



**【特許請求の範囲】**

【請求項1】 以下の(a)乃至(d)を有する群から選択した実質上単離されたポリペプチド。

(a) 配列番号1を有する群から選択したアミノ酸配列

(b) 配列番号1を有する群から選択したアミノ酸配列と少なくとも95%が同一であるようなアミノ酸配列を有する天然のアミノ酸配列

(c) 配列番号1を有する群から選択したアミノ酸配列を有するアミノ酸配列の生物学的活性断片

(d) 配列番号1を有する群から選択したアミノ酸配列を有する免疫抗原性断片

【請求項2】 配列番号1を有する群から選択した請求項1に記載の単離されたポリペプチド。

【請求項3】 請求項1のポリペプチドをコードする単離されたポリヌクレオチド。

【請求項4】 請求項2のポリペプチドをコードする単離されたポリヌクレオチド。

【請求項5】 配列番号3を有する群から選択した請求項4に記載の単離されたポリヌクレオチド。

【請求項6】 請求項3に記載のポリヌクレオチドに機能的に結合したプロモーター配列を含む組換えポリヌクレオチド。

【請求項7】 請求項6に記載の組換えポリヌクレオチドを用いて形質転換した細胞。

【請求項8】 請求項6に記載の組換えポリヌクレオチドを含む遺伝形質転換体。

【請求項9】 請求項1に記載のポリペプチドを製造する方法であって、

(a) 組換えポリヌクレオチドを用いて形質転換した細胞を前記ポリペプチドの発現に適した条件下で培養する過程と、

(b) そのように発現した前記ポリペプチドを受容する過程とからなり、

前記組換えポリヌクレオチドが、請求項1に記載の前記ポリペプチドをコード

するポリヌクレオチドに機能的に結合したプロモーター配列を有することを特徴とする方法。

【請求項10】 請求項1に記載のポリペプチドと特異結合するような単離された抗体。

【請求項11】 以下の(a)乃至(e)を有する群から選択した実質上単離されたポリヌクレオチド。

(a) 配列番号3を有する群から選択したポリヌクレオチド配列を有するポリヌクレオチド配列

(b) 配列番号3を有する群から選択したポリヌクレオチド配列と少なくとも90%が同一であるような天然のポリヌクレオチド配列

(c) (a)のポリヌクレオチドに相補的なポリヌクレオチド

(d) (b)のポリヌクレオチドに相補的なポリヌクレオチド

(e) (a)~(d)のRNA等価物

【請求項12】 請求項11に記載のポリヌクレオチドの少なくとも60の連続したヌクレオチドを含む単離されたポリヌクレオチド。

【請求項13】 請求項11に記載のポリヌクレオチドの配列を有する標的ポリヌクレオチドをサンプル中から検出する方法であって、

(a) 前記サンプル中の前記標的ポリヌクレオチドに相補的な配列を有する少なくとも20の連続したヌクレオチドを含むプローブを用いて前記サンプルをハイブリダイズする過程と、

(b) 前記ハイブリダイゼーション複合体の存在・不存在を検出し、該複合体が存在する場合にはオプションでその量を検出する過程からなり、

前記プローブと前記標的ポリヌクレオチドの間でハイブリダイゼーション複合体が形成されるような条件下で、前記プローブが前記標的ポリヌクレオチドに特異的にハイブリダイズすることを特徴とする方法。

【請求項14】 前記プローブが少なくとも60の連続したヌクレオチドを含むことを特徴とする請求項13に記載の方法。

【請求項15】 請求項11に記載のポリヌクレオチドの配列を有する標的ポリヌクレオチドをサンプル中から検出する方法であって、

(a) ポリメラーゼ連鎖反応増幅を用いて前記標的ポリヌクレオチドまたはその断片を増幅する過程と、

(b) 前記標的ポリヌクレオチドまたはその断片の存在・不存在を検出し、該標的ポリヌクレオチドまたはその断片が存在する場合にはオプションでその量を検出する過程を含むことを特徴とする方法。

【請求項16】 有効量の請求項1のポリペプチドと、薬剤として許容できる賦形剤とを有することを特徴とする成分。

【請求項17】 前記ポリペプチドが、配列番号1を有する群から選択したアミノ酸配列を含むことを特徴とする請求項16に記載の成分。

【請求項18】 機能性LIMDの発現低下に関連する疾患又は病状を治療する方法であって、そのような治療を必要とする患者に対して請求項16に記載の成分を投与する過程を含むことを特徴とする方法。

【請求項19】 請求項1に記載のポリペプチドのアゴニストとして有効性を確認するために化合物をスクリーニングする方法であって、

(a) 請求項1に記載のポリペプチドを含むサンプルを化合物に曝す過程と、

(b) 前記サンプル中のアゴニスト活性を検出する過程とを含むことを特徴とする方法。

【請求項20】 請求項19に記載の方法によって同定したアゴニスト化合物と、薬剤として許容できる賦形剤とを含むことを特徴とする成分。

【請求項21】 機能性LIMDの発現低下に関連する疾患又は病状を治療する方法であって、そのような治療を必要とする患者に対して請求項20に記載の成分を投与する過程を含むことを特徴とする方法。

【請求項22】 請求項1に記載のポリペプチドのアンタゴニストとして有効性を確認するために化合物をスクリーニングする方法であって、

(a) 請求項1に記載のポリペプチドを含むサンプルを化合物に曝す過程と、

(b) 前記サンプル中のアンタゴニスト活性を検出する過程とを含むことを特徴とする方法。

【請求項23】 請求項22に記載の方法によって同定したアンタゴニスト化合物と、薬剤として許容できる賦形剤とを含むことを特徴とする成分。

【請求項24】 機能性LIMDの過剰発現に関連する疾患又は病状の治療方法であって、そのような治療を必要とする患者に対して請求項23に記載の成分を投与する過程を含むことを特徴とする方法。

【請求項25】 請求項1に記載のポリペプチドに特異結合する化合物をスクリーニングする方法であって、

(a) 適切な条件下で請求項1に記載のポリペプチドを少なくとも1つの試験化合物に結合させる過程と、

(b) 請求項1に記載のポリペプチドの試験化合物との結合を検出し、それによって請求項1に記載のポリペプチドに特異結合する化合物を同定する過程とを含むことを特徴とする方法。

【請求項26】 請求項1に記載のポリペプチドの活性を調節する化合物をスクリーニングする方法であって、

(a) 請求項1に記載のポリペプチドの活性が許容された条件下で、請求項1に記載のポリペプチドを少なくとも1つの試験化合物に結合させる過程と、

(b) 請求項1に記載のポリペプチドの活性を試験化合物の存在下で算定する過程と、

(c) 試験化合物の存在下での請求項1に記載のポリペプチドの活性を、試験化合物の不存在下での請求項1に記載のポリペプチドの活性と比較する過程とを含み、

試験化合物の存在下での請求項1に記載のポリペプチドの活性の変化が、請求項1に記載のポリペプチドの活性を調節する化合物を標示することを特徴とする方法。

【請求項27】 請求項5に記載の配列を有する標的ポリヌクレオチドの変異発現の有効性を確認するために化合物をスクリーニングする方法であって、

(a) 前記標的ポリヌクレオチドの発現に適した条件下で、該標的ポリヌクレオチドを含むサンプルを化合物に曝す過程と、

(b) 前記標的ポリヌクレオチドの変異発現を検出する過程とを含むことを特徴とする方法。

【請求項28】 試験化合物の毒性を算定する方法であって、

- (a) 核酸を含む生物学的サンプルを前記試験化合物で処理する過程と、
- (b) 請求項11に記載のポリヌクレオチドの少なくとも20の連続したヌクレオチドを含むプローブと、請求項11に記載のポリヌクレオチドまたはその断片のポリヌクレオチド配列を有する前記生物学的サンプルの標的ポリヌクレオチドとの間に、特定のハイブリタイゼーション複合体が形成されるような条件下で、前記処理されたサンプルの核酸を前記プローブでハイブリタイズする過程と、
- (c) 前記ハイブリタイゼーション複合体の量を定量する過程と、
- (d) 前記処理された生物学的サンプル中の前記ハイブリタイゼーション複合体の量を、処理されていない生物学的サンプル中の前記ハイブリタイゼーション複合体の量と比較する過程とを含み、
- 前記処理された生物学的サンプル中の前記ハイブリタイゼーション複合体の量の差が、前記試験化合物の毒性を標示することを特徴とする方法。

**【発明の詳細な説明】****【0001】****(技術分野)**

本発明は、ヒトLIMドメインタンパク質の核酸配列及びアミノ酸配列に関し、細胞増殖異常、発達障害及び細胞運動異常の診断、治療並びに予防におけるこれらの配列の利用に関する。

**【0002】****(発明の背景)**

LIMドメインは、2つのループ構造を形成する約60アミノ酸残基の多システインモチーフであり、各ループ構造が亜鉛イオンと結合している (Sanchez-Garcia, I. and T. H. Rabbitts (1994) Trends Genet. 10:315-320、Dawid, I. B. ら (1998) Trends Genet. 14:156-162にレビューされている)。LIMドメイン二重Znフィンガー構造はGATAのZnフィンガー転写因子に類似しているが、LIMドメインがDNAに結合するという直接的な証拠は見つかっていない。その代わりに、LIMドメインは、SH2、SH3、PDZ及びその他のドメインに類似であって多タンパク質シグナル伝達複合体の構築を仲介するようなタンパク質相互作用モジュールとして機能するように見える (Pawson, T. and I. D. Scott (1997) Science 278:2075-2080)。LIMドメインは、転写因子、細胞骨格タンパク質及びシグナル伝達分子を含む多様なタンパク質中で同定されてきた。LIMタンパク質は、細胞運命の決定、成長の調節及び腫瘍形成に関与している。LIMファミリーの60以上のメンバーについて記述がなされており、LIMタンパク質は多様な種で見つかっている。

**【0003】**

LIMタンパク質は、LIMドメインの相同性及びその他の構造的特徴に基づき3つの群に分類されてきた (前出のDawid)。1群LIMドメインタンパク質は、以下の3つのタンパク質ファミリーに分類される。1つはLMOタンパク質であり、2つのタンデム型LIMドメインしか含まない。2つ目はLHXタンパク質であり、ホメオドメインに続き2つのタンデム型LIMドメインを含む。3つ目はLIMKタンパク質であり、タンパク質キナーゼドメインに続き2つのタンデム型LIMドメインを含

む。2群のタンパク質は殆どのLIMドメインを含み、3群のタンパク質は1～5個のタンデム型LIMドメインをC末端に有し、その他のタンパク質結合モチーフをN末端領域に有し得る。1群LIMドメインタンパク質は主として核に見られ、2群及び3群LIMドメインタンパク質は主として細胞質に見られる。

#### 【0004】

LHXタンパク質は、特定の細胞タイプの分化の調整に参与している。LHXファミリーには、3つのタンパク質即ち線虫由来のLin-11、ラット由来のISLi及び線虫由来のMec-3が含まれ、これらは全て発達中に細胞運命の決定において役割を果たす転写因子であり、LIMはこれらタンパク質の名を採って命名された。Lin-11タンパク質は線虫において外陰の発達中に非対称性細胞分裂を制御し、Mec-3は機械感覚性ニューロンの分化のために必要である。膵島細胞に発現されるISLiは、インスリン遺伝子のエンハンサーに結合し、おそらくはインスリンの細胞特異発現を調整する。Lim1/Lhx1は、哺乳動物LHXファミリータンパク質であり、マウスにおいてこの遺伝子が破損すると無頭胎児が発生し得ることから、脊椎動物の胚形成における基礎的な初期の役割を有する。その他の哺乳動物LHX遺伝子は、様々な組織において固有の機能を示す。マウスにおけるLhx2の破損は眼の欠如を含む広範囲の脳の異常を導き、Lhx3の破損は脳下垂体の前葉及び中葉の特定切除の原因となる。LHXタンパク質は、そのホメオドメインを介してDNAに結合する。LIMドメインは、LHX機能を活性化するために必要なLIMドメインにタンパク質補助因子を結合し、DNA結合に負の調整効果を発揮するように見える（前出のDawid）。

#### 【0005】

LM0遺伝子は、本来、ヒト腫瘍に見られる染色体転座による活性化の結果として同定されるものであった。LM01及びLM02は、再発性染色体転座に関連しているので、或る種のヒトT細胞急性白血病に参与していると信じられている。更に、LM01またはLM02の遺伝子組換え発現は、マウス中で白血病及びリンパ腫を産出する（McGuire, E.A. ら (1992) Mol. Cell. Biol. 12:4186-4196、Fisch, P. ら (1992) Oncogene 7:238-2397）。LM02の無発現変異を有するノックアウトマウスは赤血球系の分化が不完全であるので、LM02の通常の機能は造血系統の発達にあ

る。LMO2遺伝子の産物は、DNAに直接結合しているようには見えないが、転写を制御する多タンパク質複合体に見られ、ここではLMO2遺伝子の産物が複合体の2つのDNA結合アームを架橋している外観を呈している。T細胞におけるLMO2の不適当な発現は、白血病を引き起こす異常なDNA転写複合体の形成の原因となると信じられている (Rabbitts, T. H. ら (1999) *Cancer Res.* 59 (7 suppl.): 1794s-1798s)。

#### 【0006】

2群LIMドメインタンパク質には多システインタンパク質 (CRP) ファミリーがあり、これは2つのLIMドメインを表示し、筋肉の発達に結びつけられる。この群において最近特徴付けられたファミリーは、FHL (four and a half LIMドメイン) タンパク質であり、これは、4つのLIMドメインと、LIMドメインのC末端半分に似た1つのN末端Znフィンガーとから構成されている。FHLタンパク質は、筋形成において重大な意味を持つ諸現象と同等であるような外観を呈する方法で骨格筋及び心筋に発現される (Morgan, M. J. and A. J. A. Magwick (1999) *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 255:245-250)。

#### 【0007】

多くの3群LIMドメインタンパク質は、主として、細胞外マトリックス受容体と細胞骨格との接触を仲介する高分子複合体である焦点接着 (focal adhesion) に位置する。このようなタンパク質には、zyxin及びパキシリンがある。パキシリンは、c-Src腫瘍遺伝子産物のSH3ドメイン及びv-Crk腫瘍遺伝子産物のSH2ドメインに対する結合部位及び4つのタンデム型LIMドメインを含む68キロダルトンのタンパク質である。パキシリンは、焦点接着チロシンキナーゼを含む種々のチロシンキナーゼ及び造血性c-Abl腫瘍遺伝子産物のための基質である。パキシリンのチロシンリン酸化は、成長因子刺激作用及び腫瘍遺伝子形質転換に応じて誘発される。そのようなリン酸化現象は、アクチンの細胞骨格における変化と関連がある (Salgia, R. ら (1995) *J. Biol. Chem.* 270:5039-5047)。Zyxinは、アクチンアセンブリの空間制御において役割を果たす。Zyxinには3つのタンデム型LIMドメインが含まれ、zyxinはこのドメインを介してCRPファミリーのタンパク質に結合する。Zyxinはまた、多プロリンN末端を介してアクチンフィラメ

ントの架橋結合剤である アクチニンと相互作用する (Beckerle, M. C. (1997) BloEssays 19:949-957)。

#### 【0008】

その他のLIMドメインタンパク質には、1つのC末端LIMドメインを有するラットからの復帰突然変異誘導LIM (RIL) タンパク質がある。RILは、線維芽細胞内で高度に発現され、H-ras形質転換細胞内で減少する。RILの発現は、H-ras形質転換細胞由来の表現型復帰突然変異体に保存される。従って、RILは正常な細胞成長の維持への関与を提唱されている (Kiess, M. ら (1995) Oncogene 10:61-68)。

#### 【0009】

新たなヒトLIMドメインタンパク質及びそれをコードするポリヌクレオチドの発見は、細胞増殖異常、発達障害及び細胞運動異常の診断、治療並びに予防において有用である新たな組成を提供することにより、当分野における要求を満たす。

#### 【0010】

##### (発明の概要)

本発明は、集合的には「LIMD」、個別には「LIMD-1」及び「LIMD-2」と呼ばれるような、実質上精製されたポリペプチドである細胞内シグナル伝達分子に特徴がある。或る実施態様において本発明は、(a) 配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列、(b) 配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列と少なくとも95%の相同性を有する天然のアミノ酸配列、(c) 配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列の生物学的活性断片、または(d) 配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列の免疫抗原性断片を含む、実質上単離されたポリペプチドを提供する。一実施態様では、配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列を含む実質上単離されたポリペプチドを提供する。

#### 【0011】

また、本発明は(a) 配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列、(b) 配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列と少なくとも9

5%の相同性を有する天然のアミノ酸配列、(c)配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列の生物学的活性断片、または(d)配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列の免疫抗原性断片を含むポリペプチドをコードするような実質上単離されたポリヌクレオチドを提供する。一実施態様では、ポリヌクレオチドは配列番号1乃至2を有する群から選択したポリペプチドをコードする。別の実施態様では、ポリヌクレオチドは配列番号3乃至4を有する群から選択される。

#### 【0012】

本発明は更に、(a)配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列、(b)配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列と少なくとも95%の相同性を有する天然のアミノ酸配列、(c)配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列の生物学的活性断片、または(d)配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列の免疫抗原性断片を含むポリペプチドをコードするような実質上単離されたポリヌクレオチドと機能的に結合したプロモーター配列を有する組換えポリヌクレオチドを提供する。一実施態様では、本発明は組換えポリヌクレオチドを用いて形質転換した細胞を提供する。別の実施態様では、本発明は組換えポリヌクレオチドを含む遺伝形質転換体を提供する。

#### 【0013】

また、本発明は(a)配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列、(b)配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列と少なくとも95%の相同性を有する天然のアミノ酸配列、(c)配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列の生物学的活性断片、または(d)配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列の免疫抗原性断片を含む実質上単離されたポリペプチドを製造する方法を提供する。製造方法は、(a)組換えポリヌクレオチドを用いて形質転換した細胞をポリペプチドの発現に適した条件下で培養する過程と、(b)そのように発現したポリペプチドを受容する過程とを有し、組換えポリヌクレオチドはポリペプチドをコードするポリヌクレオチドに機能的に結合したプロモーター配列を有する。

#### 【0014】

本発明は更に、(a)配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列、(b)配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列と少なくとも95%の相同性を有する天然のアミノ酸配列、(c)配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列の生物学的活性断片、または(d)配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列の免疫抗原性断片を含むポリペプチドに特異結合するような実質上単離された抗体を提供する。

#### 【0015】

本発明は更に、(a)配列番号3乃至4を有する群から選択したポリヌクレオチド配列、(b)配列番号3乃至4を有する群から選択したポリヌクレオチド配列と少なくとも90%の相同性を有する天然のポリヌクレオチド配列、(c)(a)に相補的なポリヌクレオチド配列、(d)(b)に相補的なポリヌクレオチド配列、または(e)(a)~(d)のRNA等価物を含む実質上単離されたポリヌクレオチドを提供する。一実施態様では、ポリヌクレオチドは少なくとも60の連続したヌクレオチドを有する。

#### 【0016】

本発明は更に、サンプル中の標的ポリヌクレオチドを検出する方法を提供する。ここで、標的ポリヌクレオチドは(a)配列番号3乃至4を有する群から選択したポリヌクレオチド配列、(b)配列番号3乃至4を有する群から選択したポリヌクレオチド配列と少なくとも90%の相同性を有する天然のポリヌクレオチド配列、(c)(a)に相補的なポリヌクレオチド配列、(d)(b)に相補的なポリヌクレオチド配列、または(e)(a)~(d)のRNA等価物を含む実質上単離されたポリヌクレオチドを提供する。検出方法は、(a)サンプル中の標的ポリヌクレオチドに相補的な配列からなる少なくとも20の連続したヌクレオチドを含むプローブを用いて該サンプルをハイブリダイズする過程と、(b)ハイブリダイゼーション複合体の存在・不存在を検出し、複合体が存在する場合にはオプションでその量を検出する過程からなり、プローブと標的ポリヌクレオチドの間にハイブリダイゼーション複合体が形成されるような条件下で、プローブは標的ポリヌクレオチドに特異的にハイブリダイズする。一実施態様では、プローブは少なくとも60の連続したヌクレオチドを含む。

## 【0017】

本発明はまた、サンプル中の標的ポリヌクレオチドを検出する方法を提供する。ここで、標的ポリヌクレオチドは（a）配列番号3乃至4を有する群から選択したポリヌクレオチド配列、（b）配列番号3乃至4を有する群から選択したポリヌクレオチド配列と少なくとも90%の相同性を有する天然のポリヌクレオチド配列、（c）（a）に相補的なポリヌクレオチド配列、（d）（b）に相補的なポリヌクレオチド配列、または（e）（a）～（d）のRNA等価物を含む実質上単離されたポリヌクレオチドを提供する。検出方法は、（a）ポリメラーゼ連鎖反応増幅を用いて標的ポリヌクレオチドまたはその断片を増幅する過程と、（b）標的ポリヌクレオチドまたはその断片の存在・不存在を検出し、該標的ポリヌクレオチドまたはその断片が存在する場合にはオプションでその量を検出する過程を含む。

## 【0018】

本発明は更に、有効量のポリペプチドと薬剤として許容できる賦形剤とを含む医薬品成分を提供する。有効量のポリペプチドは、（a）配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列、（b）配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列と少なくとも95%の相同性を有する天然のアミノ酸配列、（c）配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列の生物学的活性断片、または（d）配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列の免疫抗原性断片を含む。一実施態様では、医薬品成分は配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列を含む。更に本発明は、機能性LIMDの発現低下に関連する疾患又は病状を治療する方法であって、そのような治療を必要とする患者に対して医薬品成分を投与する過程を有する方法を提供する。

## 【0019】

本発明はまた、（a）配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列、（b）配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列と少なくとも95%の相同性を有する天然のアミノ酸配列、（c）配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列の生物学的活性断片、または（d）配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列の免疫抗原性断片を含むポリペプチドのア

ゴニストとしての有効性を確認するために化合物をスクリーニングする方法を提供する。スクリーニング方法は、(a)ポリペプチドを有するサンプルを化合物に曝す過程と、(b)サンプル中のアゴニスト活性を検出する過程とを含む。一実施態様では、本発明は機能性LIMDの発現低下に関連する疾患又は病状を治療する方法であって、そのような治療を必要とする患者に対して医薬品成分を投与する過程を含む方法を提供する。

#### 【0020】

本発明は更に、(a)配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列、(b)配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列と少なくとも95%の相同性を有する天然のアミノ酸配列、(c)配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列の生物学的活性断片、または(d)配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列の免疫抗原性断片を含むポリペプチドのアンタゴニストとしての有効性を確認するために化合物をスクリーニングする方法を提供する。スクリーニング方法は、(a)ポリペプチドを含むサンプルを化合物に曝す過程と、(b)サンプル中のアンタゴニスト活性を検出する過程とを含む。一実施態様で本発明は、この方法によって同定したアンタゴニスト化合物と薬剤として許容できる賦形剤とを含む医薬品成分を提供する。別の実施態様では、機能性LIMDの過剰発現に関連する疾患又は病状を治療する方法であって、そのような治療を必要とする患者に対して医薬品成分を投与する過程を含む方法を提供する。

#### 【0021】

本発明は更に、(a)配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列、(b)配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列と少なくとも95%の相同性を有する天然のアミノ酸配列、(c)配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列の生物学的活性断片、または(d)配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列の免疫抗原性断片を含むポリペプチドに特異結合する化合物をスクリーニングする方法を提供する。スクリーニング方法は、(a)ポリペプチドを適切な条件下で少なくとも1つの試験化合物に結合させる過程と、(b)試験化合物とのポリペプチドの結合を検出し、それによってポ

リペプチドに特異結合する化合物を同定する過程とを含む。

#### 【0022】

本発明は更に、(a)配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列、(b)配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列と少なくとも95%の相同性を有する天然のアミノ酸配列、(c)配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列の生物学的活性断片、または(d)配列番号1乃至2を有する群から選択したアミノ酸配列の免疫抗原性断片を含むポリペプチドの活性を調節する化合物をスクリーニングする方法を提供する。スクリーニング方法は、(a)ポリペプチドの活性が許容された条件下で、ポリペプチドを少なくとも1つの試験化合物に結合させる過程と、(b)ポリペプチドの活性を試験化合物の存在下で算定する過程と、(c)試験化合物の存在下でのポリペプチドの活性を試験化合物の不存在下でのポリペプチドの活性と比較する過程とを含み、試験化合物の存在下でのポリペプチドの活性の変化は、ポリペプチドの活性を調節する化合物を標示する。

#### 【0023】

本発明は更に、標的ポリヌクレオチドの変異発現の有効性を確認するために化合物をスクリーニングする方法を提供する。標的ポリヌクレオチドは、配列番号3乃至4を有する群から選択した配列を含む。スクリーニング方法は、(a)標的ポリヌクレオチドを含むサンプルを化合物に曝す過程と、(b)標的ポリヌクレオチドの変異発現を検出する過程とを含む。

#### 【0024】

本発明は更に、試験化合物の毒性を評価する方法を提供する。毒性評価方法は、(a)核酸を含む生物学的サンプルを試験化合物で処理する過程と、(b)(i)配列番号3乃至4を有する群から選択したポリヌクレオチド配列、(ii)配列番号3乃至4を有する群から選択したポリヌクレオチド配列と少なくとも90%の相同性を有する天然のポリヌクレオチド配列、(iii)(i)に相補的なポリヌクレオチド配列、(iv)(ii)に相補的なポリヌクレオチド配列、または(v)(i)~(iv)のRNA等価物を有する群から選択したポリヌクレオチド配列を有するポリヌクレオチドの少なくとも20の連続したヌクレオチドを含むプローブ

を用いて処理生物学的サンプルの核酸をハイブリダイズする過程とからなる。ハイブリダイゼーションは、生物学的サンプルにおいて前記プローブと標的ポリヌクレオチドの間に固有のハイブリダイゼーション複合体が形成されるような条件下で発生し、前記標的ポリヌクレオチドには、(i) 配列番号3乃至4を有する群から選択したポリヌクレオチド配列、(ii) 配列番号3乃至4を有する群から選択したポリヌクレオチド配列と少なくとも90%の相同性を有する天然のポリヌクレオチド配列、(iii) (i) に相補的なポリヌクレオチド配列、(iv) (ii) に相補的なポリヌクレオチド配列、及び(v) (i) ~ (iv) のRNA等価物が含まれる。或いは、標的ポリヌクレオチドは、上記ポリヌクレオチド配列の断片と、(c) ハイブリダイゼーション複合体の量を定量する過程と、(d) 処理生物学的サンプル中のハイブリダイゼーション複合体の量を非処理生物学的サンプル中のハイブリダイゼーション複合体と比較する過程とを有し、処理生物学的サンプル中のハイブリダイゼーション複合体の量の差は試験化合物の毒性を示す。

#### 【0025】

(発明を実施するための形態)

本発明のタンパク質、ヌクレオチド配列及び方法について説明するが、その前に、説明した特定の装置、材料及び方法に本発明が限定されるものではなく、改変し得ることを理解されたい。また、ここで使用する専門用語は特定の実施例を説明する目的で用いたものに過ぎず、特許請求の範囲にのみ限定される本発明の範囲を限定することを意図したものではないことも併せて理解されたい。

#### 【0026】

請求の範囲及び明細書中で用いている単数形の「或る」及び「その(この)」の表記は、文脈から明らかにそうでないとされる場合を除いて複数のものを指す場合もあることに注意しなければならない。従って、例えば「或る宿主細胞」と記されている場合にはそのような宿主細胞が複数あることもあり、「或る抗体」と記されている場合には単数または複数の抗体、及び、当業者に公知の抗体の等価物等についても言及しているのである。

#### 【0027】

本明細書中で用いる全ての専門用語及び科学用語は、特に定義されている場合

を除き、当業者に一般に理解されている意味と同じ意味を有する。本明細書で説明するものと類似あるいは同等の任意の装置、材料及び方法を用いて本発明の実施または試験を行うことができるが、ここでは好適な装置、材料、方法について説明する。本発明で言及する全ての刊行物は、刊行物中で報告されていて且つ本発明に関係があるであろう細胞、プロトコル、試薬及びベクターについて説明及び開示する目的で引用しているものである。本明細書のいかなる開示内容も、本発明が先行技術の効力によってこのような開示に対して先行する権利を与えられていないことを認めるものではない。

#### 【0028】

##### 定義

「LIMD」は、実質上精製されたLIMDのアミノ酸配列であって、任意の種、特にウシ、ヒツジ、ブタ、マウス、ウマ及びヒトを含む哺乳動物の種から得たもので、任意の天然物、合成物、半合成物或いは組換え物を起源とするものを指す。

#### 【0029】

「アゴニスト」の語は、LIMDの生物学的活性を強化または擬態する分子を指す。アゴニストの例として、タンパク質、核酸、糖質、小分子その他の任意の化合物や成分を挙げることができるが、これらはLIMDと直接相互作用することによって、或いはLIMDが関与する生物学的経路の構成エレメントに作用することによって、LIMDの活性を調節する。

#### 【0030】

「対立遺伝子変異体」は、LIMDをコードする遺伝子の別の形態である。対立遺伝子変異体は、核酸配列における少なくとも1の突然変異から作製し得る。また、変異RNAまたはポリペプチドからも作製し得る。ポリペプチドの構造または機能は、変異することもしないこともある。遺伝子は、天然の対立遺伝子変異体を全く有しないか、1若しくは数個の天然の対立遺伝子変異体を有し得る。一般に対立遺伝子変異体を生じさせる通常の突然変異性変化は、ヌクレオチドの自然欠失、付加または置換に帰するものである。これら各変化は、単独或いは他の変化と共に、所定の配列内で1若しくは数回生じ得る。

#### 【0031】

LIMDをコードする「変異(altered)」核酸配列は、種々のヌクレオチドを欠失、挿入または置換する核酸配列を有し、LIMDと同一またはLIMDの機能的特徴を少なくとも1つ有するポリペプチドを産出する。この定義に含まれるのは、LIMDをコードするポリヌクレオチドの特定のオリゴヌクレオチドプローブを用いて容易に検出可能或いは検出困難な多型現象と、LIMDをコードするポリヌクレオチド配列のための正常な染色体遺伝子座以外の遺伝子座に占めるような、対立遺伝子変異体に対する不適切或いは不測のハイブリダイゼーションである。コードされたタンパク質も「変異」し得るものであり、サイレント変化を生ぜしめて結果的に機能的に等価なLIMDとなるようなアミノ酸残基の欠失、挿入または置換を含み得る。計画的アミノ酸置換は、LIMDの生物学的または免疫学的活性が保持される限りにおいて、残基の極性、電荷、溶解度、疎水性、親水性及び/または両親媒性特性の類似性にに基づき行い得る。例えば、負に帯電したアミノ酸にはアスパラギン酸及びグルタミン酸があり、正に帯電したアミノ酸にはリジン及びアルギニンがある。親水性値が近似している非荷電極性側鎖を有するアミノ酸には、アスパラギンとグルタミン、セリンとスレオニンがある。親水性値が近似している非荷電側鎖を有するアミノ酸には、ロイシンとイソロイシンとバリン、グリシンとアラニン、フェニルアラニンとチロシンがある。

#### 【0032】

「アミノ酸」または「アミノ酸配列」の語は、オリゴペプチド、ペプチド、ポリペプチド若しくはタンパク質の配列またはその断片を指し、天然または合成分子を指す。ここで、「アミノ酸配列」は天然のタンパク質分子のアミノ酸配列を指すものであり、「アミノ酸配列」及び類似の語は、アミノ酸配列を、列挙したタンパク質分子に会合する完全な本来のアミノ酸配列に限定しようとするものではない。

#### 【0033】

「増幅」は、核酸配列の追加複製に関連する。増幅は通常、当業者によく知られたポリメラーゼ連鎖反応(PCR)技術を用いて行う。

#### 【0034】

「アンタゴニスト」の語は、LIMDの生物学的活性を阻害或いは弱める分子を指

す。アンタゴニストとしては、抗体などのタンパク質、核酸、糖質、小分子またはその他の任意の化合物や成分を挙げることができるが、これらはLIMDと直接相互作用することによって、或いはLIMDが関与する生物学的経路の構成エレメントに作用することによって、LIMDの活性を調節する。

#### 【0035】

「抗体」の語は、無損傷免疫グロブリンやその断片、例えばFa、F(ab')<sub>2</sub>及びFv断片を指すが、これらはエピトープの決定基と結合することができる。LIMDポリペプチドを結合する抗体は、無損傷ポリペプチドを用いるか或いは免疫抗原として感心のある小ペプチドを含む断片を用いるかして調製することができる。動物（マウス、ラット、ウサギ等）を免疫化するために用いるポリペプチドまたはオリゴペプチドは、翻訳または化学合成されたRNAに由来し得るもので、好みに応じて担体タンパク質に接合することも可能である。通常用いられる担体であってペプチドと化学結合するものは、ウシ血清アルブミン、サイログロブリン及びキーホールリンペットヘモシアニン（KLH）等がある。結合ペプチドは、動物を免疫化するために用いる。

#### 【0036】

「抗原決定基」の語は、特定の抗体と接触している分子の領域（即ちエピトープ）を指す。タンパク質またはタンパク質断片を用いて宿主動物を免疫化する場合、タンパク質の多数の領域が、抗原決定基（タンパク質の特定の領域または3次元構造）に特異結合する抗体の産生を誘導し得る。抗原決定基は、抗体に結合するための無損傷抗原（即ち免疫応答を誘導するために用いられる免疫原）と競合し得る。

#### 【0037】

「アンチセンス」の語は、特定の核酸配列の「センス」鎖（コーディング鎖）と塩基対を形成することが可能な任意の成分を指す。アンチセンス成分には、DNAや、RNAや、ペプチド核酸（PNA）や、ホスホロチオ酸、メチルホスホン酸またはベンジルホスホン酸等の修飾されたバックボーン連鎖を有するオリゴヌクレオチドや、2'-メトキシエチル糖または2'-メトキシエトキシ糖等の修飾された糖類を有するオリゴヌクレオチドや、或いは5-メチルシトシン、2'-デオキシウラシ

