパク質に結合体化することは有用で有り得る。このような免疫原性タンパク質の例としては、以下が挙げられるがこれらに限定されない：鍵穴カザガイヘモシアニン、血清アルブミン、ウシサイログロブリン、およびダイズトリプシンインヒビター。使用され得るアジュバンドの例としては、フロイント完全アジュバンドおよびMPL-TDMアジュバン

ド(モノホスホリル脂質A、合成トレハロースジコリノミコレート(dicorynomycolate))が挙げられる。免疫化プロトコルは、過度な実験を行うことなく当業者によって選択され得る。

【0127】

抗体は、あるいは、モノクローナル抗体で有り得る。モノクローナル抗体は、ハイブリドーマ方法(例えば、KohlerおよびMilistein, Nature, 256:495(1975)によって記載される方法)を使用して調製され得る。ハイブリドーマ方法において、マウス、ハムスター、または他の適切な宿主動物が、代表的に、免疫剤を用いて免疫され、免疫剤に特異的に結合する抗体を生成するかまたは生成し得るリンパ球を惹起し得る。あるいは、リンパ球は、インビトロで免疫され得る。免疫剤は、代表的に、表1、表2、表3、表4または表5の核酸、あるいはそれらのフラグメントまたはそれらの融合タンパク質によってコードされるポリペプチドを含む。一般に、ヒト起源の細胞が所望される場合、末梢血リンパ球(「PBL」)が使用されるか、または非ヒト哺乳動物供給源が所望される場合、脾臓細胞またはリンパ節細胞が使用される。次いで、リンパ球が、適切な融合剤(例えば、ポリエチレングリコール)を使用して、不死化細胞株と融合されて、ハイブリドーマ細胞を形成する[Goding, Monoclonal Antibodies: Principles and Practice, Academic Press, (1986)59-103頁]。不死化細胞株は、通常、形質転換された哺乳動物細胞、特にげっ歯類、ウシおよびヒト起源の骨髓腫細胞である。通常、ラットまたはマウスの骨髓腫細胞株が使用される。ハイブリドーマ細胞が適切な培養培地において培養され得、この培地は、好ましくは、融合されていない不死化細胞の増殖または生存を阻害する1つ以上の物質を含む。例えば、親細胞が酵素ヒポキサンチングアニンホスホリボシルトランスフェラーゼ(HGPRTまたはHPRT)を欠く場合、ハイブリドーマのための培養培地は、代表的に、ヒポキサンチン、アミノプテリン、およびチミジン(「HAT培地」)を含み、これらの物質は、HGPRT欠失細胞の増殖を防ぐ。

【0128】

1つの実施形態において、抗体は、二特異的抗体である。二特異的抗体は、モノクローナル抗体であり、好ましくはヒト抗体またはヒト化抗体であり、これらの抗体は、少なくとも2つの抗原に対する結合特異性を有する。本発明の場合において、結合特異性の1つは、図1または3～6の核酸によってコードされるタンパク質またはそれらのフラグメントに対し、他は、任意の他の抗原、および好ましくは細胞表面タンパク質またはレセプターまたはレセプターサブユニットに対し、好ましくは、腫瘍特異的なものである。

【0129】

好ましい実施形態において、新脈管形成タンパク質に対する抗体は、以下に記載されるように、新脈管形成タンパク質の生物学的機能を減少させるかまたは排除し得る。すなわち、抗新脈管形成タンパク質抗体（ポリクローナルまたは好ましくはモノクローナルのいずれか）の脈管形成組織（または新脈管形成を含む細胞）への添加は、新脈管形成活性を減少し得るか、または排除し得る。一般に、活性の少なくとも25%の減少が好ましく、少なくとも約50%が特に好ましく、そして約95～100%の減少がとりわけ好ましい。

【0130】

好ましい実施形態において、新脈管形成タンパク質に対する抗体は、ヒト化抗体である。非ヒト（例えば、マウス）抗体のヒト化形態は、免疫グロブリン、免疫グロブリン鎖またはそれらのフラグメント（例えば、Fv、Fab、Fab'、F(ab')₂または抗体の他の抗原結合サブ配列）のキメラ分子（これらは、非ヒト免疫グロブリン由来の最小配列を含む）である。ヒト化抗体は、ヒト免疫グロブリン（レシピエント抗体）を含み、ここで、レシピエントの相補的な決定領域（CDR）を形成する残基が、所望の特異性、親和性および能力を有するマウス、ラットまたはウサギのような非ヒト種（ドナー抗体）のCDR由来の残基によって置換される。いくつかの場合、ヒト免疫グロブリンのFvフレームワーク残基は、対応する非ヒト残基によって置換される。ヒト化抗体はまた、レシピエント抗体または移入されたCDRまたはフレームワーク配列のいずれにおいても見出されない残基を含み得る。一般に、ヒト化抗体は、少なくとも1つ、および代表的に2つの可変ドメインの全てを、実質的に含み、ここで、CDR領域

の全てまたは実質的に全ては、非ヒト免疫グロブリンのCDR領域に対応し、そしてFR領域の全てまたは実質的に全ては、ヒト免疫グロブリンコンセンサス配列のFR領域である。ヒト化抗体はまた、必要に応じて、免疫グロブリン定常領域(Fc)の少なくとも一部分、代表的に、ヒト免疫グロブリンの少なくとも一部分を含む [Jonesら, Nature, 321:522-525 (1986) ; Riechmannら, Nature, 332:323-329 (1988) ; および Presta, Curr. Op. Struct. Biol., 2:593-596 (1992)]。

【0131】

非ヒト抗体をヒト化するための方法は、当該分野で周知である。一般に、ヒト化抗体は、非ヒトである供給源からヒト化抗体に導入された1以上のアミノ酸残基を有する。これらの非ヒトアミノ酸残基は、しばしば、移入残基をいわれ、これらは、代表的に、移入可変ドメインから取られる。ヒト化は、本質的に、Winterおよび共同研究者らの方法 [Jonesら, Nature, 321:522-525 (1986) ; Riechmannら, Nature, 332:323-327 (1988) ; Verhoeyenら, Science, 239:1534-1536 (1988)] に従って、ヒト抗体の対応する配列に対してげっ歯類CDRまたはCDR配列を置換することによって、実施され得る。従って、このようなヒト化抗体は、キメラ抗体であり (米国特許第4,816,567号)、ここで、実質的にインタクトなヒト可変ドメインではないドメインが、非ヒト種由来の対応する配列によって置換されている。実際に、ヒト化抗体は、代表的に、いくつかのCDR残基およびおそらくいくつかのFR残基がげっ歯類抗体における類似部位由来の残基によって置換されるヒト抗体である。

【0132】

ヒト抗体はまた、当該分野で公知の種々の技術 (ファージディスプレイライブラリー [HoogenboomおよびWinter, J. Mol. Biol., 227:381 (1991) ; Marksら, J. Mol. Biol., 222:581 (1991)]) を使用して生成され得る。ColeらおよびBoernerらの技術はまた、ヒトモノクローナル抗体の調製のために利用可能である

[Coleら, Monoclonal Antibodies and Cancer Therapy, Alan R. Liss, 77頁(1985)および Boernerら, J. Immunol., 147(1): 86-95(1991)]。同様に、ヒト抗体は、ヒト免疫グロブリン遺伝子座をトランスジェニック動物(例えば、マウス)に導入することによって作製され得、ここで、内因性免疫グロブリン遺伝子は、部分的にまたは完全に不活性化されている。挑戦の際に、ヒト抗体産生が観測され、これは、全ての観点においてヒトにみられるものに酷似し、遺伝子再構成、アセンブリ、および抗体レパートリーを含む。このアプローチは、例えば、米国特許第5,545,807号;同第5,545,806号;5,569,825号;5,625,126号;5,633,425号;5,611,016号、および以下の科学刊行物に記載される: Marksら, Bio/Technology 10, 779-783(1992); Lonbergら, Nature 368 856-859(1994); Morrison, Nature 368, 812-13(1994); Fishwildら, Nature Biotechnology 14, 845-51(1996); Neuberger, Nature Biotechnology 14, 826(1996); Lonbergおよび Huszar, Intern. Rev. Immunol. 13 65-93(1995)。

【0133】

免疫療法は、新脈管形成タンパク質に対して惹起された抗体を用いる新脈管形成の処置を意味する。本明細書中で使用される場合、免疫療法は、受動的であり得るか、または能動的であり得る。本明細書中で規定される受動的な免疫療法は、抗体のレシピエント(患者)への受動的な移行である。能動的な免疫化は、レシピエント(患者)における抗体および/またはT細胞の誘導である。免疫応答の誘導は、抗体が惹起される抗原をレシピエントに提供する結果である。当業者に理解されるように、抗原は、抗体がレシピエントに惹起されることが所望されるポリペプチドを注入すること、または抗原の発現のための条件下で抗原を発現し得る核酸とレシピエントを接触させることによって提供され得る。

【0134】

好ましい実施形態において、新脈管形成タンパク質（このタンパク質に対して抗体が惹起される）は、上記のような分泌タンパク質である。理論に束縛されることなく、処置のために使用される抗体は、分泌タンパク質に結合し、そして分泌タンパク質がそのレセプターに結合することを妨げ、それによって、分泌新脈管形成タンパク質を不活性する。

【0135】

別の好ましい実施形態において、新脈管形成タンパク質（このタンパク質に対して抗体が惹起される）は、膜貫通タンパク質である。理論に縛られることなく、処置に使用される抗体は、新脈管形成タンパク質の細胞外ドメインに結合し、そしてそれが他のタンパク質（例えば、循環（*circulating*）リガンドまたは細胞関連分子）に結合することを妨げる。抗体は、膜貫通新脈管形成タンパク質のダウンレギュレーションを引き起こし得る。当業者に理解されるように、抗体は、新脈管形成タンパク質の細胞外ドメインに結合するタンパク質の競合的インヒビターであってもよいし、非競合的インヒビターであってもよいし、または不競合的なインヒビターであってもよい。この抗体はまた、新脈管形成タンパク質のアンタゴニストである。さらに、この抗体は、膜貫通新脈管形成タンパク質の活性化を妨げる。1つの局面において、この抗体が、他の分子の新脈管形成タンパク質への結合を妨げる場合、この抗体は、細胞の増殖を妨げる。この抗体はまた、細胞傷害剤（TNF- α 、TNF- β 、IL-1、INF- γ 、およびIL-2を含むがこれらに限定されない）、または化学療法剤（5FU、ビンブラスチン、アクチノマイシンD、シスプラチン、メトトレキサートなどを含む）に対して、細胞を感作させる。いくつかの場合において、抗体は、膜貫通タンパク質と複合体化され、それによって細胞傷害性を媒介する場合、血清相補体を活性化するサブタイプに属する。従って、新脈管形成は、患者に、膜貫通新脈管形成タンパク質に指向する抗体を投与することによって処置される。

【0136】

別の好ましい実施形態において、この抗体は、治療部分に結合体化される。1つの局面において、治療部分は、新脈管形成タンパク質の活性を調節する小分子である。別の局面において、治療部分は、新脈管形成タンパク質と会合するか、

またはこのタンパク質に非常に接近した分子の活性を調節する。治療部分は、酵素活性（例えば、新脈管形成に関連したプロテアーゼ活性またはコラーゲナーゼ活性）を阻害し得る。

【0137】

好ましい実施形態において、治療部分はまた、細胞障害剤であり得る。この方法において、細胞障害剤を新脈管形成組織または細胞に標的化することは、罹患した細胞の数の減少を生じ、それによって、新脈管形成に関連した症状を減少させる。細胞傷害剤は、多数かつ種々であり、そして以下を含むが、これらに限定されない：細胞傷害薬物または毒素またはこのような毒素の活性フラグメント。適切な毒素およびそれらの対応するフラグメントとしては、ジフテリア（*diphtheria*）A鎖、細菌体外毒素A鎖、リシンA鎖、アブリンA鎖、クルシン（*curcicin*）、クロチン（*crotin*）、フェノマイシン（*phenomycin*）、エノマイシン（*enomycin*）などが挙げられる。細胞傷害剤はまた、新脈管形成タンパク質に対して惹起された抗体に放射性同位体を結合することによって、または放射性核種を抗体に共有結合されているキレート化剤に結合することによって、作製された放射性化学物質を含む。治療部分を膜貫通新脈管形成タンパク質に標的化することは、新脈管形成を患う領域における治療部分の局所濃度を増加させるように作用するだけでなく、治療部分に関連し得る有害な副作用を減少するように作用する。

【0138】

別の好ましい実施形態において、新脈管形成タンパク質（このタンパク質に対して抗体が惹起される）は、細胞内タンパク質である。この場合、抗体は、細胞への侵入を容易にするタンパク質と結合体化され得る。1つの場合において、抗体は、エンドサイトーシスによって細胞に入る。別の実施形態において、抗体をコードする核酸が個体または細胞に投与される。さらに、新脈管形成タンパク質は細胞内のどこにでも標的化され得（例えば、核）、その抗体は、その標的局在化に対するシグナル（すなわち、核局在化シグナル）を含む。

【0139】

本発明の新脈管形成抗体は、新脈管形成タンパク質に特異的に結合する。本明

細書中の「特異的に結合する」とは、抗体が、少なくとも $10^{-4} \sim 10^{-6} \text{M}^{-1}$ の範囲、好ましくは $10^{-7} \sim 10^{-9} \text{M}^{-1}$ の範囲の結合定数で、タンパク質に結合することを意味する。

【0140】

好ましい実施形態において、新脈管形成タンパク質は、発現後精製されるかまたは単離される。新脈管形成タンパク質は、どの他の成分がサンプル中に存在するかに依存して、当業者に公知の種々の方法で単離または精製され得る。標準的な精製方法としては、電気泳動技術、分子技術、免疫学的技術およびクロマトグラフィー技術（イオン交換クロマトグラフィー、疎水性クロマトグラフィー、アフィニティークロマトグラフィーおよび逆相HPLCクロマトグラフィー、ならびにクロマトフォーカシングを含む）が挙げられる。例えば、新脈管形成タンパク質は、標準的な抗新脈管形成タンパク質抗体カラムを使用して精製され得る。タンパク質濃縮と関連する、限外濾過およびダイアフィルトレーション技術もまた有用である。適切な精製技術の一般的なガイダンスについては、Scopes, R., Protein Purification, Springer-Verlag, NY (1982)を参照のこと。必要とされる精製の程度は、新脈管形成タンパク質の使用に依存して変化する。いくつかの場合において、精製は必要ではない。

【0141】

必要ならば、一旦発現および精製されると、新脈管形成タンパク質および核酸は、多くの適用において有用である。

【0142】

1つの局面において、遺伝子の発現レベルは、新脈管形成の表現型において異なる細胞状態に対して決定される；すなわち、通常組織（すなわち、新脈管形成を起こしていない）および新脈管形成組織（そしていくつかの場合において、以下に概説されるように、予後に関連する新脈管形成の種々の重篤度に対して）における遺伝子の発現レベルは、発現プロファイルを提供するために評価される。特定の細胞状態の発現プロファイルまたは発症点は、本質的に、状態の「フィンガープリント」である；2つの状態は、同様に発現される任意の特定の遺伝子を

有し得るが、多くの遺伝子の評価は、細胞の状態に固有である遺伝子発現プロフィールの生成を可能にする。異なる状態の細胞の発現プロフィールを比較することによって、これらの状態の各々において、どの遺伝子が重要であるかに関する情報（遺伝子のアップレギュレーションおよびダウンレギュレーションの両方を含む）が得られる。次いで、診断が行われうるか、または以下が確かめられ得る：特定の患者からの組織が、正常なまたは新脈管形成組織の遺伝子発現プロフィールを有するのか。

【0143】

「差示的発現」、または本明細書中で使用される文法上の等価物は、細胞内および細胞間での遺伝子の時間的および/または細胞発現パターンにおける定性的および定量的差の両方をいう。従って、差示的に発現された遺伝子は、定性的に、例えば、正常な組織 対 新脈管形成組織における、その変更された発現（活性化または不活性化を含む）を有する。すなわち、遺伝子は、別の状態に対し、特定の状態において、スイッチが入れられ（turn on）得るか、またはスイッチがきられ（turn off）得る。当業者に明らかなように、2つ以上の状態の任意の比較がなされ得る。このような定性的に調節された遺伝子は、1つのこのような状態または細胞型において、標準的な技術によって検出可能であるが、両方において検出可能ではない、状態または細胞型内で発現パターンを示す。あるいは、決定は、発現が増加または減少する場合に、定量的である；すなわち、遺伝子の発現は、アップレギュレーションされて、転写物の量の増加を生じるか、またはダウンレギュレーションされて転写物の量の減少を生じるかのいずれかである。発現が異なる程度は、以下に概略されるような標準的な特徴付け技術を介して（例えば、Affymetrix GeneChip™発現アレイ（Lockhart, Nature Biotechnology, 14:1675-1680 (1996)）（本明細書中で明確に、参考として援用される）の使用によって）、定量されるのに十分に大きくあることのみが必要である。他の技術は、定量的逆転写PCR、ノーザン分析およびRNase保護を含むが、これらに限定されない。上に概略されたように、好ましくは、発現の変化（すなわち、アップレギュレーションおよびダウンレギュレーション）

ン)は、少なくとも約50%、より好ましくは少なくとも約100%、より好ましくは約150%、より好ましくは約200%であり、300~少なくとも1000%が特に好ましい。

【0144】

当業者によって理解されるように、これは、遺伝子転写物レベル、またはタンパク質レベルのいずれかにおける評価によってなされ得る；すなわち、遺伝子発現の量は、遺伝子転写物のDNAまたはRNA等価物に対する核酸プローブを使用することによって、モニタリングされ得、そして遺伝子発現レベルの定量、あるいは最終遺伝子産物自体(タンパク質)が、例えば、新脈管形成タンパク質に対する抗体の使用および標準的イムノアッセイ(ELISAなど)または他の技術(質量分析アッセイ、2Dゲル電気泳動アッセイなど)を介してモニタリングされ得る。従って、新脈管形成遺伝子(新脈管形成表現型において重要であると同定されるもの)に対応するタンパク質が、新脈管形成診断試験において評価され得る。

【0145】

好ましい実施形態において、遺伝子発現モニタリングが行われ、そして多くの遺伝子(すなわち、発現プロファイル)が同時にモニタリングされるが、複数のタンパク質発現モニタリングが、同様に行われ得る。同様に、これらのアッセイは、同様に個体基準に基づいて行われ得る。

【0146】

この実施形態において、新脈管形成核酸プローブは、特定の細胞における新脈管形成配列の検出および定量のために、本明細書中に概説されるようなバイオチップに付着される。これらのアッセイは、以下の実施例にさらに記載される。

【0147】

好ましい実施形態において、新脈管タンパク質をコードする核酸が検出される。新脈管形成タンパク質をコードするDNAまたはRNAが検出され得るが、新脈管形成タンパク質をコードするmRNAが検出される方法が、特に興味深い。サンプルにおけるmRNAの存在は、新脈管形成遺伝子が転写されて、mRNAを形成することの指標であり、そしてタンパク質が発現されることを示唆する。

mRNAを検出するためのプローブは、任意のヌクレオチド/デオキシヌクレオチドプローブであり得、このプローブは、mRNAに相補的であり、そしてmRNAとの塩基対であり、そしてオリゴヌクレオチド、cDNAまたはRNAを含むがこれらに限定されない。プローブはまた、本明細書中で規定されるような検出可能な標識を含むべきである。1つの方法において、mRNAは、試験される核酸を固体支持体（例えば、ナイロン膜）に固定し、そしてプローブをサンプルにハイブリダイズした後に検出される。非特異的に結合したプローブを除去するための洗浄に続いて、標識が検出される。別の方法において、mRNAの検出が、インサイチュで実施される。この方法において、透過処理された細胞または組織サンプルが、検出可能に標識された核酸プローブと、そのプローブが標的mRNAにハイブリダイズすることを可能にするに十分な時間接触させられる。非特異的に結合したプローブを除去するための洗浄に続いて、標識が検出される。例えば、ジゴキシゲニン（digoxigenin）標識リボプローブ（RNAプローブ）（これは、新脈管形成タンパク質をコードするmRNAに相補的である）が、ジゴキシゲニンを抗ジゴキシゲニン2次抗体に結合させることによって、検出され、ニトロブルーテトラゾリウムおよび5-ブロモ-4-クロロ-3-インドールホスフェートで着色（develop）される。

【0148】

好ましい実施形態において、本明細書中に記載されるタンパク質の3つのクラスのうちいずれか（分泌タンパク質、膜貫通タンパク質または細胞内タンパク質）が、診断アッセイにおいて使用される。新脈管形成タンパク質、抗体、核酸、改変タンパク質および細胞（新脈管形成配列を含む）が、診断アッセイにおいて使用される。これは、個々の遺伝子または対応するポリペプチドレベルに対して実施される。好ましい実施形態において、発現プロファイルは、好ましくは、発現プロファイル遺伝子および/または対応するポリペプチドのモニタリングを可能にするための、ハイスループットスクリーニング技術に関連して使用される。

【0149】

本明細書中に記載されそして規定されるように、新脈管形成タンパク質（細胞管タンパク質、膜貫通タンパク質または分泌タンパク質を含む）は、新脈管形成

のマーカ―としての用途を見出す。推定新脈管形成組織または患者におけるこれらのタンパク質の検出は、新脈管形成の決定または診断を可能にする。当業者に公知の種々の方法は、新脈管形成を検出する際の使用を見出す。1つの実施形態において、抗体が、新脈管形成タンパク質を検出するために使用される。好ましい方法は、サンプルまたは患者から、ゲル（代表的に、変性および還元タンパク質ゲル、しかし、他の任意の型のゲル（等電フォーカシングゲルなどを含む）であり得る）上での電気泳動によってタンパク質を分離する。タンパク質の分離に続いて、新脈管形成タンパク質は、新脈管形成タンパク質に対して惹起された抗体を用いる免疫ブロッティングによって検出される。免疫ブロッティングの方法は、当業者に周知である。

【0150】

別の好ましい実施形態において、新脈管形成タンパク質に対する抗体は、インサイチュ画像化技術における使用を見出す。この方法において、細胞は、新脈管形成タンパク質に対する、1つの抗体から多くの抗体と接触される。非特異的な抗体結合を除去するための洗浄に続いて、抗体の存在が検出される。1つの実施形態において、抗体は、検出可能な標識を含む2次抗体と共にインキュベートすることによって、検出される。別の方法において、新脈管形成タンパク質に対する1次抗体は、検出可能な標識を含む。別の好ましい実施形態において、複数の1次抗体の各々は、個別かつ検出可能な標識を含む。この方法は、複数の新脈管形成タンパク質についての同時スクリーニングにおける特定の使用を見出す。当業者に理解されるように、多くの他の組織学的画像化技術は、本発明において有用である。

【0151】

好ましい実施形態において、標識が、蛍光測定器において検出され、この蛍光測定器は、異なる波長の発光を検出および区別する能力を有する。さらに、蛍光細胞分析分離装置（FACS）が、この方法において使用され得る。

【0152】

別の好ましい実施形態において、抗体は、血液サンプルから新脈管形成を診断する際の使用を見出す。先に記載されたように、特定の新脈管形成タンパク質は

、分泌／循環分子である。それによって、血液サンプルは、分泌された新脈管形成タンパク質の存在について、プローブまたは試験されるサンプルとして有用である。抗体は、当業者に理解されるように、先に記載のイムノアッセイ技術（ELISA、免疫プロットング（ウエスタンプロットング）、免疫沈降、BIACORE技術など）のいずれかによって新脈管形成を検出するために使用され得る。

【0153】

好ましい実施形態において、標識新脈管形成核酸プローブの組織アレイへのインサイチュハイブリダイゼーションが行われる。例えば、組織サンプルのアレイ（新脈管形成組織および／または正常組織を含む）が作製される。当該分野で公知であるインサイチュハイブリダイゼーションが、次いで、行われ得る。

【0154】

個々と標準との間のフィンガープリントを比較する場合、当業者は、診断および予後をなしうるということが理解される。診断を示す遺伝子は、予後を示す遺伝子とは異なりうるということがさらに理解される。

【0155】

好ましい実施形態において、新脈管形成タンパク質、抗体、核酸、改変タンパク質および細胞（新脈管形成配列を含む）が、予後アッセイにおいて使用される。上記のように、遺伝子発現プロフィール（新脈管形成の重篤度と相関する）は、長期にわたる予後の点から、生成され得る。再び、これが、タンパク質または遺伝子のレベルのいずれかに対して行われ得、遺伝子の使用が好ましい。上記のように、新脈管形成プローブが、組織または患者における新脈管形成配列の検出および定量のために、バイオチップに付着される。これらのアッセイは、上に概説されたように診断について、進行される。

【0156】

好ましい実施形態において、本明細書中に記載されるタンパク質の3つのクラスのいずれも、薬物スクリーニングアッセイにおいて使用される。新脈管形成タンパク質、抗体、核酸、改変タンパク質および細胞（新脈管形成配列を含む）は、薬物スクリーニングアッセイにおいて、または「遺伝子発現プロフィール」ま

たはポリペプチドの発現プロフィールに対する薬物候補の効果を評価することによって使用される。好ましい実施形態において、発現プロフィールが、好ましくは、候補薬剤を用いる処置の後に、発現プロフィール遺伝子のモニタリングを可能にするハイスループットスクリーニング技術と関連して、使用される (Zlokarnik, ら、Science 279, 84-8 (1998), Heid, 1996 #69)。

【0157】

好ましい実施形態において、新脈管形成タンパク質、抗体、核酸、改変タンパク質および細胞 (ネイティブまたは改変新脈管形成タンパク質を含む) は、スクリーニングアッセイにおいて、使用される。すなわち、本発明は、新脈管形成表現型を調節する組成物についてスクリーニングするための新規な方法を提供する。上記のように、これは、個々の遺伝子レベルに関してまたは「遺伝子発現プロフィール」に対する薬物候補の効果を評価することによって、行われ得る。好ましい実施形態において、発現プロフィールは、好ましくは、候補薬剤を用いる処置の後に、発現プロフィール遺伝子のモニタリングを可能にするハイスループットスクリーニング技術と関連して使用される (Zlokarnik (前出) を参照のこと)。

【0158】

本明細書中の差示的に発現される遺伝子が同定されると、種々のアッセイが実行され得る。好ましい実施形態において、アッセイが、個々の遺伝子またはタンパク質のレベルに対して、行われ得る。すなわち、新脈管形成においてアップレギュレーションされた特定の遺伝子が同定されると、候補生物活性薬剤は、この遺伝子の応答を調節するために；好ましくは、遺伝子をダウンレギュレーションするためにであるが、いくつかの状況において、遺伝子をアップレギュレーションするために、スクリーニングされ得る。「調節」は、従って、遺伝子発現の増加および減少の両方を含む。調節の好ましい量は、正常組織における 対 新脈管形成を受ける組織における、遺伝子発現の本来の変化に依存し、その変化は、少なくとも10%、好ましくは50%、より好ましくは100~300%、そしていくつかの実施形態において、300~1000%以上である。従って、遺

伝子が、正常な組織に比べて脈管形成組織において4倍の増加を示す場合、約4倍の減少が所望される；正常組織に比べて新脈管形成組織における10倍の減少は、所望される候補薬剤に対して、発現の10倍の増加を与える。

【0159】

当業者によって理解されるように、これは、遺伝子レベルまたはタンパク質レベルのいずれかにおける評価によって行われ得る；すなわち、遺伝子発現の量は、核酸プローブを使用してモニタリングされ得、そして遺伝子発現レベルの定量、あるいは遺伝子産物自体が、例えば、新脈管形成タンパク質に対する抗体の使用および標準的なイムノアッセイを介して、モニタリングされ得る。

【0160】

好ましい実施形態において、遺伝子発現モニタリングが行われ、そして多くの遺伝子（すなわち、発現プロフィール）が、同時にモニタリングされるが、複数のタンパク質発現モニタリングが、同様に行われ得る。

【0161】

この実施形態において、新脈管形成核酸プローブは、特定の細胞における新脈管形成配列の検出および定量のために、本明細書中で概略されるようなバイオチップに付着される。これらのアッセイは、以下にさらに記述される。

【0162】

一般に、好ましい実施形態において、候補生物活性薬剤は、分析の前に細胞に添加される。さらに、新脈管形成を調節するか、新脈管形成タンパク質を調節するか、新脈管形成タンパク質に結合するか、またはタンパク質の結合と抗体の結合との間を妨害する候補生物活性薬剤を同定するために、スクリーンが提供される。

【0163】

本明細書中で使用されるような、用語「候補生物活性薬剤」または「薬物候補」または文法的な等価物は、生物活性薬剤に対して試験される任意の分子（例えば、タンパク質、オリゴペプチド、有機小分子、多糖類、ポリヌクレオチドなど）を記述し、この生物活性薬剤は、新脈管形成表現型または新脈管形成配列（核酸配列およびタンパク質配列の両方を含む）の発現のいずれかを直接的にまたは

間接的に変更し得る。好ましい実施形態において、生物活性薬剤は、発現プロフィール、あるいは本明細書中に提供される発現プロフィール核酸またはタンパク質を調節する。特定の好ましい実施形態において、候補薬剤は、例えば、正常な組織のフィンガープリントに対する新脈管形成表現型を抑制する。同様に、候補薬剤は、好ましくは、重篤な新脈管形成表現型を抑制する。一般に、複数のアッセイ混合物が、種々の濃度に対する差示的応答を得るために、異なる薬剤濃度で並行して実施される。代表的に、これらの濃度の1つは、ネガティブコントロール（例えば、ゼロ濃度または検出レベル未満）として役割を果たす。

【0164】

1つの局面において、候補化合物は、新脈管形成タンパク質の効果を中和する。「中和する」は、実質的に細胞に対する効果を有しないように、タンパク質の活性が阻害されるかまたは相殺されるかのいずれかを意味する。

【0165】

候補薬剤は、多くの化学物質のクラスを包含するが、代表的に、それらは有機分子、好ましくは小有機分子（100ダルトンより大きく、そして約2500ダルトンより小さい分子量を有する）である。好ましい小分子は、2000D未満、または1500D未満または1000D未満または500D未満である。候補薬剤は、タンパク質との構造的な相互作用（特に、水素結合）のために必要な官能基を含み、そして代表的には、少なくとも、アミン基、カルボニル基、ヒドロキシル基またはカルボキシル基、好ましくは、これらの化学官能基の少なくとも2つを含む。候補薬剤は、しばしば、上記官能基の1つ以上で置換された環状炭素または複素環構造および/もしくは芳香族または多芳香族（polyaromatic）構造を含む。候補薬剤はまた、ペプチド、サッカリド、脂肪酸、ステロイド、プリン、ピリミジン、それらの誘導体、それらの構造類似体、またはそれらの組み合わせを含む生体分子の中に見出される。特に好ましいのは、ペプチドである。

【0166】

候補薬剤は、合成または天然の化合物のライブラリーを含む種々の広範な供給源から得られる。例えば、多くの手段が、種々の広範な有機化合物および生体分

子のランダムおよび方向付けられた合成（ランダム化されたオリゴヌクレオチドの発現を含む）について利用可能である。あるいは、細菌、真菌、植物、および動物の抽出物の形態の天然の化合物のライブラリーが、利用可能であるかまたは容易に作製される。さらに、天然のまたは合成的に作製されたライブラリーおよび化合物は、従来の化学的、物理的、および生化学的手段を介して改変される。公知の薬理的薬剤は、方向付けられたまたはランダムな化学的改変（例えば、アシル化、アルキル化、エステル化、アミド化（amidification））に供されて、構造類似体を生成し得る。

【0167】

好ましい実施形態において、候補生物活性薬剤はタンパク質である。本明細書中の「タンパク質」は、少なくとも2つの共有結合されたアミノ酸を意味し、これには、タンパク質、ポリペプチド、オリゴペプチド、およびペプチドが含まれる。タンパク質は、天然に存在するアミノ酸およびペプチド結合、または合成ペプチド模倣構造から作製され得る。従って、「アミノ酸」または「ペプチド残基」は、本明細書中で使用される場合、天然に存在するアミノ酸および合成アミノ酸を意味する。例えば、ホモ-フェニルアラニン、シトルリンおよびノルロイシン（noreleucine）は、本発明の目的のためのアミノ酸であると考えられる。「アミノ酸」はまた、イミノ酸残基（例えば、プロリンおよびヒドロキシプロリン）を含む。側鎖は、（R）配置または（S）配置のいずれかであり得る。好ましい実施形態において、アミノ酸は（S）またはL-配置である。天然に存在しない側鎖が使用される場合、非アミノ酸置換基が、例えば、インビボ分解を防ぐかまたは遅らせるために使用され得る。

【0168】

好ましい実施形態において、候補生物活性剤は、天然に存在するタンパク質または天然に存在するタンパク質のフラグメントである。従って、例えば、タンパク質を含む細胞抽出物、あるいは蛋白様細胞抽出物のランダムまたは直接の消化物が、使用され得る。この方法において、原核生物タンパク質および真核生物タンパク質のライブラリーは、本発明の方法におけるスクリーニングのために作製され得る。本実施形態において、特に好ましいのは、細菌タンパク質、真菌タン

パク質、ウイルスタンパク質および哺乳動物タンパク質のライブラリーであり、後者が好ましく、そしてヒトタンパク質が、特に好ましい。

【0169】

好ましい実施形態において、候補生物活性剤は、約5～約30アミノ酸のペプチドであり、約5～約20アミノ酸が好ましく、そして約7～約15が特に好ましい。これらのペプチドは、ランダムなペプチド、または「偏った(biased)」ランダムなペプチドとして、上記で概略された、天然に存在するタンパク質の消化物であり得る。「ランダム化(randomized)」または本明細書中で文法上の等価物は、各核酸およびペプチドが、それぞれ、本質的にランダムなヌクレオチドおよびアミノ酸からなることを意味する。一般的に、これらのランダムなペプチド(または以下で議論される核酸)は、化学的に合成されるので、それらは、任意のヌクレオチドまたはアミノ酸を、任意の位置に組み込み得る。合成プロセスは、配列全体にわたる可能な組み合わせのすべてまたはほとんどの形成を可能にするための、ランダム化したタンパク質または核酸を生じるために設計され得る、従って、ランダム化された候補生物活性蛋白様薬剤のライブラリーを形成する。

【0170】

1つの実施形態において、ライブラリーは、十分にランダム化され、優先的な配列がないかまたは任意の位置で一定である。好ましい実施形態において、ライブラリーは、偏っている。すなわち、配列内のいくつかの位置は、定常であるか、または制限された数の可能性から選択されるかのいずれかである。例えば、好ましい実施形態において、ヌクレオチドまたはアミノ酸残基は、規定されたクラス(例えば、疎水性アミノ酸、親水性残基、立体的に偏った(小さいか、大きい)のいずれか)残基)内で、核酸結合ドメインの作成のため、架橋のためのシステインの作成、SH-3ドメインのためにプロリン、リン酸化部位のためスレオニン、チロシンまたはヒスチジンなどに、またはプリンなどに向けてランダム化される。

【0171】

好ましい実施形態において、候補生物活性剤は、上記で定義されたような核酸

である。

【0172】

タンパク質について、上記で一般的に記載されるように、核酸候補生物活性剤は、天然に存在する核酸、ランダムな核酸、または「偏った」ランダム核酸であり得る。例えば、原核生物ゲノムまたは真核生物ゲノムの消化物は、タンパク質について上記に概略されたように使用され得る。

【0173】

好ましい実施形態において、候補生物活性剤は、有機化学分子であり、広範なそれらは、文献において利用可能である。

【0174】

候補薬剤が添加され、そして細胞が、ある程度の期間インキュベートされ得た後、分析されるべき標的配列を含むサンプルは、バイオチップに添加される。必要な場合、標的配列は、公知の技術を使用して調製される。例えば、サンプルは、当業者に明白なような、公知の溶解緩衝液、エレクトロポレーションなどを使用して、必要な場合に生じる、精製および/またはPCRのような増幅を用いて、細胞を溶解するために処理され得る。例えば、ヌクレオシドに共有結合的に付着した標識を用いるインビトロ転写が行われる。一般的に、核酸は、ビオチン-FITCまたはPE、あるいはcy3またはcy5で標識される。

【0175】

好ましい実施形態において、標的配列は、例えば、蛍光シグナル、化学発光シグナル、化学シグナル、または放射活性シグナルで標識され、プローブへの標的配列特異的な結合を検出手段を提供する。標識はまた、アルカリホスファターゼ、または西洋ワサビペルオキシダーゼのような酵素であり得、適切な基質が提供される場合に、検出され得る産物を産生する。あるいは、標識は、標識された化合物または低分子（例えば、酵素に結合するが、酵素によって触媒も変化もしない酵素インヒビター）であり得る。標識はまた、部分または化合物（例えば、エピトープタグまたはストレプトアビジンに特異的に結合するビオチン）であり得る。

【0176】

ビオチンの例については、ストレプトアビジンは、上記のように標識され、それによって、結合した標的配列についての検出可能なシグナルを、提供する。当該分野で公知のように、未結合の標識されたストレプトアビジンは、分析の前に除去される。

【0177】

当業者に明白なように、これらのアッセイは、ハイブリダイゼーションアッセイに関し得るか、または複数のプローブの使用を含む「サンドイッチアッセイ」を含み得、それは一般に米国特許第5,681,702号、同第5,597,909号、同第5,545,730号、同第5,594,117号、同第5,591,584号、同第5,571,670号、同第5,580,731号、同第5,571,670号、同第5,591,584号、同第5,624,802号、同第5,635,352号、同第5,594,118号、同第5,359,100号、同第5,124,246号および同第5,681,697号に概略され、それらのすべては、本明細書中に参考として援用される。この実施形態において、一般的に、標的核酸は、上記に概略されたように調製され、次いで、ハイブリダイゼーション複合体の形成を可能にする条件下で、複数の核酸プローブを備えるバイオチップに添加される。

【0178】

広範なハイブリダイゼーション条件が、上記で概略された高度、中程度および低度のストリンジェンシー条件を含んで本発明において使用され得る。このアッセイは、一般的に、標的の存在下のみで、標識プローブハイブリダイゼーション複合体の形成を可能にするストリンジェンシーな条件下で行われる。ストリンジェンシーは、温度、ホルムアミド濃度、塩濃度、カオトロピズム塩濃度pH、有機溶媒濃度などを含むが、これらに限定されない、熱力学的変数であるステップパラメーターを変化することによって制御され得る。

【0179】

これらのパラメーターはまた、一般的に米国特許第5,681,697号に概略されるように、非特異的結合を制御するために使用され得る。従って、非特異的結合を減少するために、より高いストリンジェンシー条件で、特定の工程を行

うことは、望ましい。

【0180】

本明細書中で概略される反応は、当業者に明白な種々の方法で達成され得る。反応の成分は、同時または任意の順番で連続して添加され得、好ましい実施形態は以下に概略される。さらに、反応は、アッセイに含まれ得る種々の他の薬剤を含み得る。これらは、最適なハイブリダイゼーションおよび検出を容易にするために使用され得る、塩、緩衝液、中性タンパク質（例えば、アルブミン）、界面活性剤などのような試薬を含み、そして/または非特異的またはバックグラウンドの相互作用を減少する。さもなければアッセイの効率を改善する試薬（プロテアーゼインヒビター、ヌクレアーゼインヒビター、抗菌剤、など）はまた、サンプル調製方法および標的の精製度に依存して使用され得る。

【0181】

一旦アッセイが行われると、データは、個々の遺伝子の発現レベルおよび遺伝子発現プロファイルを形成する状態の間の発現レベルにおける変化を決定するために分析される。

【0182】

スクリーニングは、新脈管形成表現型を調節する薬物または生物活性剤を同定するために行われる。具体的には、行われ得るいくつかの型のスクリーニングが存在する。好ましい実施形態は、特定の発現プロファイルを誘導または抑制し得る、候補薬剤のスクリーニングであり、従って、好ましくは、関連する表現型を生じる。すなわち、正常組織の発現プロファイルに類似の新脈管形成において、発現プロファイルを模倣し得るか、または生じ得る候補薬剤が、新脈管形成表現型の抑制を生じると期待される。従って、この実施形態において、発現プロファイルを模倣することまたは互いのプロファイルを変化することが、目的である。

【0183】

好ましい実施形態において、診断適用のために、任意の状態において重要な差別的に発現された遺伝子を同定する場合、スクリーニングは、個々の遺伝子の発現を変化するために行われ得る。すなわち、単一の遺伝子の発現の調節についてのスクリーニングが行われ得る；すなわち、発現プロファイルのすべてまたは一

部を模倣することを試みるよりも、個々の遺伝子の調節についてのスクリーニングが行われ得る。従って、例えば、特に2つの状態間で存在または非存在が独特である、標的遺伝子の場合、スクリーニングが、標的遺伝子発現のモジュレーターについて行われる。

【0184】

好ましい実施形態において、差示的に発現された遺伝子の発現産物の生物学的機能を変化するために、スクリーニングは行われる。再び、特定の状態で、遺伝子の重要性を同定する場合、遺伝子産物の生物学的活性を結合および/または調節する薬剤のスクリーニングは、以下により十分に概略されるように行われ得る。

【0185】

従って、遺伝子発現レベルまたはタンパク質レベルのいずれかで、新脈管形成表現型を調整する候補薬剤のスクリーニングが行われ得る。

【0186】

さらに、スクリーニングは、候補薬剤に対して誘導される新規の遺伝子について行われ得る。正常組織由来の遺伝子の発現を模倣するために、正常な発現パターンを生じる新脈管形成発現パターンを抑制する、または単一の新脈管形成遺伝子発現プロファイルを調節するその能力に基づいて、候補薬剤が同定された後、上記のスクリーニングは、薬剤に対して特異的に調節される遺伝子を同定するために行われ得る。正常組織と薬剤で処理された新脈管形成組織との間の発現プロファイルの比較によって、正常組織でも、新脈管形成組織でも発現されないが、薬剤で処置された組織で発現される遺伝子が明らかになった。これらの薬剤に特異的な配列は、新脈管形成遺伝子またはタンパク質について本明細書中で記載される任意の方法によって同定され得、そして使用され得る。特に、これらの配列およびそれらのコードするタンパク質は、薬剤で処理された細胞をマークおよび同定する際の用途を見出す。さらに、抗体は、タンパク質を誘導する薬剤に対して惹起され得、そして処理された新脈管形成組織サンプルに対する新規の治療法に標的化するために使用され得る。

【0187】

従って、1つの実施形態において、候補薬剤は、脈管形成細胞の集団に投与され、従ってこれらは、関連した新脈管形成発現プロフィールを有する。「投与」または「接触」は、本明細書中では、取り込みおよび細胞内作用、または細胞表面での作用のいずれかによって、薬剤が細胞に作用することを可能にする様式で、候補薬剤が細胞に添加されることを意味する。いくつかの実施形態において、蛋白様候補薬剤をコードする核酸（すなわち、ペプチド）は、ウイルス構築物（例えば、レトロウイルス構築物）に入れられ得、そして細胞に添加され得、その結果、ペプチド薬剤の発現が達成される；PCT US 97/01019を参照のこと（本明細書中に記載されるように参考として援用される）。

【0188】

一旦、候補薬剤が細胞に投与されると、所望ならば、これらの細胞は洗浄され得、そして好ましくは生理学的条件下でいくらかの時間にわたってインキュベートされ得る。次いで、これらの細胞は、回収され、そして、本明細書中に概略されるような新たな遺伝子発現プロフィールが作製される。

【0189】

従って、例えば、新脈管形成組織は、新脈管形成の表現型を減少するかまたは抑制する薬剤についてスクリーニングされ得る。少なくとも1つの遺伝子の発現プロフィールの変化は、この薬剤が新脈管形成活性に対して効果を有することを示す。新脈管形成表現型についてのこのような徴候を規定することによって、この表現型を改変する新たな薬剤のスクリーニングは、工夫され得る。この手順では、この薬剤標的は、新規である必要はなく、そして独自の発現スクリーニングプラットフォームにおいて示される必要はなく、また、この標的タンパク質についての転写レベルは変化する必要はない。

【0190】

好ましい実施形態において、上記に概略されるように、スクリーニングは、個々の遺伝子および遺伝子産物（タンパク質）に対して行われ得る。すなわち、差示的に発現された特定の遺伝子が特定の状態において重要として同定されること、遺伝子または遺伝子産物それ自体のいずれかの発現の調節因子をスクリーニングすることが、行われ得る。差示的に発現される遺伝子の遺伝子産物は、時折、

「新脈管形成タンパク質」として本明細書中で言及される。好ましい実施形態において、この新脈管形成タンパク質は、図4、8、13、18および22に示されるか、または図2、3、7、12、17、21および23に示される配列によってコードされる。この新脈管形成タンパク質は、フラグメント、あるいは本明細書中で示されるフラグメントに対する全長タンパク質であり得る。

【0191】

好ましくは、新脈管形成タンパク質は、約14～24アミノ酸長のフラグメントである。より好ましくは、このフラグメントは、可溶性フラグメントである。

【0192】

好ましい実施形態において、このフラグメントはAAA1由来である。好ましくは、このフラグメントは、非膜貫通領域を含む。好ましい実施形態において、AAA1フラグメントは、可溶性のためにN末端のシステインを有する。好ましくは、このフラグメントは、AAA1 p1およびAAA1 p2より選択される。

【0193】

好ましい実施形態において、このフラグメントは荷電され、そしてAAA4のC末端由来である。1つの実施形態において、このフラグメントのC末端は、遊離酸として働き、そしてN末端は結合（すなわちシステインとの結合）のための遊離アミンである。1つの実施形態において、このフラグメントは、AAA4の内部ペプチド重複親水性ストレッチである。好ましい実施形態において、この末端はブロックされる。好ましくは、AAA4のフラグメントは、AAA4 p1またはAAA4 p2より選択される。別の実施形態において、このフラグメントは、N末端由来の新規なフラグメントである。1つの実施形態において、このフラグメントはN末端の外側の配列を除外し、別の実施形態において、このフラグメントは、少なくともN末端の一部を含む。本明細書中において、「N末端」は、さらに上記した「N末端」と交換可能に使用される。

【0194】

1つの実施形態において、新脈管形成タンパク質は、本明細書中に記載される免疫原性因子と結合される。1つの実施形態において、新脈管形成タンパク質は、BSAと結合される。

【0195】

従って、好ましい実施形態において、特定の遺伝子の発現の調節因子についてのスクリーニングが、実施され得る。これは、上記に概略されるように実施されるが、一般には、1つのみかまたはいくつかの遺伝子の発現が、評価される。

【0196】

好ましい実施形態において、差示的に発現されるタンパク質に結合し得る候補薬剤を見出すスクリーニングが、まず設計され、次いで、これらの薬剤は、差示的に発現される活性を調節するためのこの候補薬剤の能力を評価するアッセイにおいて使用され得る。従って、当業者に明白なように、実施され得る多くの異なるアッセイ（結合アッセイおよび活性アッセイ）が存在する。

【0197】

好ましい実施形態において、結合アッセイが行われる。一般に、精製または単離された遺伝子産物が使用される；すなわち、1つ以上の差示的に発現される核酸の遺伝子産物が作製される。一般に、これは、当該分野において公知として行われる。例えば、抗体が、タンパク質遺伝子産物に対して作製され、そして標準免疫アッセイを行い、存在するタンパク質の量を決定する。あるいは、新脈管形成タンパク質を含む細胞が、アッセイに使用され得る。

【0198】

従って、好ましい実施形態において、その方法は、新脈管形成タンパク質および候補生物活性剤を結合させる工程、ならびにこの候補薬剤の新脈管形成タンパク質への結合を決定する工程を包含する。好ましい実施形態は、例えば、ヒト疾患の動物モデルの開発について他の哺乳動物タンパク質もまた使用され得るにもかかわらず、ヒト新脈管形成タンパク質を利用する。いくつかの実施形態において、本明細書中で概略されるように、新脈管形成タンパク質の改変体または誘導体が、使用され得る。

【0199】

一般に、本明細書中の方法の好ましい実施形態において、新脈管形成タンパク質または候補薬剤は、単離されたサンプルを受容する領域を有する不溶性支持体（例えば、マイクロタイタープレート、アレイなど）に非拡散可能（non-d

i f f u s a b l y) に結合される。不溶性支持体は、任意の組成物からなり得、これらの組成物が結合され得るものは、可溶性物質から容易に分離され、そしてさもなくば、スクリーニングの全ての方法と相互交換可能である。このような支持体の表面は、固相またはポーラスおよび任意の簡便な形状であり得る。適切な不溶性支持体の例は、マイクロタイタープレート、アレイ、膜およびビーズを含む。これらは、代表的にガラス、プラスチック（例えば、ポリスチレン）、多糖、ナイロンまたはニトロセルロース、テフロン（登録商標）などからなる。マイクロタイタープレートおよびアレイは、特に簡便である。なぜなら、多くのアッセイが、少量の試薬およびサンプルを使用して連続して実施され得るからである。組成物の特定の結合様式は、試薬および本発明の全ての方法と相互変換可能である限り重要ではなく、この組成物の活性を維持しかつ非拡散可能である。結合の好ましい方法は、抗体（タンパク質を支持体に結合する場合、リガンド結合部位または活性化配列のいずれかを立体的にブロックしない）の使用、「粘着性」またはイオン性の支持体への直接結合、化学的クロスリンク、表面上のタンパク質または薬剤の合成などを含む。タンパク質または薬剤の結合に続いて、余分な非結合物質が、洗浄によって除去される。次いで、サンプルを除いた領域は、ウシ血清アルブミン（BSA）、カゼインまたは他の無害のタンパク質もしくは他の部分でのインキュベーションを通じてブロックされ得る。

【0200】

好ましい実施形態において、新脈管形成タンパク質を、支持体に結合し、そして候補生物活性剤をアッセイに添加する。あるいは、この候補薬剤を支持体に結合し、そしてこの新脈管形成タンパク質を添加する。新規の結合剤は、特定の抗体、化学ライブラリーのスクリーニングにおいて同定された非天然の結合剤、ペプチドアナログなどを含む。ヒト細胞に対して低い毒性を有する薬剤についてのスクリーニングが、特に興味深い。標識されたインビトロのタンパク質 - タンパク質結合アッセイ、電気泳動移動度シフトアッセイ、タンパク質結合に関する免疫アッセイ、機能的アッセイ（リン酸化アッセイなど）などを含む、広範な種々のアッセイが、この目的に使用され得る。

【0201】

新脈管形成タンパク質に対する候補生物活性剤の結合の決定を、多くの方法で行い得る。好ましい実施形態において、候補生物活性剤は標識され、そして結合が直接決定される。例えば、このことは、新脈管形成タンパク質の全てまたは一部を固相支持体に接触させること、標識された候補薬剤（例えば、蛍光標識）を添加すること、余分な因子を洗い流すこと、およびこの標識が固相支持体上に存在するか否かを決定することによって行われ得る。種々のブロッキング工程および洗浄工程は、当該分野において公知として利用され得る。

【0202】

本明細書中において「標識した（された）」によって、検出可能なシグナル（例えば、放射性同位元素、蛍光剤、酵素、抗体、磁気粒子のような粒子、化学蛍光剤、または特異的結合分子などを提供する標識で、この化合物が直接的にかまたは間接的に標識されることが意味される。特異的結合分子は、ビオチンとストレプトアビジン、ジゴキシンとアンチジゴキシンなどのような対を含む。特異的結合メンバーについて、相補的メンバーは、上記に概略されるような公知の手順に従って、検出を提供する分子で正常に標識される。標識は、直接または非直接に検出可能なシグナルを提供し得る。

【0203】

いくつかの実施形態において、1つの成分のみが標識される。例えば、タンパク質（またはタンパク質の候補薬剤）は、 ^{125}I を使用してかまたは蛍光基で、チロシン位において標識され得る。あるいは、1つより多い成分が、異なる標識（例えば、タンパク質に対して ^{125}I 、そして候補因子について蛍光基）で標識され得る。

【0204】

好ましい実施形態において、候補生物活性剤の結合は、競合的結合アッセイの使用を通じて決定される。この実施形態において、競合剤は、標的分子（すなわち、新脈管形成）に結合することが公知の結合部分（例えば、抗体、ペプチド、結合パートナー、リガンドなど）である。特定の条件下で、生物活性剤に置き換わる結合部分を有する、生物活性剤とその結合部分との間のような競合的結合が存在し得る。

【0205】

1つの実施形態において、候補生物活性剤は標識される。存在するならば、候補生物活性剤またはその競合剤のいずれかまたは両方を、結合し得るに十分な時間だけ、まずタンパク質に添加する。インキュベーションは、最適な活性を容易にする任意の温度（代表的には、4 と40 との間）で実施され得る。インキュベーション時間は、最適活性について選択されるが、また迅速な高スループットスクリーニングを容易にするように最適化され得る。代表的には、0.1時間と1時間との間で十分である。余分な薬剤は、一般には除去されるかまたは洗浄される。次いで、第2の成分が添加され、そして引き続いて、結合を表示する標識された成分を存在させるかまたは存在させない。

【0206】

好ましい実施形態において、競合剤をまず添加し、次いで、候補生物活性剤を添加する。競合剤の置換は、候補生物活性剤が新脈管形成タンパク質に結合しており、次いで、新脈管形成タンパク質の活性に結合し得かつ潜在的に調節し得る。この実施形態において、いずれかの成分が標識され得る。従って、例えば、競合剤が標識される場合、洗浄溶液中の標識の存在は、この薬剤による置換を示す。あるいは、候補生物活性剤が標識される場合、支持体上の標識の存在は、置換を示す。

【0207】

代替の実施形態において、候補生物活性剤をまず添加し、インキュベーションおよび洗浄を行い、引き続き、競合剤を添加する。競合剤による結合の非存在は、生物活性剤が高親和性で新脈管形成タンパク質に結合されることを示し得る。従って、候補生物活性剤が標識される場合、競合剤の結合の欠如と連結した支持体上の標識の存在は、候補薬剤が新脈管形成タンパク質に結合し得ることを示し得る。

【0208】

好ましい実施形態において、その方法は、新脈管形成タンパク質の活性を調節し得る生物活性剤を同定するための差示的なスクリーニングを含む。この実施形態において、方法は、第1のサンプルにおいて新脈管形成タンパク質および競合

剤を結合させる工程を包含する。第2のサンプルは、候補生物活性剤、新脈管形成タンパク質および競合剤を含む。競合剤の結合は、両方のサンプルについて決定される。そしてこれら2つのサンプルの間の結合における変化または差異は、新脈管形成タンパク質に結合し得かつ潜在的にその活性を調節し得る因子の存在を示す。すなわち、競合剤の結合が第1のサンプルに比べて第2のサンプルにおいて異なる場合、この薬剤は、新脈管形成タンパク質に結合し得る。

【0209】

あるいは、好ましい実施形態は、差示的なスクリーニングを利用して、天然の新脈管形成タンパク質に結合するが改変した新脈管形成タンパク質には結合し得ない薬物候補を同定する。新脈管形成タンパク質の構造は、モデル化され得、そしてその部位と相互作用する薬剤を合成するための合理的薬物設計に使用され得る。新脈管形成生物活性に影響する薬物候補はまた、このタンパク質の活性を増加するかまたは減少するかのいずれかの能力について薬物をスクリーニングすることによって同定される。

【0210】

陽性コントロールおよび陰性コントロールが、アッセイにおいて使用され得る。好ましくは、全てのコントロールおよび試験サンプルは、統計的に顕著な結果を得るために少なくとも3回実施される。全てのサンプルのインキュベーションは、このタンパク質に対するこの薬剤の結合のために十分な時間にわたる。インキュベーションに引き続き、全てのサンプルは、非特異的結合物質を洗い流し、そして一般には標識された薬剤の結合量が決定される。例えば、放射標識が使用される場合、そのサンプルは、結合化合物の量を決定するためにシンチレーションカウンター中で計数され得る。

