

別 紙

【配列表】

配列番号：1

配列の長さ：2793塩基対

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

他の情報：マウスob cDNA

ハイボセティカル：NO

アンチセンス：NO

起源：

生物名：マウス

配列の特徴

特徴を表す記号：CDS

存在位置：57..560

配列：

GGATCCCTGC TCCAGCAGCT GCAAGGTGCA AGAAGAAGAA GATCCCAGGG AGGAAA	56
ATG TGC TGG AGA CCC CTG TGT CGG TTC CTG TGG CTT TGG TCC TAT CTG	104
Met Cys Trp Arg Pro Leu Cys Arg Phe Leu Trp Leu Trp Ser Tyr Leu	
1 5 10 15	
TCT TAT GTT CAA GCA GTG CCT ATC CAG AAA GTC CAG GAT GAC ACC AAA	152
Ser Tyr Val Gln Ala Val Pro Ile Gln Lys Val Gln Asp Asp Thr Lys	
20 25 30	
ACC CTC ATC AAG ACC ATT GTC ACC AGG ATC AAT GAC ATT TCA CAC ACG	200
Thr Leu Ile Lys Thr Ile Val Thr Arg Ile Asn Asp Ile Ser His Thr	
35 40 45	
CAG TCG GTA TCC GCC AAG CAG AGG GTC ACT GGC TTG GAC TTC ATT CCT	248
Gln Ser Val Ser Ala Lys Gln Arg Val Thr Gly Leu Asp Phe Ile Pro	
50 55 60	
GGG CTT CAC CCC ATT CTG AGT TTG TCC AAG ATG GAC CAG ACT CTG GCA	296
Gly Leu His Pro Ile Leu Ser Leu Ser Lys Met Asp Gln Thr Leu Ala	

65	70	75	80	
GTC TAT CAA CAG GTC CTC ACC AGC CTG CCT TCC CAA AAT GTG CTG CAG				344
Val Tyr Gln Gln Val Leu Thr Ser Leu Pro Ser Gln Asn Val Leu Gln				
	85	90	95	
ATA GCC AAT GAC CTG GAG AAT CTC CGA GAC CTC CTC CAT CTG CTG GCC				392
Ile Ala Asn Asp Leu Glu Asn Leu Arg Asp Leu Leu His Leu Leu Ala				
	100	105	110	
TTC TCC AAG AGC TGC TCC CTG CCT CAG ACC AGT GGC CTG CAG AAG CCA				440
Phe Ser Lys Ser Cys Ser Leu Pro Gln Thr Ser Gly Leu Gln Lys Pro				
	115	120	125	
GAG AGC CTG GAT GGC GTC CTG GAA GCC TCA CTC TAC TCC ACA GAG GTG				488
Glu Ser Leu Asp Gly Val Leu Glu Ala Ser Leu Tyr Ser Thr Glu Val				
	130	135	140	
GTG GCT TTG AGC AGG CTG CAG GGC TCT CTG CAG GAC ATT CTT CAA CAG				536
Val Ala Leu Ser Arg Leu Gln Gly Ser Leu Gln Asp Ile Leu Gln Gln				
	145	150	155	160
TTG GAT GTT AGC CCT GAA TGC TGA AGTTTCAAAG GCCACCAGGC TCCCAAGA				588
Leu Asp Val Ser Pro Glu Cys *				
	165			
ATCATGTAGA GGGAAGAAAC CTTGGCTTCC AGGGGTCTTC AGGAGAAGAG AGCCATGTGC				648
ACACATCCAT CATTCAATTC TCTCCCTCCT GTAGACCACC CATCCAAAGG CATGACTCCA				708
CAATGCTTGA CTCAAGTTAT CCACACAACT TCATGAGCAC AAGGAGGGGC CAGCCTGCAG				768
AGGGGACTCT CACCTAGTTC TTCAGCAAGT AGAGATAAGA GCCATCCCAT CCCCTCCATG				828
TCCCACCTGC TCCGGGTACA TGTTCTCCG TGGGTACACG CTTCGCTGCG GCCCAGGAGA				888
GGTGAGGTAG GGATGGGTAG AGCCTTTGGG CTGTCTCAGA GTCTTTGGGA GCACCGTGAA				948
GGCTGCATCC ACACACAGCT GGAAACTCCC AAGCAGCACA CGATGGAAGC ACTTATTTAT				1008
TTATTCTGCA TTCTATTTTG GATGGATCTG AAGCAAGGCA TCAGCTTTTT CAGGCTTTGG				1068
GGGTCAGCCA GGATGAGGAA GGCTCCTGGG GTGCTGCTTT CAATCCTATT GATGGGTCTG				1128
CCCGAGGCAA ACCTAATTTT TGAGTGA CTG GAAGGAAGGT TGGGATCTTC CAAACAAGAG				1188
TCTATGCAGG TAGCGCTCAA GATTGACCTC TGGTGACTGG TTTTGTCTTCT ATTGTGACTG				1248
ACTCTATCCA AACACGTTTG CAGCGGCATT GCCGGGAGCA TAGGCTAGGT TATTATCAAA				1308