ルまたは7-デアザ-2'-デオキシグアノシン等の修飾された塩基を有するオリゴヌクレオチドがある。アンチセンス分子は、化学合成または転写を含む任意の方法で製造することができる。相補的アンチセンス分子は、ひとたび細胞に導入されたら、細胞が形成した天然の核酸配列と塩基対を形成し、転写または翻訳を妨害する二重鎖を形成する。「負」若しくは「マイナス(-)」の語がアンチセンス鎖を、「正」若しくは「プラス(+)」がセンス鎖を指すことがある。

【0038】

「生物学的に活性」の語は、天然分子の構造的機能、調節機能または生化学的機能を有するタンパク質を指す。同様に「免疫学的に活性」は、天然、組換えまたは合成のLIMD、或いはその任意のオリゴペプチドの能力であって、適切な動物または細胞において特定の免疫反応を誘導して特定の抗体と結合し得る能力を指す。

【0039】

「相補(的)」または「相補性」の語は、塩基対形成によりアニールする2つの一本鎖分子間の関係を説明する。例として、「5'A-G-T3'」とその相補配列「3'T-C-A5'」がある。

【0040】

「所与のポリヌクレオチド配列からなる成分」及び「所与のアミノ酸配列からなる成分」は、大まかに所与のポリヌクレオチド配列またはアミノ酸配列を有する任意の成分を指す。この成分には、乾燥製剤または水溶液が含まれ得る。LIMDまたはLIMD断片をコードするポリヌクレオチドからなる成分は、ハイブリダイゼーションプローブとして利用することができる。このプローブは凍結乾燥状態で保存し得るものであり、糖質等の安定化剤と会合し得る。ハイブリダイゼーションにおいては、塩(例えばNaCl)、洗浄剤(例えばドデシル硫酸ナトリウム; SDS)及びその他の構成エレメント(例えばデンハート液、脱脂粉乳、サケの精子のDNA等)を含む水溶液中にプローブを分散させることができる。

【0041】

「コンセンサス配列」は、不必要な塩基を分離するために再配列し、XL-PCRキット(PE Biosystems, Foster City CA)を用いて5'方向及び/または3'方向

に伸長させ、更に再配列した核酸配列を指す。或いは、断片アセンブルのコンピュータプログラムを用いて、1若しくは数個のIncyteクローンの、場合によっては1若しくは数個のパブリックドメインESTの、オーバーラップした配列から組み立てた核酸配列を指す。コンピュータプログラムの例としては、GELVIEW断片アセンブルシステム (GCG, Madison WI) やPhrap (University of Washington, Seattle WA) が挙げられる。伸長及びアセンブルを共に行ってコンセンサス配列を決定する配列もある。

【0042】

「保存的なアミノ酸置換」は、置換がなされた時に元のタンパク質の特性を殆ど損なわないような置換、即ちタンパク質の構造と特に機能が保存され、そのような置換による大きな変化がない置換を指す。下表は、タンパク質中で元のアミノ酸と置換され得るアミノ酸と、保存アミノ酸置換と認められるアミノ酸を示している。

元の残基	保存的な置換
Ala	Gly, Ser
Arg	His, Lys
Asn	Asp, Gln, His
Asp	Asn, Glu
Cys	Ala, Ser
Gln	Asn, Glu, His
Glu	Asp, Gln, His
Gly	Ala
His	Asn, Arg, Gln, Glu
Ile	Leu, Val
Leu	Ile, Val
Lys	Arg, Gln, Glu
Met	Leu, Ile
Phe	His, Met, Leu, Trp, Tyr
Ser	Cys, Thr

Thr	Ser, Val
Trp	Phe, Tyr
Tyr	His, Phe, Trp
Val	Ile, Leu, Thr

保存アミノ酸置換では通常、(a)置換領域におけるポリペプチドのバックボーン構造、例えば シートや 螺旋構造、(b)置換部位における分子の電荷または疎水性、及び/または(c)側鎖の大部分を保持する。

【0043】

「欠失」は、結果的に1若しくは数個のアミノ酸またはヌクレオチドが失われなくなるようなアミノ酸またはヌクレオチド配列における変化を指す。

【0044】

「誘導体」の語は、ポリペプチド配列またはポリヌクレオチド配列の化学修飾を指す。例えば、アルキル基、アシル基、ヒドロキシル基またはアミノ基による水素の置換は、ポリヌクレオチド配列の化学修飾に含まれ得る。ポリヌクレオチド誘導体は、天然分子の生物学的または免疫学的機能を少なくとも1つは保持しているポリペプチドをコードする。ポリペプチド誘導体は、グリコシル化、ポリエチレングリコール化(pegylation)、或いは任意の同様なプロセスであって誘導起源のポリペプチドから少なくとも1つの生物学的若しくは免疫学的機能を保持しているプロセスによって、修飾されたポリペプチドである。

【0045】

「検出可能な標識」は、測定可能な信号を生成することができ、ポリヌクレオチドまたはポリペプチドに共有結合または非共有結合するようなレポーター分子または酵素を指す。

【0046】

「断片」は、LIMDまたはLIMDをコードするポリヌクレオチドの固有部分であって、親配列と同一配列であるが親配列よりも長さが短い配列を指す。断片は、画定された配列の全長から1ヌクレオチド/アミノ酸残基を差し引いた長さよりも短い長さを有し得る。例えば或る断片は、5~1000の連続したヌクレオチドまたはアミノ酸残基を有し得る。プローブ、プライマー、抗原、治療用分子とし

て、或いはその他の目的のために用いられる断片は、少なくとも5、10、15、16、20、25、30、40、50、60、75、100、150、250若しくは少なくとも500の連続したヌクレオチド或いはアミノ酸残基長さとし得る。断片は、分子の特定領域から優先的に選択し得る。例えば、ポリペプチド断片は、所定の配列に示すような最初の250または500アミノ酸（またはポリペプチドの最初の25%または50%）から選択された或る長さの連続したアミノ酸を有し得る。これらの長さは明らかに例として挙げているものであり、本発明の実施例では、配列表、表及び図面を含む明細書に裏付けされた任意の長さであってよい。

#### 【0047】

配列番号3乃至4の断片には、固有のポリヌクレオチド配列領域が含まれる。この領域は、配列番号3乃至4を特異的に同定するものであり、例えば同一ゲノム中の配列番号3乃至4以外の配列とは異なるものである。配列番号3乃至4の断片は、例えば、ハイブリダイゼーション及び増幅技術において、或いは関連するポリヌクレオチド配列から配列番号3乃至4を区別する類似の方法において有用である。配列番号3乃至4の断片の正確な長さ及び断片に対応する配列番号3乃至4の領域は、断片に対する意図した目的に基づき当業者が慣例的に決定することが可能である。

#### 【0048】

配列番号1乃至2の断片は、配列番号3乃至4の断片によってコードされる。配列番号1乃至2の断片には、配列番号1乃至2を特異的に同定する固有のアミノ酸配列領域が含まれている。例えば、配列番号1乃至2の断片は、配列番号1乃至2を特異認識する抗体を産出するための免疫抗原性ペプチドとして有用である。配列番号1乃至2の断片及び断片に対応する配列番号1乃至2の領域の正確な長さは、断片に対する意図した目的に基づき当業者が慣例的に決定することが可能である。

#### 【0049】

「完全長」ポリヌクレオチド配列とは、少なくとも1つの翻訳開始コドン（例えばメチオニン）、オープンリーディングフレーム及び翻訳終止コドンを有する

配列である。「完全長」ポリヌクレオチド配列は、「完全長」ポリペプチド配列をコードする。

【0050】

「相同性」の語は、配列類似性即ち2つ以上のポリヌクレオチド配列または2つ以上のポリペプチド配列の配列間で互換可能な配列同一性である。

【0051】

ポリヌクレオチド配列に適用される「一致率」または「一致%」の語は、標準化されたアルゴリズムを用いてアラインメントされた少なくとも2つ以上のポリヌクレオチド配列間で一致する残基の割合を意味する。このようなアルゴリズムは、両配列間のアラインメントを最適化するために比較する配列において、標準化された再現性のある方法でギャップを挿入するので、2つの配列をより有意に比較できる。

【0052】

ポリヌクレオチド配列間の一一致率は、MEGALIGN version 3.12e配列アラインメントプログラムに組込まれているようなCLUSTAL Vアルゴリズムのデフォルトパラメータを用いて決定できる。このプログラムはLASERGENEソフトウェアパッケージの一部であり、一式の分子生物学分析プログラム(DNASTAR, Madison WI)である。CLUSTAL Vについては、Higgins, D.G. and P.M. Sharp (1989) CABIOS 5:151-153及びHiggins, D.G. ら (1992) CABIOS 8:189-191の文献に記載されている。ポリヌクレオチド配列の対をなすアラインメントの場合、デフォルトパラメータは、Ktuple=2、gap penalty=5、window=4、「diagonals saved」=4と設定する。デフォルトとして「重みづけされた」残基の重みづけ表を選択する。CLUSTAL Vは、アラインメントされたポリヌクレオチド配列対間の「類似率」として一致率を報告する。

【0053】

或いは、通常用いられ且つ無料で入手可能な配列比較アルゴリズム一式が米国国立バイオテクノロジー情報センター(NCBI)のBasic Local Alignment Search Tool (BLAST) から提供されている(Altschul, S.F. ら (1990) J. Mol. Biol. 215:403-410)。このアルゴリズムは、メリーランド州ベセスダにあるNCBIを含

めた幾つかの情報源から入手可能であり、インターネット (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/>) 上でも入手可能である。BLASTソフトウェア一式には様々な配列分析プログラムが含まれており、既知のポリヌクレオチド配列を種々のデータベースから得た別のポリヌクレオチド配列とアラインメントする「blastn」もその1つである。その他にも、2つのヌクレオチド配列を対で直接比較するために用いる「BLAST 2 Sequences」と称されるツールも利用可能である。「BLAST 2 Sequences」は、<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gorf/bl2.html>にアクセスして対話形式で利用することが可能である。「BLAST 2 Sequences」ツールは、blastn と blastp (後述) の両者に用いることができる。BLASTプログラムは、一般的には、ギャップ及びデフォルト設定に設定された他のパラメータと共に用いる。例えば、2つのヌクレオチド配列を比較するために、デフォルトパラメータとして設定された「BLAST 2 Sequences」ツールVersion 2.0.12 (2000年4月21日) を用いてblastnを実行してもよい。デフォルトパラメータの設定例を以下に示す。

Matrix: BLOSUM62

Reward for match: 1

Penalty for mismatch: -2

Open Gap: 5 及び Extension Gap: 2 penalties

Gap x drop-off: 50

Expect: 10

Word Size: 11

Filter: on

一致率は、完全に画定された (例えば特定の配列番号で画定された) 配列長さと比較して測定し得る。或いは、より短い長さ、例えばより大きな画定された配列から得られた断片 (例えば少なくとも20、30、40、50、70、100または200の連続したヌクレオチドの断片) の長さと比較して一致率を測定してもよい。ここに挙げた長さは単なる例示的なものに過ぎず、表、図及び配列リストを含めた本明細書に記載された配列に裏付けられた任意の配列長さの断片を用いて、一致率を測定し得る長さを説明し得ることを理解されたい。

【0054】

高度の一致率を示さない核酸配列が、それにもかかわらず遺伝子コードの縮重が原因で類似のアミノ酸配列をコードする場合がある。この縮重を利用して核酸配列内で変化を生じさせて、全ての核酸配列が実質上同一のタンパク質をコードするような多数の核酸配列を生成し得ることを理解されたい。

#### 【0055】

ポリペプチド配列に適用される「一致率」または「一致%」の語は、標準化されたアルゴリズムを用いてアラインメントされた少なくとも2以上のポリペプチド配列間で一致する残基の割合を意味する。ポリペプチド配列アラインメントの方法は公知である。保存的アミノ酸置換を考慮するアラインメント方法もある。既に詳述したこのような保存的置換は通常、置換部位の酸性度及び疎水性を保存するので、ポリペプチドの構造を（従って機能も）保存する。

#### 【0056】

ポリペプチド配列間の一致率は、MEGALIGN version 3.12e配列アラインメントプログラムに組み込まれているようなCLUSTAL Vアルゴリズムのデフォルトのパラメータを用いて決定できる（既に説明したのでそれを参照されたい）。CLUSTAL Vを用いて、ポリペプチド配列を2つ1組でアラインメントする際のデフォルトパラメータは、Ktuple=1、gap penalty=3、window=5、「diagonals saved」=5と設定する。デフォルトの残基重み付け表としてPAM250マトリクスを選択する。ポリヌクレオチドアラインメントと同様に、CLUSTAL VIは、アラインメントされたポリペプチド配列対間の「類似率」として一致率を報告する。

#### 【0057】

或いは、NCBI BLASTソフトウェア一式を用いてもよい。例えばポリペプチド配列を2つ1組で比較をする場合、デフォルトパラメータとして設定されたblastpと共に「BLAST 2 Sequences」ツールVersion 2.0.12（2000年4月21日）を使用してもよい。デフォルトパラメータの設定例を以下に示す。

Matrix: BLOSUM62

Open Gap: 11 及び Extension Gap: 1 penalties

Gap x drop-off: 50

Expect: 10

Word Size: 3

Filter: on

一致率は、完全に画定された（例えば特定の配列番号で画定された）ポリペプチド配列の長さと比較して測定し得る。一致率は、配列或いは、より短い長さ、例えばより大きな画定されたポリペプチド配列から得られた断片（例えば少なくとも15、20、30、40、50、70または150の連続した残基の断片）の長さと比較して一致率を測定してもよい。ここに挙げた長さは単なる例示的なものに過ぎず、表、図及び配列リストを含めた本明細書に記載された配列に裏付けられた任意の配列長さの断片を用いて、或る長さであってその長さに対して一致率を測定し得る長さを説明し得ることを理解されたい。

【0058】

「ヒト人工染色体」（HAC）は直鎖状の小染色体であり、6 kb ~ 10 MbのサイズのDNA配列を含み、安定した有糸分裂染色体の分離及び維持に必要な全てのエレメントが含まれている。

【0059】

「ヒト化抗体」の語は、非抗体結合領域におけるアミノ酸配列はヒト抗体により近づくように変異させた抗体分子であって、本来の結合能力はそのまま保持しているような抗体分子を指す。

【0060】

「ハイブリダイゼーション」は、所定のハイブリダイゼーション条件下で塩基対を形成することによって、一本鎖ポリヌクレオチドが相補的鎖とアニーリングするプロセスを指す。特異的ハイブリダイゼーションは、2つの核酸配列が高い相同性を共有することを示すものである。特異的ハイブリダイゼーション複合体は許容されるアニーリング条件下で形成され、「洗浄」ステップ後もハイブリダイズされたままである。洗浄ステップは、ハイブリダイゼーションプロセスのストリンジェンシーを決定する際に特に重要であり、更にストリンジェントな条件では、非特異結合（即ち完全には一致しない核酸鎖間の対の結合）が減少する。核酸配列のアニーリングに対する許容条件は、当分野における当業者が慣例的に決定する。許容条件はハイブリダイゼーション実験の間は一定でよいが、洗浄条

件は所望のストリンジェンシーを得るように、従ってハイブリダイゼーション特異性も得るように実験中に変更することができる。アニーリング許容条件は、例えば約  $6 \times \text{SSC}$ 、約 1% (w/v) の SDS 及び約  $100 \mu\text{g/ml}$  の変性サケ精子 DNA の存在下で温度  $68^\circ\text{C}$  において成立する。

#### 【0061】

一般に、ハイブリダイゼーションのストリンジェンシーは、或る程度、洗浄ステップを実行する温度を基準にして表すことができる。このような洗浄温度は通常、所定のイオン強度及び pH における特異配列の融点 ( $T_m$ ) より約  $5 \sim 20^\circ\text{C}$  低くなるように選択する。この  $T_m$  は、所定のイオン強度及び pH の下で、完全に一致するプローブに標的配列の 50% がハイブリダイズする温度である。 $T_m$  を計算する式及び核酸のハイブリダイゼーション条件はよく知られており、Sambrook ら (1989) *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, 第2版, 1-3巻, Cold Spring Harbor Press, Plainview NY に記載されており、特に2巻の9章を参照されたい。

#### 【0062】

本発明のポリヌクレオチド間のハイブリダイゼーションに対する高ストリンジェンシー条件には、約  $0.2 \times \text{SSC}$  及び約 1% の SDS 存在下で約  $68^\circ\text{C}$  において1時間の洗浄条件が含まれる。或いは、 $65^\circ\text{C}$ 、 $60^\circ\text{C}$ 、 $55^\circ\text{C}$  または  $42^\circ\text{C}$  の温度で行ってもよい。SSC濃度は、約 0.1% の SDS 存在下で、約  $0.1 \sim 2 \times \text{SSC}$  の範囲で変化し得る。通常は、遮断剤を用いて非特異ハイブリダイゼーションを阻止する。このような遮断剤には、例えば、約  $100 \sim 200 \mu\text{g/ml}$  の変性サケ精子 DNA がある。特定条件下で、例えば RNA と DNA のハイブリダイゼーションに有機溶剤、例えば約 35 ~ 50% v/v の濃度のホルムアミドを用いることもできる。洗浄条件の有用なバリエーションは、当業者には自明であろう。ハイブリダイゼーションは、特に高ストリンジェント条件下では、ヌクレオチド間の進化的な類似性を示唆し得る。このような類似性は、ヌクレオチド及びヌクレオチドにコードされるポリペプチドに対する類似の役割を強く示唆している。

#### 【0063】

「ハイブリダイゼーション複合体」の語は、相補的塩基対間の水素結合の形成

力によって2つの核酸配列間に形成された複合体を指す。ハイブリダイゼーション複合体は、溶解状態で形成し得る(C<sub>0</sub>tまたはR<sub>0</sub>t解析等)。或いは、一方の核酸配列が溶解状態で存在し、もう一方の核酸配列が固体支持体(例えば紙、膜、フィルタ、チップ、ピンまたはガラススライド、或いは他の適切な基質であって細胞若しくはその核酸が固定される基質)に固定されているような2つの核酸配列間に形成され得る。

【0064】

「挿入」及び「付加」の語は、1若しくは数個のアミノ酸残基またはヌクレオチド配列を各々付加するようなアミノ酸またはヌクレオチド配列における変化を指す。

【0065】

「免疫応答」は、炎症、外傷、免疫異常症、伝染性疾患または遺伝性疾患に関連する症状を指し得る。これらの症状は、細胞及び全身の防御系に作用し得る種々の因子、例えばサイトカイン、ケモカイン、その他のシグナル伝達分子の発現によって特徴づけることができる。

【0066】

「免疫抗原性断片」とは、哺乳動物等の生命体に導入されると免疫応答を誘発し得るようなLIMDのポリペプチドまたはオリゴペプチド断片である。「免疫抗原性断片」の語には、本明細書中で開示したような或いは当分野で既知であるような任意の抗体産出方法において有用なLIMDの任意のポリペプチドまたはオリゴペプチド断片も含まれる。

【0067】

「マイクロアレイ」の語は、基質上の複数のポリヌクレオチド、ポリペプチドまたはその他の化合物の構成を指す。

【0068】

「エレメント」または「アレイエレメント」の語は、マイクロアレイの環境において、基質の表面上に配置されたハイブリダイズ可能なポリヌクレオチドを指す。

【0069】

「調節(する)」の語は、LIMDの活性の変化を指す。調節することによって例えば、LIMDのタンパク質活性、結合特性その他の生物学的、機能的または免疫学的特性が増大または低下し得る。

【0070】

「核酸」及び「核酸配列」の語は、ヌクレオチド、オリゴヌクレオチド、ポリヌクレオチドまたはこれらの断片を指す。「核酸」及び「核酸配列」の語は、ゲノム起源または合成起源のDNAまたはRNAであって一本鎖または二本鎖であるか或いはセンス鎖またはアンチセンス鎖を表し得るようなDNAまたはRNAや、ペプチド核酸(PNA)や、任意のDNA様またはRNA様物質を指すこともある。

【0071】

「機能的に結合した」は、第1核酸配列が第2核酸配列と機能的な関係があるように配置された状態を指す。例えば、プロモーターがコード配列の転写または発現に影響を及ぼす場合には、そのプロモーターはそのコード配列に機能的に結合している。同一のリーディングフレーム内で2つのタンパク質コード領域を結合する必要がある場合、一般に、機能的に結合したDNA配列は非常に近接するか、或いは連続し得る。

【0072】

「ペプチド核酸」(PNA)は、アンチセンス分子または抗遺伝子物質であって、リジンを末端とするアミノ酸残基のペプチドバックボーンに結合した、少なくとも約5ヌクレオチドの長さのオリゴヌクレオチドからなるものを指す。末端のリジンは、成分に溶解性を与える。PNAは、相補的一本鎖DNAまたはRNAに優先的に結合して転写の拡張を停止するものであり、ポリエチレングリコール化して細胞におけるPNAの寿命を延長し得る。

【0073】

LIMDの「翻訳後修飾」は、脂質化、グリコシル化、リン酸化、アセチル化、ラセミ化、タンパク分解性分割及びその他の当分野で既知の修飾を含み得る。これらのプロセスは、合成的または生化学的に発生し得る。生化学的修飾は、LIMDの酵素環境に依存し、細胞タイプによって変化し得る。

【0074】

「プローブ」は、LIMD、LIMDの相補配列またはこれらの断片をコードする核酸配列を指し、同一核酸配列、対立遺伝子核酸配列または関連する核酸配列の検出に用いられる。プローブは、単離されたオリゴヌクレオチドまたはポリヌクレオチドであって、検出可能な標識またはレポーター分子に結合したものである。典型的な標識には、放射性アイソトープ、リガンド、化学発光試薬及び酵素がある。「プライマー」は、短い核酸、通常はDNAオリゴヌクレオチドであり、相補的塩基対を形成することで標的ポリヌクレオチドにアニーリングされ得る。プライマーは次に、DNAポリメラーゼ酵素によって標的DNA鎖に延在し得る。プライマー対は、例えばポリメラーゼ連鎖反応（PCR）による核酸配列の増幅（及び同定）に用い得る。

#### 【0075】

本発明に用いるようなプローブ及びプライマーは通常、既知の配列の少なくとも15の連続したヌクレオチドを含んでいる。特異性を高めるために長めのプローブ及びプライマー、例えば開示した核酸配列の少なくとも20、25、30、40、50、60、70、80、90、100または少なくとも150の連続したヌクレオチドからなるようなプローブ及びプライマーを用いてもよい。これよりもかなり長いプローブ及びプライマーもある。表、図面及び配列リストを含む本明細書に裏付けされた任意の長さのヌクレオチドを用いることができるものと理解されたい。

#### 【0076】

プローブ及びプライマーの調製及び使用方法については、Sambrook, J. ら (1989) Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 第2版, 1-3巻, Cold Spring Harbor Press, Plainview NY、Ausubel, F.M. ら, (1987) Current Protocols in Molecular Biology, Greene Publi. Assoc. & Wiley-Intersciences, New York NY、Innisら (1990) PCR Protocols, A Guide to Methods and Applications Academic Press, San Diego CA等を参照されたい。PCRプライマー対は、その目的のためのコンピュータプログラム、例えばPrimer (Version 0.5, 1991, Whitehead Institute for Biomedical Research, Cambridge MA) を用いるなどして既知の配列から得ることができる。

## 【0077】

プライマーとして用いるオリゴヌクレオチドは、そのような目的のために当分野でよく知られているソフトウェアを用いて選択する。例えばOLIGO 4.06ソフトウェアは、各100ヌクレオチドまでのPCRプライマー対の選択に有用であり、オリゴヌクレオチド及び最大5,000までの大きめのポリヌクレオチドであって32キロベースまでのインプットポリヌクレオチド配列から得たものを分析するのに有用である。類似のプライマー選択プログラムには、拡張能力のための追加機能が組込まれている。例えば、PrimOUプライマー選択プログラム（テキサス州ダラスにあるテキサス大学南西部医療センターのゲノムセンターから一般向けに入手可能）は、メガベース配列から特定のプライマーを選択することが可能であり、従ってゲノム全体の範囲でプライマーを設計するのに有用である。Primer3プライマー選択プログラム（マサチューセッツ州ケンブリッジのWhitehead Institute / MITゲノム研究センターから一般向けに入手可能）ではユーザーが「ミスプライミング・ライブラリ」をインプットすることができ、ここでプライマー結合部位として避けたい配列はユーザーが指定する。Primer3は特に、マイクロアレイのためのオリゴヌクレオチドの選択に有用である（後二者のプライマー選択プログラムのソースコードは、各自のソースから得てユーザー固有のニーズを満たすように変更してもよい）。PrimerGenプログラム（英国ケンブリッジ市の英国ヒトゲノムマッピングプロジェクト-リソースセンターから一般向けに入手可能）は、多数の配列アラインメントに基づいてプライマーを設計し、それによって、アラインメントされた核酸配列の最大保存領域または最小保存領域の何れかとハイブリダイズするようなプライマーの選択を可能にする。従って、このプログラムは、固有であって保存されたオリゴヌクレオチド及びポリヌクレオチドの断片の同定に有用である。上記選択方法のいずれかによって同定したオリゴヌクレオチド及びポリヌクレオチドの断片は、ハイブリダイゼーション技術において、例えばPCRまたはシーケンシングプライマーとして、マイクロアレイエレメントとして、或いは核酸のサンプルにおいて完全または部分的相補的ポリヌクレオチドを同定する特異プローブとして有用である。オリゴヌクレオチドの選択方法は、上記の方法に限定されるものではない。

## 【0078】

「組換え核酸」は天然配列ではない配列であるか或いは人為的に組み合わせなければ離隔しているような配列の2以上のセグメントを人為的に組み合わせで産出した配列を有する配列である。この人為的組合せはしばしば化学合成によって達成するが、より一般的には核酸の単離セグメントの人為的操作によって、例えば前出のSambrookらの文献に記載されているような遺伝子工学的手法によって達成する。組換え核酸の語は、単に核酸の一部を付加、置換または欠失した変異核酸も含む。しばしば組換え核酸には、プロモーター配列に機能的に結合した核酸配列が含まれる。このような組換え核酸は、ベクターの不可欠なエレメントであって例えばある細胞を形質転換するために用いられるようなものであり得る。

## 【0079】

或いはこのような組換え核酸は、ウイルスベクターの不可欠なエレメントであって例えばワクシニアウイルスに基づくものであり得る。ワクシニアウイルスは組換え核酸が発現される哺乳動物のワクチン接種に用いるもので、哺乳動物の防御免疫応答を誘導する。

## 【0080】

「調節エレメント」は、通常は遺伝子の非翻訳領域に由来する核酸配列であり、エンハンサー、プロモーター、イントロン及び5'及び3'の非翻訳領域(UTR)を含む。調節エレメントは、転写、翻訳またはRNA安定性を調節する宿主またはウイルスタンパク質と相互作用する。

## 【0081】

「レポーター分子」とは、核酸、アミノ酸または抗体を標識するのに用いられる化学的または生化学的成分である。レポーター分子には、放射性核種、酵素、蛍光剤、化学発光剤、発色剤、基質、補助因子、阻害因子、磁気粒子及びその他の当分野で既知の成分がある。

## 【0082】

DNA配列に関する「RNA等価物」は、発生した窒素塩基チミンが全てウラシルに置換されていることと、糖のバックボーンがデオキシリボースではなくリボースから構成されていることを除いて、参照DNA配列と同一のヌクレオチド線形配列

から構成されている。

【0083】

「サンプル」の語は、その最も広い意味で用いられる。LIMDをコードする核酸若しくはその断片、またはLIMD自体を含む疑いのあるサンプルは、体液や、細胞から単離された細胞、染色体、細胞小器官または膜からの抽出物や、細胞や、溶解しているか基質に結合しているゲノムDNA、RNAまたはcDNAや、組織や、組織ブリント等から構成され得る。

【0084】

「特異結合」または「特異的に結合する」の語は、タンパク質またはペプチドと、アゴニスト、抗体、アンタゴニスト、小分子、任意の天然成分または合成結合成分との間の相互作用を指す。この相互作用は、タンパク質の特定の構造（例えば抗原決定基即ちエピトープ）であって結合分子が認識するものが存在するか否かに依存していることを意味している。例えば、抗体がエピトープ「A」に対して特異的であれば、エピトープA即ち遊離の非標識A及び抗体を含む反応において、遊離の非標識Aを含むポリヌクレオチドの存在が、抗体に結合する標識Aの量を低減させることになる。

【0085】

「実質上精製された」の語は、自然環境から取り除かれ、或いは単離または分離された核酸またはアミノ酸配列であって、自然に会合するその他の構成エレメントの少なくとも約60%、好ましくは少なくとも約75%、最も好ましいのは少なくとも約90%が遊離しているものを指す。

【0086】

「置換」は、1若しくは数個のアミノ酸またはヌクレオチドを各々別のアミノ酸またはヌクレオチドに置換することを意味する。

【0087】

「基質」は、任意の好適な固体または半固体の支持体を指すものであって、膜、フィルタ、チップ、スライド、ウエハ、ファイバー、磁性非磁性ビーズ、ゲル、管、プレート、ポリマー、微細粒子、毛管が含まれる。基質は、壁、溝、ピン、チャンネル、孔等、様々な表面形態を有することができ、基質表面にはポリヌク

レオチドやポリペプチドが結合する。

【0088】

「転写イメージ」は、所与の時間、条件での固有の細胞タイプまたは組織による遺伝子発現の集合的パターンを指す。

【0089】

「形質転換」は、外来性のDNAが宿主細胞に入り込み、宿主細胞を変化させるプロセスを表す。形質転換は、当分野で知られている種々の方法に従って自然条件または人工条件下で生じ得るものであり、外来性の核酸配列を原核または真核宿主細胞に挿入する任意の既知の方法を基にし得る。形質転換の方法は、形質転換する宿主細胞の種類によって選択する。限定するものではないが形質転換方法には、ウイルス感染、電気穿孔法（エレクトロポレーション）、熱ショック、リポフェクション及び微粒子照射を用いる方法がある。「形質転換された」細胞の語には、限られた時間内に挿入されたDNAやRNAを発現するような一時的に形質転換された細胞のみならず、安定的に形質転換された細胞であってその中に挿入されたDNAが自律的に複製するプラスミドとして或いは宿主の染色体の一部として複製可能であるものも含まれる。

【0090】

本明細書中で用いられる「遺伝形質転換体」とは任意の有機体であり、限定するものではないが動植物を含み、有機体の1若しくは数個の細胞が、ヒトの関与によって、例えば当分野でよく知られている形質転換技術によって導入された異種核酸を有する。核酸の細胞への導入は、直接または間接的に、細胞の前駆物質に導入することによって、計画的な遺伝子操作によって、例えば微量注射法によって或いは組換えウイルスの導入によって行う。遺伝子操作の語は、古典的な交雑育種或いはin vitro受精を指すものではなく、組換えDNA分子の導入を指すものである。本発明に基づいて予期される遺伝形質転換体には、バクテリア、シアノバクテリア、真菌及び動植物がある。本発明の単離されたDNAは、当分野で知られている方法、例えば感染、形質移入、形質転換またはトランス接合によって宿主に導入することができる。本発明のDNAをこのような有機体に移入する技術はよく知られており、前出のSambrookら（1989）等の参考文献に与えられてい

る。

#### 【0091】

特定の核酸配列の「変異体」は、核酸配列1本全部の長さに対して特定の核酸配列と少なくとも40%の配列相同性を有する核酸配列であると定義する。その際、デフォルトパラメータに設定した「BLAST 2 Sequences」ツールVersion 2.0.9(1999年5月7日)と共にblastnを用いる。このような核酸対は、所定の長さに対して、例えば少なくとも50%、60%、70%、80%、85%、90%、95%、98%またはそれ以上の相同性を示し得る。或る変異体は、例えば「対立遺伝子」変異体(前述)、「スプライス」変異体、「種」変異体または「多型」変異体として説明し得る。スプライス変異体は参照分子とかなりの相同性を有し得るが、mRNAプロセッシング中のエキソンの交互スプライシングによって通常多数の或いは僅かな数のポリヌクレオチドを有することになる。対応するポリペプチドは、追加機能ドメインを有するか或いは参照分子に存在するドメインが欠落していることがある。種変異体は、種相互に異なるポリヌクレオチド配列である。結果的に生じるポリペプチドは通常、相互にかなりのアミノ酸相同性を有する。多型変異体は、与えられた種の個体間で特定の遺伝子のポリヌクレオチド配列が異なる。また、多型変異体は、1つのヌクレオチド塩基によってポリヌクレオチド配列が変化する「一塩基多型」(SNP)を含み得る。SNPの存在は、例えば特定の個体群、病状または病状性向を示し得る。

#### 【0092】

特定のポリペプチド配列の「変異体」は、ポリペプチド配列の1本の長さ全体で特定のポリペプチド配列に対して少なくとも40%の相同性を有するポリペプチド配列として画定される。ここで、デフォルトパラメータに設定した「BLAST 2 Sequences」ツールVersion 2.0.9(1999年5月7日)を用いてblastpを実行する。このようなポリペプチド対は、所定の長さに対して、例えば少なくとも50%、60%、70%、80%、90%、95%、98%またはそれ以上の相同性を示し得る。

#### 【0093】

発明

本発明は、新規なヒトLIMドメインタンパク質(LIMD)、LIMDをコードするポリヌクレオチド、及び、細胞増殖異常、発達障害及び細胞運動異常の診断、治療並びに予防にこれらの配列を利用する方法の発見に基づくものである。

#### 【0094】

表1は、LIMDをコードする完全長のヌクレオチド配列の構築に用いたIncyteクローンを示す。列1及び列2は、ポリペプチド及びポリヌクレオチドの配列番号(SEQ ID NO)を各々示している。列3はIncyteクローンのクローンIDを示しており、各LIMDをコードする核酸はここで同定されたものである。列4はcDNAライブラリを示しており、列3のクローンはここから単離したものである。列5は、Incyteクローン及びこれに対応するcDNAライブラリを示している。cDNAライブラリが示されていないIncyteクローンは、プールされているcDNAライブラリから得られたものである。列5のIncyteクローンを用いて各LIMDのコンセンサスヌクレオチド配列を構築した。列5のIncyteクローンは、ハイブリダイゼーション技術における断片として有用である。

