

Table 5.

Probe Name	Fold Change	Gene description
32405_at	-4.7	Homo sapiens mRNA for KIAA0707 protein
34716_at	-4.5	Homo sapiens TLS-associated protein TASR-2 mRNA
38236_at	-4.3	Human N-methyl-D-aspartate receptor modulatory subunit 2A (hNR2A) mRNA
39615_at	-4.3	Homo sapiens mRNA for KIAA1026 protein
36035_at	-4.2	Homo sapiens mRNA for glycosylphosphatidylinositol anchor attachment 1 (GPAA1)
37844_at	-4.2	Homo sapiens cDNA, 3 end
1207_at	-4.1	H. sapiens mRNA PLSTIRE for serine/threonine protein kinase
33151_s_at	-4	Homo sapiens cDNA
34630_s_at	-4	Human mRNA for KIAA0357 gene
1161_at	4	Human 90 kD heat shock protein gene
40408_at	4.2	Human cysteinyl-tRNA synthetase mRNA
41189_at	4.3	H. sapiens mRNA for WSL-LR, WSL-S1 and WSL-S2 proteins
36748_at	4.3	Human synapsin IIb mRNA
37344_at	4.8	Human RING6 mRNA for HLA class II alpha chain-like product
34892_at	5	Homo sapiens TRAIL receptor 2 mRNA
1008_f_at	315.7	Human interferon-inducible RNA-dependent protein kinase (Pkr) gene

Table 6.

gene	forward primer 5' -	- 3 5'	reverse primer	- 3'	annealing (°C)
Cell Cycle					
p53	CCATCTTGATTGAATTCCCGT		GCCCCTTTTCCCTGACCA		59
p21/WAF1	AACACCTTCCAGCTCCTGTAACATA		GGGAACCAGGACACATGGG		59
Apoptosis					
BAX	TGTCGCCCTTTTCTACTTTGC		TCAGTTCCGGCACCTTGG		58
Bcl-2a	CCAAGCCACCGCTTCGTGT		ATGGTGATCCGGCCAACA		59
Bcl-2b	GCCCTGTGGATGACTGAGTACC		ACCTACCCAGCCTCCGTATC		59
Base Excision Repair					
OGG1	AACAACATCGCCGCATC		AGCCGAGGTCCAAAAGCCT		59
Nucleotide Excision Repair					
XPA	GCACCACTGTACCCAGGTT		TCCCCACTGTTCCACCATC		59
XPB/ERCC3	CACGAAACTCGCTGGCATG		TGTAAGAGCTGCTGTGCTCTTCT		59
XPC	AGAAGCCGGCTCTAGGGAAC		CCGTAGCGACGCTTCAGC		59
XPD/ERCC2	GGTCTACTTCCCGTACGACATCTA		CCAGCGTGCCTTTGAGC		59
DDB1	CACCGAGCGGAAGACAGAAC		GCTAATATCCAGGAACTCTCAATCA		59
DDB2	ATGCACAAAAAGAAAGTGACGC		ACGGAGGCTGTGGCCA		59
XPG/ERCC5	GGTCTAGGCGGCGGT		AGGCGGCTGCGTCCTAA		59
Homologus Recombination Repair					
RAD51	TGGGAGGCCGAGGCA		TGGGATTTACCATCTTGGC		59
RAD52	CGTCTGCCTTCTTTCCTTTACG		CTTTTTCTGTGCGTATCCACA		59
RAD54B	TGATGAAATGGGTTAGGGAAGA		TCCATAGGGTCCCTGACACTG		59
gadd34	CGCCCAGAAACCCCTACTC		GCGCACCTTTCTGGCCTT		60
gadd45-					59
alpha					
XRCC3	CTGTGCCCCACAAACTTCA		CTGGACCCTGACACTGGAGG		58
PIR51	AGCAGAAGTAGCAGCAGCCC		CAAGCCAAGGCGGAGACTC		60
Non-homologus End Joining					
Ku70	GGATTTGATGGAGCCGGAA		GAGCCCAGTCTTTTATTCCATTGCTT		59
Ku80/XRCC5	TGTTGAGCAAGCAGTAGCATTTG		GTCCGTCTTACCCATGGTTT		59
house keeping gene					
beta-actin	ATCATTGCTCCTCCTGAGCG		GACAGCGAGGCCAGGATG		59

Table 7.

