

(19) 日本国特許庁(JP)

(12) 特 許 公 報(B1)

(11) 特許番号

特許第5176034号

(P5176034)

(45) 発行日 平成25年4月3日(2013.4.3)

(24) 登録日 平成25年1月18日(2013.1.18)

(51) Int. Cl.

F 1

C 1 2 Q 1/68 (2006.01)

C 1 2 Q 1/68 Z N A A

C 1 2 N 15/09 (2006.01)

C 1 2 N 15/00 A

請求項の数 5 (全 36 頁)

(21) 出願番号 特願2011-252062 (P2011-252062)
 (22) 出願日 平成23年11月17日(2011.11.17)
 審査請求日 平成24年3月26日(2012.3.26)

早期審査対象出願

(73) 特許権者 595038556
 社団法人畜産技術協会
 東京都文京区湯島三丁目20番9号 細羊
 会館

(73) 特許権者 591224788
 大分県
 大分県大分市大手町3丁目1番1号

(73) 特許権者 591282205
 島根県
 島根県松江市殿町1番地

(73) 特許権者 309015019
 地方独立行政法人青森県産業技術センター
 青森県黒石市田中82番地9

最終頁に続く

(54) 【発明の名称】 ウシ個体における枝肉重量及び体高を増加させる遺伝的能力を評価する遺伝子マーカー及びそれを用いた枝肉重量及び体高に関する遺伝的能力の評価方法

(57) 【特許請求の範囲】

【請求項1】

ウシ個体における枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力の評価方法であって、
 配列番号1の塩基配列から成るウシPTPDC1 (protein tyrosine phosphatase domain containing 1) cDNAの964番目の塩基に対応する塩基を決定し、
 PTPDC1遺伝子の少なくとも一方のアレルにおいて前記塩基がGである場合、その個体の枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力が、PTPDC1遺伝子の両方のアレルにおいて前記塩基がTであるウシ個体よりも高いと評価することを特徴とする評価方法。

【請求項2】

ウシ個体における枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力の評価方法であって、
 配列番号2のアミノ酸配列から成るウシPTPDC1 (protein tyrosine phosphatase domain containing 1) タンパク質の315番目のアミノ酸に対応するアミノ酸を決定し、
 前記アミノ酸がバリンである場合、その個体の枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力が、前記アミノ酸がフェニルアラニンであるウシ個体よりも高いと評価することを特徴とする評価方法。

【請求項3】

ウシ個体における枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力を評価する遺伝子マーカーであって、

配列番号1の塩基配列から成るウシPTPDC1 (protein tyrosine phosphatase dom

ain containing 1) c D N A の 9 6 4 番目の塩基に対応する塩基を含む、P T P D C 1 遺伝子の一部または全部を有する D N A から成ることを特徴とするマーカー。

【請求項 4】

ウシ個体における枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力を評価するマーカーであって、

配列番号 2 のアミノ酸配列から成るウシ P T P D C 1 (protein tyrosine phosphatase domain containing 1) タンパク質の 3 1 5 番目のアミノ酸に対応するアミノ酸を含む、前記タンパク質の一部または全部を有するポリペプチドから成ることを特徴とするマーカー。

【請求項 5】

枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力の高いウシ個体の選択方法であって、

配列番号 1 の塩基配列から成る P T P D C 1 (protein tyrosine phosphatase domain containing 1) c D N A の 9 6 4 番目の塩基に対応する塩基を、各ウシ個体で決定する工程と、

P T P D C 1 遺伝子の少なくとも一方のアリルにおいて、前記塩基が G である個体を選択する工程とを含む選択方法。

【発明の詳細な説明】

【技術分野】

【0001】

本発明は、ウシ個体における枝肉重量及び体高を増加させる遺伝的能力を評価する遺伝子マーカー及びそれを用いた枝肉重量及び体高に関する遺伝的能力の評価方法に関する。

【背景技術】

【0002】

ウシの肉質や枝肉重量は、価格に直結する経済形質であり、これらに関する遺伝的能力をどのように評価し、ウシの改良に役立てるのかについては、育種価による方法などが考案され、用いられてきた。

【0003】

肉質、枝肉重量、及び体高は、複数の遺伝子が関与する量的形質と考えられる。もし、それらに比較的大きな影響を与える遺伝子またはゲノム領域 (Q T L) が特定でき、優良な遺伝子型の判別ができれば、それをウシの改良に利用することができる。

【0004】

これまでに、黒毛和種雄牛の父方半きょうだい家系を用いた Q T L 解析により、ウシ 8 番染色体上に体重または枝肉重量に影響を与えるゲノム領域が存在することを報告した (非特許文献 1 参照)。また、黒毛和種一般集団を用いたゲノムワイド関連解析において、上記に相当する領域に枝肉重量との関連を検出した (非特許文献 2 参照)。

【先行技術文献】

【非特許文献】

【0005】

【非特許文献 1】 高野ら (2009) 日本動物遺伝育種学会第 10 回大会要旨集、31 頁、1-05

【非特許文献 2】 西村ら (2010) 第 33 回日本分子生物学会年会要旨、3P-0810 (ポスター)

【発明の概要】

【発明が解決しようとする課題】

【0006】

しかしながら、実際に、どのような遺伝情報が優良型遺伝的形質を担っているのかわからないため、ウシ個体における枝肉重量を評価する際、遺伝子型などの遺伝情報を用いることができなかった。また、ゲノムワイド関連解析に使用したイルミナ社 BovineSNP50 BeadChip には、単独でこの Q T L を代表できる S N P が存在しなかったため、D N A マーカーとして利用することはできなかった。

10

20

30

40

50

【0007】

そこで、本発明は、遺伝子マーカーを用いてウシ個体における枝肉重量及び体高に関する遺伝的能力を評価する方法を提供することを目的とする。

【課題を解決するための手段】

【0008】

本明細書において、哺乳動物は、ヒトでもヒト以外でもよく、マウス、ラット、ウサギ、サル等の実験動物、イヌ、ネコ等のペット、ウシ、ウマ、ヒツジ、ブタ等の家畜であってもよい。

【0009】

本明細書において、塩基の位置に関する記載は特記しない限り、DNA 2重鎖のうち、センス鎖の塩基によって示す。また、塩基の位置は、例えば、ウシPTPDC1 (protein tyrosine phosphatase domain containing 1) cDNA (NM_001206596、配列番号1)の964番目というように、基準となる塩基配列中で、当該塩基配列の5'側から3'側方向に数えることで特定されているが、実際に本発明を実施する際の塩基配列中では、その塩基は、本明細書に記載のように、基準となる塩基配列中で特定した塩基に対応する位置にあればよく、その塩基が含まれるDNA上に塩基の欠失や挿入がある場合には、必ずしも塩基の位置を表わす数字まで一致する必要はない。また、タンパク質におけるアミノ酸の位置は、例えば、ウシPTPDC1タンパク質 (NP_001193525、配列番号2)の315番目のアミノ酸というように、基準となるアミノ酸配列中で、当該アミノ酸配列のN末端側からC末端側方向に数えることで特定されているが、実際に本発明を実施する際のアミノ酸配列中では、そのアミノ酸は、本明細書に記載のように、基準となるアミノ酸配列中で特定したアミノ酸に対応する位置にあればよい。

【0010】

本発明に係る評価方法は、ウシ個体における枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力の評価方法であって、配列番号1の塩基配列から成るウシPTPDC1 (protein tyrosine phosphatase domain containing 1) cDNAの964番目の塩基に対応する塩基を決定し、PTPDC1遺伝子の少なくとも一方のアレルにおいて前記塩基がGである場合、その個体の枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力が、PTPDC1遺伝子の両方のアレルにおいて前記塩基がTであるウシ個体よりも高いと評価することを特徴とする。

【0011】

本発明に係る評価方法は、ウシ個体における枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力の評価方法であって、配列番号2のアミノ酸配列から成るウシPTPDC1 (protein tyrosine phosphatase domain containing 1) タンパク質の315番目のアミノ酸に対応するアミノ酸を決定し、前記アミノ酸がバリンである場合、その個体の枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力が、前記アミノ酸がフェニルアラニンであるウシ個体よりも高いと評価することを特徴とする。

【0012】

本発明に係る単離された変異型PTPDC1遺伝子またはその一部は、配列番号1の塩基配列から成るPTPDC1 (protein tyrosine phosphatase domain containing 1) cDNAの964番目の塩基に対応する塩基を有し、当該塩基がGであることを特徴とする。

【0013】

本発明に係る単離された変異型PTPDC1タンパク質またはその一部は、配列番号2のアミノ酸配列から成るPTPDC1 (protein tyrosine phosphatase domain containing 1) タンパク質の315番目のアミノ酸に対応するアミノ酸を有し、当該アミノ酸がバリンであることを特徴とする。

【0014】

本発明に係る遺伝子マーカーは、ウシ個体における枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力を評価する遺伝子マーカーであって、配列番号1の塩基配列から成るウシPTPDC1 (protein tyrosine phosphatase domain containing 1) cDNAの964番目の

塩基に対応する塩基を含む、P T P D C 1 遺伝子の一部または全部を有する D N A から成ることを特徴とする。

【0015】

本発明に係るマーカーは、ウシ個体における枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力を評価するマーカーであって、配列番号2のアミノ酸配列から成るウシ P T P D C 1 (protein tyrosine phosphatase domain containing 1) タンパク質の315番目のアミノ酸に対応するアミノ酸を含む、前記タンパク質の一部または全部を有するポリペプチドから成ることを特徴とする。

【0016】

本発明に係る選択方法は、枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力の高いウシ個体の選択方法であって、配列番号1の塩基配列から成る P T P D C 1 (protein tyrosine phosphatase domain containing 1) c D N A の964番目の塩基に対応する塩基を、各ウシ個体で決定する工程と、P T P D C 1 遺伝子の少なくとも一方のアレルにおいて、前記塩基がGである個体を選択する工程とを含む。 10

【0017】

本発明に係る評価方法は、ウシ個体における枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力の評価方法であって、配列番号3の塩基配列から成るウシ F G D 3 (FYVE, RhoGEF and PH domain containing 3) c D N A の47番目の塩基に対応する塩基を決定し、F G D 3 遺伝子の少なくとも一方のアレルにおいて前記塩基がCである場合、その個体の枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力が、F G D 3 遺伝子の両方のアレルにおいて前記塩基がTであるウシ個体よりも高いと評価することを特徴とする。 20

【0018】

本発明に係る評価方法は、ウシ個体における枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力の評価方法であって、配列番号4のアミノ酸配列から成るウシ F G D 3 (FYVE, RhoGEF and PH domain containing 3) タンパク質の1番目のアミノ酸に対応するアミノ酸を決定し、前記アミノ酸が欠失している場合、その個体の枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力が、メチオニンであるウシ個体よりも高いと評価することを特徴とする。

【0019】

本発明に係る単離された変異型 F G D 3 遺伝子またはその一部は、配列番号3の塩基配列から成る F G D 3 (FYVE, RhoGEF and PH domain containing 3) c D N A の47番目の塩基に対応する塩基を有し、当該塩基がCであることを特徴とする。 30

【0020】

本発明に係る単離された変異型 F G D 3 タンパク質は、請求項10に記載の変異型 F G D 3 遺伝子によりコードされていることを特徴とする。

【0021】

本発明に係る単離されたウシ変異型 F G D 3 タンパク質は、配列番号4のアミノ酸配列から成る F G D 3 (FYVE, RhoGEF and PH domain containing 3) タンパク質の1～16番目のアミノ酸に対応するアミノ酸が欠失していることを特徴とする。

【0022】

本発明に係る遺伝子マーカーは、ウシ個体における枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力を評価する遺伝子マーカーであって、配列番号3の塩基配列から成るウシ F G D 3 (FYVE, RhoGEF and PH domain containing 3) c D N A の47番目の塩基に対応する塩基を含む、F G D 3 遺伝子の一部または全部を有する D N A から成ることを特徴とする。 40

【0023】

本発明に係るマーカーは、ウシ個体における枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力を評価するマーカーであって、短鎖化されたウシ変異型 F G D 3 タンパク質であって、配列番号4のアミノ酸配列から成る F G D 3 (FYVE, RhoGEF and PH domain containing 3) タンパク質の1～16番目のアミノ酸に対応するアミノ酸が欠失していることを特徴とするウシ変異型 F G D 3 タンパク質から成ることを特徴とする。 50

【0024】

本発明に係る選択方法は、枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力の高いウシ個体の選択方法であって、配列番号3の塩基配列から成るFGD3 (FYVE, RhoGEF and PH domain containing 3) cDNAの47番目の塩基に対応する塩基を、各ウシ個体において決定する工程と、FGD3遺伝子の少なくとも一方のアレルにおいて、前記塩基がCである個体を選択する工程とを含む。

【0025】

本発明に係る評価方法は、ウシ個体における枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力の評価方法であって、配列番号3の塩基配列から成るウシFGD3 (FYVE, RhoGEF and PH domain containing 3) cDNAの556番目の塩基に対応する塩基を決定し、FGD3遺伝子の少なくとも一方のアレルにおいて前記塩基がTである場合、その個体の枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力が、FGD3遺伝子の両方のアレルにおいて前記塩基がCであるウシ個体よりも高いと評価することを特徴とする。

【0026】

本発明に係る評価方法は、ウシ個体における枝肉重量、または、体高を増加させる遺伝的能力の評価方法であって、配列番号4のアミノ酸配列から成るウシFGD3 (FYVE, RhoGEF and PH domain containing 3) タンパク質の171番目のアミノ酸に対応するアミノ酸を決定し、前記アミノ酸がシステインである場合、その個体の枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力が、前記アミノ酸がヒスチジンであるウシ個体よりも高いと評価することを特徴とする。

【0027】

本発明に係る単離された変異型FGD3遺伝子またはその一部は、配列番号3の塩基配列から成るFGD3 (FYVE, RhoGEF and PH domain containing 3) cDNAの556番目の塩基に対応する塩基を有し、当該塩基がTであることを特徴とする。

【0028】

本発明に係る単離された変異型FGD3タンパク質またはその一部は、配列番号4のアミノ酸配列から成るFGD3 (FYVE, RhoGEF and PH domain containing 3) タンパク質の171番目のアミノ酸に対応するアミノ酸を有し、当該アミノ酸がシステインであることを特徴とする。

【0029】

本発明に係る遺伝子マーカーは、ウシ個体における枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力を評価する遺伝子マーカーであって、配列番号3の塩基配列から成るウシFGD3 (FYVE, RhoGEF and PH domain containing 3) cDNAの556番目の塩基に対応する塩基を含む、ウシFGD3遺伝子の一部または全部を有するDNAから成ることを特徴とする。

【0030】

本発明に係るマーカーは、ウシ個体における枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力を評価するマーカーであって、配列番号4のアミノ酸配列から成るウシFGD3 (FYVE, RhoGEF and PH domain containing 3) タンパク質の171番目のアミノ酸に対応するアミノ酸を含む、前記タンパク質の一部または全部を有するポリペプチドから成ることを特徴とする。

【0031】

本発明に係る選択方法は、枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力の高いウシ個体の選択方法であって、配列番号3の塩基配列から成るFGD3 (FYVE, RhoGEF and PH domain containing 3) cDNAの556番目の塩基に対応する塩基を、各ウシ個体で決定する工程と、FGD3遺伝子の少なくとも一方のアレルにおいて、前記塩基がTである個体を選択する工程とを含む。

【0032】

本発明に係る評価方法は、ウシ個体における枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力の評価方法であって、配列番号3の塩基配列から成るウシFGD3 (FYVE, RhoGEF and

PH domain containing 3) c D N A の 5 5 7 番目の塩基に対応する塩基を決定し、F D G 3 遺伝子の少なくとも一方のアレルにおいて前記塩基が G である場合、その個体の枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力が、F G D 3 遺伝子の両方のアレルにおいて前記塩基が A であるウシ個体よりも高いと評価することを特徴とする。

【0033】

本発明に係る単離された変異型 F G D 3 遺伝子またはその一部は、配列番号 3 の塩基配列から成る F G D 3 (FYVE, RhoGEF and PH domain containing 3) c D N A の 5 5 7 番目の塩基に対応する塩基が G であることを特徴とする。

【0034】

本発明に係る遺伝子マーカーは、ウシ個体における枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力を評価する遺伝子マーカーであって、配列番号 3 の塩基配列から成るウシ F G D 3 (FYVE, RhoGEF and PH domain containing 3) c D N A の 5 5 7 番目の塩基に対応する塩基を含む、F G D 3 遺伝子の一部または全部を有する D N A から成ることを特徴とする。

【0035】

本発明に係る選択方法は、枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力の高いウシ個体の選択方法であって、配列番号 3 の塩基配列から成る F G D 3 (FYVE, RhoGEF and PH domain containing 3) c D N A の 5 5 7 番目の塩基に対応する塩基を決定する工程と、F G D 3 遺伝子の少なくとも一方のアレルにおいて、前記塩基が G である個体を選択する工程とを含む。

【0036】

本発明に係る評価方法は、ウシ個体における枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力の評価方法であって、配列番号 5 の塩基配列から成るウシ S U S D 3 (sushi domain containing 3) c D N A の 5 3 番目の塩基に対応する塩基を決定し、F G D 3 遺伝子の少なくとも一方のアレルにおいて前記塩基が A である場合、その個体の枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力が、F G D 3 遺伝子の両方のアレルにおいて前記塩基が C であるウシ個体よりも高いと評価することを特徴とする。

【0037】

本発明に係る評価方法は、ウシ個体における枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力の評価方法であって、配列番号 6 のアミノ酸配列から成るウシ S U S D 3 (sushi domain containing 3) タンパク質の 1 8 番目のアミノ酸に対応するアミノ酸を決定し、前記アミノ酸がアスパラギン酸である場合、その個体の枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力が、前記アミノ酸がアラニンであるウシ個体よりも高いと評価することを特徴とする。

【0038】

本発明に係る単離されたウシ変異型 S U S D 3 遺伝子またはその一部は、配列番号 5 の塩基配列から成る S U S D 3 (sushi domain containing 3) c D N A の 5 3 番目の塩基に対応する塩基が A であることを特徴とする。

【0039】

本発明に係る単離されたウシ変異型タンパク質またはその一部は、ウシ変異型 S U S D 3 (sushi domain containing 3) タンパク質であって、配列番号 6 のアミノ酸配列から成る S U S D 3 (sushi domain containing 3) タンパク質の 1 8 番目のアミノ酸に対応するアミノ酸がアラニンであることを特徴とする。

【0040】

本発明に係る遺伝子マーカーは、ウシ個体における枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力を評価する遺伝子マーカーであって、配列番号 5 の塩基配列から成るウシ S U S D 3 (sushi domain containing 3) c D N A の 5 3 番目の塩基に対応する塩基を含む、S U S D 3 遺伝子の一部または全部を有する D N A から成ることを特徴とする。

【0041】

本発明に係るマーカーは、ウシ個体における枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能

力を評価するマーカーであって、配列番号6のアミノ酸配列から成るウシSUSD3 (sushi domain containing 3) タンパク質の18番目のアミノ酸に対応するアミノ酸を含む、前記タンパク質の一部または全部を有するポリペプチドから成ることを特徴とする。

【0042】

本発明に係る選択方法は、枝肉重量または体高を増加させる遺伝的能力の高いウシ個体の選択方法であって、配列番号5の塩基配列から成るSUSD3 (sushi domain containing 3) cDNAの53番目の塩基に対応する塩基を、各ウシ個体で決定する工程と、SUSD3遺伝子の少なくとも一方のアリルにおいて、前記塩基がAである個体を選択する工程とを含む。

【発明の効果】

10

【0043】

本発明によると、遺伝子マーカーを用いたウシ個体における枝肉重量及び体高に関する遺伝的能力を評価する評価方法を提供することが可能になる。

【図面の簡単な説明】

【0044】

【図1】本発明の一実施例において、配列番号1の塩基配列から成るPTPDC1 cDNAの964番目の塩基がG/Tのヘテロ接合である黒毛和種群(92頭)とT/Tのホモ接合である黒毛和種群(114頭)における、9カ月齢から24カ月齢までの体重を示したグラフである。

【図2】本発明の一実施例において、配列番号1の塩基配列から成るPTPDC1 cDNAの964番目の塩基がG/Tのヘテロ接合である黒毛和種群(92頭)とT/Tのホモ接合である黒毛和種群(114頭)における、9カ月齢から24カ月齢までの体高を示したグラフである。

20

【図3-1】本発明の一実施例において、ウシ(bPTPDC1)、ヒト(hPTPDC1 v1、hPTPDC1 v2)、マウス(mPTPDC1)、及びラット(rPTPDC1)の各PTPDC1 cDNAの塩基配列の相同性を示すアライメントである。

【図3-2】本発明の一実施例において、ウシ(bPTPDC1)、ヒト(hPTPDC1 v1、hPTPDC1 v2)、マウス(mPTPDC1)、及びラット(rPTPDC1)の各PTPDC1 cDNAの塩基配列の相同性を示すアライメントである。

【図3-3】本発明の一実施例において、ウシ(bPTPDC1)、ヒト(hPTPDC1 v1、hPTPDC1 v2)、マウス(mPTPDC1)、及びラット(rPTPDC1)の各PTPDC1 cDNAの塩基配列の相同性を示すアライメントである。

30

【図3-4】本発明の一実施例において、ウシ(bPTPDC1)、ヒト(hPTPDC1 v1、hPTPDC1 v2)、マウス(mPTPDC1)、及びラット(rPTPDC1)の各PTPDC1 cDNAの塩基配列の相同性を示すアライメントである。

【図3-5】本発明の一実施例において、ウシ(bPTPDC1)、ヒト(hPTPDC1 v1、hPTPDC1 v2)、マウス(mPTPDC1)、及びラット(rPTPDC1)の各PTPDC1 cDNAの塩基配列の相同性を示すアライメントである。

【図3-6】本発明の一実施例において、ウシ(bPTPDC1)、ヒト(hPTPDC1 v1、hPTPDC1 v2)、マウス(mPTPDC1)、及びラット(rPTPDC1)の各PTPDC1 cDNAの塩基配列の相同性を示すアライメントである。

40

【図3-7】本発明の一実施例において、ウシ(bPTPDC1)、ヒト(hPTPDC1 v1、hPTPDC1 v2)、マウス(mPTPDC1)、及びラット(rPTPDC1)の各PTPDC1 cDNAの塩基配列の相同性を示すアライメントである。

【図4】本発明の一実施例において、ウシ(bPTPDC1)、ヒト(hPTPDC1 isoform 1、hPTPDC1 isoform 2)、マウス(mPTPDC1)、及びラット(rPTPDC1)の各PTPDC1タンパク質のアミノ酸配列の相同性を示すアライメントである。

【図5-1】本発明の一実施例において、ウシ(bFGD3)、ヒト(hFGD3 v1、hFGD3 v2)、マウス(mFGD3)、及びラット(rFGD3)の各FGD3 cD

50

NA の塩基配列の相同性を示すアライメントである。

【図 5-2】本発明の一実施例において、ウシ (b F G D 3)、ヒト (h F G D 3 v 1、h F G D 3 v 2)、マウス (m F G D 3)、及びラット (r F G D 3) の各 F G D 3 c D NA の塩基配列の相同性を示すアライメントである。

【図 5-3】本発明の一実施例において、ウシ (b F G D 3)、ヒト (h F G D 3 v 1、h F G D 3 v 2)、マウス (m F G D 3)、及びラット (r F G D 3) の各 F G D 3 c D NA の塩基配列の相同性を示すアライメントである。

【図 5-4】本発明の一実施例において、ウシ (b F G D 3)、ヒト (h F G D 3 v 1、h F G D 3 v 2)、マウス (m F G D 3)、及びラット (r F G D 3) の各 F G D 3 c D NA の塩基配列の相同性を示すアライメントである。

【図 5-5】本発明の一実施例において、ウシ (b F G D 3)、ヒト (h F G D 3 v 1、h F G D 3 v 2)、マウス (m F G D 3)、及びラット (r F G D 3) の各 F G D 3 c D NA の塩基配列の相同性を示すアライメントである。

【図 6】本発明の一実施例において、ウシ (b F G D 3)、ヒト (h F G D 3)、マウス (m F G D 3)、及びラット (r F G D 3) の各 F G D 3 タンパク質のアミノ酸配列の相同性を示すアライメントである。