【0211】

種々のほかの試薬は、スクリーニングアッセイに含まれ得る。これらは、塩、中性タンパク質（例えば、アルブミン）、界面活性剤などのような試薬を含む。これらは、最適なタンパク質 - タンパク質結合を容易にするために、および/または非特異的相互作用もしくはバックグラウンド相互作用を減少するために使用され得る。アッセイの効率を改善する試薬（プロテアーゼインヒビター、ヌクレ

アーゼインヒビター、抗微生物剤など)はまた、使用され得る。成分の混合物は、必須の結合に提供されるために添加され得る。

【0212】

新脈管形成タンパク質の活性を調節する薬剤についてのスクリーニングはまた、行われ得る。好ましい実施形態において、新脈管形成タンパク質の活性を調節し得る生物活性剤についてのスクリーニングのための方法は、上記のような、候補生物活性剤を新脈管形成タンパク質のサンプルに添加する工程、および新脈管形成タンパク質の生物学的活性における改変を決定する工程を包含する。「新脈管形成タンパク質の活性の調節」は、活性の増加、活性の減少、または存在する活性の型または種類における変化を含む。従って、この実施形態において、候補因子は、新脈管形成タンパク質への結合(これは必要であり得ないが)、および本明細書中に規定されるような生物学的活性もしくは生化学的活性の改変の両方を行うべきである。この方法は、一般には上記に概略されるようなインビトロでのスクリーニング方法、および新脈管形成タンパク質の存在、分布、活性または量における改変についての細胞のインビボでのスクリーニングの両方を含む。

【0213】

従って、この実施形態において、この方法は、新脈管形成サンプルおよび候補生物活性剤を結合させる工程、ならびに新脈管形成における効果を評価する工程を包含する。本明細書中における「新脈管形成活性」または文法的な等価物によって、新脈管形成の生物学的活性(新脈管形成におけるその役割を含むが、これに限定されない)の1つが意味される。1つの実施形態において、新脈管形成活性は、AAA4、AAA1、Edg-1、51インテグリン、エンドムチンおよびマトリックスメタロプロテイナーゼ10の活性化を含む。新脈管形成活性のインヒビターは、1つ以上の新脈管形成活性のいずれかの阻害である。

【0214】

好ましい実施形態において、新脈管形成タンパク質の活性は、増加される；別の好ましい実施形態において、新脈管形成タンパク質の活性は、減少される。従って、アンタゴニストである生物活性剤は、いくつかの実施形態において好ましく、そしてアゴニストである生物活性剤は、他の実施形態において好ましくあり

得る。

【0215】

好ましい実施形態において、本発明は、新脈管形成タンパク質の活性を調節し得る生物活性剤についてスクリーニングするための方法を提供する。本方法は、上記に規定されるように、新脈管形成タンパク質を含む細胞に候補生物活性剤を添加する工程を包含する。好ましい細胞型は、ほとんど全ての細胞である。これらの細胞は、新脈管形成タンパク質をコードする組換え体核酸を含む。好ましい実施形態において、候補薬剤のライブラリーを、複数の細胞において試験する。

【0216】

1つの局面において、生理学的シグナル(例えば、ホルモン、抗体、ペプチド、抗原、サイトカイン、増殖因子、活動電位、薬理的因子(化学療法、放射線、発癌物質(carcinogenics)または他の細胞(すなわち、細胞-細胞接触)を含む))の曝露が存在するかまたは存在しないか、あるいは前に行うかまたは後に行うかの条件下でアッセイが評価される。別の実施形態において、判定は、細胞周期プロセスの異なる段階で決定される。

【0217】

この方法において、生物活性剤が同定される。薬理的活性を有する化合物は、新脈管形成タンパク質の活性を増加または干渉し得る。1つの実施形態において、本明細書中で使用される場合「新脈管形成タンパク質活性」は、以下を少なくとも1つ含む:本明細書中で規定されるような新脈管形成タンパク質活性、Edg-1への結合、Edg-1の活性化、またはEdg-1の基質の活性化。1つの実施形態において、新脈管形成活性は、新脈管形成組織の調節されない増殖、または組織における動脈の増殖として規定される。1つの局面において、本明細書中で規定されるような新脈管形成活性は、新脈管形成組織でのEdg-1のアップレギュレーションにおけるEdg-1の活性に関する。

【0218】

別の実施形態において、新脈管形成タンパク質活性は、以下の少なくとも1つを含む:新脈管形成活性、AAA4、AAA1、Edg-1、51インテグリン、エンドムチン、マトリックスメタロプロテイナーゼ10の1つとの結合、

またはAAA4、AAA1、Edg-1、5 1インテグリン、エンドムチン、マトリックスメタロプロテイナーゼ10それぞれの基質の活性化。1つの実施形態において、AAA1は、そのN末端を含む。1つの局面において、本明細書中に規定されるような新脈管形成活性は、新脈管形成組織でのAAA4、AAA1、Edg-1、5 1インテグリン、エンドムチン、マトリックスメタロプロテイナーゼ10それぞれのアップレギュレーションにおけるAAA4、AAA1、Edg-1、5 1インテグリン、エンドムチン、マトリックスメタロプロテイナーゼ10の活性に関する。

【0219】

1つの実施形態において、新脈管形成細胞分裂を阻害する方法が、提供される。この方法は、新脈管形成インヒビターの投与を含む。

【0220】

別の実施形態において、新脈管形成を阻害する方法が提供される。この方法は、新脈管形成インヒビターの投与を含む。

【0221】

さらなる実施形態において、細胞または新脈管形成を有する個体を処理する方法が、提供される。この方法は、新脈管形成インヒビターの投与を含む。

【0222】

1つの実施形態において、新脈管形成インヒビターは、上記に記載されるような抗体である。別の実施形態において、新脈管形成インヒビターは、アンチセンス分子である。本明細書中で使用される場合、アンチセンス分子は、新脈管形成分子についての標的mRNA（センス）配列またはDNA（アンチセンス）配列に結合し得る単鎖核酸配列（RNAまたはDNAのいずれか）を含む、アンチセンスオリゴヌクレオチドまたはセンスオリゴヌクレオチドを含む。好ましいアンチセンス分子は、AAA4、AAA1、Edg-1、5 1インテグリン、エンドムチン、またはマトリックスメタロプロテイナーゼ10についてであり、より好ましくは、表5中の新脈管形成配列、またはそのリガンドもしくはアクチベーターについてである。最も好ましいアンチセンス分子は、Edg-1またはそのリガンドもしくはアクチベーターについてである。本発明に従って、アンチセ

ンス配列またはセンス配列は、一般に少なくとも約14ヌクレオチド、好ましくは、約14~30ヌクレオチドのフラグメントを含む。所定のタンパク質をコードするcDNA配列に基づいてアンチセンス配列またはセンス配列を誘導する能力は、例えば、SteinおよびCohen(Cancer Res. 48:2659、1988)ならびにvan der Krofら(BioTechniques 6:958、1988)に記載される。

【0223】

アンチセンス分子は、WO91/04753に記載されるような、リガンド結合分子との結合物の形成による標的核酸配列を含む細胞中に導入され得る。適切なリガンド結合分子は、以下を含むがこれらに限定されない：細胞表面レセプター、増殖因子、他のサイトカイン、または細胞表面レセプターに結合する他のリガンド。好ましくは、リガンド結合分子の結合は、リガンド結合分子がその対応する分子またはレセプターへ結合する能力を実質的には干渉しないか、あるいは、センスオリゴヌクレオチドもしくはアンチセンスオリゴヌクレオチドまたはその結合したバージョンの細胞内への侵入を実質的にはブロックしない。あるいは、センスオリゴヌクレオチドまたはアンチセンスオリゴヌクレオチドは、WO90/10448に記載されるように、オリゴヌクレオチド-脂質複合体の形成によって、標的核酸配列を含む細胞に導入され得る。アンチセンス分子またはノックアウトモデルおよびノックインモデルの使用はまた、処理の方法に加えて、上記に記載されるようなスクリーニングアッセイにおいて使用され得ることが理解される。

【0224】

所望の薬理学的活性を有する化合物は、以前に記載されたように、生理学的に受容可能なキャリア中で宿主に投与され得る。この薬剤は、経口または非経口の種々の方法(例えば、皮下、腹腔内、脈管内など)で投与され得る。導入の様式に依存して、化合物は、種々の方法で処方され得る。この処方における治療的に活性な化合物の濃度は、約0.1-100重量%まで変動し得る。この薬剤は、単独でかまたは他の処置(すなわち、放射線)と組み合わせて投与され得る。

【0225】

薬学的組成物は、種々の形態（例えば、顆粒、錠剤、丸剤、坐剤、カプセル、懸濁物、軟膏、ローションなど）で調製され得る。薬学的等級の有機キャリアまたは無機キャリアおよび/または経口および局所での使用に適切な希釈液を使用して、治療的に活性な化合物を含む組成物を作製し得る。当該分野において公知の希釈液は、水溶性培地、植物性および動物性の油および脂を含む。安定剤、可湿剤および乳化剤、変化する浸透圧または妥当なpH値を確保するための緩衝液についての塩、および皮膚貫通増強剤が、補助剤として使用され得る。

【0226】

学説に縛られることなく、種々の新脈管形成配列が新脈管形成に重要であるようだ。従って、新脈管形成遺伝子の変異体または改変体に基づく障害が決定され得る。1つの実施形態において、本発明は、細胞における少なくとも1つの内因性新脈管形成遺伝子の配列の全てまたは一部を決定する工程を包含する、種々の新脈管形成遺伝子を含む細胞を同定するための方法を提供する。当業者によって明白であるように、これは、任意の数の配列決定技術を使用して行われ得る。好ましい実施形態において、本発明は、個体の新脈管形成遺伝子の少なくとも1つの配列の全てまたは一部を決定する工程を包含する、その個体の新脈管形成遺伝子型を同定する方法を提供する。これは、一般にその個体の少なくとも1つの組織において行われ、そして同一組織の多くの組織または異なるサンプルの評価を含み得る。この方法は、公知の新脈管形成遺伝子（すなわち、野生型遺伝子）に対して、配列決定された新脈管形成遺伝子の配列を比較する工程を包含し得る。

【0227】

次いで、新脈管形成遺伝子の全てまたは一部の配列を、公知の新脈管形成遺伝子の配列と比較して、いかなる差異が存在するか否かを決定し得る。これは、多くの公知の相同性プログラム（例えば、Bestfitなど）を使用してなされ得る。好ましい実施形態において、患者の新脈管形成遺伝子と公知の新脈管形成遺伝子との間の配列における差異の存在は、本明細書中に概略されるような、疾患状態または疾患状態への傾向を示す。

【0228】

好ましい実施形態において、これらの新脈管形成遺伝子をプローブとして使用

し、ゲノム中の新脈管形成遺伝子のコピー数を決定する。

【0229】

別の好ましい実施形態において、これらの新脈管形成遺伝子をプローブとして使用して、これらの新脈管形成遺伝子の染色体局在を決定する。染色体局在のような情報は、特に、染色体異常（例えば、転座など）がこの新脈管形成遺伝子座において同定される場合に、診断または予後の提供における用途を見出す。

【0230】

従って、1つの実施形態において、細胞または生物における新脈管形成を調節する方法が提供される。1つの実施形態において、これらの方法は、内因性新脈管形成タンパク質の生物学的活性を減少または排除する抗新脈管形成抗体を、細胞に投与する工程を包含する。あるいは、これらの方法は、新脈管形成タンパク質をコードする組換え核酸を、細胞または生物に投与する工程を包含する。当業者に理解されるように、これは、多くの方法において達成され得る。好ましい実施形態において、例えば、その新脈管形成配列が新脈管形成においてダウンレギュレーションされている場合、この新脈管形成遺伝子の活性が、例えば、公知の遺伝子治療技術を使用して、内因性新脈管形成配列を過剰発現させるかまたはこの新脈管形成配列をコードする遺伝子を投与することによって、細胞における新脈管形成の量を増加させることによって増加される。好ましい実施形態において、これらの遺伝子治療技術としては、増強化相同組換え（EHR）を使用する外因性遺伝子の組み込みが挙げられ、これは、例えば、PCT/US93/03868（その全体が参考として本明細書中で援用される）に記載される。あるいは、例えば、その新脈管形成配列が新脈管形成においてアップレギュレーションされている場合、内因性新脈管形成遺伝子の活性が、例えば、新脈管形成アンチセンス核酸の投与によって減少される。

【0231】

1つの実施形態において、本発明の新脈管形成タンパク質は、本明細書中に記載されるように有用な、新脈管形成タンパク質に対するポリクローナル抗体およびモノクローナル抗体を生成するために使用され得る。同様に、これらの新脈管形成タンパク質を、標準技術を使用して、アフィニティークロマトグラフィーカ

ラムに結合させ得る。次いで、これらのカラムを使用して、新脈管形成抗体を精製し得る。好ましい実施形態において、これらの抗体は、新脈管形成タンパク質に固有のエピトープに対して生成され；すなわち、これらの抗体は、他のタンパク質に対して、ほとんどまたは全く交差反応性を示さない。これらの抗体は、多くの適用における用途を見い出す。例えば、これらの新脈管形成抗体は、標準的なアフィニティークロマトグラフィーカラムに結合され得、そして新脈管形成タンパク質を精製するために使用され得る。これらの抗体はまた、上記に概略したように、ブロッキングポリペプチドとして使用され得る。なぜなら、これらは、新脈管形成タンパク質に対して特異的に結合するからである。

【0232】

1つの実施形態において、新脈管形成タンパク質およびそのモジュレーターの治療有効量が、患者に投与される。本明細書中で「治療的有效用量」とは、投与された場合に効果を生じる用量を意味する。正確な用量は、処置の目的に依存し、公知の技術を使用して当業者によって確認され得る。当該分野で公知のように、新脈管形成の低下の調整、全身送達 対 局所的送達、および新規プロテアーゼの合成、ならびに年齢、体重、一般的な健康状態、性別、食事、投与時間、薬物相互作用および症状の重篤度が必要とされ得、そして当業者によって慣用的な実験を用いて確認される。

【0233】

本発明の目的についての「患者」には、ヒトおよび他の動物（特に、哺乳動物）の両方、ならびに生物が含まれる。従って、これらの方法は、ヒト治療および獣医学適用の両方に適用可能である。好ましい実施形態において、患者は、哺乳動物であり、そして最も好ましい実施形態において、患者は、ヒトである。

【0234】

本発明の新脈管形成タンパク質およびそのモジュレーターの投与は、上記で議論したような種々の様式（経口、皮下、静脈内、鼻内、経皮、腹腔内、筋内、肺内、腔内、直腸内または眼内を含むが、これらに限定されない）でなされ得る。いくつかの例において、例えば、創傷および炎症の処置において、これらの新脈管形成タンパク質およびモジュレーターは、溶液またはスプレーとして直接的に

適用され得る。

【0235】

本発明の薬学的組成物は、患者への投与に適切な形態で新脈管形成タンパク質を含有する。好ましい実施形態において、これらの薬学的組成物は、水溶性形態（例えば、薬学的に受容可能な塩として存在する）にあり、これは、酸付加塩および塩基付加塩の両方を含むことを意味する。「薬学的に受容可能な酸付加塩」とは、遊離塩基の生物学的有効性を保持し、そして無機酸および有機酸とは、生物学的に形成されないか、さもなければ、望ましくない酸付加塩をいう。無機酸は、例えば、塩酸、臭化水素酸、硫酸、硝酸、リン酸などであり、有機酸は、例えば、酢酸、プロピオン酸、グリコール酸、ピルビン酸、シュウ酸、マレイン酸、マロン酸、コハク酸、フマル酸、酒石酸、クエン酸、安息香酸、ケイ皮酸、マンデル酸、メタンサルホン酸、エタンサルホン酸、p-トルエンサルホン酸、サリチル酸などである。「薬学的に受容可能な塩基付加塩」としては、無機塩基由来の塩基付加塩（例えば、ナトリウム塩、カリウム塩、リチウム塩、アンモニウム塩、カルシウム塩、マグネシウム塩、鉄塩、亜鉛塩、銅塩、マンガン塩、アルミニウム塩など）が含まれる。アンモニウム塩、カリウム塩、ナトリウム塩、カルシウム塩およびマグネシウム塩が特に好ましい。薬学的に受容可能な有機非毒性塩基由来の塩としては、1級アミン、2級アミンおよび3級アミン、置換アミン（天然に存在する置換アミンを含む）、環状アミンおよび塩基性イオン交換樹脂（例えば、イソプロピルアミン、トリメチルアミン、ジメチルアミン、トリエチルアミン、トリプロピルアミンおよびエタノールアミン）の塩が挙げられる。

【0236】

薬学的組成物はまた、以下の1以上を含み得る：キャリアタンパク質（例えば、血清アルブミン）；緩衝液；充填剤（微結晶セルロース、ラクトース、トウモロコシデンプンおよび他のデンプン）；結合剤；甘味剤および他の矯味矯臭剤；着色剤；およびエチレングリコール。添加剤は、当該分野で周知であり、そして種々の処方物において使用される。

【0237】

好ましい実施形態において、新脈管形成タンパク質およびモジュレーターは、

治療剤として投与され、そして上記に概略されるように処方され得る。同様に新脈管形成遺伝子（新脈管形成コード領域の全長配列、部分配列または調節配列を含む）が、当該分野で公知のように、遺伝子治療適用において投与され得る。これらの新脈管形成遺伝子は、当業者に理解されるように、遺伝子治療（すなわち、ゲノム内への組み込み）またはアンチセンス組成物のいずれかとしての、アンチセンス適用を含み得る。

【0238】

好ましい実施形態において、新脈管形成遺伝子は、単一の遺伝子または新脈管形成遺伝子の組み合わせのいずれかで、DNAワクチンとして投与される。裸のDNAワクチンは、当該分野で一般的に公知である。Brower、Nature Biotechnology、16：1304-1305（1998）。

【0239】

1つの実施形態において、本発明の新脈管形成遺伝子は、DNAワクチンとして使用される。DNAワクチンとしての遺伝子の使用方法は、当業者に周知であり、そして新脈管形成患者における発現のためのプロモーターの制御下に新脈管形成遺伝子または新脈管形成遺伝子の一部を配置する工程を包含する。DNAワクチンに使用される新脈管形成遺伝子は、全長新脈管形成タンパク質をコードし得るが、より好ましくは、この新脈管形成タンパク質由来のペプチドを含む新脈管形成タンパク質の一部をコードする。好ましい実施形態において、患者は、新脈管形成遺伝子由来の複数のヌクレオチド配列を含むDNAワクチンで免疫される。同様に、本明細書中で定義されるような複数の新脈管形成遺伝子またはその一部で患者を免疫することが可能である。理論に制限されることなく、このDNAワクチンによってコードされるポリペプチドの発現により、新脈管形成タンパク質を発現する細胞を認識しそして破壊または排除する、細胞傷害性T細胞、ヘルパーT細胞および抗体が誘導される。

【0240】

好ましい実施形態において、これらのDNAワクチンは、DNAワクチンと共に、アジュバント分子をコードする遺伝子を含む。このようなアジュバント分子としては、このDNAワクチンによってコードされる新脈管形成ポリペプチドに

対する免疫学的応答を増加するサイトカインが挙げられる。さらなるアジュバントまたは代替的アジュバントは、当業者に公知であり、そして本発明における用途を見い出す。

【0241】

別の好ましい実施形態において、新脈管形成遺伝子は、新脈管形成の動物モデルの作製における用途を見い出す。当業者に理解されるように、この同定された新脈管形成遺伝子が新脈管形成組織において抑制または減少されている場合、アンチセンスRNAがこの新脈管形成遺伝子に指向される遺伝子治療技術もまた、この遺伝子の発現を減少または抑制する。このように生成された動物は、生体活性な薬物候補のスクリーニングにおける用途を見い出す、新脈管形成の動物モデルとして作用する。同様に遺伝子ノックアウト技術（例えば、適切な遺伝子ターゲティングベクターでの相同組換えの結果としての）は、新脈管形成タンパク質の不在を生じる。所望の場合、新脈管形成タンパク質の組織特異的発現またはノックアウトが必要とされ得る。

【0242】

この新脈管形成タンパク質が、新脈管形成において過剰発現されることもまた可能である。それ自体で、この新脈管形成タンパク質を過剰発現する、トランスジェニック動物が作製され得る。所望の発現レベルに依存して、種々の強度のプロモーターが、この導入遺伝子を発現するために使用され得る。また、組み込まれた導入遺伝子のコピー数が決定され、そしてこの導入遺伝子の発現レベルの決定のために比較される。このような方法によって作製された動物は、新脈管形成の動物モデルとしての用途を見い出し、そして新脈管形成を処置するための生体活性な分子についてのスクリーニングにおいてさらに有用である。

【0243】

上記の例は、本発明の真の範囲を決して限定するようには作用せず、むしろ例示的目的で提供されるということが理解される。本明細書中で引用される全ての参考文献および登録番号の配列は、その全体が参考として援用される。

【0244】

（実施例）

(実施例1 組織調製、標識チップおよびフィンガープリント)

(TRIzol試薬を使用して組織から総RNAを精製する)

組織重量を推測する。Polytron 3100ホモジナイザーを使用して、50mgの組織あたり1mlのTRIzolにおいて組織サンプルをホモジェナイズする。使用する発生器/プローブは、組織サイズに依存する。ホモジェナイズする組織量に対して大きすぎる発生器は、サンプルの損失を生じ、RNA収率を低下する。0.6gより大きい重量の組織については20mm発生器を使用する。実験容量が2mlより大きい場合、次いで、15mlポリプロピレンチューブ(Falcon 2059)中で組織をホモジェナイズする。10mlよりも多くチューブを満たさない。

【0245】

(ホモジェナイゼーション)

発生器を使用する前に、最後の使用後に、発生器にセッケンH2Oを流し、激しくリンスすることによって洗浄されるべきである。EtOHを流して滅菌する。準備完了時まで組織を凍結させておく。凍結組織に直接TRIzolを添加し、ホモジェナイズする。

【0246】

ホモジェナイゼーション後、4 で、7500×g、15分間(Sorvall スーパースピードにおいて)または12,000×g、10分間(Eppendorf 遠心分離機において)での遠心分離によって、ホモジネートから不溶性物質を除去する。清澄したホモジネートを新しいチューブに移す。ここで、これらのサンプルは、-60 ~ -70 で凍結され得る(そして、少なくとも1ヶ月間維持され得る)か、または引き続いて精製し得る。

【0247】

(相分離)

このホモジネートしたサンプルを、5分間、室温でインキュベートする。元のホモジェナイゼーションにおいて使用した1mlのTRIzol試薬あたり0.2mlのクロロホルムを添加する。チューブを強くキャップし、そしてチューブを15秒間、手で(ボルテックスしないこと)激しく攪拌する。サンプルを室温

で、2～3分間インキュベートする。4 で30分間、Sorvallスーパースピード中、6500rpmで、サンプルを遠心分離する(12,000×gまで10分間スピンしてもよいが、遠心分離機中でチューブが破壊する危険性がある)。

【0248】

(RNA沈殿)

水相を新しいチューブに移す。DNAまたはタンパク質の分離が所望される場合、有機相を保存する。元のホモジェナイゼーションにおいて使用した1mlのTRIzol試薬あたり0.5mlのイソプロピルアルコールを添加する。チューブを強くキャップし、そして反転させて混合する。サンプルを、10分間室温でインキュベートする。4 で20分間、Sorvall中、6500rpmで、サンプルを遠心分離する。

【0249】

(RNAの洗浄)

上清を除去する。冷75%エタノールでペレットを洗浄する。最初のホモジェナイゼーションに使用した1mlのTRIzol試薬あたり1mlの75%エタノールを使用する。チューブを強くキャップし、そして数回反転させてペレットを緩める(ボルテックスしないこと)。4 で5分間、 $< 8000 \text{ rpm}$ ($< 7500 \times g$)で遠心分離する。洗浄液を除去する。ペレットを注意深くエペンドルフチューブに移す(チューブにすべり落ちたペレットを、新しいチューブに移す。必要な場合、ピペットチップを使用してペレットの先導を補助する)。実験する容量に依存して、RNAを沈殿させるためにどのサイズのチューブが望ましいかを決定し得る。本発明者らが、大きい15mlチューブ中でRNAを残留させることを試みた場合、乾燥するために非常に長い時間がかかり(すなわち、RNAは乾燥されなかった)、最終的には、より小さいチューブにRNAを移さなければならなかった。フード中でペレットを乾燥させる。適切な容量のDEPC H₂OにRNAを再懸濁する。2～5 μg / μlが得られる。吸光度を読み取る。

【0250】

(総RNAからポリA+mRNAを精製するか、またはQiagenのRNeasyキットで総RNAを洗浄する)

総RNAからのポリA+mRNAの精製。Oligotex懸濁液を37 に加温し、そしてRNAへの添加直前に混合する。Elution Buffer (溶出緩衝液)を70 でインキュベートする。2×Binding Buffer (2×結合緩衝液)に沈殿物が存在する場合には、これを65 に温める。Oligotex Handbookの16頁の表2に従って、総RNAを、DEPC処理した水、2×Binding BufferおよびOligotexと共に混合する。3分間、65 でインキュベートする。10分間、室温でインキュベートする。

【0251】

14,000~18,000gで、2分間、遠心分離する。遠心分離が「弱設定 (soft setting)」を有する場合には、これを使用する。Oligotexペレットを乱すことなく上清を除去する。少量の溶液を残し、Oligotexの損失を減少し得る。ポリA+mRNAの満足な結合および溶出が生じたことが確認されるまで、上清を保存しておく。

【0252】

Wash Buffer OW2に穏やかに再懸濁し、そしてスピncラム上にペレット化する。このスピncラムは、全速(可能ならば、弱設定)で1分間遠心させる。

【0253】

スピncラムを新しい収集チューブに移し、Wash Buffer OW2中で穏やかに懸濁し、そして上記のように遠心分離する。

【0254】

スピncラムを新しいチューブに移し、20~100µlの前加熱した(70) Elution Bufferで溶出する。上下にピペティングしてOligotex樹脂を穏やかに再懸濁する。上記のように遠心分離する。新しい溶出緩衝液で溶出を繰り返すか、または最初の溶出物を使用して溶出容量を低く維持する。

【0255】

希釈したElution Bufferをブランクとして使用して、吸光度を読み取る。

【0256】

cDNA合成への進行前に、このmRNAを沈殿させる。残存するいくつかの成分またはOligotex精製手順からのElution Bufferは、以降のmRNAの酵素反応を阻害する。

【0257】

(エタノール沈殿)

0.4容量の7.5M NH_4OAc + 2.5容量の冷100%エタノールを添加する。1時間~一晚、 -20°C で(または20~30分間、 -70°C で)沈殿させる。4で30分間、 $14,000 \sim 16,000 \times g$ で遠心分離する。ペレットを0.5mlの80%エタノール(-20°C)で洗浄し、次いで、室温で5分間、 $14,000 \sim 16,000 \times g$ で遠心分離する。80%エタノール洗浄を繰り返す。フード中でペレットから最後の少量のエタノールを乾燥する(スピード真空を使用しないこと)。ペレットをDEPC H_2O 中、 $1 \mu\text{g}/\mu\text{l}$ の濃度で懸濁する。

【0258】

(QiagenのRNeasyキットを使用して総RNAを洗浄する)

$100 \mu\text{g}$ 以下をRNeasyカラムに添加する。サンプルを、RNaseフリーの水で $100 \mu\text{l}$ の容量に調整する。サンプルに $350 \mu\text{l}$ のBuffer RLTを添加し、次いで $250 \mu\text{l}$ のエタノール(100%)を添加する。ピペティングによって混合し(遠心分離しないこと)、次いで、RNeasyミニスピカラムにサンプルをアプライする。 $> 10,000 \text{ rpm}$ で15秒間遠心分離する。収率が心配な場合、フロースルーをカラムに再度アプライし、そして再度遠心分離する。カラムを新しい 2 ml の収集チューブに移す。 $500 \mu\text{l}$ のBuffer RPEを添加し、そして $> 10,000 \text{ rpm}$ で15秒間遠心分離する。フロースルーを廃棄する。 $500 \mu\text{l}$ のBuffer RPEを添加し、そして $> 10,000 \text{ rpm}$ で15秒間遠心分離する。フロースルーを廃棄

し、次いで、最大速度で2分間遠心分離し、カラム膜を乾燥する。カラムを新しい1.5mlの収集チューブに移し、そしてカラム膜上に直接、30~50 μ lのRNaseフリーの水をアプライする。>10,000rpmで1分間遠心分離する。溶出を繰り返す。吸光度を読み取る。必要な場合、酢酸アンモニウムおよび2.5 \times 容量の100%エタノールと共にエタノール沈殿する。

【0259】

(Gibcoの「SuperScript Choice System for cDNA Synthesis」キットを使用してcDNAを作製する)
(第1鎖cDNAの合成)

5 μ gの総RNAまたは1 μ gのポリA+mRNAを、開始材料として使用する。総RNAに対して、2 μ lのSuperScript RTを使用する。ポリA+mRNAに対して、1 μ lのSuperScript RTを使用する。第1鎖合成混合液の最終容量は、20 μ lである。RNAは、10 μ l以下の容量に存在しなければならない。1 μ lの100pmol T7-T24オリゴと共に、70 $^{\circ}$ で10分間、RNAをインキュベートする。氷上で、7 μ lの、4 μ lの5 \times 1st Strand Buffer (第1鎖緩衝液)、2 μ lの0.1M DTTおよび1 μ lの10mM dNTPミックスを添加する。37 $^{\circ}$ で2分間インキュベートし、次いで、SuperScript RTを添加し、37 $^{\circ}$ で1時間インキュベートする。

【0260】

(第2鎖合成)

第1鎖反応液を氷上に置く。

以下を添加する：

91 μ l DEPC H₂O

30 μ l 5 \times 2nd Strand Buffer

3 μ l 10mM dNTPミックス

1 μ l 10U/ μ l E.coli DNAリガーゼ

4 μ l 10U/ μ l E.coli DNAポリメラーゼ

1 μ l 2U/ μ l RNase H。

2個より多いサンプルが存在する場合、上記を混合液にする。混合しそして16で2時間インキュベートする。2 μ l T4 DNAポリメラーゼを添加する。16で5分間インキュベートする。10 μ lの0.5M EDTAを添加する。

【0261】

(cDNAの洗浄)

Phase-Lockゲルチューブを使用する、フェノール：クロロホルム：イソアミルアルコール(25：24：1)精製：

PLGチューブを、最大速度で30秒間遠心分離する。cDNA混合液をPLGチューブに移す。等量のフェノール：クロロホルム：イソアミルアルコールを添加し、激しく振盪する(ボルテックスしないこと)。最大速度で5分間遠心分離する。上方の水溶液を新しいチューブに移す。エタノール沈殿する：7.5 \times 5M NH_4OAc + 2.5容量の冷100%エタノールを添加する。直ぐに、最大速度で20分間、室温で遠心分離する。上清を除去し、次いで、冷80%エタノールで2回ペレットを洗浄する。出来るだけ多くのエタノール洗浄液を除去し、ペレットを風乾させる。ペレットを3 μ lのRNaseフリーの水に再懸濁する。

【0262】

(インビトロ転写(IVT)およびビオチンでの標識)

1.5 μ lのcDNAを、薄壁PCRチューブ内にペレット化する。

【0263】

(NTP標識混合液を作製する)：

以下を室温で合わせる：

2 μ l T7 10 \times ATP (75mM) (Ambion)

2 μ l T7 10 \times GTP (75mM) (Ambion)

1.5 μ l T7 10 \times CTP (75mM) (Ambion)

1.5 μ l T7 10 \times UTP (75mM) (Ambion)

3.75 μ l 10mM Bio-11-UTP (Boehringer-Mannheim/RochまたはEnzo)

3.75 μ l 10mM Bio-16-CTP (Enzo)

2 μ l 10 \times T7転写緩衝液 (Ambion)

2 μ l 10 \times T7酵素混合液 (Ambion)。

全反応液の最終容量は、20 μ lである。PCR機において37 $^{\circ}$ Cで6時間インキュベートする。

【0264】

(IVT産物のRNeasy洗浄)

RNeasyカラムについての先の説明に従うか、またはQiagenのRNeasyプロトコルハンドブックを参照する。

【0265】

cRNAは、おそらくエタノール沈殿される必要を有する。フラグメント化工程に適合する容量に再懸濁する。

【0266】

(フラグメント化)

通常、15 μ gの標識RNAをフラグメント化する。フラグメント化反応液容量をなるべく最小化する；10 μ l容量が推奨されるが20 μ lで差し控えない。20 μ lよりも高くしてはいけない。なぜなら、フラグメント化緩衝液中のマグネシウムは、ハイブリダイゼーション緩衝液中での沈殿に寄与するからである。1 \times Fragmentation (フラグメント化)緩衝液中で、94 $^{\circ}$ Cで35分間インキュベートすることによって、RNAをフラグメント化する。

【0267】

(5 \times Fragmentation緩衝液)

200mM Tris-アセテート、pH8.1

500mM KOAc

150mM MgOAc

標識RNA転写物は、フラグメント化の前後で分析され得る。サンプルを、15分間65 $^{\circ}$ Cに加熱しそして1%アガロース/TBEゲル上で電気泳動し、転写物サイズの範囲のおよその見解を得る。

【0268】

(ハイブリダイゼーション)

200 μ l (10 μ g cRNA)のハイブリダイゼーション混合液を、チップ上に置く。複数のハイブリダイゼーションがなされる場合(例えば、5つのチップセットによるサイクリング)、次いで、300 μ l以上の開始ハイブリダイゼーション混合液を作製することが推奨される。

【0269】

ハイブリダイゼーション混合液:

フラグメント標識RNA (50 ng / μ l 最終濃度)

50 pM 948 - bコントロールオリゴ

1.5 pM BioB

5 pM BioC

25 pM BioD

100 pM CRE

0.1 mg / mlのニシン精子DNA

0.5 mg / mlのアセチル化BSA

1 x MESハイブリダイゼーション緩衝液で300 μ lにする。

【0270】

本明細書中で使用する生成物についての説明マニュアルは、それら全体が本明細書中で援用される。

【0271】

(本明細書中に提供される標識化プロトコル)

(ハイブリダイゼーション反応):

非ビオチン化IVT (RNeasyカラムで精製した)で開始する。

(組織からIVTへの工程については、実施例1を参照のこと)

IVTアンチセンスRNA; 4 μ g : μ l

ランダムヘキサマー (1 μ g / μ l) : 4 μ l

H₂O : μ l _____

14 μ l

70 で10分間インキュベートする。氷上に置く。

【0272】

(逆転写) :

5 × First Strand (BRL) 緩衝液 :	6 μl
0.1 M DTT :	3 μl
50 × dNTP ミックス :	0.6 μl
H ₂ O :	2.4 μl
Cy 3 または Cy 5 dUTP (1 mM) :	3 μl
SS RT II (BRL) :	<u>1 μl</u>
	16 μl

ハイブリダイゼーション反応液に添加する。

42 °C で30分間インキュベートする。

1 μl の SS II を添加し、さらに1時間進行させる。

氷上に置く。

50 × dNTP ミックス (25 mM の冷 dATP、dCTP および dGTP、10 mM の dTTP : 各 25 μl の 100 mM dATP、dCTP および dGTP ; 10 μl の 100 mM dTTP (H₂O で 15 μl にする)。dNTP は Pharmacia 製である))。

【0273】

(RNA分解) :

86 μl H₂O

1.5 μl 1 M NaOH / 2 mM EDTA を添加し、65 °C で10分間インキュベートする。

【0274】

10 μl 10 N NaOH

4 μl 50 mM EDTA

U-Con 30

7000 g で10分間、500 μl TE / サンプルをスピンし、フロースルーを精製のために保存する。

【0275】

(Qiagen精製) :

500 μ lの緩衝液PB中にu-conで回収した材料を懸濁する。

w/ノーマルQiagenプロトコルを進行する。

【0276】

(DNAse消化) :

1 μ lの1/100希釈 DNAse / 30 μ lのRxを添加し、37 で15分間インキュベートする。

【0277】

95 、5分間、酵素を変性させる。

【0278】

(サンプル調製) :

以下を添加する :

Cot-1 DNA :	10 μ l
50 \times dNTP :	1 μ l
20 \times SSC :	2.3 μ l
ピロリン酸Na :	7.5 μ l
10 mg/ml ニシン精子DNA 1/10希釈 :	1 μ l
	21.8 μ lの最終容量

スピード真空機中で乾燥する

15 μ l H₂O中に再懸濁する

0.38 μ l 10% SDSを添加する

95 で2分間加熱する

室温で20分間ゆっくりと冷却する。

スライド上に置き、そして64 で一晩ハイブリダイズさせる。

【0279】

(ハイブリダイゼーション後の洗浄) :

3 \times SSC / 0.03% SDS : 2分 (250mlのH₂O中、37.5 mlの20 \times SSC + 0.75 mlの10% SDS)

1 \times SSC : 5分 (250mlのH₂O中、12.5 mlの20 \times SSC)

0.2 × SSC : 5分 (250mlのH₂O中、2.5mlの20 × SSC)

1000 RPM、1分間の遠心分離でスライドを乾燥させる。

適切なPMTおよびチャンネルで走査する。

【0280】

これらの結果を、表および図に示す。遺伝子のリストは、インビトロ新脈管形成モデルにおいて培養された細胞由来である。示されるように、登録番号のいくつかは、発現配列タグ (EST) を含む。従って、本明細書中の1つの実施形態において、発現プロフィール内の遺伝子 (発現プロフィール遺伝子とも名付けた) は、ESTを含み、必ずしも全長ではない。

【0281】

【表1】

表 1

Cluster	Accession # PROBESET	Gene Description
3	AB000450	vaccinia related kinase 2
4	AB002380	Human mRNA for KIAA382 gene; partial cds
4	AB003103	proteasome (prosome; macropain) 26S subunit; non-ATPase; 12
4	AB004884	Homo sapiens mRNA for PKU-alpha; partial cds
1	AF000573_ma1	homogentisate 1,2-dioxygenase (homogentisate oxidase)
3	AF008937	Homo sapiens syntaxin-16C mRNA, complete cds
3	AF009301	Homo sapiens TEB4 protein mRNA; complete cds
3	AF009368	Homo sapiens Luman mRNA; complete cds
4	D00591	chromosome condensation 1
4	D00760	proteasome (prosome; macropain) subunit; alpha type; 2
1	D11139	tissue inhibitor of metalloproteinase 1 (erythroid potentiating activity; collagenase inhibitor)
4	D14657	Human mRNA for KIAA11 gene; complete cds
4	D14878	D123 gene product
1	D17716	mannosyl (alpha-1;6-)-glycoprotein beta-1;6-N-acetyl-glucosaminyltransferase
4	D21090	RAD23 (S. cerevisiae) homolog B
1	D26135	diacylglycerol kinase; gamma (9kD)
1	D26528	DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide 7 (RNA helicase; 52kD)
1	D30742	calcium/calmodulin-dependent protein kinase IV
4	D31762	Human mRNA for KIAA57 gene; complete cds
4	D31765	Human mRNA for KIAA61 gene; partial cds
3	D31888	Homo sapiens clone 2479 mRNA sequence
4	D38128	prostaglandin I2 (prostacyclin) receptor (IP)
2	D38500	postmeiotic segregation increased 2-like 4
4	D38551	RAD21 (S. pombe) homolog
4	D42087	Human mRNA for KIAA118 gene; partial cds
3	D49396	Human mRNA for Apo1_Human (MER5(Aop1-Mouse)-like protein); complete cds
4	D55640	Human monocyte PABL (pseudoautosomal boundary-like sequence) mRNA, clone Mo2
1	D63391	platelet-activating factor acetylhydrolase; isoform Ib; gamma subunit (29kD)
3	D63477	Human mRNA for KIAA143 gene; partial cds
4	D63483	acetyl LDL receptor; SREC
4	D64015	TIA1 cytotoxic granule-associated RNA-binding protein-like 1
4	D79990	Human mRNA for KIAA168 gene; complete cds
4	D79997	Human mRNA for KIAA175 gene; complete cds
4	D80010	Human mRNA for KIAA188 gene; partial cds
1	D84276	CD38 antigen (p45)
4	D86425	Homo sapiens mRNA for nidogen-2
4	D86978	Human mRNA for KIAA225 gene; partial cds

(表1の続き)

Cluster	Accession #/ PROBESET	Gene Description
1	D87012	Homo sapiens clone 24675 mRNA sequence
4	D87075	Human mRNA for KIAA238 gene; partial cds
4	D87432	solute carrier family 7 (cationic amino acid transporter; y+ system);
4	D87448	Homo sapiens mRNA for DNA topoisomerase II binding protein; complete cds
2	D87845	platelet-activating factor acetylhydrolase 2 (4kD)
1	HG1098-HT1098	Cystatin D
4	HG2167-HT2237	Protein Kinase H131, Camp-Dependent
1	HG2415-HT2511	Transcription Factor E2f-2
1	HG2825-HT2949	Ret Transforming Gene
1	HG2887-HT3031_r	Sry-Related Hmg-Box 12 Protein (Gb:X73039)
4	HG4660-HT5073	Microtubule-Associated Protein 1b
3	HG4704-HT5146	Glial Growth Factor 2
4	HG884-HT884	Oncogene E6-Ap, Papillomavirus
1	HG919-HT919	Dna Polymerase, Epsilon, Catalytic Subunit
4	J00212_f	Accession not listed in Genbank
4	J04029	keratin 1 (epidermolytic hyperkeratosis; keratosis palmaris et plantaris)
4	J04031	5,1-methylenetetrahydrofolate dehydrogenase; 5,1-methylenetetrahydrofolate cyclohydrolase; 1-formyltetrahydrofolate synthetase
4	J04088	topoisomerase (DNA) II alpha (17kD)
4	J04543	annexin VII (synexin)
4	L08139	TEK tyrosine kinase; endothelial
1	L07540	ACTIVATOR 1 36 KD SUBUNIT
4	L08895	MADS box transcription enhancer factor 2; polypeptide C (myocyte enhancer factor 2C)
1	L11239	gastrulation brain homeo box 1
1	L11353	neurofibromin 2 (bilateral acoustic neuroma)
4	L13773	Human AF-4 mRNA; complete cds
4	L13800	Homo sapiens liver expressed protein gene, 3' end
4	L14922	replication factor C (activator 1) 1 (145kD)
4	L15189	heat shock 7kD protein 9B (mortalin-2)
4	L15388	Human G protein-coupled receptor kinase (GRK5) mRNA, complete cds
3	L16895	lysyl oxidase
4	L27476	Friedreich ataxia region gene X14 (tight junction protein ZO-2)
4	L27624	TISSUE FACTOR PATHWAY INHIBITOR 2 PRECURSOR
1	L32976	mixed lineage kinase 3
1	L33404	protease; serine; 6 (chymotryptic; stratum corneum)
4	L35263	cytokine suppressive anti-inflammatory drug binding protein 1 (p38 MAP kinase)
1	L37347	natural resistance-associated macrophage protein 2
4	L40371	thyroid hormone receptor interactor 4
4	L40391	Homo sapiens (clone s153) mRNA fragment

(表1の続き)

Cluster	Accession #/ PROBESET	Gene Description
4	L41607	glucosaminyl (N-acetyl) transferase 2; I-branching enzyme
1	L77566	Homo sapiens DGS-I mRNA; 3' end
1	M13928	aminolevullinate; delta-; dehydratase
1	M14016	uroporphyrinogen decarboxylase
4	M14219	decorin
4	M15796	proliferating cell nuclear antigen
4	M21305	Human alpha satellite and satellite 3 junction DNA sequence
4	M22092	Human neural cell adhesion molecule (N-CAM) gene, exon SEC and partial cds
4	M22898	tumor protein p53 (Li-Fraumeni syndrome)
3	M22995	RAP1A; member of RAS oncogene family
3	M23379	RAS p21 protein activator (GTPase activating protein) 1
1	M24364	major histocompatibility complex; class II; DQ beta 1
1	M24400	chymotrypsinogen B1
3	M25753	cyclin B1
4	M27691	cAMP responsive element binding protein 1
4	M28213	RAB2; member RAS oncogene family
4	M29550	SERINE/THREONINE PROTEIN PHOSPHATASE 2B CATALYTIC SUBUNIT; BETA ISOFORM
1	M29971	O-6-methylguanine-DNA methyltransferase
4	M30269	nidogen (enactin)
4	M31158	protein kinase; cAMP-dependent; regulatory; type II; beta
3	M31166	pentaxin-related gene; rapidly induced by IL-1 beta
3	M31210	endothelial differentiation; sphingolipid G-protein-coupled receptor; 1
1	M55420	Human IgE chain, last 2 exons
4	M59979	prostaglandin-endoperoxide synthase 1 (prostaglandin G/H synthase and cyclooxygenase)
4	M62810	transcription factor 6-like 1 (mitochondrial transcription factor 1-like)
4	M63838	interferon; gamma-inducible protein 16
1	M64710	Human C-type natriuretic peptide gene, complete cds
3	M68874	Human phosphatidylcholine 2-acylhydrolase (cPLA2) mRNA, complete cds
3	M74524	ubiquitin-conjugating enzyme E2A (RAD6 homolog)
1	M80254	PEPTIDYL-PROLYL CIS-TRANS ISOMERASE; MITOCHONDRIAL PRECURSOR
1	M81780_cds3	sphingomyelin phosphodiesterase 1; acid lysosomal (acid sphingomyelinase)
4	M83822	Human beige-like protein (BGL) mRNA; partial cds
4	M86934	GS1 PROTEIN
1	M87338	replication factor C (activator 1) 2 (4kD)
1	M96326_ma1	azurocidin 1 (cationic antimicrobial protein 37)
4	M96954	TIA1 cytotoxic granule-associated RNA-binding protein-like 1
4	M98833	Friend leukemia virus integration 1
1	S86793	arrestin 3; retinal (X-arrestin)

(表1の続き)

Cluster	Accession #/ PROBESET	Gene Description
1	S72370	pyruvate carboxylase
4	S78569	laminin; alpha 4
4	S79873	lysosomal-associated membrane protein 2
1	S83325	aspartate beta-hydroxylase
4	S83364	putative Rab5-interacting protein {clone L1-57} [human, HeLa cells, mRNA Partial, 366 nt]
1	S83365	putative Rab5-interacting protein {clone L1-94} [human, HeLa cells, mRNA Partial, 369 nt]
1	U01212	Human olfactory marker protein (OMP) gene, complete cds
1	U01922	deafness; X-linked 1; progressive
4	U02556	Human RP3 mRNA; complete cds
4	U02680	protein tyrosine kinase 9
4	U03272	fibrillin 2
4	U04209	Human associated microfibrillar protein mRNA; complete cds
4	U05237	fetal Alzheimer antigen
1	U07225	purinergic receptor P2Y; G-protein coupled; 2
3	U07620	protein kinase mitogen-activated 1 (MAP kinase)
4	U09759	protein kinase mitogen-activated 9 (MAP kinase)
4	U09820	alpha thalassemia/mental retardation syndrome X-linked
3	U11313	sterol carrier protein 2
3	U14518	centromere protein A (17kD)
4	U14575	protein phosphatase 1; regulatory (inhibitor) subunit 8
3	U15173	BCL2/adenovirus E1B 19kD-interacting protein 2
4	U15932	dual specificity phosphatase 5
4	U18291	cell division cycle 16; anaphase promoting complex 6
4	U18300	damage-specific DNA binding protein 2 (48kD)
4	U18383	nuclear respiratory factor 1
4	U20536	caspase 6; apoptosis-related cysteine protease
4	U21551	Human ECA39 mRNA; complete cds
4	U23028	eukaryotic translation initiation factor 2B; subunit 5 (epsilon; 82kD)
1	U23752	SRY (sex-determining region Y)-box 11
4	U25435	Human transcriptional repressor (CTCF) mRNA; complete cds
4	U25997	stannocalcin
4	U28251_cds2	zinc finger protein 169
4	U28831	Human protein immuno-reactive with anti-PTH polyclonal antibodies mRNA; partial cds
4	U30245	Human myelomonocytic specific protein (MND) gene, 5' flanking sequence and complete exon 1
4	U32315	Human syntaxin 3 mRNA; complete cds
4	U32439	regulator of G-protein signalling 7
3	U32849	N-myc (and STAT) interactor
4	U35139	necdin (mouse) homolog
1	U36764	eukaryotic translation initiation factor 3; subunit 2 (beta; 36kD)
4	U39400	chromosome 11 open reading frame 4
4	U39657	protein kinase; mitogen-activated; kinase B (MAP kinase kinase 6)

(表1の続き)

Cluster	Accession # PROBESET	Gene Description
4	U41344	proline arginine-rich end leucine-rich repeat protein
3	U41766	a disintegrin and metalloproteinase domain 9 (meltrin gamma)
3	U41813	homeo box A9
3	U41815	Human nucleoporin 98 (NUP98) mRNA, complete cds
4	U43286	Human selenophosphate synthetase 2 (SPS2) mRNA; complete cds
4	U44378	MAD (mothers against decapentaplegic; Drosophila) homolog 4
4	U44754	small nuclear RNA activating complex; polypeptide 1; 43kD
1	U47011_cds1	fibroblast growth factor 8 (androgen-induced)
4	U47077	Human DNA-dependent protein kinase catalytic subunit (DNA-PKcs) mRNA; complete cds
4	U48251	Homo sapiens protein kinase C-binding protein RACK7 mRNA; partial cds
4	U50535	Human BRCA2 region; mRNA sequence CG6
4	U56833	von Hippel-Lindau binding protein 1
4	U58091	cullin 4B
1	U58837	cyclic nucleotide gated channel beta 1
4	U59289	cadherin 13; H-cadherin (heart)
4	U59863	TNF receptor-associated factor 2
4	U67122	ubiquitin-like 1 (sentrin)
4	U67319	caspase 7; apoptosis-related cysteine protease
3	U68019	MAD (mothers against decapentaplegic; Drosophila) homolog 3
1	U69611	a disintegrin and metalloproteinase domain 17 (tumor necrosis factor; alpha; converting enzyme)
4	U70322	karyopherin (importin) beta 2
4	U73524	Human putative ATP/GTP-binding protein (HEAB) mRNA; complete cds
4	U79267	Human clone 2384 mRNA; partial cds
4	U79291	Human clone 23721 mRNA sequence
4	U82671_cds2	Homo sapiens clone LM1955 H15e3 gene; partial cds
4	U84573	procollagen-lysine; 2-oxoglutarate 5-dioxygenase (lysine hydroxylase) 2
4	U90914	carboxypeptidase D
1	U91316	Homo sapiens mRNA for brain acyl-CoA hydrolase; complete cds
4	U91932	clathrin-associated/assembly/adaptor protein; small 3; 22-kD; Sigma3A
4	U96131	Homo sapiens HPV16 E1 protein binding protein mRNA; complete cds
4	U97018	echinoderm microtubule-associated protein-like
4	U97188	Homo sapiens putative RNA binding protein KOC (koc) mRNA; complete cds
4	V00503	collagen; type I; alpha 2
3	X04327	2,3-bisphosphoglycerate mutase
1	X06389	synaptophysin
1	X07496	apolipoprotein A-I
2	X07820	matrix metalloproteinase 1 (stromelysin 2)
3	X14787	thrombospondin 1

(表1の続き)

Cluster	Accession #/ PROBESET	Gene Description
4	X15525_ma1	acid phosphatase 2; lysosomal
3	X16396	NAD-DEPENDENT METHYLENETETRAHYDROFOLATE DEHYDROGENASE
4	X16609	ankyrin 1; erythrocytic
4	X53586_ma1	Human mRNA for integrin alpha 6
4	X53793	MULTIFUNCTIONAL PROTEIN ADE2
1	X54936	placental growth factor; vascular endothelial growth factor-related protein
4	X55740	5' nucleotidase (CD73)
2	X57025	insulin-like growth factor 1 (somatomedin C)
2	X60673_ma1	adenylate kinase 3
4	X60708	dipeptidylpeptidase IV (CD26; adenosine deaminase complexing protein 2)
4	X62048	wee1+ (S. pombe) homolog
2	X63097	Rhesus blood group; D antigen
4	X63563	polymerase (RNA) II (DNA directed) polypeptide B (14kD)
4	X64037	general transcription factor IIF; polypeptide 1 (74kD subunit)
4	X69636	hect domain and RLD 2
4	X69878	fms-related tyrosine kinase 4
4	X70649	DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide 1
3	X72841	H.sapiens IEF 7442 mRNA
4	X74987	ribonuclease L (2';5'-oligoadenylate synthetase-dependent) inhibitor
4	X83107	BMX non-receptor tyrosine kinase
3	X84194	acylphosphatase 1; erythrocyte (common) type
4	X85753	cyclin-dependent kinase 8
1	X87870	H.sapiens mRNA for hepatocyte nuclear factor 4a
4	X89066	transient receptor potential channel 1
4	X89398_cds2	uracil-DNA glycosylase
1	X89399	Homo sapiens mRNA for Ins(1;3;4;5)P4-binding protein
3	X89426	H.sapiens mRNA for ESM-1 protein
4	X91247	thioredoxin reductase 1
4	X91648	H.sapiens mRNA for pur alpha extended 3'untranslated region
4	X92098	H.sapiens mRNA for transmembrane protein mp24
4	X92110	H.sapiens mRNA for hcgVIII protein
4	X94703	RAB28; member RAS oncogene family
1	X96506	H.sapiens mRNA for NC2 alpha subunit
1	X97230_f	Homo sapiens natural killer-associated transcript 5 (NKAT5) mRNA; complete cds
4	X98263	H.sapiens mRNA for M-phase phosphoprotein; mpp6
4	X98296	ubiquitin specific protease 9; X chromosome (Drosophila fat facets related)
4	X99584	H.sapiens mRNA for SMT3A protein

(表1の続き)

Cluster	Accession #/ PROBESET	Gene Description
4	Y00264	amyloid beta (A4) precursor protein (protease nexin-II; Alzheimer disease)
4	Y07566	H.sapiens mRNA for RIT protein
3	Y07759	myosin VA (heavy polypeptide 12; myosin)
1	Y07827	Human butyrophilin (BTF5) mRNA; complete cds
4	Y07867	pirin
4	Y09443	alkylglycerone phosphate synthase
4	Y09858	H.sapiens mRNA for unknown protein
4	Y12394	karyopherin alpha 3 (Importin alpha 4)
3	Z11559	Iron-responsive element binding protein 1
4	Z11695	protein kinase; mitogen-activated 1 (MAP kinase 1; p4; p41)
3	Z15005	centromere protein E (312kD)
1	Z46261	H.sapiens DNA for histone H3a
2	AA011243_s	ESTs
2	AA018418	ESTs
2	AA018758	ESTs
2	AA018804	Homo sapiens clone 23675 mRNA sequence
3	AA031993	Homo sapiens HRIHFB2115 mRNA; partial cds
2	AA044217	ESTs; Weakly similar to similar to cuticle collagen [C.elegans]
4	AA046548	SWI/SNF related; matrix associated; actin dependent regulator of chromatin; subfamily e; member 1
2	AA057447_s	ESTs; Moderately similar to IIII ALU SUBFAMILY SB WARNING ENTRY IIII [H.sapiens]
2	AA058376	Sjogren syndrome antigen A2 (6kD; ribonucleoprotein autoantigen SS-A/Ro)
4	AA083572	v-ral simian leukemia viral oncogene homolog A (ras related)
4	AA085696	ESTs
2	AA088744	ESTs
2	AA089688	ESTs; Weakly similar to putative T1/ST2 receptor binding protein precursor [H.sapiens]
4	AA091284	ESTs
2	AA092700	ESTs
1	AA092988	ESTs
4	AA094800	eukaryotic translation initiation factor 3; subunit 7 (zeta; 66/67kD)
4	AA100219	ESTs
4	AA114885	ESTs
4	AA129547	ESTs; Weakly similar to IIII ALU SUBFAMILY SQ WARNING ENTRY IIII [H.sapiens]
4	AA133018	ESTs
3	AA149507	homolog of mouse quaking QKI (KH domain RNA binding protein)
2	AA151005	sperm surface protein
4	AA187101	zp61b6.r1 Stratagene endothelial cell 937223 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:624659 5', mRNA sequence
3	AA195179_s	ESTs