AGCAGATGAA TTTTGTCAAG TGTAATATGT ATCTATGTGC ACCTGAGGGT AGAGGATGTG	1368
TTAGAGGGAG GGTGAAGGAT CCGGAAGTGT TCTCTGAATT ACATATGTGT GGTAGGCTTT	1428
TCTGAAAGGG TGAGGCATTT TCTTACCTCT GTGGCCACAT AGTGTGGCTT TGTGAAAAGG	1488
ACAAAGGAGT TGA CTCTTTT CGGAACATTT GGAGTGTACC AGGCACCCTT GGAGGGGCTA	1548
AAGCTACAGG CCTTTTGTG GCATATTGCT GAGCTCAGGG AGTGAGGGCC CCACATTTGA	1608
GACAGTGAGC CCCAAGAAAA GGGTCCCTGG TGTAGATCTC CAAGGTTGTC CAGGGTTGAT	1668
CTCACAATGC GTTTCTTAAG CAGGTAGACG TTTGCATGCC AATATGTGGT TCTCATCTGA	1728
TTGGTTCATC CAAAGTAGAA CCCTGTCTCC CACCCATTCT GTGGGGAGTT TTGTTCCAGT	1788
GGGAATGAGA AATCACTTAG CAGATGGTCC TGAGCCCTGG GCCAGCACTG CTGAGGAAGT	1848
GCCAGGGCCC CAGGCCAGGC TGCCAGAATT GCCCTTCGGG CTGGAGGATG AACAAAGGGG	1908
CTTGGGTTTT TCCATCACCC CTGCACCCTA TGTCAACATC AAAGTGGGGG GCAGATCAGT	1968
GAGAGGACAC TTGATGAAAA GCAATACACT TTAAGACTGA GCACAGTTTC GTGCTCAGCT	2028
CTGTCTGGTG CTGTGAGCTA GAGAAGCTCA CCACATACAT ATAAAAATCA GAGGCTCATG	2088
TCCCTGTGGT TAGACCCTAC TCGCGGCGGT GTACTCCACC ACAGCAGCAC CGCACCCTG	2148
GAAGTACAGT GCTGTCTTCA ACAGGTGTGA AAGAACCTGA GCTGAGGGTG ACAGTGCCCA	2208
GGGGAACCTT GCTTGCAGTC TATTGCATTT ACATACCGCA TTTCAGGGCA CATTAGCATC	2268
CACTCCTATG GTAGCACACT GTTGACAATA GGACAAGGGA TAGGGGTTGA CTATCCCTTA	2328
TCCAAAATGC TTGGGACTAG AAGAGTTTTG GATTTTAGAG TCTTTTCAGG CATAGGTATA	2388
TTTGAGTATA TATAAAATGA GATATCTTGG GGATGGGGCC CAAGTATAAA CATGAAGTTC	2448
ATTTATATTT CATAATACCG TATAGACACT GCTTGAAGTG TAGTTTTATA CAGTGTTTTA	2508
AATAACGTTG TATGCATGAA AGACGTTTTT ACAGCATGAA CCTGTCTACT CATGCCAGCA	2568
CTCAAAAACC TTGGGGTTTT GGAGCAGTTT GGATCTTGGG TTTTCTGTTA AGAGATGGTT	2628
AGCTTATACC TAAAACCATA ATGGCAAACA GGCTGCAGGA CCAGACTGGA TCCTCAGCCC	2688
TGAAGTGTGC CCTTCCAGCC AGGTCATACC CTGTGGAGGT GAGCGGGATC AGGTTTTGTG	2748
GTGCTAAGAG AGGAGTTGGA GGTAGATTTT GGAGGATCTG AGGGC	2793