【発明を実施するための形態】

【0045】

以下、上記知見に基づき完成した本発明の実施の形態を、実施例を挙げながら詳細に説明する。実施の形態及び実施例に特に説明がない場合には、J. Sambrook, E. F. Fritsch & T. Maniatis (Ed.), *Molecular cloning, a laboratory manual* (3rd edition), Cold Spring Harbor Press, Cold Spring Harbor, New York (2001); F. M. Ausubel, R. Brent, R. E. Kingston, D. D. Moore, J.G. Seidman, J. A. Smith, K. Struhl (Ed.), *Current Protocols in Molecular Biology*, John Wiley & Sons Ltd.などの標準的なプロトコール集に記載の方法、あるいはそれを修飾したり、改変した方法を用いる。また、市販の試薬キットや測定装置を用いている場合には、特に説明が無い場合、それらに添付のプロトコールを用いる。

【0046】

なお、本発明の目的、特徴、利点、及びそのアイデアは、本明細書の記載により、当業者には明らかであり、本明細書の記載から、当業者であれば、容易に本発明を再現できる。以下に記載された発明の実施の形態及び具体的な実施例などは、本発明の好ましい実施態様を示すものであり、例示または説明のために示されているのであって、本発明をそれらに限定するものではない。本明細書で開示されている本発明の意図並びに範囲内で、本明細書の記載に基づき、様々な改変並びに修飾ができることは、当業者にとって明らかである。

【0047】

== P T P D C 1 遺伝子の S N P ==

ウシ野生型 P T P D C 1 遺伝子 (Gene ID: 519311) の c D N A であって、配列番号 1 (NM_001206596) の塩基配列から成るウシ野生型 P T P D C 1 c D N A の 964 番目の塩基は T (本明細書では、この塩基を野生型と称する) であるが、実施例に示すように、その塩基が G (本明細書では、この塩基を変異型と称する) である場合、そのウシ個体の枝肉重量及び／または体高が、その塩基が T であるウシ個体より増加すると判断できる。従って、ウシ P T P D C 1 遺伝子において、配列番号 1 の塩基配列から成る P T P D C 1 c D N A の 964 番目の塩基に対応する塩基 (本明細書では、その塩基を S N P 1 と称する) を決定すれば、そのウシ個体の枝肉重量及び／または体高を増加させる遺伝的能力を評価したり、枝肉の重量及び／または体高を予測したりすることができる。なお、S N P 1 は、U M D 3. 1 (Center for Bioinformatics and Computational Biology at University of Maryland) により 2009 年 12 月に公開されたウシゲノムアセンブリ) の 86808360 番目の塩基に対応する。

【0048】

10

20

30

40

50

配列番号2 (NP_001193525) のアミノ酸配列から成るウシ野生型PTPDC1タンパク質の315番目のアミノ酸はフェニルアラニン(本明細書では、このアミノ酸を野生型と称する)であるが、配列番号1の塩基配列から成るウシPTPDC1cDNAの964番目に対応する塩基がGであるウシ変異型PTPDC1遺伝子は、配列番号2のアミノ酸配列から成るウシPTPDC1タンパク質の315番目に対応するアミノ酸がバリン(本明細書では、このアミノ酸を変異型と称する)であるウシ変異型PTPDC1タンパク質をコードする。従って、あるウシ個体のゲノムDNAにおいて、配列番号1の塩基配列から成るPTPDC1cDNAの964番目の塩基に対応する塩基を決定する方法として、そのウシ個体が発現しているタンパク質において、配列番号2のアミノ酸配列からなるウシPTPDC1タンパク質の315番目のアミノ酸に対応するアミノ酸(本明細書では、そのアミノ酸をAA1と称する)を決定してもよい。そのアミノ酸がバリンである場合、そのウシ個体の枝肉重量及び/または体高が、AA1がフェニルアラニンであるウシ個体より増加すると判断できる。

【0049】

ここで、PTPDC1遺伝子のコード領域の塩基配列は哺乳動物において高度に保存されており、SNP1及びAA1も哺乳動物において保存されている。従って、ウシ以外の哺乳動物においても、SNP1またはAA1を決定することで、その動物個体の枝肉重量及び/または体高を増加させる遺伝的能力を評価したり、枝肉重量及び/または体高を予測したりすることができる。

【0050】

==FGD3遺伝子のSNP==

ウシ野生型FGD3遺伝子(Gene ID: 512950)のcDNAであって、配列番号3 (NM_001024527)の塩基配列から成るウシ野生型FGD3cDNAの47番目の塩基はT(本明細書では、この塩基を野生型と称する)であるが、あるウシ個体において、その塩基がC(本明細書では、この塩基を変異型と称する)である場合、そのウシ個体の枝肉重量及び/または体高が、その塩基がTであるウシ個体より増加すると判断できる。また、ウシ野生型FGD3遺伝子(Gene ID: 512950)のcDNAであって、配列番号3の塩基配列から成るウシ野生型FGD3cDNAの556番目の塩基はC(本明細書では、この塩基を野生型と称する)であるが、あるウシ個体において、その塩基がT(本明細書では、この塩基を変異型と称する)の場合、そのウシ個体の枝肉重量及び/または体高が、その塩基がCであるウシ個体より増加すると判断できる。さらに、ウシ野生型FGD3遺伝子(Gene ID: 512950)のcDNAであって、配列番号3の塩基配列から成るウシ野生型FGD3cDNAの557番目の塩基はA(本明細書では、この塩基を野生型と称する)であるが、あるウシ個体において、その塩基がG(本明細書では、この塩基を変異型と称する)の場合、そのウシ個体の枝肉重量及び/または体高が、その塩基がAであるウシ個体より増加すると判断できる。従って、ウシFGD3遺伝子において、配列番号3の塩基配列からなるFGD3cDNAの47番目の塩基に対応する塩基(本明細書では、その塩基をSNP2と称する)、556番目の塩基に対応する塩基(本明細書では、その塩基をSNP3と称する)、または、557番目の塩基に対応する塩基(本明細書では、その塩基をSNP4と称する)を決定すれば、そのウシ個体の枝肉重量及び/または体高を増加させる遺伝的能力を評価したり、枝肉重量及び/または体高を予測したりすることができる。なお、SNP2は、UMD3.1の85820133番目の塩基に対応し、SNP3は、UMD3.1の85826989番目の塩基に対応し、SNP4は、UMD3.1の85826990番目の塩基に対応する。

【0051】

配列番号4 (NP_001019698)のアミノ酸配列から成るウシ野生型FGD3タンパク質の1番目のアミノ酸はメチオニン(本明細書では、このアミノ酸を野生型と称する)であるが、配列番号3の配列番号から成るウシFGD3cDNAの47番目に対応する塩基がCであるウシ変異型FGD3遺伝子においては、メチオニンをコードする開始

10

20

30

40

50

コドンがスレオニンをコードするコドンになり、このウシ変異型 F G D 3 遺伝子の次の開始コドンまでアミノ酸の翻訳が開始されないため、配列番号 4 のアミノ酸配列から成るウシ F G D 3 タンパク質の 1 番目のアミノ酸に対応するアミノ酸は翻訳されず欠失する。従って、あるウシ個体において、配列番号 3 の塩基配列から成る F G D 3 c D N A の 4 7 番目の塩基に対応する塩基を決定する一つの方法として、配列番号 4 のアミノ酸配列から成るウシ F G D 3 タンパク質の 1 番目のアミノ酸に対応するアミノ酸（本明細書では、そのアミノ酸を A A 2 と称する）が欠失しているかどうかを決定してもよい。そのウシ個体で、A A 2 が欠失している場合、枝肉重量及び／または体高が、A A 2 がメチオニンであるウシ個体より増加すると判断できる。

【0052】

または、A A 2 が欠失しているかどうかを決定する代わりに、そのウシ個体の F G D 3 タンパク質が、A A 2 が欠失した時に生じる変異型 F G D 3 タンパク質であるかどうかを調べてもよい。ここで、野生型の A A 2 であるメチオニンは、配列番号 3 の塩基配列から成るウシ F G D 3 c D N A の 4 6 ～ 4 8 番目の塩基から構成される開始コドン（A T G）によりコードされている。S N P 2 が C であるウシ変異型 F G D 3 遺伝子では、この A T G は A C G となり、この変異型 F G D 3 遺伝子は、その c D N A の 9 4 ～ 9 6 番目の塩基から構成されるコドンまで開始コドンを有さない。そのため、このウシ変異型 F G D 3 遺伝子によりコードされるウシ変異型 F G D 3 タンパク質は、ウシ野生型 F G D 3 タンパク質の 1 ～ 1 6 番目のアミノ酸が欠失したタンパク質となる。一方、ウシ野生型 F G D 3 遺伝子によりコードされるタンパク質は、N 末端側から 3 番目のアミノ酸がプロリンであるが、前述のようにウシ野生型 F G D 3 タンパク質の 1 ～ 1 6 番目のアミノ酸が欠失したウシ変異型 F G D 3 タンパク質の N 末端側から 3 番目のアミノ酸はグルタミン酸である。よって、ウシ個体の F G D 3 タンパク質が、変異型 F G D 3 タンパク質であるかどうかを調べる一つの方法として、F G D 3 タンパク質の N 末端から 3 番目のアミノ酸を決定してもよい。そして、そのウシ個体で、N 末端から 3 番目のアミノ酸がプロリンであるとき、枝肉重量及び／または体高が、そのアミノ酸がグルタミン酸であるウシ個体より増加すると判断できる。

【0053】

また、配列番号 4 のアミノ酸配列から成るウシ野生型 F G D 3 タンパク質の 1 7 1 番目のアミノ酸はヒスチジン（本明細書では、このアミノ酸を野生型と称する）であるが、配列番号 3 の塩基配列から成るウシ F G D 3 c D N A の 5 5 6 番目と 5 5 7 番目に対応する塩基がそれぞれ T と G であるウシ変異型 F G D 3 遺伝子は、配列番号 4 のアミノ酸配列から成るウシ F G D 3 タンパク質の 1 7 1 番目のアミノ酸がシステイン（本明細書では、このアミノ酸を変異型と称する）であるウシ変異型 F G D 3 タンパク質をコードする。従って、あるウシ個体において、配列番号 3 の塩基配列から成る F G D 3 c D N A の 5 5 6 番目の塩基と 5 5 7 番目の塩基に対応する塩基を決定する一つの方法として、配列番号 4 のアミノ酸配列から成るウシ F G D 3 タンパク質の 1 7 1 番目のアミノ酸に対応するアミノ酸（本明細書では、そのアミノ酸を A A 3 と称する）を決定してもよい。そのアミノ酸がシステインである場合、枝肉重量及び／または体高が、A A 3 がヒスチジンであるウシ個体より増加すると判断できる。

【0054】

ここで、F G D 3 遺伝子のコード領域の塩基配列は哺乳動物において高度に保存されており、S N P 2、S N P 3、S N P 4、A A 2、及び A A 3 も哺乳動物において保存されている。従って、ウシ以外の哺乳動物においても、S N P 2、S N P 3、S N P 4、A A 2 及び A A 3 のうちいずれか 1 つ以上を決定することで、その動物個体の枝肉重量及び／または体高を増加させる遺伝的能力を評価したり、枝肉重量及び／または体高を予測したりすることができる。

【0055】

なお、ウシ以外の哺乳動物においても、S N P 2 が C である変異型 F G D 3 遺伝子は、A A 2 が欠失した変異型 F G D 3 タンパク質をコードする。よって、ウシ以外の哺乳動物

においても、AA2自体を決定する代わりに、その個体のFGD3タンパク質が、変異型FGD3タンパク質であるかどうかを調べてもよい。

【0056】

==SUSD3遺伝子のSNP==

ウシ野生型SUSD3遺伝子(Gene ID: 512524)のcDNAであって、配列番号5(XM_002689847)の塩基配列から成るウシ野生型SUSD3cDNAの53番目の塩基はC(本明細書では、この塩基を野生型と称する)であるが、その塩基がA(本明細書では、この塩基を変異型と称する)である場合、そのウシ個体の枝肉重量及び/または体高が、その塩基がCであるウシ個体より増加すると判断できる。従って、ウシSUSD3遺伝子において、配列番号5の塩基配列から成るSUSD3cDNAの53番目の塩基に対応する塩基(本明細書では、その塩基をSNP5と称する)を決定すれば、そのウシ個体の枝肉重量及び/または体高を増加させる遺伝的能力を評価したり、枝肉重量及び/または体高を予測したりすることができる。なお、SNP5は、UMD3.1の85867544番目の塩基に対応する。

【0057】

配列番号6(XP_002689893)のアミノ酸配列から成るウシ野生型SUSD3タンパク質の18番目のアミノ酸はアラニン(本明細書では、このアミノ酸を野生型と称する)であるが、配列番号5の塩基配列から成るウシSUSDcDNAの53番目に対応する塩基がAであるウシ変異型SUSD3遺伝子は、配列番号6のアミノ酸配列から成るウシSUSD3タンパク質の18番目のアミノ酸がアスパラギン酸(本明細書では、このアミノ酸を変異型と称する)であるウシ変異型SUSD3タンパク質をコードする。従って、配列番号5の塩基配列から成るSUSD3cDNAの53番目の塩基に対応する塩基を決定する一つの方法として、配列番号6のアミノ酸配列から成るウシSUSD3タンパク質の18番目のアミノ酸に対応するアミノ酸(本明細書では、そのアミノ酸をAA4と称する)を決定してもよい。そのアミノ酸がアスパラギン酸である場合、枝肉重量及び/または体高が、AA4がアラニンであるウシ個体より増加すると判断できる。

【0058】

==マーカー==

本発明において、ウシ個体の枝肉重量及び/または体高を増加させる遺伝的能力の評価、または、ウシ個体の枝肉重量及び/または体高の予測のためのマーカーは、SNP1を検出するためのPTPDC1遺伝子関連物質、SNP2を検出するためのFGD3遺伝子関連物質、SNP3を検出するためのFGD3遺伝子関連物質、SNP4を検出するためのFGD3遺伝子関連物質、あるいは、SNP5を検出するためのSUSD3遺伝子関連物質である。遺伝子関連物質には、ゲノムDNA、転写産物であるhnRNA、mRNA、cDNA、翻訳物であるポリペプチド、様々な修飾を受けた最終産物であるタンパク質などが含まれる。

【0059】

ここで、前述のように、哺乳動物において、PTPDC1の遺伝子のコード領域の塩基配列は高度に保存され、SNP1及びAA1も保存されている。よって、ウシ以外の哺乳動物においても、SNP1を検出するためのPTPDC1遺伝子関連物質を、その哺乳動物の枝肉重量及び/または体高を評価するためのマーカーとして使用できる。

【0060】

また、前述のように、哺乳動物においてFGD3の遺伝子のコード領域の塩基配列は高度に保存され、SNP2、SNP3、SNP4、AA2、及びAA3も保存されている。よって、ウシ以外の哺乳動物においても、SNP2、及びSNP3を検出するためのFGD3遺伝子関連物質を、その哺乳動物の枝肉重量及び/または体高を評価するためのマーカーとして使用できる。

【0061】

なお、SNP2がCである変異型FGD3遺伝子は、AA2が欠失した変異型FGD3タンパク質をコードする。従って、SNP2またはAA2を検出するためのFGD3遺伝

子関連物質は、SNPがCであるFGD3遺伝子によりコードされる変異型FGD3タンパク質であってもよい。なお、AA2が欠失したタンパク質は、その野生型FGD3タンパク質と比較して短鎖化されるが、欠失するアミノ酸の個数により限定されない。変異型FGD3タンパク質がその哺乳動物の野生型FGD3タンパク質と比較してどのくらい短鎖化されているかは、例えばGenBankをはじめとする遺伝子データバンクに登録されたその哺乳動物のFGD3遺伝子の塩基配列を基にして、SNP2がCに変異した場合に何個のアミノ酸が欠失するかを推定することができ、このような短鎖化された変異型FGD3タンパク質として、例えば、ウシの場合では、ウシ野生型FGD3タンパク質の1～16番目のアミノ酸に対応するアミノ酸が欠失した変異型タンパク質、ヒトの場合では、ヒト野生型FGD3タンパク質の1～18番目のアミノ酸に対応するアミノ酸が欠失した変異型タンパク質、マウス及びラットでは、マウス／ラット野生型FGD3タンパク質の1～64番目のアミノ酸に対応するアミノ酸が欠失した変異型タンパク質が挙げられる。

10

【0062】

マーカーがゲノムDNAやcDNAなどのDNAの場合、上記SNPを検出するためには、SNPを有する塩基を決定できればよい。具体的には、塩基配列を直接決定してもよく、PCRを利用してよく、RFLPを利用してよく、特に検出方法は限定されない。

【0063】

マーカーがPTPDC1遺伝子、FGD3遺伝子、または、SUSD3遺伝子の転写産物であるhnRNAやmRNAである場合も、RNA配列を決定することにより、SNPを検出できる。

20

【0064】

これらSNPを直接検出する場合、配列を決定する核酸(DNA、RNA)には遺伝子やcDNAなどの全体が含まれる必要はなく、それらのゲノムDNAやcDNAの一部であってもよく、すなわち、SNP1～SNP5のいずれかが含まれ、その塩基を決定することができれば十分である。

【0065】

マーカーがPTPDC1タンパク質、FGD3タンパク質、または、SUSD3タンパク質などのペプチドの場合、上記変異を検出するためには、常法によって、変異を有するアミノ酸を直接決定してもよい。この変異を直接検出する場合、配列を決定するペプチドにはそれらのタンパク質全体が含まれる必要はなく、部分ペプチドであってもよく、AA1～AA4のいずれかが含まれ、そのアミノ酸を決定することができれば十分である。

30

【0066】

また、マーカーがSNP2がCである変異型FGD3遺伝子によりコードされる変異型FGD3タンパク質である場合、この変異型FGD3タンパク質を検出するためには、その哺乳動物個体から単離したタンパク質のアミノ酸配列を全て決定してもよいが、この変異型FGD3タンパク質は野生型FGD3タンパク質と比較して短鎖化されているから、ウエスタンブロット法などで解析し、そのFGD3タンパク質が短鎖化されているかどうかを調べてもよい。この際、検出したFGD3タンパク質が短鎖化された変異型FGD3タンパク質であることは、野生型FGD3タンパク質を対照として比較することにより判断してもよく、あるいは、その分子量が、遺伝子データバンクに登録されたFGD3遺伝子の情報から推定される範囲でアミノ酸の欠失が生じたタンパク質の分子量に相当するかどうかなどにより判断してもよい。あるいは、ウシ野生型FGD3タンパク質は、N末端側から3番目のアミノ酸がプロリンであるが、ウシ変異型FGD3タンパク質のN末端側から3番目のアミノ酸はグルタミン酸であるから、FGD3タンパク質のN末端から3番目のアミノ酸を決定することによって、ウシ変異型FGD3タンパク質を検出してもよい。

40

【0067】

==枝肉重量に関する遺伝的能力の評価方法==

50

哺乳動物の枝肉重量に関する遺伝的能力は、SNP 1～SNP 5やAA 1～AA 4を決定し、その個体のジェノタイプを決めることによって評価できる。ここで、評価対象の哺乳動物は特に限定されず、ヒトでもヒト以外でもよく、マウス、ラット、ウサギ、サル等の実験動物、イヌ、ネコ等のペット、ウシ、ウマ、ヒツジ、ブタ等の家畜であってもよいが、ウシであることが好ましく、*Bos taurus*種のウシであることが最も好ましい。

【0068】

各SNPの種類は、分子生物学的手法によって決定すればよく、例えば、哺乳動物の細胞からゲノムDNAやmRNAを抽出し、SNPの塩基を常法によって決定すればよい。

【0069】

ある個体においてSNP 1がGのホモ接合またはG/Tのヘテロ接合であれば、その個体の枝肉重量及び／または体高を増加させる遺伝的能力は、Tのホモ接合の個体より高いと評価し、枝肉の重量が重くかつ／または体高が高いと予測できる。 10

【0070】

SNP 2がCのホモ接合またはC/Tのヘテロ接合であれば、その個体の枝肉重量及び／または体高を増加させる遺伝的能力は、Tのホモ接合の個体より高いと評価し、枝肉の重量が重く、かつ／または体高が高いと予測できる。

【0071】

SNP 3がTのホモ接合またはT/Cのヘテロ接合であれば、その個体の枝肉重量及び／または体高を増加させる遺伝的能力は、Cのホモ接合の個体より高いと評価し、枝肉の重量が重く、かつ／または体高が高いと予測できる。 20

【0072】

SNP 4がGのホモ接合またはG/Aのヘテロ接合であれば、その個体の枝肉重量及び／または体高を増加させる遺伝的能力は、Aのホモ接合の個体より高いと評価し、枝肉の重量が重く、かつ／または体高が高いと予測できる。

【0073】

SNP 5がAのホモ接合またはA/Cのヘテロ接合であれば、その個体の枝肉重量及び／または体高を増加させる遺伝的能力は、Cのホモ接合の個体より高いと評価し、枝肉の重量が重く、かつ／または体高が高いと予測できる。

【0074】

AA 1～AA 4も、例えば、抗体等を用いて哺乳動物の細胞からPTPDC1タンパク質、FGD3タンパク質、または、SUSD3タンパク質を精製し、常法に従って、アミノ酸配列を決定すればよい。 30

【0075】

AA 1がバリンであれば、その個体の枝肉重量及び／または体高を増加させる遺伝的能力は、AA 1がフェニルアラニンである個体より高いと評価し、枝肉の重量は重く、かつ／または体高が高いと予測できる。

【0076】

AA 2が欠失していれば、その個体の枝肉重量及び／または体高を増加させる遺伝的能力は、AA 2がメチオニンである個体より高いと評価し、枝肉の重量は重く、かつ／または体高が高いと予測できる。 40

【0077】

または、AA 2が欠失しているかどうかを決定する一つの方法として、SNP 2がCである変異型FGD3遺伝子によりコードされる変異型FGD3タンパク質の検出を用いた場合は、ある個体で変異型FGD3タンパク質の発現が検出できれば、その個体の枝肉重量及び／または体高を増加させる遺伝的能力は、野生型FGD3タンパク質を発現する個体より高いと評価し、枝肉の重量は重く、かつ／または体高が高いと予測できる。

【0078】

AA 3がシステインであれば、その個体の枝肉重量及び／または体高を増加させる遺伝的能力は、AA 3がヒスチジンである個体より高いと評価し、枝肉の重量は重く、かつ／または体高が高いと予測できる。 50

【0079】

AA4がアスパラギン酸であれば、その個体の枝肉重量及び／または体高を増加させる遺伝的能力は、AA4がアラニンである個体より高いと評価し、枝肉の重量は重く、かつ／または体高が高いと予測できる。

【0080】

==選択方法==

本発明に係る枝肉重量及び／または体高を増加させる遺伝的能力の評価方法を用いて、哺乳動物の個体群の中から、枝肉重量、かつ／または体高を増加させる遺伝的能力の高い個体を選択することができる。

【0081】

すなわち、各個体で、SNP1を決定し、少なくとも一方のアリルで、その塩基がGである個体を選択すること、またはPTPDC1タンパク質のAA1を決定し、そのアミノ酸がバリンである変異型PTPDC1タンパク質を有する個体を選択することにより、枝肉重量が重く、かつ／または体高が高い個体を選択することができる。

【0082】

または、各個体で、SNP2を決定し、少なくとも一方のアリルで、その塩基がCである個体を選択すること、FGD3タンパク質のAA2が欠失している変異型FGD3タンパク質を有する個体を選択すること、または、SNP2がCである変異型FGD3遺伝子によりコードされる変異型FGD3タンパク質の発現を調べ、変異型FGD3タンパク質を発現する個体を選択することにより、枝肉重量が重く、かつ／または体高が高い個体を選択することができる。

【0083】

各個体で、SNP3を決定し、少なくとも一方のアリルで、その塩基がTである個体を選択すること、または、SNP4を決定し、少なくとも一方のアリルで、その塩基がGである個体を選択すること、あるいは、FGD3タンパク質のAA3を決定し、そのアミノ酸がシステインである変異型FGD3タンパク質を有する個体を選択することにより、枝肉重量が重く、かつ／または体高が高い個体を選択することができる。

【0084】

各個体で、SNP5を決定し、少なくとも一方のアリルで、その塩基がAである個体を選択すること、またはSUSD3タンパク質のAA4を決定し、そのアミノ酸がアスパラギン酸である変異型SUSD3タンパク質を有する個体を選択することにより、枝肉重量が重く、かつ／または体高が高い個体を選択することができる。