gene	10倍希釈			100倍希釈		
	コントロール	7.5 μ g/ml	30 μ g/ml	コントロール	7.5 μ g/ml	30 μ g/ml
beta-actin	0.0410	0.0634	0.0112	0.0042	0.0062	0.0014
p21	0.0260	0.1840	0.0962	---	---	---
BAX	---	---	---	0.0274	0.0289	0.0222
RAD51	---	---	---	0.0095	0.0105	0.0098
RAD52	---	---	---	0.0357	0.0127	0.0027
Ku70	---	---	---	0.0121	0.0129	0.0068
Ku80	0.0636	0.0598	0.0223	---	---	---
OGG1	0.1060	0.0968	0.0548	---	---	---

Table 8.

gene	コントロール	7.5 μ g/ml	30 μ g/ml
p21	0.63	2.90	8.59
BAX	6.52	4.66	15.86
RAD51	2.27	1.69	7.01
RAD52	8.50	2.05	1.93
Ku70	2.88	2.08	4.88
Ku80	1.55	0.94	1.99
OGG1	2.59	1.53	4.89

Table 9.

gene	コントロール	7.5 μ g/ml	30 μ g/ml
p21	1	4.58	13.54
BAX	1	0.71	2.43
RAD51	1	0.75	3.09
RAD52	1	0.24	0.23
Ku70	1	0.72	1.69
Ku80	1	0.61	1.28
OGG1	1	0.59	1.89

Table 10.

gene	コントロール	7.5 μ g/ml	30 μ g/ml
p21	0.05200	0.30667	0.38480
BAX	0.05480	0.04817	0.08880
RAD51	0.01904	0.01750	0.03928
RAD52	0.07140	0.02117	0.03928
Ku70	0.02420	0.02150	0.01080
Ku80	0.12720	0.09967	0.08920
OGG1	0.21200	0.16133	0.21920

Table 11.

gene	コントロール	7.5 μ g/ml	30 μ g/ml
p21	1	5.90	7.40
BAX	1	0.88	1.62
RAD51	1	0.92	2.06
RAD52	1	0.30	0.55
Ku70	1	0.89	0.45
Ku80	1	0.78	0.70
OGG1	1	0.76	1.03

I - 3 - 2. 「紫外線による遺伝子発現の研究」

要旨 本研究では紫外線の A、B、C すべてについて検討を行っている。DNA に対する障害は、UVB では直接的なエネルギーの吸収によって引き起こされる。これに対して、UVA ではラジカルや活性酸素といった物質が介在する。UVB におけるピリミジンダイマーや UVA における 8-hydroxy-2'-deoxyguanosine (8OHdG) の形成が主な障害の内容である。ピリミジンダイマーは多くの化学発がん物質と同様に nucleotide excision repair によって修復される点で遺伝子発現の変化が注目される。UVA ($\lambda=365\text{nm}$, 3KJ/m^2 , 30KJ/m^2) および UVB ($\lambda=310\text{nm}$, 36J/m^2 , 360J/m^2)、C ($\lambda=254\text{nm}$, 30J/m^2) では RT-PCR を利用した cDNA 中の初期コピー数を推定する実験を実施中である。UVB、C では GeneChip にハイブリダイゼーションさせるべく total RNA を抽出したが、紫外線曝露群で RNA 量が規定の $5\mu\text{g}$ に満たず、さらに追加で RNA を集めなければならない。UVB、C では cell viability についての time-course study を実施したが、リンパ球が培養容器に固着し、計測ができず、代替法を検討している。BLM の実験を通じて、GeneChip によって得られる情報量が大変多いことが分かったので、UVB、C については不足分の RNA を集めて早急に GeneChip にハイブリダイゼーションを行いたい。なお、UVA による DNA チップの実験についても近日中に実施の予定である。

地球の大気を透過してくる太陽光由来の紫外線 UVA と UVB に曝露されると、皮膚の細胞のゲノムに障害が起きる。DNA に対する障害は、UVB では直接的なエネルギーの吸収によって引き起こされる。これに対して、UVA ではラジカルや活性酸素といった物質が介在する。UVB におけるピリミジンダイマーや UVA における 8-hydroxydeoxyguanosine (8OHdG) の形成が主な障害の内容である。このような病変の存在は複製や転写の過程でエラーを引き起こす可能性がある。例えば、グアニン残基の水酸化では、G:C であったものが、G-OH : C となるが、G-OH が T と塩基対を形成するので、2 回の細胞分裂により G-OH : T を経て A : T となり、トランスバージョンが起こる。グアニン残基の水酸化は OGG1 が水酸化したグアニン残基を DNA から切りはなすことによって修復している (base excision repair, BER)。ピリミジンダイマーは、多くの化学発がん物質と同じように障害のある部位の前後を 20-30 塩基切り取る nucleotide excision repair (NER) によって修復される。また、また、グルタチオン S 転移酵素もエポキシドや過酸化物の除去を触媒するという。