配列番号 : 3

配列の長さ : 700塩基対

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : cDNA

他の情報 : ヒトob cDNAここでNは任意のヌクレオチドを表す

ハイボセティカル：NO

アンチセンス：NO

起源：

生物名：ヒト

配列の特徴

特徴を表す記号：CDS

存在位置：46..546

配列：

NNNGNNGTTG CAAGGCCCAA GAAGCCCANN NTCCTGGGAA GGAAA ATG CAT TGG	54
Met His Trp	
1	
GGA ACC CTG TGC GGA TTC TTG TGG CTT TGG CCC TAT CTT TTC TAT GTC	102
Gly Thr Leu Cys Gly Phe Leu Trp Leu Trp Pro Tyr Leu Phe Tyr Val	
5 10 15	
CAA GCT GTG CCC ATC CAA AAA GTC CAA GAT GAC ACC AAA ACC CTC ATC	150
Gln Ala Val Pro Ile Gln Lys Val Gln Asp Asp Thr Lys Thr Leu Ile	
20 25 30 35	
AAG ACA ATT GTC ACC AGG ATC AAT GAC ATT TCA CAC ACG CAG TCA GTC	198
Lys Thr Ile Val Thr Arg Ile Asn Asp Ile Ser His Thr Gln Ser Val	
40 45 50	
TCC TCC AAA CAG AAA GTC ACC GGT TTG GAC TTC ATT CCT GGG CTC CAC	246
Ser Ser Lys Gln Lys Val Thr Gly Leu Asp Phe Ile Pro Gly Leu His	
55 60 65	
CCC ATC CTG ACC TTA TCC AAG ATG GAC CAG ACA CTG GCA GTC TAC CAA	294
Pro Ile Leu Thr Leu Ser Lys Met Asp Gln Thr Leu Ala Val Tyr Gln	
70 75 80	
CAG ATC CTC ACC AGT ATG CCT TCC AGA AAC GTG ATC CAA ATA TCC AAC	342
Gln Ile Leu Thr Ser Met Pro Ser Arg Asn Val Ile Gln Ile Ser Asn	
85 90 95	

配列の特徴

特徴を表す記号：第1イントロンの5領域

存在位置：182..414

配列の特徴

特徴を表す記号：HOB 1gF DNAプライマーが生成されたヒトob遺伝子の5非コード配列

存在位置：11..28

配列の特徴

特徴を表す記号：HOB 1gRプライマーが生成されたヒトob遺伝子のイントロンの配列

存在位置：241..260

配列

GGTTGCAAGG CCCAAGAAGC CCATCCTGGG AAGGAAA ATG CAT TGG GGA ACC CTG	55
Met His Trp Gly Thr Leu	
1 5	
TGC GGA TTC TTG TGG CTT TGG CCC TAT CTT TTC TAT GTC CAA GCT GTG	103
Cys Gly Phe Leu Trp Leu Trp Pro Tyr Leu Phe Tyr Val Gln Ala Val	
10 15 20	
CCC ATC CAA AAA GTC CAA GAT GAC ACC AAA ACC CTC ATC AAG ACA ATT	151
Pro Ile Gln Lys Val Gln Asp Asp Thr Lys Thr Leu Ile Lys Thr Ile	
25 30 35	
GTC ACC AGG ATC AAT GAC ATT TCA CAC ACG GTAAGGAGAG TATGCGGGGA	201
Val Thr Arg Ile Asn Asp Ile Ser His Thr	
40 45	
CAAAGTAGAA CTGCAGCCAG CCCAGCACTG GCTCCTAGTG GCACTGGACC CAGATAGTCC	261
AAGAAACATT TATTGAACGC CTCCTGAATG CCAGGCACCT ACTGGAAGCT GAGAAGGATT	321
TTGGATAGCA CAGGGCTCCA CTCCTTCTGG TTGTTTCTTN TGGCCCCCTC TGCCTGCTGA	381
GATNCCAGGG GTTAGNGGTT CTTAATTCCT AAA	414