【実施例】

【0085】

以下、実施例及び図を用いてより詳細に説明する。

〔1〕DNAの抽出及びSNPのタイピング方法

ゲノムDNAは、精液、腎周囲脂肪もしくは血液より常法により抽出した。目的とするゲノム断片を特異的に増幅できるプライマーを用いて、PCR法により該当ゲノム領域を増幅した。

SNPについては、Big Dye Terminator v.3.1 Cycle Sequencing Kit (アプライドバイオシステムズ社)を用いてPCR増幅産物のダイレクトシーケンシングを行うことによって配列を決定し、SNPの検出及びタイピングを行った。

【0086】

〔2〕枝肉の重量の測定方法

枝肉重量は、屠場に出荷された黒毛和種個体の枝肉の格付け成績を用いた。

【0087】

〔3〕遺伝子マーカー

==遺伝子マーカーと枝肉重量の相関==

2000年から2008年までに2つの市場で収集した約2万頭の黒毛和種の去勢牛サンプルの枝肉重量の値を、出荷月齢、出荷年度、市場について線形回帰により補正して、

補正枝肉重量値を算出した。その補正枝肉重量値が上位 15% である個体、下位 15% である個体をそれぞれ抽出した。さらに、上位、下位の各群内に父方半きょうだい個体を複数含まないように個体を選択し、上位 142 個体を上位群、下位 145 個体を下位群として用いた。

【0088】

PTPDC1 遺伝子における SNP 1、FGD3 遺伝子における SNP 2、3、4、SUSD3 遺伝子における SNP 5 の各 SNP を、表 1 に示すプライマー（配列番号 7～16）を用いてタイピングし、BovineSNP50 BeadChip（イルミナ社）を用いて得られた各 SNP の遺伝子型と合わせて、EMMAXソフトウェア（Kang et al. (2010) Nature Genetics 42: 348-354. 参照）を用いて混合モデルによる関連解析を行った。その際、出荷月齢、出荷年度、市場を共変量とした。

【表 1】

SNP 番号	Forward プライマー	配列 番号	Reverse プライマー	配列 番号
SNP 1	AATGACTGCTGACCAAGCAA	7	CAATTTGCAAACAAGGTGGA	12
SNP 2	GCAGCTGCATGTTGACTTTC	8	GTTGCTCCAGGGAGGAGTTA	13
SNP 3	GGTCATCCCTGGTATGCAGT	9	CAAGGCCTAGCCAATGCTAA	14
SNP 4	GGTCATCCCTGGTATGCAGT	10	CAAGGCCTAGCCAATGCTAA	15
SNP 5	CCTTGAAGATGACTAATGCAGCTA	11	TTGCAAGACCAAGTGTGCTC	16

【0089】

表 2 に示す様に、5 個全ての SNP は、ウシ個体の枝肉重量と強い相関を有する。

【表 2】

SNP 番号	SNP 名称	遺伝子	基準 cDNA 配列	基準 cDNA 上の位置	q ア リル の 塩 基 (野 生 型)	Q ア リル の 塩 基 (変 異 型)	UMD3.1 上 の位置 (bp)	検定 (P)
SNP 1	PTPDC1_e6_FV	PTPDC1	NM_001206596	配列番号 1 の 964 番目	T	G	86,808,380	6.26E-07
SNP 2	FGD3_e1_M-	FGD3	NM_001024527	配列番号 3 の 47 番目	T	C	85,820,133	6.05E-07
SNP 3	FGD3_e2_HC	FGD3	NM_001024527	配列番号 3 の 556 番目	C	T	85,826,989	6.05E-07
SNP 4	FGD3_e2_HC	FGD3	NM_001024527	配列番号 3 の 557 番目	A	G	85,826,990	6.05E-07
SNP 5	SUSD3_e1	SUSD3	XM_002689847	配列番号 5 の 53 番目	C	A	85,867,544	6.05E-07

【0090】

この結果は、SNP 1～SNP 5 のそれぞれは、ウシ個体の枝肉重量を増加させる遺伝的能力の評価、ウシ個体の枝肉重量の予測のためのマーカーとして用いることができることを示す。

【0091】

なお、これまでにウシ PTPDC1 遺伝子、ウシ FGD3 遺伝子、及びウシ SUSD3 遺伝子について、ウシの枝肉重量をはじめ、ウシの体重や体格と関連するとの報告はなか

った。

【0092】

== 遺伝子マーカーを用いた枝肉重量の評価の検証 ==

約2万頭の黒毛和種の去勢ウシ集団から、1236頭をランダムに抽出し、PTPDC1遺伝子のcDNAの964番目の塩基(SNP1)による枝肉重量の評価を行った。なお、抽出に際し、半きょうだいは3頭以下とした。また、枝肉重量の値は、出荷月齢、出荷年度、市場について、抽出前の2万頭のウシ集団において線形回帰により補正した値を用いた。

【0093】

SNP1、個体数、枝肉重量の値を表3に示す。

10

【表3】

SNP1の 遺伝子型	個体数	枝肉重量の平均値 ¹⁾ ±標準偏差
TT	994	458.4 ± 44.8
GT	239	483.0 ± 44.7
GG	3	490.6 ± 28.9
総計	1236	463.3 ± 45.84

¹⁾母集団(約2万頭)において、出荷月齢、出荷年度、市場により補正した枝肉重量の値を用いた。

【0094】

このウシ個体集団において、SNP1の塩基がGである頻度は9.9%であった。また、SNP1の塩基がG/Tである場合に、ウシ個体の枝肉重量は、SNP1の塩基がT/Tであるウシ個体と比較して平均値で24.6kg増加していた。また、相加モデルでSNP1の遺伝子型を枝肉重量に対して線形回帰を行うと、SNP1のアリル置換効果は24.1±3.1kg、枝肉重量の全分散の4.4%を説明すると推定された。

【0095】

以上の結果は、上記「遺伝子マーカーと枝肉重量の相関」で示したSNPが、別のウシ個体群においても枝肉重量を増加させる遺伝的能力の評価、及び、枝肉重量の予測に用いることができることを示している。

30

【0096】

== 遺伝子マーカーとウシ個体の体重及び体高との相関 ==

黒毛和種の去勢ウシ236頭(種雄牛候補のウシ31頭について、各ウシの産子6~8頭ずつ)について、成長を追って体重及び体高を測定した。なお、体重、体高の表現型値は、直近の前後の測定値を用いて線形補間による回帰分析で算出した。その後、PTPDC1遺伝子のcDNAの964番目の塩基(SNP1)を決定し、SNP1の塩基と、体重及び体高との相関を解析した。

【0097】

SNP1については、G/Tのヘテロ接合であるウシ個体が92頭、T/Tのホモ接合であるウシ個体が114頭であった。G/Gのホモ接合であるウシ個体は1頭いたが、解析はこの1頭を除いて行った。

40

【0098】

図1、2に示す様に、体重、体高について、9カ月齢から24カ月齢までを通した全期間において、G/T群はT/T群より有意に値が高かった(P<0.001(体重)、P<0.01(体高)、t検定)。

【0099】

以上の結果は、上記「遺伝子マーカーと枝肉重量の相関」で示したSNPを、別のウシ個体群においても体重及び体高の評価に用いることができることを示している。体重及び体高は枝肉重量に強く関連する体格のパラメータであるが、このSNPは、体高自体にも

50

相関があることが示された。よって、このSNPは、体高を高くする遺伝的能力の評価及び体高の予測に用いることもできる。

【0100】

〔4〕哺乳動物におけるPTPDC1及びFGD3の相同性

GenBankに登録されているウシ、ヒト、マウス、及びラットの野生型PTPDC1 cDNA、野生型PTPDC1タンパク質、野生型FGD3 cDNA、及び野生型FGD3タンパク質（表4）について、Genetix-Mac（Genetix社）を使用して塩基配列またはアミノ酸配列のアライメントを作成した。

【表4】

	PTPDC1				FGD3			
	cDNA	配	タンパク質	配	cDNA	配	タンパク質	配
		列		列		列		列
		番号		番号		番号		番号
ウシ(Bos taurus)	NM_001206596	1	NP_001193525	2	NM_001024527	3	NP_001019698	4
ヒト(Homo sapiens)	NM_152422	17	NP_689635.3	21	NM_001083536	25	NP_001077005	29
	NM_177995	18	NP_818931	22	NM_033086	26		
マウス(Mus musculus)	NM_207232	19	NP_997115	23	NM_015759	27	NP_056574	30
ラット(Rattus norvegicus)	NM_001106104	20	NP_001099574	24	NM_001108409	28	NP_001101879	31

【0101】

図3-1～3-7、図4、5-1～5-5、6に示すように、PTPDC1 cDNAの塩基配列、PTPDC1タンパク質のアミノ酸配列、FGD3 cDNAの塩基配列、及びFGD3タンパク質のアミノ酸配列は、それぞれ、ウシ、ヒト、マウス、及びラットの動物種間で高い相同性がある。

30

【0102】

特に、野生型PTPDC1 cDNAの塩基配列においてSNP1が、また、野生型PTPDC1タンパク質のアミノ酸配列においてAA1が、哺乳動物種間で保存されている（図3-1～3-7、4）。また、野生型FGD3 cDNAの塩基配列においてSNP2、SNP3及びSNP4が哺乳動物種間で保存されている（図5-1～5-5）。さらに、野生型FGD3タンパク質のアミノ酸配列において、AA2及びAA3が哺乳動物種間で保存されている（図6）。

【0103】

従って、SNP1、SNP2、SNP3、SNP4、AA1、AA2、AA3は、ウシ以外の哺乳動物においても、枝肉重量を増加させる遺伝的能力や体高を高くする遺伝的能力を評価及び予測することに用いることができる。

40

【要約】

【課題】ウシ個体における枝肉重量、または、体高を増加させる遺伝的能力を評価する遺伝子マーカー、及び、そのマーカーを用いた評価方法を提供すること。

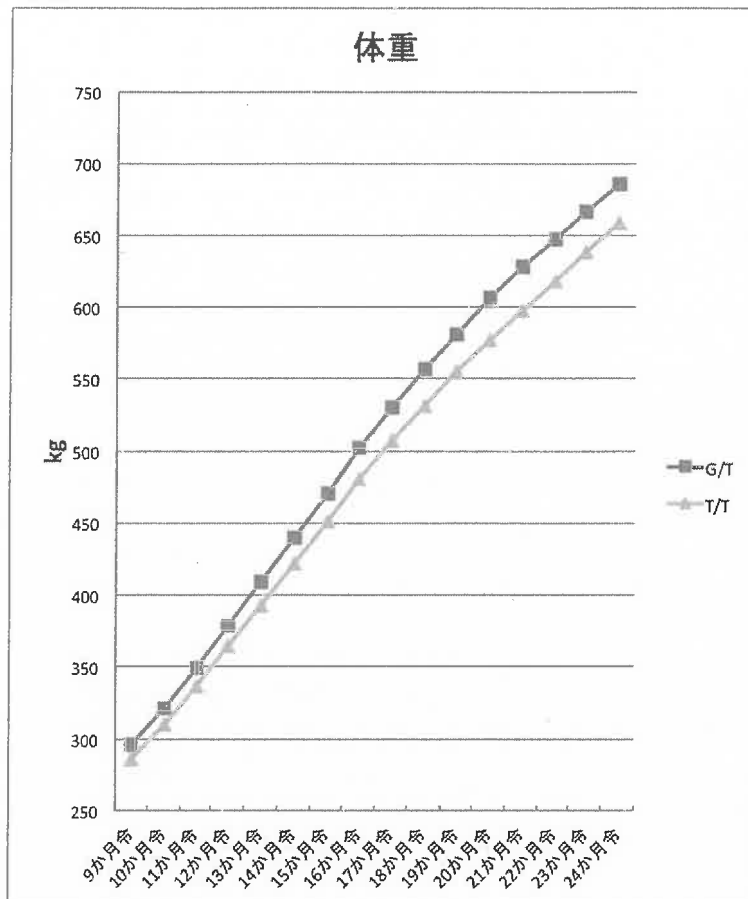
【解決手段】配列番号1の塩基配列から成るウシPTPDC1遺伝子のcDNAの964番目の塩基に対応する塩基、配列番号2の塩基配列から成るFGD3遺伝子のcDNAの47番目、556番目、または、557番目の塩基に対応する塩基、あるいは、配列番号3の塩基配列から成るウシSUSD3遺伝子のcDNAの53番目の塩基に対応する塩基を決定し、順に、G、C、T、G、Aである時に、そのウシ個体の枝肉重量、または、体高を増加させる遺伝的能力が、各塩基が野生型であるウシ個体より高いと評価し、枝肉の

50

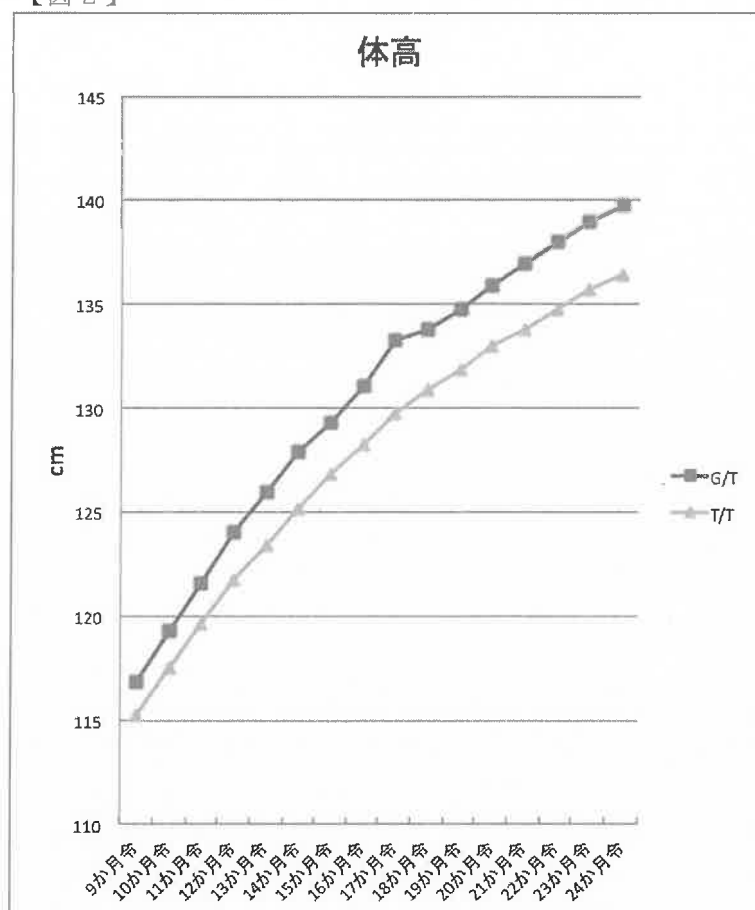
重量が重く、体高が高いと予測する。

【選択図】なし

【図 1】



【図 2】



【図 3 - 1】

[GENETYX-MAC: Multiple-Alignment]
Date : 2011.11.11

bPTPDC1(NM_001206596).seq	1	-----	1
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	1	-----	1
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	1	GGGCGGCGCGCTGAGGGCAGCGCCGGGACCGGCTCAGCAGGGCGCCCCGCCACGG	60
mPTPDC1(NM_207232).seq	1	-----	1
rPTPDC1(NM_001106104).seq	1	-----	1
bPTPDC1(NM_001206596).seq	1	-----	1
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	1	-----AGTGAAGATT	10
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	61	GGAGCAGCCAGCGCTCGCCCCAGGACGTTGTCCGCGGGCTGGGCTGGGACCCCTCG	120
mPTPDC1(NM_207232).seq	1	-----	1
rPTPDC1(NM_001106104).seq	1	--AGTGGCGCGTCCGCGCGCCAGAGGAGACGTTGTGTGG--CGCGCCCGCGGGGAGTC	56
bPTPDC1(NM_001206596).seq	1	-----ACATCTCAGTGAACCTCATCATGAGCAGCTGGGCTGACATCT	46
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	11	CCCT-ACTGAGTCACTGGGGCTG-ACCTCTCC-TGGCTCCGGCTCTTCCCTCCAGTGCC	67
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	121	CCCTCAGGCGCGCTCGGAGCAGCGGGATCGGTCCCTCTCTGAGGTCGCGAGAGCG	180
mPTPDC1(NM_207232).seq	1	-----CGCGCTTGGCGGGAGTCTCTCTCTCAGAGGCGCGCGGAGGCC	47
rPTPDC1(NM_001106104).seq	57	CCCT--TCTTA-GAGCGCGCGGGGAGGC-CGCGCTCTGTAGCGGTTCGCAATAGC	111
bPTPDC1(NM_001206596).seq	47	CGCTTCCACTCTCTCTCTCTGGAGCCCACTCCATCAGGATCCAGCCGAGGCTCT	106
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	68	ATGCAGCTTCAGGATGCAACAGGCGGCGCTCAG-CCGTGCGCTTCTCTCACTCTCTCT	126
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	181	-TCCCTTCGG-CCCTCTACCTACACCTCCG-CCGGCAGCGCTCTCGGGCGGCGCG	237
mPTPDC1(NM_207232).seq	48	GGCGCTTCGG-CAAGCCACCGCTCGGAGCCCGCTCAGCAGCGCGCG-GGCGCGCGCG	105
rPTPDC1(NM_001106104).seq	112	AGCGCTTCGG-CAAGCCCGCGCTCGAGGATCCG---AGCAGCGCTCT-AGATTCGCCA	165
bPTPDC1(NM_001206596).seq	107	TCGCTGCTATCTCTGAGCTCTCTTCTGAGGCTGTCGCTCTCTCTCTCTCTCTCTA	166
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	127	C---CAGGTCGCGCG---GCATCTACCTCAGACTCAGTACTGGGCTGAGGCGAGCCCG	179
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	238	CGCTTCTGTCGCGCGGATCGAGAGCTCTCTCTACACGG-ACGCGCTCTCTCTCTCTCT	296
mPTPDC1(NM_207232).seq	106	G---TCTCTCTCGCGCGCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	161
rPTPDC1(NM_001106104).seq	166	G---TCT	222
bPTPDC1(NM_001206596).seq	167	TCCTCGGCTGTCAGGAGGGCGCGCGCACTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	225
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	180	GGCGGGGCTCTGG-CTTGG-CTCTCGGCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	235
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	297	AGCGCGCGCGCGAGCGCTTGG-ATCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	351
mPTPDC1(NM_207232).seq	162	AG-GGCTTCAGGCGCGAG-AGCGAGCGCG-CCCAAGAC-CA-CAAGGATGGCGCAGG	214
rPTPDC1(NM_001106104).seq	223	AG-GGCTTCAGGCGCGAG-AGCGAGCGCG-CCCAAGAC-CA-CAAGGATGGCGCAGG	277
bPTPDC1(NM_001206596).seq	226	CTCCAGCTGATCTGGGCT	285
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	236	CTCCAGCTGATCTGGGCT	295
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	352	AGTCTTGGCTCAGAAATGAACCAATATCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	411
mPTPDC1(NM_207232).seq	215	AGTCTTGGCCACAGAAATGAATCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	274
rPTPDC1(NM_001106104).seq	278	AGTCTTGGCCACAGAAATGAATCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	337
bPTPDC1(NM_001206596).seq	286	G-AGCAAAAGAAATTCAGGACGTCCAACTCCAAATATACAAAGTTGGAGAGCGTTT	344
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	296	GAA-AGAAAGAAATTCAGGACGTCCAACTCCAAATATACAAAGTTGGAGAGCGTTT	354
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	412	AAACATGAAGGAAATTCAGGACGTCCAACTCCAAATATACAAAGTTGGAGAGCGTTT	471
mPTPDC1(NM_207232).seq	275	ACACATGAAATTCAGGACGTCCAACTCCAAATATACAAAGTTGGAGAGCGTTT	334
rPTPDC1(NM_001106104).seq	338	ATCATGAAATTCAGGACGTCCAACTCCAAATATACAAAGTTGGAGAGCGTTT	397
bPTPDC1(NM_001206596).seq	345	CGGCGATGTCATCTCTGGACACGTGGCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	404
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	355	ACGGCATGTCATCTCTGGACACATGGCATGTCCTATGGCGTGTTGGCGTAGAGCTTGC	414
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	472	ACGGCATGTCATCTCTGGACACATGGCATGTCCTATGGCGTGTTGGCGTAGAGCTTGC	531
mPTPDC1(NM_207232).seq	335	CGGCGATGTCATCTCTGGACACATGGCATGTCCTATGGCGTGTTGGCGTAGAGCTTGC	394
rPTPDC1(NM_001106104).seq	398	CGGCGATGTCATCTCTGGACACATGGCATGTCCTATGGCGTGTTGGCGTAGAGCTTGC	457
bPTPDC1(NM_001206596).seq	405	GTATGAAATTCAGGCGCGCTGGAGTGAAAGGAAAGCAAGCTCTTAAGGGCTTACTCTCT	464
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	415	GTATGAAATTCAGGCGCGCTGGAGTGAAAGGAAAGCAAGCTCTTAAGGGCTTACTCTCT	474
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	532	GTATGAAATTCAGGCGCGCTGGAGTGAAAGGAAAGCAAGCTCTTAAGGGCTTACTCTCT	591
mPTPDC1(NM_207232).seq	395	GTATGAAATTCAGGCGCGCTGGAGTGAAAGGAAAGCAAGCTCTTAAGGGCTTACTCTCT	454
rPTPDC1(NM_001106104).seq	458	GTATGAAATTCAGGCGCGCTGGAGTGAAAGGAAAGCAAGCTCTTAAGGGCTTACTCTCT	517
bPTPDC1(NM_001206596).seq	465	CTGGGTCACTGATAATATCTGGCCATGGCAGCCCATCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	524
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	475	CTGGGTCACTGATAATATCTGGCCATGGCAGCCCATCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	534
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	592	CTGGGTCACTGATAATATCTGGCCATGGCAGCCCATCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	651
mPTPDC1(NM_207232).seq	455	CTGGGTCACTGATAATATCTGGCCATGGCAGCCCATCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	514
rPTPDC1(NM_001106104).seq	518	CTGGGTCACTGATAATATCTGGCCATGGCAGCCCATCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	577
bPTPDC1(NM_001206596).seq	525	CTGATCATTCAGGAGTTCTCGAGCCATGGCATAAAATATATCTCTCTCTCTCTCTCTCT	584
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	535	CCACATCATTCAGGAGTTCTCGAGCCATGGCATAAAATATATCTCTCTCTCTCTCTCTCT	594
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	652	CCACATCATTCAGGAGTTCTCTAGCCATGGCATAAAATATATCTCTCTCTCTCTCTCTCT	711
mPTPDC1(NM_207232).seq	515	TCGATCATTCAGGAGTTCTCTCTCTAGCCATGGCATAAAATATATCTCTCTCTCTCTCTCT	574
rPTPDC1(NM_001106104).seq	578	TCACATCATTCAGGAGTTCTCTCTCTAGCCATGGCATAAAATATATCTCTCTCTCTCTCTCT	637