UV に曝露されると、cell-cycle は止め

られ、DNA の複製や細胞分裂が起こらなくなり、この間に修復が行われる。cell-cycle を止めるには、p53 依存性のものと非依存性のものが存在する^り。

UV 曝露における DNA 鎖の切断については NER や BER による 2 次的なものとする意見もあり、primary に DNA 鎖を切断するかについては議論も有る。

NER や BER を起こす物理的要因によりどのような遺伝子の発現プロファイルが得られるかを検討するため、リンパ球を UVA、B、C に曝露させた。

I - 3 - 2 - 1.

UVB、C 曝露後の cell viability

UVB、UVC への曝露では、lymphoblast を用いた照射実験で曝露 48 時間後にアポトーシスがみられているので、リンパ球について、まず、cell viability を検討することを考えた。

材料と方法

リンパ球の分離 ヘパリン入り採血管を用いて手背静脈より採血を行い、Phicoll-Paque Plus (Amasham-Pharmacia) のマニュアルに従ってリンパ球の分離を行った。リンパ球は、最終的に 1 群あたり 1ml の balanced solution (A 液と B 液の 1 対 9

混合溶液、Phicoll-Paque Plus のマニュアルより)に浮遊させた。

なお、本研究で使用している血液はすべて研究者自身のものである。

紫外線曝露 リンパ球をペトリディッシュなどに播くと直ち容器の壁面に固着するようになる。そこで、リンパ球の培養に適すると言われている表面処理を施していない6穴タイタープレート(IWAKI)にリンパ球を播いた。曝露する紫外線の種類と強度は(1)UVB ($\lambda=310\text{nm}$) $36\text{J}/\text{m}^2$ 、(2) $360\text{J}/\text{m}^2$ 、(3)UVC ($\lambda=254\text{nm}$) $30\text{J}/\text{m}^2$ とした。強度は曝露時間によって調節し、モニタリングは紫外線強度計(井内盛栄堂)によった。

曝露終了後、10%FBS(Gibco BRL)添加RPMI1640培地(ペニシリン $100\mu\text{g}/\text{ml}$ 、ストレプトマイシン $100\mu\text{g}/\text{ml}$)へ培地を交換し、 37°C 、5% CO_2 の条件で培養した。コントロール群では、紫外線曝露以外の処置をまったく同様に行った。

結果と考察 通常、リンパ球は時間の経過とともに振盪によりディッシュ表面より剥がれるようになるが、UVB、UVCを照射した群では固着が遷延した。固着の度合いは $\text{UVC}30\text{ J}/\text{m}^2 \Rightarrow \text{UVB}360\text{J}/\text{m}^2 > \text{UVB}36\text{ J}/\text{m}^2$ であり、曝露3日目まで観察したが曝露群では計測は困難であった。

これより以前に、トリプシン処理によりリンパ球を剥がすことを試みたが細胞数の計測は出来なかった。2mm角のグリッド入りペトリディッシュ(Falcon)を購入したので、これを用いて cell viability を検討する実験を計画中である。

I - 3 - 2 - 2.

DNAチップによる expression profile の解析

UVB、UVC細胞の回収はBLMと同様に曝露後24時間とした。

材料と方法

リンパ球の分離 ヘパリン入り採血管を用いて手背静脈より採血を行い、Phicoll-Paque Plus(Amasham-Pharmacia)のマニュアルに従ってリンパ球の分離を行った。リンパ球は、最終的に1群あたり5mlの

balanced solution (A液とB液の1対9混合溶液、Phicoll-Paque Plusのマニュアルより)に浮遊させた。

紫外線曝露 分離後直ちに直径10cmのペトリディッシュにリンパ球を播いた。曝露する紫外線の種類と強度は(1)UVB ($\lambda=310\text{nm}$) $36\text{J}/\text{m}^2$ 、(2) $360\text{J}/\text{m}^2$ 、(3)UVC ($\lambda=254\text{nm}$) $30\text{J}/\text{m}^2$ とした。強度は曝露時間によって調節し、モニタリングは紫外線強度計(井内盛栄堂)によった。