(表1の続き)

Cluster	Accession #/ PROBESET	Gene Description
2	AA203138	low density lipoprotein receptor (familial hypercholesterolemia)
2	AA203645	ESTs; Moderately similar to SH3-containing protein p415 [R.norvegicus]
3	AA206236	zq54c6.r1 Stratagene neuroepithelium (#937231) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:645418 5' similar to TR:G122922 G122922 ALLOGRAFT INFLAMMATORY FACTOR-1.; mRNA sequence
1	AA227621	ESTs; Weakly similar to weak similarity to collagens [C.elegans]
4	AA248283	ESTs; Weakly similar to X-linked retinopathy protein (C-terminal; clone XEH.8c) [H.sapiens]
3	AA249611	H.sapiens mRNA for 21-Glutamic Acid-Rich Protein (21-GARP)
2	AA282640	ESTs
2	AA287199	Human mRNA for KIAA81 gene; partial cds
2	AA313980	ESTs; Highly similar to HYPOTHETICAL 3.5 KD PROTEIN C3A5.3 IN CHROMOSOME III [Caenorhabditis elegans]
2	AA314256	EST18611 Colon carcinoma (HCC) cell line II Homo sapiens cDNA 5' end, mRNA sequence
2	AA314389	ESTs; Highly similar to ADP-RIBOSYLATION FACTOR 1 [Saccharomyces cerevisiae]
2	AA324364	ESTs; Moderately similar to !!!! ALU SUBFAMILY J WARNING ENTRY !!!! [H.sapiens]
3	AA329211_s	ESTs
2	AA399187	ESTs
4	AA421079	ESTs
2	AA422029	ESTs
3	AA425230	Human GAP SH3 binding protein mRNA; complete cds
4	AA447052	ESTs; Highly similar to N-terminal asparagine amidohydrolase [M.musculus]
4	AA452000	ESTs
4	AA456687	ESTs
4	AA487015_s	ESTs; Weakly similar to X-linked retinopathy protein (C-terminal; clone XEH.8c) [H.sapiens]
2	AB002326	Human mRNA for KIAA328 gene; partial cds
4	AFFX-Blob-3	.
2	C01527	ESTs
4	C01714	Homo sapiens serum-inducible kinase mRNA; complete cds
3	C01811_f	ESTs
2	C02352_s	ESTs; Moderately similar to !!!! ALU SUBFAMILY SQ WARNING ENTRY !!!! [H.sapiens]
1	C02375	Human mRNA containing an Alu repeat and its reverse complement
2	C14448	EST
4	D16611_s	coproporphyrinogen oxidase (coproporphyrin; harderoporphyrin)
2	D25216	Human mRNA for KIAA14 gene; complete cds
2	D31352	ESTs; Weakly similar to hypothetical protein [H.sapiens]

(表1の続き)

Cluster	Accession #/ PROBESET	Gene Description
4	D58024_s	ESTs; Weakly similar to probable hormone receptor EMR1 precursor [H.sapiens]
1	D80897	Homo sapiens clone 24736 mRNA sequence
3	D82614	ESTs
4	D87845	platelet-activating factor acetylhydrolase 2 (4kD)
1	D89377_j	msh (Drosophila) homeo box homolog 2
2	H06583	cAMP responsive element binding protein-like 2
1	H40732	ESTs
4	H46617	yp19h1.r1 Soares breast 3NbHBst Homo sapiens cDNA clone IMAGE:187921 5', mRNA sequence
1	H56731	ESTs
1	H75570	ESTs
2	H78886	ESTs
1	H81241	ESTs; Highly similar to ERYTHROID KRUEPPEL-LIKE TRANSCRIPTION FACTOR [Mus musculus]
1	L36531	integrin; alpha B
2	M63154	gastric intrinsic factor (vitamin B synthesis)
4	M63180	threonyl-tRNA synthetase
2	M91504	ESTs
2	N58191	Homo sapiens protocadherin 88 (PCH88) mRNA; complete cds
2	N78483	ESTs
2	N79268	zinc finger protein 198
2	R14652	Homo sapiens PAC clone DJ872F7 from 7q31
2	R20459	yg33f12.r1 Soares infant brain 1NIB Homo sapiens cDNA clone IMAGE:34345 5', mRNA sequence
3	R22303	ESTs; Weakly similar to putative p15 [H.sapiens]
2	R33779	ESTs; Weakly similar to p4 [H.sapiens]
2	R36553	ESTs; Weakly similar to KIAA681 protein [H.sapiens]
2	R84534	ESTs
4	R66475	ESTs
4	R70621	Homo sapiens mRNA for KIAA896 protein; partial cds
3	R79356	ESTs; Weakly similar to PROTEIN Q3 [Mus musculus]
2	R84933	ESTs; Weakly similar to putative p15 [H.sapiens]
3	RC_AA007160	ESTs
2	RC_AA007234_s	ESTs; Highly similar to protein tyrosine phosphatase epsilon cytoplasmic isoform [H.sapiens]
2	RC_AA018409	ESTs
4	RC_AA025351	ESTs
3	RC_AA027168	ESTs
1	RC_AA027317	ESTs; Weakly similar to !!! ALU SUBFAMILY J WARNING ENTRY !!! [H.sapiens]
3	RC_AA029423	ESTs
4	RC_AA031357	ESTs
4	RC_AA045136	ESTs
1	RC_AA053400	ESTs

(表1の続き)

Cluster	Accession #/ PROBESET	Gene Description
3	RC_AA055829	ESTs; Weakly similar to !!!! ALU SUBFAMILY J WARNING ENTRY !!!! (H.sapiens)
3	RC_AA065217	ESTs
1	RC_AA116054	ESTs
1	RC_AA126311	ESTs
4	RC_AA129390	ESTs
4	RC_AA130273	ESTs; Highly similar to DOSAGE COMPENSATION REGULATOR (Drosophila melanogaster)
2	RC_AA142919	ESTs
4	RC_AA150205	ubiquitous Kruppel-like transcription factor
1	RC_AA176867	ESTs
2	RC_AA180321	ESTs; Highly similar to U1 small nuclear ribonucleoprotein 1SNRP homolog (H.sapiens)
2	RC_AA180487	Homo sapiens TACC1 (TACC1) mRNA; complete cds
4	RC_AA187634	eukaryotic translation Initiation factor 3; subunit 1 (alpha; 35kD)
3	RC_AA195399	ESTs
3	RC_AA234717	ESTs
4	RC_AA234743	ESTs
3	RC_AA234957	Homo sapiens mRNA for MTMR1 protein
3	RC_AA235804	ESTs
3	RC_AA236559	ESTs; Weakly similar to PROBABLE E5 PROTEIN (Human papillomavirus type 5B)
3	RC_AA242868	ESTs; Weakly similar to house-keeping protein (M.musculus)
4	RC_AA251776	jun D proto-oncogene
4	RC_AA251909	Homo sapiens protein kinase homolog (BUBR1) mRNA; complete cds
3	RC_AA252872_s	diphtheria toxin resistance protein required for diphthamide biosynthesis (Saccharomyces)-like 2
3	RC_AA256157	ESTs
4	RC_AA256680	ESTs
3	RC_AA258873	ESTs
1	RC_AA262727	ESTs
4	RC_AA281451	ESTs
4	RC_AA281545	ESTs
3	RC_AA282069	Homo sapiens mRNA for KIAA63 protein; complete cds
1	RC_AA283044	ESTs
3	RC_AA283930	ESTs
4	RC_AA284755	ESTs; Weakly similar to unknown (H.sapiens)
4	RC_AA291268	ESTs
1	RC_AA291927	ESTs
2	RC_AA343514	ESTs
3	RC_AA398109	ESTs
4	RC_AA405737	ESTs
4	RC_AA406610	ESTs
4	RC_AA411465	ESTs
3	RC_AA416886	ESTs; Weakly similar to predicted using Genefinder (C.elegans)

(表1の続き)

Cluster	Accession #/ PROBESET	Gene Description
4	RC_AA424013	Homo sapiens clone 23767 and 23782 mRNA sequences
4	RC_AA424148	ESTs
2	RC_AA424558	ESTs; Weakly similar to 33-kDa phototransducing protein [H.sapiens]
4	RC_AA424961_s	Homo sapiens TEB4 protein mRNA; complete cds
3	RC_AA425367	ESTs
1	RC_AA425921	Homo sapiens I-1 receptor candidate protein mRNA; complete cds
4	RC_AA426220	Homo sapiens mRNA for KIAA523 protein; partial cds
4	RC_AA427735	ESTs
4	RC_AA430873	ESTs
4	RC_AA432248	ESTs
4	RC_AA435896	ESTs
3	RC_AA436705	Homo sapiens mRNA for KIAA766 protein; complete cds
3	RC_AA446561	Homo sapiens mRNA for KIAA47 protein; complete cds
4	RC_AA448238	Homo sapiens mRNA for KIAA915 protein; complete cds
3	RC_AA448688	ESTs; Weakly similar to KIAA638 protein [H.sapiens]
3	RC_AA449756	ESTs; Weakly similar to rA8 [R.norvegicus]
4	RC_AA450303	ESTs
3	RC_AA452411	ESTs
4	RC_AA454566	ribosomal protein L13
4	RC_AA454667	ESTs
4	RC_AA456437	ESTs
4	RC_AA456646	ESTs
4	RC_AA456826	ESTs
4	RC_AA456981	ESTs
4	RC_AA458959	ESTs
3	RC_AA459950	ESTs
3	RC_AA460449	ESTs; Highly similar to PROBABLE PHOSPHOSERINE AMINOTRANSFERASE [Oryctolagus cuniculus]
3	RC_AA463910	ESTs
4	RC_AA464603	ESTs
3	RC_AA464606	ESTs
4	RC_AA465093	TIA1 cytotoxic granule-associated RNA-binding protein
3	RC_AA465892	Homo sapiens mRNA for KIAA648 protein; partial cds
3	RC_AA476473	Homo sapiens Trio mRNA; complete cds
1	RC_AA478109	ESTs
4	RC_AA478474	ESTs
3	RC_AA480889	ESTs
1	RC_AA485223	ESTs
1	RC_AA485254	ESTs
4	RC_AA486183	ESTs; Weakly similar to Yhr1wp [S.cerevisiae]
3	RC_AA496936	ESTs; Weakly similar to B cell growth factor [H.sapiens]
4	RC_AA598589	ESTs
4	RC_AA598831_f	ESTs
4	RC_AA600150	ESTs

(表1の続き)

Cluster	Accession #/ PROBESET	Gene Description
4	RC_AA608545	ESTs
3	RC_AA609210	ESTs
3	RC_AA610108	ESTs; Highly similar to PROBABLE PEPTIDYL-PROLYL CIS-TRANS ISOMERASE C21E11.5C [Schizosaccharomyces pombe]
4	RC_AA620582	ESTs; Weakly similar to (define not available 424227) [H.sapiens]
4	RC_AA621239	ESTs; Highly similar to HYPOTHETICAL 98.3 KD PROTEIN R1E12.1 IN CHROMOSOME III [Caenorhabditis elegans]
3	RC_AA621714	ESTs
1	RC_AA621718	ESTs
1	RC_D19673	ESTs
1	RC_D25755_s	ESTs
1	RC_D51095	ESTs
4	RC_D60272_l	ESTs; Weakly similar to macrophage lectin 2 [H.sapiens]
2	T08879	cathepsin F
3	T34527	UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 1 (GalNAc-T1)
2	T40327_s	ESTs
3	T62771_s	Homo sapiens nucleoplasmin-3 (NPM3) mRNA; complete cds
1	T63174_s	ESTs; Weakly similar to neuronal thread protein AD7c-NTP [H.sapiens]
2	T83444	Homo sapiens mRNA for KIAA887 protein; partial cds
1	T93641	ESTs
2	U48263	prepronociceptin
2	U49065	interleukin 1 receptor-like 2
2	U79300	Human clone 23629 mRNA sequence
1	U88573	Human NBR2 mRNA; complete cds
2	U93867	Human RNA polymerase III subunit (RPC62) mRNA; complete cds
4	W01094	ESTs
2	W01568	ESTs
2	W26853	ESTs
2	W27179	BCL2/adenovirus E1B 19kD-interacting protein 3-like
2	W27965	epimorphin
3	W36280_s	Homo sapiens RRM RNA binding protein Gry-rbp (GRY-RBP) mRNA; complete cds
2	W47063	ESTs
4	W79060	ESTs; Weakly similar to Ras-binding protein SUR-8 [M.musculus]
4	W88550	ESTs; Moderately similar to trg gene product [R.norvegicus]
1	X60486	H4 histone family; member G
2	X78931_s	H.sapiens HZF8 mRNA for zinc finger protein
1	Z14077_s	YY1 transcription factor
1	RC_AA002147	EST
1	RC_AA004711	ESTs
1	RC_AA010383	EST
1	RC_AA015761	ESTs

(表1の続き)

Cluster	Accession # PROBESET	Gene Description
2	RC_AA018772	ESTs
2	RC_AA021473_r	EST
2	RC_AA024835	potassium voltage-gated channel; delayed-rectifier; subfamily S; member 3
2	RC_AA025858	ESTs
1	RC_AA027229	ESTs
1	RC_AA029428	ESTs
3	RC_AA035143	ESTs
1	RC_AA035237	ESTs
2	RC_AA039347	EST
1	RC_AA040740	ESTs
3	RC_AA041551	ESTs
1	RC_AA045513	ESTs
1	RC_AA045745	EST
1	RC_AA055348	ESTs
2	RC_AA056582_s	ESTs
1	RC_AA056697	ESTs
1	RC_AA056746	EST
3	RC_AA057678	ESTs
2	RC_AA058681	ESTs
2	RC_AA058686	ESTs
2	RC_AA062840	zm5c1.s1 Stratagene corneal stroma (#937222) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:513234 3' similar to gb:S71381 PROTEASOME BETA CHAIN (HUMAN);, mRNA sequence
2	RC_AA064859	zm5f3.s1 Stratagene fibroblast (#937212) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:52985 3', mRNA sequence
1	RC_AA065069	zm12e11.s1 Stratagene pancreas (#93728) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:525452 3', mRNA sequence
1	RC_AA069923	zm67g3.s1 Stratagene neuroepithelium (#937231) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5374 3' similar to gb:S66915_cds1 ATP SYNTHASE GAMMA CHAIN, MITOCHONDRIAL PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence
2	RC_AA070799_s	zm6h5.s1 Stratagene fibroblast (#937212) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5373 3', mRNA sequence
2	RC_AA070815	zm6a1.s1 Stratagene fibroblast (#937212) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:529992 3' similar to gb:X67951 PROLIFERATION-ASSOCIATED PROTEIN PAG (HUMAN);, mRNA sequence
2	RC_AA075374	zm87a1.s1 Stratagene ovarian cancer (#937219) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:544872 3', mRNA sequence
2	RC_AA076382	zm91g8.s1 Stratagene ovarian cancer (#937219) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:545342 3', mRNA sequence
1	RC_AA078787	ESTs

(表1の続き)

Cluster	Accession #/ PROBESET	Gene Description
2	RC_AA078986	zm92h1.s1 Stratagene ovarian cancer (#937219) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:545425 3', mRNA sequence
1	RC_AA079393	zm95h11.s1 Stratagene colon HT29 (#937221) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:545733 3' similar to gb:X1656 CYTOCHROME C OXIDASE POLYPEPTIDE VIIC PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence
2	RC_AA079487	zm97f8.s1 Stratagene colon HT29 (#937221) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:545895 3', mRNA sequence
2	RC_AA083207	EST
2	RC_AA083256	vinculin
2	RC_AA084415	zn6g9.s1 Stratagene hNT neuron (#937233) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:546688 3', mRNA sequence
2	RC_AA085274	zn1f1.s1 Stratagene colon HT29 (#937221) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:546169 3' similar to gb:X15341 CYTOCHROME C OXIDASE POLYPEPTIDE VIA-LIVER (HUMAN);, mRNA sequence
2	RC_AA088678	ESTs
3	RC_AA100925	ESTs; Weakly similar to predicted using Genefinder [C.elegans]
3	RC_AA101255	ESTs; Highly similar to J KAPPA-RECOMBINATION SIGNAL BINDING PROTEIN [Homo sapiens]
3	RC_AA126474	stanniocalcin 2
2	RC_AA127017	ESTs
2	RC_AA129968	ESTs; Weakly similar to protein phosphatase 2A 13 kDa regulatory subunit [H.sapiens]
2	RC_AA130240	ESTs
1	RC_AA131866	ESTs
2	RC_AA132039	ESTs; Moderately similar to !!! ALU SUBFAMILY J WARNING ENTRY !!! [H.sapiens]
3	RC_AA132983	ESTs; Moderately similar to C-1-TETRAHYDROFOLATE SYNTHASE; CYTOPLASMIC [Saccharomyces cerevisiae]
3	RC_AA133250	ESTs; Weakly similar to NADH-UBIQUINONE OXIDOREDUCTASE CHAIN 4 [Caenorhabditis elegans]
1	RC_AA133583_s	high-mobility group (nonhistone chromosomal) protein isoform I-C
4	RC_AA135941	ESTs
2	RC_AA148650	zo9e6.s1 Stratagene neuroepithelium NT2RAMI 937234 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:56722 3', mRNA sequence
2	RC_AA151110	ESTs
2	RC_AA155754	ESTs; Moderately similar to !!! ALU SUBFAMILY SX WARNING ENTRY !!! [H.sapiens]
4	RC_AA156125	ESTs
2	RC_AA156289	ESTs
1	RC_AA156997	ESTs
2	RC_AA157291	ESTs

(表1の続き)

Cluster	Accession # PROBESET	Gene Description
2	RC_AA157293	ESTs
2	RC_AA164293_f	ESTs
1	RC_AA164676	EST
1	RC_AA167375	Homo sapiens mRNA for KIAA53 protein; partial cds
1	RC_AA167550	ESTs; Moderately similar to !!!! ALU SUBFAMILY SX WARNING ENTRY !!!! [H.sapiens]
2	RC_AA176589	EST
1	RC_AA180448	EST
4	RC_AA187144_s	endothelin 1
3	RC_AA189170_f	ESTs
4	RC_AA192757	ESTs
2	RC_AA205650	ESTs
4	RC_AA233342	ESTs; Weakly similar to neural differentiation-associated protein [M.musculus]
3	RC_AA233472	ESTs
2	RC_AA234110	ESTs
4	RC_D80981	ESTs
3	RC_F01660	ESTs; Weakly similar to HYPOTHETICAL PROTEIN HI34 [Haemophilus influenzae]
1	RC_F02206	EST; Highly similar to ether-a-go-go-related protein [H.sapiens]
4	RC_F02208	ESTs
4	RC_F02544	ESTs
4	RC_F03918	ESTs
4	RC_F0425B_s	ESTs; Highly similar to INORGANIC PYROPHOSPHATASE [Bos taurus]
4	RC_F04600	ESTs
4	RC_F08998	ESTs
2	RC_F09605	ESTs
4	RC_F11115	ESTs
3	RC_H06371	ESTs
1	RC_H10995	ESTs
1	RC_H11938	ESTs; Weakly similar to HYPOTHETICAL 97.6 KD PROTEIN IN SHP1-SEC17 INTERGENIC REGION [Saccharomyces cerevisiae]
4	RC_H16568	ESTs
4	RC_H16772	ESTs
1	RC_H18951	ESTs; Moderately similar to seven-pass transmembrane receptor precursor [M.musculus]
1	RC_H20859	ESTs
1	RC_H23747	ESTs
1	RC_H38087	ESTs
1	RC_H40331	ESTs
1	RC_H40567	ESTs

(表1の続き)

Cluster	Accession #/ PROBESET	Gene Description
1	RC_H46966	ESTs
1	RC_H56640_I	yq99a5.s1 Soares fetal liver spleen 1NFLS Homo sapiens cDNA clone IMAGE:23888 3', mRNA sequence
1	RC_H57154	ESTs; Weakly similar to RST [M.musculus]
1	RC_H96712	ESTs
1	RC_N20814	ESTs
3	RC_N25249	synaposomal-associated protein; 23kD
1	RC_N27100	ESTs
1	RC_N39616	RNA (guanine-7-) methyltransferase
1	RC_N48982	ESTs
1	RC_N51957	ESTs
1	RC_N52271	Homo sapiens LIM protein mRNA; complete cds
1	RC_N59435	ESTs; Weakly similar to No definition line found [H.sapiens]
1	RC_N64139	ESTs; Weakly similar to Ndr protein kinase [H.sapiens]
3	RC_N66981	ESTs
1	RC_N68640	ESTs
4	RC_N69352	ESTs; Highly similar to PRE-MRNA SPLICING FACTOR RNA HELICASE PRP22 [Saccharomyces cerevisiae]
4	RC_N95226	Homo sapiens mRNA for KIAA758 protein; partial cds
1	RC_R00138	ESTs
1	RC_R07998	ESTs; Weakly similar to !!!! ALU SUBFAMILY J WARNING ENTRY !!!! [H.sapiens]
1	RC_R08929	ubiquitin-conjugating enzyme E2G 2 (homologous to yeast UBC7)
1	RC_R10307	ESTs
3	RC_R33354	ESTs
1	RC_R36083	ESTs
1	RC_R37938_f	ESTs
1	RC_R39330	yd1g4.s1 Soares infant brain 1NIB Homo sapiens cDNA clone IMAGE:24282 3', mRNA sequence
1	RC_R40816_s	cullin 4A
1	RC_R43162_s	ESTs
3	RC_R45698	ESTs; Weakly similar to Similarity to Salmonella regulatory protein UHPC [C.elegans]
2	RC_R54554	ESTs
1	RC_R68425	ESTs; Weakly similar to alternatively spliced product using exon 13A [H.sapiens]
1	RC_R68568	ESTs
3	RC_R68763	ESTs
1	RC_R70467	ESTs
1	RC_R73565	ESTs; Moderately similar to !!!! ALU SUBFAMILY SX WARNING ENTRY !!!! [H.sapiens]
4	RC_R73640	ESTs

(表1の続き)

Cluster	Accession #/ PROBESET	Gene Description
1	RC_R78376	EST
1	RC_R92453	EST
1	RC_T03865	ESTs
3	RC_T03872	ESTs
1	RC_T10072	ESTs
1	RC_T10080	ESTs
1	RC_T10132	Homo sapiens mRNA for KIAA478 protein; complete cds
1	RC_T15343	ESTs
2	RC_T23457	ESTs
1	RC_T23555	ESTs
2	RC_T23670	ESTs
4	RC_T23948	ESTs
4	RC_T33464	ESTs
1	RC_T34413	ESTs
2	RC_T34611	ESTs
2	RC_T40920	ESTs
4	RC_T55182	ESTs
2	RC_T77453	EST
1	RC_T84039	ESTs
1	RC_T86458	ESTs
1	RC_T87693	ESTs
2	RC_T89350_s	ESTs
1	RC_T90945	ESTs
2	RC_T90987	ESTs
1	RC_T91863	ESTs
1	RC_T91881	EST
1	RC_T93783_s	ESTs
1	RC_T96687	ESTs
2	RC_T96944	ESTs
3	RC_T97307	ESTs; Weakly similar to neuronal thread protein AD7c-NTP [H.sapiens]
1	RC_T97764	ESTs
2	RC_W48817	ESTs
2	RC_W58343	ESTs
1	RC_W59949	ESTs; Highly similar to RAS-LIKE PROTEIN TC1 [Homo sapiens]
1	RC_W74644	ESTs
1	RC_W74761	ESTs; Highly similar to UBIQUITIN-CONJUGATING ENZYME E2-17 KD [Caenorhabditis elegans]
1	RC_W74802	ESTs
1	RC_W81205	ESTs
2	RC_W81237	ESTs
3	RC_W90146_f	ESTs
1	RC_W92798	ESTs
1	RC_Z38412	EST
1	RC_Z38709	Inositol 1;4;5-triphosphate receptor, type 2

(表1の続き)

Cluster	Accession # PROBESET	Gene Description
1	RC_Z38904	ESTs
2	RC_Z39103	core-binding factor; runt domain; alpha subunit 2; translocated to; 2
2	RC_Z39930_f	ESTs
2	RC_Z39939	ESTs
3	RC_Z40012_l	Homo sapiens mRNA for KIAA587 protein; complete cds
2	RC_Z40377_s	ESTs
1	RC_Z40820	ESTs
3	RC_Z41680	ESTs
4	AFFX-BioB-3	.
2	RC_AA005112	Human zinc-finger domain-containing protein mRNA; partial cds
4	RC_AA005432	ESTs; Highly similar to ANTI-SILENCING PROTEIN 1 [Saccharomyces cerevisiae]
4	RC_AA010163	Human mRNA for KIAA312 gene; partial cds
4	RC_AA026356	ESTs
2	RC_AA026901	ESTs
4	RC_AA036867	ESTs
1	RC_AA044644	Pp52
4	RC_AA046426	Homo sapiens MSE55-related protein (UB1) mRNA; complete cds
4	RC_AA054515	ESTs; Weakly similar to X-linked retinopathy protein (C-terminal; clone XEH.8c) [H.sapiens]
2	RC_AA084162	zn17h6.s1 Stratagene neuroepithelium NT2RAMI 937234 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:547739 3', mRNA sequence
4	RC_AA085749	Homo sapiens mRNA for ATP binding protein; complete cds
4	RC_AA098874	ESTs
2	RC_AA101056	zn25b3.s1 Stratagene neuroepithelium NT2RAMI 937234 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:548429 3' similar to contains L1.b3 L1 repetitive element ;, mRNA sequence
1	RC_AA102746	ESTs; Moderately similar to cytotoxic ligand TRAIL receptor [H.sapiens]
2	RC_AA114250_s	Homo sapiens mRNA for KIAA512 protein; complete cds
4	RC_AA128561_s	ESTs
4	RC_AA128980_i	ESTs; Weakly similar to !!!! ALU SUBFAMILY J WARNING ENTRY !!!! [H.sapiens]
4	RC_AA129757	ESTs; Highly similar to 6S RIBOSOMAL PROTEIN L22 [Rattus norvegicus]
4	RC_AA129921	ESTs
2	RC_AA133331	Homo sapiens mRNA for KIAA741 protein; complete cds
2	RC_AA135958	ESTs
4	RC_AA136524_s	ESTs
4	RC_AA147044	ESTs; Weakly similar to transformation-related protein [H.sapiens]
4	RC_AA148885	ESTs
4	RC_AA150043	ESTs
2	RC_AA151621	ESTs
4	RC_AA155743	ESTs

(表1の続き)

Cluster	Accession # PROBESET	Gene Description
2	RC_AA156335	ESTs
4	RC_AA156336	Homo sapiens nuclear receptor co-repressor N-CoR mRNA; complete cds
2	RC_AA159181	ESTs
2	RC_AA159825	ESTs
2	RC_AA234185	ESTs
4	RC_AA234929	ESTs
1	RC_AA234935	ESTs
4	RC_AA236359	ESTs
2	RC_AA236466	ESTs
2	RC_AA236535	ESTs
4	RC_AA236935_s	Human normal keratinocyte mRNA
2	RC_AA236942	ESTs
4	RC_AA237018	ESTs
2	RC_AA237025	ESTs
2	RC_AA242751	Homo sapiens mRNA for KIAA93 protein; partial cds
3	RC_AA242760	ESTs
3	RC_AA242763	Homo sapiens Cdc14B1 phosphatase mRNA; complete cds
2	RC_AA242809	ESTs; Weakly similar to !!!!! ALU SUBFAMILY J WARNING ENTRY !!!!! [H.sapiens]
3	RC_AA243133	ESTs; Highly similar to SERINE/THREONINE-PROTEIN KINASE IPL1 [Saccharomyces cerevisiae]
4	RC_AA243495	ESTs
3	RC_AA243706	ESTs
4	RC_AA250848	zs6e2.s1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:68441 3' mRNA sequence
2	RC_AA250868	ESTs
4	RC_AA251152	ESTs
2	RC_AA251544_s	ESTs
4	RC_AA251792	ESTs
4	RC_AA252063	Homo sapiens mRNA for PCDH7 (BH-Pcdh)c; complete cds
3	RC_AA252144	ESTs
4	RC_AA252524	ESTs
3	RC_AA253461	ESTs
4	RC_AA255522	ESTs
2	RC_AA256468	ESTs
4	RC_AA256528	ESTs
2	RC_AA257976	ESTs
4	RC_AA258296	Homo sapiens mRNA for KIAA579 protein; partial cds
3	RC_AA258409	H.sapiens gene from PAC 313L4; similar to Myelin PO
2	RC_AA258421	Homo sapiens clone 683 unknown mRNA; complete sequence

(表1の続き)

Cluster	Accession # PROBESET	Gene Description
3	RC_AA262077	Human NAD ⁺ -dependent succinate-semialdehyde dehydrogenase (SSADH) mRNA; 3' end
4	RC_AA278650	ESTs
2	RC_AA278766	ESTs
4	RC_AA279667_s	natural killer-tumor recognition sequence
3	RC_AA280791	eukaryotic translation initiation factor 5
4	RC_AA280819	ESTs
4	RC_AA280828	ESTs
4	RC_AA282195	ESTs; Weakly similar to ORF YNL292w [S.cerevisiae]
2	RC_AA283127_s	Homo sapiens clone LM1955 H15e3 gene; partial cds
2	RC_AA284694	Homo sapiens CG1 mRNA; complete cds
3	RC_AA291137	ESTs
3	RC_AA291708	ESTs; Moderately similar to hypothetical protein [H.sapiens]
3	RC_AA293495	Homo sapiens BAC clone 255A7 from 8q21 containing NBS1 gene; complete sequence
4	RC_AA347193	ESTs; Weakly similar to NADH-UBIQUINONE OXIDOREDUCTASE CHAIN 4 [Caenorhabditis elegans]
4	RC_AA398474_s	ESTs
4	RC_AA398512	ESTs
2	RC_AA400277	ESTs; Weakly similar to putative p15 [H.sapiens]
4	RC_AA400896	ESTs
3	RC_AA404494	CTP synthase
2	RC_AA410345	ESTs; Weakly similar to A33 antigen precursor [H.sapiens]
4	RC_AA416733	ESTs; Weakly similar to neuronal thread protein AD7c-NTP [H.sapiens]
4	RC_AA425154	ESTs
4	RC_AA426573	ESTs
2	RC_AA431418	N-acetylglucosaminidase; alpha- (Sanfilippo disease IIIB)
4	RC_AA436182	ESTs
2	RC_AA437099	ESTs
4	RC_AA446585	ESTs
3	RC_AA446887	ESTs
2	RC_AA447224	ESTs; Highly similar to HYPOTHETICAL 8.7 KD PROTEIN IN ERG7-NMD2 INTERGENIC REGION [Saccharomyces cerevisiae]
2	RC_AA447709	ESTs; Moderately similar to putative transcription factor CA15 [H.sapiens]
4	RC_AA453624	deoxynucleotidyltransferase; terminal
4	RC_AA455044	ESTs
4	RC_AA456045	ESTs
4	RC_AA460454_s	ESTs; Weakly similar to KIAA512 protein [H.sapiens]
4	RC_AA476494	ESTs; Weakly similar to KIAA512 protein [H.sapiens]
4	RC_AA476738	ESTs; Highly similar to FLI-LRR associated protein-1 [M.musculus]
4	RC_AA481422	Homo sapiens mRNA for H-2K binding factor-2; complete cds
3	RC_AA482269	integral membrane protein 1

(表1の続き)

Cluster	Accession # PROBESET	Gene Description
2	RC_AA482595	ESTs; Highly similar to p36
4	RC_AA485084_s	ESTs
4	RC_AA485431_s	ESTs
4	RC_AA489057	H.sapiens mRNA for nuclear protein SA-2
4	RC_AA489638	ESTs
2	RC_AA491000	ESTs
3	RC_AA491250	ESTs
4	RC_AA505133	ESTs
4	RC_AA598447	Homo sapiens exportin t mRNA; complete cds
3	RC_AA599243	ESTs
3	RC_AA599574_i	ESTs
4	RC_AA600153	DEK gene
4	RC_AA609309	ESTs
4	RC_AA609710	ESTs; Highly similar to HYPOTHETICAL GTP-BINDING PROTEIN IN PMI4-PAC2 INTERGENIC REGION [Saccharomyces cerevisiae]
4	RC_AA610068	H.sapiens mRNA for PIBF1 protein; complete
1	RC_AA621399	ESTs
4	RC_AA621752	Human 26S proteasome-associated pad1 homolog (POH1) mRNA; complete cds
2	RC_C21523	ESTs
2	RC_D12160	ESTs; Weakly similar to unknown [H.sapiens]
4	RC_D19708	ESTs
2	RC_D25801	ESTs; Highly similar to KIAA445 protein [H.sapiens]
2	RC_D45652	ESTs; Weakly similar to unknown [H.sapiens]
4	RC_D60208_f	ESTs
3	RC_D80504_s	zinc finger protein 198
2	RC_F03010	ESTs; Weakly similar to ZINC FINGER PROTEIN HRX [Homo sapiens]
4	RC_F04247	ESTs; Weakly similar to !!!! ALU CLASS A WARNING ENTRY !!!! [H.sapiens]
4	RC_F10966	ESTs; Weakly similar to !!!! ALU SUBFAMILY J WARNING ENTRY !!!! [H.sapiens]
4	RC_F13700	Homo sapiens ribonuclease P protein subunit p4 (RPP4) gene; complete cds
4	RC_H05063	ESTs
4	RC_H16758	ESTs; Highly similar to ERYTHROPOIETIN RECEPTOR PRECURSOR [Homo sapiens]
4	RC_H17315_s	karyopherin alpha 1 (importin alpha 5)
4	RC_H22556	PROTEIN TRANSLATION FACTOR SUI1 HOMOLOG
4	RC_H22566	ESTs; Highly similar to protein tyrosine phosphatase epsilon cytoplasmic isoform [H.sapiens]
4	RC_H48459_s	Human mRNA for KIAA186 gene; complete cds
4	RC_H53073	ESTs
2	RC_H56559_s	Homo sapiens mRNA for KIAA61 protein; partial cds
3	RC_H57957_s	ESTs

(表1の続き)

Cluster	Accession # PROBESET	Gene Description
2	RC_H64938_s	ESTs
2	RC_H64973	ESTs
4	RC_H69535	ESTs
2	RC_H73110	ESTs; Moderately similar to alternatively spliced product using exon 13A [H.sapiens]
2	RC_H81783	ESTs
1	RC_H86259	Homo sapiens chromosome 19; cosmid R32611
2	RC_H88353	ESTs; Weakly similar to reverse transcriptase related protein [H.sapiens]
2	RC_H88639	ESTs
4	RC_H88675	ESTs
4	RC_H93708_s	CLEAVAGE SIGNAL-1 PROTEIN
4	RC_N22107	ESTs; Weakly similar to !!!! ALU SUBFAMILY J WARNING ENTRY !!!! [H.sapiens]
3	RC_N24046	ESTs; Weakly similar to 6S RIBOSOMAL PROTEIN L1 [Homo sapiens]
2	RC_N27028	ESTs
2	RC_N30205	ESTs; Weakly similar to hypothetical protein [H.sapiens]
1	RC_N30621	ESTs
4	RC_N33258	Homo sapiens nuclear receptor co-repressor N-CoR mRNA; complete cds
2	RC_N33390	EST
2	RC_N40180	EST; Weakly similar to putative p15 [H.sapiens]
2	RC_N45198	EST
3	RC_N45979_s	SH3 domain protein 1B
2	RC_N48325	EST
2	RC_N48913	ESTs
4	RC_N49394	Homo sapiens mRNA for KIAA716 protein; complete cds
1	RC_N50656	ESTs; Highly similar to mosaic protein LR11 [H.sapiens]
4	RC_N50721	kinesin family protein 3B
4	RC_N53143	ESTs
2	RC_N53359	ESTs
4	RC_N55326	ESTs
2	RC_N55493	yv5c2.s1 Soares fetal liver spleen 1NFLS Homo sapiens cDNA clone IMAGE:246146 3', mRNA sequence
4	RC_N57493	EST
2	RC_N62955	ESTs; Weakly similar to ankyrin G [H.sapiens]
4	RC_N63520	EST; Weakly similar to mariner transposase [H.sapiens]
4	RC_N63604	ESTs
2	RC_N64166	frizzled (Drosophila) homolog 7
2	RC_N64168	ESTs
2	RC_N64191	ESTs
4	RC_N66845	ESTs; Weakly similar to !!!! ALU CLASS B WARNING ENTRY !!!! [H.sapiens]
4	RC_N67135	ESTs

(表1の続き)

Cluster	Accession #/ PROBESET	Gene Description
2	RC_N67295	ESTs
4	RC_N68399	H2B histone family; member N
4	RC_N68963	ESTs
4	RC_N69331	peptidylprolyl isomerase C (cyclophilin C)
2	RC_N70777	ESTs
1	RC_N71364_s	ESTs; Weakly similar to transformation-related protein [H.sapiens]
4	RC_N71545_s	ESTs; Moderately similar to hypothetical protein [H.sapiens]
2	RC_N71571	ESTs
4	RC_N74456	EST
4	RC_N75594	ESTs
2	RC_N79035	EST
2	RC_N80279	ESTs; Highly similar to (define not available 4239677) [H.sapiens]
4	RC_N91797	ESTs
4	RC_N92454	karyopherin (importin) beta 1
4	RC_N94581	actin; beta
4	RC_N94748	ESTs
4	RC_N98238	ESTs
4	RC_R02384	EST
2	RC_R16833	ESTs; Weakly similar to !!! ALU CLASS F WARNING ENTRY !!! [H.sapiens]
3	RC_R41828_s	myosin VA (heavy polypeptide 12; myosin)
2	RC_R43203	ESTs
4	RC_R46395	ESTs; Moderately similar to Unknown gene product [H.sapiens]
2	RC_R58863	ESTs
2	RC_R78248	ESTs
4	RC_T11483	ESTs
4	RC_T16896	ESTs
2	RC_T23820	cyclin T2
4	RC_T30222	ESTs; Weakly similar to tetracycline transporter-like protein [M.musculus]
4	RC_W15275_s	ESTs
2	RC_W38194	Accession not listed in Genbank
3	RC_W42414_s	ESTs
4	RC_W46577_s	H.sapiens mRNA for ESM-1 protein
4	RC_W49632_s	Human clone 2398 mRNA sequence
2	RC_W57613	ESTs
2	RC_W57759	EST
4	RC_W61118	ESTs
4	RC_W65344	ESTs; Highly similar to ICH-2 PROTEASE PRECURSOR [Homo sapiens]
2	RC_W69216	ESTs
2	RC_W69379	ESTs; Weakly similar to mitochondrial inner membrane protease 1 [S.cerevisiae]
4	RC_W86728	ESTs

(表1の続き)

Cluster	Accession # PROBESET	Gene Description
4	RC_Z38499	ESTs; Weakly similar to protein phosphatase [H.sapiens]
2	RC_Z38630	Homo sapiens 1kD protein (BC1) mRNA; complete cds
4	RC_Z39494	ESTs
4	RC_Z39623	ESTs
3	RC_Z40071_s	BMX non-receptor tyrosine kinase
2	RC_Z40174	EST
2	RC_Z40182	EST
2	RC_Z40904	EST
4	AFFX-BloB-3	.
4	AFFX-BloC-3	.
3	AFFX-DapX-5	.
1	AFFX-LysX-M	.
3	RC_AA166965	ESTs
3	RC_AA167500	EST
1	RC_AA169599_s	ESTs
3	RC_AA171724	ESTs
2	RC_AA171739	ESTs
3	RC_AA177105	ESTs
2	RC_AA182626	ESTs
3	RC_AA186324	ESTs; Highly similar to cell cycle progression restoration 8 protein [H.sapiens]
1	RC_AA192099	zinc finger protein 148 (pHZ-52)
3	RC_AA192173	ESTs; Moderately similar to !!!! ALU SUBFAMILY SC WARNING ENTRY !!!! [H.sapiens]
3	RC_AA192415	EST
3	RC_AA192553	ESTs; Moderately similar to RGC-32 [R.norvegicus]
3	RC_AA194851	ESTs
3	RC_AA195520_s	ESTs
3	RC_AA196300	ESTs; Moderately similar to !!! ALU SUBFAMILY SQ WARNING ENTRY !!!! [H.sapiens]
3	RC_AA196517	Lon protease-like protein
3	RC_AA196549	ESTs
3	RC_AA196721	zq9a3.s1 Stratagene muscle 93729 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:629164 3' similar to TR:G746415 G746415 I KAPPA BR. ., mRNA sequence
3	RC_AA196729_l	ESTs; Weakly similar to !!!! ALU SUBFAMILY J WARNING ENTRY !!!! [H.sapiens]
1	RC_AA196979	ESTs; Moderately similar to RETROVIRUS-RELATED PROTEASE [H.sapiens]
2	RC_AA206828	ESTs; Weakly similar to ubiquitous TPR motif; Y isoform [H.sapiens]
3	RC_AA207123	immunoglobulin superfamily; member 3
1	RC_AA214539_i	ESTs
3	RC_AA226914_s	TR2 nuclear hormone receptor

(表1の続き)

Cluster	Accession # PROBESET	Gene Description
3	RC_AA227260	Zic family member 3 (odd-paired Drosophila homolog; heterotaxy 1)
3	RC_AA227469	EST
3	RC_AA233122	ESTs; Highly similar to CALCIUM/CALMODULIN-DEPENDENT PROTEIN KINASE TYPE II DELTA CHAIN [Rattus norvegicus]
3	RC_AA233334_s	Homo sapiens josephin MJD1 mRNA; cds
3	RC_AA233347	Homo sapiens zinc finger protein 216 splice variant 2 (ZNF216) mRNA; complete cds
1	RC_AA233519	ESTs; Weakly similar to neuronal thread protein AD7c-NTP [H.sapiens]
1	RC_AA233714	Apg12 (autophagy; yeast) homolog
1	RC_AA233796	ESTs
1	RC_AA235050_f	ESTs
1	RC_AA235704	ESTs; Weakly similar to Wiscott-Aldrich Syndrome protein homolog [M.musculus]
3	RC_AA236031	ESTs
1	RC_AA236352	ESTs
1	RC_AA236390_s	ESTs
1	RC_AA236453	ESTs
3	RC_AA243370	EST
2	RC_AA250947	ESTs
3	RC_AA251083	ESTs
3	RC_AA251113	ESTs
4	RC_AA251973	ESTs
3	RC_AA252023	ESTs; Moderately similar to (define not available 397874) [H.sapiens]
1	RC_AA252414	ESTs
1	RC_AA252650	protein kinase; mitogen-activated; kinase 7 (MAP kinase kinase 7)
3	RC_AA255523	ESTs
3	RC_AA258128	ESTs
3	RC_AA282105	Human mRNA for KIAA331 gene; complete cds
1	RC_AA282107	ESTs
1	RC_AA282235	ESTs
3	RC_AA278298	zs8b3.s1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:73757 3' mRNA sequence
1	RC_AA278529_i	ESTs; Highly similar to serine/threonine protein kinase [H.sapiens]
1	RC_AA278721	ESTs
1	RC_AA280036	ESTs
1	RC_AA280648	ESTs; Weakly similar to rab-related GTP-binding protein [H.sapiens]
1	RC_AA280738	ESTs
3	RC_AA280794	ESTs
1	RC_AA280837	ESTs
1	RC_AA280886	ESTs; Moderately similar to alternatively spliced product using exon 13A [H.sapiens]
1	RC_AA280934	ESTs
1	RC_AA281535	Homo sapiens mRNA for KIAA879 protein; complete cds

(表1の続き)

Cluster	Accession #/ PROBESET	Gene Description
4	RC_AA281797_s	Homo sapiens basic transcription factor 2 p44 (btf2p44) gene; partial cds. neuronal apoptosis inhibitory protein (naip) and survival motor neuron protein (smn) genes; complete cds
1	RC_AA282047	ESTs
1	RC_AA283002	Human zinc finger protein (SRE-ZBP) mRNA; 3' end
3	RC_AA283709	ESTs
1	RC_AA283902	ESTs; Weakly similar to X-linked retinopathy protein (C-terminal; clone XEH.8c) [H.sapiens]
1	RC_AA284108	Human DNA from chromosome 19-specific cosmid F25965; genomic sequence
1	RC_AA284109	Human DNA sequence from clone 71L16 on chromosome Xp11. Contains a probable Zinc Finger protein (pseudo)gene; an unknown putative gene; a pseudogene with high similarity to part of antigen KI-67; a pu
1	RC_AA284371	Homo sapiens clone 23967 unknown mRNA; partial cds
3	RC_AA284744_f	ESTs
1	RC_AA284784	ESTs
1	RC_AA284840	ESTs
1	RC_AA286844	ESTs
3	RC_AA287032	ESTs
1	RC_AA287038	EST
1	RC_AA287546	ESTs
1	RC_AA287553_s	ESTs
3	RC_AA287556	ESTs; Weakly similar to !III ALU CLASS B WARNING ENTRY !III [H.sapiens]
1	RC_AA287564	ribosomal protein L37
1	RC_AA291015_s	CDC7 (cell division cycle 7; S. cerevisiae; homolog)-like 1
3	RC_AA291716	EST
1	RC_AA291749_s	ESTs
1	RC_AA293656	EST
1	RC_AA302430	ESTs
3	RC_AA302809	EST
1	RC_AA302820_s	purinergic receptor P2X; ligand-gated ion channel; 4
1	RC_AA310499	ESTs
1	RC_AA321890	EST24442 Cerebellum II Homo sapiens cDNA 3' end, mRNA sequence
1	RC_AA340589	EST
1	RC_AA340622	ESTs
1	RC_AA342457_i	ESTs
3	RC_AA342828_s	glycoprotein V (platelet)
1	RC_AA342864	ESTs
1	RC_AA342973	ESTs
1	RC_AA346495	ESTs
1	RC_AA347573	Homo sapiens KIAA45 mRNA; complete cds
1	RC_AA347614	ESTs
1	RC_AA347717	ESTs

(表1の続き)

Cluster	Accession #/ PROBESET	Gene Description
1	RC_AA348913	ESTs
1	RC_AA349647	EST
1	RC_AA349773	ESTs
1	RC_AA350541_s	ESTs; Moderately similar to alternatively spliced product using exon 13A [H.sapiens]
1	RC_AA357159_l	EST
3	RC_AA357172_l	ESTs
1	RC_AA369856_s	Human hVps41p (hVPS41) mRNA; alternative splice variant; partial cds
1	RC_AA370132	EST
1	RC_AA370472_s	ESTs
1	RC_AA370867	ESTs
3	RC_AA377296	ESTs
4	RC_AA383902	ESTs
3	RC_AA385934	EST; Highly similar to predicted using Genefinder [C.elegans]
3	RC_AA386255	EST
1	RC_AA386260	EST
2	RC_AA386266	ESTs; Highly similar to MEMBRANE GLYCOPROTEIN M6-B [Mus musculus]
1	RC_AA398014	ESTs
3	RC_AA398222	ESTs
1	RC_AA398235	ESTs
3	RC_AA398348	ESTs
3	RC_AA398482	ESTs
1	RC_AA398504	ESTs
1	RC_AA398505	ESTs
1	RC_AA398507	ESTs
1	RC_AA398523	ESTs; Weakly similar to !!!! ALU SUBFAMILY SQ WARNING ENTRY !!!! [H.sapiens]
1	RC_AA398625	ESTs
4	RC_AA398632	ESTs
3	RC_AA398633	ESTs
3	RC_AA398694	ESTs
3	RC_AA398895	EST
1	RC_AA398900	ESTs
1	RC_AA398904	EST
1	RC_AA399122	ESTs; Weakly similar to mitochondrial citrate transport protein [H.sapiens]
3	RC_AA399371	ESTs
1	RC_AA399373	ESTs; Highly similar to KIAA568 protein [H.sapiens]
1	RC_AA399441	ESTs
3	RC_AA399636	ESTs
1	RC_AA399640	ESTs
1	RC_AA399680	ESTs

(表1の続き)

Cluster	Accession # PROBESET	Gene Description
3	RC_AA400080	EST
1	RC_AA400262	ESTs
1	RC_AA400725	ESTs
3	RC_AA400748	ESTs
1	RC_AA400780	ESTs
3	RC_AA401631	zv65b9.s1 Soares_total fetus_Nb2HF8_9w Homo sapiens cDNA clone IMAGE:758489 3', mRNA sequence
1	RC_AA401688	ESTs
1	RC_AA401695	EST
3	RC_AA402227	ESTs; Moderately similar to N-trapomodulin [R.norvegicus]
3	RC_AA402329	ESTs
1	RC_AA402398	ESTs
1	RC_AA402449	EST
1	RC_AA402468	ESTs
2	RC_AA403268_s	ESTs
2	RC_AA403314	ESTs
1	RC_AA404229	EST
1	RC_AA404260	ESTs
1	RC_AA404271	Human glutamate/kainate receptor subunit (EEA3) mRNA; complete cds
3	RC_AA405026	ESTs
1	RC_AA405182	ESTs
1	RC_AA405237	ESTs; Moderately similar to alternatively spliced product using exon 13A [H.sapiens]
3	RC_AA406061	EST
1	RC_AA406063	ESTs
1	RC_AA406070	EST
1	RC_AA406137	EST
1	RC_AA406335	ESTs
1	RC_AA411801	Human mRNA for KIAA37 gene; complete cds
1	RC_AA411804	ESTs
1	RC_AA411833	ESTs; Highly similar to (define not available 4521278) [H.sapiens]
1	RC_AA412219	ESTs
3	RC_AA412259	ESTs
2	RC_AA412497	Human Line-1 repeat mRNA with 2 open reading frames
1	RC_AA412498	ESTs
1	RC_AA416586	ESTs
1	RC_AA416867	EST
1	RC_AA416874	ESTs
1	RC_AA421133	ESTs
1	RC_AA421138	EST
4	RC_AA422079	ESTs; Highly similar to ELONGATION FACTOR G; MITOCHONDRIAL PRECURSOR [Rattus norvegicus]
1	RC_AA423837	ESTs
1	RC_AA424328	ESTs
1	RC_AA424339	ESTs

(表1の続き)

Cluster	Accession #/ PROBESET	Gene Description
3	RC_AA424469_s	ESTs
1	RC_AA424502	ESTs
3	RC_AA425004	ESTs
1	RC_AA425734	ESTs; Weakly similar to neuronal thread protein AD7c-NTP [H.sapiens]
1	RC_AA425887	ESTs
3	RC_AA426456	ESTs
3	RC_AA427396	ESTs
1	RC_AA427555	Human mRNA for KIAA23 gene; complete cds
3	RC_AA428218	ESTs
3	RC_AA428242	ESTs
1	RC_AA428281	EST
3	RC_AA428865	EST
3	RC_AA428994	ESTs
1	RC_AA429666	ESTs
3	RC_AA430181	ESTs
1	RC_AA430184_s	Human putative ATP/GTP-binding protein (HEAB) mRNA; complete cds
3	RC_AA431286_s	CD3D antigen; delta polypeptide (TIT3 complex)
1	RC_AA431293	ESTs
3	RC_AA431476	ESTs
3	RC_AA431492	EST
1	RC_AA431732	EST
3	RC_AA432278	EST
4	RC_AA434411	ESTs
3	RC_AA435512_i	ESTs
1	RC_AA435698	ESTs
1	RC_AA435711	Homo sapiens mRNA for KIAA712 protein; complete cds
3	RC_AA435815_s	Clk-associating RS-cyclophilin
3	RC_AA435842	ESTs
3	RC_AA436475	ESTs
3	RC_AA436489	ESTs
3	RC_AA442060	ESTs
1	RC_AA442079	EST
3	RC_AA443151	ESTs
4	RC_AA446133	ESTs
1	RC_AA447145	Homo sapiens KIAA399 mRNA; partial cds
3	RC_AA447398	EST
1	RC_AA447643	ESTs
1	RC_AA447742_s	dynein; axonemal; heavy polypeptide 17-like
3	RC_AA448226	zw96c1.s1 Soares_total_fetus_Nb2HFB_9w Homo sapiens cDNA clone IMAGE:784818 3', mRNA sequence
1	RC_AA448825	EST
1	RC_AA449444	ESTs
3	RC_AA450087	regulator of Gz-selective protein signaling

(表1の続き)

Cluster	Accession #/ PROBESET	Gene Description
3	RC_AA450211	EST
1	RC_AA450244	ESTs
3	RC_AA452123	ESTs; Weakly similar to Top-1 [M.musculus]
3	RC_AA452155	zinc finger protein 198
3	RC_AA452156	EST
3	RC_AA453036	ESTs
3	RC_AA453526	ESTs
3	RC_AA454085	EST
3	RC_AA454103	ESTs
1	RC_AA454642	ESTs
1	RC_AA454935	ESTs
3	RC_AA456323	ESTs
3	RC_AA457395	EST
3	RC_AA458850	aa26c7.s1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:81438 3' similar to contains L1.t3 L1 repetitive element ,, mRNA sequence
3	RC_AA459662	EST
3	RC_AA459668	Homo sapiens 3-hydroxyisobutyryl-coenzyme A hydrolase mRNA; complete cds
1	RC_AA459679_s	ESTs; Weakly similar to The KIAA191 gene is expressed ubiquitously. [H.sapiens]
1	RC_AA459702	ESTs
4	RC_AA460017_f	ESTs
3	RC_AA460324	ESTs
3	RC_AA461509	ESTs; Weakly similar to hypothetical protein II [H.sapiens]
3	RC_AA464414_i	ESTs
1	RC_AA464428	ESTs
3	RC_AA470084	ESTs
3	RC_AA476806_s	ESTs
3	RC_AA478521	ESTs
3	RC_AA478523	ESTs; Moderately similar to III ALU SUBFAMILY J WARNING ENTRY III! [H.sapiens]
3	RC_AA479949	ESTs
3	RC_AA481252	RAS-LIKE PROTEIN TC21
1	RC_AA485351	ESTs; Weakly similar to predicted using Genefinder [C.elegans]
1	RC_AA487264	ESTs
1	RC_AA489072	Homo sapiens mRNA for KIAA87 protein; complete cds
1	RC_AA489630	Homo sapiens mRNA for KIAA665 protein; complete cds
2	RC_AA490225	ESTs
3	RC_AA490227	ESTs
3	RC_AA490255	ESTs
1	RC_AA490890	ESTs
2	RC_AA490916_s	ESTs
3	RC_AA490925	Homo sapiens laforin (EPM2A) mRNA; partial cds

(表1の続き)

Cluster	Accession #/ PROBESET	Gene Description
1	RC_AA490955	ESTs; Weakly similar to bullous pemphigoid antigen [M.musculus]
1	RC_AA495812	ESTs
3	RC_AA495824	ESTs
1	RC_AA496369	ESTs
3	RC_AA504125_s	ESTs
1	RC_AA521473	Human brain secretory protein hSec1p (HSEC1) mRNA; complete cds
1	RC_AA598440	ESTs
3	RC_AA598699_i	ESTs
3	RC_AA599244	Homo sapiens mRNA for KIAA53 protein; partial cds
1	RC_AA599694_s	Human mRNA for KIAA133 gene; complete cds
1	RC_AA600037	ESTs
3	RC_AA609135	EST
1	RC_AA609582	Homo sapiens p8 katanin mRNA; complete cds
3	RC_AA609684	ESTs
3	RC_AA609839	ESTs
1	RC_AA609862	Homo sapiens mRNA for RBP-MS/type 3; complete cds
4	RC_AA620423	EST
3	RC_AA620747	EST
1	RC_AA621364	ESTs
2	RC_C20653	ESTs
3	RC_D20085	ESTs
1	RC_D20749	ESTs
2	RC_D51285_s	ESTs
4	RC_D59972_i	ESTs
4	RC_F04112_f	ESTs
2	RC_F13604	ESTs
1	RC_H01662	ESTs
1	RC_H05135_i	ESTs
3	RC_H12245	splicing factor; arginine/serine-rich 7 (35kD)
1	RC_H22842	EST
1	RC_H30894	ESTs
2	RC_H43442_s	Human mRNA for KIAA28 gene; partial cds
3	RC_H45996	ESTs
2	RC_H69281_i	ESTs
3	RC_H69485_f	ESTs
1	RC_H69899	ESTs; Moderately similar to unknown [H.sapiens]
4	RC_H70627_s	ESTs
1	RC_H73050_s	Rhesus blood group; D antigen
1	RC_H73260	ESTs
1	RC_H77531_s	HIR (histone cell cycle regulation defective; S. cerevisiae) homolog A
2	RC_H80552	EST
4	RC_H80737_s	lysyl oxidase
1	RC_H93412	ESTs
3	RC_H94892_s	v-ral simian leukemia viral oncogene homolog A (ras related)