【図 3-2】

bPTPDC1(NM_001206596).seq	585	TGGTGAGCATGCCAGCTGTGGGAACCCCTCTGGAACAAGAAAGTGGCTTCACATACCTTCC	644
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	595	TGGTGAGCATGCCAGCTGTGGGAACCCCTCTGGAACAAGAAAGTGGCTTCACATACCTTCC	654
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	712	TGGTGAGCATGCCAGCTGTGGGAACCCCTCTGGAACAAGAAAGTGGCTTCACATACCTTCC	771
mPTPDC1(NM_207232).seq	575	TGGTGAGCATGCCAGCTGTGGGAACCCCTCTGGAACAAGAAAGTGGCTTCACATACCTTCC	634
rPTPDC1(NM_001106104).seq	638	TGGTGAGCATGCCAGCTGTGGGAACCCCTCTGGAACAAGAAAGTGGCTTCACATACCTTCC	697
bPTPDC1(NM_001206596).seq	645	TGAGGCTTTTCATGGAGGCGGGCATTTATTTCTACAACCTTGGATGGAAGGATTATGGTGT	704
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	655	TGAGGCTTTTCATGGAGGCGGGCATTTATTTCTACAACCTTGGATGGAAGGATTATGGTGT	714
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	772	TGAGGCTTTTCATGGAGGCGGGCATTTATTTCTACAACCTTGGATGGAAGGATTATGGTGT	831
mPTPDC1(NM_207232).seq	635	TGAGGCTTTTCATGGAGGCGGGCATTTATTTCTACAACCTTGGATGGAAGGATTATGGTGT	694
rPTPDC1(NM_001106104).seq	698	TGAGGCTTTTCATGGAGGCGGGCATTTATTTCTACAACCTTGGATGGAAGGATTATGGTGT	757
bPTPDC1(NM_001206596).seq	705	AGCGTCCCTTACATCATCTAGATATGGTGAAGGTGATGACATTTGCCTTACAGGAAGG	764
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	715	AGCGTCCCTTACATCATCTAGATATGGTGAAGGTGATGACATTTGCCTTACAGGAAGG	774
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	832	AGCGTCCCTTACATCATCTAGATATGGTGAAGGTGATGACATTTGCCTTACAGGAAGG	891
mPTPDC1(NM_207232).seq	695	AGCGTCCCTTACATCATCTAGATATGGTGAAGGTGATGACATTTGCCTTACAGGAAGG	754
rPTPDC1(NM_001106104).seq	758	AGCGTCCCTTACATCATCTAGATATGGTGAAGGTGATGACATTTGCCTTACAGGAAGG	817
bPTPDC1(NM_001206596).seq	765	AAAAGTAGCTATCCATTGTCATGCAGGGCTTGGTCGAACAGGTGTTTAAATAGCATGTTA	824
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	775	AAAAGTAGCTATCCATTGTCATGCAGGGCTTGGTCGAACAGGTGTTTAAATAGCATGTTA	834
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	892	AAAAGTAGCTATCCATTGTCATGCAGGGCTTGGTCGAACAGGTGTTTAAATAGCATGTTA	951
mPTPDC1(NM_207232).seq	755	AAAAGTAGCTATCCATTGTCATGCAGGGCTTGGTCGAACAGGTGTTTAAATAGCATGTTA	814
rPTPDC1(NM_001106104).seq	818	AAAAGTAGCTATCCATTGTCATGCAGGGCTTGGTCGAACAGGTGTTTAAATAGCATGTTA	877
bPTPDC1(NM_001206596).seq	825	CTTAGTTTTTGCAACAAGATGACTGCTGACCAAGCAATATATTTGTTGGGGCAAGCG	884
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	835	CTTAGTTTTTGCAACAAGATGACTGCTGACCAAGCAATATATTTGTTGGGGCAAGCG	894
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	952	CTTAGTTTTTGCAACAAGATGACTGCTGACCAAGCAATATATTTGTTGGGGCAAGCG	1011
mPTPDC1(NM_207232).seq	815	CTTAGTTTTTGCAACAAGATGACTGCTGACCAAGCAATATATTTGTTGGGGCAAGCG	874
rPTPDC1(NM_001106104).seq	878	CTTAGTTTTTGCAACAAGATGACTGCTGACCAAGCAATATATTTGTTGGGGCAAGCG	937
bPTPDC1(NM_001206596).seq	885	ACCAATTCCATACAAACCTGAGGACAGCTTCTCTGTGAAGGGAATTTACTCAGTTTCT	944
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	895	ACCAATTCCATACAAACCTGAGGACAGCTTCTCTGTGAAGGGAATTTACTCAGTTTCT	954
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	1012	ACCAATTCCATACAAACCTGAGGACAGCTTCTCTGTGAAGGGAATTTACTCAGTTTCT	1071
mPTPDC1(NM_207232).seq	875	ACCAATTCCATACAAACCTGAGGACAGCTTCTCTGTGAAGGGAATTTACTCAGTTTCT	934
rPTPDC1(NM_001106104).seq	938	ACCAATTCCATACAAACCTGAGGACAGCTTCTCTGTGAAGGGAATTTACTCAGTTTCT	997
bPTPDC1(NM_001206596).seq	945	CACTCCCTTCCGAATATATTTCTCTTGGCTGACCCCAAGGCACATGCTCTTACCTTAGG	1004
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	955	CACTCCCTTCCGAATATATTTCTCTTGGCTGACCCCAAGGCACATGCTCTTACCTTAGG	1014
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	1072	CACTCCCTTCCGAATATATTTCTCTTGGCTGACCCCAAGGCACATGCTCTTACCTTAGG	1131
mPTPDC1(NM_207232).seq	935	CACTCCCTTCCGAATATATTTCTCTTGGCTGACCCCAAGGCACATGCTCTTACCTTAGG	994
rPTPDC1(NM_001106104).seq	998	CACTCCCTTCCGAATATATTTCTCTTGGCTGACCCCAAGGCACATGCTCTTACCTTAGG	1057
bPTPDC1(NM_001206596).seq	1005	ACAGTATCTTATTCGTCAGCGCATCTGCTTCATGGATATGAGGCACGACTTCTGAAACA	1064
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	1015	ACAGTATCTTATTCGTCAGCGCATCTGCTTCATGGATATGAGGCACGACTTCTGAAACA	1074
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	1132	ACAGTATCTTATTCGTCAGCGCATCTGCTTCATGGATATGAGGCACGACTTCTGAAACA	1191
mPTPDC1(NM_207232).seq	995	ACAGTATCTTATTCGTCAGCGCATCTGCTTCATGGATATGAGGCACGACTTCTGAAACA	1054
rPTPDC1(NM_001106104).seq	1058	ACAGTATCTTATTCGTCAGCGCATCTGCTTCATGGATATGAGGCACGACTTCTGAAACA	1117
bPTPDC1(NM_001206596).seq	1065	TATACCAAAATATCCACCTTGTGTCARATGCTGCTGGAAGTACTGAGAACAGGGCC	1124
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	1075	TATACCAAAATATCCACCTTGTGTCARATGCTGCTGGAAGTACTGAGAACAGGGCC	1134
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	1192	TATACCAAAATATCCACCTTGTGTCARATGCTGCTGGAAGTACTGAGAACAGGGCC	1251
mPTPDC1(NM_207232).seq	1055	TATACCAAAATATCCACCTTGTGTCARATGCTGCTGGAAGTACTGAGAACAGGGCC	1114
rPTPDC1(NM_001106104).seq	1118	TATACCAAAATATCCACCTTGTGTCARATGCTGCTGGAAGTACTGAGAACAGGGCC	1177
bPTPDC1(NM_001206596).seq	1125	GTGGTGATCAGAAAGTGGGAGACATACCTGGCTCTCTGCTGAAATGAAAGACCTGT	1181
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	1135	GTGGTGATCAGAAAGTGGGAGACATACCTGGCTCTCTGCTGAAATGAAAGACCTGT	1194
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	1252	GTGGTGATCAGAAAGTGGGAGACATACCTGGCTCTCTGCTGAAATGAAAGACCTGT	1311
mPTPDC1(NM_207232).seq	1115	GTGGTGATCAGAAAGTGGGAGACATACCTGGCTCTCTGCTGAAATGAAAGACCTGT	1174
rPTPDC1(NM_001106104).seq	1178	GTGGTGATCAGAAAGTGGGAGACATACCTGGCTCTCTGCTGAAATGAAAGACCTGT	1237
bPTPDC1(NM_001206596).seq	1182	TCTTGAGATGATCACAAGTCAGCTGGATAAGGAGTACTGAGCATGACAGTGATGATC	1241
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	1195	TCTTGAGATGATCACAAGTCAGCTGGATAAGGAGTACTGAGCATGACAGTGATGATC	1254
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	1312	TCTTGAGATGATCACAAGTCAGCTGGATAAGGAGTACTGAGCATGACAGTGATGATC	1371
mPTPDC1(NM_207232).seq	1175	TCTTGAGATGATCACAAGTCAGCTGGATAAGGAGTACTGAGCATGACAGTGATGATC	1234
rPTPDC1(NM_001106104).seq	1238	TCTTGAGATGATCACAAGTCAGCTGGATAAGGAGTACTGAGCATGACAGTGATGATC	1297
bPTPDC1(NM_001206596).seq	1242	AGACCTTTTACCCCACTGCAGTAGATGATGATTTGAGAAATCAGGATGATGATGATC	1301
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	1255	AGACCTTTTACCCCACTGCAGTAGATGATGATTTGAGAAATCAGGATGATGATGATC	1314
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	1372	AGACCTTTTACCCCACTGCAGTAGATGATGATTTGAGAAATCAGGATGATGATGATC	1431
mPTPDC1(NM_207232).seq	1235	AGACCTTTTACCCCACTGCAGTAGATGATGATTTGAGAAATCAGGATGATGATGATC	1294
rPTPDC1(NM_001106104).seq	1298	AGACCTTTTACCCCACTGCAGTAGATGATGATTTGAGAAATCAGGATGATGATGATC	1357
bPTPDC1(NM_001206596).seq	1302	CAGTGAGCAGAGTTGACCTCTTTTGAAGAGCGGGAATGTTGAGTCTTTCAGCCCTT	1361
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	1315	CAGTGAGCAGAGTTGACCTCTTTTGAAGAGCGGGAATGTTGAGTCTTTCAGCCCTT	1374
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	1432	CAGTGAGCAGAGTTGACCTCTTTTGAAGAGCGGGAATGTTGAGTCTTTCAGCCCTT	1491
mPTPDC1(NM_207232).seq	1295	CAGTGAGCAGAGTTGACCTCTTTTGAAGAGCGGGAATGTTGAGTCTTTCAGCCCTT	1354
rPTPDC1(NM_001106104).seq	1358	CAGTGAGCAGAGTTGACCTCTTTTGAAGAGCGGGAATGTTGAGTCTTTCAGCCCTT	1417

【図 3 - 3】

bPTPDC1(NM_001206596).seq	1362	GCTCATCTGAAAAGGCGAGCTCAGCTACAGTGAATTCAGATTAAAGAGGGCCGAGTCACT	1421
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	1375	GACTCATCTGAAAAGGCGCTCAGCTACAGTCACTCAGATTAAAGAGGGCCGAGAACCT	1434
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	1492	GACTCATCTGAAAAGGCGCTCAGCTACAGTCACTCAGATTAAAGAGGGCCGAGAACCT	1551
mPTPDC1(NM_207232).seq	1355	GACTCATCTGAAAAGGCGAGCTCAGCTACAGTCACTCAGATTAAAGAGGGCCGAGAACCT	1414
rPTPDC1(NM_001106104).seq	1418	GACTCATCTGAAAAGGCGAGCTCAGCTACAGTCACTCAGATTAAAGAGGGCCGAGAACCT	1477
bPTPDC1(NM_001206596).seq	1422	TCTGGAGCAAGGGAGGACTCCATGGAGCTGCTGCTGCCCAAGCTTGCTTTGCCATTAATCC	1481
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	1435	CCTGGAGCAAGGGAGAGCTCCACAGACAGTGCCTGCCCAAGCTTTGCTTGCCCAAGGCC	1494
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	1552	CCTGGAGCAAGGGAGAGCTCCACAGACAGTGCCTGCCCAAGCTTTGCTTGCCCAAGGCC	1611
mPTPDC1(NM_207232).seq	1415	CCTGGAGCAAGGGAGAGCTCCAGACAGTGCCTGCCCAAGCTTGCTTGACACACACTCT	1474
rPTPDC1(NM_001106104).seq	1478	CCTGGAGCAAGGGAGAGCTCCAGACAGTGCCTGCCCAAGCTTGCTTGACACACACTCT	1537
bPTPDC1(NM_001206596).seq	1482	CAGGCAGCAGAAGCTCATAAGCCCTTGTTACCTCCACAGTCTCCAAGCTAGATTATAA	1541
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	1495	CAGGCAGCAGAAGCTCATAAGCCATTGTTACATCCACAGTCTCCAGAACCTAGATTACA	1554
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	1612	CAGGCAGCAGAAGCTCATAAGCCATTGTTACATCCACAGTCTCCAGAACCTAGATTACA	1671
mPTPDC1(NM_207232).seq	1475	CCAGCAGCAGAAGCTCAGAGCCATTGTTACATCCACAACTCCAGAGCTGGCTTTTAA	1534
rPTPDC1(NM_001106104).seq	1538	CCAGCAGCAGAAGCTCAGAGCCATTGTTACATCCACAACTCCAGAGCTAGATTATAA	1597
bPTPDC1(NM_001206596).seq	1542	TAAGGAAGCTCTGGTCCGCAATACATTTCTTTCTGGAATCACAATAATTTGGAGTCCC	1601
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	1555	CAAGGAAGCTCTGGTTCGCAGCACACTTTCTTTCTGGAATCAGTCAAGTCTTGGAGGCTT	1614
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	1672	CAAGGAAGCTCTGGTTCGCAGCACACTTTCTTTCTGGAATCAGTCAAGTCTTGGAGGCTT	1731
mPTPDC1(NM_207232).seq	1535	TAAGGAAGCTCTGGTCCGCAATACCTTTCTTTCTGGAATCTCAAGTCTTGGAGGCTT	1594
rPTPDC1(NM_001106104).seq	1598	TAAGGAATCACTGGTCCGCAACACTTTCTTTCTGGAATCAGTCAAGTCTTGGAGGCTT	1657
bPTPDC1(NM_001206596).seq	1602	AGAAGGACTCAAGATGATGGGTCAATAATTTCCATAGGAGCTGCATTCCAAAGGAAG	1660
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	1615	GGAAGGACTCAAGATATGGGTCAATAATTTCCATAGGAAGATTCCTCCAAAGGAAG	1673
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	1732	GGAAGGACTCAAGATATGGGTCAATAATTTCCATAGGAAGATTCCTCCAAAGGAAG	1790
mPTPDC1(NM_207232).seq	1595	AGAAGGACTCAAGATGATGGGTCAATAATTTCCATAGGAGCTGCATTCCAAAGGAAG	1653
rPTPDC1(NM_001106104).seq	1658	AGAAGGACTCAAGATGATGGGTCAATAATTTCCATAGGAGCTGCATTCCAAAGGAAG	1716
bPTPDC1(NM_001206596).seq	1661	TACAGCGAGTGAACCTTCTCTCAGGAATTCAGATTCAACAACCTGGGGAGCCAG	1720
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	1674	CACAGCAGAGTGAACCTTCTCTCAGCATGTTTCAGGATCACACAGCCCTGGGAGCCAG	1733
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	1791	CACAGCAGAGTGAACCTTCTCTCAGCATGTTTCAGGATCACACAGCCCTGGGAGCCAG	1850
mPTPDC1(NM_207232).seq	1654	TACAGCGAGTGAACCTTCTCTCAGGATGTTTCAGGATCACACAACTCTGGAGCCAG	1713
rPTPDC1(NM_001106104).seq	1717	TACAGCGAGTGAACCTTCTCTCAGGATGTTTCAGGATCACACAACTCTGGAGCCAG	1776
bPTPDC1(NM_001206596).seq	1721	TCACACCAACTCTGCAAAATATCTCAAGGACCAAACTTCTCAACAGAAAGTGTACC	1780
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	1734	TTTCACCCAGCTTTGCAAAATCTCCATAAGGATCCAAACCTCTCTCAACAGCAAGTGTCC	1793
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	1851	TTTCACCCAGCTTTGCAAAATCTCCATAAGGATCCAAACCTCTCTCAACAGCAAGTGTCC	1910
mPTPDC1(NM_207232).seq	1714	TCCTCCCAACTTCAAAATATCCATAAGGATCCAAACCTCTCTCAACAGCAAGTGTCC	1761
rPTPDC1(NM_001106104).seq	1777	CGCCACCCAACTTCAAAATATCCATAAGGATCCAAACCTCTCTCAACAGCAAGTGTCC	1824
bPTPDC1(NM_001206596).seq	1781	ACTGTGAGTGTGAAGATCATGGTGGTGGTGGCCCAAGCTCTGTGACAGAGATGGTGAGA	1840
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	1794	ACTGTGAGTGTGAAGATCATGGTGGTGGTGGCCCAAGCTCTGTGACAGAGATGGTGAGA	1853
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	1911	ACTGTGAGTGTGAAGATCATGGTGGTGGTGGCCCAAGCTCTGTGACAGAGATGGTGAGA	1970
mPTPDC1(NM_207232).seq	1762	ACTGTGAGTGTGAAGATCATGGTGGTGGTGGCCCAAGCTCTGTGACAGAGATGGTGAGA	1821
rPTPDC1(NM_001106104).seq	1825	ACTGTGAGTGTGAAGATCATGGTGGTGGTGGCCCAAGCTCTGTGACAGAGATGGTGAGA	1884
bPTPDC1(NM_001206596).seq	1841	CTTGGCCGCTGCCCTCTGGACTGTGGCTCCAGTCCCAAGCACAGTCTCTGGGGAATG	1897
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	1854	CACTCCGAGCCCTCTGGACTGTGGCTCCAGTCCCAAGCACAGTCTCTGGGATTCACATG	1913
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	1971	CACTCCGAGCCCTCTGGACTGTGGCTCCAGTCCCAAGCACAGTCTCTGGGATTCACATG	2030
mPTPDC1(NM_207232).seq	1822	GCTCCCTGAGCCCTCTGACTGTGGCTCCAGTCCCAAGCACAGTCTCTGGGATTCACATG	1881
rPTPDC1(NM_001106104).seq	1885	GCTCCCTGAGCCCTCTGACTGTGGCTCCAGTCCCAAGCACAGTCTCTGGGATTCACATG	1944
bPTPDC1(NM_001206596).seq	1898	AAACCTCAGAACAGCAAAATACCTGTCTGAAGTCTGCTCACAATATGCTTTACAGTCTGAAT	1957
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	1914	AAACCCAGGACAGTAAAGATCTGTCTGAAGCAGCTTCACACCTGTGATTACAGTCTGAAT	1973
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	2031	AAACCCAGGACAGTAAAGATCTGTCTGAAGCAGCTTCACACCTGTGATTACAGTCTGAAT	2090
mPTPDC1(NM_207232).seq	1882	AAACCCAGGACAGCAGACCTGTCTGAGGCACTGCTGATCTGGTCTGAGCTCTGAAT	1941
rPTPDC1(NM_001106104).seq	1945	AAACCCAGGACAGCAGTACCTGCTGAGGCACTGCTGATCTGGTCTGAGCTCTGAAT	2004
bPTPDC1(NM_001206596).seq	1958	TGAGTCTTGAAGCAAGGAGATACTGGCAATCCCAAGCCCTGGCAAAATTAATGAGATTG	2017
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	1974	TGAGTCTTGAAGCAAGGAGATACTGGCGCCCAAGCCCTGCAAAATTAATGAGATTG	2033
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	2091	TGAGTCTTGAAGCAAGGAGATACTGGCGCCCAAGCCCTGCAAAATTAATGAGATTG	2150
mPTPDC1(NM_207232).seq	1942	TGAGTCTTGAAGCAAGGAGATACTGGCGCCCAAGCCCTGGCAAAATTAATGAGATTG	2001
rPTPDC1(NM_001106104).seq	2005	TGAGTCTTGAAGCAAGGAGATACTGGCAATCCCAAGCCCTGGCAAAATTAATGAGATTG	2064
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2018	CAGAAAGGAGGAGTGAAGAAAGAGTGAAGATGTGGCAGAAAGAACTAAATTCCTCGAG	2077
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	2034	TAGAAAGGAGGAGTGAAGAAAGAGTGAAGATGTGGCAGAAAGAACTAAATTCCTCGAG	2093
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	2151	TAGAAAGGAGGAGTGAAGAAAGAGTGAAGATGTGGCAGAAAGAACTAAATTCCTCGAG	2210
mPTPDC1(NM_207232).seq	2002	TTGAAAGGAGGAGTGAAGAAAGAGTGAAGATGTGGCAGAAAGAACTAAATTCCTCGAG	2061
rPTPDC1(NM_001106104).seq	2065	TTGAAAGGAGGAGTGAAGAAAGAGTGAAGATGTGGCAGAAAGAACTAAATTCCTCGAG	2124

【図 3 - 4】

bPTPDC1(NM_001206596).seq	2078	ACGGAGCTTGGGAAGAATATGTTGGCGAAGGACCTTTCATCCGTGTCAGTTTGATGT	2137
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	2094	ATGGAGCTTGGGAAGAATATGTTGGCGAGAGGACCTTTCATCCGTGTCAGTTTGATGT	2153
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	2211	ATGGAGCTTGGGAAGAATATGTTGGCGAGAGGACCTTTCATCCGTGTCAGTTTGATGT	2270
mPTPDC1(NM_207232).seq	2062	ACGGAGCTTGGGAAGAATATGTTGGCGAGAGGACCTTTCATCCGTGTCAGTTTGATGT	2121
rPTPDC1(NM_001106104).seq	2125	ACGGAGCTTGGGAAGAATATGTTGGCGAGAGGACCTTTCATCCGTGTCAGTTTGATGT	2184
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2138	GGTCTTGGGTGGAGCACTGAAGGAGCCTGTATACCAAGAGGACGTGGACATGTTGG	2197
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	2154	GGTCTTGGGTGGAGCACTGAAGGAGCCTGTATACCAAGAGGACGTGGACATGTTGG	2213
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	2271	GGTCTTGGGTGGAGCACTGAAGGAGCCTGTATACCAAGAGGACGTGGACATGTTGG	2330
mPTPDC1(NM_207232).seq	2122	GGTCTTGGGTGGAGCACTGAAGGAGCCTGTATACCAAGAGGACGTGGACATGTTGG	2181
rPTPDC1(NM_001106104).seq	2185	GGTCTTGGGTGGAGCACTGAAGGAGCCTGTATACCAAGAGGACGTGGACATGTTGG	2244
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2198	TTGACAGATCTCAGATGCCCTGAAGCACTGTTCTTATTAGAAAGGGCAGGACACAA	2257
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	2214	TTGACAGATCTCAGATGCCCTGAAGCACTGTTCTTATTAGAAAGGGCAGGACACAA	2273
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	2331	TTGACAGATCTCAGATGCCCTGAAGCACTGTTCTTATTAGAAAGGGCAGGACACAA	2390
mPTPDC1(NM_207232).seq	2182	TTGACAGATCTCAGATGCCCTGAAGCACTGTTCTTATTAGAAAGGGCAGGACACAA	2241
rPTPDC1(NM_001106104).seq	2245	TTGACAGATCTCAGATGCCCTGAAGCACTGTTCTTATTAGAAAGGGCAGGACACAA	2304
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2258	CTATCTCTTCGCGTGTGCATTCGATAGTGAGCCTGCAGACCATTCCTTCAGAGCTGGAGG	2317
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	2274	CTATCTCTTCGCGTGTGCATTCGATAGTGAGCCTGCAGACCATTCCTTCAGAGCTGGAGG	2333
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	2391	CTATCTCTTCGCGTGTGCATTCGATAGTGAGCCTGCAGACCATTCCTTCAGAGCTGGAGG	2450
mPTPDC1(NM_207232).seq	2242	CTATCTCTTCGCGTGTGCATTCGATAGTGAGCCTGCAGACCATTCCTTCAGAGCTGGAGG	2301
rPTPDC1(NM_001106104).seq	2305	CTATCTCTTCGCGTGTGCATTCGATAGTGAGCCTGCAGACCATTCCTTCAGAGCTGGAGG	2364
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2318	AAGCTTCTCTTGGCCCTGCCATTAAGCACTTCACTAAGGTTAATTTTGATTCGAAAAATG	2377
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	2334	AAGCTTCTCTTGGCCCTGCCATTAAGCACTTCACTAAGGTTAATTTTGATTCGAAAAATG	2393
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	2451	AAGCTTCTCTTGGCCCTGCCATTAAGCACTTCACTAAGGTTAATTTTGATTCGAAAAATG	2510
mPTPDC1(NM_207232).seq	2302	AAGCTTCTCTTGGCCCTGCCATTAAGCACTTCACTAAGGTTAATTTTGATTCGAAAAATG	2361
rPTPDC1(NM_001106104).seq	2365	AAGCTTCTCTTGGCCCTGCCATTAAGCACTTCACTAAGGTTAATTTTGATTCGAAAAATG	2424
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2378	GCCCAATAGTTTACAAACCCCTGAAGAAAAATATTTAAGCCACACTGGGAAGAAAAAGAA	2437
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	2394	GCCCAATAGTTTACAAACCCCTGAAGAAAAATATTTAAGCCACACTGGGAAGAAAAAGAA	2453
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	2511	GCCCAATAGTTTACAAACCCCTGAAGAAAAATATTTAAGCCACACTGGGAAGAAAAAGAA	2570
mPTPDC1(NM_207232).seq	2362	GCCCAATAGTTTACAAACCCCTGAAGAAAAATATTTAAGCCACACTGGGAAGAAAAAGAA	2421
rPTPDC1(NM_001106104).seq	2425	GCCCAATAGTTTACAAACCCCTGAAGAAAAATATTTAAGCCACACTGGGAAGAAAAAGAA	2484
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2438	AAATGACAAAAGATAACTTGGCTGGCACTTAGTCACTCTGCTTTCCTTCATGAT	2497
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	2454	AAATGACAAAAGATAACTTGGCTGGCACTTAGTCACTCTGCTTTCCTTCATGAT	2506
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	2571	AAATGACAAAAGATAACTTGGCTGGCACTTAGTCACTCTGCTTTCCTTCATGAT	2623
mPTPDC1(NM_207232).seq	2422	AAATGACAAAAGATAACTTGGCTGGCACTTAGTCACTCTGCTTTCCTTCATGAT	2467
rPTPDC1(NM_001106104).seq	2485	AAATGACAAAAGATAACTTGGCTGGCACTTAGTCACTCTGCTTTCCTTCATGAT	2542
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2498	ATTTCAGACCTTAAAGATCGGCTGGCACTTAGTCACTCTGCTTTCCTTCATGAT	2550
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	2507	ATTTCAGACCTTAAAGATCGGCTGGCACTTAGTCACTCTGCTTTCCTTCATGAT	2559
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	2624	ATTTCAGACCTTAAAGATCGGCTGGCACTTAGTCACTCTGCTTTCCTTCATGAT	2676
mPTPDC1(NM_207232).seq	2468	ATTTCAGACCTTAAAGATCGGCTGGCACTTAGTCACTCTGCTTTCCTTCATGAT	2526
rPTPDC1(NM_001106104).seq	2543	ATTTCAGACCTTAAAGATCGGCTGGCACTTAGTCACTCTGCTTTCCTTCATGAT	2578
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2551	AGTGTGCAATGCTTCTCTTCATAGCACTTATTTTCAATGCTCTCGGTTTG	2604
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	2560	AGTGTGCAATGCTTCTCTTCATAGCACTTATTTTCAATGCTCTCGGTTTG	2615
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	2677	AGTGTGCAATGCTTCTCTTCATAGCACTTATTTTCAATGCTCTCGGTTTG	2732
mPTPDC1(NM_207232).seq	2527	AGTGTGCAATGCTTCTCTTCATAGCACTTATTTTCAATGCTCTCGGTTTG	2580
rPTPDC1(NM_001106104).seq	2579	AGTGTGCAATGCTTCTCTTCATAGCACTTATTTTCAATGCTCTCGGTTTG	2637
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2605	CTGAGAAATGCTTCTCTTGGTGGCAATATTATTTTAAATATATCTTCACTAC	2663
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	2616	CTGAGAAATGCTTCTCTTGGTGGCAATATTATTTTAAATATATCTTCACTAC	2673
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	2733	CTGAGAAATGCTTCTCTTGGTGGCAATATTATTTTAAATATATCTTCACTAC	2790
mPTPDC1(NM_207232).seq	2581	CTGAGAAATGCTTCTCTTGGTGGCAATATTATTTTAAATATATCTTCACTAC	2634
rPTPDC1(NM_001106104).seq	2638	CTGAGAAATGCTTCTCTTGGTGGCAATATTATTTTAAATATATCTTCACTAC	2692
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2664	ATTTTATGTTTAAAAATGGCCATAAATGAGTGCACCTTCTTTATTATGTTATTAT	2723
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	2674	ATTTTATGTTTAAAAATGGCCATAAATGAGTGCACCTTCTTTATTATGTTATTAT	2726
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	2791	ATTTTATGTTTAAAAATGGCCATAAATGAGTGCACCTTCTTTATTATGTTATTAT	2843
mPTPDC1(NM_207232).seq	2635	ATTTTATGTTTAAAAATGGCCATAAATGAGTGCACCTTCTTTATTATGTTATTAT	2681
rPTPDC1(NM_001106104).seq	2693	ATTTTATGTTTAAAAATGGCCATAAATGAGTGCACCTTCTTTATTATGTTATTAT	2739
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2724	TACTGAAATTAATATTTGTTGTTAATTAATTTAAGATGTTGGTGTTCATCTCT	2778
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	2727	TACTGAAATTAATATTTGTTGTTAATTAATTTAAGATGTTGGTGTTCATCTCT	2781
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	2844	TACTGAAATTAATATTTGTTGTTAATTAATTTAAGATGTTGGTGTTCATCTCT	2898
mPTPDC1(NM_207232).seq	2682	TACTGAAATTAATATTTGTTGTTAATTAATTTAAGATGTTGGTGTTCATCTCT	2735
rPTPDC1(NM_001106104).seq	2740	TACTGAAATTAATATTTGTTGTTAATTAATTTAAGATGTTGGTGTTCATCTCT	2798