曝露終了後、10%FBS(Gibco BRL)添加RPMI1640培地(ペニシリン $100\mu\text{g}/\text{ml}$ 、ストレプトマイシン $100\mu\text{g}/\text{ml}$)へ培地を交換し、 37°C 、5% CO_2 の条件で培養した。コントロール群では、紫外線曝露以外の処置をまったく同様に行った。

total RNAの抽出 total RNAの抽出は、RNA easy mini kit (Qiagen)によった。24時間後に静かに培養液を取り除き、 $1\times\text{PBS}(-)$ 溶液で一度洗った後、1ディッシュあたり $600\mu\text{l}$ のBuffer RLTを加え、万遍無くディッシュ全体に行き渡らせた後、静置した。取り除いた培養液は300gで5分間遠心し、上清を捨ててペレットを $1\times\text{PBS}(-)$ で洗ったのち、ディッシュのBuffer RLTでペレットを溶かし、total RNAの抽出まで -80°C で保存した。抽出の詳細は添付のマニュアルに従った。

結果と考察

RNA抽出の結果、コントロール群では $9\mu\text{g}$ を超えるtotal RNAが得られたが、曝露群は揃ってコントロール群の半分以下であり、Affimetrix社のExpression Analysis Technical Manualが要求する1濃度あたり $5\mu\text{g}$ の基準に達しなかった。曝露群で揃って収量が少なかったことから、操作ミスは考えにくく、紫外線曝露によりRNAの産生も下がっていることが考えられたが、GeneChipでハイブリダイゼーションを行うには、追加で実験をおこないRNAを集める必要がある。

I - 3 - 2 - 3.

RT-PCR法による遺伝子発現の解析

リンパ球を UVA に曝露後 24 時間で細胞を回収した。

材料と方法

リンパ球の分離 ヘパリン入り採血管を用いて手背静脈より採血を行い、Phicoll-Paque Plus (Amasham-Pharmacia) のマニュアルに従ってリンパ球の分離を行った。リンパ球は、最終的に 1 群あたり 2ml の balanced solution (A 液と B 液の 1 対 9 混合溶液、Phicoll-Paque Plus のマニュアルより) に浮遊させた。

紫外線曝露 分離後直ちに直径 6cm のペトリディッシュにリンパ球を播いた。曝露する紫外線の強度は UVA ($\lambda=365\text{nm}$) $3\text{KJ}/\text{m}^2$ 、と $30\text{KJ}/\text{m}^2$ とした。強度は曝露時間によって調節し、モニタリングは紫外線強度計(井内盛栄堂)によった。

曝露終了後、10% FBS (Gibco BRL) 添加 RPMI1640 培地 (ペニシリン $100\mu\text{g}/\text{ml}$ 、ストレプトマイシン $100\mu\text{g}/\text{ml}$) へ培地を交換し、 37°C 、5% CO_2 の条件で 24 時間培養した。コントロール群では、紫外線曝露以外の処置をまったく同様に行った。

total RNA の抽出 total RNA の抽出は、RNA easy mini kit (Qiagen) によった。24 時間後に静かに培養液を取り除き、1 ディッシュあたり $600\mu\text{l}$ の Buffer RLT を加え、万遍無くディッシュ全体に行き渡らせた後、静置した。取り除いた培養液は 300g で 5 分間遠心し、上清を捨て、ディッシュの RLT Buffer でペレットを溶かし、total RNA の抽出まで -80°C で保存した。抽出の詳細はキットに添付されているマニュアルに従った。

1 本鎖 cDNA の調製 得られた total RNA はゲノム DNA のコンタミネーションを除くため Dnase I (Gibco BRL) 処理を行ったのち、cDNA の first strand synthesis を行った。合成には市販のキット (Gibco BRL) を用い、詳細は添付のマニュアルに従った。

なお、UVB、C については I - 3 - 2 - 2. の RNA の一部を使って 1 本鎖 cDNA の合成が行われた。

結果と考察

現在、cDNA は -20°C で保存されており、いつでも PCR が可能である。しかし、BLM でみたように beta-actin のみに頼った補正は問題がある可能性があり、補正方法を検討中である。