(表1の続き)

Cluster	Accession #/ PROBESET	Gene Description
4	RC_H95643_s	neurotrophic tyrosine kinase; receptor; type 1
2	RC_H96552	ESTs
4	RC_H97146	ESTs; Highly similar to G protein-coupled receptor kinase 6; splice variant B [H.sapiens]
2	RC_H99131_s	ESTs
1	RC_H99462_s	ribosomal protein; mitochondrial; L12
1	RC_H99837_s	ESTs
2	RC_N22140	ESTs; Highly similar to TUBULIN GAMMA CHAIN [Euplates octocarinatus]
2	RC_N22197	ESTs
1	RC_N23756_s	Human mRNA for KIAA238 gene; partial cds
2	RC_N24134	eukaryotic translation initiation factor 1A; Y chromosome
4	RC_N24195	Homo sapiens mRNA for RanBPM; complete cds
1	RC_N26739	CAAX box 1
2	RC_N27098	EST
1	RC_N27637	ESTs
4	RC_N33090	ESTs; Weakly similar to translation initiation factor [H.sapiens]
1	RC_N35967	ESTs
1	RC_N38959_f	Homo sapiens chaperonin containing t-complex polypeptide 1; beta subunit (Cctb) mRNA; complete cds
2	RC_N39069	ESTs
1	RC_N46441	ESTs
2	RC_N48270_f	ESTs
2	RC_N48365_s	ESTs
2	RC_N51316	ESTs
1	RC_N51499_s	ESTs
4	RC_N53976	ESTs
2	RC_N54157	ESTs
2	RC_N54300	ESTs
1	RC_N54831	ESTs; Weakly similar to neuronal thread protein AD7c-NTP [H.sapiens]
2	RC_N59849	ESTs
4	RC_N62132	ESTs
1	RC_N62375	EST
4	RC_N63138	ESTs
1	RC_N63172	cell division cycle 42 (GTP-binding protein; 25kD)
2	RC_N63772	Homo sapiens DNA sequence from PAC 434014 on chromosome 1q32.3-41. Contains the HSD11B1 gene for Hydroxysteroid (11-beta) Dehydrogenase 1; the ADORA2BP adenosine A2b receptor LIKE pseudogene; the IRF
2	RC_N63787	ESTs
2	RC_N68168	za11c1.s1 Soares fetal liver spleen 1NFLS Homo sapiens cDNA clone IMAGE:292224 3', mRNA sequence
2	RC_N68201	ESTs; Weakly similar to hypothetical protein [H.sapiens]
2	RC_N68300	ESTs

(表1の続き)

Cluster	Accession # PROBESET	Gene Description
1	RC_N68321	solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter); member 3
2	RC_N69575	EST
2	RC_N75007	ESTs
1	RC_N75542	ESTs
2	RC_N90066	Homo sapiens clone 24689 mRNA sequence
1	RC_N91246	ESTs
1	RC_N92751	ESTs; Weakly similar to cyclic nucleotide-gated channel beta subunit [R.norvegicus]
2	RC_N93214_s	ESTs
2	RC_N99148	ESTs; Highly similar to MKR2 PROTEIN [Mus musculus]
4	RC_R07876	ESTs; Weakly similar to HYPOTHETICAL PROTEIN HI1723 [Haemophilus influenzae]
1	RC_R10865_f	alpha-fetoprotein
2	RC_R11056	ESTs
2	RC_R11488	ESTs
1	RC_R22947	ESTs
2	RC_R23930_s	ESTs
1	RC_R26589_f	ESTs
4	RC_R37588_s	GDS-related protein
2	RC_R37813	ESTs
1	RC_R38398	Homo sapiens clone 23758 mRNA sequence
2	RC_R39179_f	ESTs
1	RC_R40923	ESTs
1	RC_R41179	Human mRNA for KIAA328 gene; partial cds
2	RC_R41294_s	ESTs
1	RC_R42307_f	early development regulator 2 (homolog of polyhomeotic 2)
1	RC_R43189_f	EST
3	RC_R43306	ESTs
1	RC_R44357	ESTs
1	RC_R44519	EST; Moderately similar to Pro-Pol-dUTPase polyprotein [M.musculus]
2	RC_R45088	yg38g4.s1 Soares infant brain 1NIB Homo sapiens cDNA clone IMAGE:34896 3', mRNA sequence
2	RC_R47948_l	ESTs
1	RC_R51524	ESTs
1	RC_R54950	ESTs
1	RC_R55241	EST
1	RC_R59585	ESTs
1	RC_R60044	ESTs
2	RC_R60872	ESTs
1	RC_R66890	ESTs
2	RC_R67266_s	exostoses (multiple)-like 1
1	RC_R73588	ESTs
3	RC_R79403	ESTs

(表1の続き)

Cluster	Accession #/ PROBESET	Gene Description
1	RC_R87647	ESTs
2	RC_R93622	ESTs
4	RC_R99599_s	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein U (scaffold attachment factor A)
4	RC_R99612	ESTs
1	RC_T02888	FB14D6 Fetal brain, Stratagene Homo sapiens cDNA clone FB14D6 3'end, mRNA sequence
1	RC_T03170	EST
2	RC_T10465	hbc313 Human pancreatic islet Homo sapiens cDNA clone hbc313 3'end, mRNA sequence
1	RC_T15418_f	ESTs
1	RC_T15597_f	Homo sapiens mRNA for KIAA661 protein; complete cds
2	RC_T15652_i	ESTs
2	RC_T16898_s	ash2 (absent; small; or homeotic; Drosophila; homolog)-like
1	RC_T26644_i	ESTs; Weakly similar to zinc finger protein ZNF139 [H.sapiens]
2	RC_T40841	ESTs
1	RC_T47566_i	yb15c11.s1 Stratagene placenta (#937225) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:71252 3' similar to similar to gb:Z2157 ELONGATION FACTOR 1-DELTA (HUMAN), mRNA sequence
2	RC_T50116	ESTs; Moderately similar to EA22 GENE PROTEIN [Bacteriophage lambda]
2	RC_T50145_s	F5HD region gene 1
2	RC_T58615	ESTs; Moderately similar to !!! ALU SUBFAMILY J WARNING ENTRY !!! [H.sapiens]
1	RC_T59940_f	ESTs
4	RC_T63595	ESTs
2	RC_T64891	yd1c2.s1 Soares fetal liver spleen 1NFLS Homo sapiens cDNA clone IMAGE:66722 3', mRNA sequence
2	RC_T64924	ESTs
2	RC_T64933_r	ESTs; Weakly similar to hypothetical protein [H.sapiens]
2	RC_T68875	yc3f5.s1 Stratagene liver (#937224) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:8229 3', mRNA sequence
2	RC_T69027	ESTs
3	RC_T69924	yc19d3.s1 Stratagene lung (#93721) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:81125 3', mRNA sequence
3	RC_T70353	ESTs
1	RC_T79780_s	ESTs; Weakly similar to PUTATIVE MITOCHONDRIAL CARRIER YBR291C [Saccharomyces cerevisiae]
2	RC_T79951	ESTs
3	RC_T80174_s	ESTs
3	RC_T80622	ESTs; Weakly similar to envelope protein RIC-7 [H.sapiens]
1	RC_T85352	ESTs
1	RC_T85373	ESTs

(表1の続き)

Cluster	Accession #/ PROBESET	Gene Description
2	RC_T86284	ESTs; Weakly similar to transformation-related protein [H.sapiens]
1	RC_T89579_s	Homo sapiens E2F-related transcription factor (DP-1) mRNA; complete cds
3	RC_T90360	ESTs
2	RC_T94328_l	ESTs
1	RC_T95590	ye4a3.s1 Soares fetal liver spleen 1NFLS Homo sapiens cDNA clone IMAGE:12172 3' similar to gb M1817 IGURRAA Iguana iguana 5S (rRNA); mRNA sequence
4	RC_T97257_f	ESTs; Weakly similar to hypothetical protein [H.sapiens]
2	RC_T97599_l	ESTs
2	RC_T97620	ESTs; Weakly similar to unknown [H.sapiens]
4	RC_T97775	ESTs
3	RC_T98152	fibrillin 2
1	RC_W31479	ESTs
1	RC_W37999	ESTs
2	RC_W38240	Accession not listed in Genbank
2	RC_W40150	human chromosome-associated polypeptide (bamacan)
2	RC_W45435	Homo sapiens mRNA for KIAA784 protein; partial cds
2	RC_W58202	ESTs
1	RC_W58344	ESTs
2	RC_W58650	ESTs
4	RC_W68736	Human DNA sequence from clone 1189B24 on chromosome Xq25-26.3. Contains NADH-Ubiquinone Oxidoreductase MLRQ subunit (EC 1.6.5.3; EC 1.6.99.3; Cl-MLRQ); Tubulin Beta and Proto-oncogene Tyrosine-protein
2	RC_W69106	ESTs
2	RC_W69111	ESTs
1	RC_W69385_s	H.sapiens NuMA gene (Clone T33)
3	RC_W69399_s	ATPase; Ca++ transporting; plasma membrane 1
3	RC_W69459	ESTs
2	RC_W72424	S1 calcium-binding protein A9 (calgranulin B)
2	RC_W72724	ESTs
2	RC_W72834	ESTs
1	RC_W73955	Homo sapiens chromosome 19; cosmid R26445
2	RC_W74701	ESTs
2	RC_W76540	ESTs
2	RC_W79397	ESTs
2	RC_W85888	ESTs; Weakly similar to synapse associated protein sap47-2 [D.melanogaster]
2	RC_W86038	ESTs
2	RC_W86881	ESTs
2	RC_W87804	ESTs
2	RC_W88942	zh7b5.s1 Soares_fetal_liver_spleen_1NFLS_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:417393 3', mRNA sequence

(表1の続き)

Cluster	Accession #/ PROBESET	Gene Description
3	RC_W90022	ESTs; Highly similar to LECT2 precursor [H.sapiens]
2	RC_W92272	Homo sapiens zinc-finger helicase (hZFH) mRNA; complete cds
2	RC_W92764_s	TUMOR NECROSIS FACTOR-INDUCIBLE PROTEIN TSG-6 PRECURSOR
2	RC_W93040	ESTs
3	RC_W93092	neutral sphingomyelinase (N-SMase) activation associated factor
2	RC_W93227	EST
2	RC_W93523	ESTs
2	RC_W93659	ESTs
2	RC_W94003_s	ESTs
2	RC_W94401_s	ESTs
2	RC_W94688	Homo sapiens mRNA for perilipin; complete cds
2	RC_W94787_s	ESTs
2	RC_Z38294_s	ESTs
3	RC_Z38311	ESTs
2	RC_Z38465_s	ESTs
2	RC_Z38525_s	ESTs
2	RC_Z38538_f	ESTs
2	RC_Z38551_s	ESTs
2	RC_Z38783_s	ca ²⁺ -dependent activator protein for secretion; Ca ²⁺ -regulated cytoskeletal protein (CAPS)
2	RC_Z39113	ESTs
4	RC_Z39255_f	ESTs
2	RC_Z39591	EST
2	RC_Z39783_s	ESTs
2	RC_Z39920	ESTs; Highly similar to NADH-CYTOCHROME B5 REDUCTASE [Bos taurus]
2	RC_Z40166_f	ESTs
3	RC_Z40388_s	ESTs
2	RC_Z40646	ESTs
2	RC_Z41697	ESTs
2	RC_Z99349	ESTs
2	RC_Z99394_s	ESTs; Weakly similar to transformation-related protein [H.sapiens]

【0282】

【表2】

表 2

Ensembl PROBESET Accession	Ensembl Gene ID	Ensembl Gene Name	SSZ (P, S, O, T, M, R, S, B, I)	Y	N	Type Ia	Type Ia	Type Ia	Type Ia
EOS33789	1_U06782	26S proteasome-associated pad1 homolog							N
EOS30212	1_X55740	5' nucleotidase (CD73)							N
EOS19489	C_RC_W38197	Accession not listed in Genbank							N
EOS33608	1_K02574	Accession not listed in Genbank							N
EOS01114	1_L19871	activating transcription factor 3							N
EOS33514	1_D90209	activating transcription factor 4 (tax-responsive enhancer)							N
EOS00098	1_D14874	adrenomedullin							N
EOS33456	1_M11313	alpha-2-macroglobulin							N
EOS33029	1_L09209	amyloid beta (A4) precursor-like protein 2							N
EOS01435	1_M27396	asparagine synthetase							N
EOS02429	1_U51478	ATPase; Na+/K+-transporting; beta 3 polypeptide							N
EOS06564	A_RC_AA459916	bradykinin receptor B2							N
EOS02490	1_U59289	cadherin 13; H-cadherin (heart)							N
EOS01275	1_L76380	calcitonin receptor-like receptor							N
EOS00469	1_HG1862-HT1897	Calmodulin Type I							N
EOS30361	1_L10284	calnexin							N
EOS01405	1_M23254	calpain; large polypeptide L2							N
EOS24693	D_RC_R39610_s	calpain; large polypeptide L2							N
EOS34311	1_U56637	capping protein (actin filament) muscle Z-line; alpha							N
EOS24656	D_RC_R15740	carbohydrate (chondroitin 6Sulfate) sulfotransferase							N
EOS25539	N_134_2	carbohydrate (chondroitin 6Sulfate) sulfotransferase							N
EOS32646	B_RC_T35289	casein kinase 1; alpha 1							N
EOS01943	1_U03100	catenin (cadherin-associated protein); alpha 1 (102kD)							N
EOS03277	1_X87838	catenin (cadherin-associated protein); beta 1 (98kD)							N
EOS00780	1_HG417-HT417	Cathepsin B							N
EOS34488	1_S53911	CD34							N
EOS01723	1_M84349	CD59 antigen p18-20 (antigen identified by monoclonal antibody)							N
EOS34423	1_X15183	CDW52 antigen (CAMPATH-1 antigen)							N
EOS01027	1_L06797	chemokine (C-X-C motif); receptor 4 (fusin)							N
EOS00548	1_HG2614-HT2710	Collagen, Type VII, Alpha 1							N
EOS01426	1_M26576_cds2	collagen; type IV; alpha 1							N
EOS01766	1_M92934	connective tissue growth factor							N
EOS29428	D_RC_AA449789_f	connective tissue growth factor							N
EOS03010	1_X59798	cyclin D1 (PRAD1; parathyroid adenomatosis 1)							N

(表2の続き)

EOS33328	1_X02612	cytochrome P450, subfamily I (aromatic compound-1 Y	Y	Type Ib (Nex)	Y	Type Ib (Nex)	Y	Type Ib (Nex)	Y
EOS24269	D_RC_H99093	DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/Hfs) box polypeptide (72kD)	N		N		N		N
EOS02890	1_X15729	DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/Hfs) box polypeptide 5 (N		Y	Type II (Ncyt)	Y	Type II (Ncyt)	Y
EOS01896	1_S81914	DIFFERENTIATION-DEPENDENT GENE 2	N		N		Y	Type Ia	Y
EOS33581	1_U97105	dihydropyrimidinase-like 2	N		Y		Y	Type Ia	Y
EOS34133	1_M60278	diphtheria toxin receptor (heparin-binding epidermal	Y		N		N		N
EOS34269	A_RC_AA478971_s	disabled (Drosophila) homolog 2 (mitogen-responsiv	N		N		N		N
EOS29195	1_X68277	dual specificity phosphatase 1	N		N		N		N
EOS32233	C_RC_AA620962	dynein; cytoplasmic; light intermediate polypeptide 2 Y	N		N		N		N
EOS02230	1_U32944	dynein; cytoplasmic; light polypeptide	N		N		N		N
EOS02941	1_X52541	early growth response 1	N		N		N		N
EOS01954	1_U03677	EGF-containing fibulin-like extracellular matrix protein N	Y		Y	Type II (Ncyt)	Y	Type II (Ncyt)	Y
EOS31010	1_J05008	endothelin 1	Y		N		N		N
EOS28572	1_L35240 A_L3524	enigma (LIM domain protein)	N		N		N		N
EOS01563	1_M57730	ephrin-A1	Y		Y	Type Ib (Nex)	Y	Type Ib (Nex)	Y
EOS03897	A_AA303711	ephrin-B1	Y		Y	Type Ia	Y	Type Ia	Y
EOS21285	D_RC_AA404418	EST	N		N		N		N
EOS04377	A_L44538	ESTs	N		N		N		N
EOS04694	A_RC_AA025351	ESTs	N		N		N		N
EOS04713	A_RC_AA027050	ESTs	Y		Y	Type Ib (Nex)	Y	Type Ib (Nex)	Y
EOS04728	A_RC_AA029462	ESTs	N		N		N		N
EOS04795	A_RC_AA045136	ESTs	N		N		N		N
EOS04807	A_RC_AA047437	ESTs	N		N		N		N
EOS05108	A_RC_AA187490	ESTs	N		N		N		N
EOS05145	A_RC_AA205724	ESTs	N		N		N		N
EOS05193	A_RC_AA227926	ESTs	N		N		N		N
EOS05201	A_RC_AA227986	ESTs	N		N		N		N
EOS05260	A_RC_AA234743	ESTs	N		N		N		N
EOS05391	A_RC_AA253218	ESTs	N		N		N		N
EOS05423	A_RC_AA259268	ESTs	N		N		N		N
EOS05697	A_RC_AA346551	ESTs	N		N		N		N
EOS05812	A_RC_AA400292	ESTs	N		N		N		N
EOS05866	A_RC_AA404338	ESTs	N		N		N		N
EOS06054	A_RC_AA423987	ESTs	N		N		N		N
EOS06152	A_RC_AA428594	ESTs	N		N		N		N

(表2の続き)

EOS06171	A_RC_AA430108	ESTs	N	N	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS06193	A_RC_AA431462	ESTs	N	N	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS06654	A_RC_AA465226	ESTs	N	N	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS06723	A_RC_AA478778	ESTs	N	N	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS06728	A_RC_AA479037	ESTs	Y	N	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS06891	A_RC_AA504110	ESTs	N	N	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS06960	A_RC_AA599434	ESTs	N	Y	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS07016	A_RC_AA509519	ESTs	N	N	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS08437	B_RC_AA083514	ESTs	N	Y	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS08625	B_RC_AA121315	ESTs	Y	N	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS08861	B_RC_AA147186	ESTs	N	N	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS08931	B_RC_AA156125	ESTs	N	N	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS09125	B_RC_AA188932	ESTs	N	N	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS09320	B_RC_AA219653	ESTs	N	N	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS09386	B_RC_AA232845	ESTs	N	N	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS09667	B_RC_F10078	ESTs	N	N	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS10341	B_RC_H48032	ESTs	N	N	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS10590	B_RC_H82117	ESTs	N	N	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS10836	B_RC_N39584	ESTs	N	N	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS11021	B_RC_N59858	ESTs	N	N	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS11286	B_RC_N90933	ESTs	Y	N	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS11671	B_RC_R26124	ESTs	N	N	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS11899	B_RC_R27957	ESTs	N	N	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS13420	B_RC_T88700	ESTs	N	N	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS13472	B_RC_T90527	ESTs	N	N	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS13733	B_RC_W42789	ESTs	N	N	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS13840	B_RC_W78175	ESTs	N	N	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS13877	B_RC_W84768	ESTs	N	N	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS14991	C_RC_AA253217	ESTs	N	Y	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS15749	C_RC_AA426573	ESTs	N	N	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS15800	C_RC_AA432374	ESTs	N	N	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS15894	C_RC_AA446622	ESTs	N	N	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS16158	C_RC_AA478771	ESTs	N	N	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS16194	C_RC_AA462594	ESTs	N	N	N	Type II (Ncyt Y	N
EOS16244	C_RC_AA450588	ESTs	N	N	N	Type II (Ncyt Y	N

(表2の続(4))

Accession	Sequence	ESTs	Similarity	Type IIIa (Nc YType IIIa (Ncyl Cexo))	Type Ib (Nex YType Ib (Nexo Ccyl))
EOS32919	A_AA480074	ESTs	N	N	N
EOS33001	B_RC_T99789	ESTs	N	N	N
EOS33079	B_RC_T16484_s	ESTs	N	N	N
EOS33091	A_RC_AA253193	ESTs	Y	N	N
EOS33130	A_RC_AA432248 D	ESTs	N	N	N
EOS33279	A_N75791_s A_RC	ESTs	N	N	N
EOS33440	B_RC_AA227913 C	ESTs	N	N	N
EOS33819	A_AA099391_s B_	ESTs	N	N	N
EOS34229	A_RC_AA487658 A	ESTs	N	N	N
EOS34992	A_AA174183_s	ESTs	N	N	N
EOS35003	A_AA452000 C_RC	ESTs	N	N	N
EOS35100	A_RC_AA282140 A	ESTs	N	N	N
EOS31845	A_AA316186 A_RC	ESTs; Highly similar to (define not available 426213 N	N	N	N
EOS29549	A_RC_AA610116_j	ESTs; Highly similar to (define not available 432518 N	Y	N	N
EOS31021	A_T35341_s	ESTs; Highly similar to (define not available 451988 N	N	N	N
EOS06772	A_RC_AA482597	ESTs; Highly similar to (define not available 470473 N	N	N	N
EOS06384	A_RC_AA449479	ESTs; Highly similar to (define not available 510678 Y	N	N	N
EOS06798	A_RC_AA487561	ESTs; Highly similar to RAS-RELATED PROTEIN R N	N	N	N
EOS06904	A_RC_AA520989	ESTs; Highly similar to SERINE/THREONINE PRO N	N	N	N
EOS28445	A_RC_AA149044	ESTs; Highly similar to the KIAA0195 gene is expre Y	N	N	N
EOS12881	B_RC_T16550	ESTs; Highly similar to vacuolar protein sorting hom N	N	N	N
EOS11308	B_RC_N93764	ESTs; Moderately similar to !!!!! ALU CLASS C WAR Y	N	N	N
EOS21765	D_RC_AA425435	ESTs; Moderately similar to !!!!! ALU SUBFAMILY J N	Y	N	N
EOS19796	C_RC_W80814	ESTs; Moderately similar to !!!!! ALU SUBFAMILY S N	N	N	N
EOS04892	A_RC_AA071089	ESTs; Moderately similar to !!!!! ALU SUBFAMILY S Y	N	N	N
EOS17210	C_RC_N22107	ESTs; Moderately similar to !!!!! ALU SUBFAMILY S N	N	N	N
EOS22507	D_RC_AA452860	ESTs; Moderately similar to !!!!! ALU SUBFAMILY S N	N	N	N
EOS05657	A_RC_AA292379	ESTs; Moderately similar to !!!!! ALU SUBFAMILY S N	N	N	N
EOS23090	D_RC_AA486667	ESTs; Moderately similar to !!!!! ALU SUBFAMILY S Y	N	N	N
EOS06296	A_RC_AA443756	ESTs; Moderately similar to (define not available 41 N	N	N	N
EOS28553	A_D78676 D_RC_A	ESTs; Moderately similar to (define not available 45 N	N	N	N
EOS05524	A_RC_AA279397	ESTs; Moderately similar to fibronectin [H.sapiens] N	N	N	N
EOS12248	B_RC_R55470	ESTs; Moderately similar to K02E10.2 [C.elegans] N	N	N	N
EOS05126	A_RC_AA195031	ESTs; Moderately similar to PROBABLE G PROTEI N	N	N	N
EOS34919	A_AA236324 B_RC	ESTs; Weakly similar to !!!!! ALU CLASS A WARNIN Y	N	N	N

(表2の続(井))

EOS34999	C_RC_AA456311_s	ESTs; Weakly similar to !!! ALU CLASS A WARNIN Y	N	N	Type II (Ncyl YType II (Ncyl Cexo)
EOS32081	A_AA044755_s D_	ESTs; Weakly similar to !!! ALU SUBFAMILY SX W N	N	N	
EOS17106	C_RC_H98670	ESTs; Weakly similar to (define not available 48840 N	N	N	
EOS06194	A_RC_AA431470	ESTs; Weakly similar to CAMP-DEPENDENT PRO N	N	N	
EOS28844	A_AA232637	ESTs; Weakly similar to Human pre-mRNA cleavag Y	Y	Y	
EOS05662	A_RC_AA292717	ESTs; Weakly similar to JM2 [H.sapiens]	N	N	
EOS32117	A_RC_AA058911	ESTs; Weakly similar to membrane glycoprotein [M. N	Y	Y	Type II (Ncyl YType II (Ncyl Cexo)
EOS13977	B_RC_W94427	ESTs; Weakly similar to Na,K-ATPase gamma subu Y	Y	Y	Type Ia
EOS12987	B_RC_T26674	ESTs; Weakly similar to neuronal thread protein AD N	N	N	
EOS23416	D_RC_AA599674	ESTs; Weakly similar to ORF [D.melanogaster]	N	N	
EOS32540	A_RC_AA443114	ESTs; Weakly similar to PIM-1 PROTO-ONCOGEN N	N	N	
EOS05043	A_RC_AA158450	ESTs; Weakly similar to Similar to Rat trg gene prod N	N	N	
EOS06820	A_RC_AA489245	ESTs; Weakly similar to sperm specific protein [H.sapiens]	N	N	
EOS31839	D_RC_W69127_s	ESTs; Weakly similar to zinc finger protein ZNF191 [N	N	N	
EOS03125	1_X70940	eukaryotic translation elongation factor 1 alpha 2 N	N	N	
EOS02623	1_U73824	eukaryotic translation initiation factor 4 gamma; 2 N	N	N	
EOS01787	1_M94856	fatty acid binding protein 5 (psoriasis-associated) N	N	N	
EOS26383	1_X02761	fibronectin 1 N	N	N	
EOS00606	1_HG3044-HT3742	Fibronectin, Alt. Splice 1			Type II (Ncyl YType II (Ncyl Cexo)
EOS02950	1_X53416	filamin A; alpha (actin-binding protein-280) N	Y	Y	
EOS01612	1_M62994	filamin B; beta (actin-binding protein-276) N	N	N	
EOS01247	1_L42176	four and a half LIM domains 2 N	N	N	
EOS33732	1_L16862 A_RC_A	G protein-coupled receptor kinase 6 N	N	N	
EOS33447	1_X52947	gap junction protein; alpha 1; 43kD (connexin 43) N	Y	Y	Type IIIa (Nc YType IIIa (Ncyl Cexo)
EOS02812	1_X04412	geisolin (amyloidosis; Finnish type) N	N	N	
EOS02959	1_X54489_ma1	GRO1 oncogene (melanoma growth stimulating acti N	Y	Y	Type II (Ncyl YType II (Ncyl Cexo)
EOS01564	1_M57731	GRO2 oncogene N	Y	Y	Type II (Ncyl YType II (Ncyl Cexo)
EOS02213	1_U31384	guanine nucleotide binding protein 11 N	N	N	
EOS33321	1_X57579 C_RC_N	H.sapiens actin beta-A subunit (exon 2) Y	N	N	
EOS33408	A_X83703 D_RC_A	H.sapiens mRNA for cytokine inducible nuclear prot N	N	N	
EOS25234	D_RC_Z39833	H.sapiens mRNA for Rho6 protein N	N	N	
EOS33601	D_RC_T25747_s	H.sapiens OZF mRNA	N	N	
EOS03362	1_X97748	H.sapiens PTX3 gene promoter region			
EOS03068	1_X65965	H.sapiens SOD-2 gene for manganese superoxide dismutase			
EOS32288	1_X60486	H4 histone family, member G N	N	N	

(表2の続き)

EOS00588	1_HG2855-HT2995	Heat Shock Protein, 70 Kda (Cb:Y00371)	N	N	N	Type II (Ncyt YType II (Ncyt Cexo)
EOS35001	1_L08069	heat shock protein; DNAJ-like 2	N	N	N	Type II (Ncyt YType II (Ncyt Cexo)
EOS02837	1_X06985	heme oxygenase (decycling) 1	N	Y	N	Type II (Ncyt YType II (Ncyt Cexo)
EOS01674	1_M75126	hexokinase 1	N	N	N	Type II (Ncyt YType II (Ncyt Cexo)
EOS01487	1_M31994	Homo sapiens clone 23675 mRNA; complete cds	N	Y	N	Type II (Ncyt YType II (Ncyt Cexo)
EOS32770	A_N23817 A_RC_A	Homo sapiens aldehyde dehydrogenase (ALDH1) gene, exon 13 and complete cds	N	Y	N	Type II (Ncyt YType II (Ncyt Cexo)
EOS33421	1_L40395 A_L4039	Homo sapiens clone 23689 mRNA; complete cds	N	N	N	Type II (Ncyt YType II (Ncyt Cexo)
EOS06991	A_RC_AA608649	Homo sapiens clone 23742 mRNA; partial cds	Y	Y	N	Type II (Ncyt YType II (Ncyt Cexo)
EOS02519	1_U62015	Homo sapiens Cyrf61 mRNA, complete cds	Y	N	N	Type II (Ncyt YType II (Ncyt Cexo)
EOS00044	1_D00596	Homo sapiens gene for thymidylate synthase; exons N	N	N	N	Type II (Ncyt YType II (Ncyt Cexo)
EOS33755	1_U44975	Homo sapiens Kruppel-like zinc finger protein Zf9 m N	N	N	N	Type II (Ncyt YType II (Ncyt Cexo)
EOS34982	B_RC_AA148923	Homo sapiens mRNA for DEFP (decidual protein in N	N	N	N	Type II (Ncyt YType II (Ncyt Cexo)
EOS29692	A_RC_AA460273 A	Homo sapiens mRNA for KIAA0517 protein; partial c N	N	N	N	Type II (Ncyt YType II (Ncyt Cexo)
EOS30708	A_R79358	Homo sapiens mRNA for KIAA0544 protein; partial c N	N	N	N	Type II (Ncyt YType II (Ncyt Cexo)
EOS30932	A_RC_AA121543 D	Homo sapiens mRNA for KIAA0758 protein; partial c Y	N	N	N	Type II (Ncyt YType II (Ncyt Cexo)
EOS31137	B_RC_W74593 D_	Homo sapiens mRNA for KIAA0786 protein; partial c Y	N	N	N	Type II (Ncyt YType II (Ncyt Cexo)
EOS32898	A_N77151 C_RC_A	Homo sapiens mRNA for KIAA0799 protein; partial c N	N	N	N	Type II (Ncyt YType II (Ncyt Cexo)
EOS00335	1_D88425	Homo sapiens mRNA for nidogen-2	Y	N	N	Type II (Ncyt YType II (Ncyt Cexo)
EOS10948	B_RC_N54087	Homo sapiens mRNA for NIK; partial cds	N	N	N	Type II (Ncyt YType II (Ncyt Cexo)
EOS07915	B_RC_AA035638	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp564F053 (from Y	Y	N	N	Type II (Ncyt YType II (Ncyt Cexo)
EOS25528	N_132515_1	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp564F053 (from Y	Y	N	N	Type II (Ncyt YType II (Ncyt Cexo)
EOS29557	A_RC_AA238308	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp564F053 (from Y	Y	N	N	Type II (Ncyt YType II (Ncyt Cexo)
EOS02390	1_U48959	Homo sapiens myosin light chain kinase (MLCK) m N	N	N	N	Type II (Ncyt YType II (Ncyt Cexo)
EOS34333	1_M61199	Human cleavage signal 1 protein mRNA; complete c N	N	N	N	Type II (Ncyt YType II (Ncyt Cexo)
EOS02617	1_U73379	Human cyclin-selective ubiquitin carrier protein mRN N	N	N	N	Type II (Ncyt YType II (Ncyt Cexo)
EOS34005	1_U28611	Human cysteine-rich fibroblast growth factor recepto N	N	N	N	Type II (Ncyt YType II (Ncyt Cexo)
EOS01098	1_L15388	Human G protein-coupled receptor kinase (GRK5) N	N	N	N	Type II (Ncyt YType II (Ncyt Cexo)
EOS01266	1_L49169	Human GOS3 mRNA; complete cds	N	N	N	Type II (Ncyt YType II (Ncyt Cexo)
EOS02530	1_U63825	Human hepatitis delta antigen interacting protein A (N	N	N	N	Type II (Ncyt YType II (Ncyt Cexo)
EOS33482	1_M60721	Human homeobox gene, complete cds	Y	N	N	Type II (Ncyt YType II (Ncyt Cexo)
EOS07146	A_RC_D51069_f	Human isolate JuSo MUC18 glycoprotein mRNA (3' variant); complete cds	Y	Y	N	Type IIIa (Nc YType IIIa (Ncyt Cexo)
EOS01122	1_L20859	Human leukemia virus receptor 1 (GLVR1) mRNA; c N	N	N	N	Type IIIa (Nc YType IIIa (Ncyt Cexo)
EOS02575	1_U67963	Human lysophospholipase homolog (HU-LK3) mRNA; N	N	Y	N	Type IIIa (Nc YType IIIa (Ncyt Cexo)
EOS02325	1_U41767	Human metagidin precursor mRNA, complete cds	Y	Y	N	Type IIIa (Nc YType IIIa (Ncyt Cexo)
EOS33547	A_RC_AA148318_s	Human mRNA for KIAA0069 gene; partial cds	N	Y	N	Type IIIa (Nc YType IIIa (Ncyt Cexo)

(表2の続(井)

EOS00073	1_D13640	major histocompatibility complex; class I; C	N	N	Type Ia	YType Ia
EOS33652	1_X53331	matrix Glia protein	N	N		
EOS02966	1_X54925	matrix metalloproteinase 1 (interstitial collagenase)	Y	N		
EOS02845	1_X07820	matrix metalloproteinase 10 (stromelysin 2)	Y	N		
EOS29948	B_RC_T68673_J	metallothionein 1L	N	N		
EOS02639	1_U77604	microsomal glutathione S-transferase 2	Y	Y	Type Ia	YType Ia
EOS00758	1_HG4069-HT4339	Monocyte Chemoattractant Protein 1	Y	Y	Type Ib (Nex)	YType Ib (Nexo Ccyt)
EOS01040	1_L09246	myeloid cell leukemia sequence 1 (BCL2-related)	Y	N		
EOS29275	A_AA292440_s_D_	myeloid differentiation primary response	N	N		
EOS02051	1_U14391	myosin IC	N	N		
EOS35126	1_J02854	myosin regulatory light chain 2, smooth muscle isofo	N	N		
EOS24294	D_RC_N23031	myosin; heavy polypeptide 7; cardiac muscle; beta	N	N		
EOS34094	D_RC_C14407_f_D_	neuronal tissue-enriched acidic protein	N	N		
EOS01989	1_U09021	nicotinamide N-methyltransferase	N	N		
EOS00385	1_D87953	N-myc downstream regulated	N	N		
EOS01650	1_M69043	nuclear factor of kappa light polypeptide gene enhan	N	N		
EOS01597	1_M60858_ma1	nucleolin	N	N		
EOS05422	A_RC_AA256210	oncomodulin	N	N		
EOS30077	1_D63476	PAK-interacting exchange factor beta	N	N		
EOS01473	1_M31166	pentaxin-related gene; rapidly induced by IL-1 beta	Y	Y	Type IIIa (clv)	YType IIIa (clv)
EOS00060	1_D11428	peripheral myelin protein 22	Y	Y	Type Ib (Nex)	YType Ib (Nexo Ccyt)
EOS04824	A_RC_AA054087	phospholipase A2; group IVC (cytosolic; calcium-ind	N	N		
EOS35278	A_AA442054_s	phospholipase C; gamma 1 (formerly subtype 148)	Y	N		
EOS33907	1_L19314	phosphorylase kinase; beta	N	N		
EOS30483	A_RC_AA430032	pituitary tumor-transforming 1	N	N		
EOS00921	1_J03764	plasminogen activator inhibitor; type 1	N	N		
EOS13777	B_RC_W60002_s	plastin 3 (T isoform)	N	N		
EOS07315	A_U97519	podocalyxin-like	N	N		
EOS05961	A_RC_AA412284_s	pofovirus receptor	Y	N	Type IIIa (Nc)	YType IIIa (Ncyl Cexo)
EOS01522	1_M36429	postmeiotic segregation increased 2-like 12	N	N		
EOS32094	1_U84573	procollagen-lysine; 2-oxoglutarate 5-dioxygenase (y	N	N		
EOS07374	A_W28391	proliferation-associated 2G4; 38kD	N	N		
EOS01086	1_L13977	prolylcarboxypeptidase (angiotensinase C)	Y	N		
EOS34913	1_D28235_1_U0463	prostaglandin-endoperoxide synthase 2 (prostagland	Y	N		
EOS01770	1_M93056	protease inhibitor 2 (anti-elastase); monocyte/neutro	N	Y	Type Ib (Nex)	YType Ib (Nexo r

(表2の続き)

EOS00073	1_D13640	major histocompatibility complex; class I; C	N	N	N
EOS33852	1_X53331	matrix Gla protein	Y	N	N
EOS02968	1_X54925	matrix metalloproteinase 1 (interstitial collagenase)	Y	N	N
EOS02845	1_X07820	matrix metalloproteinase 10 (stromelysin 2)	Y	N	N
EOS29948	B_RC_T68873_f	metallothionein 1L	N	N	YType Ia
EOS02639	1_U77604	mitochondrial glutathione S-transferase 2	Y	Y	Type Ia
EOS00758	1_HG4069-HT4339	Monocyte Chemoattractant Protein 1	Y	Y	Type Ib (Nex) YType Ib (Nexo) Ccyt
EOS01040	1_U08246	myeloid cell leukemia sequence 1 (BCL2-related)	Y	N	N
EOS29275	A_AA292440_s_D_	myeloid differentiation primary response	N	N	N
EOS02051	1_U14391	myosin IC	N	N	N
EOS35126	1_U02854	myosin regulatory light chain 2; smooth muscle isofo	N	N	N
EOS24294	D_RC_N23031	myosin; heavy polypeptide 7; cardiac muscle; beta	N	N	N
EOS34094	D_RC_C14407_f_D_	neuronal tissue-enriched acidic protein	N	N	N
EOS01989	1_U08021	nicotinamide N-methyltransferase	N	N	N
EOS00385	1_D87953	N-myc downstream regulated	N	N	N
EOS01650	1_M69043	nuclear factor of kappa light polypeptide gene enhan	N	N	N
EOS01597	1_M60858_ma1	nucleolin	N	N	N
EOS05422	A_RC_AA256210	oncomodulin	N	N	N
EOS30077	1_D63476	PAK-interacting exchange factor beta	N	N	N
EOS01473	1_M31166	pentaxin-related gene; rapidly induced by IL-1 beta	Y	N	N
EOS00060	1_D11428	peripheral myelin protein 22	Y	Y	Type IIIa (civ) YType IIIa (civ)
EOS04824	A_RC_AA054067	phospholipase A2; group IVC (cytosolic; calcium-ind	N	Y	Type Ib (Nex) YType Ib (Nexo) Ccyt
EOS35278	A_AA442054_s	phospholipase C; gamma 1 (formerly subtype 148)	Y	N	N
EOS33907	1_L19314	phosphorylase kinase; beta	N	N	N
EOS30483	A_RC_AA430032	pituitary tumor-transforming 1	N	N	N
EOS00921	1_U03764	plasminogen activator inhibitor; type 1	N	N	N
EOS13777	B_RC_W60002_s	plastin 3 (T isoform)	N	N	N
EOS07315	A_U97519	podocalyxin-like	N	Y	Type IIIa (Nc) YType IIIa (Nc) Ccxo
EOS05961	A_RC_AA412284_s	poliovirus receptor	Y	N	N
EOS01522	1_M36429	postmeiotic segregation increased 2-like 12	N	N	N
EOS32094	1_U84573	procollagen-lysine, 2-oxoglutarate 5-dioxygenase (y	N	N	N
EOS07374	A_W28381	proliferation-associated 254; 38KD	N	N	N
EOS01086	1_L13977	prolylcarboxypeptidase (angiotensinase C)	Y	N	N
EOS34913	1_D28235_1_U0463	prostaglandin-endoperoxide synthase 2 (prostagland	Y	N	N
EOS01770	1_M93058	protease inhibitor 2 (anti-elastase); monocyte/neutro	N	Y	Type Ib (Nex) YType Ib (Nexo) Ccyt

(表2の続#)

EOS01861	1_S76965	Protein Kinase Inhibitor [human; neuroblastoma cell line]	N	N	Type Ib (Nex)	N
EOS03401	1_Y00815	protein tyrosine phosphatase; receptor type; F	N	N	Type Ib (Nex)	N
EOS34011	1_L177886	protein tyrosine phosphatase; receptor type; K	Y	Y	Type Ib (Nex)	Y
EOS00138	1_D26129	ribonuclease; RNase A family; 1 (pancreatic)	Y	Y	Type Ib (Nex)	Y
EOS30425	D_RC_AA243278_J	ribosomal protein; mitochondrial; L12	N	N	Type Ia	N
EOS29398	1_J03040	secreted protein; acidic; cysteine-rich (osteonectin)	Y	N	Type Ia	N
EOS01415	1_M24736	selectin E (endothelial adhesion molecule 1)	Y	Y	Type Ia	N
EOS01942	1_U03057	singed (Drosophila)-like (sea urchin fascin homolog 1)	N	N	Type Ia	N
EOS00549	1_HG2639-HT2735	Single-Stranded Dna-Binding Protein Mssp-1	N	N	Type Ia	N
EOS32244	A_AA285290	small EDRK-rich factor 2	N	N	Type Ia	N
EOS30770	1_Z49289	small inducible cytokine subfamily A (Cys-Cys); me	Y	Y	Type Ia	N
EOS28510	1_U82108	solute carrier family 9 (sodium/hydrogen exchanger)	N	N	Type Ia	N
EOS34168	C_RC_R81509_s	splicing factor; arginine/serine-rich 11	N	N	Type Ia	N
EOS31249	1_U25997	stanniocalcin	N	N	Type Ia	N
EOS33150	1_X82200	stimulated trans-acting factor (50 kDa)	N	Y	Type Ia	N
EOS33384	A_AA090257 D_RC	superoxide dismutase 2; mitochondrial	N	N	Type Ia	N
EOS03301	1_X91247	thioredoxin reductase 1	N	N	Type Ia	N
EOS09154	1_D28476	thyroid hormone receptor interactor 12	N	N	Type Ia	N
EOS33468	1_L14837	tight junction protein 1 (zona occludens 1)	N	N	Type Ia	N
EOS33905	1_D29992 1_L2762	tissue factor pathway inhibitor 2	Y	N	Type Ia	N
EOS33008	B_RC_W84341	tissue inhibitor of metalloproteinase 2	N	N	Type Ia	N
EOS01671	1_M74719	transcription factor 4	N	N	Type Ia	N
EOS34273	1_D50683	transforming growth factor; beta receptor II (70-80kD)	N	Y	Type Ia	N
EOS01794	1_M95787	transgelin	N	N	Type Ia	N
EOS01072	1_L12711	transketolase (Wernicke-Korsakoff syndrome)	N	N	Type Ia	N
EOS31789	1_M90657	transmembrane 4 superfamily member 1	Y	Y	Type Ia	N
EOS33890	1_M19267 1_Z2472	tropomyosin 1 (alpha)	N	N	Type Ia	N
EOS33811	1_D78577	tyrosine 3-monooxygenase/tyroptophan 5-monoxygenase	N	N	Type Ia	N
EOS03025	1_X60957	tyrosine kinase with immunoglobulin and epidermal	Y	N	Type Ia	N
EOS33680	1_S73591 D_RC_N	upregulated by 1,25-dihydroxyvitamin D-3	N	N	Type Ia	N
EOS29118	1_M30257 A_M732	vascular cell adhesion molecule 1	Y	Y	Type Ia	N
EOS31258	1_V01512_ma1	v-fos FBJ murine osteosarcoma viral oncogene hom	N	N	Type Ia	N
EOS33190	A_AA083572 A_RC	v-ral simian leukemia viral oncogene homolog A (ras N	N	N	Type Ia	N
EOS01330	1_M15990	v-yes-1 Yamaguchi sarcoma viral oncogene homolo	N	N	Type Ia	N
EOS13125	B_RC_T57112	yc20g11.a.1 Stratagene lung (#9337210) Homo sape	N	N	Type Ia	N

(表 2 の 続 け)

EOS16289	AA496257	ESTs; Weakly similar to (define not available 35133	N	N	
EOS26441	A1024874	ESTs; Weakly similar to (define not available 38822	N	N	
EOS16360	AA609717	ESTs; Weakly similar to MICROTUBULE-ASSOCIA	N	N	
EOS05306	AA236559	ESTs; Weakly similar to neuronal thread protein AD	N	N	
EOS25033	T95333	ESTs; Weakly similar to Strabismus [D.melanogaste	Y	Y	Type II (Ncyl YType II (Ncyl Cexo)
EOS01787	M94856	fatty acid binding protein 5 (psoriasis-associated)	N	N	N
EOS33537	M34539	FK506-binding protein 1A (12kD)	N	N	N
EOS33447	X52947	gap junction protein; alpha 1; 43kD (connexin 43)	Y	Y	Type IIIa (Nc YType IIIa (Ncyl Cexo)
EOS33557	U09567	glycyl-tRNA synthetase	Y	N	N
EOS02213	U31384	guanine nucleotide binding protein 11	N	N	N
EOS00414	HC1103-HT1103	Guanine Nucleotide-Binding Protein Ral, Ras-Oncogene Related	N	N	N
EOS04904	AA085018	H.sapiens HUNK1 mRNA	N	N	N
EOS03115	X69910	H.sapiens p63 mRNA for transmembrane protein	N	N	N
EOS32288	X60486	H4 histone family; member G	N	N	N
EOS03088	X67235	hematopoietically expressed homeobox	Y	N	N
EOS10936	N53375	Homer; neuronal immediate early gene; 3	N	N	N
EOS33421	L40395	Homo sapiens clone 23689 mRNA; complete cds	N	N	N
EOS28976	AA195678	Homo sapiens mRNA for KIAA0465 protein; partial c N	N	N	N
EOS32898	N77151	Homo sapiens mRNA for KIAA0799 protein; partial c N	N	N	N
EOS06353	AA448238	Homo sapiens mRNA for KIAA0915 protein; complet N	N	N	N
EOS00335	D86425	Homo sapiens mRNA for nidogen-2	Y	N	N
EOS10548	N54067	Homo sapiens mRNA for NIK; partial cds	N	N	N
EOS30902	AA370302	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp588I1518 (from Y	N	N	N
EOS04522	R81003	Homo sapiens serine protease mRNA; complete cds Y	N	N	N
EOS01377	M21305	Human alpha satellite and satellite 3 junction DNA sequence	N	N	N
EOS01098	L15388	Human G protein-coupled receptor kinase (GRK5)	N	N	N
EOS33621	M85289	Human heparan sulfate proteoglycan (HSPG2) mRN Y	N	N	N
EOS07146	D51069	Human isolate JuSo MUC18 glycoprotein mRNA (3' variant); complete cds	N	N	N
EOS34018	D43636	Human mRNA for KIAA0096 gene; partial cds	N	N	N
EOS00350	D86983	Human mRNA for KIAA0230 gene; partial cds	Y	N	N
EOS32617	AB002301	Human mRNA for KIAA0303 gene; partial cds	N	N	N
EOS02817	X04729	Human mRNA for plasminogen activator inhibitor typ N	N	N	N
EOS34346	M28882	Human MUC18 glycoprotein mRNA, complete cds	Y	Y	Type Ia
EOS01644	M68874	Human phosphatidylcholine 2-acetylhydrolase (cPLA2	N	N	N
EOS02171	U27109	Human preprothrombin mRNA; complete cds	Y	N	N

(表2の続き)

EOS29301	M10321	Human von Willebrand factor mRNA, 3' end	Y	N	N	N
EOS00648	HG3342-HT3519	Id1	N	N	N	N
EOS34091	U97188	IGF-II mRNA-binding protein 3	N	N	N	N
EOS02828	X06256	integrin, alpha 5 (fibronectin receptor, alpha polypep	N	N	N	N
EOS01490	M32334	intercellular adhesion molecule 2	Y	Y	Type Ia	Y Type Ia
EOS33077	D12763	interleukin 1 receptor-like 1	Y	N	N	N
EOS02593	U70322	karyopherin (importin) beta 2	N	N	N	N
EOS32386	AA114250	KIAA0512 gene product	Y	N	N	N
EOS02689	U81607	kinase scaffold protein gravin	N	N	N	N
EOS33969	S78569	laminin, alpha 4	Y	N	N	N
EOS01604	M61916	laminin, beta 1	Y	N	N	N
EOS32420	F13782	LIM binding domain 2	N	N	N	N
EOS29814	A4288710	lymphocyte adaptor protein	N	N	N	N
EOS02734	U89942	lysyl oxidase-like 2	Y	N	N	N
EOS02484	U59423	MAD (mothers against decapentaplegic; Drosophila)	N	N	N	N
EOS32666	U68019	MAD (mothers against decapentaplegic; Drosophila)	N	N	N	N
EOS02966	X54925	matrix metalloproteinase 1 (interstitial collagenase)	Y	N	N	N
EOS02845	X07820	matrix metalloproteinase 10 (stromelysin 2)	Y	N	N	N
EOS32943	AA132969	metalloproteinase 1 (pitrilysin family)	N	N	N	N
EOS33626	D10522	myristoylated alanine-rich protein kinase C substrate N	N	N	N	N
EOS31067	U85193	nuclear factor I/B	N	N	N	N
EOS01473	M31166	pentaxin-related gene; rapidly induced by IL-1 beta	Y	N	N	N
EOS01124	L20971	phosphodiesterase 4B; cAMP-specific (dunce (Dros	N	Y	Type Ib (Nex) Y Type Ib (Nexo Ccyl)	Type Ib (Nex) Y Type Ib (Nexo Ccyl)
EOS04824	AA054087	phospholipase A2; group IVC (cytosolic; calcium-ind	N	Y	Type Ib (Nex) Y Type Ib (Nexo Ccyl)	Type Ib (Nex) Y Type Ib (Nexo Ccyl)
EOS32013	Y07867	pirin	N	N	N	N
EOS02967	X54936	placental growth factor; vascular endothelial growth f	Y	N	N	N
EOS00921	J03764	plasminogen activator inhibitor, type I	N	N	N	N
EOS01480	M31551	plasminogen activator inhibitor, type II (arginine-serp	N	N	N	N
EOS33915	L34657	platelet/endothelial cell adhesion molecule (CD31 an	Y	Y	Type Ia	Y Type Ia
EOS07315	U97519	podocalyxin-like II	N	Y	Type IIIa (Nc) Y Type IIIa (Ncyl Ccex)	Type IIIa (Nc) Y Type IIIa (Ncyl Ccex)
EOS05961	AA412284	poliovirus receptor	Y	N	N	N
EOS32094	U84573	procollagen-lysine, 2-oxoglutarate 5-dioxygenase (ly	N	N	N	N
EOS03096	X67951	proliferator-associated gene A (natural killer-enhanc	N	N	N	N
EOS32991	AB000684	prostate differentiation factor	Y	N	N	N
EOS02233	U33053	protein kinase C-like 1	N	N	N	N

表 3

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
D86425	Homo sapiens mRNA for nidogen-2	Hs.82733
D86983	Human mRNA for KIAA0230 gene; partial cds	Hs.118893
HG1098-HT1098	Cystatin D	
HG1103-HT1103	*Guanine Nucleotide-Binding Protein Rai, Ras-Oncogene	
HG3342-HT3519	Id1	
J03764	plasminogen activator inhibitor; type I	Hs.82085
L06797	chemokine (C-X-C motif); receptor 4 (fusin)	Hs.89414
L15388	*Human G protein-coupled receptor kinase (GRK5) mRNA,	Hs.211569
L20971	phosphodiesterase 4B; cAMP-specific (dunce (Drosophila)-homolog phosphodiesterase E4)	Hs.188
L35545	endothelial cell protein C/activated protein C receptor	Hs.82353
L76380	calcitonin receptor-like	Hs.152175
M21305	Human alpha satellite and satellite 3 junction DNA sequence	Hs.247946
M24736	selectin E (endothelial adhesion molecule 1)	Hs.89546
M31166	pentaxin-related gene; rapidly induced by IL-1 beta	Hs.2050
M31551	plasminogen activator inhibitor; type II (arginine-serpin)	Hs.75716
M32334	intercellular adhesion molecule 2	Hs.83733
M61916	faminin; beta 1	Hs.82124
M68874	*Human phosphatidylcholine 2-acylhydrolase (cPLA2) mRNA,	
M74719	transcription factor 4	Hs.75356
M92934	connective tissue growth factor	Hs.75511
M94856	fatty acid binding protein 5 (psoriasis-associated)	Hs.153179
U03057	single (Drosophila)-like (sea urchin fascin homolog like)	Hs.118400
U03877	EGF-containing fibulin-like extracellular matrix protein 1	Hs.76224
U18300	damage-specific DNA binding protein 2 (48kD)	Hs.77602
U27109	Human prepromultimerin mRNA; complete cds	Hs.32934
U31384	guanine nucleotide binding protein 11	Hs.83381
U33053	protein kinase C-like 1	Hs.2499
U59423	MAD (mothers against decapentaplegic; Drosophila) homolog 1	Hs.79067
U70322	karyopherin (importin) beta 2	Hs.168075
U81607	kinase scaffold protein gravin	Hs.788
U83463	syndecan binding protein (syntenin)	Hs.8180
U89942	lysyl oxidase-like 2	Hs.83354
X04729	Human mRNA for plasminogen activator inhibitor type 1	
X06256	integrin; alpha 5 (fibronectin receptor; alpha polypeptide)	Hs.149609
X07820	matrix metalloproteinase 10 (stromelysin 2)	Hs.2258
X54925	matrix metalloproteinase 1 (interstitial collagenase)	Hs.83169
X54936	placental growth factor; vascular endothelial growth factor-related	Hs.2894
X60957	tyrosine kinase with immunoglobulin and epidermal growth factor	Hs.78824
X67235	hematopoietically expressed homeobox	Hs.118651