#### 【0095】

表2の列は、本発明の各ポリペプチドの様々な特性を示している。列1は配列番号(SEQ ID NO)を、列2は各ポリペプチド中のアミノ酸残基の数を、列3は潜在的リン酸化部位を、列4は潜在的グリコシル化部位を、列5はサイン(signature)配列及びモチーフを有するアミノ酸残基を、列6はBLAST分析によって同定された相同配列、列7は分析方法と場合によってはその分析方法が利用できる検索可能なデータベースを示している。列7の分析方法を用いて、配列相同性及びタンパク質モチーフから各ポリペプチドの特徴付けを行った。図3A及び3Bに示すように、LIMD-1はヒトFHL-1(GI 2853224、SEQ ID NO:5)と化学的及び構造的相同性を有する。特に、LIMD-1及びヒトFHL-1は全体で93%の同一性を共有している。尤も、LIMD-1の方が短いので、配列番号5の最初の90残基との類似性に欠けている。図4A、4B及び4Cに示すように、LIMD-2はヒトLIM型Znフィンガータンパク質(GI 2624922、SEQ ID NO:6)と化学的及び構造的相同性を有する。特に、LIMD-2及びヒトLIM型Znフィンガータンパク質は全体で18%の同一性を共有し、配列番号2ではC501からS564まで及び配列番号6ではC272か

らS335までC末端LIMドメインにおいて58%の同一性を共有している。

【0096】

表3の列は、組織特異性と、LIMDをコードするヌクレオチド配列に関係がある疾患、障害または症状とを示している。表3の列1はヌクレオチドの配列番号を、列2は列1のヌクレオチド配列の断片を示している。これらの断片は、例えば配列番号3乃至4を同定し、配列番号3乃至4と関連するポリヌクレオチド配列を区別するためのハイブリダイゼーションまたは増幅の技術において有用である。これらの断片によりコードされるポリヌクレオチドは、例えば免疫抗原性ペプチドとして有用である。列3は、LIMDを発現する組織カテゴリーを組織全体に対するLIMD発現割合として示している。列4は、LIMDを発現する組織に関連する疾患、障害または症状を、LIMDを発現する組織全体に対する割合として示している。列5は、各cDNAライブラリをサブクローニングするために用いたベクターを示している。

【0097】

表4の列では、cDNAライブラリの作製に用いた組織の説明を示している。LIMDをコードするcDNAのクローンは、このcDNAライブラリから単離したものである。列1は、ヌクレオチドの配列番号を、列2はクローン単離源であるcDNAライブラリを、列3は列2のcDNAライブラリに関連する組織の採取源その他の書誌的情報を示している。

【0098】

配列番号3は、173.6から179.8センチモルガンの間隔内で染色体Xにマッピングする。この間隔には、眼脳腎症候群、シンプソン異形症候群、レッシュ・ナイハン症候群及び脆弱X染色体精神遅滞に関連する遺伝子も含まれる。

【0099】

配列番号4は、56.7から60.5センチモルガンの間隔内で染色体16にマッピングする。この間隔には、家族性高コレステロール血症に関連する遺伝子も含まれる。

【0100】

本発明には、LIMDの変異体も含まれる。好適なLIMDの変異体のアミノ酸配列は

、LIMDアミノ酸配列と少なくとも約85%、約90%、または約95%もの一致率を有し、LIMDの機能的若しくは構造的特徴を少なくとも1つ有するような変異体である。

#### 【0101】

本発明には、LIMDをコードするポリヌクレオチドも含まれる。一実施例では、本発明には、図1A、1B、1C及び1Dに示すような、LIMDをコードする配列番号3の配列を有するポリヌクレオチド配列が含まれている。別の実施例では、本発明には、図2A、2B、2C、2D、2E、2F及び2Gに示すような、LIMDをコードする配列番号4の配列を有するポリヌクレオチド配列が含まれている。配列表に示したような配列番号3乃至4のポリヌクレオチド配列は、配列表に示されているように等価RNA配列と同等の価値を有しているが、窒素塩基チミンの出現はウラシルに置換され、糖のバックボーンはデオキシリボースではなくシリボースから構成されている。

#### 【0102】

本発明には、LIMDをコードするポリヌクレオチド配列の変異配列も含まれる。具体的には、そのようなポリヌクレオチド配列の変異配列は、LIMDをコードするポリヌクレオチド配列と少なくとも約85%、或いは少なくとも約90%、または少なくとも約95%もの一致率を有する。本発明の或る実施態様では、配列番号3乃至4からなる群から選択されたアミノ酸配列と少なくとも約85%、或いは少なくとも約90%、または少なくとも約95%もの一致率を有するような配列番号3乃至4からなる群から選択された配列を有するポリヌクレオチド配列の変異配列を含む。上記の任意のポリヌクレオチドの変異体は、LIMDの機能的若しくは構造的特徴を少なくとも1つ有するアミノ酸配列をコードし得る。

#### 【0103】

当業者であれば、遺伝暗号の縮重の結果、LIMDをコードする多数のポリヌクレオチド配列（既知の遺伝子または天然の遺伝子のポリヌクレオチド配列と最低限の類似性しか有しないポリヌクレオチド配列もある）を産出し得ることは理解できよう。従って本発明には、可能コドン選択に基づく組合せの選択によって産出し得るようなありとあらゆる可能性のあるポリヌクレオチド配列変異体を網羅し

得る。これらの組合せは、天然のLIMDのポリヌクレオチド配列に適用されるような標準トリプレット遺伝暗号を基に作られるものであり、このような変異は全て明確に開示されているものと考えられる。

#### 【0104】

LIMD及びその変異体をコードするヌクレオチド配列は通常、好適に選択されたストリンジェントな条件下で天然のLIMDのヌクレオチド配列とハイブリダイズ可能であるが、LIMDまたはその誘導体であって実質上異なるコドンの使用方法があるもの、例えば天然に存在しないコドンの封入があるものをコードするヌクレオチド配列を作り出すことは有益であろう。宿主が特定のコドンを利用する頻度に基づいて、特定の真核又は原核宿主に発生するペプチドの発現率を高めるようにコドンを選択することが可能である。コードされたアミノ酸配列を変えることなくLIMD及びその誘導体をコードするヌクレオチド配列を実質上変更する別の理由には、天然の配列から作製される転写物より好ましい、例えば半減期が長いなどの特性を有するRNA転写物の作製がある。

#### 【0105】

本発明には、LIMD、LIMD誘導体及びこれらの断片をコードするDNA配列またはそれらの断片を完全に合成化学によって作製することも含まれる。作製後、当分野でよく知られている試薬を用いて、この合成配列を任意の様々な入手可能な発現ベクター及び細胞系中に挿入し得る。更に、合成化学を用いてLIMDまたはその任意の断片をコードする配列に突然変異を誘導し得る。

#### 【0106】

更に本発明には、種々のストリンジェントな条件下で、請求項に記載のポリヌクレオチド配列、特に配列番号3乃至4で示される配列及びそれらの断片にハイブリダイズ可能なポリヌクレオチド配列も含まれる(Wahl, G.M. and S.L. Berger (1987) *Methods Enzymol.* 152:399-407、Kimmel, A.R. (1987) *Methods Enzymol.* 152:507-511.等を参照)。アニーリング条件及び洗浄条件を含めたハイブリダイゼーション条件は、「定義」の項に記載されている。

#### 【0107】

DNAシーケンシングの方法は当分野でよく知られており、DNAシーケンシン

グ方法を用いて本発明の任意の実施例を実施し得る。DNAシーケンシング方法には酵素を用いることができ、例えばDNAポリメラーゼIのクレノウ断片、SEQUENASE (US Biochemical, Cleveland OH)、Taqポリメラーゼ (PE Biosystems, Foster City CA)、熱安定性T7ポリメラーゼ (Amersham, Pharmacia Biotech, Piscataway NJ) を用いることができる。或いは、例えばELONGASE増幅システム (Life Technologies, Gaithersburg MD) において見られるように、ポリメラーゼと校正エキソヌクレアーゼを併用することができる。好適には、MICROLAB2200液体転移システム (Hamilton, Reno, NV)、PTC200サーマルサイクラー (MJ Research, Watertown MA) 及びABI CATALYST 800サーマルサイクラー (PE Biosystems) 等の装置を用いて配列の準備を自動化する。次に、ABI 373 或いは 377 DNAシーケンシングシステム (PE Biosystems)、MEGABACE 1000 DNAシーケンシングシステム (Molecular Dynamics, Sunnyvale CA) または当分野でよく知られている他の方法を用いてシーケンシングを行う。結果として得られた配列を当分野でよく知られている種々のアルゴリズムを用いて分析する。(Ausubel, F.M. (1997) Short Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, New York NY, unit 7.7、Meyers, R.A. (1995) Molecular Biology and Biotechnology, Wiley VCH, New York NY, pp. 856-853.等を参照)。

#### 【0108】

LIMDをコードする核酸配列を、部分的ヌクレオチド配列を利用し且つ当分野でよく知られているPCR法をベースにした種々の方法を用いて伸長させ、プロモーター及び調節要素等の上流配列を検出することができる。例えば、使用し得る方法の1つである制限部位PCR法は、ユニバーサルプライマー及びネステッドプライマーを用いてクローニングベクター内のゲノムDNAから未知の配列を増幅する方法である (Sarkar, G. (1993) PCR Methods Applic 2:318-322等を参照)。別の方法に逆PCR法があり、これは広範な方向に伸長させたプライマーを用いて環状化した鋳型から未知の配列を増幅する方法である。鋳型は、既知のゲノム遺伝子座及びその周辺の配列からなる制限断片から得る (Triglia, T.ら (1988) Nucleic Acids Res 16:8186等を参照)。第3の方法としてキャプチャPCR法があり、これはヒト及び酵母菌人工染色体DNAの既知の配列に隣接するDNA断片をPCR増

幅する方法に關与している (Lagerstrom, M.ら (1991) PCR Methods Applic 1:11 1-119等を参照)。この方法では、PCRを行う前に多重制限酵素の消化及び連結反応を用いて未知の配列領域内に組換え二本鎖配列を挿入することが可能である。また、未知の配列を検索するために用い得る別の方法については当分野で知られている。(Parker, J.D.ら (1991) Nucleic Acids Res. 19:3055-3060等を参照)。更に、PCR、ネステッドプライマー及びPromoterFinderライブラリ (Clontech, Palo Alto CA) を用いてゲノムDNAをウォーキングすることができる。この手順は、ライブラリをスクリーニングする必要がなく、イントロン/エキソン接合部を見付けるのに有用である。全てのPCRベースの方法に対して、市販されているソフトウェア、例えばOLIGO 4.06プライマー分析ソフトウェア (National Biosciences, Plymouth MN) 或いは別の好適なプログラムを用いて、長さが約22~30ヌクレオチド、GC含有率が約50%以上、温度約68~72で鋳型に対してアニーリングするようにプライマーを設計し得る。

#### 【0109】

完全長cDNAをスクリーニングする際は、より大きなcDNAを含むようにサイズ選択したライブラリを用いるのが好ましい。更に、ランダムに初回抗原刺激を受けたライブラリは、しばしば遺伝子の5'領域を有する配列を含み、オリゴd(T)ライブラリが完全長cDNAを作製できない状況に対して好適である。ゲノムライブラリは、5'非転写調節領域への配列の伸長に有用となり得る。

#### 【0110】

市販されているキャピラリー電気泳動システムを用いて、シーケンシングまたはPCR産物のサイズを分析し、またはそのヌクレオチド配列を確認することができる。具体的には、キャピラリーシーケンシングは、電気泳動による分離のための流動性ポリマーと、4つの異なるヌクレオチドに特異的であるような、レーザーで活性化される蛍光色素と、放出された波長の検出に用いるCCDカメラとを有し得る。出力/光の強度は、適切なソフトウェア (PE Biosystems社のGENOTYP ER、SEQUENCE NAVIGATOR等) を用いて電気信号に変換し得る。サンプルのロードからコンピュータ分析及び電子データ表示までの全プロセスがコンピュータ制御可能である。キャピラリー電気泳動法は、特定のサンプルに少量しか存在しない

ようなDNA小断片のシーケンシングに特に適している。

【0111】

本発明の別の実施例では、LIMDをコードするポリヌクレオチド配列またはその断片を、適切な宿主細胞内でLIMD、LIMDの断片またはその機能的等価物を発現させるような組換えDNA分子内でクローニングし得る。遺伝暗号固有の宿重に起因して実質的同一或いは機能的等価のアミノ酸配列をコードするような別のDNA配列を作製し、LIMDの発現に利用し得る。

【0112】

種々の目的（限定するものではないが遺伝子産物のクローニング、プロセッシング、発現の調節を含む）のために、LIMDコード化配列を変えるための、当分野で通常知られている方法を用いて、本発明のヌクレオチド配列を組み換えることが可能である。遺伝子断片及び合成オリゴヌクレオチドのランダムなフラグメンテーション及びPCR再アセンブリによるDNAシャッフリングを用い、ヌクレオチド配列を組み換えることが可能である。例えば、オリゴヌクレオチド媒介定方向突然変異誘導を利用して、新規な制限部位の生成、グリコシル化パターンの変更、コドン優先の変更、スプライス変異体の生成等を行う突然変異を導入し得る。

【0113】

本発明のヌクレオチドは、MolecularBreeding (Maxygen Inc., Santa Clara CA、米国特許第5,837,458号、Chang, C.-C.ら (1999) Nat. Biotechnol. 17:793-797、Christians, F.C.ら (1999) Nat. Biotechnol. 17:259-264、Cramer, A.ら (1996) Nat. Biotechnol. 14:315-319 に記載)等のDNAシャッフリング技術の対象となり、LIMDの生物学的特性、例えば生物活性、酵素力、或いは他の分子や化合物との結合力等を変更または向上させ得る。DNAシャッフリングは、遺伝子断片のPCR媒介再組換えを用いて遺伝子変異体のライブラリを生成するプロセスである。ライブラリはその後、その遺伝子変異体を所望の特性に同定するような選択またはスクリーニングにかける。次にこれらの好適な変異体をプールし、更に反復してDNAシャッフリング及び選択/スクリーニングを行ってもよい。このように、遺伝の多様性は「人為的」品種改良及び急速な分子の進化を経て創生される。例えば、ランダムポイント突然変異を有する単一の遺伝子の断片を再結

合し、スクリーニングし、その後所望の特性が最適化されるまでシャッフリングすることができる。或いは、所定の遺伝子を同種または異種のいずれかから得た同一遺伝子ファミリーの相同遺伝子と再結合し、それによって天然に存在する複数の遺伝子の遺伝多様性を、指図された制御可能な方法で最大化させることができる。

#### 【0114】

別の実施例によれば、当分野でよく知られている化学的方法を用いて、LIMDをコードする配列の全部或いは一部を合成し得る (Caruthers, M.H.ら (1980) *Nucleic Acids Symp. Ser. 7*:215-223、Horn, T.ら (1980) *Nucleic Acids Symp. Ser. 7*:225-232等を参照)。或いは、化学的方法を用いてLIMDそれ自体またはその断片を合成し得る。例えば、種々の液相または固相技術を用いてペプチド合成を行うことができる (Creighton, T. (1984) *Proteins, Structures and Molecular Properties*, WH Freeman, New York NY, pp. 55-60、Roberge, J.Y. ら (1995) *Science* 269:202-204等を参照)。自動合成はABI 431Aペプチドシンセサイザ (Perkin Elmer) を用いて達成し得る。更にLIMDのアミノ酸配列またはその任意の一部は、直接合成する間及び/または他のタンパク質から得た配列またはその任意の一部と結合する間に変更し、変異型ポリペプチドを生成し得る。

#### 【0115】

ペプチドは、分離用高速液体クロマトグラフィーを用いて実質上精製し得る (Chiez, R.M.and F.Z. Regnier (1990) *Methods Enzymol.* 182:392-421等を参照)。合成ペプチドの組成は、アミノ酸分析またはシーケンシングによって確認することができる (前出のCreighton, pp.28-53等を参照)。

#### 【0116】

生物学的に活性なLIMDを発現させるために、LIMDをコードするヌクレオチド配列またはその誘導体を好適な発現ベクターに挿入することができる。好適な発現ベクターとは即ち好適な宿主内で挿入されたコーディング配列の転写及び翻訳の調節に必要な要素を含むベクターである。必要な要素には、ベクター及びLIMDをコードするポリヌクレオチド配列におけるエンハンサー、構成型及び発現誘導型プロモーター、5'及び3'の非翻訳領域などの調節配列がある。このような要素

は、長さ及び特異性が様々である。固有開始シグナルを用いて、LIMDをコードする配列をより効果的に翻訳することが可能もある。このようなシグナルには、ATG開始コドンと、コザック配列などの近傍の配列が含まれる。LIMDをコードする配列及びその開始コドン、上流の調節配列が好適な発現ベクターに挿入された場合は、更なる転写調節シグナルや翻訳調節シグナルは必要なくなるであろう。しかしながら、コーディング配列或いはその断片のみが挿入された場合は、インフレームのATG開始コドンを含む外来性の翻訳調節シグナルが発現ベクターに含まれるようにすべきである。外来性の翻訳要素及び開始コドンは、様々な天然物及び合成物を起源とし得る。発現の効率は、用いられる特定の宿主細胞系に好適なエンハンサーを包含することによって高めることができる (Scharf, D. ら (1994) *Results Probl. Cell Differ.* 20:125-162.等を参照)。

#### 【0117】

当業者によく知られている方法を用いて、LIMDをコードする配列と、好適な転写及び翻訳調節要素とを含む発現ベクターを構築し得る。この方法には、*in vitro*組換えDNA技術、合成技術及び*in vivo*遺伝子組換え技術がある (Sambrook, J. ら (1989) *Molecular Cloning. A Laboratory Manual*, Cold Spring Harbor Press, Plainview NYの4, 8, 16-17章、Ausubel, F.M. ら. (1995) *Current Protocols in Molecular Biology*, John Wiley & Sons, New York NYの9, 13, 16章等を参照)。

#### 【0118】

種々の発現ベクター/宿主系を利用して、LIMDをコードする配列を保持及び発現し得る。限定するものではないがこのような発現ベクター/宿主系には、組換えバクテリオファージ、プラスミドまたはコスミドDNA発現ベクターで形質転換させた細菌や、酵母菌発現ベクターで形質転換させた酵母菌や、ウイルス発現ベクター (例えばバキュロウイルス) に感染した昆虫細胞系や、ウイルス発現ベクター (例えばカリフラワーモザイクウイルスCaMVまたはタバコモザイクウイルスTMV) または細菌発現ベクター (例えばTiまたはpBR322プラスミド) で形質転換させた植物細胞系、動物細胞系などの微生物等がある (前出のSambrook、前出のAusubel、Van Heeke, G. and S.M. Schuster (1989) *J. Biol. Chem.* 264:5503-

5509、Bitter, G.A.ら (1987) *Methods Enzymol.* 153:516-544; Scorer, C.A.ら (1994) *Bio/Technology* 12:18 1-184; Engelhard, E.K.ら (1994) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 91:3224-3227、Sandig, V.ら (1996) *Hum. Gene Ther.* 7:1937-1945、タカマツ, N. (1987) *EMBOJ.* 6:307-311、Coruzzi, G.ら (1984) *EMBOJ.* 3:1671-1680、Broglie, R.ら (1984) *Science* 224:838-843、Winter, J.ら (1991) *Results Probl. Cell Differ.* 17:85-105、『マグローヒル科学技術年鑑』(The McGraw Hill Yearbook of Science and Technology) (1992) McGraw Hill New York NY, pp.191-196、Logan, J. and T. Shenk (1984) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 81:3655-3659、Harrington, J.J.ら (1997) *Nat. Genet.* 15:345-355等を参照)。レトロウイルス、アデノウイルス、ヘルペスウイルスまたはワクシニアウイルス由来の発現ベクターまたは種々の細菌性プラスミド由来の発現ベクターを用いて、ポリヌクレオチド配列を標的器官、組織または細胞集団へ輸送することができる (Di Nicola, M.ら (1998) *Cancer Gen. Ther.* 5(6):350-356、Yu, M.ら (1993) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 90(13):6340-6344、Builer, R.M.ら (1985) *Nature* 317(6040):813-815; McGregor, D.P.ら (1994) *Mol. Immunol.* 31(3):219-226、Verma, I.M. and N. Somia (1997) *Nature* 389:239-242等を参照)。本発明は、使用する宿主細胞によって限定されるものではない。

#### 【0119】

細菌系では、LIMDをコードするポリヌクレオチド配列の使用目的に応じて多数のクローニングベクター及び発現ベクターを選択し得る。例えば、LIMDをコードするポリヌクレオチド配列の日常的なクローニング、サブクローニング及び増殖には、PBLUESCRIPT (Stratagene, La Jolla CA) またはPSPORT 1 プラスミド (Life Technologies) などの多機能大腸菌ベクターを用いることができる。LIMDをコードする配列の、ベクターの多数のクローニング部位への連結反応によって、lacZ 遺伝子が破壊され、組換え分子を含む形質転換された細菌を同定するための比色スクリーニング法が可能となる。更にこれらのベクターは、クローニングされた配列における *in vitro* 転写、ジデオキシのシーケンシング、ヘルパーファージによる一本鎖の救出、入れ子状態の欠失の生成にも有用であろう (Van He

eke, G. and S.M. Schuster (1989) J. Biol. Chem. 264:5503-5509.等を参照)。  
。多量のLIMDが必要な場合、例えば抗体を生成する場合などには、LIMDの発現を  
ハイレベルで誘導するベクターが使用できる。例えば、強力な誘導性のT5または  
T7バクテリオファージプロモーターを含むベクターを使用し得る。

#### 【0120】

酵母の発現系を使用してLIMDを生成し得る。因子、アルコールオキシダーゼ  
、PGHプロモーター等の構成型或いは誘導型のプロモーターを含む多数のベクタ  
ーが、酵母菌サッカロミセス - セレビジエまたは*Pichia pastoris*に使用可能で  
ある。更に、このようなベクターは、発現したタンパク質を分泌或いは細胞内へ  
の保持のいずれかに誘導し、安定した増殖のために外来配列の宿主ゲノムへの組  
込みを可能にする(前出のAusubel (1995)、前出のBitter、前出のScorer等を参  
照)。

#### 【0121】

植物系を使用してLIMDを発現することも可能である。LIMDをコードする配列の  
転写は、ウイルスプロモーター、例えば単独或いはTMV(タカマツ, N. (1987) E  
MBO J 6:307-311)由来のオメガリーダー配列と組み合わせて用いられるようなC  
aMV由来の35S及び19Sプロモーターによって促進される。或いは、RUBISCOの小サ  
ブユニット等の植物プロモーターまたは熱ショックプロモーターを用いてもよい  
(前出のCoruzzi、前出のBroglie、前出のWinter等を参照)。これらの構成物は  
、直接DNA形質転換または病原体を媒介とする形質移入によって、植物細胞内に  
導入可能である(『マグローヒル科学技術年鑑』(The McGraw Hill Yearbook of  
Science and Technology) (1992) McGraw Hill New York NY, pp.191-196等を  
参照)。

#### 【0122】

哺乳動物細胞においては、多数のウイルスベースの発現系を利用し得る。発現  
ベクターとしてアデノウイルスを用いる場合、LIMDをコードする配列は、後発ブ  
ロモーター及び3連リーダー配列からなるアデノウイルス転写/翻訳複合体に連  
結反応され得る。可欠E1またはE3領域へウイルスのゲノムを挿入し、宿主細胞で  
LIMDを発現する感染ウイルスを得ることが可能である(Logan, J. and T. Shenk

(1984) Proc. Natl. Acad. Sci. 81:3655-3659等を参照)。更に、ラウス肉腫ウイルス (RSV) エンハンサー等の転写エンハンサーを用いて、哺乳動物宿主細胞における発現を増大させ得る。SV40またはEBVをベースにしたベクターを用いてタンパク質を高レベルで発現させることもできる。

#### 【0123】

ヒト人工染色体 (HAC) を用いて、プラスミドに含まれ且つプラスミドから発現するものより大きなDNAの断片を輸送することもできる。治療目的のために約6 kb ~ 10 MbのHACを作製し、従来の輸送方法 (リポソーム、ポリカチオンアミノポリマーまたはベシクル) で供給する (Harrington, J.J. ら (1997) Nat Genet. 15:345-355. 等を参照)。

#### 【0124】

長期にわたり哺乳動物系内で組換えタンパク質を産出するためには、株化細胞内でのLIMDの安定発現が望ましい。例えば、発現ベクターであって複製及び/または内在性発現因子のウイルス起源を含むものと、同一或いは別のベクター上の選択可能マーカ―遺伝子とを用いて、LIMDをコードする配列を細胞株に形質転換することが可能である。ベクターの導入後、選択培地に移す前に強化培地で約1 ~ 2日間細胞を増殖させることができる。選択可能マーカ―の目的は選択培地への抵抗性を与えることであり、選択可能マーカ―が存在することにより、導入された配列をうまく発現するような細胞の成長及び回収が可能となる。安定的に形質転換された細胞の耐性クローンは、その細胞型に適した組織培養技術を用いて増殖可能である。

#### 【0125】

任意の数の選択系を用いて、形質転換細胞株を回収できる。限定するものではないがこのような選択系には、tk<sup>r</sup>単純細胞のために用いられるヘルペスウイルスチミジンキナーゼ遺伝子と、apr<sup>r</sup>細胞のために用いられるアデニンホスホリボシルトランスフェラーゼ遺伝子がある (Wigler, M. ら (1977) Cell 11:223-232、Lowy, I. ら (1980) Cell 22:817-823等を参照)。また、選択の基礎として代謝拮抗物質、抗生物質或いは除草剤への耐性を用いることができる。例えばdhfrはメトトレキセートに対する耐性を与え、neoはアミノグリコシッドネオマイ

シン及びG-418に対する耐性を与え、alsはクロルスルフロンに対する耐性を、patはホスフィノトリシンアセチルトランスフェラーゼに対する耐性を各々与える (Wigler, M. ら (1980) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 77:3567-3570、Colbere-Garapin, F. ら (1981) J. Mol. Biol. 150:1-14 等を参照)。その他の選択可能遺伝子、例えば、代謝のための細胞要求を変えるtrpB及びhisDは、文献に記載されている (Hartman, S.C. and R.C. Mulligan (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85:8047-8051等を参照)。可視マーカー、例えばアミノシアニン、緑色蛍光タンパク質 (GFP ; Clontech)、グルクロニダーゼ及びその基質 グルクロニド、またはルシフェラーゼ及びその基質ルシフェリン等を用いてもよい。これらのマーカーを用いて、トランスフォーマントを特定するだけでなく、特定のベクター系に起因する一過性或いは安定したタンパク質発現を定量することが可能である (Rhodes, C.A. (1995) Methods Mol. Biol. 55:121-131等を参照)。

#### 【0126】

マーカー遺伝子発現の存在 / 不存在によって目的の遺伝子の存在が示唆されても、その遺伝子の存在及び発現の確認が必要な場合もある。例えば、LIMDをコードする配列がマーカー遺伝子配列内に挿入された場合、LIMDをコードする配列を含む形質転換細胞は、マーカー遺伝子機能の欠落により同定することが可能である。または単一プロモーター制御下で、LIMDをコードする配列とタンデムにマーカー遺伝子を配置することも可能である。誘導または選択に応答したマーカー遺伝子の発現は通常、タンデム遺伝子の発現も示す。

#### 【0127】

一般に、LIMDをコードする核酸配列を含み且つLIMDを発現する宿主細胞は、当業者によく知られている種々の方法を用いて同定することが可能である。限定するものではないが当業者によく知られている方法には、DNA-DNA或いはDNA-RNAハイブリダイゼーション、PCR法、核酸或いはタンパク質の検出及び / または定量を行うための膜系、溶液ベース或いはチップベースの技術を含むタンパク質バイオアッセイまたはイムノアッセイ技術がある。

#### 【0128】

特異的ポリクローナル抗体または特異的モノクローナル抗体を用いてLIMDの発

現の検出及び計測を行うための免疫学的方法は、当分野で公知である。このような技術の例としては、酵素に結合したイムノソルベントアッセイ (ELISA)、ラジオイムノアッセイ (RIA)、蛍光活性化細胞選別 (FACS) などが挙げられる。LIMD上の2つの非干渉エピトープに反応するモノクローナル抗体を用いた、2部位モノクローナルベースのイムノアッセイ (two-site, monoclonal-based immunoassay) が好ましいが、競合結合アッセイも用いることもできる。これらのアッセイ及びこれ以外のアッセイは、当分野で公知である (Hampton, R. ら (1990) Serological Methods, a Laboratory Manual. APS Press, St Paul, MN, Sect. IV、Coligan, J. E. ら (1997) Current Protocols in Immunology, Greene Publishing Associates and Wiley-Interscience, New York NY、Pound, J.D. (1998) Immunochemical Protocols, Humana Press, Totowa NJ等を参照)。

#### 【0129】

多岐にわたる標識方法及び結合方法が当業者に既知であり、これらの方法は様々な核酸アッセイおよびアミノ酸アッセイに用い得る。LIMDをコードするポリヌクレオチドに関連する配列を検出するための、標識されたハイブリダイゼーションプローブ或いはPCRプローブを産出する方法には、オリゴ標識化、ニックトランスレーション、末端標識化、または標識されたヌクレオチドを用いるPCR法がある。或いは、LIMDをコードする配列またはその任意の断片を、mRNAプローブを産出するためのベクターにクローニングすることも可能である。このようなベクターは、当分野において知られており、市販もされており、T7、T3またはSP6等の好適なRNAポリメラーゼ及び標識されたヌクレオチドを加えて、*in vitro*でRNAプローブの合成に用いることができる。このような方法は、例えばAmersham Pharmacia Biotech、Promega (Madison WI)、U.S. Biochemical等から市販されている種々のキットを用いて実行することができる。検出を容易にするために用い得る好適なレポーター分子或いは標識には、基質、補助因子、インヒビター、磁気粒子のほか、放射性核種、酵素、蛍光剤、化学発光剤、発色剤等がある。

#### 【0130】

LIMDをコードするヌクレオチド配列を用いて形質転換した宿主細胞は、細胞培地からのタンパク質の回収及び発現に適した条件下で培養し得る。形質転換細胞

から製造されたタンパク質が分泌されるか細胞内に留まるかは、使用される配列、ベクター、或いはその両者に依存する。当業者であれば理解し得るように、LIMDをコードするポリヌクレオチドを含む発現ベクターを、原核細胞膜または真核細胞膜を透過するLIMDの直接分泌を誘導するシグナル配列を含むように設計し得る。

#### 【0131】

更に、宿主細胞株の選択は、挿入した配列の発現を調節する能力または発現したタンパク質を所望の形に処理する能力によって行い得る。限定するものではないがこのようなポリペプチドの修飾には、アセチル化、カルボキシル化、グリコシル化、リン酸化、脂質化及びアシル化がある。タンパク質の「プレプロ」または「プロ」形を切断するような翻訳後処理を利用して、タンパク質のターゲティング、折りたたみ及び/または活性を特定することも可能である。翻訳後の活性のための固有の細胞装置及び特徴のある機構を有する種々の宿主細胞（例えばCHO、HeLa、MDCK、MEK293、WI38等）は、American Type Culture Collection (ATCC, Bethesda, VA) から入手可能であり、外来タンパク質の正しい修飾及び処理を確実にするように選択し得る。

#### 【0132】

本発明の別の実施例では、LIMDをコードする天然の核酸配列、修飾核酸配列または組換え核酸配列を、上記任意の宿主系において融合タンパク質の翻訳をもたらす異種配列に連結反応させることができる。例えば、市販されている抗体を用いて認識可能な異種部分を含むキメラLIMDタンパク質は、LIMD活性阻害剤に対するペプチドライブラリのスクリーニングを促進し得る。また、異種タンパク質部分及び異種ペプチド部分も、市販されている親和性基質を用いて融合タンパク質の精製を促進し得る。限定されるものではないがこのような部分には、グルタチオンSトランスフェラーゼ (GST)、マルトース結合タンパク質 (MBP)、チオレドキシン (Trx)、カルモジュリン結合ペプチド (CBP)、6-His、FLAG、c-myc、赤血球凝集素 (HA) がある。GSTは固定化グルタチオン上で、MBPはマルトース上で、Trxはフェニルアルシンオキシド上で、CBPはカルモジュリン上で、そして6-Hisは金属キレート樹脂上で、同族の融合タンパク質の精製を可能にする。FLAG

、c-myc及び赤血球凝集素（HA）は、これらのエピトープ標識を特異的に認識する市販されているモノクローナル抗体及びポリクローナル抗体を用いて、融合タンパク質の免疫親和性精製を可能にする。また、融合タンパク質を遺伝子操作し、LIMDが精製後に異種部分から切断され得るように、LIMDコード配列と異種タンパク質配列の間にタンパク質分解切断部位を含めることもできる。融合タンパク質の発現及び精製方法は、前出のAusubel（1995）10章に記載されている。市販されている種々のキットを用いて融合タンパク質の発現及び精製を促進することもできる。

#### 【0133】

本発明の更に別の実施例では、TNTウサギ網状赤血球可溶化液またはコムギ胚芽抽出系（Promega）を用いて、放射能標識したLIMDの合成がin vitroで可能である。これらの系は、T7、T3またはSP6プロモーターと機能的に結合したタンパク質コード配列の転写及び翻訳を結合する。翻訳は、例えば<sup>35</sup>Sメチオニンのような放射能標識したアミノ酸前駆体の存在下で起こる。

#### 【0134】

本発明のLIMDまたはその断片を用いて、LIMDに特異結合する化合物をスクリーニングし得る。少なくとも1個から複数個の試験化合物を用いて、LIMDへの特異結合をスクリーニングし得る。試験化合物の例としては、抗体、オリゴヌクレオチド、タンパク質（例えば受容体）または小分子が挙げられる。