なお、UVA、UVB、UVC は先に述べた強度で、曝露後 3、6、24、48 時間からなる time-course study を行っている。UVB、UVC に関しては total RNA 抽出の段階で RNA が失われてしまった。UVA については、ペトリディッシュから細胞を回収し RLT buffer に溶解させた形で -80°C で保存されている。

結論

「変異原」の実験では当初、リンパ芽球由来の cell line である TK6 細胞などを使う予定であった。ところが TK6 細胞は修復機構の一部に欠損があることが判明した。TK6 に限らず、株化の際にはウイルス感染の処理を行っているなど、生体とは異なった遺伝子の発現状態にあると考えられる。この点で、リンパ球を使用することは、より生体に近い状態で遺伝子の発現の変化を観察できる点で有利である。また、変異原では、化学物質で代謝活性化されて始めて DNA との反応性を獲得するものが多い。リンパ球では異物の biotransformation に関する cytochrome P450 などの代謝酵素で発現しているものも少なくないので、代謝活性化の点でもリンパ球を使用することには利点があると考えられる。

BLM の実験でもみられたように GeneChip は多量の遺伝子の発現を同時に検討できる点で優れている。欠点としては比較的大量の RNA が必要となる点であり、Affimetrix 社の GeneChip は、total RNA として最低限 $5\mu\text{g}$ 必要である。RNA を抽出するために使用した RNA easy mini kit の商品説明によるとリンパ球から得られる total RNA は 1×10^6 個あたり $0.5\mu\text{g}$ であり、今回、実際に培養状態で得られた total RNA は、コントロール群では 1×10^6 個あたり $1\mu\text{g}$ 程度であった。従って最低一濃度あたり 5×10^6 個のリンパ球が必要であり、今回 UVB、

Cの実験にみられたように RNA の発現量が変わってくれば、さらに多くのリンパ球が必要となる場合も有る。cell line ではなく、実際のリンパ球を使うことの利点は既に述べた通りであり、血液から効率よくリンパ球を分離することが大切である。リンパ球の分離を行うたびに、抗凝固剤の EDTA からヘパリンへの変更、シリンジを 50cc から 10cc へ変更し、採血中にシリンジを交換するようにしたこと、遠心機のブレーキを最小にしたこと、分離時間の短縮などにより 120cc の血液から 7×10^7 個のリンパ球が得られるようになった。

BLM の実験を通じて、GeneChip によって得られる情報量が大変多いことが分かったので、UVB、C については不足分の RNA を集めて早急に GeneChip にハイブリダイゼーションを行いたい。なお、UVA による DNA チップの実験についても近日中に実施の予定である。

健康危害情報

なし

研究発表

未

知的財産権の出願・登録状況

未

参考文献

1) Griffiths HR, Mistry P, Herbert KE, Lunec J. Molecular and cellular effects of ultraviolet light-induced genotoxicity. *Crit Rev Clin Lab Sci* 1998 ;35:189-237

Ⅱ. 研究成果の刊行に関する一覧表

書籍

著者氏名	論文タイトル名	書籍全体の編集者名	書籍名	出版社名	出版地	出版年	ページ
未							

雑誌

発表者氏名	論文タイトル名	発表誌名	巻名	ページ	出版年
未					

資料 1

HumanGenomeU95A 収載遺伝子 (抜粋)