配列番号：24

配列の長さ：801塩基対

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

他の情報：第1イントロンの3領域、第2エクソンのコード配列、および3非コード配列を含むヒトob遺伝子の一部分

ハイボセティカル：NO

アンチセンス：NO

起源：

生物名：ヒト

配列の特徴

特徴を表す記号：CDS

存在位置：291..648

配列の特徴

特徴を表す記号：第1イントロンの3

存在位置：1..290

配列の特徴

特徴を表す記号：HOB 2gFプライマーが生成されたヒトob遺伝子のイントロンの配列

存在位置：250..269

配列の特徴

特徴を表す記号：HOB 2gR DNAプライマーが生成されたヒトob遺伝子の3非コード配列

存在位置：707..728

配列

```
CTGGTTCTTT CAGGAAGAGG CCATGTAAGA GAAAGGAATT GACCTAGGGA AAATTGGCCT 60
GGGAAGTGGA GGGAACGGAT GGTGTGGGAA AAGCAGGAAT CTCGGAGACC AGCTTAGAGG 120
```

CTTGGCAGTC ACCTGGGTGC AGGANACAAG GGCCTGAGCC AAAGTGGTGA GGGAGGGTGG	180
AAGGAGACAG CCCAGAGAAT GACCCTCCAT GCCCACGGGG AAGGCAGAGG GCTCTGAGAG	240
CGATTCTCC CACATGCTGA GCACTTGTTT TCCCTCTTCC TCCTNCATAG CAG TCA	296
Gln Ser	
1	
GTC TCC TCC AAA CAG AAA GTC ACC GGT TTG GAC TTC ATT CCT GGG CTC	344
Val Ser Ser Lys Gln Lys Val Thr Gly Leu Asp Phe Ile Pro Gly Leu	
5 10 15	
CAC CCC ATC CTG ACC TTA TCC AAG ATG GAC CAG ACA CTG GCA GTC TAC	392
His Pro Ile Leu Thr Leu Ser Lys Met Asp Gln Thr Leu Ala Val Tyr	
20 25 30	
CAA CAG ATC CTC ACC AGT ATG CCT TCC AGA AAC GTG ATC CAA ATA TCC	440
Gln Gln Ile Leu Thr Ser Met Pro Ser Arg Asn Val Ile Gln Ile Ser	
35 40 45 50	
AAC GAC CTG GAG AAC CTC CGG GAT CTT CTT CAC GTG CTG GCC TTC TCT	488
Asn Asp Leu Glu Asn Leu Arg Asp Leu Leu His Val Leu Ala Phe Ser	
55 60 65	
AAG AGC TGC CAC TTG CCC TGG GCC AGT GGC CTG GAG ACC TTG GAC AGC	536
Lys Ser Cys His Leu Pro Trp Ala Ser Gly Leu Glu Thr Leu Asp Ser	
70 75 80	
CTG GGG GGT GTC CTG GAA GCT TCA GGC TAC TCC ACA GAG GTG GTG GCC	584
Leu Gly Gly Val Leu Glu Ala Ser Gly Tyr Ser Thr Glu Val Val Ala	
85 90 95	
CTG AGC AGG CTG CAG GGG TCT CTG CAG GAC ATG CTG TGG CAG CTG GAC	632
Leu Ser Arg Leu Gln Gly Ser Leu Gln Asp Met Leu Trp Gln Leu Asp	
100 105 110	
CTC AGC CCT GGG TGC T GAGGCCTTGA AGGTCACTCT TCCTGCAAGG ACTACGTAA	688
Leu Ser Pro Gly Cys	
115	
GGGAAGGAAC TCTGGCTTTC CAGGTATCTC CAGGATTGAA GAGCATTGCA TGGACACCCC	748
TTATCCAGGA CTCTGTCAAT TTCCCTGACT CCTCTAAGCC ACTCTTCCAA AGG	801