bPTPDC1(NM_001206596).seq	2779	GTTCTTCTTGACATTTTGGAAAAGTTGACTCT	2812
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	2782	-ATTTC- TT TGACATTTTGGAAATAAATAAATACCTTCCTTC AAAAAATACCATTTTCTT	2840
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	2899	-ATTTC- TT TGACATTTTGGAAATAAATAAATACCTTCCTTC AAAAAATACCATTTTCTT	2957
mPTPDC1(NM_207232).seq	2736	-RCCCT- TT TGACATTT - TCG GAGGAAGAATAAACCTTTC - AAAACAGTATTTTTTT	2790
rPTPDC1(NM_001106104).seq	2799	AACAGTATTTCAATTTCTCTTCTTTCTCCTTCCTTCCTTC - TTTCTTTTTTTTCTTT	2857
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2812	-----	2812
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	2841	CATGGCAACTCTTCCAGAGTTTTTACC AAATAGCTTAACCTTAGTAGTAAACCTCAATG-	2899
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	2958	CATGGCAACTCTTCCAGAGTTTTTACC AAATAGCTTAACCTTAGTAGTAAACCTCAATG-	3016
mPTPDC1(NM_207232).seq	2791	CACAAAACCTCTTTCGAGTTTTTACC AAATAGATCACTTTAGTAGTAAACCTCAATAT	2850
rPTPDC1(NM_001106104).seq	2858	CACAAAACCTCTTTCGAGTTTTTACC AAATAGATCACTTTAGTAGTAAACCTCAATAT	2917
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2812	-----	2812
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	2900	-----TGATCCATGCCCCACAGAT--GAAC TAAGAAAGTCAACCAAG	2940
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	3017	-----TGATCCATGCCCCACAGAT--GAAC TAAGAAAGTCAACCAAG	3057
mPTPDC1(NM_207232).seq	2851	GTATCCTGCCCAAGACATGTGTCCTCCCTCCCTCAGAGATATGACTAAGATAGTCAACCAAG	2910
rPTPDC1(NM_001106104).seq	2918	GTATCCTGCCCAAGACATGTGTCCTCCCTCCCTCAGAGATATGACTAAGATAGTCAACCAAG	2976
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2812	-----	2812
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	2941	TGCTTAAAGCTGTTTTATATTTGTTACCA--AGAAGGCTATTGCATCAATATTTTAAA	2997
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	3058	TGCTTAAAGCTGTTTTATATTTGTTACCA--AGAAGGCTATTGCATCAATATTTTAAA	3114
mPTPDC1(NM_207232).seq	2911	TGCTTAAAGCTTTTTATATTTGTTACTACTAAGAAGGCTATTAAATACA--TTTAAAG	2967
rPTPDC1(NM_001106104).seq	2977	TGCTTAAAGCTTTTTATATTTGTTACTA--AGAAGGCTATTAAATACA--TTTAAAG	3030
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2812	-----	2812
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	2998	GG-TTCTTTTTTAACCTTGAAATTTTGTGTTTCCTTTCTCTT-TTTATAATGTAAAC	3055
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	3115	GG-TTCTTTTTTAACCTTGAAATTTTGTGTTTCCTTTCTCTT-TTTATAATGTAAAC	3172
mPTPDC1(NM_207232).seq	2968	TACTTTAAAAAAAACCTGAAECCTTTGTGTTCTCTTTCTTCTTTTACAGATGTGGTC	3027
rPTPDC1(NM_001106104).seq	3031	TACTTTAAAA--	3040
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2812	-----	2812
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	3056	GAGGGTTCGAAGCATATATTATTTCAGAGA--GATTAGTTTACCTTAAATGGAGT	3110
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	3173	GAGGGTTCGAAGCATATATTATTTCAGAGA--GATTAGTTTACCTTAAATGGAGT	3227
mPTPDC1(NM_207232).seq	3028	AGGCTTTTGAAGCATATATTATTTCAGTATTCGGGAGTTCAGCTTACCTTAGCAGACT	3086
rPTPDC1(NM_001106104).seq	3040	-----	3040
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2812	-----	2812
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	3111	GACTGTGAAGTGGTGGGATTTTGGCTTGPAGAAAGTAGACTTGGCTCTTTGTCAAGTTT	3170
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	3228	GACTGTGAAGTGGTGGGATTTTGGCTTGPAGAAAGTAGACTTGGCTCTTTGTCAAGTTT	3287
mPTPDC1(NM_207232).seq	3087	GCTG-CAGTGGCTGGATTTCTACTTTAGAAAGTAGACTTGGCTCTTTGTCAAGCTT	3144
rPTPDC1(NM_001106104).seq	3040	-----	3040
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2812	-----	2812
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	3171	CCAAACAACCTTGCAGCTTTGGCTGTCAAAGGAGGCAAGGAGCAGTTCTCAAGCACCA	3230
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	3288	CCAAACAACCTTGCAGCTTTGGCTGTCAAAGGAGGCAAGGAGCAGTTCTCAAGCACCA	3347
mPTPDC1(NM_207232).seq	3145	CCAAACAACCTTCTC--CTTGGCTGTCA--GGCAGGCAGCAGTTCTCAAGCACAG	3197
rPTPDC1(NM_001106104).seq	3040	-----	3040
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2812	-----	2812
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	3231	AGCCTTATTTCCACTCTCTGGGTGTGCTGCTGAGCCAAATAGCATTTTACAGAGGAAGT	3290
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	3348	AGCCTTATTTCCACTCTCTGGGTGTGCTGCTGAGCCAAATAGCATTTTACAGAGGAAGT	3407
mPTPDC1(NM_207232).seq	3198	A-CCTTAT-TCTCTCTCCCCACCTGCTGCTGAGCCAAATAGCATTTTACAGAGGAAG-	3254
rPTPDC1(NM_001106104).seq	3040	-----	3040
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2812	-----	2812
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	3291	GGGATTCAGAGCAGGAAGCTGGAAAGTTGCTAAGAGGAGGCGCTGCTCTGTCTCTCC	3350
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	3408	GGGATTCAGAGCAGGAAGCTGGAAAGTTGCTAAGAGGAGGCGCTGCTCTGTCTCTCC	3467
mPTPDC1(NM_207232).seq	3255	-GGATTCAGAGTGCAGGATGGGCGTGTCTAAGAGGAGGAGGAGCTTGTCTCTCTCC	3313
rPTPDC1(NM_001106104).seq	3040	-----	3040
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2812	-----	2812
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	3351	GGGACTCCACAGCGAT--ATTCCTG-AGGGCAGGGCTCTGTGCCAGGCCCTGCTCT	3406
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	3468	GGGACTCCACAGCGAT--ATTCCTG-AGGGCAGGGCTCTGTGCCAGGCCCTGCTCT	3523
mPTPDC1(NM_207232).seq	3314	GGG-ACCTGTGCAAGAGACAGCAGTATCAGGGCACTGCTCTAGCCAGGCCCTGCTCT	3371
rPTPDC1(NM_001106104).seq	3040	-----	3040
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2812	-----	2812
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	3407	TCAGATGTCACAGCCACTCTGAGAGGTGATCTTTCAGCTTGAAGAGTCAAAATGGG	3466
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	3524	TCAGATGTCACAGCCACTCTGAGAGGTGATCTTTCAGCTTGAAGAGTCAAAAT	

【図 3-6】

bPTPDC1(NM_001206596).seq	2812	-----	2812
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	3467	CCACTGTTTCTACTGA-TGGTGTAATAGCA-TGAGCACCCTGGCCCTGGCCCCCA-CTCC	3524
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	3584	CCACTGTTTCTACTGA-TGGTGTAATAGCA-TGAGCACCCTGGCCCTGGCCCCCA-CTCC	3641
mPTPDC1(NM_207232).seq	3428	CCACTGTTTCTACTGA-TGGTGTAATAGCA-TGAGCACCCTGGCCCTGGCCCCCA-CTCC	3486
rPTPDC1(NM_001106104).seq	3040	-----	3040
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2812	-----	2812
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	3525	CAAAATCGGCCACATCCATACACCA-CTGGCTCAAG--GCTTTTATTTGGCTGCTTTCT	3581
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	3642	CAAAATCGGCCACATCCATACACCA-CTGGCTCAAG--GCTTTTATTTGGCTGCTTTCT	3698
mPTPDC1(NM_207232).seq	3487	CTTTTCATAAGC-TCATTCCTCAACCTGGCTTGGCTTCTCTTCTGGCAATGGCTGCT	3545
rPTPDC1(NM_001106104).seq	3040	-----	3040
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2812	-----	2812
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	3582	TACAAATGCAATTAAGATTTTAAAC-TGAATTTGACCTA-CAGGTTCATTAGCCCTAA	3640
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	3699	TACAAATGCAATTAAGATTTTAAAC-TGAATTTGACCTA-CAGGTTCATTAGCCCTAA	3757
mPTPDC1(NM_207232).seq	3546	TGCTGTAAGCAATTAATTTTAACTGAA-TTGACCTTAACCTGGCTTCA-TATAAGGA	3603
rPTPDC1(NM_001106104).seq	3040	-----	3040
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2812	-----	2812
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	3641	CTGGCTTCTATGTAAGAGGGTGACT--GCCATAACTAGTTCTTGTAGCTGAACCATC	3697
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	3758	CTGGCTTCTATGTAAGAGGGTGACT--GCCATAACTAGTTCTTGTAGCTGAACCATC	3814
mPTPDC1(NM_207232).seq	3604	CAGGTGGCTGGCTTAACCTTCTCTTGTAGATTAACAGGTAAATCAGCAAT-TGAGGCTT	3662
rPTPDC1(NM_001106104).seq	3040	-----	3040
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2812	-----	2812
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	3698	AATTATCACTTGAAGCCATACCTTTA-TTAAATTAATATAC-TAGATACCAAGGCCAAG	3757
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	3815	AATTATCACTTGAAGCCATACCTTTA-TTAAATTAATATAC-TAGATACCAAGGCCAAG	3874
mPTPDC1(NM_207232).seq	3663	AATTTA-AATTCGAATTAATACATAGGAGTAGCAGAGCCCTTCC-ATATAGTTTCTT	3719
rPTPDC1(NM_001106104).seq	3040	-----	3040
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2812	-----	2812
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	3758	CCACAGAGAGGATATAGTTCT--TTCCCAATAAAG--TGA--TATTAATCAACATTAAT	3810
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	3875	CCACAGAGAGGATATAGTTCT--TTCCCAATAAAG--TGA--TATTAATCAACATTAAT	3927
mPTPDC1(NM_207232).seq	3720	ACAAAG-CTCGTAATAGACCAATTCAAACAAAGAAATTAATCTTTCATTCAGAAAT	3778
rPTPDC1(NM_001106104).seq	3040	-----	3040
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2812	-----	2812
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	3811	TTCCAACTAAAG-AAG--TTACTTCTTAAGACCAATTTCAAGGGGAGCAAGACTCAT	3867
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	3928	TTCCAACTAAAG-AAG--TTACTTCTTAAGACCAATTTCAAGGGGAGCAAGACTCAT	3984
mPTPDC1(NM_207232).seq	3779	TTTTCAGACAGCTAGACATCAATAGACCAATTAATTTCCCTA-ATCTATCTATTTC	3837
rPTPDC1(NM_001106104).seq	3040	-----	3040
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2812	-----	2812
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	3868	TAGAACAATGAAATTTTCCAGTCTTACAATTCCTCAATGACTT-CTAGGAC-ATCAA	3924
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	3985	TAGAACAATGAAATTTTCCAGTCTTACAATTCCTCAATGACTT-CTAGGAC-ATCAA	4041
mPTPDC1(NM_207232).seq	3838	GAAATACAGCTTGAAGATCCAAACATTTCCATCTATAGCTTCACTAATTCATGAC	3897
rPTPDC1(NM_001106104).seq	3040	-----	3040
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2812	-----	2812
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	3925	AAATATTTTCACT-CAATATCAGCTCATTAATGAAATGCCAA-ATGCTAAATGGAGTG	3981
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	4042	AAATATTTTCACT-CAATATCAGCTCATTAATGAAATGCCAA-ATGCTAAATGGAGTG	4098
mPTPDC1(NM_207232).seq	3898	AAA-AGCCAAAGTCAATTTCTTCACTATATGTTCTTCTTGGCAAGCAATAGCTG	3956
rPTPDC1(NM_001106104).seq	3040	-----	3040
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2812	-----	2812
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	3982	TTCCTTAC--ACTCTTTAATTT-TCTTGGGAAATTGAGTTCAGTGGATTTAATGGAG	4038
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	4099	TTCCTTAC--ACTCTTTAATTT-TCTTGGGAAATTGAGTTCAGTGGATTTAATGGAG	4155
mPTPDC1(NM_207232).seq	3957	ATCGTTAATCAACCTCTTACCACCTGCTCACTATCTTTTAACTGCTTACCTTAACAA	4016
rPTPDC1(NM_001106104).seq	3040	-----	3040
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2812	-----	2812
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	4039	TGGGTGCCCCATCTCTGAAATGCTTATTTTCAAGTGCTTGGCTGGGAAAGAGGGGAA	4098
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	4156	TGGGTGCCCCATCTCTGAAATGCTTATTTTCAAGTGCTTGGCTGGGAAAGAGGGGAA	4215
mPTPDC1(NM_207232).seq	4017	CAGGAAATCCGTGCTCTGCTGCTCTGCTGATCTTCTAAAGC-TGATATTCAGAGAG	4075
rPTPDC1(NM_001106104).seq	3040	-----	3040
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2812	-----	2812
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	4099	--GAAACAATTCATTAATCCAAAGATACACTATAAAATAGAGTTTACCAAAAAA	4156
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	4216	--GAAACAATTCATTAATCCAAAGATACACTATAAAATAGAGTTTACCAAAAAA	4273
mPTPDC1(NM_207232).seq	4076	TGCTTGTCTATCTCTTGTCT-ATCCCTGGAACGGCAATGACCTGAGGACCTCGGTC	4134
rPTPDC1(NM_001106104).seq	3040	-----	3040

【図 3 - 7】

bPTPDC1(NM_001206596).seq	2812	-----	2812
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	4157	GATGTTTGTTCTCATCTCAGTACGCTTATTGGGCAAGTGACCCACAGGCTTTTGGCG	4216
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	4274	GATGTTTGTTCTCATCTCAGTACGCTTATTGGGCAAGTGACCCACAGGCTTTTGGCG	4333
mPTPDC1(NM_207232).seq	4135	CCCTCCCTCC-CTCAGCCAGTCCGCTT-----TTCATTTC-CAACATTTCTTTA-----	4183
rPTPDC1(NM_001106104).seq	3040	-----	3040
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2812	-----	2812
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	4217	AGTT-TGCTATTTCCTCTTGAAATTCCTGTTCAACTTAGAGAACAGTTATGATGTGAC	4275
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	4334	AGTT-TGCTATTTCCTCTTGAAATTCCTGTTCAACTTAGAGAACAGTTATGATGTGAC	4392
mPTPDC1(NM_207232).seq	4184	AGTTCTGGCACCCTCAGTCTGACACCACTG-CATGTCAGAAATCCAAATACAGCAGC	4242
rPTPDC1(NM_001106104).seq	3040	-----	3040
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2812	-----	2812
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	4276	CATAGCATGCGCAACTAAAAATCTAAGCCTGAAACCTGAAAAAGAGATATGACAAGGG	4335
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	4393	CATAGCATGCGCAACTAAAAATCTAAGCCTGAAACCTGAAAAAGAGATATGACAAGGG	4452
mPTPDC1(NM_207232).seq	4243	CTCAGCA-CACTCTC-----	4256
rPTPDC1(NM_001106104).seq	3040	-----	3040
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2812	-----	2812
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	4336	AAATTAAATCAGGCTATACATAAGTATTGTAT-TATTTCAATAAAATAAAAAGACCAAC	4395
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	4453	AAATTAAATCAGGCTATACATAAGTATTGTAT-TATTTCAATAAAATAAAAAGACCAAC	4512
mPTPDC1(NM_207232).seq	4257	-----TCAGGCTCTGTGTTGGCATTGTGCTTATTTGAATAAAGGTGAAAGGACCAAC	4309
rPTPDC1(NM_001106104).seq	3040	-----	3040
bPTPDC1(NM_001206596).seq	2812	-----	2812
hPTPDC1v1(NM_152422).seq	4396	CAT-----	4398
hPTPDC1v2(NM_177995).seq	4513	CAT-----	4515
mPTPDC1(NM_207232).seq	4310	CAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA	4329
rPTPDC1(NM_001106104).seq	3040	-----	3040