Cluster ID	Database Accession	Affymetrix Accession	Entrez Definition
68	L17325	31307_at	Cluster Incl. L17325:Human pre-T/NK cell associated protein (1D12A2) mRNA, complete cds /cds=(4,63) /gb=L17325 /gi=306322 /ug=Hs.278 /len=492
69	L17330	31308_at	Cluster Incl. L17330:Human pre-T/NK cell associated protein (6H9A) mRNA, complete cds /cds=(94,267) /gb=L17330 /gi=306436 /ug=Hs.280 /len=641
70	U50277	31309_r_at	Cluster Incl. U50277:Human breast cancer suppressor element Ishmael Upper CP1 mRNA, partial cds /cds=(0,95) /gb=U50277 /gi=1224126 /ug=Hs.121485 /len=132
71	X52009	31310_at	Cluster Incl. X52009:H.sapiens alpha-1 strychnine binding subunit of inhibitory glycine receptor mRNA /cds=(296,1645) /gb=X52009 /gi=31850 /ug=Hs.121490 /len=1715
72	X61070	31311_at	Cluster Incl. X61070:Human mRNA for T cell receptor, clone IGRA15 /cds=(0,356) /gb=X61070 /gi=33508 /ug=Hs.121492
73	U69962	31312_at	Cluster Incl. U69962:Human delayed rectifier potassium channel protein mRNA, complete cds /cds=(2,2422) /gb=U69962 /gi=1546838 /ug=Hs.121498 /len=2435
74	D17716	31313_at	Cluster Incl. D17716:Human mRNA for N-acetylglucosaminyltransferase V, complete cds /cds=(145,2370) /gb=D17716 /gi=469489 /ug=Hs.121502 /len=2421
75	M22491	31314_at	Cluster Incl. M22491:Human bone morphogenetic protein-3 (BMP-3) mRNA /cds=(320,1738) /gb=M22491 /gi=179505 /ug=Hs.121507 /len=1774
76	D84143	31315_at	Cluster Incl. D84143:Human immunoglobulin (mAb59) light chain V region mRNA, partial sequence /cds=(0,333) /gb=D84143 /gi=1255613 /ug=Hs.121508 /len=334
77	L09234	31316_at	Cluster Incl. L09234:Human vacuolar ATPase (isoform HO68) mRNA, complete cds /cds=(59,1906) /gb=L09234 /gi=291865 /ug=Hs.603 /len=3118
78	M21388	31317_r_at	Cluster Incl. M21388:Human unproductively rearranged Ig mu-chain mRNA V-region (VD), 5 end, clone mu-3A1A /cds=(0,89) /gb=M21388 /gi=185160 /ug=Hs.123017 /len=141
79	S80491	31318_at	Cluster Incl. S80491:stem cell factor [alternatively spliced] [human, preimplantation embryos, blastocysts, mRNA Partial, 180 nt] /cds=(0,113) /gb=S80491 /gi=1246099 /ug=Hs.123028 /len=180
80	M20707	31319_at	Cluster Incl. M20707:Human kappa-immunoglobulin germline pseudogene (Chr22.4) variable region (subgroup V kappa II) /cds=(0,320) /gb=M20707 /gi=185954 /ug=Hs.123030 /len=363
81	U18548	31320_at	Cluster Incl. U18548:Human GPR12 G protein coupled-receptor gene, complete cds /cds=(15,1019) /gb=U18548 /gi=604499 /ug=Hs.123034 /len=1101
82	U41737	31321_at	Cluster Incl. U41737:Human pancreatic beta cell growth factor (INGAP) mRNA, complete cds /cds=(5,520) /gb=U41737 /gi=1514681 /ug=Hs.123060 /len=586
83	X61079	31322_at	Cluster Incl. X61079:Human mRNA for T cell receptor, clone IGRA24 /cds=(0,142) /gb=X61079 /gi=33521 /ug=Hs.123062
84	S83374	31323_r_at	Cluster Incl. S83374:glutamate transporter II variant B/HBGT IIB [5 region] [human, brain and spinal cord, mRNA Partial Mutant, 129 nt] /cds=(26,55) /gb=S83374 /gi=1911635 /ug=Hs.123079
85	U82303	31324_at	Cluster Incl. U82303:Homo sapiens unknown protein mRNA, partial cds /cds=(0,257) /gb=U82303 /gi=1938329 /ug=Hs.123080
86	U82306	31325_at	Cluster Incl. U82306:Homo sapiens unknown protein mRNA, partial cds /cds=(0,221) /gb=U82306 /gi=1938333 /ug=Hs.123081
87	AF005081	31326_at	Cluster Incl. AF005081:Homo sapiens skin-specific protein (xp32) mRNA, partial cds /cds=(0,340) /gb=AF005081 /gi=2589189 /ug=Hs.123091 /len=416
88	AF015124	31327_at	Cluster Incl. AF015124:Homo sapiens IgG heavy chain variable region (Vh26) mRNA, partial cds /cds=(0,305) /gb=AF015124 /gi=2599349 /ug=Hs.123093 /len=340