#### 【0135】

一実施例では、このように同定された化合物は、例えばリガンドまたはその断片などのLIMDの天然リガンド、天然の基質、構造的または機能的な擬態性または自然結合パートナーに密接に関連している（Coligan, J.E. ら（1991）Current Protocols in Immunology 1（2）の5章等を参照）。同様にして化合物は、LIMDが結合する天然受容体に関連し得るか或いは例えばリガンド結合部位などの少なくとも受容体の断片に密接に関連し得る。いずれの場合にも、化合物は既知の技術を用いて合理的にデザインし得る。一実施例では、このような化合物に対するスクリーニングは、分泌タンパク質としてまたは細胞膜上のいずれかでLIMDを発現する好適な細胞の生成に関与している。好適な細胞には、哺乳動物、酵母、シ

ヨウジヨウバエまたは大腸菌からの細胞がある。LIMDを発現する細胞またはLIMDを含有する細胞膜断片を試験化合物と接触させ、LIMDまたは化合物のいずれかの結合、刺激または阻害を分析する。

#### 【0136】

アッセイは、試験化合物をポリペプチドに単純に試験結合し得る。ここで、結合は、フルオロフォア、放射性同位体、酵素抱合体またはその他の検出可能な標識により検出される。例えば、アッセイは少なくとも1つの試験化合物を溶液中でLIMDと結合するか固体支持体に固定するかのいずれかのステップ及びLIMDの化合物への結合を検出するステップを有し得る。或いはアッセイは、標識された競争相手の存在下で試験化合物の結合を検出または測定し得る。更にアッセイは、細胞遊離製剤、化学ライブラリまたは天然の生成混合物を用いて実行することができ、試験化合物は、溶液中で遊離させるか固体支持体に固定し得る。

#### 【0137】

本発明のLIMDまたはその断片を用いて、LIMDの活性を調整する化合物をスクリーニングし得る。このような化合物には、アゴニスト、アンタゴニスト、或るいは部分的または逆アゴニスト等がある。一実施例においては、LIMDが少なくとも1つの試験化合物と結合しているような、LIMDの活性を許容する条件下でアッセイが実行され、試験化合物存在下でのLIMDの活性が試験化合物不存在下でのLIMDの活性と比較される。試験化合物存在下でのLIMDの活性の変化は、LIMDの活性を調整する化合物を示す。或いは、試験化合物はLIMDの活性に適した条件下で活性に適した条件下でLIMDを含む *in vitro* または細胞遊離系と結合し、アッセイが実行される。これらアッセイのいずれかにおいて、LIMDの活性を調整する試験化合物は間接的にそのようにすることができ、試験化合物と直接接触する必要がなくなる。少なくとも1個から複数個の試験化合物をスクリーニングし得る。

#### 【0138】

別の実施例では、LIMDまたはその哺乳類同族体をコードするポリヌクレオチドは、胚幹(ES)細胞において相同的組換えを用いて動物モデル系内で「ノックアウト」される。このような技術は当技術分野において公知であり、ヒト疾病の動物モデルの生成に有用である(米国特許第5,175,383号及び第5,767,337号等を参

照)。例えば129/SvJ株化細胞等のマウスES細胞は、初期のマウス胎仔に由来し、培養液中で成長する。ES細胞は、ネオマイシンホスホトランスフェラーゼ遺伝子等のマーカー遺伝子により分裂させた対象遺伝子 (gene of interest) を含むベクターを用いて形質転換される (neo: Capecchi, M.R. (1989) Science 244:1288-1292)。ベクターは、相同的組換えにより宿主ゲノムの対応する領域に統合される。或いは、組織特異的または発達段階特異的な様式で対象遺伝子をノックアウトするCre-loxP系を用いて相同的組換えが発生する (Marth, J.D. (1996) Clin. Invest. 97:1999-2002; Wagner, K.U. ら (1997) Nucleic Acids Res. 25:4323-4330)。形質転換されたES細胞を同定し、例えばC57BL/6マウス系統から採取したマウス細胞胚盤胞に微量注入する。胚盤胞を偽妊娠種雌に外科的に導入し、結果として得られるキメラ子孫の遺伝形質を決め、これを繁殖させてヘテロ接合性系統またはホモ接合性系統を生成する。このようにして産出した遺伝子導入動物は、潜在的治療薬または毒性薬剤を用いて試験し得る。

#### 【0139】

LIMDをコードするポリヌクレオチドは、ヒト胚盤胞由来のES細胞における *in vitro* でも操作し得る。ヒトES細胞は、内胚葉、中胚葉及び外胚葉の細胞タイプを含む少なくとも8つの別々の細胞系統に分化する可能性を有する。この細胞系統は、例えば神経細胞、造血系統及び心筋細胞に分化する (Thomson, J.A. ら (1998) Science 282:1145-1147)。

#### 【0140】

LIMDをコードするポリヌクレオチドは、モデルヒト疾病への「ノックイン」ヒト化動物 (ブタ) または遺伝子導入動物 (マウスまたはラット) も生成し得る。ノックイン技術を用いて、LIMDをコードするポリヌクレオチドの或る領域を動物ES細胞に注入し、注入された配列は動物細胞ゲノムに統合する。形質転換された細胞を胞胚に注入し、胞胚を上記のように移植する。ヒトの疾病の治療に関する情報を得るために、遺伝子導入子孫または近交系について研究し、強力な医薬品を用いて遺伝子導入子孫または近交系を処理する。或いは、LIMDを過剰発現させるべく例えばLIMDを乳内に分泌するなどして同系交配させた哺乳動物は、タンパク質の簡便な源としても役立ち得る (Janne, J. ら (1998) Biotechnol. Annu.

Rev. 4:55-74)。

【0141】

治療

LIMDの領域と細胞内シグナル伝達分子間には、化学的及び構造的類似性、例えば配列及びモチーフとの関連における類似性が存在する。更にLIMDの発現は、造血/炎症系、神経系、胃腸系及び生殖系の癌に密接に関連している。従ってLIMDは、細胞増殖異常、発達障害及び細胞運動異常において或る役割を果たすものと考えられる。LIMDの発現または活性の増大に関連する疾患の治療においては、LIMDの発現または活性を低下させることが望ましい。また、LIMDの発現または活性の低下に関連する疾患の治療においては、LIMDの発現または活性を増大させることが望ましい。

【0142】

従って、或る実施例において、LIMDの発現または活性の低下に関連した疾患の治療または予防のために、患者にLIMDまたはその断片や誘導体を投与することが可能である。限定するものではないがこのような疾患の例として細胞増殖異常が含まれ、その中には日光性角化症、動脈硬化症、アテローム性動脈硬化症、滑液包炎、硬変、肝炎、混合型結合組織病(MCTD)、骨髓線維症、発作性夜間ヘモグロビン尿症、真性多血症、乾癬、原発性血小板血症と、腺癌、白血病、リンパ腫、黒色腫、骨髓腫、肉腫、奇形癌を含む癌、具体的には副腎、膀胱、骨、骨髓、脳、乳房、頸部、胆嚢、神経節、消化管、心臓、腎臓、肝臓、肺、筋肉、卵巣、膵臓、副甲状腺、陰茎、前立腺、唾液腺、皮膚、脾臓、精巣、胸腺、甲状腺、子宮の癌等が含まれ、また発達障害も含まれ、その中には尿細管性アシドーシス、貧血、クッシング症候群、軟骨形成不全性小人症、デュシェンヌ ベッカー型筋ジストロフィ、癩癩、性腺形成異常、WAGR症候群(ウィルムス腫瘍、無虹彩症、尿生殖器異常及び精神薄弱)、スミス マジェニス症候群(Smith-Magenis syndrome)、脊髄形成異常症候群、遺伝性粘膜上皮異形成、遺伝性角皮症、シャルコー マリー ツース病及び神経線維腫症などの遺伝性神経病、甲状腺機能低下症、水頭症、舞蹈病(Sydenham's chorea)及び脳性小児麻痺などの発作障害、脊髄二分裂、無脳症、頭蓋脊椎披裂、先天性緑内障、白内障、感覚神経性聴力損失

とが含まれ、また細胞運動異常も含まれ、その中には強直性脊椎炎、チェディアック-東症候群、デュシェンヌ型筋ジストロフィ及びベッカー筋ジストロフィ、肝内胆汁うっ滞、心筋過形成、心筋症、早期発症型歯周炎、腺癌、卵巣癌及び慢性骨髄性白血病などの癌、細菌感染及び寄生虫感染が含まれる。

【0143】

別の実施例では、LIMDまたはその断片や誘導体を発現し得るベクターを患者に投与して、限定するものではないが上記した疾患を含むLIMDの発現または活性の低下に関連した疾患を治療または予防することも可能である。

【0144】

更に別の実施例では、実質的に精製されたLIMDを含む医薬品成分を好適な医薬用担体と共に患者に投与して、限定するものではないが上記した疾患を含むLIMDの発現または活性の低下に関連した疾患を治療または予防することも可能である。

【0145】

更に別の実施例では、LIMDの活性を調節するアゴニストを患者に投与して、限定するものではないが上記した疾患を含むLIMDの発現または活性の低下に関連した疾患を治療または予防することも可能である。

【0146】

更に別の実施例では、患者にLIMDのアンタゴニストを投与して、LIMDの発現または活性の増大に関連した疾患を治療または予防することが可能である。限定するものではないがこのような疾患の例には、上記した細胞増殖異常、発達障害及び細胞運動異常がある。一実施態様においては、アンタゴニストとして直接的に、或いはLIMDを発現する細胞または組織に薬剤を輸送するターゲティングまたは輸送機構として間接的にLIMDと特異結合する抗体を用いることができる。

【0147】

別の実施例では、LIMDをコードするポリヌクレオチドの相補体を発現するベクターを患者に投与して、限定するものではないが上記した疾患を含むLIMDの発現または活性の増大に関連した疾患を治療または予防することも可能である。

【0148】

別の実施例では、本発明の任意のタンパク質、アンタゴニスト、抗体、アゴニスト、相補配列、またはベクターを、別の好適な治療薬と組み合わせて投与することもできる。併用療法で用いる好適な治療薬は、当業者が従来の医薬原理に従ってを選択し得る。治療薬と組み合わせることにより、上記した種々の疾患の治療または予防に相乗効果をもたらす得る。この方法を用いることにより少量の各薬剤で医薬効果をあげることが可能となり、それによって副作用の可能性を低減し得る。

#### 【0149】

LIMDのアンタゴニストは、当分野で一般的に知られている方法を用いて製造し得る。具体的には、精製されたLIMDを用いて抗体を作るか、治療薬のライブラリをスクリーニングして、LIMDと特異結合するものを同定することが可能である。LIMDの抗体も、当分野で一般的に知られている方法を用いて製造することが可能である。限定するものではないがこのような抗体には、ポリクローナル抗体、モノクローナル抗体、キメラ抗体、一本鎖抗体、Fab断片及びFab発現ライブラリによって作られた断片が含まれ得る。中和抗体（即ち二量体の形成を阻害する抗体）は通常、治療用に好適である。

#### 【0150】

抗体を産生するために、LIMD、またはLIMDの任意の断片またはオリゴペプチドであって免疫抗原性の特性を有するものを注入することによって、ヤギ、ウサギ、ラット、マウス、ヒト、その他を含む種々の宿主を免疫化することができる。宿主の種に応じて、種々のアジュバントを用いて免疫応答を高めることもできる。限定するものではないがこのようなアジュバントには、フロイントアジュバントと、水酸化アルミニウム等のミネラルゲルアジュバントと、リゾレシチン、ブルニックポリオール、ポリアニオン、ペプチド、油性乳剤、キーホールリンペットヘモシニアン、ジニトロフェノール等の洗浄剤とがある。ヒトに用いられるアジュバントの中では、BCG（カルメット ゲラン杆菌）及びコリネバクテリウム パルヴムが特に好ましい。

#### 【0151】

LIMDに対する抗体を誘導するために用いるオリゴペプチド、ペプチドまたは断

片は、少なくとも約5アミノ酸からなり、一般的には少なくとも約10アミノ酸からなるアミノ酸配列を有するものが好ましい。これらのオリゴペプチド、ペプチドまたは断片は、天然のタンパク質のアミノ酸配列の一部と同一であり且つ小さな天然の分子の全アミノ酸配列を含むことが望ましい。LIMDアミノ酸の短い伸長部を別のタンパク質、例えばキーホールリンペットヘモシニアンの配列と融合し、キメラ分子に対する抗体を産生し得る。

#### 【0152】

LIMDに対するモノクローナル抗体は、抗体分子を産生する任意の技術を用いて、培地内の連続した細胞株によって作製し得る。限定するものではないがこのような技術には、ハイブリドーマ技術、ヒトB細胞ハイブリドーマ技術及びEBV-ハイブリドーマ技術がある (Kohler, G. ら. (1975) Nature 256:495-497、Kozbor, D. ら (1985) J. Immunol. Methods 81:31-42、Cote, R.J. ら (1983) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 80:2026-2030、Cole, S.P. ら (1984) Mol. Cell Biol. 62:109-120等を参照)。

#### 【0153】

更に、「キメラ抗体」を作製するために開発した技術、例えば好適な抗原特異性及び生物学的活性を有する分子を得るためのマウス抗体遺伝子のヒト抗体遺伝子へのスプライシングを用いることが可能である (Morrison, S.L. ら. (1984) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 81:6851-6855、Neuberger, M.S. ら (1984) Nature 312:604-608、タケダ, S. ら (1985) Nature 314:452-454等を参照)。或いは、一本鎖抗体を産生するために説明された技術を適用し、当分野で知られている方法を用いて、LIMD特異性一本鎖抗体を産生し得る。関連特異性を有するガイデオタイプ組成が異なるような抗体を、ランダムな組合せの免疫グロブリンライブラリからチェーンシャッフリングによって産生することもできる (Burton D.R. (1991) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 88:10134-10137等を参照)。

#### 【0154】

抗体の産生は、リンパ球集団における *in vivo* 産生の誘導によって、或いは免疫グロブリンライブラリのスクリーニングまたは文献に開示されているような高特異結合試薬のパネルのスクリーニングによっても行い得る (Orlandi, R. ら (

1989) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 86: 3833-3837、Winter, G. ら (1991) Nature 349:293-299等を参照)。

#### 【0155】

LIMDのための特異結合部位を有する抗体断片を産生することもできる。例えば、限定するものではないがこのような断片には、抗体分子のペプシン消化によって作製される $F(ab')_2$ 断片と、 $F(ab')_2$ 断片のジスルフィド架橋を減らすことによって作製されるFab断片とがある。或いは、Fab発現ライブラリを作製することによって、モノクローナルFab断片を所望の特異性と迅速且つ容易に同定することが可能となる (Huse, W.D. ら (1989) Science 256:1275-1281等を参照)。

#### 【0156】

種々のイムノアッセイを用いてスクリーニングし、所望の特異性を有する抗体を同定することができる。確立された特異性を有するポリクローナル抗体またはモノクローナル抗体の何れかを用いる免疫放射線アッセイまたは競合結合アッセイに対する数々のプロトコルは、当分野において公知である。このようなイムノアッセイは通常、LIMDとその特異性抗体間の複合体形成の計測に關与している。2つの非干渉性LIMDエピトープに反応するモノクローナル抗体を用いるような、2部位モノクローナルベースのイムノアッセイが一般に利用されるが、競合結合アッセイを利用してもよい (前出のPoundの文献)。

#### 【0157】

ラジオイムノアッセイ技術と共に様々な方法、例えばスキャッチャード分析を用いて、LIMDに対する抗体の親和性を評価し得る。親和性は結合定数 $K_a$ で表す。 $K_a$ は、平衡状態においてLIMD抗体複合体のモル濃度を遊離抗体と遊離抗原のモル濃度で除した値であると定義する。ポリクローナル抗体は多様なLIMDエピトープに対する親和性が不均一であり、ポリクローナル抗体試薬のために決定した $K_a$ は、LIMD抗体の平均親和性または結合活性を表す。モノクローナル抗体は特定のLIMDエピトープに対して単一特異的であり、モノクローナル抗体試薬のために決定した $K_a$ は、親和性の真の測定値を表す。 $K_a$ 値が約 $10^9 \sim 10^{12}$  L/molの範囲にあるような高親和性抗体試薬は、LIMD抗体複合体が激しい操作に耐えなければならないイムノアッセイに用いるのが好ましい。 $K_a$ 値が約 $10^6 \sim 10^7$  L/molの範

困にあるような低親和性抗体試薬は、LIMDが抗体から最終的に活性化状態で解離する必要がある免疫精製及び類似の処理に用いるのが好ましい (Catty, D. (1988) Antibodies, Volume I: A Practical Approach, IRL Press, Washington, DC、Liddell, J. E. and Cryer, A. (1991) A Practical Guide to Monoclonal Antibodies, John Wiley & Sons, New York NY)。

#### 【0158】

ポリクローナル抗体試薬の抗体価及び結合活性を更に評価して、或る下流の適用例に対するこのような試薬の品質及び適性を決定することができる。例えば、少なくとも1～2mg/ml、好ましくは5～10mg/mlの特異抗体を含むポリクローナル抗体試薬は、LIMD抗体複合体を沈殿させる必要がある処理において通常用いられる。抗体の特異性、抗体価、結合活性、様々な適用例における抗体の品質や使用に対する指針については、一般に入手可能である (前出のCattyの文献、同Cologanらの文献等を参照)。

#### 【0159】

本発明の別の実施例では、LIMDをコードするポリヌクレオチド、LIMDの任意の断片または相補配列を治療目的で使用することができる。ある実施形態では、LIMDをコードするポリヌクレオチドの相補配列がmRNAの転写を阻止するのに好適である場合にこれを使用し得る。具体的には、LIMDをコードするポリヌクレオチドに相補的な配列で細胞を形質転換し得る。従って、相補的分子または断片は、LIMD活性を調節するため、または遺伝子機能を調節するために使用し得る。このような技術は既に当分野ではよく知られており、センスまたはアンチセンスオリゴヌクレオチドまたは大きな断片を、LIMDをコードする配列のコード領域または制御領域に延在する様々な位置から設計することが可能である (Agrawal, S., ed. (1996) Antisense Therapeutics, Humana Press Inc., Totawa NJ等を参照)。

#### 【0160】

治療に用いる場合、アンチセンス配列を好適な標的細胞に導入するのに好適な任意の遺伝子送達系を用いることができる。アンチセンス配列は、転写時に標的タンパク質をコードする細胞配列の少なくとも一部に相補的な配列を発現する発現プラスミドの形で細胞内に輸送することが可能である (Slater, J.E. ら (199

8) J. Allergy Clin. Immunol. 102(3):469-475、Scanlon, K.J. ら (1995)9(13):1288-1296.等を参照)。アンチセンス配列はまた、例えばレトロウイルスやアデノ関連ウイルスベクター等のウイルスベクターを用いて細胞内に導入することもできる (Miller, A.D. (1990) Blood 76:271、前出のAusubel、Uckert, W. and W. Walther (1994) Pharmacol. Ther. 63(3):323-347等を参照)。その他の遺伝輸送機構には、リポソーム系、人工的なウイルスエンベロープ及び当分野で公知のその他の系が含まれる (Rossi, J.J. (1995) Br. Med. Bull. 51(1):217-225; Boado, R.J.ら (1998) J. Pharm. Sci. 87(11):1308-1315、Morris, M.C. ら (1997) Nucleic Acids Res. 25(14):2730-2736. 等を参照)。

#### 【0161】

本発明の別の実施例では、LIMDをコードするポリヌクレオチドを、体細胞若しくは生殖細胞遺伝子治療に用いることが可能である。遺伝子治療を行うことにより、(i) 遺伝子欠損症 (例えばX染色体鎖遺伝 (Cavazzana-Calvo, M. ら (2000) Science 288:669-672) により特徴付けられる重度の複合型免疫欠損(SCID)-X1の場合)、先天性アデノシンデアミナーゼ (ADA) 欠損症に関連する重度の複合型免疫欠損 (Blaese, R.M. ら (1995) Science 270:475-480、Bordignon, C. ら (1995) Science 270:470-475)、嚢胞性繊維症 (Zabner, J. ら (1993) Cell 75:207-216; Crystal, R.G. ら (1995) Hum. Gene Therapy 6:643-666、Crystal, R.G. ら. (1995) Hum. Gene Therapy 6:667-703)、サラセミア (thalassamia)、家族性高コレステロール血症、第VIII因子若しくは第IX因子欠損に起因する血友病 (Crystal, R.G. (1995) Science 270:404-410、Verma, I.M. and Somia, N. (1997) Nature 389:239-242) を治療し、(ii) 条件的致死性遺伝子産物を発現させ (例えば制御不能な細胞増殖に起因する癌の場合)、(iii) 細胞内の寄生虫 (例えばヒト免疫不全ウイルス(HIV) (Baltimore, D. (1988) Nature 335:395-396、Poeschla, E. ら (1996) Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 93:11395-11399)、B型若しくはC型肝炎ウイルス (HBV、HCV)、Candida albicans及びParacoccidioides brasiliensis等の真菌寄生虫、並びにPlasmodium falciparum及びTrypanosoma cruzi等の原虫寄生体に対する防御機能を有するタンパク質を発現させることができる。LIMDの発現若しくは調節に必要な遺伝子の欠損が疾患

を発生させる場合、形質導入した細胞の好適な集団からLIMDを発現することにより、遺伝子欠損に起因する症状の発現を緩和し得る。

#### 【0162】

本発明の更なる実施例では、LIMDをコードする哺乳動物発現ベクターを作製し、これらのベクターを機械的手段によってLIMD欠損細胞に導入することによって、LIMDの欠損による疾患や異常症を治療する。in vivo或いはex vitroの細胞に用いる機械的導入技術には、(i) 個々の細胞内への直接的なDNA微量注射法、(ii) バリスティック金粒子輸送 (ballistic gold particle delivery)、(iii) リポソーム媒介形質移入、(iv) 受容体媒介遺伝子導入、及び(v) DNAトランスポソンの使用 (Morgan, R.A. and W.F. Anderson (1993) Annu. Rev. Biochem. 62:191-217、Ivics, Z. (1997) Cell 91:501-510; Boulay, J-L. and H. Recipon (1998) Curr. Opin. Biotechnol. 9:445-450) がある。

#### 【0163】

LIMDの発現に影響を及ぼし得る発現ベクターには、限定するものではないがPC DNA 3.1、EPITAG、PRCCMV2、PREP、PVAXベクター (Invitrogen, Carlsbad CA)、PCMV-SCRIPT、PCMV-TAG、PEGSH/PERV (Stratagene, La Jolla CA) 及びPTET-OFF、PTET-ON、PTRE2、PTRE2-LUC、PTK-HYG (Clontech, Palo Alto CA) がある。LIMDは、(i) 恒常的に活性なプロモーター (例えばサイトメガロウイルス (CMV)、ラウス肉腫ウイルス (RSV)、SV40ウイルス、チミジンキナーゼ (TK) または アクチン遺伝子)、(ii) 誘導性プロモーター (例えばテトラサイクリン調節性プロモーター (Gossen, M. and H. Bujard (1992) Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 89:5547-5551、Gossen, M. ら (1995) Science 268:1766-1769、Rossi, F.M.V. and H.M. Blau (1998) Curr. Opin. Biotechnol. 9:451-456)、市販のInvitrogen社のT-REXプラスミドに含まれる)、エクジソン誘導性プロモーター (Invitrogen社のプラスミドPVGRXR及びPINDから得られる)、FK506 / ラパマイシン誘導性プロモーターまたはRU486 / ミフェプリストーン誘導性プロモーター (前出のRossi, F.M.V. and H.M. Blau)、または (iii) 正常個体由来の、LIMDをコードする内在性遺伝子の天然のプロモーター若しくは組織特異的プロモーターを用いて、発現させることができる。

## 【0164】

市販のリポソーム形質転換キット（例えばInvitrogen社から入手可能なPerfect Lipid Transfection Kit）を用いれば、当業者は経験にそれほど頼らないでもポリヌクレオチドを培養中の標的細胞に導入することが可能になる。別の実施例では、リン酸カルシウム法（Graham, F.L. and A.J. Eb (1973) *Virology* 52:456-467）若しくは電気穿孔法（Neumann, B. ら (1982) *EMBO J.* 1:841-845）を用いて形質転換を行う。初代細胞にDNAを導入するためには、標準化された哺乳動物の形質移入プロトコルの修飾が必要である。

## 【0165】

本発明の別の実施例では、LIMDの発現に関連する遺伝子欠損によって起こる疾患や異常症は、(i) レトロウイルス末端反復配列（LTR）プロモーターまたは独立プロモーターの制御下でLIMDをコードするポリヌクレオチドと、(ii) 好適なRNAパッケージングシグナルと、(iii) 追加レトロウイルス・シス作用性RNA配列及び効率的なベクターの増殖に必要なコード配列を伴うRev応答性エレメント（RRE）とからなるレトロウイルスベクターを作製して治療することができる。レトロウイルスベクター（例えばPFB及びPFBNE0）は、Stratagene社から市販されており、刊行データ（Riviere, I. ら. (1995) *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 92:6733-6737）に基づいている。上記データを引用することをもって本明細書の一部とする。ベクターは、好適なベクター産生細胞系（VPCL）において増殖され、VPCLは、標的細胞上の受容体に対する向性を有するエンベロープ遺伝子またはVSVg等の乱交雑エンベロープタンパク質を発現する（Armentano, D. ら (1987) *J. Virol.* 61:1647-1650、Bender, M.A. ら (1987) *J. Virol.* 61:1639-1646、Adam, M.A. and A.D. Miller (1988) *J. Virol.* 62:3802-3806、Dull, T. ら (1998) *J. Virol.* 72:8463-8471、Zufferey, R. ら (1998) *J. Virol.* 72:9873-9880）。Riggに付与された米国特許第5,910,434号（"Method for obtaining retrovirus packaging cell lines producing high transducing efficiency retroviral supernatant"）は、レトロウイルスパッケージング細胞系を得るための方法について開示しており、これを引用することをもって本明細書の一部とする。レトロウイルスベクターの増殖、細胞集団（例えばCD4<sup>+</sup> T細胞）の形質導入

、及び形質導入した細胞の患者への戻しは、遺伝子治療の分野では当業者に公知の方法であり、多数の文献に記載されている (Ranga, U. ら (1997) J. Virol. 71:7020-7029、Bauer, G. ら (1997) Blood 89:2259-2267、Bonyhadi, M.L. (1997) J. Virol. 71:4707-4716、Ranga, U. ら (1998) Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 95:1201-1206、Su, L. (1997) Blood 89:2283-2290)。

#### 【0166】

別の実施例では、アデノウイルス系遺伝子治療の輸送系を用いて、LIMDの発現に関連する1若しくは複数の遺伝子異常を有するような細胞にLIMDをコードするポリヌクレオチドを輸送する。アデノウイルス系ベクターの作製及びパッケージングについては、当業者に公知である。複製欠損型アデノウイルスベクターは、免疫調節タンパク質をコードする遺伝子を脾臓の無損傷の脾島内に導入するために可変性であることが証明された (Csete, M.E. ら (1995) Transplantation 27:263-268)。使用できる可能性のあるアデノウイルスベクターは、Armentanoに付与された米国特許第5,707,618号 ("Adenovirus vectors for gene therapy") に記載されており、引用することをもって本明細書の一部とする。アデノウイルスベクターについては、Antinozzi, P.A. ら (1999) Annu. Rev. Nutr. 19:511-544 及び Verma, I.M. and N. Somia (1997) Nature 18:389:239-242も参照されたい。両文献は、引用することをもって本明細書の一部とする。

#### 【0167】

更に別の実施例では、ヘルペス系遺伝子治療の輸送系を用いて、LIMDの発現に関連する1若しくは複数の遺伝子異常を有する標的細胞にLIMDをコードするポリヌクレオチドを輸送する。HSVが向性を有するような中枢神経系の細胞にLIMDを導入する際には、単純ヘルペスウイルス (HSV) 系のベクターの使用は特に役立つ。ヘルペス系ベクターの作製及びパッケージングは、当業者に公知である。複製適格性単純ヘルペスウイルス (HSV) I型系のベクターは、レポーター遺伝子を霊長類の眼に輸送するために用いられてきた (Liu, X. ら (1999) Exp. Eye Res. 169:385-395)。HSV-1ウイルスベクターの作製についても、DeLucaに付与された米国特許第5,804,413号 ("Herpes simplex virus swains for gene transfer") に開示されており、該特許の引用をもって本明細書の一部とする。米国特許第

5,804,413号には、ヒト遺伝子治療を含む目的のために好適なプロモーターの制御下において細胞に導入される少なくとも1つの内在性遺伝子を有するゲノムを含む組換えHSV d92についての記載がある。上記特許はまた、ICP4、ICP27及びICP22のために除去される組換えHSV系統の作製及び使用について開示している。HSVベクターについては、Goins, W.F. ら (1999) *J. Virol.* 73:519-532 及び Xu, H. ら (1994) *Dev. Biol.* 163:152-161も参照されたい。両文献は、引用をもって本明細書の一部とする。クローン化ヘルペスウイルス配列の操作、巨大ヘルペスウイルスのゲノムの異なった部分を含む多数のプラスミドを形質移入した後の組換えウイルスの継代、ヘルペスウイルスの成長及び増殖、並びにヘルペスウイルスの細胞への感染は、当業者に公知の技術である。

#### 【0168】

別の実施例では、アルファウイルス（正の一本鎖RNAウイルス）ベクターを用いてLIMDをコードするポリヌクレオチドを標的細胞に輸送する。プロトタイプのアルファウイルスであるセムリキ森林熱ウイルス（SFV）の生物学的研究が広範に行われており、遺伝子導入ベクターがSFVゲノムに基づいていることが分かった（Garoff, H. and K.-J. Li (1998) *Cun. Opin. Biotech.* 9:464-469）。アルファウイルスのRNAを複製中に、通常はウイルスカプシドタンパク質をコードするサブゲノムRNAが産出される。このサブゲノムRNAは、完全長のゲノムRNAより高いレベルに複製されるため、酵素活性（例えばプロテアーゼ及びポリメラーゼ）を有するウイルスタンパク質に比べてカプシドタンパク質が過剰産生される。同様に、LIMDに対するコード配列をカプシドコード領域のアルファウイルスゲノムに導入することにより、ベクター導入細胞において多数のLIMDコードRNAが産生され、高レベルのLIMDが合成される。通常はアルファウイルスの感染が数日以内での細胞溶解に関係する一方で、シンドビスウイルス（SIN）の変異体を有するハムスター正常腎臓細胞（BHK-21）の持続的な感染を確立する能力は、アルファウイルスの溶解複製を遺伝子治療に適用できるように好適に変更可能であることを示唆している（Dryga, S.A. ら. (1997) *Virology* 228 :74-83）。アルファウイルスの宿主の範囲が広いことにより、様々な細胞タイプへのLIMDの導入が可能になる。或る集団におけるサブセットの細胞の特定形質導入は、形質導入前に

細胞の選別を必要とし得る。アルファウイルスの感染性cDNAクローンの処置方法、アルファウイルスのcDNA及びRNAの形質移入方法及びアルファウイルスの感染方法は、当業者に公知である。

#### 【0169】

例えば開始部位から数えて約 - 10 と約 + 10 の間にある転写開始部位に由来するオリゴヌクレオチドを用いて遺伝子発現を阻害することも可能である。同様に、三重らせん塩基対の形成方法を用いて阻害が可能となる。三重らせん塩基対形成は、ポリメラーゼ、転写因子または調節分子の結合のために十分に開くような二重らせんの能力を阻害するので、三重らせん塩基対形成は有用である。三重らせんDNAを用いる最近の治療の進歩については文献に記載がある (Gee, J.E. ら (1994) in: Huber, B.E. and B.I. Carr, *Molecular and Immunologic Approaches*, Futura Publishing Co., Mt. Kisco, NY, pp.163-177等を参照)。相補配列またはアンチセンス分子もまた、転写物がリボソームに結合するのを阻止することによってmRNAの翻訳を阻止するべく設計することができる。

#### 【0170】

リボザイムは、酵素性RNA分子であり、RNAの特異的切断を触媒するために用い得る。リボザイム作用のメカニズムは、ヌクレオチド鎖切断に先立つ相補的標的RNAへのリボザイム分子の配列特異性ハイブリダイゼーションに關与している。例えば、組換え型のハンマーヘッド型リボザイム分子は、LIMDをコードする配列のヌクレオチド鎖切断を特異的且つ効果的に触媒する。

#### 【0171】

任意の潜在的RNAターゲット内の特異的リボザイム切断部位は、GUA、GUU、GUC配列を含めたりボザイム切断部位に対する標的分子をスキャンすることによって先ず同定される。一度同定されると、オリゴヌクレオチドを機能不全にするような2次構造の特徴に対して切断部位を含む標的遺伝子の領域に対応する15~20リボヌクレオチドの短いRNA配列を、評価することが可能になる。候補標的の適合性の評価も、リボヌクレアーゼ保護アッセイを用いて相補的オリゴヌクレオチドとのハイブリダイゼーションの実施容易性をテストすることによって行うことができる。

## 【0172】

本発明の相補的リボ核酸分子及びリボザイムは、核酸分子合成のために当分野でよく知られている任意の方法を用いて作製し得る。任意の方法には、固相ホスホラミダイト化合物等のオリゴヌクレオチドを化学的に合成する方法がある。或いは、HRIPをコードするDNA配列のin vitro及びin vivo転写によってRNA分子を産出し得る。このようなDNA配列は、T7やSP6等の好適なRNAポリメラーゼプロモーターを用いて多様なベクター内に組み入れることが可能である。或いは、相補的RNAを構成的或いは誘導的に合成するようなこれらcDNA産物を、細胞系、細胞または組織内に導入することができる。