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
X67951	proliferation-associated gene A (natural killer-enhancing factor A)	Hs.180909
X69910	H.sapiens p63 mRNA for transmembrana protein	Hs.74368
X79981	cadherin 5; VE-cadherin (vascular epithellum)	Hs.76206
Z18951	caveolin 1; caveolae protein; 22kD	Hs.247266
AA187101	"zp61b6.r1 Stratagene endothelial cell 937223 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:624659 5', mRNA sequence"	
N24990	ESTs	Hs.26418
R81003	Homo sapiens serine protease mRNA; complete cds	Hs.154737
AA025351	ESTs	Hs.134797
AA027168	ESTs	Hs.10031
AA040465	ESTs	Hs.8728
AA045136	ESTs	Hs.22575
AA054087	phospholipase A2; group IVC (cytosolic; calcium-independent)	Hs.18858
AA071089	ESTs; Moderately similar to !!!! ALU SUBFAMILY SC WARNING	Hs.187932
AA085918	H.sapiens HUNKI mRNA	Hs.247482
AA187490	ESTs	Hs.21941
AA227926	ESTs	Hs.6682
AA234743	ESTs	Hs.22120
AA236559	ESTs; Weakly similar to neuronal thread protein AD7c-NTP	Hs.8768
AA292694	ESTs	Hs.3807
AA398243	ESTs; Moderately similar to (define not available 3694664)	Hs.21806
AA406383	ESTs	Hs.30822
AA411465	ESTs	Hs.8619
AA412284	poliovirus receptor	Hs.171844
AA423987	ESTs	Hs.7567
AA425309	ESTs	Hs.33287
AA435896	ESTs	Hs.18397
AA448238	Homo sapiens mRNA for KIAA0915 protein; complete cds	Hs.18714
AA478778	ESTs	Hs.16450
AA621714	ESTs	Hs.25338
D51069	Human isolate JuSo MUC18 glycoprotein mRNA (3' variant);	Hs.211579
T34527	UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 1 (GalNAc-T1)	Hs.80120
U97519	podocalyxin-like	Hs.16426
AA127221	ESTs	Hs.71059
AA132983	ESTs; Moderately similar to C-1-TETRAHYDROFOLATE SYNTHASE; CYTOPLASMIC [H.sapiens]	Hs.44155
AA135606	ESTs; Weakly similar to !!!! ALU SUBFAMILY SB WARNING	Hs.189384
AA156125	ESTs	Hs.72116
AA179845	RAB6 interacting; kinesin-like (rabkinesin8)	Hs.73625
AA232645	ESTs	Hs.42699
F10399	ESTs	Hs.14763

(表 3 の 続 き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
H16772	ESTs	Hs.31444
N39584	ESTs	Hs.17404
N52006	UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 1 (GalNAc-T1)	Hs.80120
N53375	Homer, neuronal immediate early gene; 3	Hs.166146
N54067	Homo sapiens mRNA for NIK; partial cds	Hs.3628
N64436	ESTs	Hs.20813
R26892	ESTs	Hs.221434
T33637	ESTs	Hs.6841
T57112	*yc20g11.s1 Stratagene lung (#937210) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:81284 3', mRNA sequence."	
W80763	ESTs; Moderately similar to FK506-binding protein 65kD	Hs.3849
AA046808	ESTs; Highly similar to 40S RIBOSOMAL PROTEIN S27	Hs.108957
AA253217	ESTs	Hs.41271
AA255991	ESTs	Hs.175319
AA258138	ESTs	Hs.88297
AA426573	ESTs	Hs.41135
AA443793	ESTs	Hs.94761
AA490588	ESTs	Hs.43118
AA496257	ESTs; Weakly similar to (define not available 3513303)	Hs.72165
AA609717	ESTs; Weakly similar to MICROTUBULE-ASSOCIATED	Hs.66048
D59570	ESTs	Hs.17132
F13787	ESTs	Hs.58596
H88157	ESTs	Hs.41105
H98988	ESTs	Hs.42612
N34287	unc5 (C.elegans homolog) C	Hs.44553
N52090	EST	Hs.47420
N66845	ESTs; Weakly similar to !!!! ALU CLASS B WARNING ENTRY !!!!	Hs.165411
N68905	small inducible cytokine A5 (RANTES)	
R32894	ESTs	Hs.45514
R81715	ESTs	Hs.138237
R71234	*y154c08.s1 Soares placenta Nb2HP Homo sapiens cDNA clone IMAGE:143054 3' similar to gb M87908 HUMALNE32 Human carcinoma cell-derived Alu RNA transcript, (rRNA); gb:S41458 ROD CGMP-SPECIFIC 3',5'-CYCLIC PHOSPHODIESTERASE	
R98105	*yr30g11.s1 Soares fetal liver spleen 1NFLS Homo sapiens cDNA clone IMAGE:206852 3', mRNA sequence."	
T97186	small inducible cytokine A5 (RANTES)	
W80814	ESTs; Moderately similar to !!!! ALU SUBFAMILY SB WARNING	Hs.193700
AA404418	EST	Hs.144953
AA405747	ESTs; Moderately similar to HMG-box transcription factor	Hs.97865

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
AA488687	ESTs; Moderately similar to !!!! ALU SUBFAMILY SQ WARNING	Hs.190307
AA599143	ESTs; Moderately similar to !!!! ALU SUBFAMILY SQ WARNING	
AA608588	ESTs	Hs.193834
AA608751	ESTs; Moderately similar to !!!! ALU SUBFAMILY SC WARNING	Hs.244904
C13981	EST	Hs.210115
D60302	ESTs	Hs.108977
H94892	v-ral simlan leukemia viral oncogene homolog A (ras related)	Hs.6906
N93521	transcription factor 4	Hs.241362
N95477	ESTs	Hs.102943
R60044	ESTs; Weakly similar to !!!! ALU SUBFAMILY J WARNING	Hs.106706
R70506	ESTs; Moderately similar to transformation-related protein	Hs.107159
T91518	"ye20f05.s1 Stratagene lung (#937210) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:118305 3' similar to contains Alu repetitive element;contains MER12 repetitive element.; mRNA sequence."	
T95333	ESTs; Weakly similar to Strabismus [D.melanogaster]	Hs.122730
R45630	ESTs; Highly similar to KIAA0372 [H.sapiens]	Hs.170098
R20839	"yg05c07.r1 Soares infant brain 1NIB Homo sapiens cDNA clone IMAGE:31444 5', mRNA sequence."	
R23858	ESTs; Moderately similar to envelope protein [H.sapiens]	Hs.23986
AI024874	ESTs; Weakly similar to (define not available 3882257)	Hs.57958
W26247	U5 snRNP-specific protein (220 kD); ortholog of S. cerevisiae	Hs.6413
AA856990	ESTs	Hs.125058
AA136653	ESTs	
AA358869	ESTs; Highly similar to SEC13-RELATED PROTEIN [H.sapiens]	Hs.227949
AI123976	ESTs	Hs.105689
AI369384	arylsulfatase D	
AA379500	ESTs	Hs.193155
R49693	ESTs	Hs.107708
AA195678	Homo sapiens mRNA for KIAA0465 protein; partial cds	Hs.108258
M30257	vascular cell adhesion molecule 1	Hs.109225
AA028131	ESTs	Hs.110342
M10321	"Human von Willebrand factor mRNA, 3' end"	Hs.110802
J03040	secreted protein; acidic; cysteine-rich (osteonectin)	Hs.111779
M86933	amelogenin (Y chromosome)	Hs.1238
AA012933	tubulin-specific chaperone d	Hs.241687
AA286710	lymphocyte adaptor protein	Hs.13131
AA243278	ribosomal protein; mitochondrial; L12	Hs.109059
D59711	ESTs	Hs.237289
T94452	"ye36g7.s1 Stratagene lung (#93721) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:119858 3', mRNA sequence"	Hs.241207

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
AA053400	ESTs	Hs.241227
AA370302	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586l1518 (from clone	Hs.21739
J05008	endothelin 1	Hs.2271
U85193	nuclear factor I/B	Hs.33287
AA256153	ESTs	Hs.23912
X83107	BMX non-receptor tyrosine kinase	Hs.27372
AA046593	ESTs	Hs.28959
AA410480	ESTs	Hs.30089
D45304	ESTs	Hs.31595
M90657	transmembrane 4 superfamily member 1	Hs.3337
AA010163	upstream regulatory element binding protein 1	Hs.3383
AA136353	ESTs	Hs.38022
Y07867	pirin	Hs.38842
U84573	procollagen-lysine; 2-oxoglutarate 5-dioxygenase (lysine	Hs.41270
X60486	H4 histone family; member G	Hs.46423
AA132969	metalloprotease 1 (pitrilysin family)	Hs.4812
AA114250	KIAA0512 gene product	Hs.48924
F13782	LIM binding domain 2	Hs.4980
AA283035	ESTs; Weakly similar to IIII ALU SUBFAMILY J WARNING	Hs.54813
AB002301	Human mRNA for KIAA0303 gene; partial cds	Hs.54985
AA056731	Sjogren syndrome antigen A2 (60kD; ribonucleoprotein	Hs.554
U68019	MAD (mothers against decapentaplegic; Drosophila) homolog 3	Hs.211578
H99198	ESTs; Moderately similar to THYMOSIN BETA-4 [H.sapiens]	Hs.58145
AA598702	bone morphogenetic protein 6	Hs.6101
N77151	Homo sapiens mRNA for KIAA0799 protein; partial cds	Hs.61638
AA505133	ESTs	Hs.62273
AB000584	prostate differentiation factor	Hs.116577
D12763	interleukin 1 receptor-like 1	Hs.66
AA253193	ESTs	Hs.6631
AA432248	ESTs	Hs.6738
AA083572	v-rat simian leukemia viral oncogene homolog A (ras related)	Hs.6908
AA479713	ESTs	Hs.71962
L40395	Homo sapiens clone 23689 mRNA; complete cds	Hs.170001
X52947	gap junction protein; alpha 1; 43kD (connexin 43)	Hs.74471
W80846	vesicle-associated membrane protein 5 (myobrevin)	Hs.74669
M34539	FK506-binding protein 1A (12kD)	Hs.752
D67029	SEC14 (S. cerevisiae)-like	Hs.75232
U09587	glycyl-tRNA synthetase	Hs.75280
M85289	*Human heparan sulfate proteoglycan (HSPG2) mRNA, complete	Hs.211573
D10522	myristoylated alanine-rich protein kinase C substrate (MARCKS;	Hs.75607
W84712	calumenin	Hs.7753
D29992	tissue factor pathway inhibitor 2	Hs.78045

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
L34657	platelet/endothelial cell adhesion molecule (CD31 antigen)	Hs.78146
S78569	laminin; alpha 4	Hs.78672
D43636	Human mRNA for KIAA0096 gene; partial cds	Hs.79025
U97188	IGF-II mRNA-binding protein 3	Hs.79440
AA487558	ESTs	Hs.8135
M28882	"Human MUC18 glycoprotein mRNA, complete cds"	Hs.211579
X70683	SRY (sex determining region Y)-box 4	Hs.83484
X14787	thrombospondin 1	Hs.87409
AA236324	ESTs; Weakly similar to !!!! ALU CLASS A WARNING ENTRY !!!!	Hs.92381
C15324	ESTs	Hs.93668
AA452000	ESTs	Hs.94030
D83174	collagen-binding protein 2 (collagen 2)	Hs.9930
D00596	Homo sapiens gene for thymidylate synthase; exons 1; 2; 3; 4; 5;	Hs.196351
D11428	peripheral myelin protein 22	Hs.103724
D13640	major histocompatibility complex; class I; C	Hs.183618
D14874	adrenomedullin	Hs.394
D26129	ribonuclease; RNase A family; 1 (pancreatic)	Hs.78224
D28476	thyroid hormone receptor interactor 12	Hs.138617
D86425	Homo sapiens mRNA for nidogen-2	Hs.82733
D88983	Human mRNA for KIAA0230 gene; partial cds	Hs.118893
D87953	N-myc downstream regulated	Hs.75789
HG1862-HT1897	Calmodulin Type 1	
HG2614-HT2710	"Collagen, Type VIII, Alpha 1"	
HG2639-HT2735	Single-Stranded Dna-Binding Protein Mssp-1	
HG2855-HT2995	"Heat Shock Protein, 70 Kda (Gb:Y00371)"	
HG3044-HT3742	"Fibronectin, Alt. Splice 1"	
HG3342-HT3519	Id1	
HG3543-HT3739	Insulin-Like Growth Factor 2	
HG4069-HT4339	Monocyte Chemotactic Protein 1	
HG417-HT417	Cathepsin B	
J03764	plasminogen activator inhibitor; type 1	Hs.82085
L08797	chemokine (C-X-C motif); receptor 4 (fusin)	Hs.89414
L08246	myeloid cell leukemia sequence 1 (BCL2-related)	Hs.86386
L12711	transketolase (Wernicke-Korsakoff syndrome)	Hs.89643
L13977	prolylcarboxypeptidase (angiotensinase C)	Hs.75693
L15388	"Human G protein-coupled receptor kinase (GRK5) mRNA,	
L19871	activating transcription factor 3	Hs.460
L20859	Human leukemia virus receptor 1 (GLVR1) mRNA; complete cds	Hs.78452
L42176	four and a half LIM domains 2	Hs.8302
L49169	Human GOS3 mRNA; complete cds	Hs.75678
L76380	calcitonin receptor-like	Hs.152175
M15990	v-yes-1 Yamaguchi sarcoma viral oncogene homolog 1	Hs.194148
M23254	calpain; large polypeptide L2	Hs.76288

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
M24736	selectin E (endothelial adhesion molecule 1)	Hs.89546
M26576	collagen; type IV; alpha 1	Hs.119129
M27396	asparagine synthetase	Hs.75692
M31166	pentaxin-related gene; rapidly induced by IL-1 beta	Hs.2050
M31994	"Homo sapiens aldehyde dehydrogenase (ALDH1) gene, exon 13	
M32334	intercellular adhesion molecule 2	Hs.83733
M35878	insulin-like growth factor binding protein 3	Hs.77326
M36429	postmeiotic segregation increased 2-like 12	Hs.89672
M57730	ephrin-A1	Hs.1624
M57731	GRO2 oncogene	Hs.75765
M60858	nucleolin	Hs.79110
M62994	filamin B; beta (actin-binding protein-278)	Hs.81008
M68874	"Human phosphatidylcholine 2-acylhydrolase (cPLA2) mRNA,	
M69043	nuclear factor of kappa light polypeptide gene enhancer in B-cells	Hs.81328
M74719	transcription factor 4	Hs.75356
M75126	hexokinase 1	Hs.118625
M84349	CD59 antigen p18-20 (antigen identified by monoclonal antibodies 16.3A5; EJ16; EJ30; EL32 and G344)	Hs.119663
M92843	zinc finger protein homologous to Zfp-36 in mouse	Hs.198309
M92934	connective tissue growth factor	Hs.75511
M93056	protease inhibitor 2 (anti-elastase); monocyte/neutrophil	Hs.183583
M94856	fatty acid binding protein 5 (psoriasis-associated)	Hs.153179
M95787	transgelin	Hs.75777
S76965	Protein kinase inhibitor [human; neuroblastoma cell line	Hs.75209
S81914	DIFFERENTIATION-DEPENDENT GENE 2	Hs.76095
U03057	singed (Drosophila)-like (sea urchin fascin homolog like)	Hs.118400
U03100	catenin (cadherin-associated protein); alpha 1 (102kD)	Hs.178452
U03877	EGF-containing fibulin-like extracellular matrix protein 1	Hs.76224
U08021	nicotinamide N-methyltransferase	Hs.76669
U14391	myosin IC	Hs.82251
U31384	guanine nucleotide binding protein 11	Hs.83381
U32944	dynein; cytoplasmic; light polypeptide	Hs.5120
U40369	"Human spermidine/spermine N1-acetyltransferase (SSAT) gene,	
U41767	"Human metargidin precursor mRNA, complete cds"	
U48959	Homo sapiens myosin light chain kinase (MLCK) mRNA;	Hs.75950
U51010	"Human nicotinamide N-methyltransferase gene, exon 1 and 5"	
U51478	ATPase; Na+/K+ transporting; beta 3 polypeptide	Hs.76941
U53445	Human ovarian cancer downregulated myosin heavy chain homolog (Doc1) mRNA; complete cds	Hs.15432
U59289	cadherin 13; H-cadherin (heart)	Hs.63984
U59423	MAD (mothers against decapentaplegic; Drosophila) homolog 1	Hs.79067
U62015	"Homo sapiens Cyr61 mRNA, complete cds"	

(表 3 の 続 き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
U63825	Human hepatitis delta antigen interacting protein A (dIpA) mRNA;	Hs.66713
U67963	Human lysophospholipase homolog (HU-K5) mRNA; complete	Hs.6721
U73379	Human cyclin-selective ubiquitin carrier protein mRNA; complete	Hs.93002
U73824	eukaryotic translation initiation factor 4 gamma; 2	Hs.183684
U77604	microsomal glutathione S-transferase 2	Hs.81874
U81607	kinase scaffold protein gravin	Hs.788
U89942	lysyl oxidase-like 2	Hs.83354
X04412	gelsolin (amyloidosis; Finnish type)	Hs.80562
X06985	heme oxygenase (decycling) 1	Hs.75967
X07820	matrix metalloproteinase 10 (stromelysin 2)	Hs.2258
X12876	keratin 18	Hs.65114
X15729	DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide 5 (RNA helicase;	Hs.76053
X52541	early growth response 1	Hs.738
X53416	filamin A; alpha (actin-binding protein-280)	Hs.76279
X54489	GRO1 oncogene (melanoma growth stimulating activity; alpha)	Hs.789
X54925	matrix metalloproteinase 1 (interstitial collagenase)	Hs.83169
X57206	inositol 1,4,5-trisphosphate 3-kinase B	Hs.78677
X59798	cyclin D1 (PRAD1; parathyroid adenomatosis 1)	Hs.82932
X60957	tyrosine kinase with immunoglobulin and epidermal growth factor	Hs.78824
X65965	H.sapiens SOD-2 gene for manganese superoxide dismutase	
X69111	inhibitor of DNA binding 3; dominant negative helix-loop-helix	Hs.76884
X70940	eukaryotic translation elongation factor 1 alpha 2	Hs.2642
X87838	catenin (cadherin-associated protein); beta 1 (88kD)	Hs.171271
X91247	thioredoxin reductase 1	Hs.13046
X97748	H.sapiens PTX3 gene promoter region	
Y00815	protein tyrosine phosphatase; receptor type; F	Hs.75216
AA303711	ephrin-B1	Hs.144700
L44538	ESTs	Hs.156044
AA025351	ESTs	Hs.134797
AA027050	ESTs	Hs.31189
AA029462	ESTs	Hs.17235
AA045136	ESTs	Hs.22575
AA047437	ESTs	Hs.22968
AA054087	phospholipase A2; group IVC (cytosolic; calcium-independent)	Hs.18858
AA071089	ESTs; Moderately similar to IIII ALU SUBFAMILY SC WARNING	Hs.187932
AA156450	ESTs; Weakly similar to Similar to Rat trg gene product	Hs.8982
AA187490	ESTs	Hs.21941
AA195031	ESTs; Moderately similar to PROBABLE G PROTEIN-COUPLED RECEPTOR APJ [H.sapiens]	Hs.9305
AA205724	ESTs	Hs.10119
AA227926	ESTs	Hs.6682

(表 3 の 続 き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
AA227986	ESTs	Hs.25329
AA234743	ESTs	Hs.22120
AA253216	ESTs	Hs.22283
AA256210	oncomodulin	Hs.199134
AA256268	ESTs	Hs.10283
AA279397	ESTs; Moderately similar to fibronectin [H.sapiens]	Hs.25001
AA292379	ESTs; Moderately similar to !!! ALU SUBFAMILY SQ WARNING	Hs.20340
AA292717	ESTs; Weakly similar to JM2 [H.sapiens]	Hs.7891
AA346551	ESTs	Hs.23457
AA400292	ESTs	Hs.23786
AA404338	ESTs	Hs.21812
AA412284	poliovirus receptor	Hs.171844
AA423987	ESTs	Hs.7567
AA428594	ESTs	Hs.21321
AA430108	ESTs	Hs.6019
AA431462	ESTs	Hs.28329
AA431470	ESTs; Weakly similar to CAMP-DEPENDENT PROTEIN KINASE INHIBITOR; MUSCLE/BRAIN FORM [H.sapiens]	Hs.3407
AA443756	ESTs; Moderately similar to (define not available 4105275)	Hs.6673
AA449479	ESTs; Highly similar to (define not available 5106787)	Hs.5216
AA459916	bradykinin receptor B2	Hs.25021
AA465226	ESTs	Hs.28631
AA478778	ESTs	Hs.16450
AA479037	ESTs	Hs.7961
AA482597	ESTs; Highly similar to (define not available 4704739)	Hs.26054
AA487561	ESTs; Highly similar to RAS-RELATED PROTEIN RAB-1A	Hs.9813
AA489245	ESTs; Weakly similar to sperm specific protein [H.sapiens]	Hs.5682
AA504110	ESTs	Hs.18063
AA520989	ESTs; Highly similar to SERINE/THREONINE PROTEIN PHOSPHATASE PP1-BETA CATALYTIC SUBUNIT [H.sapiens]	Hs.9195
AA599434	ESTs	Hs.25035
AA608649	Homo sapiens clone 23742 mRNA; partial cds	Hs.6354
AA609519	ESTs	Hs.26458
D51069	Human isolate JuSo MUC18 glycoprotein mRNA (3' variant);	Hs.185718
U97519	podocalyxin-like	Hs.16426
W28391	proliferation-associated 2G4; 36kD	Hs.5181
AA035638	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp564F053 (from clone	Hs.71968
AA083514	ESTs	Hs.68301
AA121315	ESTs	Hs.70823
AA147186	ESTs	Hs.92387
AA156125	ESTs	Hs.72116
AA186932	ESTs	Hs.85640

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
AA219653	ESTs	Hs.87125
AA232645	ESTs	Hs.42699
F10078	ESTs	Hs.13233
H48032	ESTs	Hs.9645
H82117	ESTs	Hs.28043
N39584	ESTs	Hs.17404
N54067	Homo sapiens mRNA for NIK; partial cds	Hs.3628
N59858	ESTs	Hs.33032
N90933	ESTs	Hs.4867
N93764	ESTs; Moderately similar to !!!! ALU CLASS C WARNING ENTRY	Hs.10175
R26124	ESTs	Hs.24024
R27957	ESTs	Hs.24230
R55470	ESTs; Moderately similar to K02E10.2 [C.elegans]	Hs.11067
T16550	ESTs; Highly similar to vacuolar protein sorting homolog h-vps45	Hs.6650
T26674	ESTs; Weakly similar to neuronal thread protein AD7c-NTP	Hs.6966
T57112	"yc20g11.s1 Stratagene lung (#937210) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:81284 3', mRNA sequence."	Hs.8881
T88700	ESTs	Hs.173374
T90527	ESTs	Hs.7890
W42789	ESTs	Hs.31446
W60002	plastin 3 (T isoform)	Hs.4114
W78175	ESTs	Hs.17901
W84768	ESTs	Hs.141742
W94427	ESTs; Weakly similar to Na,K-ATPase gamma subunit	Hs.3807
AA253217	ESTs	Hs.41271
AA426573	ESTs	Hs.41135
AA432374	ESTs	Hs.48029
AA446622	ESTs	Hs.74313
AA478771	ESTs	Hs.50841
AA482594	ESTs	Hs.62684
AA490588	ESTs	Hs.43118
D59570	ESTs	Hs.17132
H88157	ESTs	Hs.41105
H94648	ESTs	Hs.41995
H97538	ESTs	Hs.42392
H98670	ESTs; Weakly similar to (define not available 4884081)	Hs.49753
N22107	ESTs; Moderately similar to !!!! ALU SUBFAMILY SC WARNING	Hs.172241
W38197	Accession not listed in Genbank	
W80814	ESTs; Moderately similar to !!!! ALU SUBFAMILY SB WARNING	Hs.196785
AA287347	ESTs	Hs.105088
AA402799	ESTs	Hs.182538

(表 3 の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
AA404418	EST	Hs.144953
AA425107	ESTs	Hs.97016
AA425435	ESTs; Moderately similar to III ALU SUBFAMILY J WARNING	Hs.98438
AA442872	ESTs	Hs.110771
AA452860	ESTs; Moderately similar to III ALU SUBFAMILY SP WARNING	Hs.197214
AA488687	ESTs; Moderately similar to III ALU SUBFAMILY SQ WARNING	Hs.190307
AA599874	ESTs; Weakly similar to ORF [D.melanogaster]	Hs.108115
F13673	ESTs	Hs.99769
H99093	DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide (72kD)	Hs.6179
N22495	"yw35g11.s1 Morton Fetal Cochlea Homo sapiens cDNA clone IMAGE:254276 3', mRNA sequence."	Hs.102415
N23031	myosin; heavy polypeptide 7; cardiac muscle; beta	Hs.929
R15740	carbohydrate (chondroitin 6/keratan) sulfotransferase 1	Hs.104576
R39610	calpain; large polypeptide L2	Hs.76288
W45560	ESTs	Hs.102541
Z39833	H.sapiens mRNA for Rho6 protein	Hs.124940
Z40583	ESTs	Hs.101259
AA825437	ESTs	
R66613	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp564F053 (from clone	
AA868063	carbohydrate (chondroitin 6/keratan) sulfotransferase 1	
AA128075	"z116d08.r1 Soares_pregnant uterus NbHPU Homo sapiens cDNA clone IMAGE:502095 5', mRNA sequence."	
N66570	ESTs	
AI051390	ESTs	
AA627122	ESTs	
X02761	fibronectin 1	Hs.118162
AF010193	MAD (mothers against decapentaplegic; Drosophila) homolog 7	Hs.100602
AA149044	ESTs; Highly similar to the KIAA0195 gene is expressed	Hs.10086
U82108	solute carrier family 9 (sodium/hydrogen exchanger); isoform 3	Hs.101813
D78676	ESTs; Moderately similar to (define not available 4529890)	Hs.105509
L35240	enigma (LIM domain protein)	Hs.102948
AA598737	lactate dehydrogenase B	Hs.180414
R69417	ESTs	Hs.107055
AA232837	ESTs; Weakly similar to Human pre-mRNA cleavage factor I 68 kDa subunit [H.sapiens]	Hs.107125
N72695	ESTs	Hs.108557
M30257	vascular cell adhesion molecule 1	Hs.109225
M96843	Inhibitor of DNA binding 2; dominant negative helix-loop-helix protein	Hs.109617
X68277	dual specificity phosphatase 1	Hs.171695
AA292440	myeloid differentiation primary response	Hs.110571
J03040	secreted protein; acidic; cysteine-rich (osteonectin)	Hs.111779

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
AA228107	ESTs	Hs.54642
AA449789	connective tissue growth factor	Hs.75511
W01367	ESTs	Hs.170980
AA610116	ESTs; Highly similar to (define not available 4325180)	Hs.11663
AA258308	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp564F053 (from clone	Hs.165618
AA460273	Homo sapiens mRNA for KIAA0517 protein; partial cds	Hs.12372
AA286710	lymphocyte adaptor protein	Hs.13131
T68873	metallothionein 1L	Hs.143289
D63476	PAK-Interacting exchange factor beta	Hs.172813
M62403	insulin-like growth factor-binding protein 4	Hs.1516
X55740	5' nucleotidase (CD73)	Hs.153952
L10284	calnexin	Hs.155560
AA243278	ribosomal protein; mitochondrial; L12	Hs.109059
AA430032	pituitary tumor-transforming 1	Hs.159626
H16402	ESTs	Hs.17121
D59711	ESTs	Hs.17132
T94452	"ye36g7.s1 Stratagene lung (#93721) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:119868 3', mRNA sequence"	
AA431571	ESTs	Hs.17894
R79356	Homo sapiens mRNA for KIAA0544 protein; partial cds	Hs.19280
AA280375	ESTs	Hs.19928
Z49269	small inducible cytokine subfamily A (Cys-Cys); member 14	Hs.20144
Z41740	ESTs	Hs.24462
AA121543	Homo sapiens mRNA for KIAA0758 protein; partial cds	Hs.22039
J05008	endothelin 1	Hs.2271
AA101878	ESTs	Hs.22793
T35341	ESTs; Highly similar to (define not available 4519883) [H.sapiens]	Hs.22880
N87590	ESTs	Hs.23037
AA256153	ESTs	Hs.23912
W74533	Homo sapiens mRNA for KIAA0786 protein; partial cds	Hs.24212
U25997	stanniocalcin	Hs.25590
V01512	v-fos FBJ murine osteosarcoma viral oncogene homolog	Hs.25647
V01512	v-fos FBJ murine osteosarcoma viral oncogene homolog	Hs.25647
V01512	v-fos FBJ murine osteosarcoma viral oncogene homolog	Hs.25647
V01512	v-fos FBJ murine osteosarcoma viral oncogene homolog	Hs.25647
X58681	jun D proto-oncogene	Hs.2780
AA161292	interferon; alpha-inducible protein 27	Hs.2867
AA491465	ESTs	Hs.28792
AA046593	ESTs	Hs.28959
D50914	Human mRNA for KIAA0124 gene; partial cds	Hs.30736
D45304	ESTs	Hs.31595
M90657	transmembrane 4 superfamily member 1	Hs.3337

(表 3 の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
W69127	ESTs; Weakly similar to zinc finger protein ZNF191 [H.sapiens]	Hs.3449
AA316186	ESTs; Highly similar to (define not available 4282136)	Hs.34549
AA384503	ESTs	Hs.179260
AA136353	ESTs	Hs.38022
AA044755	ESTs; Weakly similar to !!! ALU SUBFAMILY SX WARNING	Hs.173705
U84573	procollagen-lysine; 2-oxoglutarate 5-dioxygenase (lysine hydroxylase) 2	Hs.41270
AA058911	ESTs; Weakly similar to membrane glycoprotein [M.musculus]	Hs.4193
AA620962	dynein; cytoplasmic; light intermediate polypeptide 2	Hs.44251
AA285290	small EDRK-rich factor 2	Hs.44499
X60486	H4 histone family; member G	Hs.46423
R31641	ESTs	Hs.197148
AA489190	ESTs	Hs.48320
F13782	LIM binding domain 2	Hs.4980
AA257993	Janus Kinase 1 (a protein tyrosine kinase)	Hs.50651
M24283	Intercellular adhesion molecule 1 (CD54); human rhinovirus	Hs.168383
AA443114	ESTs; Weakly similar to PIM-1 PROTO-ONCOGENE SERINE/THREONINE-PROTEIN KINASE [H.sapiens]	Hs.5326
T35289	casein kinase 1; alpha 1	Hs.195206
N23617	Homo sapiens clone 23675 mRNA sequence	Hs.5807
AA047151	ESTs	Hs.6897
N77151	Homo sapiens mRNA for KIAA0799 protein; partial cds	Hs.61638
AA480074	ESTs	Hs.62206
Y00787	interleukin 8	Hs.624
T99789	ESTs	Hs.64313
W84341	tissue inhibitor of metalloproteinase 2	Hs.6441
L09209	amyloid beta (A4) precursor-like protein 2	Hs.64797
D12763	interleukin 1 receptor-like 1	Hs.66
T18484	ESTs	Hs.6607
AA253193	ESTs	Hs.6631
AA432248	ESTs	Hs.6736
X82200	stimulated trans-acting factor (50 kDa)	Hs.68054
AA083572	v-rat simian leukemia viral oncogene homolog A (ras related)	Hs.6906
L00352	low density lipoprotein receptor (familial hypercholesterolemia)	Hs.181182
N75791	ESTs	Hs.7153
X57579	H.sapiens activin beta-A subunit (exon 2)	
X02612	cytochrome P450; subfamily I (aromatic compound-inducible);	Hs.72912
H44631	immediate early protein	Hs.737
AA090257	superoxide dismutase 2; mitochondrial	Hs.177781
X83703	H.sapiens mRNA for cytokine inducible nuclear protein	Hs.74019
L40395	Homo sapiens clone 23689 mRNA; complete cds	Hs.170001
AA227913	ESTs	Hs.198456

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
X52947	gap junction protein; alpha 1; 43kD (connexin 43)	Hs.74471
M11313	alpha-2-macroglobulin	Hs.74561
L14837	tight junction protein 1 (zona occludens 1)	Hs.74614
M60721	"Human homeobox gene, complete cds"	
D90209	activating transcription factor 4 (tax-responsive enhancer element	Hs.181243
T67986	*yc28e12.s1 Stratagene liver (#937224) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:82030 3' similar to gb:X14723 CLUSTERIN	Hs.75106
AA148318	Human mRNA for KIAA0069 gene; partial cds	Hs.75249
U97105	dihydropyrimidinase-like 2	Hs.173381
T25747	H.sapiens OZF mRNA	Hs.75471
K02574	Accession not listed in Genbank	
D78577	tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein; eta polypeptide	Hs.75544
X53331	matrix Gla protein	Hs.75742
S73591	upregulated by 1;25-dihydroxyvitamin D-3	Hs.179526
X95735	zyxin	Hs.75873
L16862	G protein-coupled receptor kinase 6	Hs.76297
U44975	Homo sapiens Kruppel-like zinc finger protein Zf9 mRNA;	Hs.76526
M97796	inhibitor of DNA binding 2; dominant negative helix-loop-helix	Hs.180919
U86782	26S proteasome-associated pad1 homolog	Hs.178761
AA099391	ESTs	Hs.77310
M19267	tropomyosin 1 (alpha)	Hs.77899
D29992	tissue factor pathway inhibitor 2	Hs.78045
L19314	phosphorylase kinase; beta	Hs.195217
S78569	laminin; alpha 4	Hs.78672
U28811	"Human cysteine-rich fibroblast growth factor receptor (CFR-1)	
L77886	protein tyrosine phosphatase; receptor type; K	Hs.79005
C14407	neuronal tissue-enriched acidic protein	Hs.79516
M60278	diphtheria toxin receptor (heparin-binding epidermal growth	Hs.799
R81509	splicing factor; arginine/serine-rich 11	Hs.184571
AA487558	ESTs	Hs.8135
D88962	KIAA0207 gene product	Hs.81875
AA478971	disabled (Drosophila) homolog 2 (mitogen-responsive	Hs.81988
D50683	transforming growth factor; beta receptor II (70-80kD)	Hs.82028
U56837	capping protein (actin filament) muscle Z-line; alpha 1	Hs.184270
M61199	Human cleavage signal 1 protein mRNA; complete cds	Hs.82767
M28882	"Human MUC18 glycoprotein mRNA, complete cds"	
X15183	CDW52 antigen (CAMPATH-1 antigen)	Hs.180532
S53911	CD34	Hs.85289

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
U20734	Human transcription factor junB (junB) gene; 5' region and	Hs.198951
D28235	prostaglandin-endoperoxide synthase 2 (prostaglandin G/H	Hs.92309
AA236324	ESTs; Weakly similar to !!!! ALU CLASS A WARNING ENTRY !!!!	Hs.92381
AA148923	Homo sapiens mRNA for DEPP (decidual protein induced by	Hs.93675
AA174183	ESTs	Hs.93872
AA456311	ESTs; Weakly similar to !!!! ALU CLASS A WARNING ENTRY !!!!	Hs.93961
L08069	heat shock protein; DNAJ-like 2	Hs.94
AA452000	ESTs	Hs.94030
AA282140	ESTs	Hs.9587
J02854	myosin regulatory light chain 2; smooth muscle isoform	Hs.9615
AA442054	phospholipase C; gamma 1 (formerly subtype 148)	Hs.993
AB000450	vaccinia related kinase 2	
AB002380	KIAA0382 protein	
AB003103	proteasome (prosome; macropain) 26S subunit; non-ATPase; 12	
AB004884	tousled-like kinase 2	
AF000573	homogentisate 1;2-dioxygenase (homogentisate oxidase)	
AF008937		
AF009301	similar to <i>S. cerevisiae</i> SSM4	
AF009368	cAMP responsive element binding protein 3 (human)	
D00591	chromosome condensation 1	
D00760	proteasome (prosome; macropain) subunit; alpha type; 2	
D11139	tissue inhibitor of metalloproteinase 1 (erythroid potentiating	
D14657	KIAA0101 gene product	
D14878	D123 gene product	
D17716	mannosyl (alpha-1;6-)-glycoprotein beta-1;6-N-acetyl-glucosaminyltransferase	
D21090	RAD23 (<i>S. cerevisiae</i>) homolog B	
D26135	diacylglycerol kinase; gamma (90kD)	
D26528	DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide 7 (RNA helicase;	
D30742	calcium/calmodulin-dependent protein kinase IV	
D31762	KIAA0057 gene product; TRAM-like protein	
D31765	KIAA0061 protein	
D31888	KIAA0071 protein	
D38128	prostaglandin I2 (prostacyclin) receptor (IP)	
D38500	postmeiotic segregation increased 2-like 4	
D38551	RAD21 (<i>S. pombe</i>) homolog	
D42087	KIAA0118 protein	
D49396	antioxidant protein 1	
D55640		
D63391	platelet-activating factor acetylhydrolase; isoform lb; gamma	

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
D63477	KIAA0143 protein	
D63483	acetyl LDL receptor; SREC	
D64015	TIA1 cytotoxic granule-associated RNA-binding protein-like 1	
D79990	KIAA0168 gene product	
D79997	KIAA0175 gene product	
D80010	KIAA0188 protein	
D84276	CD38 antigen (p45)	
D86425	nidogen 2	
D86978	KIAA0225 protein	
D87012	Human (lambda) DNA for immunoglobulin light chain	
D87075	solute carrier family 23 (nucleobase transporters); member 1	
D87432	solute carrier family 7 (cationic amino acid transporter; y+	
D87448	topoisomerase (DNA) II binding protein	
D87845	platelet-activating factor acetylhydrolase 2 (40kD)	
HG1098-HT1098		
HG2167-HT2237		
HG2415-HT2511		
HG2825-HT2949		
HG2887-HT3031		
HG4660-HT5073		
HG4704-HT5146		
HG884-HT884		
HG919-HT919		
J00212		
J04029	keratin 10 (epidermolytic hyperkeratosis; keratosis palmaris et	
J04031	methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NADP+ dependent); methenyltetrahydrofolate cyclohydrolase; formyltetrahydrofolate	
J04088	topoisomerase (DNA) II alpha (170kD)	
J04543	annexin A7	
L06139	TEK tyrosine kinase; endothelial (venous malformations; multiple cutaneous and mucosal)	
L07540	replication factor C (activator 1) 5 (36.5kD)	
L08895	MADS box transcription enhancer factor 2; polypeptide C	
L11239	gastrulation brain homeo box 1	
L11353	neurofibromin 2 (bilateral acoustic neuroma)	
L13773	myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia (trithorax (Drosophila) homolog); translocated to; 2	
L13800		
L14922	replication factor C (activator 1) 1 (145kD)	
L15189	heat shock 70kD protein 9B (mortalin-2)	
L15388	G protein-coupled receptor kinase 5	
L16895	lysyl oxidase	
L27476	tight junction protein 2 (zona occludens 2)	

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
L27624	tissue factor pathway inhibitor 2	
L32976	mitogen-activated protein kinase kinase kinase 11	
L33404	kallikrein 7 (chymotryptic; stratum corneum)	
L35263	mitogen-activated protein kinase 14	
L37347	solute carrier family 11 (proton-coupled divalent metal ion	
L40371	thyroid hormone receptor interactor 4	
L40391	Homo sapiens (clone s153) mRNA fragment	
L41607	glucosaminyl (N-acetyl) transferase 2; I-branching enzyme	
L77566	DiGeorge syndrome critical region gene DGS1	
M13928	aminolevullinate; delta-; dehydratase	
M13928	aminolevullinate; delta-; dehydratase	
M14018	uroporphyrinogen decarboxylase	
M14219	decarin	
M15796	proliferating cell nuclear antigen	
M21305	Human alpha satellite and satellite 3 junction DNA sequence	
M22092		
M22898	tumor protein p53 (Li-Fraumeni syndrome)	
M22995	RAP1A; member of RAS oncogene family	
M23379	RAS p21 protein activator (GTPase activating protein) 1	
M24364	major histocompatibility complex; class II; DQ beta 1	
M24400	chymotrypsinogen B1	
M25753	cyclin B1	
M27691	cAMP responsive element binding protein 1	
M28213	RAB2; member RAS oncogene family	
M29550	protein phosphatase 3 (formerly 2B); catalytic subunit; alpha	
M29971	O-6-methylguanine-DNA methyltransferase	
M30269	nidogen (enactin)	
M31158	protein kinase; cAMP-dependent; regulatory; type II; beta	
M31166	pentaxin-related gene; rapidly induced by IL-1 beta	
M31210	endothelial differentiation; sphingolipid G-protein-coupled receptor; 1	
M55420	Epsilon; IgE	
M59979	prostaglandin-endoperoxide synthase 1 (prostaglandin G/H	
M62810	transcription factor 6-like 1 (mitochondrial transcription factor	
M63838	interferon; gamma-inducible protein 16	
M64710	Human CNP gene for C-type natriuretic peptide	
M68874		
M74524	ubiquitin-conjugating enzyme E2A (RAD6 homolog)	
M80254	peptidylprolyl isomerase F (cyclophilin F)	
M81780	sphingomyelin phosphodiesterase 1; acid lysosomal (acid	
M81780	sphingomyelin phosphodiesterase 1; acid lysosomal (acid	

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
M81780	sphingomyelin phosphodiesterase 1; acid lysosomal (acid	
M81780	Homo sapiens acid sphingomyelinase (SMPD1) gene; complete cds; ORF's 1-3; complete cds's	
M81780	Homo sapiens acid sphingomyelinase (SMPD1) gene; complete cds; ORF's 1-3; complete cds's	
M83822	cell division cycle 4-like	
M86934	DNA segment; numerous copies; expressed probes (GS1 gene)	
M87338	replication factor C (activator 1) 2 (40kD)	
M96326	azurocidin 1 (cationic antimicrobial protein 37)	
M96954	TIA1 cytotoxic granule-associated RNA-binding protein-like 1	
M98833	Friend leukemia virus integration 1	
S66793	arrestin 3; retinal (X-arrestin)	
S72370	pyruvate carboxylase	
S78569	laminin; alpha 4	
S79873	lysosomal-associated membrane protein 2	
S83325	aspartate beta-hydroxylase	
S83364		
S83365		
U01212	olfactory marker protein (symbol provisional)	
U01922	translocase of inner mitochondrial membrane 8 (yeast) homolog A	
U02556	t-complex-associated-testis-expressed 1-like	
U02680	protein tyrosine kinase 9	
U03272	fibrillin 2 (congenital contractural arachnodactyly)	
U04209	microfibrillar-associated protein 1	
U05237	fetal Alzheimer antigen	
U07225	purinergic receptor P2Y; G-protein coupled; 2	
U07620	mitogen-activated protein kinase 10	
U09759	mitogen-activated protein kinase 9	
U09820	alpha thalassemia/mental retardation syndrome X-linked	
U11313	sterol carrier protein 2	
U14518	centromere protein A (17kD)	
U14575	protein phosphatase 1; regulatory (inhibitor) subunit 8	
U15173	BCL2/adenovirus E1B 19kD-interacting protein 2	
U15932	dual specificity phosphatase 5	
U18291	CDC16 (cell division cycle 16; S. cerevisiae; homolog)	
U18300	damage-specific DNA binding protein 2 (48kD)	
U18383	nuclear respiratory factor 1	
U20536	caspase 6; apoptosis-related cysteine protease	
U21551	branched chain aminotransferase 1; cytosolic	
U23028	eukaryotic translation initiation factor 2B; subunit 5 (epsilon)	
U23752	SRY (sex-determining region Y)-box 11	
U25435	transcriptional repressor	
U25997	stannocalcin	

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
U28251	zinc finger protein 169	
U28831		
U30245		
U32315	syntaxin 3A	
U32439	regulator of G-protein signalling 7	
U32849	N-myc (and STAT) Interactor	
U35139	necdin (mouse) homolog	
U36764	eukaryotic translation initiation factor 3; subunit 2 (beta; 36kD)	
U39400	chromosome 11 open reading frame 4	
U39657	mitogen-activated protein kinase kinase 6	
U41344	proline arginine-rich end leucine-rich repeat protein	
U41766	a disintegrin and metalloproteinase domain 9 (meltrin gamma)	
U41813	homeo box A9	
U41815	nucleoporin 98kD	
U43286	selenophosphate synthetase 2	
U44378	MAD (mothers against decapentaplegic; Drosophila) homolog 4	
U44754	small nuclear RNA activating complex; polypeptide 1; 43kD	
U47011	fibroblast growth factor 8 (androgen-induced)	
U47011	fibroblast growth factor 8 (androgen-induced)	
U47011	fibroblast growth factor 8 (androgen-induced)	
U47011	fibroblast growth factor 8 (androgen-induced)	
U47077	protein kinase; DNA-activated; catalytic polypeptide	
U48251	protein kinase C binding protein 1	
U50535	Human BRCA2 region; mRNA sequence CG006	
U56833	von Hippel-Lindau binding protein 1	
U58091	cullin 4B	
U58837	cyclic nucleotide gated channel beta 1	
U59289	cadherin 13; H-cadherin (heart)	
U59863	TRAF family member-associated NFkB activator	
U67122	ubiquitin-like 1 (sentrin)	
U67319	caspase 7; apoptosis-related cysteine protease	
U68019	MAD (mothers against decapentaplegic; Drosophila) homolog 3	
U69611	a disintegrin and metalloproteinase domain 17 (tumor necrosis factor; alpha; converting enzyme)	
U70322	karyopherin (importin) beta 2	
U73524	ATP/GTP-binding protein	
U79267	protein phosphatase 4; regulatory subunit 1	
U79291	Human clone 23721 mRNA sequence	
U82671	Homo sapiens clone LM1955 H105e3 gene; partial cds	
U82671	zinc finger protein 185 (LIM domain)	
U84573	procollagen-lysine; 2-oxoglutarate 5-dioxygenase (lysine	
U90914	carboxypeptidase D	
U91316	cytosolic acyl coenzyme A thioester hydrolase	
U91932	adaptor-related protein complex 3; sigma 1 subunit	

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
U96131	Homo sapiens HPV16 E1 protein binding protein mRNA;	
U97018	echinoderm microtubule-associated protein-like	
U97188	IGF-II mRNA-binding protein 3	
V00503	collagen; type I; alpha 2	
X04327	2,3-bisphosphoglycerate mutase	
X06389	synaptophysin	
X07496	apolipoprotein A-I	
X07820	matrix metalloproteinase 10 (stromelysin 2)	
X14787	thrombospondin 1	
X15525	acid phosphatase 2; lysosomal	
X16396	methylene tetrahydrofolate dehydrogenase (NAD+ dependent); methenyltetrahydrofolate cyclohydrolase	
X16609	ankyrin 1; erythrocytic	
X53586	integrin; alpha 6	
X53586	integrin; alpha 6	
X53793	multifunctional polypeptide similar to SAICAR synthetase and AIR	
X54936	placental growth factor; vascular endothelial growth factor-related	
X55740	5' nucleotidase (CD73)	
X57025	insulin-like growth factor 1 (somatomedin C)	
X60673	adenylate kinase 3	
X60673	adenylate kinase 3	
X60708	dipeptidylpeptidase IV (CD26; adenosine deaminase complexing	
X62048	wee1+ (S. pombe) homolog	
X63097	Rhesus blood group; D antigen	
X63563	polymerase (RNA) II (DNA directed) polypeptide B (140kD)	
X64037	general transcription factor IIF; polypeptide 1 (74kD subunit)	
X69636	hacl domain and RLD 2	
X69878	fms-related tyrosine kinase 4	
X70649	DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide 1	
X72841	retinoblastoma-binding protein 7	
X74987	ATP-binding cassette; sub-family E (OABP); member 1	
X83107	BMX non-receptor tyrosine kinase	
X84194	acylphosphatase 1; erythrocyte (common) type	
X85753	cyclin-dependent kinase 8	
X87870	hepatocyte nuclear factor 4; alpha	
X89066	transient receptor potential channel 1	
X89398	uracil-DNA glycosylase	
X89398	uracil-DNA glycosylase	
X89399	RAS p21 protein activator (GTPase activating protein) 3	
X89426	endothelial cell-specific molecule 1	
X91247	thioredoxin reductase 1	
X91648	H.sapiens mRNA for pur alpha extended 3'untranslated region	

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
X92098	coated vesicle membrane protein	
X92110	H.sapiens mRNA for hcqVIII protein	
X94703	RAB28; member RAS oncogene family	
X96506	DR1-associated protein 1 (negative cofactor 2 alpha)	
X97230	killer cell immunoglobulin-like receptor; three domains; long	
X98263	M-phase phosphoprotein 6	
X98296	ubiquitin specific protease 9; X chromosome (Drosophila fat	
X99584	SMT3 (suppressor of mif two 3; yeast) homolog 1	
Y00264	amyloid beta (A4) precursor protein (protease nexin-II; Alzheimer	
Y07566	Ric (Drosophila)-like; expressed in many tissues	
Y07759	myosin VA (heavy polypeptide 12; myosin)	
Y07827	butyrophilin; subfamily 3; member A1	
Y07867	Pirin	
Y09443	alkylglycerone phosphate synthase	
Y09858	H.sapiens mRNA for unknown protein	
Y12394	karyopherin alpha 3 (importin alpha 4)	
Z11559	iron-responsive element binding protein 1	
Z11695	mitogen-activated protein kinase 1	
Z15005	centromere protein E (312kD)	
Z46261	H3 histone family; member A	
AA011243	poly(rC)-binding protein 2	
AA018418	ESTs; Weakly similar to type-1 protein phosphatase skeletal muscle glycogen targeting subunit (H.sapiens)	
AA018758	ESTs	
AA018804	Homo sapiens clone 23675 mRNA sequence	
AA031993	SUMO-1 activating enzyme subunit 2	
AA044217	ESTs; Weakly similar to collagen alpha 2(I) chain [R.norvegicus]	
AA046548	SWI/SNF related; matrix associated; actin dependent regulator of chromatin; subfamily e; member 1	
AA057447	ESTs; Moderately similar to alternatively spliced product using	
AA058376	Sjogren syndrome antigen A2 (60kD; ribonucleoprotein	
AA063572	v-ral simian leukemia viral oncogene homolog A (ras related)	
AA085698		
AA088744	ESTs	
AA089688	EST	
AA091284	ESTs; Highly similar to HSPC030 [H.sapiens]	
AA092700	ESTs	
AA092968	ESTs	
AA094800	eukaryotic translation initiation factor 3; subunit 7 (zeta; 66/67kD)	
AA100219	ESTs	
AA114885	ESTs	

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
AA129547	met proto-oncogene (hepatocyte growth factor receptor)	
AA133016	ESTs	
AA149507	homolog of mouse quaking QKI (KH domain RNA binding protein)	
AA151005	sperm surface protein	
AA187101		
AA195179	eukaryotic translation initiation factor 4A; isoform 2	
AA203138	low density lipoprotein receptor (familial hypercholesterolemia)	
AA203645	Arg/Abl-interacting protein ArgBP2	
AA206236		
AA227621	ESTs; Weakly similar to weak similarity to collagens [C.elegans]	
AA248283	ESTs; Weakly similar to prostate-specific transglutaminase	
AA249611	SH3-binding domain glutamic acid-rich protein	
AA282640	ubiquitination factor E4B (homologous to yeast UFD2)	
AA287199	KIAA0081 protein	
AA313990	DKFZP564M112 protein	
AA314256	ESTs; Highly similar to CGI-94 protein [H.sapiens]	
AA314389	ADP-ribosylation factor-like 5	
AA324364	ESTs	
AA329211	NS1-associated protein 1	
AA399187	DKFZP434A043 protein	
AA421079	ESTs; Weakly similar to Scx-like transcriptional factor [H.sapiens]	
AA422029	ESTs	
AA425230	Ras-GTPase-activating protein SH3-domain-binding protein	
AA447052	KIAA0251 protein	
AA452000	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586E1624 (from clone	
AA456687	ESTs	
AA487015	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586L0120 (from clone	
AB002326	Human mRNA for KIAA0328 gene; partial cds	
-BioB-3		
C01527	ESTs	
C01714	serum-inducible kinase	
C01811	Homo sapiens clone 24921 mRNA sequence	
C02352	ESTs; Highly similar to CGI-121 protein [H.sapiens]	
C02375	ESTs	
C14448	EST	
D16611	coproporphyrinogen oxidase (coproporphyrin; harderoporphyrin)	
D25216	KIAA0014 gene product	
D31352	ESTs	
D58024	ESTs; Weakly similar to KIAA0768 protein [H.sapiens]	
D80897	KIAA1036 protein	
D82614	ESTs	

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
D87845	platelet-activating factor acetylhydrolase 2 (40kD)	
D89377	rsh (Drosophila) homeo box homolog 2	
H06583	cAMP responsive element binding protein-like 2	
H40732	ESTs	
H46617	ESTs	
H56731	ESTs	
H75570	ESTs	
H78886	ESTs	
H81241	Kruppel-like factor 8	
L36631	integrin; alpha 8	
M63154	gastric intrinsic factor (vitamin B synthesis)	
M63180	threonyl-tRNA synthetase	
M91504	ESTs	
N56191	protocadherin 68	
N78483	ESTs; Weakly similar to F20D12.3 gene product [C.elegans]	
N79268	zinc finger protein 198	
R14652	Homo sapiens PAC clone DJ0872F07 from 7q31	
R20459	ESTs	
R22303	ESTs; Weakly similar to putative p150 [H.sapiens]	
R33779	ESTs; Weakly similar to p40 [H.sapiens]	
R36553	ESTs; Weakly similar to KIAA0681 protein [H.sapiens]	
R64534	ESTs	
R66475	ESTs	
R70621	KIAA0696 protein	
R79356	KIAA0544 protein	
R84933	ESTs	
AA007160	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp564D016 (from clone	
AA007234	ESTs	
AA018409	ESTs	
AA025351	ESTs	
AA027168	KIAA0955 protein	
AA027317	ESTs	
AA029423	ESTs; Weakly similar to PUTATIVE PRE-MRNA SPLICING FACTOR RNA HELICASE [H.sapiens]	
AA031357	ESTs; Weakly similar to N-WASP [H.sapiens]	
AA045136	ESTs	
AA053400	ESTs	
AA055829	ESTs; Weakly similar to !!! ALU SUBFAMILY J WARNING	
AA065217	ESTs	
AA116054	ESTs; Weakly similar to KIAA0638 protein [H.sapiens]	
AA126311	ESTs	
AA129390	ESTs	
AA130273	ESTs; Weakly similar to hypothetical protein; similar to	

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
AA142919	ESTs	
AA150205	Kruppel-like factor 7 (ubiquitous)	
AA176867	ESTs	
AA180321	Homo sapiens (clone S164) mRNA; 3' end of cds	
AA180487	transforming; acidic coiled-coil containing protein 1	
AA187634	eukaryotic translation initiation factor 3; subunit 1 (alpha; 35kD)	
AA195399	ESTs	
AA234717	ESTs	
AA234743	ESTs	
AA234957	myotubularin related protein 1	
AA235604	Homo sapiens clone 25007 mRNA sequence	
AA236559	ESTs; Weakly similar to !!!! ALU SUBFAMILY SQ WARNING	
AA242868	ESTs; Weakly similar to house-keeping protein [M.musculus]	
AA251776	jun D proto-oncogene	
AA251909	budding uninhibited by benzimidazoles 1 (yeast homolog); beta	
AA252672	diphtheria toxin resistance protein required for diphthamide biosynthesis (Saccharomyces)-like 2	
AA256157	ESTs	
AA256680	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp564H1916 (from clone	
AA258873	ESTs	
AA262727	KIAA1033 protein	
AA281451	DKFZP564A043 protein	
AA281545	nuclear receptor co-repressor 1	
AA282069	KIAA0603 gene product	
AA283044	ESTs	
AA283930	ESTs	
AA284755	CDW52 antigen (CAMPATH-1 antigen)	
AA291268	DKFZP566L0724 protein	
AA291927	ESTs	
AA343514	ESTs	
AA398109	ESTs	
AA405737	ESTs	
AA406610	ESTs	
AA411465	ESTs; Moderately similar to HMG-box transcription factor	
AA416886	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp564C1563 (from clone	
AA424013	Homo sapiens clone 23767 and 23782 mRNA sequences	
AA424148	DKFZP434I116 protein	
AA424558	phosducin-like	
AA424961	similar to S. cerevisiae SSM4	
AA425367	ESTs	
AA425921	ESTs	
AA426220	KIAA0523 protein	