Cluster ID	Database Accession	Affymetrix Accession	Entrez Definition
89	L13258	31328_at	Cluster Incl. L13258:Homo sapiens renal Na/Pi-cotransporter mRNA, complete cds /cds=(81,2000) /gb=L13258 /gi=292349 /ug=Hs.936 /len=2554
90	M84605	31329_at	Cluster Incl. M84605:Human putative opioid receptor mRNA, complete cds /cds=(93,1415) /gb=M84605 /gi=189391 /ug=Hs.957 /len=4839
91	M81757	31330_at	Cluster Incl. M81757:H.sapiens S19 ribosomal protein mRNA, complete cds /cds=(22,459) /gb=M81757 /gi=337732 /ug=Hs.126701 /len=497
92	L10123	31331_at	Cluster Incl. L10123:Homo sapiens surfactant protein A mRNA, complete cds /cds=(2057,2893) /gb=L10123 /gi=402149 /ug=Hs.1071 /len=4161
93	AF034207	31332_at	Cluster Incl. AF034207:Homo sapiens RIG-like 14-1 mRNA, complete cds /cds=(784,1041) /gb=AF034207 /gi=2724103 /ug=Hs.129699 /len=1799
94	U91963	31333_at	Cluster Incl. U91963:Human tolloid-like protein (TLL) mRNA, complete cds /cds=(647,3688) /gb=U91963 /gi=2735326 /ug=Hs.129700 /len=3919
95	U92642	31334_at	Cluster Incl. U92642:Human high-affinity lysophosphatidic acid receptor homolog mRNA, complete cds /cds=(156,1286) /gb=U92642 /gi=2735350 /ug=Hs.129701 /len=1777
96	AF020763	31335_at	Cluster Incl. AF020763:Homo sapiens clone 1900 unknown protein mRNA, complete cds /cds=(618,1571) /gb=AF020763 /gi=2738928 /ug=Hs.129705 /len=1799
97	AC004076	31336_at	Cluster Incl. AC004076:Homo sapiens chromosome 19, cosmid R30217 /cds=(0,2075) /gb=AC004076 /gi=2822142 /ug=Hs.129709 /len=2076
98	AF036329	31337_at	Cluster Incl. AF036329:Homo sapiens gonadotropin-releasing hormone precursor, second form (GnRH-II) gene, complete cds /cds=(51,413) /gb=AF036329 /gi=2833652 /ug=Hs.129715
99	AF050198	31338_at	Cluster Incl. AF050198:Homo sapiens putative mitochondrial space protein 32.1 mRNA, nuclear gene encoding mitochondrial protein, complete cds /cds=(287,1270) /gb=AF050198 /gi=2961554 /ug=Hs.129730 /len=1374
100	D45027	31339_at	Cluster Incl. D45027:Homo sapiens mRNA for 25 kDa trypsin inhibitor, complete cds /cds=(484,1260) /gb=D45027 /gi=2943715 /ug=Hs.129732 /len=1440
101	Y12779	31340_at	Cluster Incl. Y12779:H.sapiens mRNA for enamelysin /cds=(13,1464) /gb=Y12779 /gi=3005945 /ug=Hs.129737
102	AF055989	31341_at	Cluster Incl. AF055989:Homo sapiens Shaw type potassium channel Kv3.3 (KCNC3) mRNA, complete cds /cds=(295,2568) /gb=AF055989 /gi=3249578 /ug=Hs.129738 /len=3177
103	X85019	31342_at	Cluster Incl. X85019:H.sapiens mRNA for UDP-GalNAc-polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase (T2) /cds=(0,1715) /gb=X85019 /gi=971460 /ug=Hs.130181 /len=1716
104	AJ005835	31343_at	Cluster Incl. AJ005835:Homo sapiens mRNA for interleukin 1 receptor antagonist, type III /cds=(0,10) /gb=AJ005835 /gi=3115205 /ug=Hs.131958 /len=171
105	AF063725	31344_at	Cluster Incl. AF063725:Homo sapiens clone BCSynL38 immunoglobulin lambda light chain variable region mRNA, partial cds /cds=(0,116) /gb=AF063725 /gi=3142513 /ug=Hs.131961
106	AB002134	31345_at	Cluster Incl. AB002134:Homo sapiens mRNA for airway trypsin-like protease, complete cds /cds=(61,1317) /gb=AB002134 /gi=3184183 /ug=Hs.132195 /len=1500
107	AJ001481	31346_at	Cluster Incl. AJ001481:Homo sapiens mRNA for DUX1 protein /cds=(112,624) /gb=AJ001481 /gi=3171915 /ug=Hs.132196 /len=1227