## 【0173】

細胞内の安定性を高め、半減期を長くするためにRNA分子を修飾し得る。限定するものではないが可能な修飾には、分子の5'末端及び/または3'末端においてフランキング配列を追加したり、分子の主鎖内においてホスホジエステラーゼ結合ではなくホスホロチオネートまたは2' Oメチルを使用したりすることが含まれる。この概念は、PNAの産出に固有のものであり、これら全ての分子に拡大することができる。それには、内在性エンドヌクレアーゼによって容易には認識されないアデニン、シチジン、グアニン、チミン、及びウリジンにアセチル-、メチル-、チオ-及び同様の修飾をしたものに加えて、非従来型塩基、例えばイノシン、クエオシン (queosine)、ワイプトシン (wybutosine) 等を包含することによる。

## 【0174】

本発明の追加実施例には、LIMDをコードするポリヌクレオチドの変異発現に有効な化合物をスクリーニングする方法が含まれる。限定するものではないが特異ポリヌクレオチドの変異発現に有効な化合物には、オリゴヌクレオチド、アンチセンスオリゴヌクレオチド、三重らせん形成オリゴヌクレオチド、転写因子その他のポリペプチド転写制御因子、及び特異ポリヌクレオチド配列と相互作用し得る非高分子化学的実体がある。有効な化合物は、ポリヌクレオチド発現のインヒビターまたはエンハンサーのいずれかとして作用することによりポリヌクレオチド発現を変異し得る。従って、LIMDの発現または活性の増加に関連する疾病の治

療においては、LIMDをコードするポリヌクレオチドの発現を特異的に阻害する化合物が治療上有益であり、LIMDの発現または活性の低下に関連する疾病の治療においては、LIMDをコードするポリヌクレオチドの発現を特異的に促進する化合物が治療上有益であり得る。

#### 【0175】

特異ポリヌクレオチドの変異発現における有効性に対して、少なくとも1個から複数個の試験化合物をスクリーニングし得る。試験化合物は、当分野で通常知られている任意の方法により得られる。このような方法には、ポリヌクレオチドの発現を変異させる場合と、既存の、市販のまたは専売の、天然または非天然の化合物ライブラリから選択する場合と、標的ポリヌクレオチドの化学的及び/または構造的特性に基づく化合物を合理的にデザインする場合と、組合せ的にまたは無作為に生成した化合物のライブラリから選択する場合に有効であることが知られているような化合物の化学修飾がある。LIMDをコードするポリヌクレオチドを含むサンプルは、少なくとも1つの試験化合物に曝され、このように得られる。サンプルには例えば、無傷細胞、透過化処理した細胞、*in vitro*細胞遊離または再構成された生化学系を有し得る。LIMDをコードするポリヌクレオチドの発現における変化は、当分野で通常知られている任意の方法でアッセイする。通常、LIMDをコードするポリヌクレオチドの配列に相補的なヌクレオチド配列を有するプローブを用いたハイブリダイゼーションにより、特異ヌクレオチドの発現を検出する。ハイブリダイゼーション量を定量し、それによって1若しくは複数の試験化合物に曝露される及び曝露されないポリヌクレオチドの発現の比較に対する基礎を形成し得る。試験化合物に曝露されるポリヌクレオチドの発現における変化の検出は、ポリヌクレオチドの発現を変異する際に試験化合物が有効であることを示している。特異ポリヌクレオチドの変異発現に有効な化合物に対して、例えば *Schizosaccharomyces pombe* 遺伝子発現系 (Atkins, D. ら (1999) 米国特許第5,932,435号、Arndt, G.M. ら (2000) *Nucleic Acids Res.* 28:E15) または HeLa細胞等のヒト細胞系 (Clarke, M.L. ら (2000) *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 268:8-13) を用いてスクリーニングを実行する。本発明の特定の実施例は、特異的ポリヌクレオチド配列に対するアンチセンス活性のためのオリゴヌクレオ

チド（デオキシリボヌクレオチド、リボヌクレオチド、ペプチド核酸、修飾オリゴヌクレオチド）の組合せライブラリをスクリーニングすることに関与している（Bruce, T.W. ら（1997）の米国特許第5,686,242号、Bruce, T.W. ら（2000）の米国特許第6,022,691号）。

#### 【0176】

ベクターを細胞または組織に導入する多数の方法が利用可能であり、in vivo、in vitro及びex vivoの使用に対して同程度に適している。ex vivo治療の場合、ベクターを患者から採取した肝細胞内に導入し、クローニング増殖して同一患者に自家移植で戻すことができる。トランスフェクション、リボソーム注入またはポリカチオンアミノポリマーによる輸送は、当分野でよく知られている方法を用いて実行することができる（Goldman, C.K. ら（1997）*Nat. Biotechnol.* 15: 462-466.等を参照）。

#### 【0177】

上記の治療方法はいずれも、例えば、ヒト、イヌ、ネコ、ウシ、ウマ、ウサギ、サル等の哺乳動物を含めて治療が必要な全ての対象に適用できる。

#### 【0178】

本発明の追加実施例は、通常薬剤として許容できる賦形剤で処方される活性成分を有する医薬品成分の投与に関連する。賦形剤には例えば、セルロース、ゴム及びタンパク質がある。様々な処方が通常知られており、詳細はRemington's *Pharmaceutical Sciences* (Maack Publishing, Easton PA)の最新版に記載されている。このような医薬品成分は、LIMD、LIMDに対する抗体、擬態、アゴニスト、アンタゴニスト、またはLIMDインヒビターから構成し得る。

#### 【0179】

本発明に用いられる医薬品成分は、任意の数の経路によって投与することができ、限定するものではないが経路には、経口、静脈内、筋肉内、動脈内、骨髄内、クモ膜下腔内、心室内、肺、経皮、皮下、腹腔内、鼻腔内、腸内、局所、舌下または直腸がある。

#### 【0180】

肺から投与する医薬品成分は、液状または乾燥粉末状で調製し得る。このよう

な医薬品成分は通常、患者が吸入する直前にエアロゾル化する。小分子（例えば伝統的な低分子重量有機薬）の場合には、速効製剤のエアロゾル輸送は当分野で公知である。高分子（例えばより大きなペプチド及びタンパク質）の場合には、当該分野において肺の肺泡領域を介しての肺輸送が最近向上したことにより、インスリン等の薬剤を実質的に血液循環へ輸送することが可能になった（Patton, J.S. らの米国特許第5,997,848号等を参照）。肺輸送は、針注射なしに投与する点で優れており、潜在的に有毒な浸透エンハンサーの必要性をなくす。

#### 【0181】

本発明での使用に適した医薬品成分には、所定の目的を達成するために必要なだけの量の活性成分を含有する成分が含まれる。有効投与量の決定は、当業者の能力の範囲内で行う。

#### 【0182】

医薬品成分の特殊形状は、LIMDまたはその断片を含む高分子を直接細胞内輸送するために調製される。例えば、細胞不透過性高分子を含むリポソーム製剤は、細胞融合及び高分子の細胞内輸送を促進し得る。或いは、LIMDまたはその断片をHIV Tat-1タンパク質から陽イオンN末端部に結合することもできる。このようにして生成された融合タンパク質は、マウスモデル系の脳を含む全ての組織の細胞に形質導入することがわかっている（Schwarze, S.R. ら（1999）Science 285:1569-1572）。

#### 【0183】

任意の化合物に対して、細胞培養アッセイ、例えば新生物性細胞の細胞培養アッセイにおいて、或いは、動物モデル、例えばマウス、ウサギ、イヌまたはブタ等において、先ず治療の有効投与量を推定することができる。動物モデルはまた、好適な濃度範囲及び投与経路を決定するためにも用い得る。このような情報を用いて、次にヒトに対する有益な投与量及び投与経路を決定することができる。

#### 【0184】

治療上の有効投与量は、症状や容態を回復させるような活性分量を参考にする。そのような活性成分の例としては、LIMDまたはその断片、LIMDの抗体、LIMDのアゴニスト、アンタゴニストまたはインヒビターがある。薬用有効度及び毒性

は、細胞培養または動物実験における標準的な薬剤手法によって、例えばED<sub>50</sub>（集団の50%の医薬的有効量）またはLD<sub>50</sub>（集団の50%の致死量）を測定するなどして決定することができる。毒性効果の治療効果に対する投与量の比は、治療指数であり、LD<sub>50</sub>/ED<sub>50</sub>比として表すことができる。高い治療指数を示すような医薬品成分が望ましい。細胞培養アッセイ及び動物実験から得られたデータは、ヒトに用いるための投与量の範囲を調剤するのに用いられる。このような組成物が含まれる投与量は、毒性を殆ど或いは全く含まず、ED<sub>50</sub>を含むような血中濃度の範囲にあることが好ましい。用いられる投与形態、患者の感受性及び投与の経路によって、投与量はこの範囲内で様々に変わる。

#### 【0185】

正確な投与量は、治療が必要な被験者に関する要素を考慮して、現場の医者が決定することになる。効果的なレベルの活性成分を与え、或いは所望の効果を維持するべく、投与量及び投与を調節する。被験者に関する要素としては、疾患の重症度、患者の通常健康状態、患者の年齢、体重及び性別、投与の時間及び頻度、薬剤の配合、反応感受性及び治療に対する応答等を考慮する。作用期間が長い医薬品成分は、特定の製剤の半減期及びクリアランス率によって3～4日毎に1度、1週間に1度、或いは2週間に1度の間隔で投与し得る。

#### 【0186】

通常の投与量は、投与の経路にもよるが約0.1～100,000 µgであり、合計で約1gまでとする。特定の投与量及び輸送方法に関するガイダンスは文献に記載されており、現場の医者は通常それを利用することができる。当業者は、タンパク質またはインヒビターに対する処方とは異なる、ヌクレオチドに対する処方を利用することになる。同様に、ポリヌクレオチドまたはポリペプチドの輸送は、特定の細胞、状態、位置等に特異的なものとなる。

#### 【0187】

##### 診断

別の実施例では、LIMDの発現によって特徴付けられる疾患の診断のために、或いはLIMDやLIMDのアゴニスト、アンタゴニストまたは阻害剤で治療を受けている患者をモニターするためのアッセイにおいて、LIMDを特異的に結合する抗体が用

いられることがある。診断目的に有用な抗体は、上記の治療の箇所で記載した方法と同じ方法で調合される。LIMDの診断アッセイには、抗体及び標識を利用してヒトの体液において或いは細胞や組織のエキスにおいてLIMDを検出する方法が含まれる。抗体は、修飾して或いは修飾しないで使用し、レポーター分子の共有結合性或いは非共有結合性の接着によって標識化し得る。多様なレポーター分子が当分野で知られており、それらを用いることができる。幾つかのレポーター分子については上記した。

#### 【0188】

LIMDを測定するための様々なプロトコル、例えばELISA、RIA、FACS等が当分野において知られており、LIMD発現の修正レベル或いは異常レベルを診断する基準を提供する。複合体の形成に適した条件下でヒト対象等の正常な哺乳動物対象から採取した体液または細胞とLIMDに対する抗体とを結合させることにより、LIMD発現の正常値または標準値が決定される。標準複合体形成量は、種々の方法、例えば測光法で定量できる。対象内で発現したLIMDの量、制御、検体からの病変サンプルを標準値と比較する。標準値と対象との偏差が疾患を診断するパラメータとなる。

#### 【0189】

別の実施例によれば、LIMDをコードするポリヌクレオチドを診断目的に用いることもできる。用いられることができるポリヌクレオチドには、オリゴヌクレオチド配列、相補的RNA及びDNA分子、そしてPNAが含まれる。ポリヌクレオチドは、検体におけるLIMDの発現が疾患と相関し得るような該検体における遺伝子発現の検出及び定量に用いることができる。診断アッセイは、LIMDの不在、存在及び過剰発現を測定するために、そして治療インターベンション中にLIMDレベルの調製をモニターするために用いることができる。

#### 【0190】

一実施形態では、LIMDをコードする核酸配列を同定するために、LIMDまたは密接に関連している分子をコードする、ゲノム配列を含むポリヌクレオチド配列を検出可能なPCRプローブとのハイブリダイゼーションを用いることができる。プローブが、5'調節領域のような高特異領域を有するにせよ、保存されたモチー

フのような低特異領域を有するにせよ、LIMD、突然変異体または関連配列をコードする天然の配列しか同定しないのかどうかは、プローブの特異性及びハイブリダイゼーション或いは増幅のストリンジェンシーが決定することになる。

【0191】

プローブは、関連する配列の検出にも用いることができ、その配列はLIMDをコードする任意の配列と少なくとも50%の相同性をも有し得る。本発明のハイブリダイゼーションプローブはDNAまたはRNAとすることができ、配列番号3乃至4の配列、或いはLIMD遺伝子のプロモーター、エンハンサー、イントロンを含むゲノム配列に由来し得る。

【0192】

LIMDをコードするDNAに対する特異的ハイブリダイゼーションプローブを作製する手段には、LIMDまたはLIMD誘導体をコードするポリヌクレオチド配列を、mRNAプローブを作製するためのベクターにクローニングする方法が含まれる。mRNAプローブ作製のためのベクターは、当業者に知られており、市販されており、好適なRNAポリメラーゼ及び好適な標識されたヌクレオチドを加えることによって、in vitroでRNAプローブを合成するために用いられ得る。ハイブリダイゼーションプローブは、種々のレポーターの集団によって標識され得る。レポーター集団の例としては、<sup>32</sup>Pまたは<sup>35</sup>S等の放射性核種、或いはアビジン/ビオチン結合系を介してプローブに結合されたアルカリホスファターゼ等の酵素標識などが挙げられる。

【0193】

LIMDをコードするポリヌクレオチド配列は、LIMDの発現に関係する疾患の診断の為に用い得る。限定するものではないがこのような疾患の例として細胞増殖異常が含まれ、その中には日光性角化症、動脈硬化症、アテローム性動脈硬化症、滑液包炎、硬変、肝炎、混合型結合組織病(MCTD)、骨髄線維症、発作性夜間ヘモグロビン尿症、真性多血症、乾癬、原発性血小板血症と、腺癌、白血病、リンパ腫、黒色腫、骨髄腫、肉腫、奇形癌を含む癌、具体的には副腎、膀胱、骨、骨髄、脳、乳房、頸部、胆嚢、神経節、消化管、心臓、腎臓、肝臓、肺、筋肉、卵巣、膵臓、副甲状腺、陰茎、前立腺、唾液腺、皮膚、脾臓、精巣、胸腺、甲状腺

、子宮の癌等が含まれ、また発達障害も含まれ、その中には尿細管性アシドーシス、貧血、クッシング症候群、軟骨形成不全性小人症、デュシェンヌ ベッカー型筋ジストロフィ、癲癇、性腺形成異常、WAGR症候群（ウィルムス腫瘍、無虹彩症、尿生殖器異常及び精神薄弱）、スミス マジェニス症候群（Smith-Magenis syndrome）、脊髄形成異常症候群、遺伝性粘膜上皮異形成、遺伝性角皮症、シャルコー マリー ツース病及び神経線維腫症などの遺伝性神経病、甲状腺機能低下症、水頭症、舞踏病（Sydenham's chorea）及び脳性小児麻痺などの発作障害、脊髄二分裂、無脳症、頭蓋脊椎披裂、先天性緑内障、白内障、感覚神経性聴力損失とが含まれ、また細胞運動異常も含まれ、その中には強直性脊椎炎、チェディアック-東症候群、デュシェンヌ型筋ジストロフィ及びベッカー筋ジストロフィ、肝内胆汁うっ滞、心筋過形成、心筋症、早期発症型歯周炎、腺癌、卵巣癌及び慢性骨髄性白血病などの癌、細菌感染及び寄生虫感染が含まれる。LIMDをコードするポリヌクレオチド配列は、サザン法、ノーザン法、ドットプロット法やその他の膜ベースの技術と、PCR法と、ディップスティック（dipstick）法、ピン及びマルチフォーマットELISA様アッセイと、変異LIMDの発現を検出するために患者から採取した体液または組織を利用するマイクロアレイとにおいて使用し得る。このような定性方法または定量方法は、当分野で公知である。

#### 【0194】

或る形態では、関連する疾患、特に上記した疾患を検出するアッセイにおいて、LIMDをコードするヌクレオチド配列が有用であり得る。LIMDをコードするヌクレオチド配列は標準的な方法で標識化され、ハイブリダイゼーション複合体の形成に好適な条件下で、患者から採取した体液または組織のサンプルに添加することができる。好適なインキュベーション期間が経過したらサンプルを洗浄し、シグナルを定量して標準値と比較する。患者サンプルのシグナル量が制御サンプルと比べて著しく変化している場合は、サンプル内のLIMDをコードするヌクレオチド配列の変異レベルは関連する疾患の存在を示している。このようなアッセイは、動物実験、臨床試験における特定の治療効果を推定するため、或いは個々の患者の治療をモニターするために用いることもできる。

#### 【0195】

LIMDの発現に関連する疾患の診断基準を提供するために、発現のための正常あるいは標準概要を確立する。これは、ハイブリダイゼーション或いは増幅に好適な条件下で、動物或いはヒトの正常な対象から抽出した体液或いは細胞を、LIMDをコードする配列またはその断片と結合させることにより達成され得る。実質的に精製されたポリヌクレオチドを既知量用いて行った実験から得た値を正常な対象から得た値と比較することにより、標準ハイブリダイゼーションを定量することができる。このようにして得た標準値は、疾患の徴候を示す患者から得たサンプルから得た値と比較することができる。標準値からの偏差を用いて疾患の存在を証明する。

【0196】

疾患の存在が証明されて治療プロトコルが開始されると、患者の発現レベルが正常な被検者に観察されるレベルに近づき始めたかどうかを測定するため、ハイブリダイゼーションアッセイを通常ベースで繰り返し得る。連続アッセイから得られた結果を用いて、数日から数ヶ月の期間にわたる治療の効果を示し得る。

【0197】

癌に関しては、個体からの生体組織における異常な量の転写物（過少発現または過剰発現）の存在は、疾患の発生素質を示したり、実際に臨床的症状が現れる前に疾患を検出する方法を提供したりし得る。この種のより明確な診断により、医療の専門家が予防方法または積極的な治療法を早くから利用し、それによって癌の発生または更なる進行を防止することが可能となる。

【0198】

LIMDをコードする配列から設計されたオリゴヌクレオチドを追加的に診断上利用することは、PCRの利用に關与し得る。これらのオリゴマーは、化学的に合成するか、酵素により生産するか、或いは*in vitro*で産出し得る。オリゴマーは、好ましくはLIMDをコードするポリヌクレオチドの断片、或いはLIMDをコードするポリヌクレオチドと相補的ポリヌクレオチドの断片を含み、最適条件下で特定の遺伝子や条件を識別するべく利用される。また、オリゴマーは、やや緩いストリッジメント条件下で、密接に関連しているDNA或いはRNA配列の検出及び/または定量のため用いることが可能である。

## 【0199】

或る態様において、LIMDをコードするポリヌクレオチド配列由来のオリゴヌクレオチドプライマーを用いて一塩基多型 (SNP) を検出し得る。SNPは、多くの場合にヒトの先天性または後天性遺伝病の原因となるような置換、挿入及び欠失である。限定するものではないがSNPの検出方法には、制限酵素切断法 (SSCP) 及び蛍光SSCP (fSSCP) がある。SSCPでは、LIMDをコードするポリヌクレオチド配列由来のオリゴヌクレオチドプライマーを用いて、ポリメラーゼ連鎖反応法 (PCR) を用いたDNAの増幅を行う。DNAは例えば、病変組織または正常組織、生検サンプル、体液その他に由来し得る。DNA内のSNPは、一本鎖形状のPCR生成物の2次及び3次構造に差異を生じさせる。差異は非変性ゲル中でのゲル電気泳動法を用いて検出可能である。fSSCPでは、オリゴヌクレオチドプライマーを蛍光性に標識する。それによってDNAシーケンシング機などの高処理機器でアンプリマー (amplimer) の検出が可能になる。更に、インシリコSNP (in silico SNP, is SNP) と呼ばれる配列データベース分析法は、一般的なコンセンサス配列に配列されるような個々の重畳するDNA断片の配列を比較することにより、多型を同定し得る。これらのコンピュータベースの方法は、DNAの実験室での調整及び統計モデル及びDNA配列クロマトグラムの自動分析を用いたシーケンシングのエラーに起因する配列の変異をフィルタリングして除去する。別の態様では、例えば高処理MASSARRAYシステム (Sequenom, Inc., San Diego CA) を用いた質量分析によりSNPを検出し、特徴付ける。

## 【0200】

LIMDの発現を定量するために用い得る方法には、ヌクレオチドの放射標識またはビオチン標識、調節核酸の相互増幅 (coamplification) 及び標準曲線から得た結果の補間もある (Melby, P.C.ら (1993) J. Immunol. Methods, 159:235-244、Duplaa, C.ら (1993) Anal. Biochem. 212:229-236等を参照)。目的のオリゴマーが種々の希釈液中に存在し、分光光度法または非色応答によって定量が迅速になるような高処理フォーマットのアッセイを行うことによって、複数のサンプルの定量速度を加速することができる。

## 【0201】

更に別の実施例では、本明細書に記載した任意のポリヌクレオチド配列由来のオリゴヌクレオチドまたはより長い断片を、マイクロアレイにおける標的として用いることができる。多数の遺伝子の関連発現レベルを同時にモニターする転写イメージング技術にマイクロアレイを用いることが可能である。これについては、米国特許第5,840,484号のSeilhamer, J.J. らの"Comparative Gene Transcript Analysis"に記載されており、この引用を以って本明細書の一部となす。マイクロアレイはまた、遺伝変異体、突然変異及び多型の同定に用いることができる。この情報を用いることで、遺伝子機能を決定し、疾患の遺伝的根拠を理解し、疾患を診断し、遺伝子発現の機能としての疾病の進行/後退をモニターし、疾病治療における薬剤の活性を開発及びモニターすることができる。特に、患者にとって最もふさわしく、有効的な治療法を選択するために、この情報を用いて患者の薬理ゲノムプロフィールを開発することができる。例えば、患者の薬理ゲノムプロフィールに基づき、患者に対して高度に有効的で副作用を殆ど示さない治療薬を選択し得る。

#### 【0202】

別の実施例では、LIMDに特異的な抗体、LIMDまたはその断片をマイクロアレイ上で要素として用い得る。マイクロアレイを用いて、上記のようなタンパク質間相互作用、薬剤 - 標的相互作用及び遺伝子発現プロフィールをモニターまたは測定し得る。

#### 【0203】

一実施例は、組織または細胞タイプの転写イメージを生成する本発明のポリヌクレオチドの使用に関係がある。転写イメージは、特定の組織または細胞タイプによる遺伝子発現の全体的なパターンを表す。全体的な遺伝子発現パターンは、複数の発現された遺伝子及びその相対存在量を所与の条件及び時間で定量することにより分析する（Seilhamerらの米国特許第5,840,484号 "Comparative Gene Transcript Analysis" を参照。該特許の引用を以って本明細書の一部となす）。従って、特定の組織または細胞タイプの転写または逆転写の全体に本発明のポリヌクレオチドまたはその相補体をハイブリダイズすることにより転写イメージを生成し得る。一実施例では、本発明のポリヌクレオチドまたはその相補体が複

数のマイクロアレイ上のエレメントのサブセットを有し、高処理フォーマットでハイブリダイゼーションが行われる。結果として生じる転写イメージは、遺伝子活性のプロフィールを提供することになる。

#### 【0204】

転写イメージは、組織、株化細胞、生検または生物学的サンプルから単離した転写物を用いて生成し得る。転写イメージは、組織または生検サンプルの場合にはin vivoで、株化細胞の場合にはin vitroで遺伝子発現を反映し得る。

#### 【0205】

本発明のポリヌクレオチドの発現プロフィールを作成する転写イメージは、工業的及び天然の環境化合物の毒性試験のみならずin vitroモデルシステム及び医薬品の前臨床評価と併せて用い得る。全ての化合物は、しばしば分子フィンガープリントまたは毒物サインと名付けられるような、作用及び毒性のメカニズムを示す特性遺伝子発現パターンを誘導する (Nuwaysir, E.F. ら (1999) Mol. Carcinog. 24:153-159; Steiner, S. and N.L. Anderson (2000) Toxicol. Lett. 112-113:467-471、特別に引用を以って本明細書の一部となす)。試験化合物が、既知の毒性を有する化合物のサインと類似のサインを有しているのであれば、毒性の特性を共有している可能性がある。これらのフィンガープリントまたはサインは、複数の遺伝子及び遺伝子ファミリーからの発現情報が含まれている場合には、最も有益且つ洗練されたものである。理想的には、発現をゲノム全体で測定することにより、最高品質のサインが与えられる。任意の試験化合物により発現が変異された遺伝子であっても、これらの遺伝子の発現レベルを用いて発現データの残りを規準化し得るので、同様に重要である。規準化手法は、異なる化合物で処理した後で発現データを比較するのに役立つ。毒物サインのエレメントに対する遺伝子機能の割当は毒性メカニズムの解釈に役立つが、毒性の予測を導くサインを統計学的に一致させるために遺伝子機能の知識は必ずしも必要ではない (例えば米国環境健康科学研究所 (National Institute of Environmental Health Sciences) から2000年2月29日に発行され、<http://www.niehs.nih.gov/oc/news/toxchip.htm>で利用可能なPress Release 00-02を参照)。従って、毒物サインを用いた毒物学的スクリーニングにおいては、発現された遺伝子配列を全て含め

ることは重要且つ望ましいことである。

【0206】

一実施例では、試験化合物内で核酸を含有する生物学的サンプルを処理することにより、試験化合物の毒性を算定する。処理生物学的サンプル中で発現されたを、本発明のポリヌクレオチドに特異的な1若しくは数個のプロープにハイブリダイズし、それによって本発明のポリヌクレオチドに対応する転写レベルを定量し得る。処理生物学的サンプルにおける転写レベルを非処理の生物学的サンプルのレベルと比較する。両サンプルの転写レベルの差は、処理サンプル中において試験化合物により引き起こされる毒性反応を示す。

【0207】

マイクロアレイは、当分野でよく知られている方法を用いて調製し、使用し、そして分析する (Brennan, T.M. ら (1995) の米国特許第5,474,796号、Schena, M. ら (1996) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 93:10614-10619、Baldeschweiler らの (1995) PCT出願第W095/251116号、Shalon, D. らの (1995) PCT出願第W095/35505号、Heller, R.A. ら (1997) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 94:2150-2155、Heller, M.J. らの (1997) 米国特許第5,605,662号等を参照)。様々なタイプのマイクロアレイが公知であり、詳細については、DNA Microarrays: A Practical Approach, M. Schena, ed. (1999) Oxford University Press, Londonに記載されている。該文献は、特別に引用することを以って本明細書の一部となす。

【0208】

本発明の別の実施例では、天然のゲノム配列をマッピングする際に有効なハイブリダイゼーションプロープを産出するため、LIMDをコードする核酸配列を用いることが可能である。コード配列または非コード配列のいずれかを用いることができ、或る例では、コード配列全体で非コード配列が好ましい。例えば、多重遺伝子ファミリーのメンバー内でのコード配列の保存により、染色体マッピング中に望ましくないクロスハイブリダイゼーションが生じる可能性がある。核酸配列は、特定の染色体、染色体の特定領域または人工形成の染色体、例えば、ヒト人工染色体 (HAC)、酵母人工染色体 (YAC)、細菌人工染色体 (BAC)、細菌P1産物、或いは単一染色体cDNAライブラリに対してマッピングされる (Harrington,

J.J. ら (1997) *Nat Genet.* 15:345-355、Price, C.M. (1993) *Blood Rev.* 7:127-134、Trask, B.J. (1991) *Trends Genet.* 7:149-154等を参照)。一度マッピングされた本発明の核酸配列は、例えば病状の遺伝を特定の染色体領域の遺伝または制限断片長多型 (RFLP) と関連させるような遺伝子連鎖地図を発生させるのに用い得る。

#### 【0209】

蛍光原位置ハイブリッド形成法 (FISH) は、他の物理的及び遺伝地図データと関連し得る (前出のHeinz-Ulrich, ら (1995) in Meyers, pp. 965-968.等を参照)。遺伝地図データの例は、種々の科学雑誌あるいはOnline Mendelian Inheritance in Man (OMIM) のウェブサイトに見ることができる。物理的染色体地図上のLIMDをコードする遺伝子の位置と特定の疾患との相関性或いは特定の疾患に対する素因は、その疾患に関係するDNAの領域を画定するのに役立つものであり、従って更に位置クローニングする試みとなり得る。

#### 【0210】

確証された染色体マーカーを用いた結合分析等の物理的マッピング技術及び染色体標本原位置ハイブリッド形成法を用いて、遺伝地図を拡張することができる。例えばマウスなど別の哺乳動物の染色体上に遺伝子を配置することにより、特定のヒト染色体の数或いはアームが分かっていない場合でも関連するマーカーを明らかにし得る。この情報は、位置クローニングその他の遺伝子発見技術を用いて遺伝的疾患を調査する研究者にとって価値がある。疾患または症候群が、血管拡張性失調症の11q22-23領域等、特定の遺伝子領域への遺伝的結合によって大まかに位置決めがなされると、該領域に対するいかなるマッピングも、更なる調査のための関連遺伝子或いは調節遺伝子を表すことができる (Gatti, R.A. ら (1988) *Nature* 336:577-580等を参照)。転座、反転等に起因する、健常者、保有者、感染者の三者間における染色体位置の相違を発見するために、本発明のヌクレオチド配列を用いてもよい。

#### 【0211】

本発明の別の実施例では、種々の薬剤スクリーニング技術を以って化合物のライブラリをスクリーニングするために、LIMD、LIMDの触媒作用断片、免疫原断片

、またはそのオリゴペプチドを用いることができる。薬剤スクリーニングに用いる断片は、溶液中に遊離しているか、固体支持物に固定されるか、細胞表面上に保持されるか、細胞内に位置することになる。LIMDとテストされる薬剤との結合複合の形成は計測できる。

#### 【0212】

別の薬剤スクリーニング方法は、目的のタンパク質に対して好適な結合親和性を有する化合物を高い処理能力でスクリーニングするために用いられる（Geysen,らの（1984）PCT出願第W084/03564号等を参照）。この方法においては、多数の異なる小さな試験用化合物を固体基質上で合成する。試験用化合物は、LIMD或いはその断片と反応させ、洗浄する。次に、当分野でよく知られている方法で、結合したLIMDを検出する。精製したLIMDはまた、上記した薬剤のスクリーニング技術において用いるプレート上で直接コーティングすることもできる。別の実施例では、非中和抗体を用いてペプチドを捕捉し、ペプチドを固体支持物に固定することもできる。

#### 【0213】

別の実施例では、競合薬スクリーニングアッセイを用いることができる。このアッセイでは、LIMDを結合することができる中和抗体が、LIMDを結合するための試験化合物と特異的に競合する。この方法では、抗体が、1若しくは数個の抗原決定因子をLIMDと共有するペプチドの存在を検出する。

#### 【0214】

別の実施例では、新規技術が現在知られているヌクレオチド配列の特性（限定するものではないがトリプレット遺伝暗号及び特異的塩基対の相互作用等を含む）に依存するのであれば、依然として発展すべきいかなる分子生物学技術においても、LIMDをコードするヌクレオチド配列を用いることができる。

#### 【0215】

更に詳細に説明せずとも、当業者であれば以上の説明を以って本発明を最大限に利用できるであろう。従って、これ以下に記載する実施例は単なる例示目的にすぎず、いかようにも本発明を限定するものではない。

#### 【0216】

本明細書において開示した全ての特許、特許出願及び刊行物、特に米国特許第60/143,426号は、言及することをもって本明細書の一部となす。

### 【0217】

(実施例)

#### 1 cDNAライブラリの作製

RNAは、表4に列記した組織から単離した。CONFNOT02 cDNAライブラリを作製するため、凍結組織をホモジナイズし、ポリトロンPT-3000ホモジナイザー (Brinkman Instruments, Westbury NY) を用いてフェノール及びグアニジニウムイソチオシアネートの単相溶液であるTRIZOL試薬 (組織 1 gm / TRIZOL試薬 10 ml ; Life Technologies) に溶解した。氷上で短くインキュベートした後で、クロロホルムを添加し (1 : 5 v/v)、混合液を遠心分離して相を分離した。上部水性相を新しいチューブに除去し、イソプロパノールを添加してRNAを沈殿させた。RNAは、RNアーゼ遊離水中に再懸濁し、DNアーゼで処理した。酸性フェノール-クロロホルムで必要なだけRNAを再抽出して純度を高め、酢酸ナトリウム及びエタノールでRNAを再沈殿した。凍結組織をホモジナイズし、TRIZOL試薬 (組織 0.8 gm / TRIZOL 12 ml) 中で溶解し、RNAをDNアーゼで処理しなかった以外は同一の方法でUTRSTMR01 cDNAライブラリの作製を行った。

### 【0218】

各ライブラリに対して、オリゴd(T)連結常磁性粒子 (Promega)、OLIGOTEXラテックス粒子 (QIAGEN, Chatsworth CA) またはOLIGOTEX mRNA精製キット (QIAGEN) を用いて、ポリ(A+) RNAを単離した。或いは、別のRNA単離キット、例えばPOLY(A)PURE mRNA精製キット (Ambion, Austin TX) を用いて組織溶解物からRNAを直接単離した。

### 【0219】

場合によってはStratagene社にRNAを提供し、対応するcDNAライブラリを同社が作製することもあった。そうでない場合は、当分野で公知の推奨方法または類似の方法を用いて、UNIZAPベクターシステム (Stratagene) またはSUPERSCRIPトプラスミドシステム (Life Technologies) を用いてcDNAを合成し、cDNAライブラリを作製した。(前出のAusubel, 1997, unit 5.1-6.6等を参照。) 逆転写は