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
AA427735	ESTs	
AA430673	ESTs	
AA432248	ESTs	
AA435896	ESTs	
AA436705	KIAA0768 gene product	
AA446561	KIAA0470 gene product	
AA448238	KIAA0915 protein	
AA448688	ESTs; Weakly similar to KIAA0638 protein [H.sapiens]	
AA449756	ESTs; Weakly similar to !!! ALU SUBFAMILY J WARNING	
AA450303	ESTs	
AA452411	ESTs; Highly similar to mediator [H.sapiens]	
AA454566	hemoglobin; gamma G	
AA454667	ESTs	
AA456437	ESTs	
AA456646	ESTs	
AA456826	ESTs	
AA456981	ESTs	
AA458959	ESTs	
AA459950	ESTs	
AA460449	ESTs; Highly similar to phosphoserine aminotransferase	
AA463910	ESTs	
AA464603	ESTs	
AA464606	MRS1 protein	
AA465093	TIA1 cytotoxic granule-associated RNA-binding protein	
AA465892	KIAA0648 protein	
AA476473	triple functional domain (PTPRF interacting)	
AA478109	ESTs	
AA478474	ESTs	
AA480889	ESTs	
AA485223	ESTs	
AA485254	ESTs	
AA486183	ESTs; Weakly similar to similar to oxysterol-binding proteins	
AA498936	ESTs	
AA588589	ESTs	
AA588831	ESTs	
AA600150	ESTs	
AA608545	RAD51 (<i>S. cerevisiae</i>) homolog (<i>E. coli</i> RecA homolog)	
AA609210	ESTs	
AA610108	ESTs; Highly similar to CGI-124 protein [H.sapiens]	
AA620582	ESTs; Weakly similar to KIAA0869 protein [H.sapiens]	
AA621239	ESTs; Highly similar to ALG-2 Interacting protein AIP1	
AA621714	ESTs	

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
AA621718	ESTs; Moderately similar to CGI-74 protein [H.sapiens]	
D19873	ESTs	
D25755	ESTs	
D51095	DKFZP586E1621 protein	
D60272	ESTs; Weakly similar to macrophage lectin 2 [H.sapiens]	
T08879	cathepsin F	
T34527	UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 1 (GalNAc-T1)	
T40327	lung resistance-related protein	
T62771	nucleophosmin/nucleoplasmin; 3	
T63174	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586I0324 (from clone	
T83444	KIAA0887 protein	
T93641	ESTs	
U48263	prepronociceptin	
U49065	interleukin 1 receptor-like 2	
U79300	Human clone 23629 mRNA sequence	
U88573	NBR2	
U93867	polymerase (RNA) III (DNA directed) (62kD)	
W01094	ESTs	
W01568	ESTs	
W26853	cartilage oligomeric matrix protein (pseudoachondroplasia; epiphyseal dysplasia 1; multiple)	
W27179	BCL2/adenovirus E1B 19kD-interacting protein 3-like	
W27965	EST	
W36280	NS1-associated protein 1	
W47063	ESTs	
W79060	isocitrate dehydrogenase 2 (NADP+); mitochondrial	
W88550	KIAA1058 protein	
X60486	H4 histone family; member G	
X78931	zinc finger protein 272	
Z14077	YY1 transcription factor	
AA002147	EST	
AA004711	ESTs	
AA010383	EST	
AA015761	ESTs	
AA018772	ESTs	
AA021473	EST	
AA024835	potassium voltage-gated channel; delayed-rectifier; subfamily S;	
AA025858	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586B1024 (from clone	
AA027229	ESTs; Weakly similar to F45E12.5 [C.elegans]	
AA029428	ESTs	
AA035143	ESTs	
AA035237	butyrate response factor 2 (EGF-response factor 2)	

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
AA039347	EST	
AA040740	ESTs	
AA041551	ESTs	
AA045513	ESTs	
AA045745	ESTs	
AA055348	ESTs	
AA056582	KIAA0372 gene product	
AA056697	ESTs	
AA056746	EST	
AA057678	ESTs	
AA058681	ESTs	
AA058686	ESTs	
AA062840		
AA064859		
AA065069		
AA069923		
AA070799	zinc finger protein 6 (CMPX1)	
AA070815		
AA075374		
AA076382		
AA078787	ESTs	
AA078986		
AA079393		
AA079487		
AA083207	EST	
AA083256		
AA084415		
AA085274		
AA088678	ESTs	
AA100925	stress-associated endoplasmic reticulum protein 1; ribosome associated membrane protein 4	
AA101255	Homo sapiens mRNA for H-2K binding factor-2; complete cds	
AA126474	stanniocalcin 2	
AA127017	ESTs	
AA129868	ESTs; Weakly similar to PROTEIN PHOSPHATASE PP2A; 130 KD REGULATORY SUBUNIT [H.sapiens]	
AA130240	ESTs	
AA131866	ESTs; Weakly similar to DY3.6 [C.elegans]	
AA132039	ESTs	
AA132983	DKFZP586G1517 protein	
AA133250	ESTs	
AA133583	high-mobility group (nonhistone chromosomal) protein isoform I-C	
AA135941	ESTs	
AA148650		

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
AA151110	ESTs	
AA155754	EST	
AA156125	ESTs; Moderately similar to hedgehog-interacting protein [M.musculus]	
AA156289	ESTs	
AA156997	ESTs	
AA157291	EST	
AA157293	ESTs	
AA164293	ESTs	
AA164676	ESTs; Weakly similar to weak similarity to S. cerevisiae intracellular protein transport protein US11 [C.elegans]	
AA167375	KIAA0530 protein	
AA167550	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp564M113 (from clone	
AA176589	EST	
AA180448	EST	
AA187144	endothelin 1	
AA189170	ESTs	
AA192757	ESTs	
AA205650	ESTs	
AA233342	ESTs; Weakly similar to WD40 protein Ciao 1 [H.sapiens]	
AA233472	ESTs	
AA234110	ESTs	
D80981	ESTs	
F01660	ESTs	
F02206	EST; Highly similar to ether-a-go-go-related protein [H.sapiens]	
F02208	ESTs	
F02544	ESTs	
F03918	ESTs	
F04258	pyrophosphatase (Inorganic)	
F04800	ESTs	
F08998	ESTs	
F09605	ESTs	
F11115	ESTs	
H06371	Homo sapiens clone 24993 mRNA sequence	
H10995	Homo sapiens mRNA full length insert cDNA clone EUROIMAGE	
H11938	ESTs; Highly similar to histone acetyltransferase [H.sapiens]	
H16568	ESTs	
H16772	ESTs	
H18951	ESTs; Moderately similar to dJ1163.J1.1 [H.sapiens]	
H20859	ESTs	
H23747	ESTs	
H38087	ESTs; Weakly similar to NG22 [H.sapiens]	
H40331	ESTs	
H40567	ESTs	

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
H46966	ESTs	
H56640	ESTs	
H57154	ESTs; Weakly similar to organic anion transporter 1 [H.sapiens]	
H96712	ESTs	
N20B14	ESTs	
N25249	synaptosomal-associated protein; 23kD	
N27100	keratin 5 (epidermolysis bullosa simplex;	
N39816	RNA (guanine-7-) methyltransferase	
N48982	ESTs	
N51957	ESTs	
N52271	LIM protein (similar to rat protein kinase C-binding enigma)	
N59435	ESTs; Highly similar to CGI-112 protein [H.sapiens]	
N64139	ESTs; Weakly similar to large tumor suppressor 1 [H.sapiens]	
N66981	ESTs	
N68640	ESTs	
N69352	DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide 15	
N95228	KIAA0758 protein	
R00138	ESTs	
R07998	ESTs; Weakly similar to !!! ALU SUBFAMILY J WARNING	
R08929	ubiquitin-conjugating enzyme E2G 2 (homologous to yeast UBC7)	
R10307	ESTs	
R33354	ESTs	
R36083	ESTs	
R37938	KIAA0440 protein	
R39330		
R40816	cullin 4A	
R43162	ESTs	
R45698	ESTs; Weakly similar to cAMP inducible 2 protein [M.musculus]	
R54554	ESTs	
R88425	ESTs	
R68568	ATX1 (antioxidant protein 1; yeast) homolog 1	
R68763	ESTs	
R70467	ESTs	
R73565	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp564M113 (from clone	
R73640	ESTs	
R78376	EST	
R92453	EST	
T03865	ESTs	
T03872	ESTs	
T10072	ESTs	
T10080	ESTs	
T10132	KIAA0478 gene product	

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
T15343	ESTs	
T23457	ESTs	
T23555	ESTs	
T23670	ESTs	
T23948	ESTs	
T33464	ESTs	
T34413	ESTs	
T34611	ESTs	
T40920	ESTs	
T55182	ESTs; Highly similar to IGF-II mRNA-binding protein 2 [H.sapiens]	
T77453	ESTs	
T84039	ESTs	
T86458	ESTs	
T87693	EST	
T89350	ESTs	
T90945	ESTs	
T90987	ESTs	
T91863	ESTs	
T91881	KIAA0563 gene product	
T93783	ESTs	
T96687	ESTs	
T96944	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp434H132 (from clone	
T97307	ESTs; Moderately similar to !!!! ALU SUBFAMILY J WARNING	
T97764	ESTs	
W48817	ESTs	
W58343	DKFZP586B2420 protein	
W59949	ESTs; Moderately similar to GTP-BINDING PROTEIN TC10	
W74644	ESTs	
W74761	ESTs; Highly similar to ubiquitin-conjugating enzyme HBUCE1	
W74802	ESTs	
W81205	ESTs	
W81237	ESTs	
W90146	ESTs	
W92798	ESTs	
Z38412	EST	
Z38709	inositol 1,4,5-triphosphate receptor; type 2	
Z38904	ESTs; Weakly similar to KIAA0970 protein [H.sapiens]	
Z39103	core-binding factor; runt domain; alpha subunit 2; translocated to;	
Z39930	calreticulin	
Z39939	ESTs	
Z40012	NCK-associated protein 1	
Z40377	ESTs	

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
Z40820	ESTs	
Z41680	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp566P013 (from clone	
-BloB-3		
AA005112	LIM domain only 7	
AA005432	DKFZP547E2110 protein	
AA010163	upstream regulatory element binding protein 1	
AA026356	ESTs	
AA026901	ESTs	
AA036867	ESTs; Weakly similar to coded for by C. elegans cDNA yk30b3.5	
AA044644	lymphocyte-specific protein 1	
AA046426	Cdc42 effector protein 3	
AA054515	ESTs; Weakly similar to prostate-specific transglutaminase	
AA084182		
AA085749	ATP binding protein associated with cell differentiation	
AA098874	DKFZP434116 protein	
AA101056		
AA102746	ESTs	
AA114250	KIAA0512 gene product	
AA126561	stannocalcin	
AA128980	ESTs	
AA129757	ESTs; Weakly similar to 60S RIBOSOMAL PROTEIN L22	
AA129921	S-adenosylhomocysteine hydrolase-like 1	
AA133331	KIAA0741 gene product	
AA135958	ESTs	
AA136524	eukaryotic translation elongation factor 1 alpha 1	
AA147044	ESTs; Weakly similar to !!!! ALU CLASS C WARNING ENTRY !!!!	
AA148885	minichromosome maintenance deficient (S. cerevisiae) 4	
AA150043	ESTs	
AA151621	ESTs	
AA155743	ferritin; light polypeptide	
AA156335	ESTs	
AA156336	nuclear receptor co-repressor 1	
AA159181	ESTs; Weakly similar to Lpa8p [S.cerevisiae]	
AA159825	ESTs; Weakly similar to ORF YNL227c [S.cerevisiae]	
AA234185	ESTs	
AA234929	ESTs	
AA234935	ESTs	
AA236359	ESTs	
AA236466	ESTs	
AA236535	Human clone 23654 mRNA sequence	
AA236935	Human normal keratinocyte mRNA	
AA236942	ESTs	

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
AA237018	ESTs	
AA237025	ESTs	
AA242751	KIAA0903 protein	
AA242780		
AA242763	CDC14 (cell division cycle 14; <i>S. cerevisiae</i>) homolog B	
AA242809	ESTs; Weakly similar to !!!! ALU SUBFAMILY J WARNING	
AA243133	serine/threonine kinase 15	
AA243495	lectin; mannose-binding; 1	
AA243706	ESTs	
AA250848	ESTs	
AA250868	ESTs	
AA251152	ESTs	
AA251544	ESTs	
AA251792	fatty-acid-Coenzyme A ligase; long-chain 4	
AA252063	BH-protocadherin (brain-heart)	
AA252144	ESTs	
AA252524		
AA253481	ESTs	
AA255522	ESTs; Weakly similar to INHIBITOR OF APOPTOSIS PROTEIN 1	
AA256468	ESTs	
AA256528	ESTs	
AA257976	ESTs	
AA258296	KIAA0579 protein	
AA258409	myelin protein zero-like 1	
AA258421	hypothetical protein	
AA262077	aldehyde dehydrogenase 5 family; member A1	
AA278650	ESTs; Weakly similar to similar to the beta transducin family	
AA278766	ESTs	
AA279667	natural killer-tumor recognition sequence	
AA280791	eukaryotic translation initiation factor 5	
AA280819	MADS box transcription enhancer factor 2; polypeptide C	
AA280828	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586M141 (from clone	
AA282195	ESTs; Weakly similar to Unknown [H.sapiens]	
AA283127	Homo sapiens clone LM1955 H105a3 gene; partial cds	
AA284694	nucleoporin-like protein 1	
AA291137	ESTs	
AA291708	ESTs; Weakly similar to III ALU SUBFAMILY SQ WARNING	
AA293495	chromosome 8 open reading frame 1	
AA347193	ESTs	
AA398474	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586H051 (from clone	
AA398512	ESTs	

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
AA400277	ESTs	
AA400896	ESTs	
AA404494	CTP synthase	
AA410345	ESTs; Weakly similar to junctional adhesion molecule [H.sapiens]	
AA416733	ESTs; Weakly similar to IIII ALU SUBFAMILY SC WARNING	
AA425154	ESTs	
AA426573	ESTs; Moderately similar to endomucin [M.musculus]	
AA431418	N-acetylglucosaminidase; alpha- (Sanfilippo disease IIIB)	
AA436182	Human DNA sequence from clone 44A20 on chromosome 6q23.1-24.3. Contains a gene for a novel protein similar to MTHFD1 (methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NADP+ dependent); methenyltetrahydrofolate cyclohydrolase;	
AA437099	ESTs	
AA446585	ESTs	
AA446887	ESTs	
AA447224	ESTs; Weakly similar to cDNA EST CEESW54F comes from this	
AA447709	ESTs; Moderately similar to putative transcription factor CA150	
AA453624	deoxynucleotidyltransferase; terminal	
AA455044	ESTs	
AA456045	ESTs	
AA460454	ESTs; Weakly similar to KIAA0512 protein [H.sapiens]	
AA476494	ESTs; Weakly similar to KIAA0512 protein [H.sapiens]	
AA476736	leucine rich repeat (in FLII) interacting protein 1	
AA481422	Homo sapiens mRNA for H-2K binding factor-2; complete cds	
AA482269	integral membrane protein 1	
AA482595	ESTs; Weakly similar to F25B5.3 [C.elegans]	
AA485084	ESTs	
AA485431	ESTs	
AA489057	stromal antigen 2	
AA489636	DKFZP564M2423 protein	
AA491000	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586N1720 (from clone	
AA491250	ESTs	
AA505133	solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter); member 3	
AA598447	exportin; tRNA (nuclear export receptor for tRNAs)	
AA599243	general transcription factor IIIA	
AA599574	lipase; endothelial	
AA600153	DEK oncogene (DNA binding)	
AA609309	ESTs; Weakly similar to IIII ALU SUBFAMILY J WARNING	
AA609710	Human chromosome 3p21.1 gene sequence	
AA610068	PIBF1 gene product	
AA621399	ESTs	
AA621752	26S proteasome-associated pad1 homolog	

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
C21523	ESTs	
D12160	ESTs; Moderately similar to !!!! ALU SUBFAMILY J WARNING	
D19708	ESTs	
D25801	ESTs; Highly similar to KIAA0445 protein [H.sapiens]	
D45652	a disintegrin-like and metalloprotease (reprolysin type) with thrombospondin type 1 motif; 4; aggrecan 1	
D60208	ESTs	
D80504	zinc finger protein 198	
F03010	myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia 2	
F04247	ESTs	
F10966	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp434M196 (from clone	
F13700	ribonuclease P; 40kD subunit	
H05063	ESTs; Weakly similar to /prediction	
H16758	erythropoietin receptor	
H17315	EST	
H22556	putative translation initiation factor	
H22566	ESTs	
H48459	KIAA0186 gene product	
H53073		
H56559	KIAA0601 protein	
H57957	EST	
H64938	ESTs	
H64973	ESTs	
H69535	ESTs	
H73110	ESTs	
H81783	ESTs	
H86259	Homo sapiens chromosome 19; cosmid R32611	
H88353	ESTs; Weakly similar to line-1 protein ORF2 [H.sapiens]	
H88639	YY1-associated factor 2	
H88675	nuclear receptor co-repressor 1	
H93708	sperm specific antigen 2	
N22107	ESTs	
N24046	ESTs	
N27028	ESTs	
N30205	ESTs	
N30621	ESTs	
N33258	nuclear receptor co-repressor 1	
N33390	EST	
N40180	EST	
N45198	EST; Highly similar to similar to Cdc14B1 phosphatase [H.sapiens]	
N45979	SH3 domain protein 1B	
N48325	EST	

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
N48913	ESTs	
N49394	KIAA0716 gene product	
N50656	ESTs; Highly similar to mosaic protein LR11 [H.sapiens]	
N50721	signal sequence receptor, gamma (translocon-associated protein	
N53143	Homo sapiens clone 25218 mRNA sequence	
N53359	ESTs; Weakly similar to beta-TrCP protein E3RS-IkappaB	
N55326	ESTs	
N55493		
N57493	EST	
N62955	ESTs; Weakly similar to KIAA0396 [H.sapiens]	
N63520	EST	
N63604	ESTs	
N64166	frizzled (Drosophila) homolog 7	
N64188	ESTs	
N64191	ESTs	
N66845	ESTs; Weakly similar to !!!! ALU CLASS B WARNING ENTRY !!!!	
N67135	ESTs	
N67295	ESTs	
N68399	H2B histone family; member N	
N68963	ESTs	
N69331	peptidylprolyl isomerase C (cyclophilin C)	
N70777	ESTs	
N71364	ESTs	
N71545	ESTs	
N71571	ESTs	
N74456	EST	
N75594	ESTs	
N79035	ESTs	
N80279	hypothetical protein	
N91797	ESTs	
N92454	karyopherin (Importin) beta 1	
N94581	actn; beta	
N94746	ESTs	
N98238	ESTs	
R02384	ESTs	
R16833	ESTs; Weakly similar to !!!! ALU SUBFAMILY J WARNING ENTRY !!!! [H.sapiens]	
R41828	myosin VA (heavy polypeptide 12; myosin)	
R43203	EST	
R46395	DKFZP566A0946 protein	
R58863	ESTs	
R76248	ESTs; Weakly similar to KIAA0970 protein [H.sapiens]	
T11483	ESTs	

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
T16896	ESTs	
T23820	cyclin T2	
T30222	ESTs; Moderately similar to tetracycline transporter-like protein	
W15275	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586E1624 (from clone	
W38194		
W42414	MAD (mothers against decapentaplegic; Drosophila) homolog 3	
W46577	endothelial cell-specific molecule 1	
W49632	Human clone 23908 mRNA sequence	
W57613	ESTs	
W57759	EST	
W61118	ESTs	
W65344	ESTs; Moderately similar to hypothetical protein [H.sapiens]	
W69216	ESTs	
W69379	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586D0923 (from clone	
W86728	ESTs	
Z38499	MKP-1 like protein tyrosine phosphatase	
Z38630	bladder cancer related protein (10kD)	
Z39494	ESTs	
Z39623	ESTs	
Z40071	BMX non-receptor tyrosine kinase	
Z40174	ESTs	
Z40182	EST	
Z40904	EST	
AA166965	ESTs	
AA167500	EST	
AA169599	ESTs	
AA171724	ESTs; Weakly similar to ORF YNL059c [S.cerevisiae]	
AA171739	ESTs	
AA177105	ESTs; Weakly similar to MITOCHONDRIAL CARNITINE/ACYLCARNITINE CARRIER PROTEIN [H.sapiens]	
AA182626	ESTs	
AA186324	cell cycle progression 8 protein	
AA192099	zinc finger protein 148 (pHZ-52)	
AA192173	ESTs	
AA192415	ESTs	
AA192553	ESTs; Highly similar to RGC-32 [R.norvegicus]	
AA194851	ESTs	
AA195520	ESTs	
AA196300	ESTs; Weakly similar to alternatively spliced product using exon	
AA196517	protease; serine; 15	
AA196549	ESTs	
AA196721		

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
AA196729	ESTs	
AA196979	ESTs; Weakly similar to protease [H.sapiens]	
AA206828		
AA207123	Immunoglobulin superfamily; member 3	
AA214539	TIA1 cytotoxic granule-associated RNA-binding protein	
AA226914	nuclear receptor subfamily 2; group C; member 1	
AA227260	Zic family member 3 (odd-paired Drosophila homolog; heterotaxy)	
AA227469	EST	
AA233122	ESTs; Highly similar to multifunctional calcium/calmodulin-dependent protein kinase II delta2 isoform	
AA233334	Machado-Joseph disease (spinocerebellar ataxia 3; olivopontocerebellar ataxia 3; autosomal dominant; ataxin 3)	
AA233347	zinc finger protein 216	
AA233519	ESTs; Weakly similar to evectin-1 [R.norvegicus]	
AA233714	Apg12 (autophagy 12; S. cerevisiae)-like	
AA233796	eukaryotic translation initiation factor 4E	
AA235050	ESTs	
AA235704	ESTs; Weakly similar to Wiscott-Aldrich Syndrome protein	
AA236031	ESTs	
AA236352	ESTs	
AA236390	ESTs	
AA236453	ESTs	
AA243370	EST	
AA250947	ESTs	
AA251083	ESTs	
AA251113	ESTs	
AA251973	ESTs	
AA252023	ESTs; Weakly similar to HRIHFB2157 [H.sapiens]	
AA252414	ESTs	
AA252650	mitogen-activated protein kinase kinase 7	
AA255523	ESTs	
AA258128	ESTs	
AA262105	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp564L1918 (from clone	
AA262107	ESTs	
AA262235	ESTs	
AA278298	M-phase phosphoprotein 1	
AA278529	serine/threonine kinase 18	
AA278721	ESTs	
AA280036	eukaryotic translation initiation factor 4A; Isoform 2	
AA280648	ESTs; Weakly similar to rab-related GTP-binding protein	
AA280738	ESTs	
AA280794	ESTs	

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
AA280837	ESTs	
AA280886	ESTs	
AA280934	ESTs	
AA281535	KIAA0879 protein	
AA281797	general transcription factor IIH; polypeptide 2 (44kD subunit)	
AA282047	ESTs	
AA283002	zinc finger protein 187	
AA283709	calpain like protease	
AA283902	ESTs	
AA284108	Human DNA from chromosome 19-specific cosmid F25965;	
AA284109	Human DNA sequence from clone 71L16 on chromosome Xp11. Contains a probable Zinc Finger protein (pseudo)gene; an unknown putative gene; a pseudogene with high similarity to part	
AA284371	interleukin 13 receptor; alpha 1	
AA284744	ESTs; Highly similar to prefoldin subunit 2 (M.musculus)	
AA284784	mitochondrial ribosome recycling factor	
AA284840	ESTs	
AA286844	ESTs	
AA287032	ESTs	
AA287038	ESTs	
AA287546	ESTs	
AA287553	ESTs	
AA287556	ESTs; Weakly similar to !!!! ALU CLASS B WARNING ENTRY !!!!	
AA287564	IDN3 protein	
AA291015	CDC7 (cell division cycle 7; S. cerevisiae; homolog)-like 1	
AA291716	ESTs	
AA291749	estrogen receptor 1	
AA293656	ESTs	
AA302430	Human DNA sequence from clone 141H5 on chromosome Xq22.1-23. Contains parts of a novel Chordin LIKE protein with von Willebrand factor type C domains. Contains ESTs; STSs and	
AA302809	EST	
AA302820	purinergic receptor P2X; ligand-gated ion channel; 4	
AA310499	ESTs	
AA321890		
AA340589	EST	
AA340622	ESTs	
AA342457	ESTs; Moderately similar to !!!! ALU SUBFAMILY SQ WARNING	
AA342828	glycoprotein V (platelet)	
AA342864	ESTs	
AA342973	ESTs	
AA346495	ESTs	
AA347573	fibronectin leucine rich transmembrane protein 2	

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
AA347614	ESTs	
AA347717	ESTs	
AA348913	ESTs	
AA349647	EST	
AA349773	ESTs	
AA350541	ESTs	
AA357159	EST	
AA357172	ESTs	
AA369856	vacuolar protein sorting 41 (yeast homolog)	
AA370132	EST	
AA370472	ESTs	
AA370867	ESTs	
AA377296	ESTs	
AA383902	ESTs; Weakly similar to !!! ALU SUBFAMILY J WARNING	
AA385934	EST; Highly similar to predicted using Genefinder [C.elegans]	
AA386255	EST	
AA386260	EST	
AA386266	ESTs; Weakly similar to M6a [H.sapiens]	
AA398014	ESTs	
AA398222	ESTs	
AA398235	ESTs	
AA398348	ESTs	
AA398482	EST	
AA398504	ESTs	
AA398505	ESTs	
AA398507	nucleoporin 50kD	
AA398523	ESTs	
AA398625	ESTs	
AA398832	ESTs	
AA398833	ESTs	
AA398894	ESTs	
AA398895	EST	
AA398900	ESTs	
AA398904	EST	
AA399122	ESTs; Weakly similar to mitochondrial citrate transport protein	
AA399371	ESTs; Weakly similar to zinc finger protein SALL1 [H.sapiens]	
AA399373	ESTs; Highly similar to KIAA0568 protein [H.sapiens]	
AA399441	ESTs	
AA399636	ESTs	
AA399640	ESTs	
AA399680	ESTs	
AA400080	ESTs	
AA400262	ESTs	

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
AA400725	ESTs	
AA400748	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp434D024 (from clone	
AA400780	ESTs	
AA401631	ESTs	
AA401688	ESTs	
AA401695	EST	
AA402227	ESTs; Weakly similar to TROPOMODULIN [H.sapiens]	
AA402329	phosphodiesterase 4A; cAMP-specific (dunce (Drosophila)-homolog phosphodiesterase E2)	
AA402398	ESTs	
AA402449	EST	
AA402468	ESTs	
AA403268	ESTs	
AA403314	ESTs	
AA404229	EST	
AA404260	ESTs	
AA404271	glutamate receptor; ionotropic; kainate 1	
AA405026	ESTs	
AA405182	ESTs	
AA405237		
AA406061	EST	
AA406063	ESTs	
AA406070	EST	
AA406137	EST	
AA406335	ESTs	
AA411801	KIAA0307 gene product	
AA411804	ESTs	
AA411833	ESTs; Highly similar to Trad [H.sapiens]	
AA412219	ESTs	
AA412259	ESTs	
AA412497	EST	
AA412498	ESTs	
AA416586	ESTs	
AA416867	EST	
AA416874	ESTs	
AA421133	ESTs	
AA421138	EST	
AA422079	ESTs; Weakly similar to RAR-RESPONSIVE PROTEIN TIG1	
AA423837	ESTs	
AA424328	ESTs	
AA424339	ESTs	
AA424469	ESTs	
AA424502	ESTs	

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
AA425004	ESTs	
AA425734	ESTs; Weakly similar to hypothetical protein [H.sapiens]	
AA425887	ESTs	
AA426456	ESTs	
AA427396	ESTs	
AA427555	KIAA0203 gene product	
AA428218	ESTs	
AA428242	transcription factor 9 (binds GC-rich sequences)	
AA428281	EST	
AA428665	EST	
AA428994	ESTs	
AA429666	ESTs	
AA430181	ESTs	
AA430184	ATP/GTP-binding protein	
AA431288	CD3D antigen; delta polypeptide (TfT3 complex)	
AA431293	ESTs	
AA431478	ESTs	
AA431492	EST	
AA431732	EST	
AA432278	ESTs	
AA434411	ESTs	
AA435512	ESTs	
AA435698	ESTs	
AA435711	KIAA0712 gene product	
AA435815	Clk-associating RS-cyclophilin	
AA435842	ESTs	
AA436475	ESTs	
AA436489	ESTs	
AA442060	ESTs	
AA442079	ESTs	
AA443151	ESTs; Weakly similar to weak similarity with quinone	
AA446133	ESTs	
AA447145	Homo sapiens KIAA0399 mRNA; partial cds	
AA447398	EST	
AA447643	ESTs	
AA447742	dynein; axonemal; heavy polypeptide 17-like	
AA448226		
AA448825	EST	
AA449444	ESTs	
AA450087	regulator of Gz-selective protein signaling	
AA450211	EST	
AA450244	ESTs	
AA452123	ESTs; Weakly similar to T-complex protein 10A [H.sapiens]	
AA452155	zinc finger protein 198	

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
AA452156	EST	
AA453036	ESTs; Weakly similar to similar to molybdopterin biosynthesis	
AA453526	ESTs	
AA454085	EST	
AA454103	ESTs	
AA454642	ESTs	
AA454935	nuclear respiratory factor 1	
AA456323	ESTs	
AA457395	ESTs	
AA458850		
AA459662	ESTs	
AA459668	3-hydroxyisobutyryl-Coenzyme A hydrolase	
AA459679	ESTs; Weakly similar to The KIAA0191 gene is expressed	
AA459702	ESTs	
AA460017	ESTs; Weakly similar to diaphanous-related formin [M.musculus]	
AA460324	ESTs	
AA461509	ESTs; Weakly similar to putative p150 [H.sapiens]	
AA464414	ESTs	
AA464428	ESTs	
AA470084	ESTs	
AA476808	ESTs	
AA478521	ESTs	
AA478523	ESTs; Moderately similar to !!! ALU SUBFAMILY J WARNING	
AA479949	RAB2; member RAS oncogene family	
AA481252	oncogene TC21	
AA485351	KIAA1067 protein	
AA487264	ESTs	
AA489072	KIAA0870 protein	
AA489630	KIAA0665 gene product	
AA490225	ESTs	
AA490227	ESTs	
AA490255	ESTs	
AA490890	ESTs	
AA490916	ESTs	
AA490925	epilepsy; progressive myoclonic epilepsy; type 2 gene; Lafora	
AA490955	ESTs; Weakly similar to bullous pemphigoid antigen [M.musculus]	
AA495812	ESTs	
AA495824	ESTs	
AA496369	ESTs	
AA504125	ESTs	
AA521473	SEC10 (S. cerevisiae)-like 1	

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
AA598440	EST	
AA598899	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp564D036 (from clone	
AA599244	KIAA0530 protein	
AA599694	KIAA0133 gene product	
AA600037	ESTs	
AA609135	ESTs	
AA609582	katanin p60 (ATPase-containing) subunit A 1	
AA609684	ESTs	
AA609839	4-nitrophenylphosphatase domain and non-neuronal SNAP25-like	
AA609862	RNA-binding protein gene with multiple splicing	
AA620423	EST	
AA620747	ESTs	
AA621364	ESTs	
C20653	ESTs	
D20085	ESTs; Weakly similar to KIAA0742 protein [H.sapiens]	
D20749	ESTs	
D51285	ESTs	
D59972	cullin 5	
F04112	ESTs	
F13604	ESTs	
H01662	ESTs	
H05135	ESTs	
H12245		
H22842	EST	
H30894	ESTs	
H43442	leucyl-tRNA synthetase; mitochondrial	
H45996	putative G protein-coupled receptor	
H69281	ESTs	
H69485	ESTs	
H69899	ESTs; Moderately similar to unknown [H.sapiens]	
H70627	ESTs; Weakly similar to !!! ALU CLASS E WARNING ENTRY !!!	
H73050	Rhesus blood group; D antigen	
H73260	ESTs	
H77531	HIR (histone cell cycle regulation defective; S. cerevisiae)	
H80552	EST	
H80737	lysyl oxidase	
H93412	ESTs; Weakly similar to ORF YGR101w [S.cerevisiae]	
H94892	v-ral simian leukemia viral oncogene homolog A (ras related)	
H95643	neurotrophic tyrosine kinase; receptor; type 1	
H96552	ESTs	
H97146	ESTs; Highly similar to G protein-coupled receptor kinase 6;	
H99131	ESTs	

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
H99462	ribosomal protein; mitochondrial; L12	
H99837	ESTs	
N22140	ESTs; Weakly similar to beta-tubulin [H.sapiens]	
N22197	Sec23-interacting protein p125	
N23756	solute carrier family 23 (nucleobase transporters); member 1	
N24134	eukaryotic translation initiation factor 1A; Y chromosome	
N24195	novel centrosomal protein RanBPM	
N26739	DKFZP564B147 protein	
N27098	EST	
N27637	ESTs	
N33090	DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide 19 (Dbp5; yeast;	
N35967	serine/threonine kinase 24 (Ste20; yeast homolog)	
N38959	chaperonin containing TCP1; subunit 2 (beta)	
N39069	ESTs	
N46441	ESTs	
N48270	ESTs	
N48365	ESTs	
N51316	ESTs	
N51499	A kinase (PRKA) anchor protein 2	
N53976	ESTs	
N54157	ESTs	
N54300	ESTs	
N54831	ESTs	
N59849	ESTs	
N62132	ESTs	
N62375	EST	
N63138	ESTs	
N63172	cell division cycle 42 (GTP-binding protein; 25kD)	
N63772	novel putative protein similar to YIL091C yeast hypothetical 84 kD protein from SGA1-KTR7	
N63787	sama domain; immunoglobulin domain (Ig); short basic domain;	
N68168		
N68201	ESTs	
N68300	ESTs	
N69321	EST	
N69575	EST	
N75007	ESTs; Moderately similar to KIAA1004 protein [H.sapiens]	
N75542	transcription factor 4	
N90066	O-linked N-acetylglucosamine (GlcNAc) transferase (UDP-N-acetylglucosamine:polypeptide-N-acetylglucosaminyl)	
N91246	ESTs	
N92751	ESTs; Weakly similar to MICROTUBULE-ASSOCIATED	
N93214	KIAA0318 protein	

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
N99148	ESTs; Weakly similar to ZINC FINGER PROTEIN 83 [H.sapiens]	
R07876	ESTs; Weakly similar to unknown [S.cerevisiae]	
R10865	alpha-fetoprotein	
R11056	ESTs	
R11488	ESTs	
R22947	ESTs	
R23930	ESTs; Highly similar to prediabetic NOD sera-reactive autoantigen	
R26569	ESTs	
R37588	RAB2; member RAS oncogene family-like	
R37613	Homo sapiens clone 25027 mRNA sequence	
R38398	Homo sapiens clone 23758 mRNA sequence	
R39179	ESTs	
R40923	ESTs	
R41179	Human mRNA for KIAA0328 gene; partial cds	
R41294	ESTs	
R42307	early development regulator 2 (homolog of polyhomeotic 2)	
R43189	ESTs	
R43306	ESTs	
R44357	ESTs; Weakly similar to cDNA EST EMBL:TD1421 comes from	
R44519	EST; Moderately similar to Pro-Pol-dUTPase polyprotein	
R45088		
R47948	ESTs	
R51524	ESTs	
R54950	ESTs	
R55241	ESTs	
R59585	ESTs	
R60044	ESTs; Highly similar to BETA-CATENIN [H.sapiens]	
R60872	ESTs	
R66690	ESTs	
R67266	exostoses (multiple)-like 1	
R73588	ESTs	
R79403	ESTs	
R87647	ESTs	
R93622	eukaryotic translation initiation factor 2; subunit 2 (beta; 38kD)	
R99599	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein U (scaffold attachment	
R99612	ESTs; Moderately similar to !!!! ALU SUBFAMILY J WARNING	
T02888		
T03170	EST	
T10465		
T15418	EST	
T15597	KIAA0861 gene product	
T15652	ESTs	

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
T16898	ash2 (absent; small; or homeotic; Drosophila; homolog)-like	
T26644	ESTs; Weakly similar to zinc finger protein [H.sapiens]	
T40841	ESTs	
T47566		
T50116		
T50145		
T58615	ESTs	
T59940	ESTs	
T63595	ESTs	
T64891		
T64924	ESTs	
T64933	ESTs; Weakly similar to !!!! ALU SUBFAMILY SQ WARNING ENTRY !!!! [H.sapiens]	
T68875		
T69027	ESTs	
T69924		
T70353	ESTs	
T79780	ESTs; Weakly similar to CGI-69 protein [H.sapiens]	
T79951	ESTs	
T80174	ESTs; Moderately similar to similar to NEDD-4 [H.sapiens]	
T80622	ESTs; Weakly similar to envelope [H.sapiens]	
T85352	ESTs	
T85373	ESTs	
T86284	ESTs	
T89579	transcription factor Dp-1	
T90360	ESTs	
T94328	ESTs	
T95590		
T97257	ESTs	
T97599	ESTs	
T97620	ESTs	
T97775	EST	
T98152	fibrillin 2 (congenital contractural arachnodactyly)	
W31479	ESTs	
W37999	ESTs	
W38240		
W40150	chondroitin sulfate proteoglycan 6 (barnacan)	
W45435	KIAA0784 protein	
W58202	ESTs	
W58344	ESTs	
W58650	ESTs	
W68736	Human DNA sequence from clone 1189B24 on chromosome Xq25-26.3. Contains NADH-Ubiquinone Oxidoreductase MLRQ subunit (EC 1.6.5.3; EC 1.6.99.3; CI-MLRQ); Tubulin Beta and Proto-oncogene Tyrosine-protein Kinase FER (EC 2.7.1.112;	

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
W69106	chromobox homolog 3 (Drosophila HP1 gamma)	
W69111	ESTs	
W69385	nuclear mitotic apparatus protein 1	
W69399	H1 histone family; member 0	
W69459	sex comb on midleg (Drosophila)-like 1	
W72424	S100 calcium-binding protein A9 (calgranulin B)	
W72724	ESTs	
W72834	ESTs	
W73955	Homo sapiens chromosome 19; cosmid R26445	
W74701	ESTs	
W76540	DKFZP564G2022 protein	
W79397	ESTs	
W85888	ESTs; Moderately similar to !!! ALU SUBFAMILY SQ WARNING	
W86038	ESTs	
W86881	ESTs	
W87804	ESTs	
W88942		
W90022	ESTs; Highly similar to LECT2 precursor [H.sapiens]	
W92272	chromodomain helicase DNA binding protein 3	
W92764	tumor necrosis factor; alpha-induced protein 6	
W93040	Homo sapiens paired mesoderm homeo box 1 (PMX1); mRNA	
W93092	neutral sphingomyelinase (N-SMase) activation associated factor	
W93227	EST	
W93523	ESTs	
W93659	ESTs	
W94003	ESTs	
W94401	ESTs	
W94688	perlipin	
W94787	destin (actin depolymerizing factor)	
Z38294	ESTs	
Z38311	ESTs	
Z38465	ESTs	
Z38525	ESTs	
Z38538	ESTs	
Z38551	ESTs	
Z38783	Ca ²⁺ -dependent activator protein for secretion	
Z39113	ESTs	
Z39255	YDD19 protein	
Z39591	EST	
Z39783	ESTs; Weakly similar to K01H12.1 [C.elegans]	
Z39920	ESTs; Weakly similar to NADH-CYTOCHROME B5 REDUCTASE	
Z40166	ESTs	
Z40388	ESTs	

(表3の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
Z40646	ESTs	
Z41697	ESTs	
Z99349	ESTs	
Z99394	zinc finger protein 36 (KOX 18)	

【0284】

【表4】

表 4

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
D86425	Homo sapiens mRNA for nidogen-2	Hs.82733
D86983	Human mRNA for KIAA0230 gene; partial cds	Hs.118893
HG1098-HT1098	Cystatin D	
HG1103-HT1103	Guanine Nucleotide-Binding Protein Ral, Ras-Oncogene Related	
HG3342-HT3519	Id1	
J03764	plasminogen activator inhibitor; type I	Hs.82085
L06797	chemokine (C-X-C motif); receptor 4 (fusin)	Hs.89414
L15388	Human G protein-coupled receptor kinase (GRK5) mRNA, complete cds	Hs.211569
L20971	phosphodiesterase 4B; cAMP-specific (dunce (Drosophila)-homolog phosphodiesterase E4)	Hs.188
L35545	endothelial cell protein C/activated protein C receptor	Hs.82353
L76380	calcitonin receptor-like	Hs.152175
M21305	Human alpha satellite and satellite 3 junction DNA sequence	Hs.247946
M24736	selectin E (endothelial adhesion molecule 1)	Hs.89546
M31166	pentaxin-related gene; rapidly induced by IL-1 beta	Hs.2050
M31551	plasminogen activator inhibitor; type II (arginine-aerpin)	Hs.75716
M32334	intercellular adhesion molecule 2	Hs.83733
M61916	laminin; beta 1	Hs.82124
M68874	Human phosphatidylcholine 2-acylhydrolase (cPLA2) mRNA, complete cds	
M74719	transcription factor 4	Hs.75356
M92934	connective tissue growth factor	Hs.75511
M94856	fatty acid binding protein 5 (psoriasis-associated)	Hs.153179
U03057	slinged (Drosophila)-like (sea urchin fascin homolog like)	Hs.118400
U03877	EGF-containing fibulin-like extracellular matrix protein 1	Hs.76224
U18300	damage-specific DNA binding protein 2 (48kD)	Hs.77602
U27109	Human prepromulimerin mRNA; complete cds	Hs.32934
U31384	guanine nucleotide binding protein 11	Hs.83381
U33053	protein kinase C-like 1	Hs.2499
U59423	MAD (mothers against decapentaplegic; Drosophila) homolog 1	Hs.79067
U70322	karyopherin (importin) beta 2	Hs.168075
U81607	kinase scaffold protein gravin	Hs.788
U83463	syndecan binding protein (syntenin)	Hs.8180
U89942	lysyl oxidase-like 2	Hs.83354
X04729	Human mRNA for plasminogen activator inhibitor type 1 N-terminus	
X06256	integrin; alpha 5 (fibronectin receptor; alpha polypeptide)	Hs.149609
X07820	matrix metalloproteinase 10 (stromelysin 2)	Hs.2258
X54925	matrix metalloproteinase 1 (interstitial collagenase)	Hs.83169
X54936	placental growth factor; vascular endothelial growth factor-related protein	Hs.2894
X60957	tyrosine kinase with immunoglobulin and epidermal growth factor homology domains	Hs.78824
X67235	hematopoietically expressed homeobox	Hs.118651
X67951	proliferation-associated gene A (natural killer-enhancing factor A)	Hs.180909

(表4の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
X69910	H.sapiens p63 mRNA for transmembrane protein	Hs.74368
X79981	cadherin 5; VE-cadherin (vascular epithellum)	Hs.76206
Z18951	caveolin 1; caveolae protein; 22kD	Hs.247266
AA187101	zp61b6.r1 Stratagene endothelial cell 937223 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:624659 5', mRNA sequence	
N24990	ESTs	Hs.26418
R81003	Homo sapiens serine protease mRNA; complete cds	Hs.154737
AA025351	ESTs	Hs.134797
AA027168	ESTs	Hs.10031
AA040465	ESTs	Hs.8726
AA045136	ESTs	Hs.22575
AA054087	phospholipase A2; group IVC (cytosolic; calcium-independent)	Hs.18858
AA071089	ESTs; Moderately similar to !!!! ALU SUBFAMILY SC WARNING ENTRY !!!! [H.sapiens]	Hs.187932
AA085918	H.sapiens HUNK1 mRNA	Hs.247482
AA187490	ESTs	Hs.21941
AA227926	ESTs	Hs.6682
AA234743	ESTs	Hs.22120
AA236559	ESTs; Weakly similar to neuronal thread protein AD7c-NTP [H.sapiens]	Hs.8766
AA292694	ESTs	Hs.3807
AA398243	ESTs; Moderately similar to (define not available 3694664) [H.sapiens]	Hs.21806
AA406363	ESTs	Hs.30822
AA411465	ESTs	Hs.8619
AA412284	poliovirus receptor	Hs.171844
AA423987	ESTs	Hs.7567
AA425309	ESTs	Hs.33287
AA435896	ESTs	Hs.18397
AA448238	Homo sapiens mRNA for KIAA0915 protein; complete cds	Hs.16714
AA478778	ESTs	Hs.16450
AA621714	ESTs	Hs.25338
D51069	Human isolate JuSo MUC18 glycoprotein mRNA (3' variant); complete cds	Hs.211579
T34527	UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 1 (GalNAc-T1)	Hs.80120
U97519	podocalyxin-like	Hs.16426
AA127221	ESTs	Hs.71059
AA132983	ESTs; Moderately similar to C-1-TETRAHYDROFOLATE SYNTHASE; CYTOPLASMIC [H.sapiens]	Hs.44155
AA135806	ESTs; Weakly similar to !!!! ALU SUBFAMILY SB WARNING ENTRY !!!! [H.sapiens]	Hs.189384
AA156125	ESTs	Hs.72116
AA179845	RAB6 interacting; kinesin-like (rabkinesin6)	Hs.73625
AA232645	ESTs	Hs.42699
F10399	ESTs	Hs.14763
H16772	ESTs	Hs.31444
N39584	ESTs	Hs.17404

(表 4 の 続 き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
N52006	UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 1 (GalNAc-T1)	Hs.80120
N53375	Homer; neuronal immediate early gene; 3	Hs.166146
N54067	Homo sapiens mRNA for NIK; partial cds	Hs.3828
N64436	ESTs	Hs.20813
R26892	ESTs	Hs.221434
T33637	ESTs	Hs.6841
T57112	yc20g11.s1 Stratagene lung (#937210) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:81284 3', mRNA sequence.	
W80763	ESTs; Moderately similar to FK506-binding protein 65kD [M.musculus]	Hs.3849
AA046808	ESTs; Highly similar to 40S RIBOSOMAL PROTEIN S27 [H.sapiens]	Hs.108957
AA253217	ESTs	Hs.41271
AA255991	ESTs	Hs.175319
AA258138	ESTs	Hs.88297
AA426573	ESTs	Hs.41135
AA443793	ESTs	Hs.94761
AA490588	ESTs	Hs.43118
AA498257	ESTs; Weakly similar to (define not available 3513303) [H.sapiens]	Hs.72165
AA609717	ESTs; Weakly similar to MICROTUBULE-ASSOCIATED PROTEIN 1B [H.sapiens]	Hs.66048
D59570	ESTs	Hs.17132
F13787	ESTs	Hs.58596
H88157	ESTs	Hs.41105
H98988	ESTs	Hs.42612
N34287	unc5 (C.elegans homolog) C	Hs.44553
N52090	EST	Hs.47420
N66845	ESTs; Weakly similar to !!!! ALU CLASS B WARNING ENTRY !!!! [H.sapiens]	Hs.165411
N69905	small inducible cytokine A5 (RANTES)	
R32894	ESTs	Hs.45514
R61715	ESTs	Hs.138237
R71234	yi54c08.s1 Soares placenta Nb2HP Homo sapiens cDNA clone IMAGE:143054 3' similar to gb M87908 HUMALNE32 Human carcinoma cell-derived Alu RNA transcript, (rRNA); gb:S41458 ROD	
R98105	yr30g11.s1 Soares fetal liver spleen 1NFLS Homo sapiens cDNA clone IMAGE:206852 3', mRNA sequence.	
T97186	small inducible cytokine A5 (RANTES)	
W80814	ESTs; Moderately similar to !!!! ALU SUBFAMILY SB WARNING ENTRY !!!! [H.sapiens]	Hs.193700
AA404418	EST	Hs.144953
AA405747	ESTs; Moderately similar to HMG-box transcription factor [M.musculus]	Hs.97865
AA488687	ESTs; Moderately similar to !!!! ALU SUBFAMILY SQ WARNING ENTRY !!!! [H.sapiens]	Hs.190307
AA599143	ESTs; Moderately similar to !!!! ALU SUBFAMILY SQ WARNING ENTRY !!!! [H.sapiens]	
AA608588	ESTs	Hs.193634

(表4の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
AA608751	ESTs; Moderately similar to IIII ALU SUBFAMILY SC WARNING ENTRY IIII [H.sapiens]	Hs.244904
C13961	EST	Hs.210115
D60302	ESTs	Hs.108977
H94892	v-ral simian leukemia viral oncogene homolog A (ras related)	Hs.6906
N93521	transcription factor 4	Hs.241362
N95477	ESTs	Hs.102943
R60044	ESTs; Weakly similar to IIII ALU SUBFAMILY J WARNING ENTRY IIII [H.sapiens]	Hs.106706
R70506	ESTs; Moderately similar to transformation-related protein [H.sapiens]	Hs.107159
T91518	ye20f05.s1 Stratagene lung (#937210) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:118305 3' similar to contains Alu repetitive element;contains	
T95333	ESTs; Weakly similar to Strabismus [D.melanogaster]	Hs.122730
R45630	ESTs; Highly similar to KIAA0372 [H.sapiens]	Hs.170098
R20839	yg05c07.r1 Soares infant brain 1NIB Homo sapiens cDNA clone IMAGE:31444 5' mRNA sequence.	
R23858	ESTs; Moderately similar to envelope protein [H.sapiens]	Hs.23986
AJ024874	ESTs; Weakly similar to (define not available 3882257) [H.sapiens]	Hs.57958
W26247	U5 snRNP-specific protein (220 kD); ortholog of S. cerevisiae Prp8p	Hs.6413
AA856990	ESTs	Hs.125058
AA136653	ESTs	
AA358869	ESTs; Highly similar to SEC13-RELATED PROTEIN [H.sapiens]	Hs.227949
AI123976	ESTs	Hs.105689
AJ369384	arylsulfatase D	
AA379500	ESTs	Hs.193155
R49693	ESTs	Hs.107708
AA195678	Homo sapiens mRNA for KIAA0465 protein; partial cds	Hs.108258
M30257	vascular cell adhesion molecule 1	Hs.109225
AA028131	ESTs	Hs.110342
M10321	Human von Willebrand factor mRNA, 3' end	Hs.110802
J03040	secreted protein; acidic; cysteine-rich (osteonectin)	Hs.111779
M86933	amelogenin (Y chromosome)	Hs.1238
AA012933	tubulin-specific chaperone d	Hs.241687
AA286710	lymphocyte adaptor protein	Hs.13131
AA243278	ribosomal protein; mitochondrial; L12	Hs.109059
D59711	ESTs	Hs.237289
T94452	ye36g7.s1 Stratagene lung (#93721) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:119868 3' mRNA sequence	Hs.241207
AA053400	ESTs	Hs.241227
AA370302	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586i1518 (from clone DKFZp586i1518)	Hs.21739
J05008	endothelin 1	Hs.2271
U85193	nuclear factor I/B	Hs.33287
AA256153	ESTs	Hs.23912
X83107	BMX non-receptor tyrosine kinase	Hs.27372
AA046593	ESTs	Hs.28959

(表4の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
AA410480	ESTs	Hs.30089
D45304	ESTs	Hs.31595
M90657	transmembrane 4 superfamily member 1	Hs.3337
AA010163	upstream regulatory element binding protein 1	Hs.3383
AA136353	ESTs	Hs.38022
Y07867	pirin	Hs.38842
U84573	procollagen-lysine; 2-oxoglutarate 5-dioxygenase (lysine hydroxylase) 2	Hs.41270
X60486	H4 histone family; member G	Hs.46423
AA132969	metalloprotease 1 (pitrilysin family)	Hs.4812
AA114250	KIAA0512 gene product	Hs.48924
F13782	LIM binding domain 2	Hs.4980
AA283035	ESTs; Weakly similar to IIII ALU SUBFAMILY J WARNING ENTRY IIII [H.sapiens]	Hs.54813
AB002301	Human mRNA for KIAA0303 gene; partial cds	Hs.54985
AA056731	Sjogren syndrome antigen A2 (60kD; ribonucleoprotein autoantigen SS-A/Ro)	Hs.554
U68019	MAD (mothers against decapentaplegic; Drosophila) homolog 3	Hs.211578
H99198	ESTs; Moderately similar to THYMOSIN BETA-4 [H.sapiens]	Hs.56145
AA598702	bone morphogenetic protein 6	Hs.6101
N77151	Homo sapiens mRNA for KIAA0799 protein; partial cds	Hs.61638
AA505133	ESTs	Hs.62273
AB000584	prostate differentiation factor	Hs.116577
D12763	interleukin 1 receptor-like 1	Hs.66
AA253193	ESTs	Hs.6631
AA432248	ESTs	Hs.6738
AA083572	v-rat simian leukemia viral oncogene homolog A (ras related)	Hs.6906
AA479713	ESTs	Hs.71962
L40395	Homo sapiens clone 23689 mRNA; complete cds	Hs.170001
X52947	gap junction protein; alpha 1; 43kD (connexin 43)	Hs.74471
W80846	vesicle-associated membrane protein 5 (myobrevin)	Hs.74669
M34539	FK506-binding protein 1A (12kD)	Hs.752
D67029	SEC14 (S. cerevisiae)-like	Hs.75232
U09587	glycyl-tRNA synthetase	Hs.75280
M85289	Human heparan sulfate proteoglycan (HSPG2) mRNA, complete cds	Hs.211573
D10522	myristoylated alanine-rich protein kinase C substrate (MARCKS; 80K-L)	Hs.75807
W84712	calumenin	Hs.7753
D29992	tissue factor pathway inhibitor 2	Hs.78045
L34657	platelet/endothelial cell adhesion molecule (CD31 antigen)	Hs.78146
S78569	laminin; alpha 4	Hs.78672
D43636	Human mRNA for KIAA0096 gene; partial cds	Hs.79025
U97188	IGF-II mRNA-binding protein 3	Hs.79440
AA487558	ESTs	Hs.8135
M28882	Human MUC18 glycoprotein mRNA, complete cds	Hs.211579
X70883	SRY (sex determining region Y)-box 4	Hs.83484
X14787	thrombospondin 1	Hs.87409

(表4の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
AA236324	ESTs; Weakly similar to IIII ALU CLASS A WARNING ENTRY IIII [H.sapiens]	Hs.92381
C15324	ESTs	Hs.93668
AA452000	ESTs	Hs.94030
D83174	collagen-binding protein 2 (collgen 2)	Hs.9930
D00596	Homo sapiens gene for thymidylate synthase; exons 1; 2; 3; 4; 5; 6; 7; complete cds	Hs.198351
D11428	peripheral myelin protein 22	Hs.103724
D13640	major histocompatibility complex; class I; C	Hs.183618
D14874	adrenomedullin	Hs.394
D26129	ribonuclease; RNase A family; 1 (pancreatic)	Hs.78224
D28476	thyroid hormone receptor interactor 12	Hs.138617
D86425	Homo sapiens mRNA for nidogen-2	Hs.82733
D86983	Human mRNA for KIAA0230 gene; partial cds	Hs.118893
D87953	N-myc downstream regulated	Hs.75789
HG1862-HT1897	Calmodulin Type I	
HG2614-HT2710	Collagen, Type VIII, Alpha 1	
HG2839-HT2735	Single-Stranded Dna-Binding Protein Mssp-1	
HG2855-HT2995	Heat Shock Protein, 70 Kda (Gb:Y00371)	
HG3044-HT3742	Fibronectin, Alt. Splice 1	
HG3342-HT3519	Id1	
HG3543-HT3739	Insulin-Like Growth Factor 2	
HG4069-HT4339	Monocyte Chemotactic Protein 1	
HG417-HT417	Cathepsin B	
J03764	plasminogen activator inhibitor; type I	Hs.82085
L06797	chemokine (C-X-C motif); receptor 4 (fusin)	Hs.89414
L08246	myeloid cell leukemia sequence 1 (BCL2-related)	Hs.86386
L12711	transketolase (Wernicke-Korsakoff syndrome)	Hs.89643
L13977	prolylcarboxypeptidase (angiotensinase C)	Hs.75693
L15388	Human G protein-coupled receptor kinase (GRK5) mRNA, complete cds	
L19871	activating transcription factor 3	Hs.460
L20859	Human leukemia virus receptor 1 (GLVR1) mRNA; complete cds	Hs.78452
L42176	four and a half LIM domains 2	Hs.8302
L49169	Human GOS3 mRNA; complete cds	Hs.75678
L76380	calcitonin receptor-like	Hs.152175
M15990	v-yes-1 Yamaguchi sarcoma viral oncogene homolog 1	Hs.194148
M23254	calpain; large polypeptide L2	Hs.76288
M24736	selectin E (endothelial adhesion molecule 1)	Hs.89546
M28578	collagen; type IV; alpha 1	Hs.119129
M27396	asparagine synthetase	Hs.75692
M31166	pentaxin-related gene; rapidly induced by IL-1 beta	Hs.2050
M31994	Homo sapiens aldehyde dehydrogenase (ALDH1) gene, exon 13 and complete cds	
M32334	intercellular adhesion molecule 2	Hs.83733
M35878	insulin-like growth factor binding protein 3	Hs.77326