【図4】

[GENETYX-MAC: Multiple-Alignment]
Date : 2011.11.11

bPTPDC1 (NP_001193525).seq	1	MEQAGADISPPALPSWPKPSTMDPPRLSAVPFLSSFFEGRRHSASDPILRLQGGRRSS-	59
hPTPDC1 isoform1 (NP_689635.3).seq	1	-----MQVDATRRPSAVRFLSSFLQGRHSTSDPVLRLQARRGSG	42
hPTPDC1 isoform2 (NP_818931).seq	1	-----	1
mPTPDC1 (NP_997115).seq	1	-----	1
rPTPDC1 (NP_001099574).seq	1	-----	1
bPTPDC1 (NP_001193525).seq	60	-----AAKVLSSSSLOVMAMSSVSCAERNFTCPERRNSGRPTPKYTKVGERLRHVIPG	114
hPTPDC1 isoform1 (NP_689635.3).seq	43	LGSGSATKLLSSSSLOVMAMSSVSHAEGNPTFFKRNLERPIFYTKVGERLRHVIPG	102
hPTPDC1 isoform2 (NP_818931).seq	1	-----MAAGVLPQNECPYSTLVNNSCVAMKCALERPFPKYTKVGERLRHVIPG	50
mPTPDC1 (NP_997115).seq	1	-----MAAGVLPQNECPYSTLVNNSCHAAHMDENSGRPAEKYTKVGERLRHVIPG	50
rPTPDC1 (NP_001099574).seq	1	-----MAAGVLPQNECPYSTLVNNSCHAAHMDENSGRPTPKYTKVGERLRHVIPG	50
bPTPDC1 (NP_001193525).seq	115	HYACSMACCGKACKYENPARWSEOEQAIGVYSSWVTNILAMARPSSELLEKVIHQEQ	174
hPTPDC1 isoform1 (NP_689635.3).seq	103	HMCSMACCGGRACKYENPARWSEOEQAIGVYSSWVTNILAMARPSSELLEKVIHQEQ	162
hPTPDC1 isoform2 (NP_818931).seq	1	-----HMCSMACCGGRACKYENPARWSEOEQAIGVYSSWVTNILAMARPSSELLEKVIHQEQ	110
mPTPDC1 (NP_997115).seq	51	HMCSMACCGGRACKYENPARWSEOEQAIGVYSSWVTNILAMARPSSELLEKVIHQEQ	110
rPTPDC1 (NP_001099574).seq	51	HMCSMACCGGRACKYENPARWSEOEQAIGVYSSWVTNILAMARPSSELLEKVIHQEQ	110
bPTPDC1 (NP_001193525).seq	175	BSHGKTIINLQRPGEHASCNPLEQESGFTYLPFAFMEAGIYFYNFGWKDYGVASLTTH	234
hPTPDC1 isoform1 (NP_689635.3).seq	163	LSHGKTIINLQRPGEHASCNPLEQESGFTYLPFAFMEAGIYFYNFGWKDYGVASLTTH	222
hPTPDC1 isoform2 (NP_818931).seq	111	LSHGKTIINLQRPGEHASCNPLEQESGFTYLPFAFMEAGIYFYNFGWKDYGVASLTTH	170
mPTPDC1 (NP_997115).seq	111	LSHGKTIINLQRPGEHASCNPLEQESGFTYLPFAFMEAGIYFYNFGWKDYGVASLTTH	170
rPTPDC1 (NP_001099574).seq	111	LSHGKTIINLQRPGEHASCNPLEQESGFTYLPFAFMEAGIYFYNFGWKDYGVASLTTH	170
bPTPDC1 (NP_001193525).seq	235	LDWVKVHTFALQEGKVAHCHAGLGRGTGVLACYLVFATRMADQAIIFVRAKRPNISIQ	294
hPTPDC1 isoform1 (NP_689635.3).seq	223	LDWVKVHTFALQEGKVAHCHAGLGRGTGVLACYLVFATRMADQAIIFVRAKRPNISIQ	282
hPTPDC1 isoform2 (NP_818931).seq	171	LDWVKVHTFALQEGKVAHCHAGLGRGTGVLACYLVFATRMADQAIIFVRAKRPNISIQ	230
mPTPDC1 (NP_997115).seq	171	LDWVKVHTFALQEGKVAHCHAGLGRGTGVLACYLVFATRMADQAIIFVRAKRPNISIQ	230
rPTPDC1 (NP_001099574).seq	171	LDWVKVHTFALQEGKVAHCHAGLGRGTGVLACYLVFATRMADQAIIFVRAKRPNISIQ	230
bPTPDC1 (NP_001193525).seq	295	RGQLLCVREFTQFLPLRNIFSCCDPKAHAVTLAQYLIRQRHLLHGVEARLLKHVPKIIH	354
hPTPDC1 isoform1 (NP_689635.3).seq	283	RGQLLCVREFTQFLPLRNIFSCCDPKAHAVTLAQYLIRQRHLLHGVEARLLKHVPKIIH	342
hPTPDC1 isoform2 (NP_818931).seq	231	RGQLLCVREFTQFLPLRNIFSCCDPKAHAVTLAQYLIRQRHLLHGVEARLLKHVPKIIH	290
mPTPDC1 (NP_997115).seq	231	RGQLLCVREFTQFLPLRNIFSCCDPKAHAVTLAQYLIRQRHLLHGVEARLLKHVPKIIH	290
rPTPDC1 (NP_001099574).seq	231	RGQLLCVREFTQFLPLRNIFSCCDPKAHAVTLAQYLIRQRHLLHGVEARLLKHVPKIIH	290
bPTPDC1 (NP_001193525).seq	355	LVCKILLDLAENRPVVMKVSLEGPLSAETKTVMSEMTQLDKELLRHDSDVSNFPNP	413
hPTPDC1 isoform1 (NP_689635.3).seq	343	LVCKILLDLAENRPVVMKVSLEGPLSAETKTVMSEMTQLDKELLRHDSDVSNFPNP	402
hPTPDC1 isoform2 (NP_818931).seq	291	LVCKILLDLAENRPVVMKVSLEGPLSAETKTVMSEMTQLDKELLRHDSDVSNFPNP	350
mPTPDC1 (NP_997115).seq	291	LVCKILLDLAENRPVVMKVSLEGPLSAETKTVMSEMTQLDKELLRHDSDVSNFPNP	350
rPTPDC1 (NP_001099574).seq	291	LVCKILLDLAENRPVVMKVSLEGPLSAETKTVMSEMTQLDKELLRHDSDVSNFPNP	350
bPTPDC1 (NP_001193525).seq	414	AVVAADFNRCMFSNEQDFPLWKRNRVCELOFLTHLKRQLSYSDSDLKRAKILLEGCE	473
hPTPDC1 isoform1 (NP_689635.3).seq	403	AVVAADFNRCMFSNEQDFPLWKRNRVCELOFLTHLKRQLSYSDSDLKRAKILLEGCE	462
hPTPDC1 isoform2 (NP_818931).seq	351	AVVAADFNRCMFSNEQDFPLWKRNRVCELOFLTHLKRQLSYSDSDLKRAKILLEGCE	410
mPTPDC1 (NP_997115).seq	351	AVVAADFNRCMFSNEQDFPLWKRNRVCELOFLTHLKRQLSYSDSDLKRAKILLEGCE	410
rPTPDC1 (NP_001099574).seq	351	AVVAADFNRCMFSNEQDFPLWKRNRVCELOFLTHLKRQLSYSDSDLKRAKILLEGCE	410
bPTPDC1 (NP_001193525).seq	474	FWTVPAQILLVGHKPRQKILSHCYTPQSPEPLHKEALVRSLSFWSQSKFGGLEGLKDN	533
hPTPDC1 isoform1 (NP_689635.3).seq	463	FWTVPAQILLVGHKPRQKILSHCYTPQSPEPLHKEALVRSLSFWSQSKFGGLEGLKDN	522
hPTPDC1 isoform2 (NP_818931).seq	411	FWTVPAQILLVGHKPRQKILSHCYTPQSPEPLHKEALVRSLSFWSQSKFGGLEGLKDN	470
mPTPDC1 (NP_997115).seq	411	FWTVPAQILLVGHKPRQKILSHCYTPQSPEPLHKEALVRSLSFWSQSKFGGLEGLKDN	470
rPTPDC1 (NP_001099574).seq	411	FWTVPAQILLVGHKPRQKILSHCYTPQSPEPLHKEALVRSLSFWSQSKFGGLEGLKDN	470
bPTPDC1 (NP_001193525).seq	534	GSLIFHRITPKVQSRSTFSGLSSENPGEFVTPNSANIPKQMSOQVYHCELSH	593
hPTPDC1 isoform1 (NP_689635.3).seq	523	GSLIFHRITPKVQSRSTFSGLSSENPGEFVTPNSANIPKQMSOQVYHCELSH	582
hPTPDC1 isoform2 (NP_818931).seq	471	GSLIFHRITPKVQSRSTFSGLSSENPGEFVTPNSANIPKQMSOQVYHCELSH	530
mPTPDC1 (NP_997115).seq	471	GSLIFHRITPKVQSRSTFSGLSSENPGEFVTPNSANIPKQMSOQVYHCELSH	526
rPTPDC1 (NP_001099574).seq	471	GSLIFHRITPKVQSRSTFSGLSSENPGEFVTPNSANIPKQMSOQVYHCELSH	526
bPTPDC1 (NP_001193525).seq	594	GGCGPSSVAEDGFLRPPDCGSSPKAQLFLNETQNSKYLSENAHMPLOSELSEARR	652
hPTPDC1 isoform1 (NP_689635.3).seq	583	GGCGPSSVRONSRTSPSLDCGSSPKAQLFLNETQNSKYLSENAHMPLOSELSEARR	642
hPTPDC1 isoform2 (NP_818931).seq	531	GGCGPSSVRONSRTSPSLDCGSSPKAQLFLNETQNSKYLSENAHMPLOSELSEARR	590
mPTPDC1 (NP_997115).seq	527	GGCGPSSVRONSRTSPSLDCGSSPKAQLFLNETQNSKYLSENAHMPLOSELSEARR	586
rPTPDC1 (NP_001099574).seq	527	GGCGPSSVRONSRTSPSLDCGSSPKAQLFLNETQNSKYLSENAHMPLOSELSEARR	586
bPTPDC1 (NP_001193525).seq	653	TLAAKALANLNEVEKEEVKRVEMWQELNSRDGAWERICGERDPFILCSLMWSWVEQL	712
hPTPDC1 isoform1 (NP_689635.3).seq	643	TLAAKALANLNEVEKEEVKRVEMWQELNSRDGAWERICGERDPFILCSLMWSWVEQL	702
hPTPDC1 isoform2 (NP_818931).seq	591	TLAAKALANLNEVEKEEVKRVEMWQELNSRDGAWERICGERDPFILCSLMWSWVEQL	650
mPTPDC1 (NP_997115).seq	587	TLAAKALANLNEVEKEEVKRVEMWQELNSRDGAWERICGERDPFILCSLMWSWVEQL	646
rPTPDC1 (NP_001099574).seq	587	TLAAKALANLNEVEKEEVKRVEMWQELNSRDGAWERICGERDPFILCSLMWSWVEQL	646
bPTPDC1 (NP_001193525).seq	713	KEPVITKEDVMDLVRADAAEALFLEKGCOTILCVLHCIVSLQITPVDVEEAFLAHA	772
hPTPDC1 isoform1 (NP_689635.3).seq	703	KEPVITKEDVMDLVRADAAEALFLEKGCOTILCVLHCIVSLQITPVDVEEAFLAHA	762
hPTPDC1 isoform2 (NP_818931).seq	651	KEPVITKEDVMDLVRADAAEALFLEKGCOTILCVLHCIVSLQITPVDVEEAFLAHA	710
mPTPDC1 (NP_997115).seq	647	KEPVITKEDVMDLVRADAAEALFLEKGCOTILCVLHCIVSLQITPVDVEEAFLAHA	706
rPTPDC1 (NP_001099574).seq	647	KEPVITKEDVMDLVRADAAEALFLEKGCOTILCVLHCIVSLQITPVDVEEAFLAHA	706
bPTPDC1 (NP_001193525).seq	773	TKAFTKVNFDSENGPIVYNTLKKIFKHTLEEKKRMTKDGPGL	816
hPTPDC1 isoform1 (NP_689635.3).seq	763	TKAFTKVNFDSENGPIVYNTLKKIFKHTLEEKKRMTKDGPGL	806
hPTPDC1 isoform2 (NP_818931).seq	711	TKAFTKVNFDSENGPIVYNTLKKIFKHTLEEKKRMTKDGPGL	754
mPTPDC1 (NP_997115).seq	707	TKAFTKVNFDSENGPIVYNTLKKIFKHTLEEKKRMTKDGPGL	747
rPTPDC1 (NP_001099574).seq	707	TKAFTKVNFDSENGPIVYNTLKKIFKHTLEEKKRMTKDGPGL	751

【図 5 - 1】

[GENETYX-MAC: Multiple-Alignment]
Date : 2011.11.11

bFGD3(NM_001024527).seq	1	-----	1
hFGD3v1(NM_001083536).seq	1	AGCCCTTGTGTCTATGAGAGCGGCTGTGCACCCGAGCCGGCGCCCTAGCCCTCCAC	60
hFGD3v2(NM_033086).seq	1	-----	1
mFGD3(NM_015759).seq	1	-----	1
rFGD3(NM_001108409).seq	1	-----	1
bFGD3(NM_001024527).seq	1	-----	1
hFGD3v1(NM_001083536).seq	61	TGGCTCTCCGAGGCGGCTTGTTCAGGGCTCAGCGTCCCTGCAGCTGCCGGGAGAGGAGG	120
hFGD3v2(NM_033086).seq	1	-----CATTTAAAGAAACGTCCTCACT	20
mFGD3(NM_015759).seq	1	-----	1
rFGD3(NM_001108409).seq	1	-----	1
bFGD3(NM_001024527).seq	1	-----	1
hFGD3v1(NM_001083536).seq	121	AGACAGGCGGCTGCCTGTGGGTGC CGCGGACCTTCGCGGCGGGCCAGGAGCGGGGACC	180
hFGD3v2(NM_033086).seq	21	CAAAAGGGGTTTGGCCCAAGACAGTGAGCACTCAGGAGACTGTGTGTGGGTGGGGTGCT	80
mFGD3(NM_015759).seq	1	-----	1
rFGD3(NM_001108409).seq	1	-----	1
bFGD3(NM_001024527).seq	1	-----	1
hFGD3v1(NM_001083536).seq	181	GCTCTCAGAACCCAGGGGCTTCAGTCTGGGCTGATTGGCGGGGAAGCAGCCCGG	240
hFGD3v2(NM_033086).seq	81	CCACCATAGAGCTGTCTGGCATCCACAGCCACCAGGAC-GCTGCCAGA-GCCCAGGCTTG	138
mFGD3(NM_015759).seq	1	-----	1
rFGD3(NM_001108409).seq	1	-----	1
bFGD3(NM_001024527).seq	1	-----	1
hFGD3v1(NM_001083536).seq	241	C-CCTCCAGGTCCCAAGGAGACCCAGCTTCCTGTGCTCCACTGTAGGCGACCTCCCGG	299
hFGD3v2(NM_033086).seq	139	CGCCACGCCCTGCCAGAGGCACACCTGCCCTGCTCAAGGCAACC---AGGGCAGGCTCAA	195
mFGD3(NM_015759).seq	1	-----	1
rFGD3(NM_001108409).seq	1	-----	1
bFGD3(NM_001024527).seq	1	-----	1
hFGD3v1(NM_001083536).seq	300	GGGCTCCTCGGAAGCGGCTCCGGCAAGTATCGAGTTTGCTGTGCGGAGCTGGGGGAGC	359
hFGD3v2(NM_033086).seq	196	GGCAGCCAGGGCCAGCTCACTGTGTGCTGTC-ACTGTG--TGAAGCTGCTTCTTCTTT	252
mFGD3(NM_015759).seq	1	-----	1
rFGD3(NM_001108409).seq	1	-----TGG	3
bFGD3(NM_001024527).seq	1	-----	1
hFGD3v1(NM_001083536).seq	360	CTCCGGCTTCCTTCTTCTTTTAAAT-TATTTCTCCCTAAGGAAGCGTA---	413
hFGD3v2(NM_033086).seq	253	ATTTCGCTTAGCAAGTGAAGCAGTGCATGTAAAGCTGCTGCAAGGAATATCTAATTT	312
mFGD3(NM_015759).seq	1	-----GCAGATGCAGACTGGCTTTGAAGAAGGC	29
rFGD3(NM_001108409).seq	4	GTTTTGTCTTCATGAGTTCAGCCCTGGAGGAGACCGAGACTGCTTGAAGAGGC	63
bFGD3(NM_001024527).seq	1	-----	1
hFGD3v1(NM_001083536).seq	414	-CCTCTAAATGGCTCTACTTTGAACCTCTGGGCAAGGAAGAGATTTTGAAGGAACCA	472
hFGD3v2(NM_033086).seq	313	ACCTCTAAATGGCTCTACTTTGAACCTCTGGGCAAGGAAGAGATTTTGAAGGAACCA	372
mFGD3(NM_015759).seq	30	ACCTCTAAACAACTTCACITTCAGTGGCTGGGCAAG---ACATTTTATAGA	80
rFGD3(NM_001108409).seq	64	ACCTCTAAACAACTTCACITTCAGTGGCTGGGCAAG---ACATTTTATAGA	114
bFGD3(NM_001024527).seq	1	-----	1
hFGD3v1(NM_001083536).seq	473	TCTACCGTGTCAAGCTCTCTCCGGCAACCTCAACACCCAGCA---GGAGCTAGGCG	528
hFGD3v2(NM_033086).seq	373	TCTACCGTGTCAAGCTCTCTCCGGCAACCTCAACACCCAGCA---GGAGCTAGGCG	428
mFGD3(NM_015759).seq	81	-----TGTCTTAGACTCTCTTGGGCAATTCAGAGCCCGGCGG-GGGGAAGCAGGCG	133
rFGD3(NM_001108409).seq	115	-----CTCTTTAGCTCTCTTGGGCAACCTCAACCAAGCCGAGAGGAAGCGGCG	168
bFGD3(NM_001024527).seq	1	-----CCG	3
hFGD3v1(NM_001083536).seq	529	CCTGTCTCCGCGGACCTTCAGCATCTCTCTCA---AAAGGCTGGTGGCATCAGGAAGCCC	586
hFGD3v2(NM_033086).seq	429	CCTGTCTCCGCGGACCTTCAGCATCTCTCTCA---AAAGGCTGGTGGCATCAGGAAGCCC	486
mFGD3(NM_015759).seq	134	CCTGTCTCAT-CAATCTCTGA-CAGCTTCATTTGGGCAACAGTTTAGGCAACAGGAATTC	191
rFGD3(NM_001108409).seq	169	CCTGTCTCAT-TAATCTCTGA-CAGCTTCATTTGGGCAACAGCTTAGGCAACAGGAAGCCC	226
bFGD3(NM_001024527).seq	4	CCAGCCAGCC-CCTCAAGAGATCAGAACTCAGCTTCAGGATGGAGCAGGAAGGGG	62
hFGD3v1(NM_001083536).seq	587	CTGGCCAGCTCC-ACCTGAGCCCACTGAGCTCAGCTTTAGGATGGAGTCAGGCGGGG	645
hFGD3v2(NM_033086).seq	487	CTGGCCAGCTCC-ACCTGAGCCCACTGAGCTCAGCTTTAGGATGGAGTCAGGCGGGG	545
mFGD3(NM_015759).seq	192	TTGGCCAGCTCCCTAGCAGAGCCCGGAGTTTGGCTTGAAGATGGAAATGGGTAGGAG	251
rFGD3(NM_001108409).seq	227	TTGGCCAGCTCCCTAGCAGAGCCCGGAGTTTGGCTTGAAGATGGAAATGGGTAGGAG	286
bFGD3(NM_001024527).seq	63	CTCTCAACACCCCGG---CCCCAGTCCACCTTCAGGAGCCAGATCTGGGCTAA	119
hFGD3v1(NM_001083536).seq	646	CTCTCAACACCCCGG---GACCCATTGCTGCTTAGGATGCCAGACACTGGGCTTG	702
hFGD3v2(NM_033086).seq	546	CTCTCAACACCCCGG---GACCCATTGCTGCTTAGGATGCCAGACACTGGGCTTG	602
mFGD3(NM_015759).seq	252	CCCTCTCAACCCCAAGAGAACTTTCCCTCTTGGATTAATTTACTTGGGCGGAG	311
rFGD3(NM_001108409).seq	287	CTCTCAACACCCCAAGAGAACTTTCCCTCTTGGGATTAATTTACTTGGGCGGAG	346

【図5-2】

bFGD3(NM_001024527).seq	120	TAACTCTCTCCCTGGAGCAACCAAGCACAGACCCAGGGAAGCTTCCAGCGCTCCCTGTTCGG	179
hFGD3v1(NM_001083536).seq	703	CAGTTCCTCCCTT-----AGGGAAGCTTCAGCGCTCCCTGTTCGG	741
hFGD3v2(NM_033086).seq	603	CAGTTCCTCCCTT-----AGGGAAGCTTCAGCGCTCCCTGTTCGG	641
mFGD3(NM_015759).seq	312	CAGCTCTCCCTT-----AGGGAAGCTTCAAGCTTCCCTTCGG	350
rFGD3(NM_001108409).seq	347	AGCTCTCTCTT-----AGGGAAGCTTCAAGCTTCCCTTCGG	385
bFGD3(NM_001024527).seq	180	GCCCTGGAATTCACCACTGGGAGCTTGTCTCTGGGAGCTTGCAGCCAGGCTCTCTCTGG	239
hFGD3v1(NM_001083536).seq	742	GCCCTAGAGCCCACTCTGGGAGCTTGTCTAGCCTTCCTGCAGCAGG--GGAGSCTCTCC	798
hFGD3v2(NM_033086).seq	642	GCCCTAGAGCCCACTCTGGGAGCTTGTCTAGCCTTCCTGCAGCAGG--GGAGSCTCTCC	698
mFGD3(NM_015759).seq	351	TCAGGCTGCTCCACCCAGGGCTCATAGCAGCTCA--GCCCAGCAGG--GGAGSCTCTCC	404
rFGD3(NM_001108409).seq	386	CTTCAGGAGCTCTCAAGGGCTCAGCTAGCTCA--CCCTCAGCAGG--GGAGSCTCTCC	439
bFGD3(NM_001024527).seq	240	GCACATGACCTTACTCGGTGAGCCGAGCACT--CTTAAAGATCCCTTACCCGGGACAGCGG	296
hFGD3v1(NM_001083536).seq	799	AGACATAGCTCCACCGGAGAGCTGAGTGGTAGCTTAAAGATCCCTTACCCGGGACAGCGG	858
hFGD3v2(NM_033086).seq	699	AGACATAGCTCCACCGGAGAGCTGAGTGGTAGCTTAAAGATCCCTTACCCGGGACAGCGG	758
mFGD3(NM_015759).seq	405	-----CACCTTGAAGCCAGTGGTCCCATGAAGATCCCTTACCCAGGAGAGCTGA	452
rFGD3(NM_001108409).seq	440	-----CTTCGGCTAGCCAGTGGAGCTTGAAGATCCCTTACCCAGGAGAGCTGA	487
bFGD3(NM_001024527).seq	297	GATAGACAGCCCATCTCTGAGCTGTGCTCAGTGAAGCTT--CTGTGAGGACAGCGGGA	353
hFGD3v1(NM_001083536).seq	859	GATTCAGAGCTCTCTCTCTCAGTGTGGCTGAGAGAACTTTCCTGTGAGGAGGGCTTGA	918
hFGD3v2(NM_033086).seq	759	GATTCAGAGCTCTCTCTCTCAGTGTGGCTGAGAGAACTTTCCTGTGAGGAGGGCTTGA	818
mFGD3(NM_015759).seq	453	AATTCAGAGCCCATCTCTCTCAGTGTGGCTGAGAGAACTTTCCTGTGAGGAGGGCTTGA	512
rFGD3(NM_001108409).seq	488	AATTCAGAGCCCATCTCTCTCAGTGTGGCTGAGAGAACTTTCCTGTGAGGAGGGCTTGA	547
bFGD3(NM_001024527).seq	354	GGCGGGCCCAAGCTTCAATCAAGGGCCACACCTGCTAACAGCCCTGGGCTAGCTC	413
hFGD3v1(NM_001083536).seq	919	GGCTGGCCCAAGCCCACTCTTCTGCGGCTTCACCTAGAGATGGCCCTGGCAGCAGGCT	978
hFGD3v2(NM_033086).seq	819	GGCTGGCCCAAGCCCACTCTTCTGCGGCTTCACCTAGAGATGGCCCTGGCAGCAGGCT	878
mFGD3(NM_015759).seq	513	GGCTCTTCAAGCCCTCTCATCTCTGGGCTACCTCTGAGTGGCTTGGAGAGGCTTGA	572
rFGD3(NM_001108409).seq	548	GGGTCTTCAAGCCCTCTCATCTCTGGGCTACCTCTGAGTGGCTTGGAGAGGCTTGA	607
bFGD3(NM_001024527).seq	414	TCACAGGAGGAGCTCATAGCTGATTCAGCTGAGGAGGACCTGAGGAGGCTGACCTGA	473
hFGD3v1(NM_001083536).seq	979	CCCGAAGGTCTATCCCGAGGAGGAGCTTACAGCTTACCTGGGTGAGGAGCTTGA	1038
hFGD3v2(NM_033086).seq	879	CCCGAAGGTCTATCCCGAGGAGGAGCTTACAGCTTACCTGGGTGAGGAGCTTGA	938
mFGD3(NM_015759).seq	573	CCCGAAGGTCTATCCCGAGGAGGAGCTTACAGCTTACCTGGGTGAGGAGCTTGA	632
rFGD3(NM_001108409).seq	608	CCCGAAGGTCTATCCCGAGGAGGAGCTTACAGCTTACCTGGGTGAGGAGCTTGA	667
bFGD3(NM_001024527).seq	474	GAACACCCCTTCTAAGCTTACAGCTGATCCAGC-----CAGTGTCTTGAAGCTCAGAA	527
hFGD3v1(NM_001083536).seq	1039	GAACACCCCTTCTAAGCTTACAGCTGATCCAGC-----CAGTGTCTTGAAGCTCAGAA	1098
hFGD3v2(NM_033086).seq	939	GAACACCCCTTCTAAGCTTACAGCTGATCCAGC-----CAGTGTCTTGAAGCTCAGAA	998
mFGD3(NM_015759).seq	633	CTTACCCCTTCTAAGCTTACAGCTGATCCAGC-----CAGTGTCTTGAAGCTCAGAA	692
rFGD3(NM_001108409).seq	668	GAATACCCCTTCTAAGCTTACAGCTGATCCAGC-----CAGTGTCTTGAAGCTCAGAA	727
bFGD3(NM_001024527).seq	528	CTTGTCTTCCATCTTCCAGAGGCTCTTGCACACGGAGGAGACCTATGTGAAGCGGCTGA	587
hFGD3v1(NM_001083536).seq	1099	GCTTCTTCCATCTTCCAGAGGCTCTTGCACACCTAGGAGACCTATGTGAAGCGGCTGA	1158
hFGD3v2(NM_033086).seq	999	GCTTCTTCCATCTTCCAGAGGCTCTTGCACACCTAGGAGACCTATGTGAAGCGGCTGA	1058
mFGD3(NM_015759).seq	693	GCTTCTTCCATCTTCCAGAGGCTCTTGCACACCTAGGAGACCTATGTGAAGCGGCTGA	752
rFGD3(NM_001108409).seq	728	GCTTCTTCCATCTTCCAGAGGCTCTTGCACACCTAGGAGACCTATGTGAAGCGGCTGA	787
bFGD3(NM_001024527).seq	588	CCTGCTTACAGGAGTTTCTTGCACCTGGCTGACAGAGCAGGGATCCCTTTCAGAGTCA	647
hFGD3v1(NM_001083536).seq	1159	CCTGCTTACAGGAGTTTCTTGCACCTGGCTGACAGAGCAGGGATCCCTTTCAGAGTCA	1218
hFGD3v2(NM_033086).seq	1059	CCTGCTTACAGGAGTTTCTTGCACCTGGCTGACAGAGCAGGGATCCCTTTCAGAGTCA	1118
mFGD3(NM_015759).seq	753	CCTGCTTACAGGAGTTTCTTGCACCTGGCTGACAGAGCAGGGATCCCTTTCAGAGTCA	812
rFGD3(NM_001108409).seq	788	CCTGCTTACAGGAGTTTCTTGCACCTGGCTGACAGAGCAGGGATCCCTTTCAGAGTCA	847
bFGD3(NM_001024527).seq	648	CACAGGCATCTTCTCTAACATCTCTTCCATCTA--CGCTTCCACGGGAGTTCCTCTGCC	707
hFGD3v1(NM_001083536).seq	1219	CATGGGCATCTTCTCTAACATCTCTTCCATCTA--CGCTTCCACGGGAGTTCCTCTGCC	1278
hFGD3v2(NM_033086).seq	1119	CATGGGCATCTTCTCTAACATCTCTTCCATCTA--CGCTTCCACGGGAGTTCCTCTGCC	1178
mFGD3(NM_015759).seq	813	CACGGGCATCTTCTCTAACATCTCTTCCATCTA--CGCTTCCACGGGAGTTCCTCTGCC	872
rFGD3(NM_001108409).seq	848	CACGGGCATCTTCTCTAACATCTCTTCCATCTA--CGCTTCCACGGGAGTTCCTCTGCC	907
bFGD3(NM_001024527).seq	708	TCAGCTGACCTGCGGATCAGCACTGAGTGGCATCTGAACCCCTCCACTTTCAGACATCCT	767
hFGD3v1(NM_001083536).seq	1279	GCAGCTGAAGACCGGATCAGCGAGGAGTGGGATACAAACCCCTCGCTTCGGTCACTCCT	1338
hFGD3v2(NM_033086).seq	1179	GCAGCTGAAGACCGGATCAGCGAGGAGTGGGATACAAACCCCTCGCTTCGGTCACTCCT	1238
mFGD3(NM_015759).seq	873	GCAGCTGACAGAGGATCAGAGAGGAGTGGGATACAAACCCCTCGCTTCGGGAGATCCT	932
rFGD3(NM_001108409).seq	908	TCGACTGAAGAGGATCAGAGAGGAGTGGGATACAAACCCCTCGCTTCGGGAGATCCT	967
bFGD3(NM_001024527).seq	768	GCAGAACTGGCCCCCTTCTTACAGATGTATGCTTAAATGTCAAGAACTTTGACCGG	827
hFGD3v1(NM_001083536).seq	1339	GCAGAACTGGCCCCCTTCTTAAAGATGTATGCGGAGTATGTCAAGAACTTTGACCGG	1398
hFGD3v2(NM_033086).seq	1239	GCAGAACTGGCCCCCTTCTTAAAGATGTATGCGGAGTATGTCAAGAACTTTGACCGG	1298
mFGD3(NM_015759).seq	933	GCAGAACTGGCCCCCTTCTTAAAGATGTATGCGGAGTATGTCAAGAACTTTGACCGG	992
rFGD3(NM_001108409).seq	968	GCAGAACTGGCCCCCTTCTTAAAGATGTATGCGGAGTATGTCAAGAACTTTGACCGG	1027
bFGD3(NM_001024527).seq	828	TATGAGCTGGGTGAGCAGTGGACCCAGCGCTCTCTGTTTAAAGACAGTCTCCACAG	887
hFGD3v1(NM_001083536).seq	1399	CGTAGGGCTGGGTGAGCAGTGGACCCAGCGCTCTCTGTTTAAAGACAGTCTCCACAG	1458
hFGD3v2(NM_033086).seq	1299	CGTAGGGCTGGGTGAGCAGTGGACCCAGCGCTCTCTGTTTAAAGACAGTCTCCACAG	1358
mFGD3(NM_015759).seq	993	GATGGGCTGGGTGAGCAGTGGACCCAGCGCTCTCTGTTTAAAGACAGTCTCCACAG	1052
rFGD3(NM_001108409).seq	1028	AATGGGCTGGGTGAGCAGTGGACCCAGCGCTCTCTGTTTAAAGACAGTCTCCACAG	1087