、オリゴd(T)またはランダムプライマーを用いて開始した。合成オリゴヌクレオチドアダプターを二本鎖cDNAに連結反応させ、好適な制限酵素でcDNAを消化した。殆どのライブラリに対して、cDNAのサイズ(300~1000bp)選択は、SEPHACRYL S1000、SEPHAROSE CL2BまたはSEPHAROSE CL4Bカラムクロマトグラフィー(Amersham Pharmacia Biotech)、或いは調製用アガロースゲル電気泳動法を用いて行った。cDNAは、好適なプラスミドのポリリンカーの適合性制限酵素部位に連結反応させた。好適なプラスミドは、例えばPBLUESCRIPTプラスミド(Stratagene)、pSPORT1プラスミド(Life Technologies)またはpINCY(Incyte Pharmaceuticals, Palo Alto CA)等である。組換えプラスミドは、Stratagene社のXL1-Blue、XL1-BlueMRFまたはSOLR、或いはLife Technologies社のDH5、DH10BまたはELECTROMAX DH10Bを含むコンピテント大腸菌細胞に形質転換した。

#### 【0220】

#### 2 cDNAクローンの単離

実施例1で説明したようにして得たプラスミドは、UNIZAPベクターシステム(Stratagene)を用いたin vivo切除によって、或いは細胞溶解によって宿主細胞から回収した。MagicまたはWIZARDミニプレップDNA精製システム(Promega)、AGTCミニプレップ精製キット(Edge Biosystems, Gaithersburg MD)、QIAGEN社のQIAWELL 8 Plasmid、QIAWELL 8 Plus Plasmid及びQIAWELL 8 Ultra Plasmid精製システム、R.E.A.L. Prep 96プラスミドキットの中から少なくとも1つを用いて、プラスミドを精製した。沈殿させた後、0.1mlの蒸留水に再懸濁して、凍結乾燥して或いは凍結乾燥せずに、4℃で保管した。

#### 【0221】

別の実施例では、高処理フォーマットにおいて直接結合PCR法を用いて宿主細胞溶解物からプラスミドDNAを増幅した(Rao, V.B. (1994) Anal. Biochem. 216:1-14)。宿主細胞の溶解及び熱サイクリング過程は、単一反応混合液中で行った。サンプルを処理し、それを384穴プレート内で保管し、増幅したプラスミドDNAの濃度をPICOGREEN色素(Molecular Probes, Eugene OR)及びFluoroskan II蛍光スキャナ(Labsystems Oy, Helsinki, Finland)を用いて蛍光分析的に定量した。

## 【0222】

## 3 シークエンシング及び分析

実施例2で説明したようにして回収したIncyte cDNAは、以下のように配列決定した。cDNAのシークエンス反応は、標準的方法或いは高処理装置、例えばABI CATALYST 800 サーマルサイクラー (PE Biosystems) またはPTC-200 サーマルサイクラー (MJ Research) をHYDRAマイクロディスペンサー (Robbins Scientific) またはMICROLAB 2200 (Hamilton) 液体転移システムと併用して処理した。cDNAのシークエンス反応は、Amersham Pharmacia Biotech社が提供する試薬またはABIシークエンシングキット、例えばABI PRISM BIGDYE Terminator cycle sequencing ready reaction kit (PE Biosystems) に与えられた試薬を用いて準備した。cDNAのシークエンス反応の電気泳動的分離及び標識したポリヌクレオチドの検出には、MEGABACE 1000 DNAシークエンシングシステム (Molecular Dynamics) が、標準ABIプロトコル及び塩基対呼び出しソフトウェアを用いるABI PRISM 373 または377シークエンシングシステム (PE Biosystems) が、或いはその他の当分野でよく知られている配列解析システムを用いた。cDNA配列内のリーディングフレームは、標準的方法 (前出のAusubel, 1997, unit 7.7に概説) を用いて決定した。幾つかのcDNA配列を選択して、実施例6で開示した方法を用いて配列を伸長させた。

## 【0223】

cDNA配列に由来するポリヌクレオチド配列を構築し、当業者によく知られたアルゴリズムを利用するソフトウェアの組合せを用いて解析した。利用したツール、プログラム及びアルゴリズムの概略、適用可能な説明、引用文献、閾値パラメータを表5に示す。用いたツール、プログラム及びアルゴリズムを表5の列1に、それらの簡単な説明を列2に示す。列3は好適な引用文献であり、全ての文献はそっくりそのまま引用を以って本明細書の一部となす。適用可能な場合には、列4は2つの配列が一致する強さを評価するために用いたスコア、確率値その他のパラメータを示す (スコアが高ければ高いほど2配列間の相同性が高くなる)。配列の解析は、MACDNASIS PROソフトウェア (日立ソフトウェアエンジニアリング, South San Francisco CA) 及びLASERGENEソフトウェア (DNASTAR) を用い

で行った。ポリヌクレオチド及びポリペプチド配列アラインメントは、整列させた配列間の一致率をも計算するようなMEGALIGNマルチシーケンスアラインメントプログラム(DNASTAR)に組み入れられた際に、clustalアルゴリズムにより特定されたデフォルトパラメータを用いて生成した。

#### 【0224】

ポリヌクレオチド配列は、ベクター、リンカー及びポリA配列を除去することにより、またあいまいな塩基対をマスクすることによって有効性を確認した。その際、BLAST、動的プログラミング、及び隣接ジヌクレオチド頻度分析に基づくアルゴリズム及びプログラムを用いた。次に、BLAST、FASTA及びBLIMPSに基づくプログラムを用いて、プログラム中の注釈を得るべく、公共のデータベース、例えばGenBankの霊長類及びげっ歯類、哺乳動物、脊椎動物、真核生物のデータベースと、BLOCKS、PRINTS、DOMO、PRODOM及びPFAMの選択に対する配列を問い合わせた。配列はPhred、Phrap及びConsedに基づくプログラムを用いて完全長のポリヌクレオチド配列に構築し、GenMark、BLAST及びFASTAに基づくプログラムを用いてオープンリーディングフレームに対してスクリーニングした。対応する完全長アミノ酸配列を誘導するべく完全長ポリヌクレオチド配列を翻訳し、その後、GenBankデータベース(上記)、SwissProt、BLOCKS、PRINTS、DOMO、PRODOM及びProsite等のデータベース、PFAM等のHidden Markov Model(HMM)ベースのタンパク質ファミリーデータベースに対する問合せによって完全長配列を分析した。HMMは、遺伝子ファミリーのコンセンサス1次構造を解析する確率的アプローチである(Eddy, S.R. (1996) Curr. Opin. Struct. Biol. 6:361-365等を参照)。

#### 【0225】

完全長ポリヌクレオチド及びアミノ酸配列の構築及び分析に用いる上記のプログラムは、配列番号3乃至4からのポリヌクレオチド配列の断片を同定するためにも使用できる。ハイブリダイゼーション及び増幅に有用な約20~約4000のヌクレオチドの断片は、上記「発明」の項で説明した。

#### 【0226】

### 4 ポリヌクレオチド発現の分析

ノーザン分析は、転写された遺伝情報の存在を検出するために用いられる実験技術であり、標識されたヌクレオチド配列の、特定の細胞種または組織からのRNAが結合される膜へのハイブリダイゼーションに関与している。(前出のSambrook, 7章、同Ausubel. F.M. ら, 4章及び16章等を参照。)

BLASTに適用する類似のコンピュータ技術を用いて、GenBankやLifeSeq (Incyte Pharmaceuticals) 等のヌクレオチドデータベースにおいて同一または関連分子を検索する。ノーザン分析は、多数の膜系ハイブリダイゼーションよりも断然速い。更に、特定の同一を厳密な或いは相同的なものとして分類するか否かを決定するため、コンピュータ検索の感度を変更することができる。検索の基準はプロダクトスコアであり、次式で定義される。

【0227】

【数1】

(BLASTスコア × 配列一致率)

---

$5 \times (\text{長さ(配列1)}, \text{長さ(配列2)})$ の最小値

【0228】

プロダクトスコアは、2つの配列間の類似度及び配列が一致する長さの両者を考慮している。プロダクトスコアは、0～100の規準化された値であり、次のようにして求める。BLASTスコアにヌクレオチドの配列一致率を乗じ、その積を2つの配列の短い方の長さの5倍で除する。高スコアリングセグメント対(HSP)に一致する各塩基に+5のスコアを割り当て、各不適性塩基対に-4を割り当てることにより、BLASTスコアを計算する。2つの配列は、2以上のHSPを共有し得る(ギャップにより離隔され得る)。2以上のHSPがある場合には、最高BLASTスコアの塩基対を用いてプロダクトスコアを計算する。プロダクトスコアは、断片的重畳とBLASTアラインメントの質とのバランスを表す。例えばプロダクトスコア100は、比較した2つの配列の短い方の長さ全体にわたって100%一致する場合のみ得られる。プロダクトスコア70は、一端が100%一致し、70%重畳しているか、他端が88%一致し、100%重畳しているかのいずれかの場

合に得られる。プロダクトスコア50は、一端が100%一致し、50%重畳しているか、他端が79%一致し、100%重畳しているかのいずれかの場合に得られる。

#### 【0229】

ノーザン分析の結果は、LIMDをコードする転写物が作出されたライブラリの分布パーセンテージとして報告される。分析は、器官/組織及び疾患によるcDNAライブラリのカテゴリー分類に關与している。器官/組織のカテゴリーには、心血管、皮膚、発生、内分泌、胃腸、造血/免疫、筋骨格、神経、生殖及び泌尿器がある。疾患/病状のカテゴリーには、癌、炎症、外傷、細胞増殖、神経、貯留(pooled)が含まれる。カテゴリー毎に目的の配列を発現するライブラリ数を数え、それを全カテゴリーのライブラリ数で除した。組織特異発現及び疾患/病状特異発現のパーセント値を表3に示す。

#### 【0230】

##### 5 ポリヌクレオチドをコードするLIMDの染色体マッピング

配列番号3及び配列番号4を配列するために用いたcDNA配列は、BLAST及びその他のスミス ウォーターマンアルゴリズムのインプリメンテーションを用いて、Incyte LIFESEQのデータベース及びパブリックドメインのデータベースから得た配列と比較した。配列番号3及び配列番号4に適合するデータベースから得た配列は、Phrap(表5)等のアセンブリアルゴリズムを用いて隣接する配列及びオーバーラップする配列のクラスタに配列した。スタンフォード・ヒトゲノムセンター(SHGC)、ホワイトヘッド・ゲノム研究所(WIGR)、Genethon等の公的な情報源から入手可能な放射線ハイブリッド及び遺伝地図データを用いて、クラスタ化された配列が予めマッピングされたかを測定した。マッピングされた配列がクラスタに含まれている結果、個々の配列番号を含めてそのクラスタの全配列が地図上の位置に割り当てられた。

#### 【0231】

配列番号3及び配列番号4の遺伝地図上の位置については、ヒト染色体の範囲または間隔として「発明」の項に記載されている。センチモルガン間隔の地図上の位置は、染色体のpアームの末端に關連して測定する。(センチモルガン(cM

)は、染色体マーカー間の組換え頻度に基づく計測単位である。平均すると、1 cMはヒト中のDNAの1メガベース(Mb)にほぼ等しい。尤も、この値は、組換えのホットスポット及びコールドスポットに起因して広範囲に変化する。) cM距離は、配列が各クラスタ内に含まれるような放射線ハイブリッドマーカーに対して境界を提供するようなGenethonによってマッピングされた遺伝マーカーに基づく。

### 【0232】

#### 6 ポリヌクレオチドをコードするLIMDの伸長

配列番号3乃至4の完全長の核酸配列は、完全長分子の適切な断片から設計したオリゴヌクレオチドプライマーを用いて該断片を伸長させて生成した。一方のプライマーは既知の断片の5'伸長を開始するべく合成し、他方のプライマーは既知の断片の3'伸長を開始するべく合成した。開始プライマーの設計は、長さが約22~30ヌクレオチド、GC含有率が50%以上となり、約68~72の温度で標的配列にアニーリングするように、OLIGO 4.06ソフトウェア(National Biosciences) 或いは別の適切なプログラムを用いて、cDNAから設計した。ヘアピン構造及びプライマー-プライマー二量体を生ずるようなヌクレオチドの伸長は全て回避した。

### 【0233】

選択したヒトcDNAライブラリを用いて配列を伸長させた。2段階以上の伸長が必要または望ましい場合には、付加的プライマー或いはプライマーのネステッドセットを設計した。

### 【0234】

当業者によく知られている方法を利用したPCR法によって、高忠実度の増幅が得られた。PCRは、PTC-200 サーマルサイクラー(MJ Research, Inc.)を用いて96穴プレート内で行った。反応混合液には、DNA鋳型、各プライマー200 nmo lと、Mg<sup>2+</sup>、(NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> 及びβ-メルカプトエタノールを含む反応緩衝液と、Taq DNAポリメラーゼ(Amersham Pharmacia Biotech)と、ELONGASE酵素(Life Technologies)と、Pfu DNAポリメラーゼ(Stratagene)が含まれていた。プライマー対PCI A、PCI Bに対して用いたパラメータは次の通りである。

- ステップ1 : 94 で3分間
- ステップ2 : 94 で15秒
- ステップ3 : 60 で1分間
- ステップ4 : 68 で2分間
- ステップ5 : ステップ2、3、4を20回繰り返す
- ステップ6 : 68 で5分間
- ステップ7 : 4 で保存

プライマー対T7、SK+に対しては、上記パラメータに代えて以下のパラメータを用いた。

- ステップ1 : 94 で3分間
- ステップ2 : 94 で15秒
- ステップ3 : 57 で1分間
- ステップ4 : 68 で2分間
- ステップ5 : ステップ2、3、4を20回繰り返す
- ステップ6 : 68 で5分間
- ステップ7 : 4 で保存

1X TEに溶解したPICOGREEN定量試薬(0.25%(v/v) PICOGREEN、Molecular Probes, Eugene OR) 100  $\mu$ lと、希釈していないPCR産物0.5  $\mu$ lとを不透明な蛍光光度計プレート(Coming Costar, Acton MA)の各穴に分配し、DNAを試薬と結合可能なようにさせることによって各穴内のDNA濃度の測定を行った。サンプルの蛍光を計測してDNAの濃度を定量するべくプレートをFluoroskan II (Lab systems Oy, Helsinki, Finland)でスキャンした。反応混合物のアリコート5~10  $\mu$ lを1%アガロースミニゲル上で電気泳動法によって解析し、どの反応が配列の伸長に成功したかを決定した。

#### 【0235】

伸長させたヌクレオチドは、脱塩及び濃縮して384穴プレートに移し、CviJIコレラウイルスエンドヌクレアーゼ(Molecular Biology Research, Madison WI)を用いて消化し、pUC 18ベクター(Amersham Pharmacia Biotech)への再連結反応前に音波処理またはせん断した。ショットガン・シーケンシングのため

に、消化したヌクレオチドを低濃度(0.6~0.8%)のアガロースゲル上で分離し、断片を切除し、寒天をAgar ACE (Promega)で消化した。伸長させたクローンをT4リガーゼ (New England Biolabs, Beverly MA)を用いてpUC 18ベクター (Amersham Pharmacia Biotech)に再連結し、Pfu DNAポリメラーゼ (Stratagene)で処理して制限部位のオーバーハングを満たし、コンピテント大腸菌細胞に形質移入した。形質移入した細胞を抗生物質含有培地上で選択し、個々のコロニーを選択してLB/2x carb液体培地の384穴プレート内において37℃で一晩培養した。

#### 【0236】

細胞を溶解し、Taq DNAポリメラーゼ (Amersham Pharmacia Biotech)及びPfu DNAポリメラーゼ (Stratagene)を用いてPCRによってDNAを増幅した。その際用いたパラメータは次の通りである。

ステップ1 : 94℃で3分間

ステップ2 : 94℃で15秒

ステップ3 : 60℃で1分間

ステップ4 : 72℃で2分間

ステップ5 : ステップ2、3、4を29回繰り返す

ステップ6 : 72℃で5分間

ステップ7 : 4℃で保存

DNAは、上記のPICOGREEN試薬 (Molecular Probes)によって定量した。DNAの回収率が低いサンプルは、上記と同一の条件を用いて再増幅した。サンプルは20%ジメチルスルホキシド(1:2, v/v)で希釈し、DYENAMIC energy transfer sequencing primer及びDYENAMIC DIRECT kit (Amersham Pharmacia Biotech)またはABI PRISM BIGDYE Terminator cycle sequencing ready reaction kit (PE Biosystems)を用いてシーケンシングした。

#### 【0237】

同様に、伸長のために設計されたオリゴヌクレオチド及び適切なゲノムライブラリと共に上記手順を用いて5'調節配列を得るために、配列番号3乃至4のヌクレオチド配列が用いられる。

## 【0238】

7 個々のハイブリダイゼーションプローブの標識化及び使用

配列番号3乃至4由来のハイブリダイゼーションプローブを利用して、cDNA、ゲノムDNAまたはmRNAをスクリーニングする。約20塩基対からなるオリゴヌクレオチドの標識について特に記載するが、より大きなヌクレオチド断片に対しても事実上同一の手順が用いられる。オリゴヌクレオチドは、OLIGO 4.06ソフトウェア (National Biosciences) 等の最新ソフトウェアを用いて設計し、50 pmolの各オリゴマーと、250  $\mu$ Ciの[ $^{-32}$ P]アデノシン3リン酸 (Amersham Pharmacia Biotech) と、T4ポリヌクレオチドキナーゼ (DuPont NEN, Boston MA) とを結合することにより標識する。標識したオリゴヌクレオチドは、SEPHADEX G-25超細繊維分子サイズ排除デキストランビードカラム (Amersham Pharmacia Biotech) を用いて実質的に精製する。Ase I、Bgl II、Eco RI、Pst I、Xba IまたはPvu II (DuPont NEN) のいずれか1つのエンドヌクレアーゼで消化されたヒトゲノムDNAの典型的な膜ベースのハイブリダイゼーション解析において、毎分 $10^7$ カウントの標識されたプローブを含むアリコットを用いる。

## 【0239】

各消化物から得たDNAは、0.7%アガロースゲル上で分画してナイロン膜 (Nytran Plus, Schleicher & Schuell, Durham NH) に移す。ハイブリダイゼーションは、40 で16時間行う。非特異的シグナルを除去するため、例えば0.1  $\times$  クエン酸ナトリウム食塩水及び0.5%ドデシル硫酸ナトリウムに一致する条件下で、プロットを室温で順次洗浄する。オートラジオグラフィーまたはそれに代わるイメージング手段を用いてハイブリダイゼーションパターンを視覚化し、比較する。

## 【0240】

8 マイクロアレイ

マイクロアレイの表面上でアレイエレメントの連鎖または合成は、フォトリソグラフィ、圧電印刷 (インクジェット印刷、前出のBaldeschweiler等を参照)、機械的マイクロスポッティング技術及びこれらから派生したものをを用いて達成することが可能である。上記各技術において基質は、均一且つ非多孔性の固体とす

るべきである (Schena (1999). 前出)。推奨する基質には、シリコン、シリカ、スライドガラス、ガラスチップ及びシリコンウエハがある。或いは、ドットプロット法またはスロットプロット法に類似のアレイを利用して、熱的、紫外線の、化学的または機械的結合手順を用いて基質の表面にエレメントを配置及び結合させてもよい。通常のアレイは、手作業で、または利用可能な方法や機械を用いて作製でき、任意の適正数のエレメントを有し得る (Schena, M. ら (1995) Science 270:467-470、Shalon, D. ら (1996) Genome Res. 6:639-645、Marshall, A. and J. Hodgson (1998) Nat. Biotechnol. 16:27-31. を参照)。

#### 【0241】

完全長cDNA、発現遺伝子配列断片 (EST)、またはその断片またはオリゴマーは、マイクロアレイのエレメントを構成し得る。ハイブリダイゼーションに好適な断片またはオリゴマーを、LASERGENEソフトウェア (DNASTAR) 等の当分野で公知のソフトウェアを用いて選択することが可能である。アレイエレメントは、生物学的サンプル中でポリヌクレオチドを用いてハイブリダイズされる。生物学的サンプル中のポリヌクレオチドは、検出を容易にするために蛍光標識またはその他の分子タグに接合される。ハイブリダイゼーション後、生物学的サンプルからハイブリダイズされていないヌクレオチドを除去し、蛍光スキャナを用いて各アレイエレメントにおいてハイブリダイゼーションを検出する。或いは、レーザ脱着及び質量スペクトロメトリを用いてもハイブリダイゼーションを検出し得る。マイクロアレイ上のエレメントにハイブリダイズする各ポリヌクレオチドの相補性の度合及び相対存在度は、算定し得る。一実施例におけるマイクロアレイの調整及び使用について、以下に詳述する。

#### 【0242】

##### 組織または細胞サンプルの準備

グアニジウムチオシアネート法を用いて組織サンプルから全RNAを単離し、オリゴ(dT)セルローズ法を用いてポリ(A)<sup>+</sup>RNAを精製する。各ポリ(A)<sup>+</sup>RNAサンプルは、MMLV逆転写酵素、0.05 pg/ $\mu$ lのオリゴ(dT)プライマー (21mer)、1 × 第1鎖緩衝液、0.03 unit/ $\mu$ lのRNアーゼ阻害因子、500  $\mu$ MのdATP、500  $\mu$ MのdGTP、500  $\mu$ MのdTTP、40  $\mu$ MのdCTP、40  $\mu$ MのdCTP-Cy3 (BDS) また

はdCTP-Cy5 (Amersham Pharmacia Biotech) を用いて逆転写する。逆転写反応は、GEMBRIGHTキット (Incyte) を用いてポリ(A)<sup>+</sup>RNA含有の25体積ml内で行う。特異制御ポリ(A)<sup>+</sup>RNAは、370 で2時間インキュベートした後、in vitro転写により非コード酵母ゲノムDNAから合成する。各反応サンプル(1つはCy3、もう1つはCy5標識)は、2.5 mlの0.5 M水酸化ナトリウムで処理し、850 で20分間インキュベートし、反応を停止させてRNAを分解する。サンプルは、2つの連続するCHROMA SPIN 30ゲル濾過スピンカラム (CLONTECH Laboratories, Inc. (CLONTECH), Palo Alto CA) を用いて精製し、結合させた後に、1 mlのグリコーゲン (1 mg/ml)、60 mlの酢酸ナトリウム及び300 mlの100%エタノールを用いて両反応サンプルをエタノール沈殿させる。次に、SpeedVAC (Savant Instruments Inc., Holbrook NY) を用いてサンプルを乾燥して仕上げ、14 µlの5 × SSC / 0.2% SDS中で再懸濁する。

#### 【0243】

##### マイクロアレイの準備

本発明の配列を用いて、アレイエレメントを作成する。各アレイエレメントは、クローン化cDNAインサートによりベクター含有細菌性細胞から増幅する。PCR増幅は、cDNAインサートの側面に位置するベクター配列に相補的なプライマーを用いる。30サイクルのPCRで1~2 ngの初期量から5 µgより大きい最終量までアレイエレメントを増幅する。増幅したアレイエレメントは、SEPHACRYL-400 (Amersham Pharmacia Biotech) を用いて精製する。

#### 【0244】

精製したアレイエレメントは、ポリマーコートされたスライドガラス上に固定する。処理中及び処理後に、大量の蒸留水洗液を用いて、0.1%のSDS及びアセトン中で、超音波により顕微鏡スライドガラス (Corning) を洗浄する。スライドガラスは、4%フッ化水素酸 (VWR Scientific Products Corporation (VWR), West Chester PA) 中でエッチングし、蒸留水中で広範囲にわたって洗浄し、95%エタノール中で0.05%アミノプロピルシラン (Sigma) を用いてコーティングする。

#### 【0245】

米国特許第5,807,522号で説明されている方法を用いて、コーティングしたガラス基板にアレイエレメントを付加する。該特許は、引用を以って本明細書の一部となす。平均濃度が100 ng/ $\mu$ lのアレイエレメントDNA 1  $\mu$ lを高速ロボット装置により開口キャピラリープリントエレメントに充填する。装置はここで、スライド毎に約5 nlのアレイエレメントサンプルをデポジットする。

#### 【0246】

マイクロアレイには、STRATALINKER UV架橋剤 (Stratagene) を用いてUV架橋する。マイクロアレイは、室温において0.2% SDSで1度洗浄し、蒸留水で3度洗浄する。リン酸緩衝生理食塩水 (PBS) (Tropix, Inc., Bedford MA) 中の0.2% カゼイン中において60 で30分間マイクロアレイをインキュベートした後、前に行ったように0.2% SDS及び蒸留水で洗浄することにより、非特異結合部位をブロックする。

#### 【0247】

##### ハイブリダイゼーション

ハイブリダイゼーション反応には、5  $\times$  SSC, 0.2% SDSハイブリダイゼーション緩衝液中にCy3及びCy5標識したcDNA合成生成物を各0.2  $\mu$ g含む9  $\mu$ lのサンプル混合液を用いる。サンプル混合液は、65 まで5分間加熱し、マイクロアレイ表面上で等分して1.8 cm<sup>2</sup> のカバーガラスで覆う。アレイは、顕微鏡スライドより僅かに大きいキャビティを有する防水チェンバーに移行させる。チェンバーのコーナーに140  $\mu$ lの5  $\times$  SSCを加えることにより、チェンバー内部を湿度100%に保持する。アレイを含むチェンバーは、60 で約6.5時間インキュベートする。アレイは、第1洗浄緩衝液中 (1  $\times$  SSC, 0.1% SDS) において45 で10分間洗浄し、第2洗浄緩衝液中 (0.1  $\times$  SSC) において45 で10分間各々3度洗浄して乾燥させる。

#### 【0248】

##### 検出

レポーター標識ハイブリダイゼーション複合体は、Cy3の励起のためには488 nm、Cy3の励起のためには632 nmでスペクトル線を生成し得るInnova 70混合ガス10 Wレーザ (Coherent, Inc., Santa Clara CA) を備えた顕微鏡で検出する

。20×顕微鏡対物レンズ(Nikon, Inc., Melville NY)を用いて、アレイ上に励起レーザー光を集中させる。アレイを含むスライドを顕微鏡のコンピュータ制御X-Yステージに置き、対物レンズを通過してラスタスキャンする。本実施例で用いた1.8cm×1.8cmのアレイは、20µmの解像度でスキャンした。

#### 【0249】

2つの異なるスキャンのうち、混合ガスマルチラインレーザーは2つの蛍光体を連続的に励起する。放射された光は、2つの蛍光体に応じて波長に基づき2つの光電子増倍管検出器(PMT R1477, Hamamatsu Photonics Systems, Bridgewater NJ)に分割される。アレイと光電子増倍管間に設置された好適なフィルタを用いて、シグナルをフィルタリングする。用いる蛍光体の最大発光は、Cy3では565nm、Cy5では650nmである。装置は両蛍光体からのスペクトルを同時に記録し得るが、レーザー源において好適なフィルタを用いて各アレイを通常2度スキャンし、蛍光体1つにつき1度スキャンする。

#### 【0250】

スキャンの感度は通常、既知濃度のサンプル混合液に添加されたcDNA対照種が発するシグナル強度を用いて較正する。アレイ上の特定の位置には相補的DNA配列が含まれ、その位置におけるシグナルの強度をハイブリダイジング種の重量比1:100,000に相関させる。異なる源からの2つのサンプル(例えば代表的な試験細胞及び制御細胞)であって各々異なる蛍光体で標識したものを単一のアレイにハイブリダイズし、他と異なって発現された遺伝子を同定する場合には、2つの蛍光体を有する較正cDNAの標識サンプルを標識し、各々等量をハイブリダイゼーション混合液に加えて較正を行う。

#### 【0251】

光電子増倍管の出力は、IBMコンパチブルPCコンピュータにインストールされた12ビットRTI-835Hアナログ-デジタル(A/D)変換ボード(Analog Devices, Inc., Norwood MA)を用いてデジタル化される。デジタル化されたデータは、或るイメージとして表示され、シグナル強度は、リニア20色変換を用いて、青色(低シグナル)から赤色(高シグナル)までに及ぶ擬似カラー範囲にマッピングされる。データは、定量的にも分析される。2つの異なる蛍光体の励起

及び測定を同時に行う場合には、先ず、各蛍光体の発光スペクトルを用いて両蛍光体間の（重複発光スペクトルに起因する）光学クロストークにデータを補正する。

#### 【0252】

グリッドは蛍光シグナルイメージ上に重ねられ、それによって各スポットからのシグナルはグリッドの各エレメントに集められる。各エレメント内の蛍光シグナルは統合され、シグナルの平均強度に応じた数値が得られる。シグナル分析に用いるソフトウェアは、GEMTOOLS遺伝子発現分析プログラム（Incyte）である。

#### 【0253】

### 9 相補的ポリヌクレオチド

LIMDをコードする配列或いはその任意の一部に対して相補的配列は、天然のLIMDの発現を検出し、低下させ、または阻害するために用いられる。約15～30塩基対を含むオリゴヌクレオチドの使用について記すが、これより小さな或いは大きな配列の断片の場合でも本質的に同じ方法を用いることができる。Oligo4.0ソフトウェア（National Biosciences）、及びLIMDをコードする配列を用いて、適切なオリゴヌクレオチドを設計する。転写を阻害するためには、最も独特な5'配列から相補的オリゴヌクレオチドを設計し、これを用いてプロモーターがコーディング配列に結合するのを阻害する。翻訳を阻害するためには、LIMDをコードする転写物にリボソームが結合しないように相補的オリゴヌクレオチドをデザインする。

#### 【0254】

### 1.0 LIMDの発現

LIMDの発現及び精製は、細菌またはウイルスをベースにした発現系を用いて行うことができる。細菌でLIMDを発現するために、抗生物質耐性及びcDNAの転写レベルを高める誘導性のプロモーターを含む好適なベクターにcDNAをサブクローニングする。このようなプロモーターには、lacオペレーター調節エレメントに関連するT5またはT7バクテリオファージプロモーター及びtrp-lac(tac)ハイブリッドプロモーターが含まれるが、これらに限定するものではない。組換えベクターを、BL21（DE3）等の好適な細菌宿主に形質転換する。抗生物質耐性をもつ細菌

が、イソプロピル -Dチオガラクトピラノシド (IPTG) で誘導されるとLIMDを発現する。真核細胞でのLIMDの発現は、一般にバキュロウイルスとして知られている Autographica californica核多面性ウイルス (AcMNPV) を昆虫細胞株または哺乳動物細胞株に感染させて行う。バキュロウイルスの可欠ポリヘドリン遺伝子を、相同的組換え、或いは転移プラスミドの媒介に関与する細菌媒介遺伝子転移のどちらかによって、LIMDをコードするcDNAと置換する。ウイルスの感染力は維持され、強いポリヘドリンプロモーターによって高いレベルのcDNAの転写が行われる。組換えバキュロウイルスは、多くの場合は Spodoptera frugiperda (Sf9) 昆虫細胞に感染に用いられるが、ヒト肝細胞の感染にも用いられることもある。後者の感染の場合は、バキュロウイルスの更なる遺伝的変更が必要になる。(Engelhard, E. K.ら (1994) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 91:3224-3227、Sandig, V.ら (1996) Hum. Gene Ther. 7:1937-1945.等を参照)。

#### 【0255】

殆どの発現系では、融合タンパク質としてLIMDを合成するのに例えばグルタチオンSトランスフェラーゼ (GST) またはペプチドエピトープ標識、例えばFLAGや6-Hisを用いる。これらを用いることにより、未精製細胞溶解物から組換え融合タンパク質の親和性ベースの精製を迅速に1ステップで行うことができる。GSTは日本住血吸虫からの26kDaの酵素であり、タンパク質の活性及び抗原性を維持した状態で、固定化グルタチオン上で融合タンパク質の精製を可能とする (Amersham Pharmacia Biotech)。精製後、GSTの部分を特定の開発部位においてLIMDからタンパク質分解的に切断することが可能である。FLAGは8アミノ酸のペプチドであり、市販されているモノクローナル及びポリクローナル抗FLAG抗体 (Eastman Kodak) を用いて免疫親和性精製を可能にする。6ヒスチジン残基が連続して伸長した6-Hisは、金属キレート樹脂 (QIAGEN) 上での精製を可能にする。タンパク質の発現及び精製の方法は、前出のAusubel (1995) 10章、16章に記載されている。これらの方法で精製したLIMDを直接用いて実施例11及び15のアクセシを行うことができる。

#### 【0256】

### 1.1 LIMD活性の実証

Zn<sup>2+</sup>のLIMDへの結合は、等温滴定微小熱量計におけるエンタルピー（発熱及び吸熱）の結果の変化をモニターすることによりアッセイを行う（Micro-Cal Inc., Northampton, MA）。滴定微小熱量計測定は、リガンドまたは受容体分子の標識化を必要とせず、検出は、結合時におけるエンタルピーの熱の固有変化にのみ基づく。既知の値のZnCl<sub>2</sub>溶液の多重コンピュータ制御注入は、LIMDを含む熱的に制御されたチャンバーに向けられる。各注入後にエンタルピーの変化を注入数に対してプロットし、結合等温線を作成する。注入されたZnCl<sub>2</sub>溶液及びLIMD溶液の体積及び濃度を結合等温線と共に用いて、Zn<sup>2+</sup>リガンドを有するLIMDの数、親和性及び結合定数の値を計算する。

### 【0257】

#### 1.2 機能的アッセイ

LIMD機能は、哺乳動物細胞培養系において生理学的に高められたレベルでのLIMDをコードする配列の発現によって評価する。cDNAを、cDNAを高いレベルで発現する強いプロモーターを含む哺乳動物発現ベクターにサブクローニングする。選り抜きのベクターには、pCMV SPORTプラスミド（Life Technologies）及びpCR 3.1プラスミド（Invitrogen）が含まれ、どちらもサイトメガロウイルスプロモーターを有する。リポソーム製剤或いは電気穿孔法を用いて、5～10 µgの組換えベクターをヒト細胞株、例えば内皮由来または造血由来の細胞株に一時的に形質移入する。更に、標識タンパク質をコードする配列を含む1～2 µgのプラスミドを同時に形質移入する。標識タンパク質の発現により、形質移入細胞と非形質移入細胞を区別する手段が与えられる。また、標識タンパク質の発現によって、cDNAの組換えベクターからの発現を正確に予想できる。標識タンパク質は、例えば緑色蛍光タンパク質（GFP；Clontech）、CD64またはCD64-GFP融合タンパク質から選択できる。自動化された、レーザ光学に基づく技術であるフローサイトメトリー（FCM）を用いて、GFPまたはCD64-GFPを発現する形質移入された細胞を同定し、その細胞のアポトーシス状態や他の細胞特性を評価する。FCMは、細胞死に先行するか或いは同時に発生する現象を診断する蛍光分子の取込を検出して計量する。このような現象として挙げられるのは、プロピジウムヨウ化物によるDNA染色によって計測される核DNA内容物の変化、プロモデオキシウリジンの取込