(表4の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
M35429	postmeiotic segregation Increased 2-like 12	Hs.89672
M57730	ephrin-A1	Hs.1624
M57731	GRO2 oncogene	Hs.75765
M60858	nucleolin	Hs.79110
M62994	filamin B; beta (actin-binding protein-278)	Hs.81008
M68874	Human phosphatidylcholine 2-acylhydrolase (cPLA2) mRNA, complete cds	
M69043	nuclear factor of kappa light polypeptide gene enhancer in B-cells inhibitor, alpha	Hs.81328
M74719	transcription factor 4	Hs.75356
M75126	hexokinase 1	Hs.118625
M84349	CD59 antigen p18-20 (antigen identified by monoclonal antibodies 16.3A5; EJ16; EJ30; EL32 and G344)	Hs.119663
M92843	zinc finger protein homologous to Zip-36 in mouse	Hs.198309
M92934	connective tissue growth factor	Hs.75511
M93056	protease inhibitor 2 (anti-elastase); monocyte/neutrophil	Hs.183583
M94856	fatty acid binding protein 5 (psoriasis-associated)	Hs.153179
M95787	transgelin	Hs.75777
S76965	Protein kinase inhibitor [human; neuroblastoma cell line SH-SY-5Y; mRNA; 2147 nt]	Hs.75209
S81914	DIFFERENTIATION-DEPENDENT GENE 2	Hs.76095
U03057	singed (Drosophila)-like (sea urchin fascin homolog like)	Hs.118400
U03100	catenin (cadherin-associated protein); alpha 1 (102kD)	Hs.178452
U03877	EGF-containing fibulin-like extracellular matrix protein 1	Hs.75224
U08021	nicotinamide N-methyltransferase	Hs.76669
U14391	myosin IC	Hs.82251
U31384	guanine nucleotide binding protein 11	Hs.83381
U32944	dynein; cytoplasmic; light polypeptide	Hs.5120
U40369	Human spermidine/spermine N1-acetyltransferase (SSAT) gene, complete cds	
U41767	Human metargidin precursor mRNA, complete cds	
U48959	Homo sapiens myosin light chain kinase (MLCK) mRNA; complete cds	Hs.75950
U51010	Human nicotinamide N-methyltransferase gene, exon 1 and 5' flanking region	
U51478	ATPase; Na+/K+ transporting; beta 3 polypeptide	Hs.76941
U53445	Human ovarian cancer downregulated myosin heavy chain homolog (Doc1) mRNA; complete cds	Hs.15432
U59289	cadherin 13; H-cadherin (heart)	Hs.83984
U59423	MAD (mothers against decapentaplegic; Drosophila) homolog 1	Hs.79067
U62015	Homo sapiens Cyr61 mRNA, complete cds	
U63825	Human hepatitis delta antigen interacting protein A (dipA) mRNA; complete cds	Hs.66713
U67963	Human lysophospholipase homolog (HU-K5) mRNA; complete cds	Hs.6721
U73379	Human cyclin-selective ubiquitin carrier protein mRNA; complete cds	Hs.93002
U73824	eukaryotic translation initiation factor 4 gamma; 2	Hs.183684
U77604	microsomal glutathione S-transferase 2	Hs.81874
UB1607	kinase scaffold protein gravin	Hs.788

(表4の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
U89942	lysyl oxidase-like 2	Hs.83354
X04412	gelsolin (amyloidosis; Finnish type)	Hs.80562
X06985	heme oxygenase (decycling) 1	Hs.75967
X07820	matrix metalloproteinase 10 (stromelysin 2)	Hs.2258
X12876	keratin 18	Hs.65114
X15729	DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide 5 (RNA helicase; 68kD)	Hs.76053
X52541	early growth response 1	Hs.738
X53416	filamin A; alpha (actin-binding protein-280)	Hs.76279
X54489	GRO1 oncogene (melanoma growth stimulating activity; alpha)	Hs.789
X54925	matrix metalloproteinase 1 (interstitial collagenase)	Hs.83169
X57206	Inositol 1:4:5-trisphosphate 3-kinase B	Hs.78877
X59798	cyclin D1 (PRAD1; parathyroid adenomatosis 1)	Hs.82932
X60957	tyrosine kinase with immunoglobulin and epidermal growth factor homology domains	Hs.78824
X65965	H.sapiens SOD-2 gene for manganese superoxide dismutase	
X69111	inhibitor of DNA binding 3; dominant negative helix-loop-helix protein	Hs.78884
X70940	eukaryotic translation elongation factor 1 alpha 2	Hs.2642
X87838	catenin (cadherin-associated protein); beta 1 (88kD)	Hs.171271
X91247	thioredoxin reductase 1	Hs.13046
X97748	H.sapiens PTX3 gene promotor region	
Y00815	protein tyrosine phosphatase; receptor type; F	Hs.75216
AA303711	ephrin-B1	Hs.144700
L44538	ESTs	Hs.156044
AA025351	ESTs	Hs.134797
AA027050	ESTs	Hs.31189
AA029462	ESTs	Hs.17235
AA045136	ESTs	Hs.22575
AA047437	ESTs	Hs.22968
AA054087	phospholipase A2; group IVC (cytosolic; calcium-independent)	Hs.18658
AA071089	ESTs; Moderately similar to !!!! ALU SUBFAMILY SC WARNING ENTRY !!!! [H.sapiens]	Hs.187932
AA156450	ESTs; Weakly similar to Similar to Rat trg gene product [C.elegans]	Hs.8982
AA187490	ESTs	Hs.21941
AA195031	ESTs; Moderately similar to PROBABLE G PROTEIN-COUPLED RECEPTOR APJ [H.sapiens]	Hs.9305
AA205724	ESTs	Hs.10119
AA227926	ESTs	Hs.6682
AA227986	ESTs	Hs.25329
AA234743	ESTs	Hs.22120
AA253216	ESTs	Hs.22283
AA256210	oncomodulin	Hs.199134
AA256268	ESTs	Hs.10263
AA279397	ESTs; Moderately similar to fibronectin [H.sapiens]	Hs.25001
AA292379	ESTs; Moderately similar to !!!! ALU SUBFAMILY SQ WARNING ENTRY !!!! [H.sapiens]	Hs.20340

(表4の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
AA292717	ESTs; Weakly similar to JM2 [H.sapiens]	Hs.7891
AA346551	ESTs	Hs.23457
AA400292	ESTs	Hs.23786
AA404338	ESTs	Hs.21812
AA412284	poliovirus receptor	Hs.171844
AA423987	ESTs	Hs.7567
AA428594	ESTs	Hs.21321
AA430108	ESTs	Hs.6019
AA431462	ESTs	Hs.28329
AA431470	ESTs; Weakly similar to CAMP-DEPENDENT PROTEIN KINASE INHIBITOR; MUSCLE/BRAIN FORM [H.sapiens]	Hs.3407
AA443756	ESTs; Moderately similar to (define not available 4105275) [H.sapiens]	Hs.6673
AA449479	ESTs; Highly similar to (define not available 6106787) [H.sapiens]	Hs.5216
AA459916	bradykinin receptor B2	Hs.25021
AA465226	ESTs	Hs.28631
AA478778	ESTs	Hs.16450
AA479037	ESTs	Hs.7981
AA482597	ESTs; Highly similar to (define not available 4704739) [H.sapiens]	Hs.26054
AA487561	ESTs; Highly similar to RAS-RELATED PROTEIN RAB-1A [H.sapiens]	Hs.9813
AA489245	ESTs; Weakly similar to sperm specific protein [H.sapiens]	Hs.5682
AA504110	ESTs	Hs.18063
AA520989	ESTs; Highly similar to SERINE/THREONINE PROTEIN PHOSPHATASE PP1-BETA CATALYTIC SUBUNIT [H.sapiens]	Hs.9195
AA599434	ESTs	Hs.25035
AA608649	Homo sapiens clone 23742 mRNA; partial cds	Hs.6354
AA609519	ESTs	Hs.26458
D51069	Human isolate JuSo MUC18 glycoprotein mRNA (3' variant); complete cds	Hs.185718
U97519	podocalyxin-like	Hs.16428
W28391	proliferation-associated 2G4; 38kD	Hs.5181
AA035638	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp564F053 (from clone DKFZp564F053)	Hs.71968
AA083514	ESTs	Hs.68301
AA121315	ESTs	Hs.70823
AA147186	ESTs	Hs.92387
AA158125	ESTs	Hs.72116
AA188932	ESTs	Hs.85640
AA219653	ESTs	Hs.87125
AA232645	ESTs	Hs.42699
F10078	ESTs	Hs.13233
H48032	ESTs	Hs.9845
H82117	ESTs	Hs.28043
N39584	ESTs	Hs.17404
N54067	Homo sapiens mRNA for NIK; partial cds	Hs.3628
N59858	ESTs	Hs.33032

(表4の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
N90933	ESTs	Hs.4867
N93764	ESTs; Moderately similar to !!!! ALU CLASS C WARNING ENTRY !!!! [H.sapiens]	Hs.10175
R26124	ESTs	Hs.24024
R27957	ESTs	Hs.24230
R55470	ESTs; Moderately similar to K02E10.2 [C.elegans]	Hs.11067
T16550	ESTs; Highly similar to vacuolar protein sorting homolog h-vps45 [H.sapiens]	Hs.6650
T26674	ESTs; Weakly similar to neuronal thread protein AD7c-NTP [H.sapiens]	Hs.6966
T57112	yc20g11.s1 Stratagene lung (#937210) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:81284 3', mRNA sequence.	Hs.8881
T88700	ESTs	Hs.173374
T90527	ESTs	Hs.7890
W42789	ESTs	Hs.31446
W60002	plastin 3 (T isoform)	Hs.4114
W78175	ESTs	Hs.17901
W84768	ESTs	Hs.141742
W94427	ESTs; Weakly similar to Na;K-ATPase gamma subunit [H.sapiens]	Hs.3807
AA253217	ESTs	Hs.41271
AA426573	ESTs	Hs.41135
AA432374	ESTs	Hs.48029
AA446622	ESTs	Hs.74313
AA478771	ESTs	Hs.50841
AA482594	ESTs	Hs.62684
AA490588	ESTs	Hs.43118
D59570	ESTs	Hs.17132
H89157	ESTs	Hs.41105
H94648	ESTs	Hs.41995
H97538	ESTs	Hs.42392
H98670	ESTs; Weakly similar to (defline not available 4884081) [H.sapiens]	Hs.49753
N22107	ESTs; Moderately similar to !!!! ALU SUBFAMILY SC WARNING ENTRY !!!! [H.sapiens]	Hs.172241
W38197	Accession not listed in Genbank	
W80814	ESTs; Moderately similar to !!!! ALU SUBFAMILY SB WARNING ENTRY !!!! [H.sapiens]	Hs.196785
AA287347	ESTs	Hs.105088
AA402799	ESTs	Hs.182538
AA404418	EST	Hs.144953
AA425107	ESTs	Hs.97016
AA425435	ESTs; Moderately similar to !!!! ALU SUBFAMILY J WARNING ENTRY !!!! [H.sapiens]	Hs.98438
AA442872	ESTs	Hs.110771
AA452860	ESTs; Moderately similar to !!!! ALU SUBFAMILY SP WARNING ENTRY !!!! [H.sapiens]	Hs.197214
AA488687	ESTs; Moderately similar to !!!! ALU SUBFAMILY SQ WARNING ENTRY !!!! [H.sapiens]	Hs.190307
AA599674	ESTs; Weakly similar to ORF [D.melanogaster]	Hs.108115

(表4の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
F13673	ESTs	Hs.99769
H99093	DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide (72kD)	Hs.6179
N22495	yw35g1.1.s1 Morton Fetal Cochlea Homo sapiens cDNA clone IMAGE:254278 3', mRNA sequence.	Hs.102415
N23031	myosin; heavy polypeptide 7; cardiac muscle; beta	Hs.929
R15740	carbohydrate (chondroitin 6/keratan) sulfotransferase 1	Hs.104576
R39610	calpain; large polypeptide L2	Hs.76288
W45560	ESTs	Hs.102541
Z39833	H.sapiens mRNA for Rho6 protein	Hs.124940
Z40583	ESTs	Hs.101259
AA825437	ESTs	
R66613	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp564F053 (from clone DKFZp564F053)	
AA888063	carbohydrate (chondroitin 6/keratan) sulfotransferase 1	
AA128075	z116d08.r1 Soares_pregnant_uterus_NbHPU Homo sapiens cDNA clone IMAGE:502095 5', mRNA sequence.	
N66570	ESTs	
AI051390	ESTs	
AA627122	ESTs	
X02761	fibronectin 1	Hs.118162
AF010193	MAD (mothers against decapentaplegic; Drosophila) homolog 7	Hs.100602
AA149044	ESTs; Highly similar to the KIAA0195 gene is expressed ubiquitously. [H.sapiens]	Hs.10086
U82108	solute carrier family 9 (sodium/hydrogen exchanger); Isoform 3 regulatory factor 2	Hs.101813
D78876	ESTs; Moderately similar to (define not available 4529890) [H.sapiens]	Hs.105509
L35240	enigma (LIM domain protein)	Hs.102948
AA598737	lactate dehydrogenase B	Hs.180414
R89417	ESTs	Hs.107055
AA232837	ESTs; Weakly similar to Human pre-mRNA cleavage factor I 68 kDa subunit [H.sapiens]	Hs.107125
N72695	ESTs	Hs.108557
M30257	vascular cell adhesion molecule 1	Hs.109225
M96843	inhibitor of DNA binding 2; dominant negative helix-loop-helix protein	Hs.109617
X88277	dual specificity phosphatase 1	Hs.171695
AA292440	myeloid differentiation primary response	Hs.110571
J03040	secreted protein; acidic; cysteine-rich (osteonectin)	Hs.111779
AA228107	ESTs	Hs.54642
AA449789	connective tissue growth factor	Hs.75511
W01367	ESTs	Hs.170980
AA610116	ESTs; Highly similar to (define not available 4325180) [H.sapiens]	Hs.11663
AA258308	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp564F053 (from clone DKFZp564F053)	Hs.165618
AA460273	Homo sapiens mRNA for KIAA0517 protein; partial cds	Hs.12372
AA286710	lymphocyte adaptor protein	Hs.13131
T68873	metallothionein 1L	Hs.143289

(表4の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
D63476	PAK-interacting exchange factor beta	Hs.172813
M62403	insulin-like growth factor-binding protein 4	Hs.1516
X55740	5' nucleotidase (CD73)	Hs.153952
L10284	calnexin	Hs.155560
AA243278	ribosomal protein; mitochondrial; L12	Hs.109059
AA430032	pituitary tumor-transforming 1	Hs.159626
H16402	ESTs	Hs.17121
D59711	ESTs	Hs.17132
T94452	ye36g7.s1 Stratagene lung (#93721) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:119868 3', mRNA sequence	
AA431571	ESTs	Hs.17894
R79356	Homo sapiens mRNA for KIAA0544 protein; partial cds	Hs.19280
AA280375	ESTs	Hs.19928
Z48269	small inducible cytokine subfamily A (Cys-Cys); member 14	Hs.20144
Z41740	ESTs	Hs.24462
AA121543	Homo sapiens mRNA for KIAA0758 protein; partial cds	Hs.22039
J05008	endothelin 1	Hs.2271
AA101878	ESTs	Hs.22793
T35341	ESTs; Highly similar to (define not available 4519883) [H.sapiens]	Hs.22880
N87590	ESTs	Hs.23037
AA256153	ESTs	Hs.23912
W74533	Homo sapiens mRNA for KIAA0786 protein; partial cds	Hs.24212
U25997	stanniocalcin	Hs.25590
VD1512	v-fos FBJ murine osteosarcoma viral oncogene homolog	Hs.25647
X56681	jun D proto-oncogene	Hs.2780
AA161292	interferon; alpha-inducible protein 27	Hs.2867
AA491465	ESTs	Hs.28792
AA046593	ESTs	Hs.28959
D50914	Human mRNA for KIAA0124 gene; partial cds	Hs.30736
D45304	ESTs	Hs.31595
M90657	transmembrane 4 superfamily member 1	Hs.3337
W69127	ESTs; Weakly similar to zinc finger protein ZNF191 [H.sapiens]	Hs.3449
AA316186	ESTs; Highly similar to (define not available 4262136) [H.sapiens]	Hs.34549
AA384503	ESTs	Hs.179260
AA136353	ESTs	Hs.38022
AA044755	ESTs; Weakly similar to !!!! ALU SUBFAMILY SX WARNING ENTRY !!!! [H.sapiens]	Hs.173705
U84573	procollagen-lysine; 2-oxoglutarate 5-dioxygenase (lysine hydroxylase) 2	Hs.41270
AA058911	ESTs; Weakly similar to membrane glycoprotein [M.musculus]	Hs.4193
AA620962	dynein; cytoplasmic; light intermediate polypeptide 2	Hs.44251
AA285290	small EDRK-rich factor 2	Hs.44499
X60486	H4 histone family; member G	Hs.46423
R31641	ESTs	Hs.197148
AA489190	ESTs	Hs.48320
F13782	LIM binding domain 2	Hs.4980

(表 4 の 続 き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
AA257993	Janus kinase 1 (a protein tyrosine kinase)	Hs.50651
M24283	intercellular adhesion molecule 1 (CD54); human rhinovirus receptor	Hs.168383
AA443114	ESTs; Weakly similar to PIM-1 PROTO-ONCOGENE SERINE/THREONINE-PROTEIN KINASE [H.sapiens]	Hs.5326
T35289	casein kinase 1; alpha 1	Hs.195206
N23817	Homo sapiens clone 23675 mRNA sequence	Hs.5807
AA047151	ESTs	Hs.5897
N77151	Homo sapiens mRNA for KIAA0799 protein; partial cds	Hs.61638
AA480074	ESTs	Hs.62206
Y00787	interleukin 8	Hs.624
T99789	ESTs	Hs.64313
W84341	tissue inhibitor of metalloproteinase 2	Hs.6441
L09209	amyloid beta (A4) precursor-like protein 2	Hs.64797
D12763	interleukin 1 receptor-like 1	Hs.66
T16484	ESTs	Hs.6607
AA263193	ESTs	Hs.6631
AA432248	ESTs	Hs.6738
X82200	stimulated trans-acting factor (50 kDa)	Hs.68054
AA083572	v-ral simian leukemia viral oncogene homolog A (ras related)	Hs.6906
L00352	low density lipoprotein receptor (familial hypercholesterolemia)	Hs.181182
N75791	ESTs	Hs.7153
X57579	H.sapiens activin beta-A subunit (exon 2)	
X02612	cytochrome P450; subfamily I (aromatic compound-inducible); polypeptide 1	Hs.72912
H44631	immediate early protein	Hs.737
AA090257	superoxide dismutase 2; mitochondrial	Hs.177781
X83703	H.sapiens mRNA for cytokine inducible nuclear protein	Hs.74019
L40395	Homo sapiens clone 23689 mRNA; complete cds	Hs.170001
AA227913	ESTs	Hs.198456
X52947	gap junction protein; alpha 1; 43kD (connexin 43)	Hs.74471
M11313	alpha-2-macroglobulin	Hs.74561
L14837	tight junction protein 1 (zona occludens 1)	Hs.74614
M60721	Human homeobox gene, complete cds	
D90209	activating transcription factor 4 (tax-responsive enhancer element B67)	Hs.181243
T67986	yc28e12.s1 Stratagene liver (#937224) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:82030 3' similar to gb:X14723 CLUSTERIN PRECURSOR	Hs.75106
AA148318	Human mRNA for KIAA0069 gene; partial cds	Hs.75249
U97105	dihydropyrimidinase-like 2	Hs.173381
T25747	H.sapiens OZF mRNA	Hs.75471
K02574	Accession not listed in Genbank	
D78577	tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein; eta polypeptide	Hs.75544
X53331	matrix Gla protein	Hs.75742
S73591	upregulated by 1,25-dihydroxyvitamin D-3	Hs.179526
X95735	zyxin	Hs.75973

(表4の続き)

Exemplar Accession	Complete Title	UniGeneID(11/29/99)
L16862	G protein-coupled receptor kinase 6	Hs.76297
U44975	Homo sapiens Kruppel-like zinc finger protein Zf9 mRNA; complete cds	Hs.76526
M97796	inhibitor of DNA binding 2; dominant negative helix-loop-helix protein	Hs.180919
U86782	26S proteasome-associated pad1 homolog	Hs.178761
AA099391	ESTs	Hs.77310
M19267	tropomyosin 1 (alpha)	Hs.77899
D29992	tissue factor pathway inhibitor 2	Hs.78045
L19314	phosphorylase kinase; beta	Hs.195217
S78569	laminin; alpha 4	Hs.78672
U28811	Human cysteine-rich fibroblast growth factor receptor (CFR-1) mRNA, complete cds	
L77886	protein tyrosine phosphatase; receptor type; K	Hs.79005
C14407	neuronal tissue-enriched acidic protein	Hs.79516
M60278	diphtheria toxin receptor (heparin-binding epidermal growth factor-like growth factor)	Hs.799
R81509	splicing factor; arginine/serine-rich 11	Hs.184571
AA487558	ESTs	Hs.8135
D88962	KIAA0207 gene product	Hs.81875
AA478971	disabled (Drosophila) homolog 2 (mitogen-responsive phosphoprotein)	Hs.81988
D50683	transforming growth factor; beta receptor II (70-80kD)	Hs.82028
U56637	capping protein (actin filament) muscle Z-line; alpha 1	Hs.184270
M61199	Human cleavage signal 1 protein mRNA; complete cds	Hs.82767
M28882	Human MUC16 glycoprotein mRNA, complete cds	
X15183	CDW52 antigen (CAMPATH-1 antigen)	Hs.180532
S53911	CD34	Hs.85289
U20734	Human transcription factor junB (junB) gene; 5' region and complete cds	Hs.198951
D28235	prostaglandin-endoperoxide synthase 2 (prostaglandin G/H synthase and cyclooxygenase)	Hs.92309
AA236324	ESTs; Weakly similar to !!!! ALU CLASS A WARNING ENTRY !!!! [H.sapiens]	Hs.92381
AA148923	Homo sapiens mRNA for DEPP (decidual protein induced by progesterone); complete cds	Hs.93675
AA174183	ESTs	Hs.93872
AA456311	ESTs; Weakly similar to !!!! ALU CLASS A WARNING ENTRY !!!! [H.sapiens]	Hs.93961
L08069	heat shock protein; DNAJ-like 2	Hs.94
AA452000	ESTs	Hs.94030
AA282140	ESTs	Hs.9587
J02854	myosin regulatory light chain 2; smooth muscle isoform	Hs.9615
AA442054	phospholipase C; gamma 1 (formerly subtype 148)	Hs.993

【 0 2 8 5 】

【表 5】

表 5

Accession #	UniGeneID	Title	Gene	Eos #
AA426573	Hs.41135	ESTs; Moderately similar to endomucin [M.musculus]		AAA9
D58024	Hs.57958	ESTs; Weakly similar to KIAA0768 protein [H.sapiens]		AAA8
M31210	Hs.154210	endothelial differentiation; sphingolipid G-protein-coupled receptor; 1	EDG1	AAA7
X06256	Hs.149609	Integrin; alpha 5 (fibronectin receptor; alpha polypeptide)	ITGA5	AAB1
L20859	Hs.78452	solute carrier family 20 (phosphate transporter); member 1	SLC20A1	AAB3
X07820	Hs.2258	matrix metalloproteinase 10 (stromelysin 2)	MMP10	AAB4
AA234743	Hs.22120	ESTs		AAB5
U97519	Hs.16428	podocalyxin-like	PODXL	AAB6
U03877	Hs.76224	EGF-containing fibulin-like extracellular matrix protein 1	EFEMP1	AAB8
M28882	Hs.211579	melanoma adhesion molecule	MCAM	AAB9
X54825	Hs.83169	matrix metalloproteinase 1 (Interstitial collagenase)	MMP1	AAC1
AA045136	Hs.22575	ESTs		AAC2
AA423987	Hs.7567	ESTs		AAC3
AA234743	Hs.22120	ESTs		AAC4
AA156125	Hs.72118	ESTs; Moderately similar to hedgehog-interacting protein [M.musculus]		AAC5
AA025351	Hs.134797	ESTs		AAC6
AA432248	Hs.6738	ESTs		AAC7
AA227926	Hs.6682	ESTs		AAC8
AA187490	Hs.21941	ESTs		AAD1
AA232645	Hs.42699	ESTs		AAD2

【図面の簡単な説明】

【図 1】

図 1 は、図 1 に示す配列の発現レベルのグラフである。発現プロフィールを、4つの群に集団化する。C 1 (青色)、C 2 (赤色)、C 3 (緑色)、および C 4 (濃黄色)。

【図 2】

図 2 は、新脈管形成タンパク質 AAA 4 をコードする配列を含む、核酸 (mRNA) の実施形態を示す。開始コドンおよび終止コドンに、下線が引かれている。

【図 3】

図 3 は、AAA 4 をコードする核酸配列のオープンリーディングフレームを示す。開始コドンおよび終止コドンに、下線が引かれている。

【図 4】

図 4 は、AAA 4 のアミノ酸配列の実施形態を示す。シグナルペプチドに二重下線が引かれており、そして膜貫通配列に下線が引かれている。本明細書中の 1

つの実施形態においては、AAA4は、可溶性である。従って、シグナルペプチドは省略され得、そして膜貫通ドメインは欠失され得るか、不活化され得るか、または短縮され得る。

【図5】

図5は、ペプチドAAA4 p1およびAAA4 p2を示す。

【図6】

図6は、経時的な新脈管形成モデル、および他の非脈管形成組織における、AAA4の発現を示す。

【図7】

図7は、新脈管形成タンパク質AAA1をコードする核酸配列の実施形態を示す。推定終止コドンに、下線が引かれている。

【図8】

図8は、AAA1についてのアミノ酸配列の実施形態を示す。膜貫通ドメインに下線が引かれている。1つの実施形態においては、AAA1は可溶性である。好ましい実施形態においては、膜貫通ドメインが欠失または不活化されるか、あるいはAAA1が短縮されて膜貫通ドメインを欠失している。

【図9】

図9は、AAA1 p1およびAAA1 p2を示す。

【図10】

図10は、種々の組織における異なる時点でのAAA1の相対的発現を示すグラフを示す。「Exp3」とは、内皮細胞を使用しての経時的な管形成を示す、新脈管形成モデルである。

【図11】

図11は、新脈管形成タンパク質Edg-1をコードする配列を含む、核酸mRNAの実施形態を示す。開始コドンおよび終止コドンに、下線が引かれている。

【図12】

図12は、Edg-1をコードするオープンリーディングフレームを示し、ここで、開始コドンおよび終止コドンに、下線が引かれている。

【図13】

図13は、新脈管形成タンパク質Edg-1についてのアミノ酸配列の実施形態を示し、ここで、膜貫通ドメインに下線が引かれている。本明細書中の好ましい実施形態においては、Edg-1の可溶性形態が提供される。1つの実施形態においては、膜貫通ドメインが欠失され、不活化され、そして/あるいはこのタンパク質は、このドメイン（残りの可溶性領域の再連結ありまたはなし）を除外するように短縮される。

【図14】

図14は、本明細書中に提供される4つのペプチド配列およびそのそれぞれの溶解度を示す。

【図15】

図15は、種々の組織にわたるEdg-1の発現を示す。

【図16】

図16は、新脈管形成についてのモデル（Expt1、Expt3、Expt3）への、Edg-1の導入の時間経過を示し、ここで、低い継代のヒト内皮細胞が、培養中の数日間にわたって、管構造体に形成される。時間フレームにおいて生じたEdg-1の再現性のある誘導は、その管形成プロセスにおける役割に一致する。

【図17】

図17は、組織再造形タンパク質51インテグリン（時々VLA-5と呼ばれる）についてのコード配列を含む、核酸配列の実施形態を示し、ここで、開始コドンおよび終止コドンに、下線が引かれている。

【図18】

図18は、組織再造形タンパク質51インテグリンのアミノ酸配列の実施形態を示し、ここで、膜貫通ドメインに下線が引かれている。

【図19】

図19は、管形成の時間経過にわたる、51インテグリンの5つの発現プロフィールの結果を示す棒グラフを示す。特に、管モデル1、2および3は、単一の単離されたヒト内皮細胞由来の管構造体を形成するモデルを示す；「EC/

PMA」モデルは、アメリカヤマゴボウマイトジェン抗原で刺激された内皮細胞を示し、そして身体環椎プロフィールは、種々の正常な細胞型および組織における発現を示す。

【図20】

図20Aおよび20Bは、管形成の新脈管形成の結果を示し、ここで、図20Aは、アイソタイプコントロールであり、そして図20Bは、48時間後の特異的抗体拮抗作用を示す。

【図21】

図21は、新脈管形成タンパク質であるエンドムチンの配列に対するコード配列を含む、核酸配列の実施形態を示し、ここで、開始コドンおよび終止コドンに、枠が付いている。

【図22】

図22は、新脈管形成タンパク質であるエンドムチンのアミノ酸配列の実施形態を示し、ここで、シグナル配列は太字になっており、そして膜貫通ドメインには下線が引かれている。

【図23】

図23は、新脈管形成タンパク質であるマトリックスメタロプロテイナーゼ10 (ストロメライシン2 (stromolysin 2)とも呼ばれる) についてのコード配列を含む、核酸配列の実施形態を示し、ここで、開始コドンおよび終止コドンに、枠が付いている。

【図24】

図24は、種々の組織にわたるマトリックスメタロプロテイナーゼ10の発現を示す。

【図25】

図25は、種々の組織にわたるマトリックスメタロプロテイナーゼ10の発現を示す。

【図1】

Tubes Cluster Patterns: C0H C6H C1D C2D C4D C6D
 H Cls: 4 - P ANOVA: D.DDD5 - Tubes Present: PH11 < D.DDD5 and H13 FC: 2.5
 Ho Map Present: PH11 < D.DDDDD5

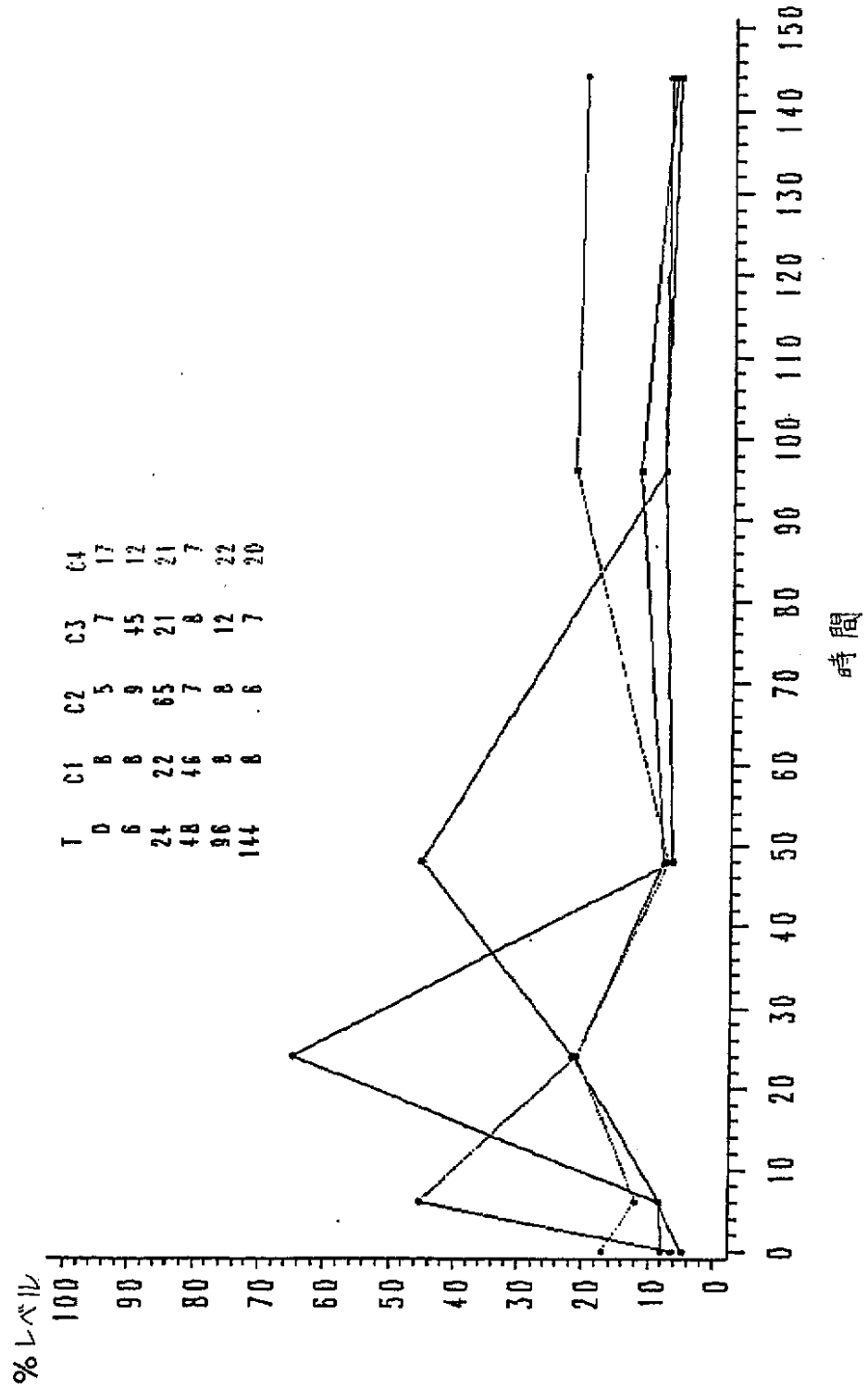


FIG.-3

ATGGGACAAAGACTGGGTGCCCTTCCCGGTGCTCCTTCTGEGCCGCTCFCGCTCCGGNGCTGCTCCCTGGGGCGGCCGG
CTTCCACACTTCCCTCGATAGCGACTTCCACCTTTACCTTCCCGCCGAGAGGAGTGTCTTACCAGCCCAATGCCCC
TGAAGCCCTCGCTGGAGATCGAGTACCAGTTTTAGAAGGAGCAGGATTAGATATTGATTTCCATCTTGCCTCTCCAGAA
GGCAAACCTTAGTTTTGAACAAGAAATCAGATGGAGTTCACACTGTAGAGACTGAAAGTGGTGTATTACATGTTCTG
CTTTGACAAATACATTCAGCACCATTTCTGAGAAGGTGATTTCTTTGAAATTAATCTGGATAAATATGGGAGAACAGGCAC
AAGAACAAAGAGATTGGAAAGAAATAATTTACTGGCACAGATATAATGGATAATGAAACTGGAAAGACATCTCTGGAAATCCATC
AATAGCATCAAGTCCAGACTAAGCAAAAGTGGGCACATACAACTCTGCTTAGAGCAATTTGAACTCGTGTATCGAAACAT
ACAAGAAAGCAACTTTGATAGAGTCAATTTCTGGTCTATGGTAAATTTTAGTGGTCAATGGTGGTGTCTAGCCATTCRAG
TTTATATGCTGAAGAGTCTCTTTTGAAGATAAGAGGAAAGTAGAACTTAA

【 図 4 】

MGDKIWLFFPVLLLAALFPVLLFCAAGFTFSLDSDFFTLPAQKQKCFYQPNPKASLEIEYQVLDGAGL
DIDFHLASPEGKTLVFEQRKSDGVHTVETEVEGDYMFQFDNTFSTISEKVIFFELLDNMGEQAQEQEDWK
KYITGTDILDNKLEDDILESINSLKSRLLKSGCHIQTLLRAFEARDRNTQESNFDRVNFWSMVNLVYTVYVS
AIQVYMLKSLFEDKRSRT.

FIG. 4

TAAAAATCGAGCTGAGATGATAGATTTCAATAATCCGGATCAAAAATGTGACAAAGARGTGATGCCGGGGAANTATCGTTGTG
 AAGTTAGTGCCTCCATCTGAGCAAGGCCAAAACCTGGGAAGGATACAGTCACTCTGGGAAGTATTTAGTGGCTCCAGCAGTT
 CCATCATGTGAAGTACCCCTTCTGCTCTGTGAGTGGAACTGTGGTAGAGCTACGATGTCAGACAAAGAAGGGAATCCAGC
 TCCTGAATACACATGGTTTAAAGGATGGCAATCCGTTGCTAGAAAATCCAGACTTGGCTCCCAAGCACCAACAGCTCAT
 ACACAAATGAAATACAAAACCTGGAACTCTGCAATTAATACCTGTTTCCAAACTGGACACTGGAGAAATATTCCTGTGAAAGCC
 CGCAATCTGTGGGATATCGCAGGTGCTCTGGGAAACGAAATGCAAGTAGATGATCTCAACATRACTGGCCATCATAGCAGC
 CGTAGTAGTTGTGGCCCTTAGTGAATTCCTCAATCTAAAGCCACGACAAATGAGTGAATAATGATTTCAAGCACACAAAATCCCTTT
 AATAAATTAAGACTCCACTTTAGAGATACACCAAGCCACCCGTTGTTACACAAAGTATTAACATATTAATAAACTCTGCT
 TTGTCGGACATTTGCAAGAGGATACAGGAAATGGAAATTTGGTATTTTCATTTTAAATTTTCATGACTACTAATCACTCACCTG
 AACTTGTCTATTTTAAACAAAATAGTTCTGTCGACACCTAARATATAATCTGGCTTCTTGTGTCTGGACTAAGTTTAAAGAA
 TTAATAATCTTTGTAAATGTCAAAA

FIG.--7

KMRAEMDDFNIRLIKNVYTRSDAGKYRCEYSAPSEQGNLEEDTYTLEVLVAPAVPSCVEYESSALSGTVVVELRCQDKEGNEA
PEYTFEKDGLRLLLENPRIGSQSTNSSYTMNFKTFLQFNWVSKLDTGEYSCEARNVGYRRCPGKRMQVDDLNISGLIAA
VVVVALVISVCGLGVCYAQRKGYFSKETSFQKSNSSSKATMSENDFKHKSFIL.

FIG._8

【図9】

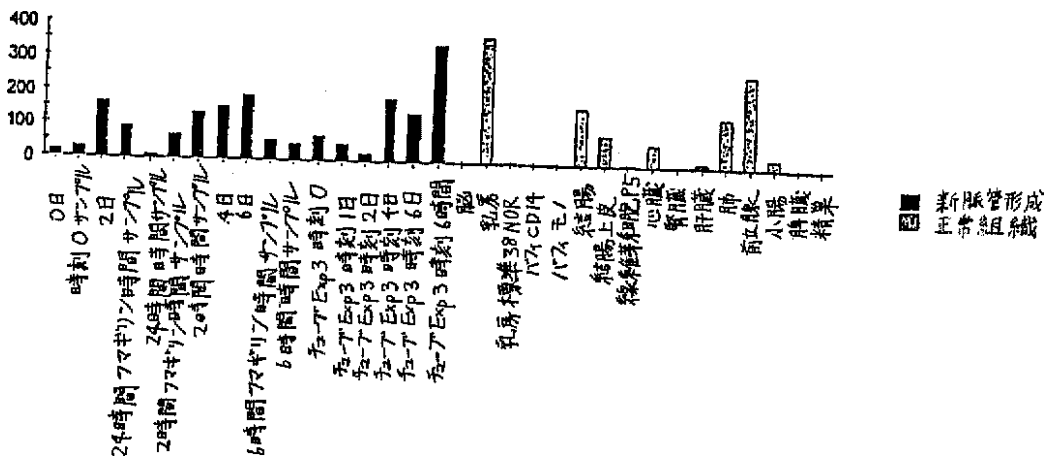
ペプチド名 : AAA1p1

配列 : H-Cys-Ala-Thr-Thr-Met-Ser-Glu-Asn-Asp-Phe-Lys
-His-Thr-Lys-Ser-NH₂

ペプチド名 : AAA1p2

配列 : Ac-Arg-Cys-Gln-Asp-Lys-Glu-Gly-Asn-Pro-Ala-Pro
-Glu-Tyr-Thr-NH₂

【図10】



【図 11】

TCTAAAGGTCGGGGCAGCAGCAAGATGCCAAGCGAGCCGTACAGATCCCGGGCTCTCCG
 AACGCAACTTCGCCCTGCTTGAGCGAGGCTGCGGTTTCCGAGGCCCTCTCCAGCCAAGGA
 AAAGCTACACAAAAGCCTGGATCACTCATCGAACACCCTGAAGCCAGTGAAGGCTCT
 CTCGCCCTCGCCCTCTAGCGTTCTGTCGAGTAGCGCCACCCCGGCTTCTGGGGACACAG
 GGTGGCACCATGGGGCCCACCAGCGTCCCGCTGGTCAAGGCCACCCGCAGCTCGGTCTC
 TGACTACGTCAACTATGATATCATCGTCCGGCATTACAACACACGGGAAAGCTGAATAT
 CAGCGCGGACAAGGAGAACAGCAFTAAGTACCTCGGTGGTGTTCATCTCATCTGCTG
 CTTTATCATCCTGGAGAACATCTTTGTCTTGTGACCATTGGAAAACCAAGAAATCCA
 CCGACCCATGTACTATTTTATTGGCAATCTGGCCCTCTCAGACCTGTTGGCAGGAGTAGC
 CTACACAGCTAACCTGCTCTTGTCTGGGGCCACCACCTACAAGCTCACTCCCGCCAGTG
 GTTCTGCGGGAAAGGAGTATGTTTGTGGCCCTGTCAGCCTCCGTGTTCACTCTCTCGC
 CATCGCCATTGAGCGCTATATCACAATGCTGAAAATGAACTCCACAACGGGAGCAATAA
 CTTCGCTCTTCTGCTAATCAGCGCCTGCTGGGTCACTCTCCCTCATCTGGGTGGCCT
 GCCTATCATGGGCTGGAAGTGCATCAGTGGCTGTCCAGCTGCTCCACCGTCTGCGCT
 CTACCACAAGCACTATATCCTCTCTGCAACCAGGCTTCACTCTGCTCTGCTCTCCAT
 CGTCAATCTGTACTGCAGAATCTACTCTTGGTCAGGACTCGGAGCCGCGCTCTGCTC
 CCGCAAGAACATTTCCAAGCCAGCCAGCTCTGAGAATGTGGCGCTGCTCAAGACCGT
 AATTATCGTCTGAGCGTCTTCATCGCTGCTGGGCACCGCTCTTCATCTGCTCTGCT
 GGATGTGGGCTGCAAGGTGAAGACCTGTGACATCCTCTTCAGAGCGGAGTACTTCTGGT
 GTTAGCTGTGCTCAACTCCGGCACCAACCCCATCATTTACACTCTGACCAACAAGGAGAT
 GCSTCGGGCCCTCATCCGGATCATGTCTGCTGCAAGTGCCGAGCGGAGACTCTGCTGG
 CAAATTCAGCGACCCATCATCGCCGGCATGGAATTCAGCCGAGCAAATCGGACAATTC
 CTCCACCCCCAGAAAGACGAAGGGGACAACCCAGAGACCATTATGTCTTCTGGAAACGT
 CAACTCTTCTTCCTAGAACTGGAAGCTGTCCACCCACCGGAAGCGCTCTTACTTGGTCTG
 CTGGCCACCCAGTGTTTGGAAAAAATCTCTGGGCTTCGACTGCTGCCAGGGAGGAGCT
 GCTGCAAGCCAGAGGGAGGAAGGGGAGAATACGAACAGCCTGGTGGTGTCTGGGTTGG
 TGGGTAGAGTTAGTTCTGTGAACAATGCACTGGGAAGGTTGGAGATCAGTCCCGGCT
 GGAATATATATTTCTACCCCTGGAGCTTTGATTTTGCCTGAGCCAAAGGTCTAGCATT
 GTCAGCTCCTAAAGGGTTCATTTGGCCCTCCTCAAAGACTAATGTCCCATGTGAAAG
 CGTCTCTTTGCTGGAGCTTTGAGGAGATGTTTTCTTCACTTTAGTTTCAAACCCAGT
 GAGTGTGTGCACCTCTGCTTCTTTAGGGATGCCCTGTACATCCACACCCACCCCTCCCT
 TCCCTTCATACCCCTCCTCAACGTTCTTTACTTTATACTTTAACTACCTGAGAGTTATC
 AGAGCTGGGGTTGTGGAATGATCGATCATCTATAGCAAATAGGCTATGTTGAGTACGTAG
 GCTGTGGGAAGATGAAGATGGTTTGGAGGTGTAACAATGTCTTCGCTGAGGGCAAAG
 TTTCCATGTAAGCGGGATCCGTTTTTTGGAAATTTGGTTGAAGTCACTTTGATTTCTTTAA
 AAAACATCTTTTCAAATGAAATGTGTTACCATTTCATATCCATTGAAGCCGAAATCTGCAT
 AAGGAAGCCACTTTATCTAAATGATATTAGCCAGGATCCTTGGTGTCTTAGGAGAAACA
 GACAAGCAAAACAAAGTGA AAAACCGAATGGATTAACTTTTCGAAAACCAAGGGAGATTCT
 TAGCAAAATGAGTCTAACAAATATGACATCCGCTTTTCCCACTTTTGGTTGATGTTTATTTT
 AGAATCTTGTGTGATTCATTTCAAGCAACAACATGTTGTATTTTGGTTGTGTTAAAAGTAC
 TTTCTTTGATTTTGAATGTATTTGTTTCAGGAAGAAGTCATTTTATGGATTTTCTAAC
 CCGTGTAACTTTTCTAGAATCACCCCTTGTGCCCCAAGCATTACTTTAACTGGTAG
 GGAACGCCAGAACTTTAAAGTCCAGCTATTTCATTAGATAGTAATTGAAGATATGTATAAA
 TATTACAAAGAATAAAAAATATATTACTGTCTCTTTAGTATGGTTTTCACTGCAATTAAC
 CGAGAGATGCTCTGTTTTTTAAAAAGAAATAGTATTTAATAGGTTTTCTGACTTTTGTGGA
 TCATTTTGCACATAGCTTTATCAACTTTTAAACATTAATAAACTGATTTTTTTAAAG

FIG. 11

ATGGGGCCACACAGCGTCCCCTGGTCAAGGCCCCACCGCAGCTCGGTCTCTGACTACGTCACAACATATGATATCATCTGTCGG
GCATATACAACTACACGGGAAAGCTGAATATACAGCGCGGACAAGGAGAAACAGACATTAARCTGACCTCGGTGGTGTTCATTC
TCATCTGCTGCTTTATCAATCCTGGAGAACAFCTTTGNCCTGACTGACCCATTTGGAAAACCAAGAAAATTCACCGACCCCATG
TACTATTTTAAFTGGCAATCTGGCCCTCTCAGACCTGTTGGCAGGAGTAGCCTACACAGCTATACCTGCTCTTGTCTGGGGC
CACACCTACAAGCTCACACCCGCCAGTGGTTCTGCGGGAAAGGAGTAGTATGTTGTTGGGCTGTTCAGCCTCCGTTGTTCA
GTCTCTCGCCATCGCCATCGACCGCTATATACAAATGCTGAAAATGAACTCCACAACCGGAGCAATAACTTCCGCCCTC
TTCCCTGCTAATCAGCGCTGCTGGGTCAATCCCTCAATCCCTGGGTGGCTTGCCTATATCATGGGCTGGAACTGCATCAGTGC
GCTGTCCAGCTGCTCCACCGTGTGCCGCTTACCACAGCACTATATCCCTCTCTGACACCACGGTCTTTCACCTCTGCTTC
TGCTCTCCATCGTCAFFCTGTACTGCAGAACTACTCCCTGGTCAAGGACTCGGAGCCCGCCCTGACGTTCCGCCAAGAAC
ATTTCCAGGCCAGCCGACTCTGAGAAATGTGGCTGCTCAAGACCCGTAATATATCTCTGAGCGTTCATCGCCCTG
CTGGGCACCCGCTCTTCAATCCCTGCTCCCTGCTGGATGTGGGTGCAAGGTGAGACCTGTGACATCCCTCTTCAGAGCGGAGT
ACTTCCCTGGTGTAGCTGTGCTCAACTCCGGCACCAACCCCATCATTTACACTCTGACCAACAAGGAGATGGGTCCGGGCTC
TTCATCCGGATCATGTCTGCTCAAGTCCCGAGCGGAGACTCTGCTGGCAAAATTCAGGGACCCCATCATGCGCCCGGCAT
GGAATTCAGCGGCAGCAAAATCGGACAAATTCCTCCACCCCGAGAAAGACGAAAGGGGACAAACCCAGAGACCATATATGTCTT
CTGGAAACGTCAACTCTTCTTCCTAG

FIG. 12

【図13】

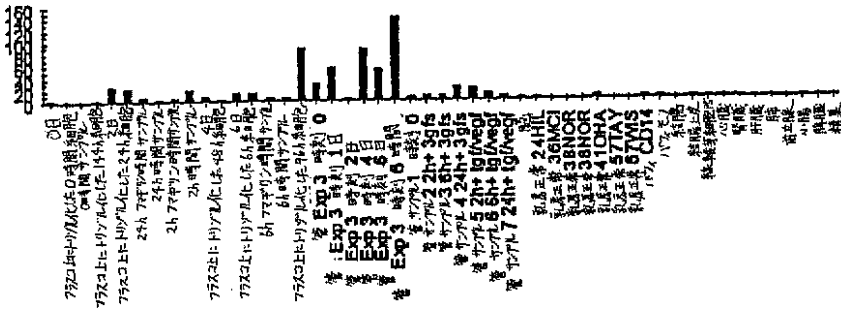
FIG.-13

MGPTSVPLVKAHRSVSDYVNYDIIIVRHVNYTGKLNISADKENSIKLTSVVFILICCFILLENIFVLLFIWTKKFFHRPM
 YYFIGNLALSDLLAGVAYTANLLLSGATFYKLTTPAQWFLREGSMFVALSASFLLALALAEFYITMLKMKLHNGSNNFRP
FLLSACWVTSLLIGGLPTMGWNCISALSSCSTVLP LYKHHTLFCFTTFTLLLSIVIIYCRLYSLVTRSRRLFFRKN
 ISKASRSSENVALLNKTVIIVLSVFIACWAPLFI LLLLDYGCCKVTKCDILFRASIFLTVAVLNSGTNP I IYITLTKEMRRA
 FTRIMSOCKCPSGDSAGKFKRP I IAGMEF SRKSDNSSHPPQKDEGDNPETIMSSGNVNSS .