【図 5 - 3】

bFGD3(NM_001024527).seq	888	CATCCAGAAGCAGGAGCTGTGCGGAACCTGACCTTCGAGCACCACATGCTGGAGCCCGT	947
hFGD3v1(NM_001083536).seq	1459	CATCCAGAAGCAGGAGGTATGCGGGAACCTGACCTTCGAGCACCACATGCTGGAGCCCGT	1518
hFGD3v2(NM_033086).seq	1359	CATCCAGAAGCAGGAGGTATGCGGGAACCTGACCTTCGAGCACCACATGCTGGAGCCCGT	1418
mFGD3(NM_015759).seq	1053	CATCCAGAAGCAGGAGGTGTGTGGGAACCTGACCTTCGAGCACCACATGCTGGAGCCCGT	1112
rFGD3(NM_001108409).seq	1088	CATCCAGAAGCAGGAGGTGTGCGGGAACCTGACCTTCGAGCACCACATGCTGGAGCCCGT	1147
bFGD3(NM_001024527).seq	948	GCAGAGGGTCCCCCGCTATGAGCTGCTGCTCAAGGACTATCTGAAGAGGCTCCCGAGGA	1007
hFGD3v1(NM_001083536).seq	1519	GCAGAGGGTCCCCCGCTATGAGCTGCTGCTCAAGGACTATCTGAAGAGGCTCCCGAGGA	1578
hFGD3v2(NM_033086).seq	1419	GCAGAGGGTCCCCCGCTATGAGCTGCTGCTCAAGGACTATCTGAAGAGGCTCCCGAGGA	1478
mFGD3(NM_015759).seq	1113	GCAGAGGGTCCCCCGCTATGAGCTGCTGCTCAAGGACTATCTGAAGAGGCTCCCGAGGA	1172
rFGD3(NM_001108409).seq	1148	GCAGAGGGTCCCCCGCTATGAGCTGCTGCTCAAGGACTATCTGAAGAGGCTCCCGAGGA	1207
bFGD3(NM_001024527).seq	1008	TGCCCCAGACTGGAAGGATGCGAGAGGTCTTGGAGCTCATCTCCACAGCTGCCAACCA	1067
hFGD3v1(NM_001083536).seq	1579	TGCCCCAGACTGGAAGGATGCGAGAGGTCTTGGAGCTCATCTCCACAGCTGCCAACCA	1638
hFGD3v2(NM_033086).seq	1479	TGCCCCAGACTGGAAGGATGCGAGAGGTCTTGGAGCTCATCTCCACAGCTGCCAACCA	1538
mFGD3(NM_015759).seq	1173	TGCCCCAGACTGGAAGGATGCGAGAGGTCTTGGAGCTCATCTCCACAGCTGCCAACCA	1232
rFGD3(NM_001108409).seq	1208	TGCCCCAGACTGGAAGGATGCGAGAGGTCTTGGAGCTCATCTCTATAGCTGCTGACCN	1267
bFGD3(NM_001024527).seq	1068	CTCCAATGCTGCCATTGCGGAAATGGAGAAATGCACAAGCTCTTGGAGGTGTACGAGAG	1127
hFGD3v1(NM_001083536).seq	1639	CTCCAATGCTGCCATTGCGGAAATGGAGAAATGCACAAGCTCTTGGAGGTGTACGAGAG	1698
hFGD3v2(NM_033086).seq	1539	CTCCAATGCTGCCATTGCGGAAATGGAGAAATGCACAAGCTCTTGGAGGTGTACGAGAG	1598
mFGD3(NM_015759).seq	1233	CTCCAATGCTGCCATTGCGGAAATGGAGAAATGCACAAGCTCTTGGAGGTGTACGAGAG	1292
rFGD3(NM_001108409).seq	1268	CTCCAATGCTGCCATTGGAATATGGAGAAATGCACAAGCTCTTGGAGGTGTACGAGAG	1327
bFGD3(NM_001024527).seq	1128	ACTGGGTGGGGAGGAGACATGCTCAACCCCTGCAAGAGCTGATCAAGGAGGGCCACAT	1187
hFGD3v1(NM_001083536).seq	1699	ACTGGGTGGGGAGGAGACATGCTCAACCCCTGCAAGAGCTGATCAAGGAGGGCCACAT	1758
hFGD3v2(NM_033086).seq	1599	ACTGGGTGGGGAGGAGACATGCTCAACCCCTGCAAGAGCTGATCAAGGAGGGCCACAT	1658
mFGD3(NM_015759).seq	1293	ACTGGGTGGGGAGGAGACATGCTCAACCCCTGCAAGAGCTGATCAAGGAGGGCCACAT	1352
rFGD3(NM_001108409).seq	1328	ACTGGGTGGGGAGGAGACATGCTCAACCCCTGCAAGAGCTGATCAAGGAGGGCCACAT	1387
bFGD3(NM_001024527).seq	1188	CCAGAGCTGTGTCGCAAGATGGCACCACCCAGGACCGCCACCTCTTCTGTTCACACAG	1247
hFGD3v1(NM_001083536).seq	1759	CCAGAGCTGTGTCGCAAGATGGCACCACCCAGGACCGCCACCTCTTCTGTTCACACAG	1818
hFGD3v2(NM_033086).seq	1659	CCAGAGCTGTGTCGCAAGATGGCACCACCCAGGACCGCCACCTCTTCTGTTCACACAG	1718
mFGD3(NM_015759).seq	1353	CCAGAGCTGTGTCGCAAGATGGCACCACCCAGGACCGCCACCTCTTCTGTTCACACAG	1412
rFGD3(NM_001108409).seq	1388	CCAGAGCTGTGTCGCAAGATGGCACCACCCAGGACCGCCACCTCTTCTGTTCACACAG	1447
bFGD3(NM_001024527).seq	1248	CATGATCCTTTACTGTGTGCCAAACTGCGGCTTATGGGCCAGAGTTTCACTGTCCGGGA	1307
hFGD3v1(NM_001083536).seq	1819	CATGATCCTTTACTGTGTGCCAAACTGCGGCTTATGGGCCAGAGTTTCACTGTCCGGGA	1878
hFGD3v2(NM_033086).seq	1719	CATGATCCTTTACTGTGTGCCAAACTGCGGCTTATGGGCCAGAGTTTCACTGTCCGGGA	1778
mFGD3(NM_015759).seq	1413	CATGATCCTTTACTGTGTGCCAAACTGCGGCTTATGGGCCAGAGTTTCACTGTCCGGGA	1472
rFGD3(NM_001108409).seq	1448	CATGATCCTTTACTGTGTGCCAAACTGCGGCTTATGGGCCAGAGTTTCACTGTCCGGGA	1507
bFGD3(NM_001024527).seq	1308	GAAGATGGACATCTTCGGCCCTCCAGGTGCAGGATATCGTCAAGTCAGGGGCGGCCACAC	1367
hFGD3v1(NM_001083536).seq	1879	GAAGATGGACATCTTCGGCCCTCCAGGTGCAGGATATCGTCAAGTCAGGGGCGGCCACAC	1938
hFGD3v2(NM_033086).seq	1779	GAAGATGGACATCTTCGGCCCTCCAGGTGCAGGATATCGTCAAGTCAGGGGCGGCCACAC	1838
mFGD3(NM_015759).seq	1473	GAAGATGGACATCTTCGGCCCTCCAGGTGCAGGATATCGTCAAGTCAGGGGCGGCCACAC	1532
rFGD3(NM_001108409).seq	1508	GAAGATGGACATCTTCGGCCCTCCAGGTGCAGGATATCGTCAAGTCAGGGGCGGCCACAC	1567
bFGD3(NM_001024527).seq	1368	ATTTCATCATAAGTGAAGAGAAAGATCCCTGGAGCTACAACTCGGACCGAAGACGAGAA	1427
hFGD3v1(NM_001083536).seq	1939	ATTTCATCATAAGTGAAGAGAAAGATCCCTGGAGCTACAACTCGGACCGAAGACGAGAA	1998
hFGD3v2(NM_033086).seq	1839	ATTTCATCATAAGTGAAGAGAAAGATCCCTGGAGCTACAACTCGGACCGAAGACGAGAA	1898
mFGD3(NM_015759).seq	1533	ATTTCATCATAAGTGAAGAGAAAGATCCCTGGAGCTACAACTCGGACCGAAGACGAGAA	1592
rFGD3(NM_001108409).seq	1568	ATTTCATCATAAGTGAAGAGAAAGATCCCTGGAGCTACAACTCGGACCGAAGACGAGAA	1627
bFGD3(NM_001024527).seq	1428	GAAAGATGGATTTCAGTTCATTCAGGCCACCATTCGAGAAGCACAACGAGAAGCGGAGAC	1487
hFGD3v1(NM_001083536).seq	1999	GAAAGATGGATTTCAGTTCATTCAGGCCACCATTCGAGAAGCACAACGAGAAGCGGAGAC	2058
hFGD3v2(NM_033086).seq	1899	GAAAGATGGATTTCAGTTCATTCAGGCCACCATTCGAGAAGCACAACGAGAAGCGGAGAC	1958
mFGD3(NM_015759).seq	1593	GAAAGATGGATTTCAGTTCATTCAGGCCACCATTCGAGAAGCACAACGAGAAGCGGAGAC	1652
rFGD3(NM_001108409).seq	1628	GAAAGATGGATTTCAGTTCATTCAGGCCACCATTCGAGAAGCACAACGAGAAGCGGAGAC	1686
bFGD3(NM_001024527).seq	1488	TTTCAAGGCTTTTCTGTCCTCTCAGCCAGGATGAGGATTTCCCTCTCTCCAGAACCC	1547
hFGD3v1(NM_001083536).seq	2059	TTTCAAGGCTTTTCTGTCCTCTCAGCCAGGATGAGGATTTCCCTCTCTCCAGAACCC	2118
hFGD3v2(NM_033086).seq	1959	TTTCAAGGCTTTTCTGTCCTCTCAGCCAGGATGAGGATTTCCCTCTCTCCAGAACCC	2018
mFGD3(NM_015759).seq	1653	TTTCAAGGCTTTTCTGTCCTCTCAGCCAGGATGAGGATTTCCCTCTCTCCAGAACCC	1712
rFGD3(NM_001108409).seq	1646	TTTCAAGGCTTTTCTGTCCTCTCAGCCAGGATGAGGATTTCCCTCTCTCCAGAACCC	1646
bFGD3(NM_001024527).seq	1548	CCCTATCATCAGCTCCAGCTCCAGGCTCCCTGCAAGTCCAGCTTCAGTTCAGGGGAGGT	1607
hFGD3v1(NM_001083536).seq	2119	CCCTATCATCAGCTCCAGCTCCAGGCTCCCTGCAAGTCCAGCTTCAGTTCAGGGGAGGT	2178
hFGD3v2(NM_033086).seq	2019	CCCTATCATCAGCTCCAGCTCCAGGCTCCCTGCAAGTCCAGCTTCAGTTCAGGGGAGGT	2078
mFGD3(NM_015759).seq	1713	CCCTATCATCAGCTCCAGCTCCAGGCTCCCTGCAAGTCCAGCTTCAGTTCAGGGGAGGT	1772
rFGD3(NM_001108409).seq	1646	CCCTATCATCAGCTCCAGCTCCAGGCTCCCTGCAAGTCCAGCTTCAGTTCAGGGGAGGT	1646
bFGD3(NM_001024527).seq	1608	TTTCAAGGCTTTTCTGTCCTCTCAGCCAGGATGAGGATTTCCCTCTCTCCAGAACCC	1667
hFGD3v1(NM_001083536).seq	2179	TTTCAAGGCTTTTCTGTCCTCTCAGCCAGGATGAGGATTTCCCTCTCTCCAGAACCC	2238
hFGD3v2(NM_033086).seq	2079	TTTCAAGGCTTTTCTGTCCTCTCAGCCAGGATGAGGATTTCCCTCTCTCCAGAACCC	2138
mFGD3(NM_015759).seq	1773	TTTCAAGGCTTTTCTGTCCTCTCAGCCAGGATGAGGATTTCCCTCTCTCCAGAACCC	1832
rFGD3(NM_001108409).seq	1647	TTTCAAGGCTTTTCTGTCCTCTCAGCCAGGATGAGGATTTCCCTCTCTCCAGAACCC	1696

【図5-4】

bFGD3(NM_001024527).seq	1668	CTGTAGCAGCTGTGGTGAGACCTTCAACTCCATCACCAGGAAACCACTGCAAGCT	1727
hFGD3v1(NM_001083536).seq	2239	CTGTAAAGAGCTGTGGTGAGACCTTCAACTCCATCACCAGGAGGAGCATCACTGCAAGCT	2298
hFGD3v2(NM_033086).seq	2139	CTGTAAAGAGCTGTGGTGAGACCTTCAACTCCATCACCAGGAGGAGCATCACTGCAAGCT	2198
mFGD3(NM_015759).seq	1833	GTGTAAAGAGCTGTGGTGAGACCTTCAACTCCATCACCAGGAGGAGTATCTGCAAGCT	1892
rFGD3(NM_001108409).seq	1697	ATGTAAAGCTGTGGTGAGACCTTCAACTCCATCACCAGGAGGATCTGCAAGCT	1756
bFGD3(NM_001024527).seq	1728	GTGTGGGGCGGTTCATCTGTGGGAAGTGTCTTCAATTCAGGCTGAGAACTGCAGGCAGAG	1787
hFGD3v1(NM_001083536).seq	2299	GTGTGGGGCGGTTCATCTGTGGGAAGTGTCTTCAATTCAGGCTGAGAACTGCAGGCAGAG	2358
hFGD3v2(NM_033086).seq	2199	GTGTGGGGCGGTTCATCTGTGGGAAGTGTCTTCAATTCAGGCTGAGAACTGCAGGCAGAG	2258
mFGD3(NM_015759).seq	1893	GTGTGGGGCGGTTCATCTGTGGGAAGTGTCTTCAATTCAGGCTGAGAACTGCAGGCAGAG	1952
rFGD3(NM_001108409).seq	1757	CTGTGGAGAGTTCATCTGTGGGAAGTGTCTTCAATTCAGGCTGAGAACTGCAGGCAGAG	1816
bFGD3(NM_001024527).seq	1788	TCGTGCTCTCAGAGAGTGTTCCTGACCTCAGCCAGTGGCCCACTTGAACCTGAGCCCTGA	1847
hFGD3v1(NM_001083536).seq	2359	CCGTGCTCTCAGAGAGTGTTCCTGACCTCAGCCAGTGGCCCACTTGAACCTGAGCCCTGA	2401
hFGD3v2(NM_033086).seq	2259	CCGTGCTCTCAGAGAGTGTTCCTGACCTCAGCCAGTGGCCCACTTGAACCTGAGCCCTGA	2301
mFGD3(NM_015759).seq	1953	CCGTGCTCTCAGAGAGTGTTCCTGACCTCAGCCAGTGGCCCACTTGAACCTGAGCCCTGA	2012
rFGD3(NM_001108409).seq	1817	CCGTGCTCTCAGAGAGTGTTCCTGACCTCAGCCAGTGGCCCACTTGAACCTGAGCCCTGA	1876
bFGD3(NM_001024527).seq	1848	GGAGCCCTTGCAGCTCAAGCAGACCAAGAGAGCCAGTCTGGCGAGCCCACTCCAGCAG	1907
hFGD3v1(NM_001083536).seq	2402	GGAGCCCTTGCAGCTCAAGCAGACCAAGAGAGCCAGTCTGGCGAGCCCACTCCAGCAG	2442
hFGD3v2(NM_033086).seq	2302	GGAGCCCTTGCAGCTCAAGCAGACCAAGAGAGCCAGTCTGGCGAGCCCACTCCAGCAG	2342
mFGD3(NM_015759).seq	2013	GACTCCCACTGAGCTCAAGCAGAAATGAGAGAGCCCTCCCTCTGTAGATCTCTGCCCCAG	2072
rFGD3(NM_001108409).seq	1877	GACTCCCACTGAGCTCAAGCAGAAATGAGAGAGCCCTCCCTCTGTAGATCTCTGCCCCAG	1936
bFGD3(NM_001024527).seq	1908	CCTGCTCTGCGGCCCTTGCAGGCTGTGAGATGGCGTACAGCTGGAGCAGGCTGTGGGC	1967
hFGD3v1(NM_001083536).seq	2443	CCTGCTCTGCGGCCCTTGCAGGCTGTGAGATGGCGTACAGCTGGAGCAGGCTGTGGGC	2502
hFGD3v2(NM_033086).seq	2343	CCTGCTCTGCGGCCCTTGCAGGCTGTGAGATGGCGTACAGCTGGAGCAGGCTGTGGGC	2402
mFGD3(NM_015759).seq	2073	CCTGCTCTGCGGCCCTTGCAGGCTGTGAGATGGCGTACAGCTGGAGCAGGCTGTGGGC	2132
rFGD3(NM_001108409).seq	1937	CCTGCTCTGCGGCCCTTGCAGGCTGTGAGATGGCGTACAGCTGGAGCAGGCTGTGGGC	1996
bFGD3(NM_001024527).seq	1968	TGCCATCTCTGAGTCAGATCTCCCTGGAGTGGTGTGTCACCTTCAAGAGGAGCCAGGA	2027
hFGD3v1(NM_001083536).seq	2503	CGCCATCTCTGAGTCAGATCTCCCTGGAGTGGTGTGTCACCTTCAAGAGGAGCCAGGA	2556
hFGD3v2(NM_033086).seq	2403	CGCCATCTCTGAGTCAGATCTCCCTGGAGTGGTGTGTCACCTTCAAGAGGAGCCAGGA	2456
mFGD3(NM_015759).seq	2133	AGCCATCTCTGAGTCAGATCTCCCTGGAGTGGTGTGTCACCTTCAAGAGGAGCCAGGA	2186
rFGD3(NM_001108409).seq	1997	AGCCATCTCTGAGTCAGATCTCCCTGGAGTGGTGTGTCACCTTCAAGAGGAGCCAGGA	2050
bFGD3(NM_001024527).seq	2028	TGGCGAGCTGCTCCATCCATCCCTTCTCCGCTGCAAGGCTGAGTGTGGTGGACCTGCT	2087
hFGD3v1(NM_001083536).seq	2557	CGCCCGGCTGCTCCATCCATCCCTTCTCCGCTGCAAGGCTGAGTGTGGTGGACCTGCT	2616
hFGD3v2(NM_033086).seq	2457	CGCCCGGCTGCTCCATCCATCCCTTCTCCGCTGCAAGGCTGAGTGTGGTGGACCTGCT	2516
mFGD3(NM_015759).seq	2187	TGGCGAGCTGCTCCATCCATCCCTTCTCCGCTGCAAGGCTGAGTGTGGTGGACCTGCT	2246
rFGD3(NM_001108409).seq	2051	TGGCGAGCTGCTCCATCCATCCCTTCTCCGCTGCAAGGCTGAGTGTGGTGGACCTGCT	2110
bFGD3(NM_001024527).seq	2088	AGAGAGCTTGGATCTCAGGCACTGTGGAAGCTGAGCAGGCTCAGCAGTCTTGTACCT	2147
hFGD3v1(NM_001083536).seq	2517	AGAGAGCTTGGATCTCAGGCACTGTGGAAGCTGAGCAGGCTCAGCAGTCTTGTACCT	2576
hFGD3v2(NM_033086).seq	2417	AGAGAGCTTGGATCTCAGGCACTGTGGAAGCTGAGCAGGCTCAGCAGTCTTGTACCT	2476
mFGD3(NM_015759).seq	2117	AGAGAGCTTGGATCTCAGGCACTGTGGAAGCTGAGCAGGCTCAGCAGTCTTGTACCT	2176
rFGD3(NM_001108409).seq	2088	AGAGAGCTTGGATCTCAGGCACTGTGGAAGCTGAGCAGGCTCAGCAGTCTTGTACCT	2147
bFGD3(NM_001024527).seq	2148	GAGCGCCCTTCTGAGCTGAGCAGCAGTGGCTGGAGCTTCAAGCTCAGCAGCCCA	2207
hFGD3v1(NM_001083536).seq	2577	GAGCGCCCTTCTGAGCTGAGCAGCAGTGGCTGGAGCTTCAAGCTCAGCAGCCCA	2636
hFGD3v2(NM_033086).seq	2477	GAGCGCCCTTCTGAGCTGAGCAGCAGTGGCTGGAGCTTCAAGCTCAGCAGCCCA	2536
mFGD3(NM_015759).seq	2177	GAGCGCCCTTCTGAGCTGAGCAGCAGTGGCTGGAGCTTCAAGCTCAGCAGCCCA	2236
rFGD3(NM_001108409).seq	2148	GAGCGCCCTTCTGAGCTGAGCAGCAGTGGCTGGAGCTTCAAGCTCAGCAGCCCA	2207
bFGD3(NM_001024527).seq	2208	TGAGGATCTCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGC	2267
hFGD3v1(NM_001083536).seq	2737	TGAGGATCTCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGC	2796
hFGD3v2(NM_033086).seq	2637	TGAGGATCTCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGC	2696
mFGD3(NM_015759).seq	2367	TGAGGATCTCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGC	2426
rFGD3(NM_001108409).seq	2231	CGGGGACACAGCCCGGACACCCAGGGGCTTACAGCCCAAGCAGCCAGCAGCAGCAGC	2290
bFGD3(NM_001024527).seq	2268	AGCTGAGCTCTGCACTCTCTCTTACTGTAGGCACCCACAGCAAGGCTTGTCTG	2324
hFGD3v1(NM_001083536).seq	2797	TGCTCCGTGAAGCTGAGCTCTCTCTTACTGTAGGCACCCACAGCAAGGCTTGTCTG	2853
hFGD3v2(NM_033086).seq	2697	TGCTCCGTGAAGCTGAGCTCTCTCTTACTGTAGGCACCCACAGCAAGGCTTGTCTG	2753
mFGD3(NM_015759).seq	2427	CACTCCATGAAGCTGAGCTCTCTCTTACTGTAGGCACCCACAGCAAGGCTTGTCTG	2483
rFGD3(NM_001108409).seq	2291	CACTCCATGAAGCTGAGCTCTCTCTTACTGTAGGCACCCACAGCAAGGCTTGTCTG	2347
bFGD3(NM_001024527).seq	2325	TTCTGAGAGGTGATGTCTAGGCTCTCTCTGAGGCTTGAAGAGATCTTGGAGCTCTG	2379
hFGD3v1(NM_001083536).seq	2854	TTCTGAGAGGTGATGTCTAGGCTCTCTCTGAGGCTTGAAGAGATCTTGGAGCTCTG	2902
hFGD3v2(NM_033086).seq	2754	TTCTGAGAGGTGATGTCTAGGCTCTCTCTGAGGCTTGAAGAGATCTTGGAGCTCTG	2802
mFGD3(NM_015759).seq	2484	TTCTGAGAGGTGATGTCTAGGCTCTCTCTGAGGCTTGAAGAGATCTTGGAGCTCTG	2539
rFGD3(NM_001108409).seq	2348	TTCTGAGAGGTGATGTCTAGGCTCTCTCTGAGGCTTGAAGAGATCTTGGAGCTCTG	2406
bFGD3(NM_001024527).seq	2380	AGGGCTGACAGCCACACAGCTTGGCTCTGAGGCTTCTCTGAGCAGAGCAGCA	2439
hFGD3v1(NM_001083536).seq	2903	AGGGCTGACAGCCACACAGCTTGGCTCTGAGGCTTCTCTGAGCAGAGCAGCA	2952
hFGD3v2(NM_033086).seq	2803	AGGGCTGACAGCCACACAGCTTGGCTCTGAGGCTTCTCTGAGCAGAGCAGCA	2852
mFGD3(NM_015759).seq	2540	AGGGCTGACAGCCACACAGCTTGGCTCTGAGGCTTCTCTGAGCAGAGCAGCA	2593
rFGD3(NM_001108409).seq	2407	AGGGCTGACAGCCACACAGCTTGGCTCTGAGGCTTCTCTGAGCAGAGCAGCA	2459