量の低下によって計測されるDNA合成の下方調節、特異抗体との反応性によって計測される細胞表面及び細胞内におけるタンパク質の発現の変化、及び蛍光複合アネキシンVタンパク質の細胞表面への結合によって計測される原形質膜組成の変化とがある。フローサイトメトリー法については、Ormerod, M. G. (1994) Flow Cytometry Oxford, New York, NY.に記述がある。

#### 【0258】

遺伝子発現におけるLIMDの影響は、LIMDをコードする配列とCD64またはCD64-GFPのいずれかが形質移入された高度に精製された細胞集団を用いて評価することができる。CD64またはCD64-GFPは、形質転換された細胞表面で発現し、ヒト免疫グロブリンG (IgG) の保存領域と結合する。形質転換細胞と非形質転換細胞は、ヒトIgGまたはCD64に対する抗体 (DYNAL, Lake Success, NY) で覆われた磁気ビーズを用いて有効に分離することができる。mRNAは、当分野で公知の方法で細胞から精製することができる。LIMDその他の目的の遺伝子をコードするmRNAの発現は、ノーザン分析或いはマイクロアレイ技術で分析することができる。

#### 【0259】

##### 1.3 LIMD特異抗体の産生

ポリアクリルアミドゲル電気泳動法 (PAGE ; Harrington, M.G. (1990) *Methods Enzymol.* 182:488-495等を参照) または他の精製技術を用いて実質上精製されたLIMDは、ウサギの免疫化及び標準プロトコルを用いた抗体産出に用いる。

#### 【0260】

或いは、LASERGENEソフトウェア (DNASTAR) を用いてLIMDアミノ酸配列を解析し、免疫抗原性の高い領域を決定する。そして対応するオリゴペプチドを合成し、このオリゴペプチドを用いて当業者によく知られている方法で抗体を生成する。適切なエピトープ、例えばC末端付近或いは隣接する親水性領域にあるエピトープの選択については、当分野で公知である (前出のAusubel, 1995, 11章等を参照)。

#### 【0261】

通常は、長さ約15残基のオリゴペプチドを、Fmocケミストリを用いるABI 431A ペプチドシンセサイザ (PE Biosystems) を用いて合成し、N-マレイミドベン

ゾイル-N-ヒドロキシスクシンイミドエステル (MBS) を用いた反応によってKLH (Sigma-Aldrich, St. Louis MO) に結合させて、免疫抗原性を高める (前出のA usubel, 1995 等を参照)。完全フロイントアジュバントにおいてオリゴペプチド-KLM複合体を用いてウサギを免疫化する。得られた抗血清の抗ペプチド活性及び抗LIMD活性を検査するには、ペプチドまたはLIMDを基質に結合し、1%BSAを用いてブロックし、ウサギ抗血清と反応させて洗浄し、さらに放射性ヨウ素で標識したヤギ抗ウサギIgGと反応させる。

#### 【0262】

##### 1.4 特異抗体を用いた天然のLIMDの精製

天然または組換えLIMDを、LIMD特異抗体を用いたイムノアフィニティークロマトグラフィにより実質的に精製する。イムノアフィニティークラムは、抗LIMD抗体を活性化クロマトグラフィー用樹脂、例えばCNBr活性化セファロース (Amersham Pharmacia Biotech) と共有結合させることにより構築する。結合後に、製造者の使用説明書に従って樹脂をブロックし、洗浄する。

#### 【0263】

LIMDを含む培養液をイムノアフィニティークラムに通し、LIMDを優先的に吸着する条件下 (例えば洗浄剤が存在する高イオン強度緩衝液) でカラムを洗浄する。抗体とLIMDの結合を破壊する条件 (例えばpH2 ~ 3の緩衝液、或いは尿素またはチオシアン酸塩イオン等の高濃度のカオトロップ剤) でカラムを溶出させ、LIMDを回収する。

#### 【0264】

##### 1.5 LIMDと相互作用する分子の同定

LIMDまたは生物学的に活性であるLIMD断片を<sup>125</sup>Iボルトンハンター試薬で標識する (Bolton A.E. and W.M. Hunter (1973) Biochem. J. 133:529-539等を参照)。マルチウェルプレートの穴の中に予め配列しておいた候補分子を、標識したLIMDと共にインキュベートして洗浄し、標識したLIMD複合体を有する任意の穴をアッセイする。LIMD濃度を変えて得たデータを用いて、候補分子とのLIMDの数、親和性及び会合の値を計算する。

#### 【0265】

或いは、LIMDと相互作用する分子は、Fields, S. 及び O. Song (1989, Nature 340:245-246) に記載されているような酵母2ハイブリッドシステムを用いて分析するか、またはMATCHMAKERシステム (Clontech) 等の2ハイブリッドシステムに基づく市販のキットを用いて分析する。

【0266】

高処理の方法で酵母2ハイブリッドシステムを利用し、遺伝子の2大ライブラリにコードされるタンパク質間の全ての相互作用を決定するようなPATHCALLINGプロセス (CuraGen Corp., New Haven CT) にもLIMDを用い得る (Nandabalan, K. ら (2000) 米国特許第6,057,101号)。

【0267】

当業者は、本発明の範囲及び精神から逸脱することなく本発明の記載した方法及びシステムの種々の改変を行い得る。本発明について説明するにあたり特定の好適実施例に関連して説明を行ったが、本発明の範囲が、そのような特定の実施例に不当に制限されるべきではないことを理解されたい。実際に、分子生物学または関連分野の専門家には明らかな、本明細書に記載されている本発明の実施方法の様々な改変は、特許請求の範囲内にあるものとする。

【0268】

(表の簡単な説明)

表1は、LIMDをコードする完全長の配列をアセンブルするために用いた、ポリペプチド配列及びヌクレオチド配列の配列番号 (SEQ ID NO)、クローン識別番号 (クローンID)、cDNAライブラリ及びcDNA断片を示す。

【0269】

表2は、潜在モチーフと、相同配列と、LIMDの解析に用いた方法、アルゴリズム及び検索可能なデータベースとを含む各ポリペプチド配列の特徴を示す。

【0270】

表3は、各核酸配列の選択された断片と、ノーザン分析によって決定された各核酸配列の組織特異的発現パターンと、これらの組織に関連した疾患、異常症または症状と、各DNAのクローニング先のベクターとを示す。

【0271】

表4は、cDNAライブラリの作製に用いた組織を示す。LIMDをコードするcDNAクローンはここから単離した。

【0272】

表5は、LIMDの分析に用いたツール、プログラム、アルゴリズムを、適用可能な説明、引用文献及び閾値パラメータと共に示す。

【表1】

表 1

タンパク質 SEQ ID NO:	ヌクレオチド SEQ ID NO:	クローンID	ライブラリ	断片
1	3	4084014	CONFNOT02	352829R1 (LVENNOT01), 535058R1 (LVENNOT02), 870706T1 (LUNGAST01), 1968362H1 (BRSTNOT04), 3043017H1 (HEAANOT01), 4084014F6 (CONFNOT02), 4084014H1 (CONFNOT02)
2	4	5640004	UTRSTMR01	865171R1 (BRAITUT03), 1686519F6 (PROSNOT15), 1988667R6 (LUNGAST01), 2785980H1 (BRSTNOT13), 2903936F6 (DRGCNOT01), 3208061H1 (PENCNOT03), 3288660F6 (BONRFET01), 3334788T6 (BRAIFET01), 4030817H1 (BRAINNOT23), 5640004H1 (UTRSTMR01)

【表 2】

表2

タンパク質 SEQ ID NO:	アミノ酸残基	リン酸化可能部位	グリコシレーション 可能部位	サイン配列、モチーフ、 及びドメイン	ホモログ配列	分析方法 及びデータベース
1	188	S164 S17 T60 T83 T109 S152 S100		LIMドメイン: G27-A67 C70-V125 C129-C181 シグナルペプチド: M1-D20	骨格筋LIM タンパク質FHL1 [ヒト] g2853224	BLAST-Genbank MOTIFS HMMER-PFAM BLIMPS-BLOCKS PROFILESAN SPSCAN
2	571	S494 S26 S116 S152 S261 S351 S361 S412 S466 S487 S542 T44 T52 T68 T145 S162 S217 S225 S268 S404 S489 S496	N124	LIMドメイン: C501-S564	LIMPタンパク質、 LIM及び PDXドメイン含有 [ヒト] 94929268 LIM-型ジシク フィンガードメイン タンパク質 [ヒト] g2624922	BLAST-Genbank MOTIFS HMMER-PFAM BLIMPS-BLOCKS PROFILESAN

【表3】

表3

ポリヌクレオチド SEQ ID NO:	核酸配列の選 択断片	発現組織 (割合)	疾患又は症状 (割合)	ベクター
3	406-450	生殖 (0.290) 心血管 (0.160) 胃腸 (0.137)	細胞増殖 (0.565) 炎症 (0.329)	pINCY
4	380-424 1169-1213	神経 (0.288) 心血管 (0.254) 生殖 (0.203)	細胞増殖 (0.593) 炎症 (0.322)	pINCY

【表4】

表 4

ポリヌクレオチド配列ID番号	ライブラリ	ライブラリの説明
3	CONFNOT02	ライブラリは、回腸の切除及び嵌頓腹壁ヘルニア修復の際に、52歳の白人女性より切除した腹部脂肪組織より単離したRNAを用いて作成された。病歴には憩室炎があった。家族歴には、高脂血症があった。
4	UTRSTMR01	ライブラリは、腔式子宮切開術の際に41歳の白人女性より取り除いた子宮筋組織より単離した1RNAを用いて作製された。子宮内膜は、子宮内膜ポリープの分泌及び抑制断片であった。良性のエンド-及び子宮腔部粘膜が、子宮頸内膜において同定された。関連腫瘍組織の病理学的には子宮平滑筋腫を示していた。患者は、特定されない月経異常を示した。病歴には腹壁ヘルニア及び良性卵巣新生物が有った。

【表5】

【表 6】

プログラム名	説明	引用文献	パラメーター-閾値
ABI FACTURA	核酸配列においてベククター配列を除去して不足の塩基をマスクするプログラム。	P-E Biosystems, Foster City, CA.	
ABI/PARACEL FDF	Fast Data Finder は、アミノ酸または核酸配列の比較及び注釈付け (annotation) に有用である。	P-E Biosystems, Foster City, CA; Paracel Inc., Pasadena, CA.	不一致<50%
ABI AutoAssembler	核酸配列を構築するプログラム。	P-E Biosystems, Foster City, CA.	
BLAST	Basic Local Alignment Search Tool は、アミノ酸及び核酸配列の配列類似性検索に有用であり、blastp 及び blastn、blastx、tblastn、tblastx の 5 つのファンクションがある。	Altschul, S.F. 他 (1990) J. Mol. Biol. 215:403-410; Altschul, S.F. 他 (1997) Nucleic Acids Res. 25: 3389-3402.	ESTs: 確率値=1.0E-8 以下 完全長配列: 確率値=1.0E-10 以下
FASTA	Pearson 及び Lipman アルゴリズムは、問合わせの配列と同種の配列群との類似性を検索する。FASTA は、fasta 及び tfasta、fastx、tfastx、ssearch の少なくとも 5 つのファンクションを含む。	Pearson, W.R. and D.J. Lipman (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. 85:2444-2448; Pearson, W.R. (1990) Methods Enzymol. 183: 63-98; Smith, T.F. and M. S. Waterman (1981) Adv. Appl. Math. 2:482-489.	ESTs: fasta E 値=1.06E-6 構築された ESTs: fasta 同一性=95%以上、一致長さ=200 塩基以上、fastx E 値=1.0E-8 以下 完全長配列: fastx スコア=100 以上
BLIMPS	BLOCKS IMPROVED Searcher は、BLOCKS 及び PRINTS、DOMO、PRODOM、PFAM データベースにおける配列に対して、ある配列の一致性を調べ、遺伝子ファミリー及び配列相同性、構造的フィンガープリント領域を探索する。	Henikoff, S and J.G. Henikoff, Nucl. Acid Res., 19:6565-72, 1991. J.C.; Henikoff and S. Henikoff (1996) Methods Enzymol. 266:88-105; Artwood, T.K. 他 (1997) J. Chem. Inf. Comput. Sci. 37: 417-424.	スコア=1000 以上 スコア/強度=0.75 以上 該当する場合、確率値=1.0E-3 以下
HMMER	PFAM などのタンパク質ファミリーコンセンサス配列の隠れマルコフモデル(HMM)に基づいたデータベースに対して問合せ配列を検索するアルゴリズム。	Krogh, A. 他 (1994) J. Mol. Biol., 235:1501-1531; Sonnhammer, E.L.L. 他 (1988) Nucleic Acids Res. 26:320-322.	スコア=10-50 ビット、各タンパク質ファミリーによって異なる。

表5-2

プログラム名	説明	引用文献	パラメータ-閾値
ProfileScan	Prosite で定義された配列パターンと一致するタンパク質配列における構造及び配列のモチーフを検索するアルゴリズム。	Gribskov, M. 他 (1988) CABIOS 4:61-66; Gribskov, 他 (1989) Methods Enzymol. 183:146-159; Bairoch, A. 他 (1997) Nucleic Acids Res. 25:217-221	ノーマライズされた質のスコアに 対する GCG 指定 "HIGH" 値 通常、スコア=1.4-2.1
Phred	高い感度及び確率で自動配列決定機のトレースを調べる塩基読み出しアルゴリズムである。	Ewing, B. 他 (1998) Genome Res. 8:175-185; Ewing, B. and P. Green (1998) Genome Res. 8:186-194.	
Phrap	Smith-Waterman アルゴリズムの効率的なインプリメンテーションに基づく SWAT や CrossMatch を含む Phis Revised Assembly プログラムであって、配列相同性の検索及び DNA 配列の構築に有用である。	Smith, T.F. and M. S. Waterman (1981) Adv. Appl. Math. 2:482-489; Smith, T.F. and M.S. Waterman (1981) J. Mol. Biol. 147:195-197; Green, P., University of Washington, Seattle, WA.	スコア=120 以上 一致長さ=56 以上
Consed	Phrap で構築したものの表示及び編集をすためのグラフィックツールである。	Gordon, D. 他 (1998) Genome Res. 8:195-202.	
SPScan	タンパク質配列をスキャンして分泌シグナルペプチドの存在を調べる重み付けマトリクス解析プログラムである。	Nielson, H. 他 (1997) Protein Engineering 10: 1-6; Claverie, J.M. and S. Audic (1997) CABIOS 12: 431-439.	スコア=3.5 以上
Motifs	Prosite で定義された配列と一致したパターンについてアミノ酸配列を検索するプログラムである。	Bairoch 他 (1997) Nucleic Acids Res. 25:217-221 前出; Wisconsin Package Program Manual, version 9, page M51-59, Genetics Computer Group, Madison, WI.	

【配列表】



<210> 2  
 <211> 571  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

<220>  
 <221> misc\_feature  
 <223> Incyte Clone No: 5640004CD1

<400> 2  
 Met Lys Tyr Leu Arg Gln Gln Ser Leu Pro Pro Pro Lys Phe Thr  
 1 5 10 15  
 Ala Thr Val Glu Thr Thr Ile Ala Arg Ala Ser Val Leu Asp Thr  
 20 25 30  
 Ser Met Ser Ala Gly Ser Gly Ser Pro Ser Lys Thr Val Thr Pro  
 35 40 45  
 Lys Ala Val Pro Met Leu Thr Pro Lys Pro Tyr Ser Gln Pro Lys  
 50 55 60  
 Asn Ser Gln Asp Val Leu Lys Thr Phe Lys Val Asp Gly Lys Val  
 65 70 75  
 Ser Val Asn Gly Glu Thr Val His Arg Glu Glu Glu Lys Glu Arg  
 80 85 90  
 Glu Cys Pro Thr Val Ala Pro Ala His Ser Leu Thr Lys Ser Gln  
 95 100 105  
 Met Phe Glu Gly Val Ala Arg Val His Gly Ser Pro Leu Glu Leu  
 110 115 120  
 Lys Gln Asp Asn Gly Ser Ile Glu Ile Asn Ile Lys Lys Pro Asn  
 125 130 135  
 Ser Val Pro Gln Glu Leu Ala Ala Thr Thr Glu Lys Thr Glu Pro  
 140 145 150  
 Asn Ser Gln Glu Asp Lys Asn Asp Gly Gly Lys Ser Arg Lys Gly  
 155 160 165  
 Asn Ile Glu Leu Ala Ser Ser Glu Pro Gln His Phe Thr Thr Thr  
 170 175 180  
 Val Thr Arg Cys Ser Pro Thr Val Ala Phe Val Glu Phe Pro Ser  
 185 190 195  
 Ser Pro Gln Leu Lys Asn Asp Val Ser Glu Glu Lys Asp Gln Lys  
 200 205 210  
 Lys Pro Glu Asn Glu Met Ser Gly Lys Val Glu Leu Val Leu Ser  
 215 220 225  
 Gln Lys Val Val Lys Pro Lys Ser Pro Glu Pro Glu Ala Thr Leu  
 230 235 240  
 Thr Phe Pro Phe Leu Asp Lys Met Pro Glu Ala Asn Gln Leu His  
 245 250 255  
 Leu Pro Asn Leu Asn Ser Gln Val Asp Ser Pro Ser Ser Glu Lys  
 260 265 270  
 Ser Pro Val Thr Thr Pro Phe Lys Phe Trp Ala Trp Asp Pro Glu  
 275 280 285  
 Glu Glu Arg Arg Arg Gln Glu Lys Trp Gln Gln Glu Gln Glu Arg  
 290 295 300  
 Leu Leu Gln Glu Arg Tyr Gln Lys Glu Gln Asp Lys Leu Lys Glu  
 305 310 315  
 Glu Trp Glu Lys Ala Gln Lys Glu Val Glu Glu Glu Glu Arg Arg  
 320 325 330  
 Tyr Tyr Glu Glu Glu Arg Lys Ile Ile Glu Asp Thr Val Val Pro  
 335 340 345  
 Phe Thr Val Ser Ser Ser Ser Ala Asp Gln Leu Ser Thr Ser Ser  
 350 355 360  
 Ser Met Thr Glu Gly Ser Gly Thr Met Asn Lys Ile Asp Leu Gly  
 365 370 375

Asn Cys Gln Asp Glu Lys Gln Asp Arg Arg Trp Lys Lys Ser Phe  
 380 385 390  
 Gln Gly Asp Asp Ser Asp Leu Leu Leu Lys Thr Arg Glu Ser Asp  
 395 400 405  
 Arg Leu Glu Glu Lys Gly Ser Leu Thr Glu Gly Ala Leu Ala His  
 410 415 420  
 Ser Gly Asn Pro Val Ser Lys Gly Val His Glu Asp His Gln Leu  
 425 430 435  
 Asp Thr Glu Ala Gly Ala Pro His Cys Gly Thr Asn Pro Gln Leu  
 440 445 450  
 Ala Gln Asp Pro Ser Gln Asn Gln Gln Thr Ser Asn Pro Thr His  
 455 460 465  
 Ser Ser Glu Asp Val Lys Pro Lys Thr Leu Pro Leu Asp Lys Ser  
 470 475 480  
 Ile Asn His Gln Ile Glu Ser Pro Ser Glu Arg Arg Lys Ser Ile  
 485 490 495  
 Ser Gly Lys Lys Leu Cys Ser Ser Cys Gly Leu Pro Leu Gly Lys  
 500 505 510  
 Gly Ala Ala Met Ile Ile Glu Thr Leu Asn Leu Tyr Phe His Ile  
 515 520 525  
 Gln Cys Phe Arg Cys Gly Ile Cys Lys Gly Gln Leu Gly Asp Ala  
 530 535 540  
 Val Ser Gly Thr Asp Val Arg Ile Arg Asn Gly Leu Leu Asn Cys  
 545 550 555  
 Asn Asp Cys Tyr Met Arg Ser Arg Ser Ala Gly Gln Pro Thr Thr  
 560 565 570  
 Leu

<210> 3  
 <211> 1284  
 <212> DNA  
 <213> Homo sapiens

<220>  
 <221> misc\_feature  
 <223> Incyte Clone No: 4084014CB1

<400> 3  
 cgtatatatg cgtacacata tatgctcgca cacacgcaca cactcggaga ctaaagaaca 60  
 ctggcgagaa cagcctgtgg caacagaatg aagtgaacag tatgtagcgc tttctcattt 120  
 gggcgtagta agtgatgaaa gcatgcttct tctcagggg gtcattctgg gccaggcagt 180  
 cctgattta atgtctaagt gcacgcaggg fatagaggtg ggggagtggg ggattcaggc 240  
 actggatcct aaaataataa tgctggggtc cccaccatg acagaaatcc tgggttgga 300  
 caagcacaag tagaacacag gtaggttagt tggaggtgtg aggccagtaa ctgcagggcc 360  
 tgcacccct cacctctgga gggcctgggg aggggagctg agtggatgca gccccctgca 420  
 gagcctgtca gtggggctat ccaattgctt cctctgcag gagatcaaaa cgtggagtac 480  
 aaggggaccg tctggcacia agactgcttc acctgtagta actgcaagca agtcatcggg 540  
 actggaagct tcttccctaa aggggaggac ttctactgcg tgaacttgcca tgagaccaag 600  
 tttgccaagc attgctgtaa gtgcaacaag gccatcacat ctggaggaat cacttaccag 660  
 gatcagccct ggcagccga ttgctttgtg tgtgttacct gctctaagaa gctggctggg 720  
 cagcgtttca ccgctgtgga ggaccagtat tactgcgtgg attgctacaa gaactttgtg 780  
 gccaagaagt gtgctggatg caagaacccc atcactgggt ttggtaaagg ctccagtggt 840  
 gtggcctatg aaggacaatc ctggcagcac tactgcttcc actgcaaaaa atgctccgtg 900  
 aatctggcca acaagcgtt tgttttccac caggagcaag tgtattgtcc cgactgtgcc 960  
 aaaaagctgt aaactgacag gggctcctgt cctgtaaaat ggcatttgaa tctcgttctt 1020  
 tgtgtcctta ctttctgccc tataccatca ataggggaag agtggctcct cccttcttta 1080  
 aagttctcct tccgtctttt ctcccatttt acagtattac tcaataaagg gcacacagtg 1140  
 atcatattag catttagcaa aaagcaaccc tgcagcaaaag tgaatttctg tccggctgca 1200

atttaaaat gaaaacttag gtagattgac tcttctgcat gtttctcata gagcagaaaa 1260  
 gtgcataca tttagccact tagg 1284

<210> 4  
 <211> 2621  
 <212> DNA  
 <213> Homo sapiens

<220>  
 <221> misc\_feature  
 <223> Incyte Clone No: 5640004CB1

<400> 4  
 gccaaaaatt ctggaagaa gccattcaac agagccaaat ttatcctcct tcctgaatga 60  
 ccccaatccc atgaaatacc tgcggcaaca gtcactgcct ccacccaaat tcactgccac 120  
 tgttgaaacc accattgctc gtgccagtgt tctggatacc agcatgtcag caggcagtgg 180  
 gtctccaagc aaaactgtca ctcccaagc agtgccatg ctgacacca agccttactc 240  
 ccagcccaaa aattctcaag atgttctgaa gacctttaag gtagacggga aagtcagtgt 300  
 gaatggagag acggttcata gagaggagga gaaggaaaga gagtgtccca cgggtggcacc 360  
 tgcccactcc ttaaccaaat cccagatggt tgaagggtgt gccagagtgc acgggtctcc 420  
 actggagctg aaacaagaca acggtagcat cgagatcaac ataaagaagc caaactctgt 480  
 tcccgaagag ctgcagcaa cacttgagaa aacggaaccg aatagtcaag aggacaagaa 540  
 tgatgggtgga aaatcaagaa aagggaaat agaacttgc tcatcagaac cacagcatt 600  
 tacaacaact gtgactcgat gcagcccgac cgtggccttt gtggaatttc cctccagccc 660  
 ccagctgaag aatgatgtgt cggaagaaaa agaccagaag aaaccagaaa atgaaatgag 720  
 tggaaagggtg gagttgggtgc tgtcacaaaa gttggtaaag ccaaaatctc cagaacccca 780  
 agcaacgctg acatttccat ttctggacaa aatgcctgaa gccaaccaac tacatttgc 840  
 aaatctcaat tctcaagtgg attctccaag cagtgagaag tcacctgta acgacacctt 900  
 taagtctctg gcatgggacc cagaagagga gcgcaggcga caggaaaaat ggcaacagga 960  
 acaggaacgt ttgctccagg agagatacca gaaggagcag gacaagctga aagaagagt 1020  
 ggaaaaggcc caaaaggagg tggaaagagga agaacgcaga tactatgagg aggagcgtaa 1080  
 gataattgaa gacactgtgg ttccatttac tgttcttca agttccgctg accagctgtc 1140  
 tacctcttcc tccatgactg aaggcagtgg gacaatgaat aagatagacc tgggaaactg 1200  
 tcaagatgaa aaacaagaca gaagatggaa gaaatcattc caggagatg acagtgactt 1260  
 attgctgaa actagggaaa gtgatcgact ggaggagaag ggcagcctaa ctgaaagggc 1320  
 cttggctcat tctgggaacc ctgtatcaaa aggagtccat gaagaccatc agctggatac 1380  
 cgaggtctgg gcccacact gtggaacaaa cccacagctt gctcaggatc catcccagaa 1440  
 tcagcagaca tcaaatccaa cgcacagttc agaagatgtg aagccaaaaa ccctccgct 1500  
 ggataaaagc attaacatc agatcgagtc tcccagtga aggcggaggt ctataagtgg 1560  
 aaagaagctg tgctcttct gtgggcttc tttgggtaaa ggagctgcaa tgatcatcga 1620  
 gacctcaat ctctatttcc acatccagtg tttcagggtg ggaatttgta aaggccagct 1680  
 tggagatgca gtgagtggga cggatgttag gattcgaaat ggtctcctga actgtaatga 1740  
 ttgctacatg cgatccagaa gtgccgggca gcctacaaca ttgtgacacg gcttccaagc 1800  
 ttccggatca ctaccattt ctttactgag agtgtccct ggcaactgct taacaaaatc 1860  
 ccaagctcag gggctctca gcatttacct aatttctgaa aggcctctct gaaaggtggt 1920  
 atctgttctt tcgtagcaca gtgtttatgt ttttctgtt tattgttttg gtttttttt 1980  
 tttttttgca tttgacagt atacacaaaa gaatatgggg ttgtaatgat cctgaatagc 2040  
 tcaaaaaagg ttttagcatg gtcaaacagg cttatggtt aaaaatgtgtt attctcttct 2100  
 ttgggaatta gctaaatgat gcaataaacc tgttttgtt tagaatgtct aggaatataa 2160  
 cactttatgt ttacagaatt gagctgcaga aagtgaaga catgccaatt tgagacacac 2220  
 ggtcttctaa gactgaagga taaatttaatt gcatttcaga aactaaacat cacagcaagc 2280  
 tctatctctg agctataaatt tgtttttaat gcaaagacac tagtttgata atataactg 2340  
 taatcctgaa acatttgtgt tacttacctt tggaggtaga aattatacca ataaattatt 2400  
 gcaccgttag tatttagatc tgtgtacctt ggaagttatg tcattaatat aggctggttc 2460  
 atcaaaaataa gcaaaacctt gcaatatcag ctagatttac actccgggac gttgccccaa 2520  
 ggtaggaaga aagcagaggg aatatattca gtcatcattt ccaaagtcac tatcaaaatc 2580  
 tgtgaggaag ttaaatcttc caagagtcca tgtcagacat c 2621

<210> 5

<211> 280  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

<220>  
 <221> misc\_feature  
 <223> GenBank ID No: g2853224

<400> 5  
 Met Ala Glu Lys Phe Asp Cys His Tyr Cys Arg Asp Pro Leu Gln  
 1 5 10 15  
 Gly Lys Lys Tyr Val Gln Lys Asp Gly His His Cys Cys Leu Lys  
 20 25 30  
 Cys Phe Asp Lys Phe Cys Ala Asn Thr Cys Val Glu Cys Arg Lys  
 35 40 45  
 Pro Ile Gly Ala Asp Ser Lys Glu Val His Tyr Lys Asn Arg Phe  
 50 55 60  
 Trp His Asp Thr Cys Phe Arg Cys Ala Lys Cys Leu Gln Pro Leu  
 65 70 75  
 Ala Asn Glu Thr Phe Val Ala Lys Asp Asn Lys Ile Leu Cys Asn  
 80 85 90  
 Lys Cys Thr Thr Arg Glu Asp Phe Pro Lys Cys Lys Gly Cys Phe  
 95 100 105  
 Lys Ala Ile Val Ala Gly Asp Gln Asn Val Glu Tyr Lys Gly Thr  
 110 115 120  
 Val Trp His Lys Asp Cys Phe Thr Cys Ser Asn Cys Lys Gln Val  
 125 130 135  
 Ile Gly Thr Gly Ser Phe Phe Pro Lys Gly Glu Asp Phe Tyr Cys  
 140 145 150  
 Val Thr Cys His Glu Thr Lys Leu Ala Lys His Cys Val Lys Cys  
 155 160 165  
 Asn Lys Ala Ile Thr Ser Gly Gly Ile Thr Tyr Gln Asp Gln Pro  
 170 175 180  
 Trp His Ala Asp Cys Phe Val Cys Val Thr Cys Ser Lys Lys Leu  
 185 190 195  
 Ala Gly Gln Arg Phe Thr Ala Val Glu Asp Gln Tyr Tyr Cys Val  
 200 205 210  
 Asp Cys Tyr Lys Asn Phe Val Ala Lys Lys Cys Ala Gly Cys Lys  
 215 220 225  
 Asn Pro Ile Thr Gly Phe Gly Lys Gly Ser Ser Val Val Ala Tyr  
 230 235 240  
 Glu Gly Gln Ser Trp His Asp Tyr Cys Phe His Cys Lys Lys Cys  
 245 250 255  
 Ser Val Asn Leu Ala Asn Lys Arg Phe Val Phe His Gln Glu Gln  
 260 265 270  
 Val Tyr Cys Pro Asp Cys Ala Lys Lys Leu  
 275 280

<210> 6  
 <211> 341  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

<220>  
 <221> misc\_feature  
 <223> GenBank ID No: g2624922

<400> 6

Val	Ile	Glu	Arg	Glu	Arg	Lys	Trp	Glu	Gln	Gln	Leu	Gln	Glu	Glu
1				5					10					15
Gln	Glu	Gln	Lys	Arg	Leu	Gln	Ala	Glu	Ala	Glu	Glu	Gln	Lys	Arg
				20					25					30
Pro	Ala	Glu	Glu	Gln	Lys	Arg	Gln	Ala	Glu	Ile	Glu	Arg	Glu	Thr
				35					40					45
Ser	Val	Arg	Ile	Tyr	Gln	Tyr	Arg	Arg	Pro	Val	Asp	Ser	Tyr	Asp
				50					55					60
Ile	Pro	Lys	Thr	Glu	Glu	Ala	Ser	Ser	Gly	Phe	Leu	Pro	Gly	Asp
				65					70					75
Arg	Asn	Lys	Ser	Arg	Ser	Thr	Thr	Glu	Leu	Asp	Asp	Tyr	Ser	Thr
				80					85					90
Asn	Lys	Asn	Gly	Asn	Asn	Lys	Tyr	Leu	Asp	Gln	Ile	Gly	Asn	Thr
				95					100					105
Thr	Ser	Ser	Gln	Arg	Arg	Ser	Lys	Lys	Glu	Gln	Val	Pro	Ser	Gly
				110					115					120
Ala	Glu	Leu	Glu	Arg	Gln	Gln	Ile	Leu	Gln	Glu	Met	Arg	Lys	Arg
				125					130					135
Thr	Pro	Leu	His	Asn	Asp	Asn	Ser	Trp	Ile	Arg	Gln	Arg	Ser	Ala
				140					145					150
Ser	Val	Asn	Lys	Glu	Pro	Val	Ser	Leu	Pro	Gly	Ile	Met	Arg	Arg
				155					160					165
Gly	Glu	Ser	Leu	Asp	Asn	Leu	Asp	Ser	Pro	Arg	Ser	Asn	Ser	Trp
				170					175					180
Arg	Gln	Pro	Pro	Trp	Leu	Asn	Gln	Pro	Thr	Gly	Phe	Tyr	Ala	Ser
				185					190					195
Ser	Ser	Val	Gln	Asp	Phe	Ser	Arg	Pro	Pro	Pro	Gln	Leu	Val	Ser
				200					205					210
Thr	Ser	Asn	Arg	Ala	Tyr	Met	Arg	Asn	Pro	Ser	Ser	Ser	Val	Pro
				215					220					225
Pro	Pro	Ser	Ala	Gly	Ser	Val	Lys	Thr	Ser	Thr	Thr	Gly	Val	Ala
				230					235					240
Thr	Thr	Gln	Ser	Pro	Thr	Pro	Arg	Ser	His	Ser	Pro	Ser	Ala	Ser
				245					250					255
Gln	Ser	Gly	Ser	Gln	Leu	Arg	Asn	Arg	Ser	Val	Ser	Gly	Lys	Arg
				260					265					270
Ile	Cys	Ser	Tyr	Cys	Asn	Asn	Ile	Leu	Gly	Lys	Gly	Ala	Ala	Met
				275					280					285
Ile	Ile	Glu	Ser	Leu	Gly	Leu	Cys	Tyr	His	Leu	His	Cys	Phe	Lys
				290					295					300
Cys	Val	Ala	Cys	Glu	Cys	Asp	Leu	Gly	Gly	Ser	Ser	Ser	Gly	Ala
				305					310					315
Glu	Val	Arg	Ile	Arg	Asn	His	Gln	Leu	Tyr	Cys	Asn	Asp	Cys	Tyr
				320					325					330
Leu	Arg	Phe	Lys	Ser	Gly	Arg	Pro	Thr	Ala	Met				
				335					340					