【図14】

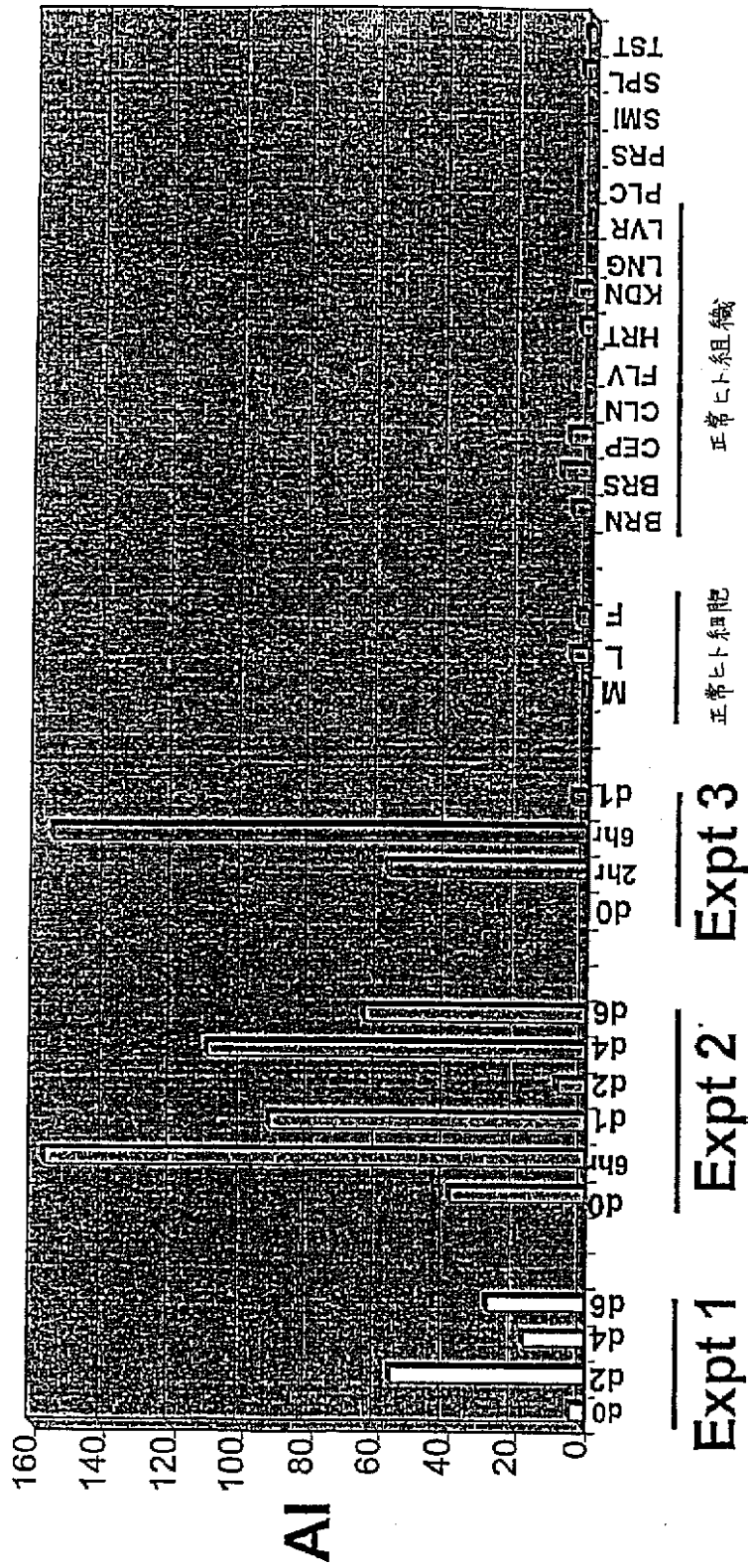
ペプチド名	アミノ酸配列	溶解度
AAA7p1	Ac-KLNISADKENSIKLC-NH2	1mg/1ml H2O
AAA7p2	H-CTTYKLTPAQWFLRE-NH2	min.amt. DMSO/H2O
AAA7p3	H-CNPIIYTLTKEMRR-NH2	1mg/1ml H2O
AAA7p1m	Ac-KLNIGA EKDHGIKLC-NH2	1mg/1ml H2O

【図15】



■ 新張管形成
 □ 圧縮組織

【図16】



【図 17-1】

CAGGACAGGGAAGAGCGGGCGCTATGGGGAGCCGGACGCCAGAGTCCCCTCTCCACGCCGTGCRGCTGCG
 CTGGGGCCCCCGCGCCGACCCCCGCTCGTGGCGCTGCTGTTGCTGCTCGTGGCCGCCGCCACCCAGGGTC
 GGGGGCTTCAACTTAGACCGCGGAGGCCCCAGCAGTACTCTCGGGCCCCCGGGCTCCTTCTTCGGATTCT
 CAGTGGAGTTTACCGGCCGGGAACAGACGGGGTCAGTGTGCTGGTGGGAGCACCCAAGGCTAATACCAG
 CCAGCCAGGAGTGTGTCAGGGTGGTGTGCTTACCTCTGTCTTGGGGTGGCCAGCCCCACACAGTGCACC
 CCCATTGAATTTGACAGCAAGGGCTCTCGGCTCCTGGAGTCTTCACTGTCCAGCTCAGAGGGAGAGGAGC
 CTGTGGAGTACAAGTCTTTGACAGTGGTTCGGGGCAACAGTTCGAGCCCATGGCTCCTCCATCTTGGCATG
 CGCTCCACTGTACAGCTGGCGCACAGAGAAGGAGCCACTGAGCGACCCCGTGGGCACCTGCTACTCTCTCC
 ACAGATAACTTCACCCGAATCTGGAGTATGCACCTGCGCTCAGATTTTCAGCTGGGCAGCAGGACAGG
 GTTACTGCCAAGGAGGCTTTCAGTCCCGAGTTCACCAAGACTGGCCGTGTGGTTTTCAGTGGACCAGGAAG
 CTATTTCTGGCAAGGCCAGATCTGTCTGCCACTCAGGAGCAGATTGCAGAACTTTATTTACCCCGAGTAC
 CTGATCAACCTGGTTCAGGGGCAGCTGCAGACTCGCCAGGCCAGTCCCATCTATGATGACAGCTACCTAG
 GATACTCTGTGGCTGTTGGTGAATTCAGTGGTGTGACACAGAGACTTTGTGTGCTGGTGTGCCAAAGG
 GAACCTCACTTACGGCTATGTACCAATCCTTAATGGCTCAGACATTCGATCCCTCTACAACTTCTCAGGG
 GAACAGATGGCTCCTACTTTGGCTATGCAGTGGCCGCCACAGACGTCAATGGGGACGGGCTGGATGACT
 TGCTGTGGGGGCACCCCTGCTCATGGATCGGACCCCTGACGGGGGGCCCTCAGGAGGTGGGCAGGGTCTA
 CGTCTACTTGCAGCACCCAGCCGGCATAGACCCACGCCACCCTTACCTCACTGGCCATGATGAGTTT
 GGCCGATTTGGCAGCTCCTTGACCCCTTGGGGACCTGGACCAGGATGGCTACAATGATGTGCCATCG
 GCGCTCCCTTTGGTGGGCAGACCCAGCAGGGAGTAGTGTTTGTATTTTCCTGGGGGCCAGGAGGCTGGG
 CTCTAAGCCTTCCCAGGTTCTGCAGCCCTGTGGGCAGCCAGCCACACCCAGACTTCTTTGGCTCTGCC
 CTTCGAGGAGGCCAGACCTGGATGGCAATGGATACTTGATCTGATTTGTGGGTCTTTTGGTGTGACA
 AGGCTGTGGTATACAGGGGCCGCCCATTCGTGTCCGCTAGTGCCTCCCTCACCATCTTCCCCGCCATGTT
 CAACCCAGAGGAGCGGAGCTGCAGCTTAGAGGGGAACCCGTGGCTGCATCAACCTTAGCTTCTGCCCTC
 AATGCTTCTGGAACAACACGTGCTGACTCCATTTGGTTTCACAGTGGAACTTCAGCTGGACTGGCAGAAGC
 AGAAGGGAGGGGTACGGCGGGCACGTTCCTGGCCGCCAGCCAGGCAACCTTGACCCAGACCTGCTCAT
 CCAGAATGGGGCTCGAGAGGATTCAGAGAGATGAAGATCTACCTCAGGAACGAGTCAGAATTTGAGAC
 AAATCTCGCCGATTCACATCGCTCTCAACTTCTCCTTGGACCCCAAGCCCAAGTGGACAGCCACGGCC
 TCAGGCCAGCCCTACATTTATCAGAGCAAGAGCCGGATAGAGGACAGGCTCAGATCTTGTGGACTGTGG
 AGAAGACAACATCTGTGTGCTGACCTGCAGCTGGAAGTGTTCGGGAGCAGAACCATGTGTACCTGGGT
 GACAAGAATGCCCTGAACCTCACTTTCCATGCCCAGAATGTGGGTGAGGTGGCGCCTATGAGGCTGAGC
 TTCGGGTCAACGCCCTCCAGAGGCTGAGTACTCAGGACTCGTTCAGACACCCAGGGAACCTTCTCCAGCCT
 GAGCTGTGACTACTTTGCCGTGAACCAGAGCCGCTGCTGGTGTGTGACTGGGCAACCCCATGAAGGCA
 GGAGCCAGTCTGTGGGGTGGCTTCGGTTTACAGTCCCTCATCTCCGGACACTAAGAAAACCATCCAGT
 TTGACTTCCAGATCCTCAGCAAGAATCTCAACAACCTCGCAAGCGACGTGGTTTCTTTCCGGCTCTCCGT
 GGAGCCTCAGGCCAGGTCACCTGAAACGGTGTCTCCAAGCCTGAGGCAGTCTATTCCAGTAAGCGAC
 TGGCATCCCCGAGACCAGCTCAGAAGGAGGAGGACCTGGGACCTGCTGTCCACCATGCTTATGAGCTCA
 TCAACCAAGGCCCCAGCTCCATTAGCCAGGGTGTGCTGGAACCTCAGCTGTCCCAGGCTCTGGAAGGTCA
 GCAGCTCTATATGTGACCAGAGTTACGGGACTCAACTGCACCACCAATCACCCCATTAACCAAGGGC
 CTGGAGTTGGATCCCGAGGTTCCCTGCACCACCAAGCAAAAACGGGAAGCTCCAAGCCGAGCTCTGCTT

FIG. 17-1

【図 17-2】

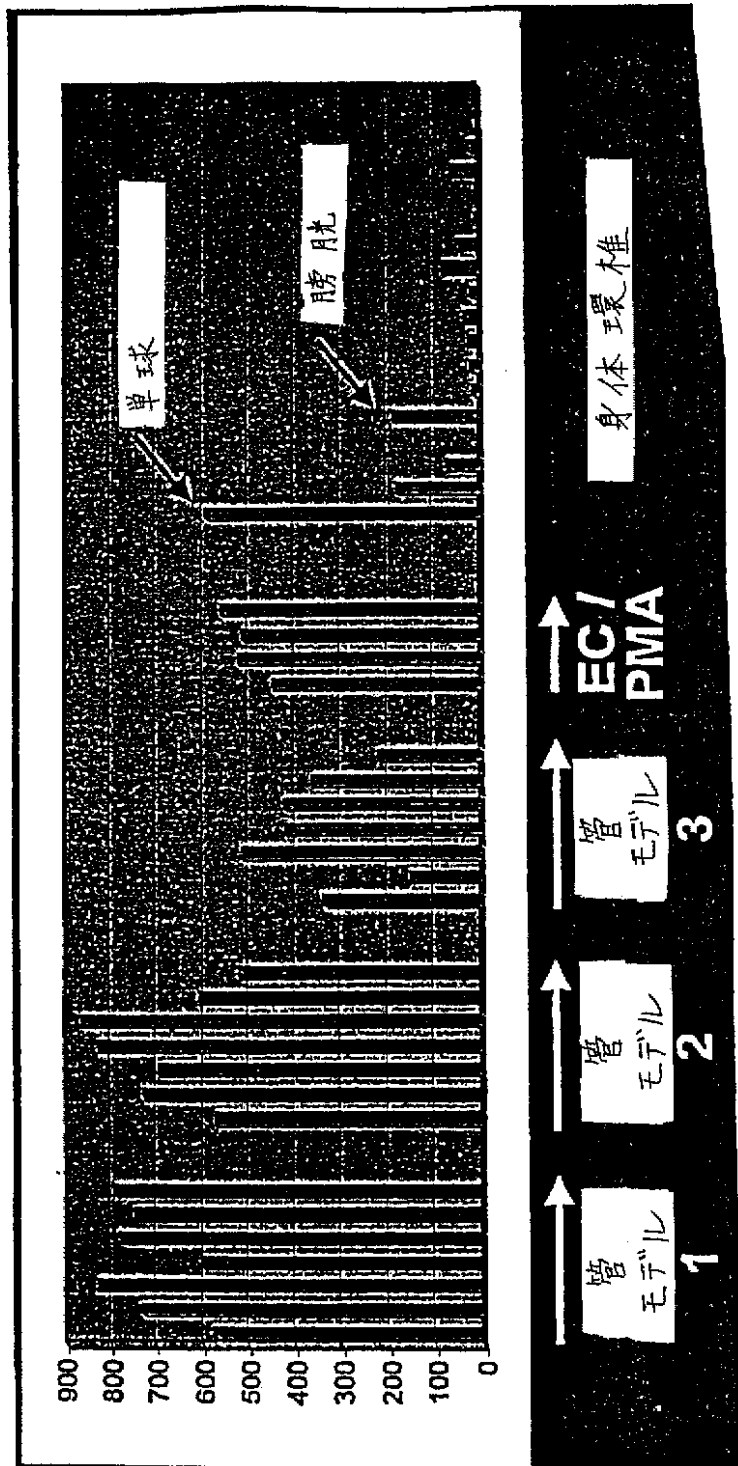
CCTCGGGACCTCAGATCCTGAAATGCCCGGAGGCTGAGTGTTCAGGCTGCCCTGTGAGCTCGGGCCCCCT
 GCACCAACAAGAGAGCCAAAGTCTGCAGTTGCATTTCCGAGTCTGGGCCAAGACTTTCTTCAGCGGGAG
 CACCAGCCATTTAGCCTGCAGTGTGAGGCTGTGTACAAAGCCCTGAAGATGCCCTACCGAATCCTGCCTC
 GGCAGCTGCCCAAAAAGAGCGTTCAGGTGGCCACAGCTGTGCAATGGACCAAGGCAGAAGGCAGCTATGG
 CGTCCCACTGTGGATCATCAICCTAGCCATCCGTGTTGGCTCCGTCTCCTAGGCTCTACTCATCTACATC
 CTCTACAAGCTTGGATTCTTCAAACGCTCCCTCCCATAATGGCACCGCCATGGAAAAAGCTCAGCTCAAGC
 CTCCAGCCACCTCTGATGCCTGAGTCTCCCAATTTTCAGACTCCCATTCCTGAAGAACCAGTCCCCCAC
 CCTCATTCTACTGAAAAGGAGGGGTCTGGTACTTCTTGAAGGTGCTGACGGCCAGGGAGAAGCTCCTCT
 CCCCAGCCAGAGACATACTTGAAGGGCCAGAGCCAGGGGGTGAGGAGCTGGGGATCCCTCCCCCCAT
 GCACTGTGAAGGACCCCTTGTTCACACATACCCCTCTTCATGGATGGGGGAATCAGATCCAGGGACAGAGG
 CCCAGCCCTCCCTGAAGCCCTTTCATTTTGGAGAGTTTCTGAAACAACTGGAAAGATACTAGGAAATCC
 ATTCACAGTTCTTTGGGCCAGACATGCCACAAGGACTTCCCTGTCCAGCTCCACCTGCAAAAGATCTGTCC
 TCAGCCTTGCCAGAGATCCAAAAGAAGCCCCAGTAAGAACCCTGGAACTTGGGGAGTTAAGACCCTGGCAG
 CTCTGGACAGCCCCACCCCTGGTGGGCCAACAAAGAACACTAACTATGCATGGTGGCCAGGACCAGCTCA
 GGACAGATGCCACAAGGATAGATGCTGGCCAGGGCCAGAGCCAGCTCCAAGGGGAATCAGAACTCAA
 TGGGGCCAGATCCAGCCTGGGGTCTGGAGTTGATCTGGAACCCAGACTCAGACATTTGGCACCAATCCAGG
 CAGATCCAGGACTATATTTGGGCTGTCTCCAGACTGATCCTGGAGGCCAGTTACCCCTGATTTAGGAG
 AAGCCAGGAATTTCCAGGACCTGAAGGGCCATGATGGCAACAGATCTGGAACTCAGCCTGGCCAGAC
 ACAGGCCCTCCCTGTTCCCCAGAGAAAAGGGAGCCACTGTCTGGGCTGCAGAAATTTGGGTCTGCCT
 GCCAGCTGCAGTGTGCTGCCCTCATCTCTGCCCAACCCCTCCCTCACCTTGGCACAGACCCAG
 GACTTATTTAAACTCTGTTCAGAGTGAATAAATCTGACCCAGTGCCTCCACTGACCAGAACTAGAAAA
 AAAA

FIG. 17-2

MGSRTPEPLHAVQLRWGPRRRPPLVPLLLLVPPPVRVGGFNLDAAEAPAVLSGPFSGFFGFSVEFYRPGTDSYSVLVGA
 PKANTSQPGLQGGAVYLCPWGAAPTQCTPIEFDSKGRLLLESLSSEGEPEPVEYKSLQWFGATVRAHGSSIIACAPLY
 SWRTEKEPLSDFVGTCTYLSLTDNFTTILLEYAFCRSDFSWAAGQGYCQGGFSAEFTKTRVVLGGFGSYFWGQIISATQEQ
 LAESYYPEYLINLVQQLQTRQASSIYDSDSYLGYSAVGEFSGDDPFDVAGVPKGNLTGYVVTLLNGSDIRSHYNFSGE
 QMASYFYAVAAATDVNGDGLDLDLLYGAPLMDRPPDGRPQEVGRVYVYLQHPAGLEPTPTLLTGHDEFGRFSSSLTFLG
 DLDDQYNDVAIGA PFGGETQQGVVVFVPPGGPGLGSKPSQVLPQIWAASHPTDFGSAIRGGGRDLGNGYFDLLVGSFG
 VDKAVYRGRPIVSAASLTIFFAMFNPEERSCSLEGNPVACINLSFCINASCKHVADSIQFTVTELQLDWQKQKGVVRA
 LFLASRQA TLTQTLLIONGAREDCHEMKIYLNRNSEEFRDKLSPITHALNFSLDPQAPVD SHGLRPAALHYQSKSRIEDKAQ
 ILLDCGEDNICVPD-LQLEVTGEQNEHVYLGDKNALMTTFAQNVGRCAYEAELRVTAPPEAEYSGLVVRHPGNFSSLSCDY
 FAVNQSRLLVCDLGNEMKAGASLWGLRFTVPHLRDTKKTIQDFQILSKNLNNSQSDVVSFRLSVEAQAQVTLNGVSKP
 EAVLFFVSDWHFRDQPKKEEDLGEAVHHVYELINQCPSSI SQVYLELSCPQALECQLLYVTRVTLNCTTWHF INPKGL
 ELDPGSLHHQKREAPSRSSA SSGFQILKCPAEACFRLRCELGFLHQESQSLQHFRVWAKTFLQREHQPFSLQCEAV
 YKALKMPYRILPRLPQKERQVATAVQMTKAEGSYGVPLWITIIILAILGLLILLGLLIIYIYKLGFFRRSLPYGTAMEKAQ
 LKPEATSDA

FIG. 18

【図19】



【図20】

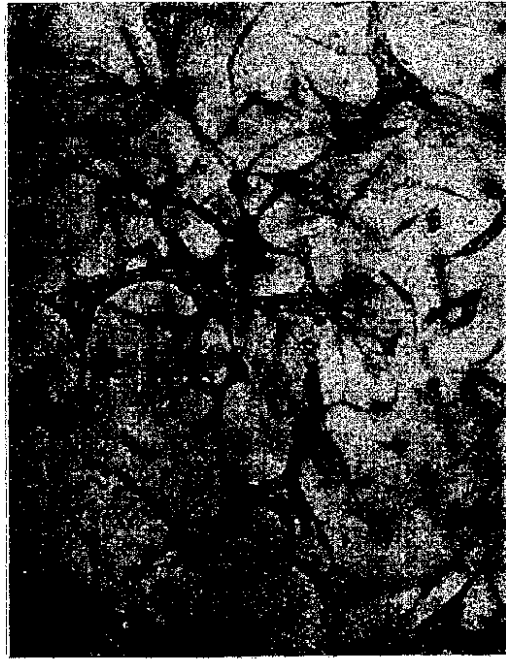


FIG._20B

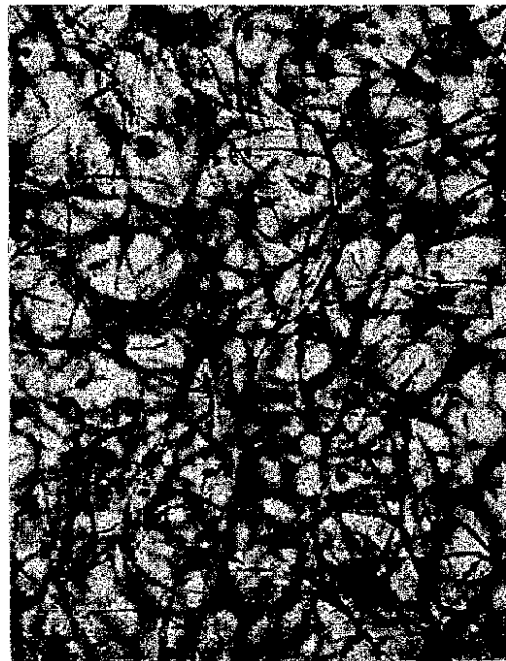


FIG._20A

【図21】

AAA9 cDNA 配列

AAGGCCCTGCCAGCTTGGGAGGGRAATTGTCCCTGCCTGCTTCTGGAGAAAGAGATATTGACCCATCTAC
GGGCACCGAACTGCTTCAAGTGACCATTCTTTTCTCTGCCAGTATTGACAGCAGTAACAGCACAG
GTGTTTAGAGGCAGCTAATAATTCACCTGTTGTTACTACAACAAAACCATCTATAACAACACCAACACA
GAATCATTACAGAAAATGTTGTCACACCAACACTGGAACACTCCTAAAGGAACAATCACCATGAATT
ACTTAAAAATGCTCTGTGATGTCAACAGCTACTTTTTTAAACAAGTAAAGATGAAGGATTGAAGCCACACCA
CTGATGTGAGGAAGATGACTCCATCATTTCAACGTAACAGTAACAGTGTACACTTCCCAATGCTGTT
TCAACATTACAAAGTCCAAACCCAAGACTGAAACTCAGAGTTCATTAAAACAACAGAAATACCAGGTAG
TGTTCTACAACCAGATGCATCACCTTCTAAAACCTGGTACATTAACCTCAATACCAGTTACAATCCAGAAA
ACACCTCACAGTCTCAAGTAATAGRCACCTGAGGGTGGAAAAAATGCAAGCACTTCAGCAACCAGCCGGTCT
TATTCCAGTATTATTTTCCGGTGETTATTGCTTTGATTTGTAATAACACTTCAGTATTGTTCTGGTGGG
TTTGTAACGAATGTGCTGGAAGGCAGATCCGGGCACACCAGAAAATGGAAATGATCAACCTCAGTCTGATA
AAGAGAGCGTGAAGCTTCTTACCGTTAAGACAATTTCTCATGAGTCTGGTGAAGCACTCTGCACAAGGAAA
ACCAAGAACCAGCTTGAGGAATCTCTCCACACTAGGCCAATAATACGCTTAATCTTCAGCTTCTAT
GCACCAAGOGTGGAAAAGGAGAAAGTCTCTCCAGAAATCAATCCGACTTCCATACCTGCTGGAGTGTAC
CAGACGCTGTCCAGTAAAGTATGTCACGCTGCATGCATAATTTGATGGAATCAAAAAGAACCCCGG
GGCTCTCCTGTCTCTCACATTTAAAAATTCATTACTCCATTTACAGGAGCGTTCCTAGGAAAAGGAATT
TTAGGAGGAGAATTGTCAGCAGTGAATCTGACAGCCAGGAGGTTGGGCTCGCTGATAGGCATGACTTTCC
TTAATGTTTAAAGTTTTCCGGGCCAAGAATTTTATCCATGAAGACTTTCCTACTTTTCTCGGTGTTCTTA
TATTACCTACTGTTAGTATTTATTGTTTACCCTATGTTAATGCAGGGAAAAGTGCACGTTGATATTATAA
ATATTAGCTAGAAATCATACCCTACTTCTACATATAAGTATTTTATTCCTGCTTTCGGTGTACTTTT
AATTAATAACTACTGTACTCAATACTCTAAAAACTATAACATGACTGTGAAAATGGCAATGTTATTGTC
TTCCATAAATATGAATATTTTGGATGGATTATTAGAATACATGAACTCAATGAAGGCATTTTGTA
TAAGTCAGAAAGGCATAGGATTCACATATCAGACTGTTAGGGGAGAGNTAATTATCAGTTCTTTGGTC
TTCTATTGTGATTCATACTATGTGATGAAGATGTAAGTGAAGGCATTATAACACTATACTGCATT
ATTAGATAT

【図22】

AAA9 タンパク質

MELIQVFILELPSIGSSNSTGVLEARNNSLVVTTTKPSITTPNTESLQKNVVPTTGTPKGTITNELLK
MSLMSTATFLTSKDEGLKATTTDVRKNSII SNVTVTSVTL PNAVSTLQSSKPKTEQSSIKTTEI PGSVL
QPDASPSKTGTLTSI PVTIPENTSQSQVIXTEGGKNASTSATSRSYSSIIILP
RMCKKADPGTPENGNDQPSDKESVKLLTVKTI SHESGEHSAQ GKTRN

【図23】

AAB4 (MMP10)

ATCCATCTTGCATTCCCTTGCTGTTGTGTCTGCCAGTCTGCTCTGCCTATCCTCTGAGTGGGG
 CAGCAAAAGAGGAGGACTCCAACAAGGATCTTGCCAGCAATACCTAGAAAAGTACTACAAC
 CTCGAAAAGGATGTGAAACAGTTTAGAAGAAAGGACAGTAATCTCATTGTTAAAAAATCCA
 AGGAATGCAGAAGTTCCTTGGGTTGGAGGTGACAGGGAAGCTAGACACTGACACTCTGGAGG
 TGATGCGCAAGCCCAGGTGTGGAGTTCCAGCTTGGTCACTTCAGCTCCTTTCCTGGCATGCC
 GAAGTGGAGGAAAACCCACCTTACATACAGGATTGTGAATTATACACCAGATTTGCCAAGAG
 ATGCTGTTGATTCTGCCATTGAGAAAGCTCTGAAAGTCTGGGAAGAGGTGACTCCACTCACAT
 TCTCCAGGCTGTATGAAGGAGAGCTGATATAATGATCTCTTTCGCAGTTAAAGAACATGGAG
 ACTTTTACTCTTTTGATGGCCAGGACACAGTTTGGCTCATGCCTACCCACCTGGACCTGGGCT
 TTATGGAGATATTCACTTTGATGATGATGAAAAATGGACAGAAGATGCATCAGGCACCAATTT
 ATTCCCTCGTTGCTGCTCATGAACCTGGCCACTCCCTGGGGCTCTTTCACFCAGCCAACACTGAA
 GCTTTGATGTACCCACTCTACAACCTCATTACAGAGCTCGCCAGTTCCGCCCTTTCGCAAGATG
 ATGTGAAATGGCATTGATCTCTCTACGGACCTCCCCCTGCCTCTACTGAGGAACCCCTGGTGCC
 CACAAAATCTGTTCTTCCGGATCTGAGATGCCAGCCAAGTGTGATCCTGCTTTGTCTTCGAT
 GCCATCAGCACTCTGAGGGGAGAAATATCTGTTCTTAAAGACAGATATTTTGGCGAAGATCC
 CACTGGAACCCCTGAACCTGAATTTCAATTTGATTTCTGCATTTTGGCCCTCTCTCCATCATATTT
 GGATGCTGCATATGAAGTTAACAGCAGGGACACCGTTTTTATTTTTAAAGGAAATGAGTCTG
 GGCCATCAGAGGAAATGAGGTACAAGCAGGTTATCCAAGAGGCATCCATACCCCTGGGTTTTTC
 CTCCAACCATAAGGAAAATTGATGCAGCTGTTTCTGACAAGGAAAAGAAGAAAACATACTTTC
 TTTGCAGCGGACAAATACTGGAGATTTGATGAAAATAGCCAGTCCATGGAGCAAGGCTTCCCT
 AGACTAATAGCTGATGACTTTCAGGAGTTGAGCCTAAGGTTGATGCTGTATTACAGGCATTT
 GGATTTTTCTACTTCTTCAGTGGATCATCACAGTTTGGATTGACCCCAATGCCAGGATGGTGA
 CACACATATTAAGAGTAACAGCTGGTTACATTGCTCTAGATAG

FIG. 23

FIG._24-1

Eos Code	AAB4	Accession:	X07820	Priority:	
UniGene title	Matrix Metalloproteinase 10 (Stromolysin 2)				
blast hits:					
updated:					
Overall Status	Go				

UniGene ID	Hs.2258	Species	Human
5-chip PROBESET	X07820	sequence	
5-chip set primary key	9999999	Sequencher file	Aab4.spf
H-chip primary key	102915	orthologs	Mouse, Rat
Pangea Contig	cluster2091_1	ortholog alignment file	
contig length (bp)	1755	projects	Angio
ORF length (bp)	46	recommendations	MMP10, RT-PCR oligos due 3-6-00
full length?	yes	protein comments	

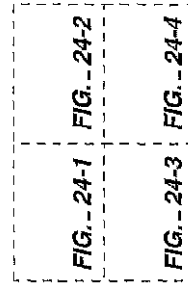
【 24 - 2 】

FIG. 24-2

Find / Filter	Full Length Cloning
Reports	Expression
	Peptides/Antibodies
	Patent Info

Chromosome	11
Cytoband	
GB4 RH ₃₀₀₀	352.42
associated with CGH	
subcellular localization	
SS?	Yes
TM?	No

FIG. 24



【図 24-3】

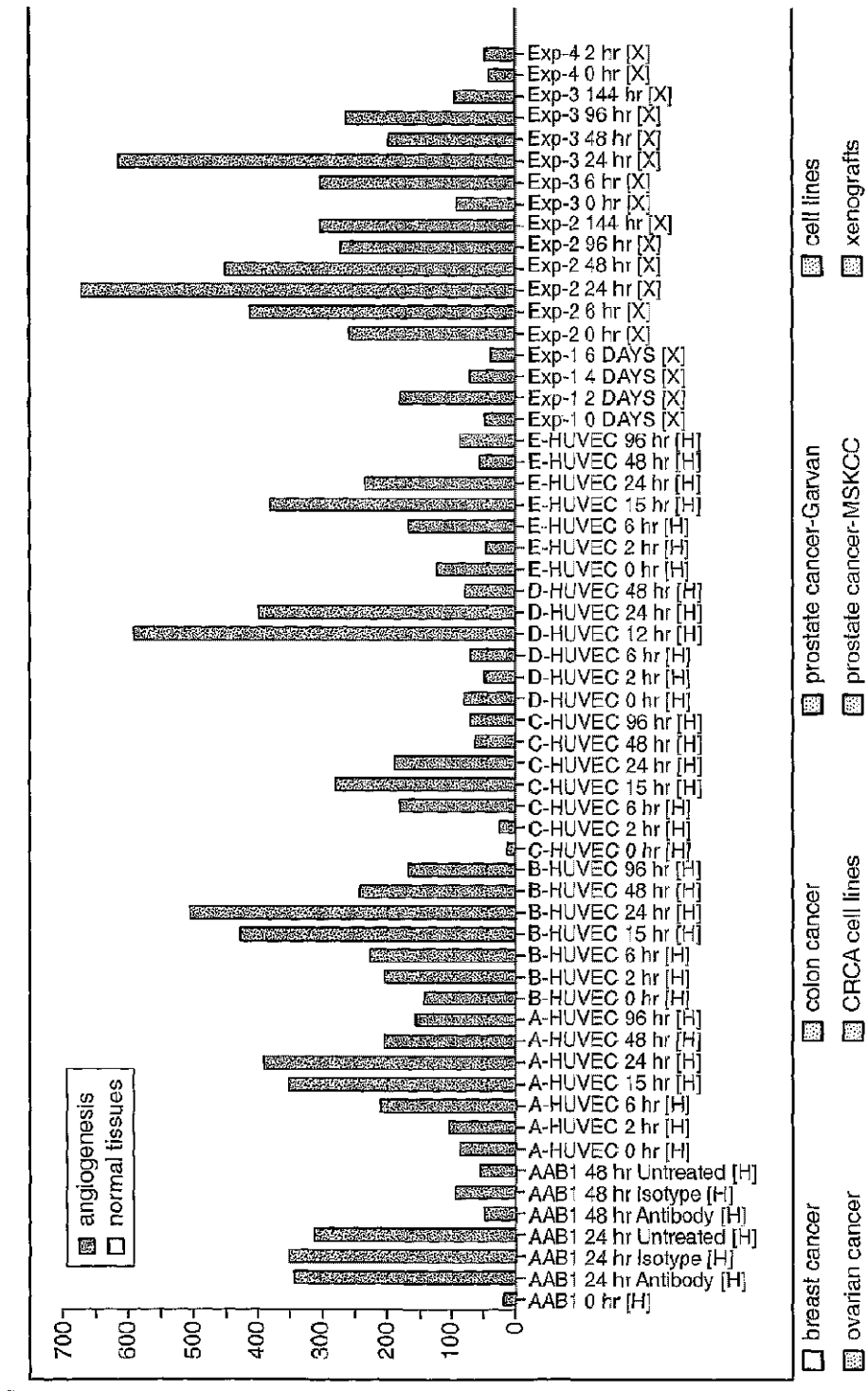


FIG. 24-3

【 24 - 4 】

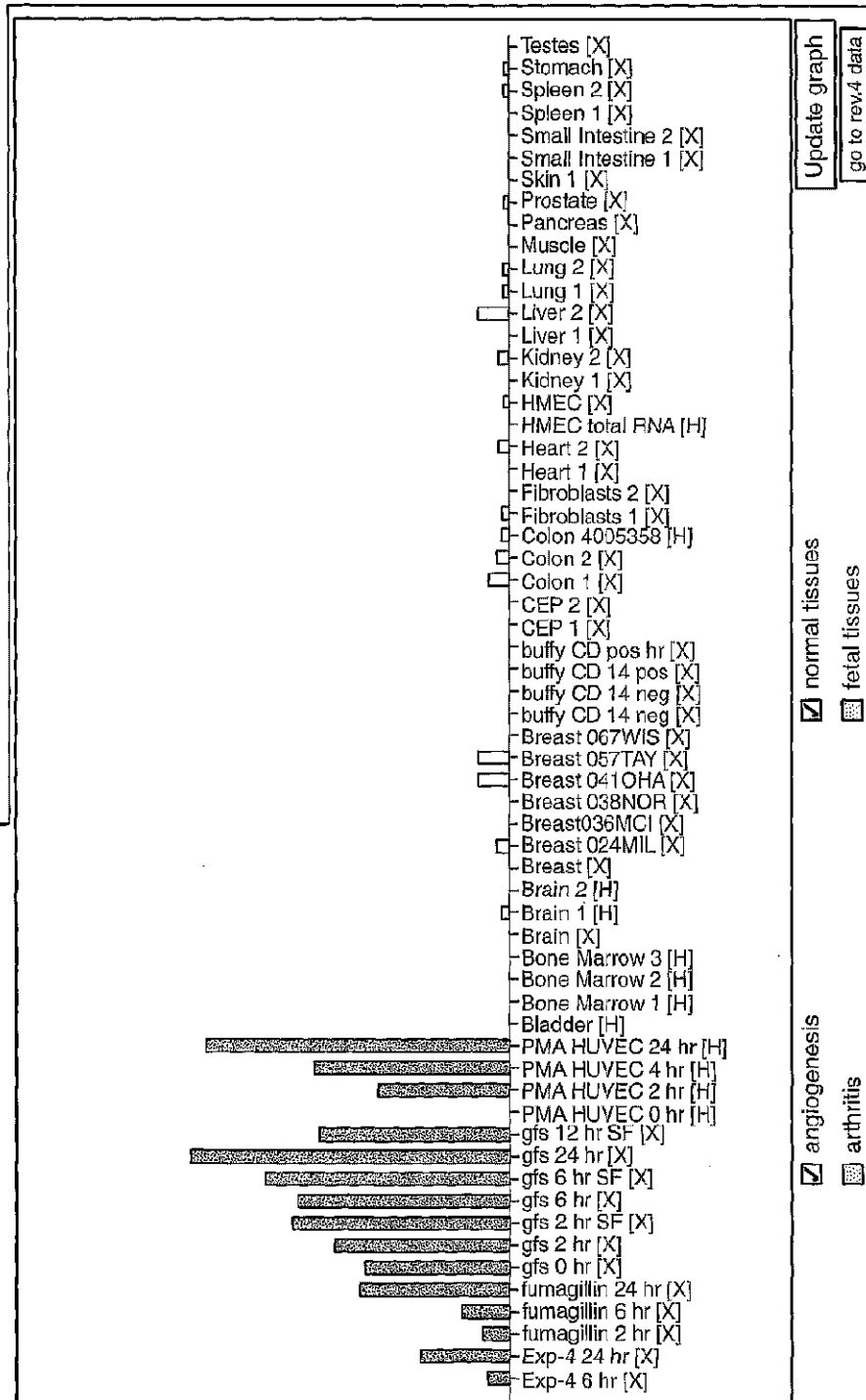


FIG.-24-4

FIG._25-1

Eos Code	AAB4	Accession:	X07820	Priority:	
UniGene title	Matrix Metalloproteinase 10 (Stromolysin 2)				
blast hits:					
updated:					
Overall Status	Go				
UniGene ID	Hs.2258	Species	Human		
5-chip PROBESET	A_RC_AA234743	sequence			
5-chip set primary key	9999999	Sequencher file	Aab4.spf		
H-chip primary key	102915	orthologs	Mouse, Rat		
Pangea Contig	cluster2091_1	ortholog alignment file			
contig length (bp)	1755	projects	Angio		
ORF length (bp)	46	recommendations	MMP10, RT-PCR oligos due 3-6-00		
full length?	yes	protein comments			

【 25 - 2 】

FIG. 25-2

Find / Filter	Full Length Cloning
Reports	Expression
	Peptides/Antibodies
	Patent Info

Chromosome	11
Cytoband	
GB4 RH ₃₀₀₀	352.42
associated with CGH	
subcellular localization	
SS?	Yes
TM?	No


【 2 5 - 3 】

FIG. 25-3

FIG. 25-1	FIG. 25-2	FIG. 25-3
FIG. 25-4	FIG. 25-4	FIG. 25-6

FIG. 25

【図 25 - 4】

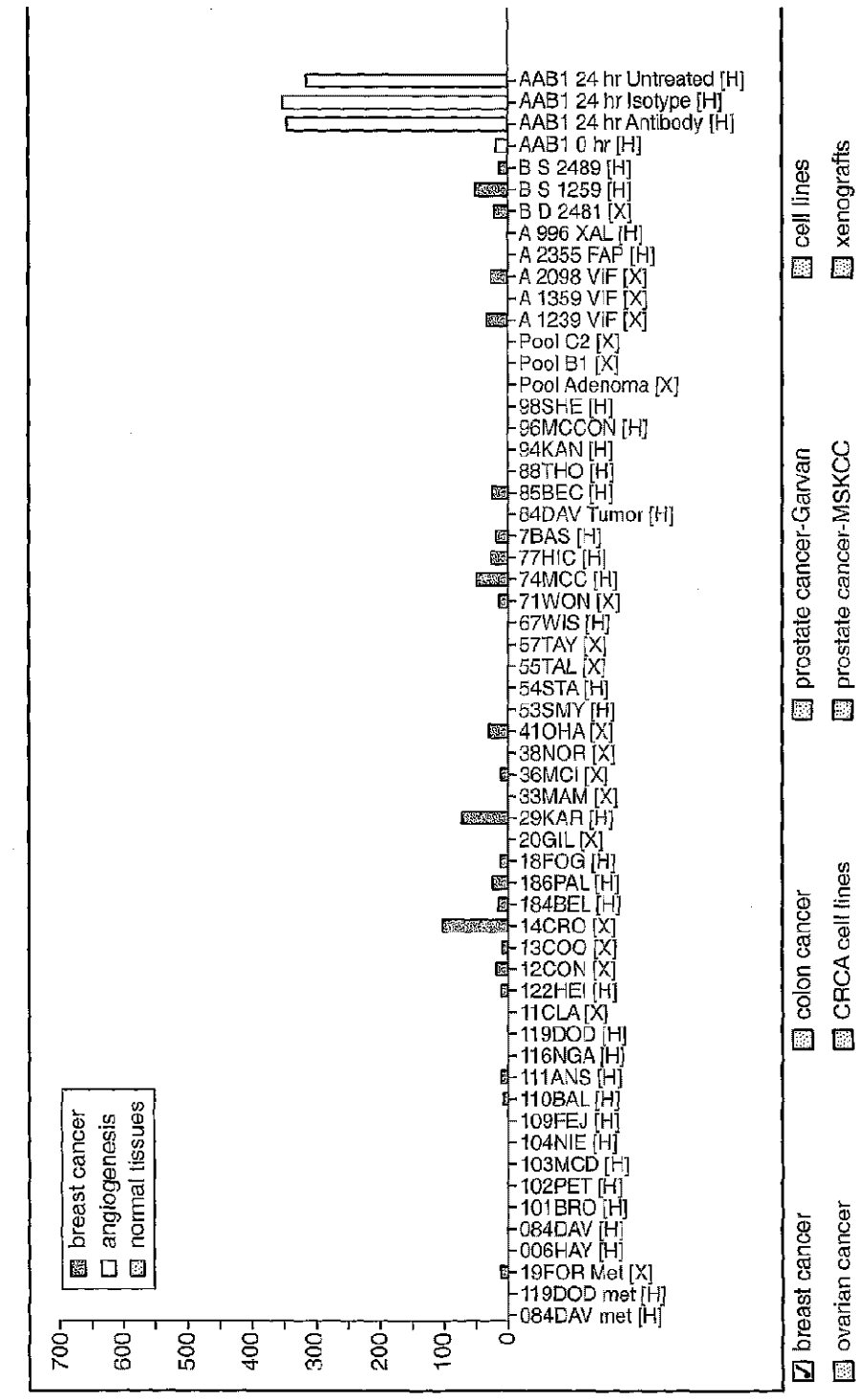


FIG.-25-4

【図 25 - 5】

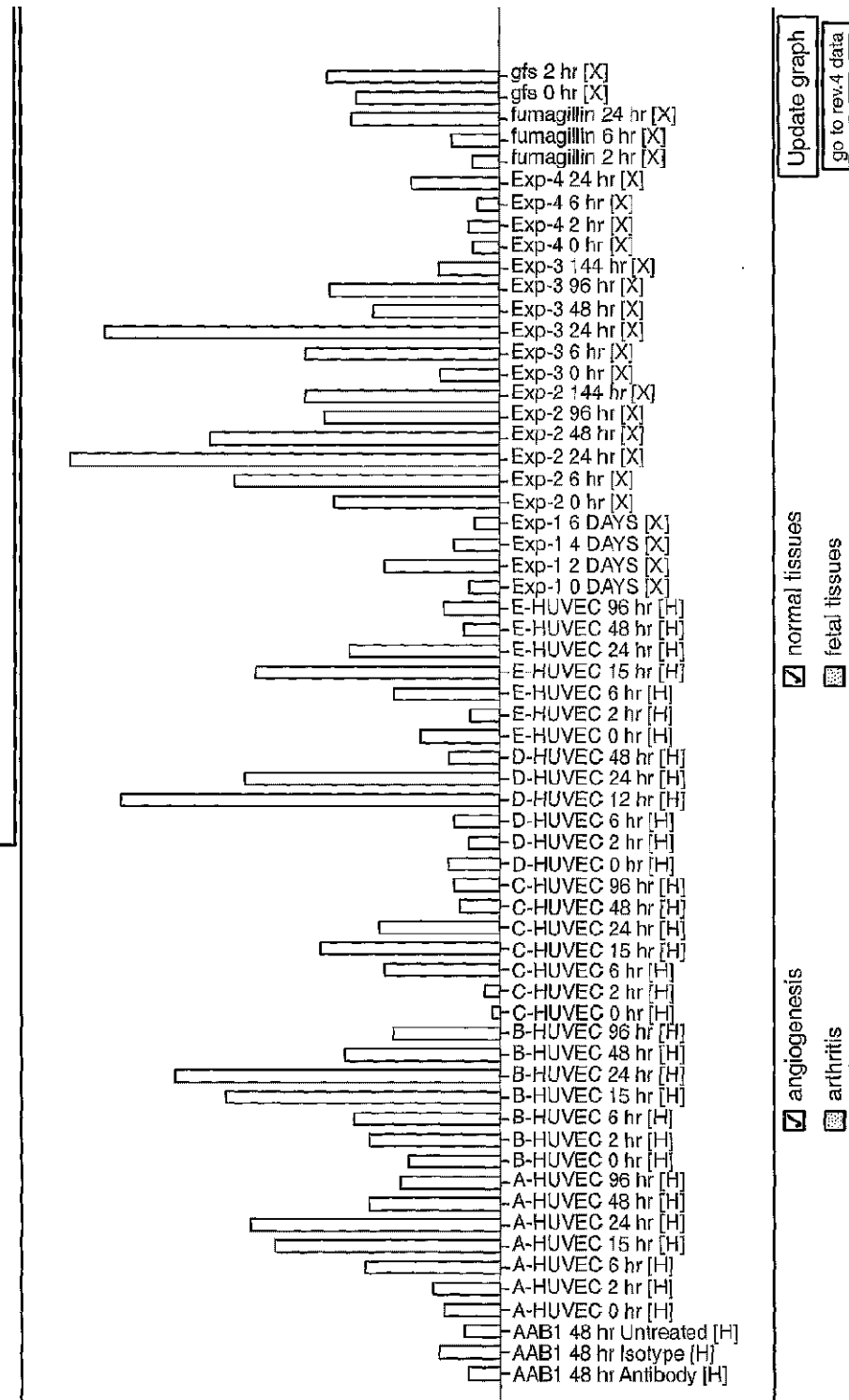


FIG..25-5

Update graph
go to rev.4 data

【図 25 - 6】

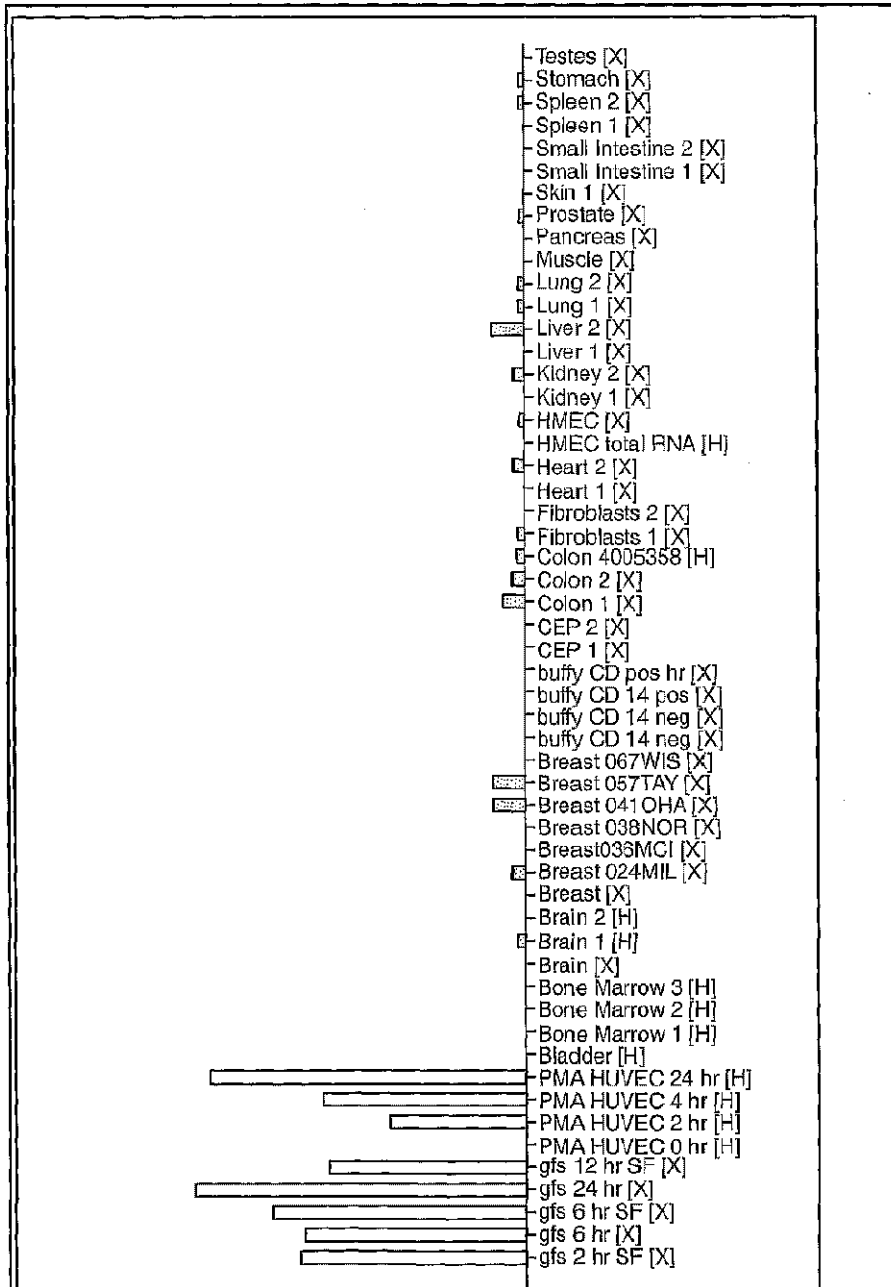


FIG. 25-6

【国際調査報告】

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No. PCT/US 00/22061		
A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER IPC 7 G01N33/50 C12Q1/48 C12N9/12		
According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC		
B. FIELDS SEARCHED Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols) IPC 7 G01N C12Q		
Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched		
Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used) EPQ-Internal, WPI Data, PAJ, BIOSIS, MEDLINE, EMBASE, CHEM ABS Data, STRAND		
C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	WO 94 11499 A (MAX PLANCK GESELLSCHAFT) 26 May 1994 (1994-05-26) abstract; claims 23-25,32,35 ---	1-33
A	WO 99 38998 A (MERCK & CO INC ;RESZKA ALFRED A (US); RODAN GIDEON A (US)) 5 August 1999 (1999-08-05) abstract claims 1,8 page 1 -page 2, line 25 ---	1-33
A	WO 99 17796 A (BRISKIN MICHAEL J ;LEUKOSITE INC (US); ZOU LILY (US)) 15 April 1999 (1999-04-15) abstract; claims 1,34,47 ---	1-33
-/--		
<input checked="" type="checkbox"/> Further documents are listed in the continuation of box C.		<input checked="" type="checkbox"/> Patent family members are listed in annex.
* Special categories of cited documents :		"I" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance		"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
"E" earlier document but published on or after the international filing date		"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.
"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)		"&" document member of the same patent family
"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means		
"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed		
Date of the actual completion of the international search 2 February 2001	Date of mailing of the international search report 29. 05. 2001	
Name and mailing address of the ISA European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2 NL - 2280 HV Rijswijk Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl, Fax: (+31-70) 340-3016	Authorized officer Gundlach, B	

4

Form PCT/ISA/210 (second sheet) (July 1992)

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

 In. ational Application No
 PCT/US 00/22061

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	WO 98 51326 A (HSC RES DEV LP) 19 November 1998 (1998-11-19) abstract; claims 1-5 ---	1-33
A	WO 97 34920 A (SUGEN INC) 25 September 1997 (1997-09-25) abstract; claims 1,2 ---	1-33
X	WO 98 29552 A (CHUGAI RES INST MOLECULAR MED ;NEZU JUN ICHI (JP); OKU ASUKA (JP)) 9 July 1998 (1998-07-09) the whole document X & AU 53406 98 A 31 July 1998 (1998-07-31) P,X -& EP 0 960 938 A ---	25-27
X	NEZU J -I ET AL: "IDENTIFICATION OF TWO NOVEL HUMAN PUTATIVE SERINE/THREONINE KINASESVRK1 AND VRK2, WITH STRUCTURAL SIMILARITY TO VACCINIA VIRUS B1R KINASE" GENOMICS,US,ACADEMIC PRESS, SAN DIEGO, vol. 45, no. 2, 15 October 1997 (1997-10-15), pages 327-331, XP000872493 ISSN: 0888-7543 the whole document ---	25-27
A	WO 99 11794 A (INCYTE PHARMA INC ;CORLEY NEIL C (US); YUE HENRY (US); LAL PREETI) 11 March 1999 (1999-03-11) the whole document -----	1-33

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

international application No.
PCT/US 00/22061**Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)**

This International Search Report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:

2. Claims Nos.:
because they relate to parts of the International Application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful International Search can be carried out, specifically:

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

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

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

see additional sheet

1. As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this International Search Report covers all searchable claims.

2. As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.

3. As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this International Search Report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:

4. No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this International Search Report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

see further information sheet invention 1.

Remark on Protest

- The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.
- No protest accompanied the payment of additional search fees.

FURTHER INFORMATION CONTINUED FROM PCT/ISA/ 210

This International Searching Authority found multiple (groups of) inventions in this international application, as follows:

1. Claims: Invention 1: Claims 1-33 (all in part)

Methods and proteins involving vaccinia related kinase 2 (VRK2)

2. Claims: Inventions 2-4130: Claims 1-33 (all in part)

Methods and proteins involving one of the proteins listed in tables 1-5

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/US 00/22061

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
WO 9411499 A	26-05-1994	AU 5562794 A	08-06-1994
		CA 2149298 A	26-05-1994
		CN 1094445 A	02-11-1994
		EP 0669978 A	06-09-1995
		JP 8505763 T	25-06-1996
		US 6177401 B	23-01-2001
		US 5712395 A	27-01-1998
		US 5851999 A	22-12-1998
		US 5763441 A	09-06-1998
		US 5792771 A	11-08-1998
		US 5981569 A	09-11-1999
US 5849742 A	15-12-1998		
WO 9938998 A	05-08-1999	AU 2487899 A	16-08-1999
		EP 1051511 A	15-11-2000
WO 9917796 A	15-04-1999	AU 9594598 A	27-04-1999
		EP 1019080 A	19-07-2000
WO 9851326 A	19-11-1998	AU 7348998 A	08-12-1998
WO 9734920 A	25-09-1997	AU 2066797 A	10-10-1997
WO 9829552 A	09-07-1998	AU 5340698 A	31-07-1998
		EP 0960938 A	01-12-1999
WO 9911794 A	11-03-1999	AU 9304498 A	22-03-1999

フロントページの続き

(51)Int.Cl. ⁷	識別記号	F I	テ-マコ-ト' (参考)
A 6 1 K 39/395		A 6 1 K 48/00	4 C 0 8 4
45/00		A 6 1 P 9/00	4 C 0 8 5
48/00		C 0 7 K 14/47	4 C 0 8 6
A 6 1 P 9/00		16/18	4 H 0 4 5
C 0 7 K 14/47		C 1 2 M 1/00	A
16/18		C 1 2 Q 1/68	A
C 1 2 M 1/00		G 0 1 N 33/15	Z
C 1 2 Q 1/68		33/50	Z
G 0 1 N 33/15		33/53	M
33/50		37/00	1 0 2
33/53		C 1 2 P 21/08	
37/00	1 0 2	C 1 2 N 15/00	Z N A A
// C 1 2 P 21/08			F
(81)指定国	EP(AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE), OA(BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG), AP(GH, GM, KE, LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZW), EA(AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NO, NZ, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, TZ, UA, UG, UZ, VN, YU, ZA, ZW		

Fターム(参考) 2G045 BB10 BB14 BB46 BB48 BB50
BB51 CB01 DA13 FB02 FB03
4B024 AA01 AA11 BA80 CA04 CA09
CA12 HA11 HA14 HA17
4B029 AA07 FA12
4B063 QA01 QA13 QA19 QQ08 QQ43
QR32 QR55 QR62 QR77 QR84
QS25 QS34
4B064 AG27 CA19 DA01 DA13
4C084 AA13 AA17 NA14 ZA361
ZA441 ZA511 ZA891 ZB111
ZB211 ZB261 ZC411
4C085 AA03 AA13 AA14 BB17 CC03
DD62 EE01
4C086 AA01 AA02 EA16 NA14 ZA36
ZA44 ZA51 ZA89 ZB11 ZB21
ZB26 ZC41
4H045 AA10 AA11 AA20 CA40 DA76
EA20 EA50 FA74

专利名称(译)	用于诊断血管生成的新方法，用于筛选血管生成调节剂的组合物和方法		
公开(公告)号	JP2003517816A	公开(公告)日	2003-06-03
申请号	JP2001515333	申请日	2000-08-11
[标]申请(专利权)人(译)	Eos的生物技术公司		
申请(专利权)人(译)	Eos的生物技术公司		
[标]发明人	マーレイリチャード		
发明人	マーレイ, リチャード		
IPC分类号	A61K31/7088 A61K39/00 A61K39/395 A61K45/00 A61K48/00 A61P9/00 C07K14/47 C07K16/18 C12M1/00 C12N15/09 C12P21/08 C12Q1/48 C12Q1/68 G01N33/15 G01N33/50 G01N33/53 G01N37/00		
CPC分类号	G01N33/5091 C12Q1/48 G01N33/5008 G01N33/5014 G01N33/5023 G01N33/5064 G01N2550/00		
FI分类号	A61K31/7088 A61K39/00.H A61K39/395.D A61K39/395.H A61K45/00 A61K48/00 A61P9/00 C07K14/47 C07K16/18 C12M1/00.A C12Q1/68.A G01N33/15.Z G01N33/50.Z G01N33/53.M G01N37/00.102 C12P21/08 C12N15/00.ZNA.A C12N15/00.F		
F-TERM分类号	2G045/BB10 2G045/BB14 2G045/BB46 2G045/BB48 2G045/BB50 2G045/BB51 2G045/CB01 2G045/DA13 2G045/FB02 2G045/FB03 4B024/AA01 4B024/AA11 4B024/BA80 4B024/CA04 4B024/CA09 4B024/CA12 4B024/HA11 4B024/HA14 4B024/HA17 4B029/AA07 4B029/FA12 4B063/QA01 4B063/QA13 4B063/QA19 4B063/QQ08 4B063/QQ43 4B063/QR32 4B063/QR55 4B063/QR62 4B063/QR77 4B063/QR84 4B063/QS25 4B063/QS34 4B064/AG27 4B064/CA19 4B064/DA01 4B064/DA13 4C084/AA13 4C084/AA17 4C084/NA14 4C084/ZA361 4C084/ZA441 4C084/ZA511 4C084/ZA891 4C084/ZB111 4C084/ZB211 4C084/ZB261 4C084/ZC411 4C085/AA03 4C085/AA13 4C085/AA14 4C085/BB17 4C085/CC03 4C085/DD62 4C085/EE01 4C086/AA01 4C086/AA02 4C086/EA16 4C086/NA14 4C086/ZA36 4C086/ZA44 4C086/ZA51 4C086/ZA89 4C086/ZB11 4C086/ZB21 4C086/ZB26 4C086/ZC41 4H045/AA10 4H045/AA11 4H045/AA20 4H045/CA40 4H045/DA76 4H045/EA20 4H045/EA50 4H045/FA74		
优先权	60/148425 1999-08-11 US		
外部链接	Espacenet		

摘要(译)

本文描述了可用于诊断血管生成和血管生成表型的方法。本文还描述了可用于筛选候选生物活性剂调节血管生成能力的方法。另外，描述了在与血管生成有关的疾病中进行治疗性干预的方法和分子靶标（例如，基因及其产物）。还描述了将治疗部分定位于血管生成组织的方法。