【図5-5】

bFGD3(NM_001024527).seq	2440	AAATGAGGCCAGAGAGGGGAGCCAACTGCTTA--TGTCATCCAGCATGCTCAAAAGAG	2498
hFGD3v1(NM_001083536).seq	2953	AAACTGAGGCCAGAGAGGGGCAACCACTGGCTAAGGGTCACCCAGCAAGT---TTTG--G	3008
hFGD3v2(NM_033086).seq	2853	AAACTGAGGCCAGAGAGGGGCAACCACTGGCTAAGGGTCACCCAGCAAGT---TTTG--G	2908
mFGD3(NM_015759).seq	2594	AACTCTTACACAGAGCTTGGGCTTC---TGGCTTCTGGCTTCAAGTCCAGC---GTTGTC	2647
rFGD3(NM_001108409).seq	2460	AACTCTTACACAGAGCTTGGGCTTC---TGGCTT-----TCAACGCCAGC---ACTGTC	2506
bFGD3(NM_001024527).seq	2499	CTGGCTTCTG--CTGTCAGGCCCCGCTCTGTGGCCAGAGTTGGGCTAGGGTGACTGTC	2557
hFGD3v1(NM_001083536).seq	3009	CTAAGACCTTGGCTTCAGCCCCAGCAGTGTGGCCAGAG---CAGGGCCGACTGCC	3063
hFGD3v2(NM_033086).seq	2909	CTAAGACCTTGGCTTCAGCCCCAGCAGTGTGGCCAGAG---CAGGGCCGACTGCC	2963
mFGD3(NM_015759).seq	2648	GTGAGAGCATGGAGAATGCCCATACCAACCAAAATGTCA---CCGAG--CAGACTGAG	2701
rFGD3(NM_001108409).seq	2507	GTGAGAGCATGGAGATGCCCATACCAACCAAAATGTCA---CCAG--CAGACTGAG	2560
bFGD3(NM_001024527).seq	2558	AACTGAGCTCTGCTGAGTGGGCTATTAGCAGTCACTGTGCT--GGAAGCAG--AAGGA	2614
hFGD3v1(NM_001083536).seq	3064	AAAGTA--ACCACTATTCATATGGGCTCTGCTGATGCTTCCCGGAAGCCAGAAAGAGC	3122
hFGD3v2(NM_033086).seq	2964	AAAGTA--ACCACTATTCATATGGGCTCTGCTGATGCTTCCCGGAAGCCAGAAAGAGC	3022
mFGD3(NM_015759).seq	2702	TGATGACATCAGCCCTCAAGGCCAAGG-----GCACTGTC--CAG---GGGT	2745
rFGD3(NM_001108409).seq	2561	TGATGACATCAGCCCTCAAGGCCAAGG-----GCACTGTC--CAG---GGGT	2615
bFGD3(NM_001024527).seq	2615	ATCATGGGCTGTGCC--AGGGACATCTGGTGGATGCTGCACTCATGCCATCTCTCCAG	2674
hFGD3v1(NM_001083536).seq	3123	CAGCATGGGCACTGCC--AGGGACATCTGGTGGATGCTGCACTCATGCCATCTCTCCAG	3176
hFGD3v2(NM_033086).seq	3023	CAGCATGGGCACTGCC--AGGGACATCTGGTGGATGCTGCACTCATGCCATCTCTCCAG	3076
mFGD3(NM_015759).seq	2746	GATCATGCTCA--ACC--TGGGTGCT---GTCACTCTG--CAAGGCCAGAGCTGTCTGT	2797
rFGD3(NM_001108409).seq	2616	GATCATGCTCA--ACC--TGGGTGCT---GTCACTCTG--CAAGGCCAGAGCTGTCTGT	2667
bFGD3(NM_001024527).seq	2675	TGATGCCCATCATCCACCACTCTA--CATGCTGCGAGCTGAACAGAGCTGGCCCTG	2733
hFGD3v1(NM_001083536).seq	3177	--CCCGCTCTGCGCCAGCTGTCTA--CACCGTGTAGCTGAATCTGACTTGTCTGCC	3232
hFGD3v2(NM_033086).seq	3077	--CCCGCTCTGCGCCAGCTGTCTA--CACCGTGTAGCTGAATCTGACTTGTCTGCC	3132
mFGD3(NM_015759).seq	2798	GGCCTGAC--GGCATTTGCTCATCTATC--ACTGTGTGACTGGGCCATGACCTGCTCTC	2856
rFGD3(NM_001108409).seq	2668	GGCCTGACCTGGTCTTTGCTGTCTGTATC--ACTGTGTGACTGGGCCATGAC--TGCTCTC	2726
bFGD3(NM_001024527).seq	2734	GACTCCACCT	2793
hFGD3v1(NM_001083536).seq	3233	ACCTCCT	3291
hFGD3v2(NM_033086).seq	3133	ACCTCCT	3191
mFGD3(NM_015759).seq	2857	TGGGCT	2916
rFGD3(NM_001108409).seq	2727	TGGGCT	2786
bFGD3(NM_001024527).seq	2794	AGTTTGACACTCAATTGGGATTTCCCAAGGGGACGAGTGGTATGTTCTTAATA--AACA	2852
hFGD3v1(NM_001083536).seq	3292	CCCATCTTAG--CTGCACTCA--TGG-----TTCCTAAATAACCACTCTC	3332
hFGD3v2(NM_033086).seq	3192	CCCATCTTAG--CTGCACTCA--TGG-----TTCCTAAATAACCACTCTC	3232
mFGD3(NM_015759).seq	2917	CCCATCTAGG--AGGAGCA--AGGCTCTTCTACTCCACCA--TCCCAAB--AAGGACATC	2975
rFGD3(NM_001108409).seq	2787	CCA-----	2789
bFGD3(NM_001024527).seq	2853	TCTGCAAAACTACAGGGGACCAACAGGCATTTGTGGGGC--CTCAGATTGTGGCT	2911
hFGD3v1(NM_001083536).seq	3333	AGAGCTCTGCTA--GCACTTACCCCACTCACTGAGTGGCAGGCTCTGAGATTGTGGCT	3391
hFGD3v2(NM_033086).seq	3233	AGAGCTCTGCTA--GCACTTACCCCACTCACTGAGTGGCAGGCTCTGAGATTGTGGCT	3291
mFGD3(NM_015759).seq	2976	AGAGCTCTGCTA--GCACTTACCCCACTCACTGAGTGGCAGGCTCTGAGATTGTGGCT	3034
rFGD3(NM_001108409).seq	2789	-----	2789
bFGD3(NM_001024527).seq	2912	GCCTCCCTCTGGCTGGGCTGGGCTGAGTGTCTATCTGCATAAAATAAATAAATCTGGCAG	2971
hFGD3v1(NM_001083536).seq	3392	CTTCTCTGATG--TAGTGGCAGCAGTGTCTATCTGCATAAAATAAATAAATCTGGCAG	3449
hFGD3v2(NM_033086).seq	3292	CTTCTCTGATG--TAGTGGCAGCAGTGTCTATCTGCATAAAATAAATAAATCTGGCAG	3349
mFGD3(NM_015759).seq	3035	AGTTCTCT--TG--TGGCTAGTGGCA--TGCTTATCTGCATAAAATAAATCTGGGCTCTCTC	3091
rFGD3(NM_001108409).seq	2789	-----	2789
bFGD3(NM_001024527).seq	2972	CC-----	2973
hFGD3v1(NM_001083536).seq	3450	A--CTGAAAAA-----	3470
hFGD3v2(NM_033086).seq	3350	A--CTGAAAAA-----	3370
mFGD3(NM_015759).seq	3092	ACTGAAATGAGCCTGGGC---	3110
rFGD3(NM_001108409).seq	2789	-----	2789

【図6】

[GENETYX-MAC: Multiple-Alignment]
Date : 2011.11.11

bFGD3(NP_001019698).seq	1	MEPCRCSSSTPPA-PSATMEPPDAGPNNSSLEQPSDTPGKLPALPVGPQTHGELASGSPG	59
hFGD3(NP_001077005).seq	1	MESRCSSSTPPG-PAALGMPDTPGSSSL-----GKLOALPVGPRAHCGDPVSLAAA	52
mFGD3(NP_056574).seq	1	MELGRSPSTPQEEA-SPLGVLGTGPPSSSL-----GKLOALHICGABHGAHSSSAPA	53
rFGD3(NP_001101879).seq	1	MELGRSPSTPQEEA-SPLGVFDALRSSPL-----GKLOALHFGSGAPOGACSSASA	53
bFGD3(NP_001019698).seq	60	SOASAGDMSSVGEASSSKIPNRDSGIDSPSCSVVSEHF-CEDSGEAGPGTHHGHPGTA	118
hFGD3(NP_001077005).seq	53	GDSSPDIGPTGELSGSLKIPNRDSGIDSPSSSVAGENFPCEEGLEAGPSPTVGLAHAMA	112
mFGD3(NP_056574).seq	54	GDSS-----TREPSCAMKIPNRDSGIDSPSSSVASENFPCEESSEGSPPAILGLPSETA	108
rFGD3(NP_001101879).seq	54	GDSS-----LCEPSCAMKIPNRDSGIESPSSSVASENFPCEESSEGSPPAILGLPSETA	108
bFGD3(NP_001019698).seq	119	LGSKSPQEEADSDAGESSSEEPDENNPSKVDMPA--KCEPQKLLHIAQELLHTEETV	176
hFGD3(NP_001077005).seq	113	LDSQVTKVTPOEEADSDVGEEDPSENTPQADKADAGLAHSGPQKLLHIAQELLHTEETV	172
mFGD3(NP_056574).seq	109	SDSRVPOONPOEEEDSGMGEEPPDKVTLFRPQEDWSLTQCSDPQKLLHIAQELLHTEETV	168
rFGD3(NP_001101879).seq	109	VDSRAPOONPOEGEDSGVGEDPDKITPCRPEDVGSSTQCSDPQKLLHIAQELLHTEETV	168
bFGD3(NP_001019698).seq	177	VKRLHLLDQVFCGLTEAGIPSEVTTGIFSNISSIYRFHGQFLLEPQARTNEWDNPNR	236
hFGD3(NP_001077005).seq	173	VKRLHLLDQVFCGLTEAGIPSEVTTGIFSNISSIYRFHGQFLLEPQARTNEWDNPNR	232
mFGD3(NP_056574).seq	169	VKRLHLLDQVFCGLTEAGIPSEVTTGIFSNISSIYRFHGQFLLEPQARTNEWDNPNR	228
rFGD3(NP_001101879).seq	169	VKRLHLLDQVFCGLTEAGIPSEVTTGIFSNISSIYRFHGQFLLEPQARTNEWDNPNR	228
bFGD3(NP_001019698).seq	237	LGDILQKLAPFLKMYGEYVKNFDRAMELVSTWTORSPLFKDVVFSIQOEVCNLTLOHH	296
hFGD3(NP_001077005).seq	233	LGDILQKLAPFLKMYGEYVKNFDRAMELVSTWTORSPLFKDVVFSIQOEVCNLTLOHH	292
mFGD3(NP_056574).seq	229	LGDILQKLAPFLKMYGEYVKNFDRAMELVSTWTORSPLFKDVVFSIQOEVCNLTLOHH	288
rFGD3(NP_001101879).seq	229	LGDILQKLAPFLKMYGEYVKNFDRAMELVSTWTORSPLFKDVVFSIQOEVCNLTLOHH	288
bFGD3(NP_001019698).seq	297	MLEPVQVRVPRYELLKDYLRKLPDAPDRKDAERSLELISTAANHSNAAIRKMEKMHKLL	356
hFGD3(NP_001077005).seq	293	MLEPVQVRVPRYELLKDYLRKLPDAPDRKDAERSLELISTAANHSNAAIRKMEKMHKLL	352
mFGD3(NP_056574).seq	289	MLEPVQVRVPRYELLKDYLRKLPDAPDRKDAERSLELISTAANHSNAAIRKMEKMHKLL	348
rFGD3(NP_001101879).seq	289	MLEPVQVRVPRYELLKDYLRKLPDAPDRKDAERSLELISTAANHSNAAIRKMEKMHKLL	348
bFGD3(NP_001019698).seq	357	EVYERLGGEDIVNPANELIKEGHIQKLSAKNGTTQDRHLFLFNSMILYCVPKRLRMGQK	416
hFGD3(NP_001077005).seq	353	EVYERLGGEDIVNPANELIKEGHIQKLSAKNGTTQDRHLFLFNSMILYCVPKRLRMGQK	412
mFGD3(NP_056574).seq	349	EVYERLGGEDIVNPANELIKEGHIQKLSAKNGTTQDRHLFLFNSMILYCVPKRLRMGQK	408
rFGD3(NP_001101879).seq	349	EVYERLGGEDIVNPANELIKEGHIQKLSAKNGTTQDRHLFLFNSMILYCVPKRLRMGQK	408
bFGD3(NP_001019698).seq	417	FSVREKMDISGLQVQDIVKPNAAFTFIITGRKRSLELQTRTEEEKKEWIOIQATIEKHK	476
hFGD3(NP_001077005).seq	413	FSVREKMDISGLQVQDIVKPNAAFTFIITGRKRSLELQTRTEEEKKEWIOIQATIEKHK	472
mFGD3(NP_056574).seq	409	FSVREKMDISGLQVQDIVKPNAAFTFIITGRKRSLELQTRTEEEKKEWIOIQATIEKHK	468
rFGD3(NP_001101879).seq	409	FSVREKMDISGLQVQDIVKPNAAFTFIITGRKRSLELQTRTEEEKKEWIOIQATIEKHK	458
bFGD3(NP_001019698).seq	477	QNSQTRAFSGSPSODENSPLTPPMMSPSSSVPAVPANSGGVSSSPRRGSSSKTRRD	536
hFGD3(NP_001077005).seq	473	QNSQTRAFSGSPSODENSPLTPPMMSPSSSVPAVPANSGGVSSSPRRGSSSKTRRD	532
mFGD3(NP_056574).seq	469	QNSQTRAFSGSPSODENSPLTPPMMSPSSSVPAVPANSGGVSSSPRRGSSSKTRRD	528
rFGD3(NP_001101879).seq	459	QNSQTRAFSGSPSODENSPLTPPMMSPSSSVPAVPANSGGVSSSPRRGSSSKTRRD	471
bFGD3(NP_001019698).seq	537	KEKQCSKSGGETFNSITKRRHCKLCGAVICGKSEFKAENSRQSVRCRECFITOPVAHL	596
hFGD3(NP_001077005).seq	533	KEKQCSKSGGETFNSITKRRHCKLCGAVICGKSEFKAENSRQSVRCRECFITOPVAHL	591
mFGD3(NP_056574).seq	529	KEKQCSKSGGETFNSITKRRHCKLCGAVICGKSEFKAENSRQSVRCRECFITOPVAHL	588
rFGD3(NP_001101879).seq	472	KEKQCSKSGGETFNSITKRRHCKLCGAVICGKSEFKAENSRQSVRCRECFITOPVAHL	531
bFGD3(NP_001019698).seq	597	NISLEPTEPKOSTEPVAAEPSPSLLCGPLQVSDGGTAASKAAATSESDSLELVLEH	656
hFGD3(NP_001077005).seq	592	-----ESTETPTADPPSLLCGPLRLSESGETWSEVWAAIPESDP--QVLELQ	638
mFGD3(NP_056574).seq	589	SPSSETPTELKQNAEKPPSVDPSPSLLCGPLRLSDGGTANSEVWAAIPESDP--QVLELQ	646
rFGD3(NP_001101879).seq	532	SPSSETPTELKQNAEKPPSVDPSPSLLCGPLRLSDGGTANSEVWAAIPESDP--QVLELQ	589
bFGD3(NP_001019698).seq	657	EGSQDGLLHATPLSGCRVSLDPAERLDARHWQLODQOSLYLSAPSALQOOWLEAL	716
hFGD3(NP_001077005).seq	639	GGSQDGLLHATPLSGCRVSLDPAERLDARHWQLODQOSLYLSAPSALQOOWLEAL	698
mFGD3(NP_056574).seq	647	AGSQAGLLYSIPLSCNITPDPDEEGLACCAWKLHDSQVWLSAPSTKLOOWLEAL	706
rFGD3(NP_001101879).seq	590	AGSQAGLLYSIPLSCNITPDPDEEGLACCAWKLHDSQVWLSAPSTKLOOWLEAL	649
bFGD3(NP_001019698).seq	717	SSAPRHSSOASISGAPQAPAPAP---	740
hFGD3(NP_001077005).seq	699	STAPHGDTAODSPGALQLOVPMGAAP	725
mFGD3(NP_056574).seq	707	GTAVHGDTACDRPGASOPAPACTDT	733
rFGD3(NP_001101879).seq	650	STASREDTACDRPGASOPACTDT	676

【配列表】

0005176034000001.app

フロントページの続き

(73)特許権者 000214191

長崎県

長崎県長崎市江戸町2番13号

(73)特許権者 592072791

鳥取県

鳥取県鳥取市東町1丁目220

(73)特許権者 590003722

佐賀県

佐賀県佐賀市城内1丁目1-59

(74)代理人 110000176

一色国際特許業務法人

(72)発明者 高須賀 晶子

福島県西白河郡西郷村大字小田倉字小田倉原一 社団法人畜産技術協会附属動物遺伝研究所内

(72)発明者 渡邊 敏夫

福島県西白河郡西郷村大字小田倉字小田倉原一 社団法人畜産技術協会附属動物遺伝研究所内

(72)発明者 西村 翔太

福島県西白河郡西郷村大字小田倉字小田倉原一 社団法人畜産技術協会附属動物遺伝研究所内

(72)発明者 藤田 達男

大分県竹田市久住町大字久住3989-1 大分県農林水産研究指導センター畜産研究部内

(72)発明者 渡邊 直人

大分県大分市大手町3丁目1番1号 大分県農林水産部家畜衛生飼料室内

(72)発明者 中村 亮一

島根県出雲市古志町3775 島根県畜産技術センター内

(72)発明者 鈴木 晶夫

青森県つがる市森田町森田月見野558 地方独立行政法人青森県産業技術センター畜産研究所和牛改良技術部内

(72)発明者 小野 博之

青森県つがる市森田町森田月見野558 地方独立行政法人青森県産業技術センター畜産研究所和牛改良技術部内

(72)発明者 木村 勉

青森県青森市長島1丁目1番1号 青森県農林水産部おもろ食品産業振興チーム内

(72)発明者 丸田 俊治

長崎県長崎市江戸町2番地13号 長崎県庁農林部畜産課経営班内

(72)発明者 岡部 裕

長崎県佐世保市吉井町大渡80 県北振興局農林部技術普及課内

(72)発明者 田淵 一郎

鳥取県東伯郡琴浦町松谷606 鳥取県農林水産部農林総合研究所畜産試験場内

(72)発明者 小江 敏明

鳥取県鳥取市東町1丁目220番地 鳥取県庁農林水産部畜産課内

(72)発明者 片渕 直人

佐賀県佐賀市城内一丁目1番59号 佐賀県庁農林水産商工本部生産振興部畜産課内

(72)発明者 大坪 利豪

佐賀県唐津市鎮西町岩野225-1 佐賀県北部家畜保健衛生所内

審査官 北村 悠美子

(56)参考文献 特開2009-240233 (JP, A)

Bos taurus protein tyrosine phosphatase domain containing 1 (PTPDC1), mRNA [online],

2011年10月24日, [平成24年6月21日検索], インターネット<<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/331028546?sat=14&satkey=6358122>>

第33回日本分子生物学会年会プログラム・要旨集, 2010年, 3P-0810

動物遺伝育種研究, 2010年, Vol.38, No.2, p.143, IV-07

島根県畜産技術センター研究報告, 2011年 3月, Vol.42, p.1-6

日暖蓄報, 2010年, Vol.53, No.1, p.51-56

(58)調査した分野(Int.Cl., DB名)

C12Q 1/68

C12N 15/00-15/90

WPI

CA/BIOSIS/MEDLINE (STN)

JSTPlus/JMEDPlus/JST7580 (JDreamII)

GenBank/EMBL/DDBJ/GeneSeq

UniProt/GeneSeq