【図面の簡単な説明】

【図1A】

LIMD-1のアミノ酸配列（配列番号1）及び核酸配列（配列番号3）を示す図である。アライメントは、MACDNASIS PROソフトウェア（日立ソフトウェアエンジニアリング, San Bruno, CA）を用いて作成した。

【図1B】

LIMD-1のアミノ酸配列（配列番号1）及び核酸配列（配列番号3）を示す図である。

【図1C】

LIMD-1のアミノ酸配列（配列番号1）及び核酸配列（配列番号3）を示す図で

ある。

【図1D】

LIMD-1のアミノ酸配列（配列番号1）及び核酸配列（配列番号3）を示す図である。

【図2A】

LIMD-2のアミノ酸配列（配列番号2）及び核酸配列（配列番号4）を示す図である。

【図2B】

LIMD-2のアミノ酸配列（配列番号2）及び核酸配列（配列番号4）を示す図である。

【図2C】

LIMD-2のアミノ酸配列（配列番号2）及び核酸配列（配列番号4）を示す図である。

【図2D】

LIMD-2のアミノ酸配列（配列番号2）及び核酸配列（配列番号4）を示す図である。

【図2E】

LIMD-2のアミノ酸配列（配列番号2）及び核酸配列（配列番号4）を示す図である。

【図2F】

LIMD-2のアミノ酸配列（配列番号2）及び核酸配列（配列番号4）を示す図である。

【図2G】

LIMD-2のアミノ酸配列（配列番号2）及び核酸配列（配列番号4）を示す図である。

【図3A】

LIMD-1（Incyteクローン番号4084014、配列番号1）及びヒトFHL-1（GI 28532 24、配列番号5）間のアミノ酸配列アライメントを示す図である。アライメントは、LASERGENEソフトウェア（DNASTAR Inc., Madison WI）のマルチシーケン

スアライメントプログラムを用いて作成した。

【図3B】

LIMD-1 ( Incyteクローン番号4084014、配列番号1 ) 及びヒトFHL-1 ( GI 28532  
24、配列番号5 ) 間のアミノ酸配列アライメントを示す図である。

【図4A】

LIMD-2 ( Incyteクローン番号5640004、配列番号2 ) 及びLIM型Znフィンガー  
ンパク質 ( GI 2624922、配列番号6 ) 間のアミノ酸配列アライメントを示す図で  
ある。

【図4B】

LIMD-2 ( Incyteクローン番号5640004、配列番号2 ) 及びLIM型Znフィンガー  
ンパク質 ( GI 2624922、配列番号6 ) 間のアミノ酸配列アライメントを示す図で  
ある。

【図4C】

LIMD-2 ( Incyteクローン番号5640004、配列番号2 ) 及びLIM型Znフィンガー  
ンパク質 ( GI 2624922、配列番号6 ) 間のアミノ酸配列アライメントを示す図で  
ある。


【 1 A 】

5' CGT ATA TAT GCG TAC ACA TAT ATG ATG CTC GCA CAC ACG CAC ACA CTC GGA GAC TAA 54  
 9 18 27 36 45  
 AGA ACA CTG GCG AGA ACA GCC TGT GGC AAC AGA ATG AAG TGA ACA GTA TGT AGC 108  
 63 72 81 90  
 117 126 135 144 153 162  
 GCT TTC TCA TTT GGG CGT AGT AAG TGA TGA AAG CAT GCT TCT TCC TCA GGG TGT  
 171 180 189 198 207 216  
 CAT TCT GGG CCA GGC AGT CCC TGA TTT AAT GTC TAA GTG CAC GCA GGG TAT AGA  
 225 234 243 252 261 270  
 GGT GGG GGA GTG GGG GAT TCA GGC ACT GGA TCC TAA AAT AAT AAT GCT GGG GTC  
 279 288 297 306 315 324  
 CCC ACC CAT GAC AGA AAT CCT GGG TTG GCA CAA GCA CAA GTA GAA CAC AGG TAG  
 333 342 351 360 369 378  
 GTT AGT TGG AGG TGT GAG GCC AGT AAC TGC AGG GCC TGC ATC CCC TCA CCT CTG

【圖 1 B】

GAG GGC CTG GGG AGG GGA GGT GAG GAG TGG ATG CAG CCC CCT GCA GAG CCT GTC AGT	387	396	405	414	423	432
			M Q P P A E			S
GGG GCT ATC CAA TTG CTT CCC TCT GCA GGA GAT CAA AAC GTG GAG TAC AAG GGG	441	450	459	468	477	486
G A I Q L L P S A G D Q N V E Y K G						
ACC GTC TGG CAC AAA GAC TGC TTC ACC TGT AGT AAC TGC AAG CAA GTC ATC GGG	495	504	513	522	531	540
T V W H K D C F T C S N C K Q V I G						
ACT GGA AGC TTC TTC CCT AAA GGG GAG GAC TTC TAC TGC GTG ACT TGC CAT GAG	549	558	567	576	585	594
T G S F F P K G E D F Y C V T C H E						
ACC AAG TTT GCC AAG CAT TGC GTG AAG TGC AAC AAG GCC ATC ACA TCT GGA GGA	603	612	621	630	639	648
T K F A K H C V K C N K A I T S G G						
ATC ACT TAC CAG GAT CAG CCC TGG CAT GCC GAT TGC TTT GTG TGT GTT ACC TGC	657	666	675	684	693	702
I T Y Q D Q P W H A D C F V C V C						
TCT AAG AAG CTG GCT GGG CAG CGT TTC ACC GCT GTG GAG GAC CAG TAT TAC TGC	711	720	729	738	747	756
S K K L A G Q R F T A V E D Q Y Y C						



【 1 D】

1143 1152 1161 1170 1179 1188  
ACA GTG ATC ATA TTA GCA TTT AGC AAA AAG CAA CCC TGC AGC AAA GTG AAT TTC

1197 1206 1215 1224 1233 1242  
TGT CCG GCT GCA ATT TAA AAA TGA AAA CTT AGG TAG ATT GAC TCT TCT GCA TGT

1251 1260 1269 1278  
TTC TCA TAG AGC AGA AAA GTG CTA ATC ATT TAG CCA CTT AGG 3'

【 2 A 】

5' G CCA AAA ATT CTG GAA AGA AGC AGC CAT TCA ACA GAG CCA AAT TTA TCC TTC TTC CTG 55  
 10 19 28 37 46  
 64 73 82 91 100 109  
 AAT GAC CCC AAT CCC ATG AAA TAC CTG CGG CAA CAG TCA CTG CCT CCA CCC AAA  
 M K Y L R Q Q S L P P P K  
 118 127 136 145 154 163  
 TTC ACT GCC ACT GTT GAA ACC ACC ATT GCT CGT GCC AGT GTC GTT CTG GAT ACC AGC  
 F T A T V E H G A C C T I A R A S V L L D T S  
 172 181 190 199 208 217  
 ATG TCA GCA GGC AGT GGG TCT CCA AGC AAA ACT ACT GTC ACT CCC AAA GCA GTG CCT  
 M S A G S G G G T C C A A A K T V T P K A V P  
 226 235 244 253 262 271  
 ATG CTG ACA CCC AAG CCT TAC TCC CAG CCC AAA AAT TCT CAA GAT GTT CTG AAG  
 M L T P K P Y S Q P K N S Q D V L K  
 280 289 298 307 316 325  
 ACC TTT AAG GTA GAC GGG AAA GTC AGT GTG AAT GGA GAG ACG GTT CAT AGA GAG  
 T F K V D G G K V S V N G E T V H R E  
 334 343 352 361 370 379  
 GAG GAG AAG GAA AGA GAG TGT CCC ACG GTG GCA CCT GCC CAC TCC TTA ACC AAA  
 E K E R E C P T V A P A H S L T K

## 【 2 B 】

388	TCC CAG ATG TTT GAA GGT GTG GCC AGA GTG CAC GGG TCT CCA CTG GAG CTG AAA	406	415	424	433
S Q M F E G V A R V H G S P L E L K					
442	CAA GAC AAC GGT AGC ATC GAG ATC AAC ATA AAG AAG CCA AAC TCT GTT CCC CAA	460	469	478	487
Q D N G S I E I N I K K P N S V P Q					
496	GAG CTC GCA GCA ACC ACT GAG AAA ACG GAA CCG AAT AGT CAA GAG GAC AAG AAT	514	523	532	541
E L A A T T E K T E P N S Q E D K N					
550	GAT GGT GGA AAA TCA AGA AAA GGG AAT ATA GAA CTT GCC TCA TCA GAA CCA CAG	568	577	586	595
D G G K S R K G N I E L A S S E P Q					
604	CAT TTT ACA ACA ACT GTG ACT CGA TGC AGC CCG ACC GTG GCC TTT GTG GAA TTT	622	631	640	649
H F T T T V T R C S P T V A F V E F					
658	CCC TCC AGC CCC CAG CTG AAG AAT GAT GTG TCG GAA GAA AAA GAC CAG AAG AAA	676	685	694	703
P S S P Q L K N D V S E E K D Q K K					
712	CCA GAA AAT GAA ATG AGT GGA AAG GTG GAG TTG GTG CTG TCA CAA AAG GTG GTA	730	739	748	757
P E N E M S G K V E L V L S Q K V V					

【 2 C 】

766	AAG CCA AAA	775	TCT CCA GAA	784	CCC GAA GCA	793	ACA TTT	802	TTT CCA	811	AAA GAC AAA
	K P K S		P E P E A		A T L T		T F P F		L D L D		K K
820	ATG CCT GAA	829	AAC CAA CTA	838	TTG CCA AAT	847	CTC AAT	856	TCT CAA	865	TCT TCT
	M P E A		N Q L H		L P N L		L N S Q		Q V D S		S S
874	CCA AGC AGT	883	AAG TCA CCT	892	GTT ACG ACA	901	TTT AAG	910	TTC TGG	919	GAC TGG
	P S S E		K S P V		T T P T		F K F		W A W		D D
928	CCA GAA GAG	937	CGC AGG CGA	946	GAG GAA AAA	955	TGG CAA	964	CAG GAA	973	TTG CGT
	P E E E		R R R Q		Q E K K		Q W Q Q		Q E Q E		L R L
982	CTC CAG GAG	991	TAC CAG AAG	1000	GAG CAG GAC	1009	CTG AAA	1018	GAG TGG	1027	AAG GAA
	L Q E R		Y Q K E		Q Q D K		L L K K		W E W E		K K
1036	GCC CAA AAG	1045	GTG GAA GAG	1054	GAA GAA CGC	1063	TAC TAT	1072	GAG GAG	1081	CGT AAG
	A Q K E		V E E E		R R R R		Y Y Y Y		E E E E		R K
1090	ATA ATT GAA	1099	ACT GTG GTT	1108	CCA TTT	1117	TCT TCA	1126	AGT TCC	1135	GAC GAC
	I I E D		T V V V		F F F P		T T T S		S S S A		D D Q

【 2 D 】

1144	CTG TCT ACC TCT TCC TCC ATG ACT GAA GGC AGT GGG ACA ATG AAT AAG ATA GAC	1153	1162	1171	1180	1189
L S T S S S M T E G S G T M N K I D						
1198	CTG GGA AAC TGT CAA GAT GAA AAA CAA GAC AGA TGG AAG AAA TCA TTC CAG	1207	1216	1225	1234	1243
L G N C Q D E K Q D R R W K K S F Q						
1252	GGA GAT GAC AGT GAC TTA TTG CTG AAG ACT AGG GAA AGT GAT CGA CTG GAG GAG	1261	1270	1279	1288	1297
G D D S L S D L L L L K K T R E S D R L E E						
1306	AAG GGC AGC CTA ACT GAA GGG GCC TTG GCT CAT TCT GGG AAC CCT GTA TCA AAA	1315	1324	1333	1342	1351
K G S L T E G A L A L A H S G N P V S K						
1360	GGA GTC CAT GAA GAC CAT CAG CTG GAT ACC GAG GCT GGG GCC CCA CAC TGT GGA	1369	1378	1387	1396	1405
G V H E D H Q L D T E A G A P H C G						
1414	ACA AAC CCA CAG CTT GCT CAG GAT CCA TCC CAG AAT CAG CAG ACA TCA AAT CCA	1423	1432	1441	1450	1459
T N P Q L A Q D P S Q N Q Q T S N P						
1468	ACG CAC AGT TCA GAA GAT GTG AAG CCA AAA ACC CTC CCG CTG GAT AAA AGC ATT	1477	1486	1495	1504	1513
T H S S E D V K P K T L L P L D K S I						

【 2 F 】

1522	AAC CAT CAG ATC GAG TCT CCC AGT GAA AGG CCG AAG TCT ATA AGT GGA AAG AAG	1531	1540	1549	1558	1567
	N H Q I E S P S E R R K S I S G K K					
1576	CTG TGC TCT TCC TGT GGG CTT CCT TTG GGT AAA GGA GCT GCA ATG ATC ATC GAG	1585	1594	1603	1612	1621
	L C S S C G L P L G K G A A M I I E					
1630	ACC CTC AAT CTC TAT TTT CAC ATC CAG TGT TTC AGG TGT GGA ATT TGT AAA GGC	1639	1648	1657	1666	1675
	T L N L Y F H I Q C F R C G I C K G					
1684	CAG CTT GGA GAT GCA GTG AGT GGG ACG GAT GTT AGG ATT CGA AAT GGT CTC CTG	1693	1702	1711	1720	1729
	Q L G D A V S G T D V R I R N G L L					
1738	AAC TGT AAT GAT TGC TAC ATG CGA TCC AGA AGT GCC GGG CAG CCT ACA ACA TTG	1747	1756	1765	1774	1783
	N C N D C Y M R S R S A G Q P T L					
1792	TGA CAC GGC TTT CAA GCT TCC GGA TCA CTC ACC ATT TCT TTA CTG AGA GTG TCC	1801	1810	1819	1828	1837
1846	CCT GGC AAC TGC TTA ACA AAA TCC CAA GCT CAG GGG CTT CTC AGC ATT TAC CTA	1855	1864	1873	1882	1891


【 2 F 】

A	1900	1909	1918	1927	1936	1945
	ATT TCT GAA	AGG CTC TTC TGA AAG GTG GTA TCT GTT CTT TCG TAG CAC AGT GTT				
T	1954	1963	1972	1981	1990	1999
	TAT GTT TTT CCT GTT TAT TGT TTT GGT TTT TTT TTT TTT TTT GCA TTT GCA CAG					
T	2008	2017	2026	2035	2044	2053
	TAT ACA CAA AAG AAT ATG GGG TTG TAA TGA TCC TGA ATA GCT CAA AAA AGG TTT					
T	2062	2071	2080	2089	2098	2107
	TAG CAT GGT CAA ACA GGC TTA TGG TTT AAA ATG TGT TAT TCT CTT CTT TGG GAA					
T	2116	2125	2134	2143	2152	2161
	TTA GCT AAA TGA TGC AAT AAA CCT GTT TTG TTT TAG AAT GTC TAG GAA TTA AAC					
A	2170	2179	2188	2197	2206	2215
	ACT TTA TGT TTA CAG AAT TGA GCT GCA GAA AGT GCA AGA CAT GCC AAT TTG AGA					
C	2224	2233	2242	2251	2260	2269
	CAC ACG GTC TTC TAA GAC TGA AGG ATA AAT TTA ATG CAT TTC AGA AAC TAA ACA					

【 2 G 】

2278 2287 2296 2305 2314 2323  
 TCA CAG CAA GCT CTA TCT CTG AGC TAT AAT TTG TTT TTA ATG CAA AGA CAC TAG  
  
 2332 2341 2350 2359 2368 2377  
 TTT GAT AAT ATA TAC TGT AAT CCT GAA ACA TTT GTG TTA CTT ACC TTT GGA GGT  
  
 2386 2395 2404 2413 2422 2431  
 AGA AAT TAT ACC AAT AAA TTA TTG CAC CGT TAG TAT TAG ATT CTG TGT ACC TTG  
  
 2440 2449 2458 2467 2476 2485  
 GAA GTT ATG TCA TTA ATA TAG GCT GGT TCA TCA AAT AAA GCA AAA CCT TGC AAT  
  
 2494 2503 2512 2521 2530 2539  
 ATC AGC TAG AAT TAC ACT CCG GGA CGT TGC CCA AAG GTA GGA AGA AAG CAG AGG  
  
 2548 2557 2566 2575 2584 2593  
 GAA ATA TTT CAG TCA TCA TTT CCA AAG TCA TTA TCA AAA TCT GTG AGG AAG TTT  
  
 2602 2611 2620  
 AAT CTT CCA AGA GTC CAT GTC AGA CAT C 3'



【 3 B】

149	E	G	Q	S	W	H	D	Y	C	F	H	C	K	K	C	S	V	N	L	A	N	K	R	F	V	F	H	Q	E	Q	4084014
241	E	G	Q	S	W	H	D	Y	C	F	H	C	K	K	C	S	V	N	L	A	N	K	R	F	V	F	H	Q	E	Q	g2853224

179	V	Y	C	P	D	C	A	K	K	L	4084014
271	V	Y	C	P	D	C	A	K	K	L	g2853224

【図4A】

1	M	K	Y	L	R	Q	Q	S	L	P	P	K	F	T	A	T	V	E	T	I	A	R	A	S	V	L	D	T	5640004		
1	V	-----I E R E R K W E Q																										g2624922			
31	S	M	S	A	G	S	G	S	P	S	K	T	V	T	P	K	A	V	P	M	L	T	P	K	P	Y	S	Q	P	K	5640004
11	Q	L	-----Q E E																										g2624922		
61	N	S	Q	D	V	L	K	T	F	K	V	D	G	K	V	S	V	N	G	E	T	V	H	R	E	E	E	K	E	R	5640004
16	Q	E	Q	K	R	L	Q	A	E	A	E	E	Q	K	R	P	-----A E E Q K R Q A E I E R											g2624922			
91	E	C	P	T	V	A	P	A	H	S	L	T	K	S	Q	M	F	E	G	V	A	R	V	H	G	S	P	L	E	L	5640004
44	E	-----T S V R I Y Q -----Y R R P V D -																										g2624922			
121	K	Q	D	N	G	S	I	E	I	N	I	K	K	P	N	S	V	P	Q	E	L	A	A	T	T	E	K	T	E	P	5640004
58	-	-----S Y D I P K T E E A S S G F L P G - D R N K S																										g2624922			
151	N	S	Q	E	D	K	N	D	G	G	K	S	R	K	G	N	I	E	L	A	S	S	E	P	Q	H	F	T	T	T	5640004
80	R	S	T	E	L	D	D	Y	S	T	N	K	N	G	N	K	-----Q I G N T T S S Q R R S K											g2624922			
181	V	T	R	C	S	P	T	V	A	F	V	E	F	P	S	S	P	Q	L	K	N	D	V	S	E	E	K	D	Q	K	5640004
98	-	-----Y L D -----Q I G N T T S S Q R R S K																										g2624922			
211	K	P	E	N	E	M	S	G	K	V	E	L	V	L	S	Q	K	V	V	K	P	K	S	P	E	P	E	A	T	L	5640004
114	K	-----E Q V P S G A E L E R Q Q -----																										g2624922			

【 4 B 】

241 T F P F L D K M P E A N Q L H L P N L N S Q V D S P S S E K 5640004  
128 - - - I L Q E M R K R T P L H N D N S W I R Q R S A S V N K g2624922

271 S P V T T P F K F W A W D P E E - - E R R R Q E K W Q Q E Q 5640004  
155 E P V S L P G I M R R G E S L D N L D S P R S N S W R Q P P g2624922

299 E R L L Q E R Y Q K E Q D K L K E E W E K A Q K E V E E E E 5640004  
185 - - - - - - - - - - - - - - - W L N Q P T G - - - - g2624922

329 R R Y Y E E E R K I I E D T V V P F T V S S S A D Q L S T 5640004  
192 - - F Y - - - - - - - - - - - A S S S V Q D F S R g2624922

359 S S S M T E G S G T M N K I D L G N C Q D E K Q D R R W K K 5640004  
204 P P P Q - g2624922

389 S F Q G D D S D L L K T R E S D R L E E K G S L T E G A L 5640004  
208 - - - - - - - - - - L V S T S N R A Y M R N P S S S V P P P S g2624922

419 A H S G N P V S K G V H E D H Q L D T E A G A P H C G T N P 5640004  
229 A G S V K T S T T G V A T - - - - - - - - - - - - - - g2624922

449 Q L A Q D P S Q N Q Q T S N P T H S S E D V K P K T L P L D 5640004  
242 - - T Q S P T P R S H S P S A S Q S G S Q L - - - - - - - - g2624922

【図4C】

479	K	S	I	N	H	Q	I	E	S	P	S	E	R	R	K	S	I	S	G	K	K	L	C	S	S	C	G	L	P	L	5640004
262	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	R	N	R	S	V	S	G	K	R	I	C	S	Y	C	N	N	I	L	g2624922
509	G	K	G	A	A	M	I	I	E	T	L	N	L	Y	F	H	I	Q	C	F	R	C	G	I	C	K	G	Q	L	G	5640004
280	G	K	G	A	A	M	I	I	E	S	L	G	L	C	Y	H	L	H	C	F	K	C	V	A	C	E	C	D	L	G	g2624922
539	D	A	V	S	G	T	D	V	R	I	R	N	G	L	L	N	C	N	D	C	Y	M	R	S	R	S	A	G	P	5640004	
310	G	S	S	S	G	A	E	V	R	I	R	N	H	Q	L	Y	C	N	D	C	Y	L	R	F	K	S	-	G	R	P	g2624922
569	T	T	L	5640004																											
339	T	A	M	g2624922																											

## 【国際調査報告】

INTERNATIONAL SEARCH REPORT		International Application No. PCT/US 00/19014
<b>A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER</b> IPC 7 C12N15/12 C07K14/47 A01K67/00 C07K16/18 C12Q1/68 G01N33/50 A61K38/17		
According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC		
<b>B. FIELDS SEARCHED</b> Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols) IPC 7 C12N C07K A01K C12Q G01N A61K		
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) BIOSIS		
<b>C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT</b>		
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	MORGAN M J ET AL: "Slim defines a novel family of LIM-proteins expressed in skeletal muscle." BIOCHEMICAL AND BIOPHYSICAL RESEARCH COMMUNICATIONS, vol. 225, no. 2, 1996, pages 632-638, XP002126624 ISSN: 0006-291X	12
Y	the whole document	1-7, 9-11, 13-15
<input checked="" type="checkbox"/> Further documents are listed in the continuation of box C. <input type="checkbox"/> Patent family members are listed in annex.		
* Special categories of cited documents: "A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance "E" earlier document but published on or after the international filing date "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) "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 "T" 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 "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 "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 "Z" document member of the same patent family		
Date of the actual completion of the international search 27 October 2000		Date of mailing of the international search report 08/11/2000
Name and mailing address of the ISA European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2 NL - 2280 HV Rijswijk Tel. (+31-70) 340-2000, Tx 31 651 epo nl, Fax: (+31-70) 340-3016		Authorized officer Espen, J

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

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

 Internal Application No  
 PCT/US 00/19014

C. (Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
Y	MORGAN M J ET AL: "The developmental regulation of a novel muscle LIM-protein." BIOCHEMICAL AND BIOPHYSICAL RESEARCH COMMUNICATIONS, vol. 212, no. 3, 1995, pages 840-846, XP000952774 ISSN: 0006-291X the whole document	1-7, 9-11, 13-15
X	LEE SIMON MING YUEN ET AL: "Chromosomal mapping, tissue distribution and cDNA sequence of four-and-a half LIM domain protein 1 (FHL1)." GENE (AMSTERDAM), vol. 216, no. 1, 17 August 1998 (1998-08-17), pages 163-170, XP000956152 ISSN: 0378-1119 the whole document	12
Y	---	1-7, 9-11, 13-15
X	TANIGUCHI YOSHIHITO ET AL: "LIM protein KyoT2 negatively regulates transcription by association with the RBP-J DNA binding protein." MOLECULAR AND CELLULAR BIOLOGY, vol. 18, no. 1, January 1998 (1998-01), pages 644-654, XP000956150 ISSN: 0270-7306 the whole document	12
Y	---	1-7, 9-11, 13-15
X	NATIONAL CANCER INSTITUTE, CANCER GENOME ANATOMY PROJECT (CGAP): "Homo sapiens cDNA clone similar to SW:SLI_HUMAN Q13642 skeletal muscle lim-protein 1" EMBL DATABASE ENTRY AI138362, ACCESSION NUMBER AI138362, 25 September 1998 (1998-09-25), XP002151246 EST sequence	12
Y	---	1-7,9-11
X	NATIONAL CANCER INSTITUTE, CANCER GENOME ANATOMY PROJECT (CGAP): "Homo sapiens cDNA clone similar to TR:P97447 Lim protein 1" EMBL DATABASE ENTRY AI284419, ACCESSION NUMBER AI284419, 24 November 1998 (1998-11-24), XP002151247 EST sequence	11,12
Y	---	1-7,9-11
	-/--	

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

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Internet	Application No
	PCT/US 00/19014

C. (Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	NATIONAL CANCER INSTITUTE, CANCER GENOME ANATOMY PROJECT (CGAP): "Homo sapiens cDNA clone similar to SW:SLI_HUMAN QI3642 skeletal muscle Lim-protein 1" EMBL DATABASE ENTRY AI682304, ACCESSION NUMBER AI682304, 27 May 1999 (1999-05-27), XP002151248	11,12
Y	EST sequence -----	1-7,9-11

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

## FURTHER INFORMATION CONTINUED FROM PCT/ISA/ 210

Continuation of Box I.2

Claims Nos.: 20,21,23,24

Present claims 20,21,23,24 relate to a composition/method comprising/administering either an agonist or antagonist of a polypeptide of claim 1.

No true technical characterization is given for said agonist or antagonist. Moreover, no such specific compounds are defined in the application. In consequence, the scope of said claims is ambiguous and vague, and its subject-matter is not sufficiently disclosed and supported (Art. 5 and 6 PCT).

No meaningful search can be carried out for such purely speculative claims whose wording is in fact, a mere recitation of the result to be achieved.

The applicant's attention is drawn to the fact that claims, or parts of claims, relating to inventions in respect of which no international search report has been established need not be the subject of an international preliminary examination (Rule 66.1(e) PCT). The applicant is advised that the EPO policy when acting as an International Preliminary Examining Authority is normally not to carry out a preliminary examination on matter which has not been searched. This is the case irrespective of whether or not the claims are amended following receipt of the search report or during any Chapter II procedure.

## フロントページの続き

(51)Int.Cl. <sup>7</sup>	識別記号	F I	テ-マ-コ-ト' (参考)	
A 6 1 P	9/10	A 6 1 P	15/00	4 C 0 8 4
	13/00		17/16	4 H 0 4 5
	15/00		19/00	
	17/16		21/00	
	19/00		25/08	
	21/00		27/02	
	25/08		31/00	
	27/02		35/00	
	31/00		35/02	
	35/00	C 0 7 K	14/47	
	35/02		16/18	
C 0 7 K	14/47	C 1 2 N	1/15	
	16/18		1/19	
C 1 2 N	1/15		1/21	
	1/19	C 1 2 P	21/02	C
	1/21	C 1 2 Q	1/68	A
	5/10	G 0 1 N	33/15	Z
C 1 2 P	21/02		33/50	Z
C 1 2 Q	1/68		33/53	M
G 0 1 N	33/15		33/566	
	33/50	C 1 2 N	15/00	Z N A A
	33/53		5/00	A
	33/566	A 6 1 K	37/02	

(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, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, CA, CH, CN, CU, CZ, DE, DK, 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, MD, MG, MK, MN, MW, MX, NO, NZ, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZA, ZW

(72)発明者 アジムザイ、ヤルダ

アメリカ合衆国カリフォルニア州94545・  
ヘイワード・ロックスプリングスドライブ  
2045

Fターム(参考) 2G045 AA34 AA35 FB02 FB03  
4B024 AA01 AA11 BA80 CA04 DA02  
EA02 GA11 HA12 HA15  
4B063 QA19 QA20 QQ43 QR08 QR42  
QR56 QS25 QS34 QX02  
4B064 AG01 CA10 CA19 CC24 DA01  
DA13  
4B065 AA01X AA57X AA72X AA90X  
AA93Y AB01 BA02 CA24  
CA44 CA46  
4C084 AA02 AA06 AA07 AA17 BA01  
BA08 BA22 BA23 BA44 CA18  
CA53 CA56 CA59 NA01 NA13  
NA14 ZA062 ZA332 ZA342  
ZA452 ZA512 ZA752 ZA812  
ZA892 ZA942 ZA962 ZB262  
ZB272 ZB352  
4H045 AA10 AA11 AA20 AA30 BA10  
CA40 DA75 EA20 EA50 FA72  
FA74

专利名称(译)	人LIM结构域蛋白		
公开(公告)号	<a href="#">JP2003504060A</a>	公开(公告)日	2003-02-04
申请号	JP2001509512	申请日	2000-07-11
[标]申请(专利权)人(译)	洞察Genomics公司		
申请(专利权)人(译)	洞察基因组公司		
[标]发明人	タングワイトム ユエヘンリー アジムザイヤルダ		
发明人	タング、ワイトム ユエ、ヘンリー アジムザイ、ヤルダ		
IPC分类号	G01N33/50 A61K38/00 A61K45/00 A61P1/16 A61P7/00 A61P9/10 A61P13/00 A61P15/00 A61P17/16 A61P19/00 A61P21/00 A61P25/08 A61P27/02 A61P31/00 A61P35/00 A61P35/02 C07K14/47 C07K16/18 C12N1/15 C12N1/19 C12N1/21 C12N5/10 C12N15/09 C12N15/12 C12P21/02 C12Q1/68 G01N33/15 G01N33/53 G01N33/566		
CPC分类号	A01K2217/05 A61K38/00 A61P1/16 A61P13/00 A61P15/00 A61P17/16 A61P19/00 A61P21/00 A61P25/08 A61P27/02 A61P31/00 A61P35/00 A61P35/02 C07K14/47		
FI分类号	A61K45/00 A61P1/16 A61P7/00 A61P9/10 A61P13/00 A61P15/00 A61P17/16 A61P19/00 A61P21/00 A61P25/08 A61P27/02 A61P31/00 A61P35/00 A61P35/02 C07K14/47 C07K16/18 C12N1/15 C12N1/19 C12N1/21 C12P21/02.C C12Q1/68.A G01N33/15.Z G01N33/50.Z G01N33/53.M G01N33/566 C12N15/00.ZNA.A C12N5/00.A A61K37/02		
F-TERM分类号	2G045/AA34 2G045/AA35 2G045/FB02 2G045/FB03 4B024/AA01 4B024/AA11 4B024/BA80 4B024/CA04 4B024/DA02 4B024/EA02 4B024/GA11 4B024/HA12 4B024/HA15 4B063/QA19 4B063/QA20 4B063/QQ43 4B063/QR08 4B063/QR42 4B063/QR56 4B063/QS25 4B063/QS34 4B063/QX02 4B064/AG01 4B064/CA10 4B064/CA19 4B064/CC24 4B064/DA01 4B064/DA13 4B065/AA01X 4B065/AA57X 4B065/AA72X 4B065/AA90X 4B065/AA93Y 4B065/AB01 4B065/BA02 4B065/CA24 4B065/CA44 4B065/CA46 4C084/AA02 4C084/AA06 4C084/AA07 4C084/AA17 4C084/BA01 4C084/BA08 4C084/BA22 4C084/BA23 4C084/BA44 4C084/CA18 4C084/CA53 4C084/CA56 4C084/CA59 4C084/NA01 4C084/NA13 4C084/NA14 4C084/ZA062 4C084/ZA332 4C084/ZA342 4C084/ZA452 4C084/ZA512 4C084/ZA752 4C084/ZA812 4C084/ZA892 4C084/ZA942 4C084/ZA962 4C084/ZB262 4C084/ZB272 4C084/ZB352 4H045/AA10 4H045/AA11 4H045/AA20 4H045/AA30 4H045/BA10 4H045/CA40 4H045/DA75 4H045/EA20 4H045/EA50 4H045/FA72 4H045/FA74		
优先权	60/143426 1999-07-13 US		
外部链接	<a href="#">Espacenet</a>		

#### 摘要(译)

本发明提供了人LIM结构域蛋白 ( LIMD ) 和鉴定和编码LIMD的多核苷酸。 本发明还提供表达载体, 宿主细胞, 抗体, 激动剂和拮抗剂。 此外, 本发明还提供了一种用于诊断, 治疗或预防与LIMD表达有关的疾病的方法。

9 18 27 36 45 54  
 GGT ACA TAT GCG TAC ACA TAC ATG CTC GCA CAC ACC CAC ACA CTC GCA GAC TT

53 62 71 80 89 98 107  
 AAG ACA CTG CCG AAG ACA ACC TGT GGC AAC ACA ACC AAG TCA ACA GTA TGT AC

117 126 135 144 153 162 171  
 GCT TTC TCA TTT GAG GGT AAT AAG TCA TCA AAT CAT GCT TTT TCC TCA GCG TC

171 180 189 198 207 216 225  
 CAT TCT GCG CCA GGC AGT CCC TGA TTT AAT GTC TGA GTG CAC GCA GCG TAT AC

235 244 253 262 271 280 289  
 GGT GCG GAA GTG GCG GAT TCA GGC ACT GCA TCC TAA AAT AAT AAT GCT GCG GT

279 288 297 306 315 324 333  
 CCC ACC CAT CAC ABA AAT CTT GGG TTG GCA CAA GCA CAA GTA CAA CAC ACG TT

333 342 351 360 369 378 387  
 GTT AAT TGG ACG TGT GAG GCT AAT AAC TCC ACC CCC TGC AAT CCC TCA CCT CT