Cluster ID	Database Accession	Affymetrix Accession	Entrez Definition
108	AF058075	31347_at	Cluster Incl. AF058075:Homo sapiens clone ASPBLL54 immunoglobulin lambda light chain VJ region mRNA, partial cds /cds=(0,143) /gb=AF058075 /gi=3093897 /ug=Hs.132733 /len=325
109	X75917	31348_at	Cluster Incl. X75917:H.sapiens mRNA for fetal beta-MHC binding factor /cds=(90,1286) /gb=X75917 /gi=438046 /ug=Hs.2654 /len=1671
110	L10403	31349_at	Cluster Incl. L10403:Homo sapiens DNA binding protein for surfactant protein B mRNA, complete cds /cds=(585,905) /gb=L10403 /gi=860726 /ug=Hs.3134 /len=1363
111	AC004597	31350_at	Cluster Incl. AC004597:Homo sapiens chromosome 19, cosmid F20722 /cds=(0,950) /gb=AC004597 /gi=3068558 /ug=Hs.135305 /len=951
112	X63966	31351_at	Cluster Incl. X63966:H.sapiens synthetic gene for platelet-derived growth factor-BB /cds=(13,498) /gb=X63966 /gi=311378 /ug=Hs.135631 /len=514
113	S79281	31352_at	Cluster Incl. S79281:pancreatic ribonuclease [human, mRNA Recombinant Partial, 491 nt] /cds=(19,480) /gb=S79281 /gi=1087118 /ug=Hs.135633 /len=491
114	X94553	31353_f_at	Cluster Incl. X94553:H.sapiens HFKH4 mRNA for fork head like protein /cds=(2054,3556) /gb=X94553 /gi=1770431 /ug=Hs.135634 /len=3575
115	X94553	31354_r_at	Cluster Incl. X94553:H.sapiens HFKH4 mRNA for fork head like protein /cds=(2054,3556) /gb=X94553 /gi=1770431 /ug=Hs.135634 /len=3575
116	U77629	31355_at	Cluster Incl. U77629:Homo sapiens Achaete-Scute homologue 2 (ASCL2) gene, complete cds /cds=(336,917) /gb=U77629 /gi=2642464 /ug=Hs.135639 /len=932
117	W27600	31356_at	Cluster Incl. W27600:35a12 Homo sapiens cDNA /gb=W27600 /gi=1307548 /ug=Hs.136087 /len=732
118	W26214	31357_at	Cluster Incl. W26214:22d11 Homo sapiens cDNA /gb=W26214 /gi=1306625 /ug=Hs.136088 /len=697
119	W26228	31358_at	Cluster Incl. W26228:22e5 Homo sapiens cDNA /gb=W26228 /gi=1306639 /ug=Hs.136090 /len=711
120	W27130	31359_at	Cluster Incl. W27130:22g9 Homo sapiens cDNA /gb=W27130 /gi=1306664 /ug=Hs.136092 /len=736
121	W26343	31360_at	Cluster Incl. W26343:26b9 Homo sapiens cDNA /gb=W26343 /gi=1306898 /ug=Hs.136098 /len=715
122	W27556	31361_at	Cluster Incl. W27556:32e11 Homo sapiens cDNA /gb=W27556 /gi=1307360 /ug=Hs.136127 /len=763
123	W26626	31362_at	Cluster Incl. W26626:34a12 Homo sapiens cDNA /gb=W26626 /gi=1307469 /ug=Hs.136137 /len=890
124	W27607	31363_at	Cluster Incl. W27607:35b12 Homo sapiens cDNA /gb=W27607 /gi=1307555 /ug=Hs.136140 /len=693
125	W27762	31364_i_at	Cluster Incl. W27762:37c6 Homo sapiens cDNA /gb=W27762 /gi=1307710 /ug=Hs.136145 /len=743
126	W27762	31365_f_at	Cluster Incl. W27762:37c6 Homo sapiens cDNA /gb=W27762 /gi=1307710 /ug=Hs.136145 /len=743
127	W27871	31366_at	Cluster Incl. W27871:39a1 Homo sapiens cDNA /gb=W27871 /gi=1307819 /ug=Hs.136146 /len=860
128	W27895	31367_at	Cluster Incl. W27895:39c11 Homo sapiens cDNA /gb=W27895 /gi=1307843 /ug=Hs.136147 /len=843
129	W27967	31368_at	Cluster Incl. W27967:40b10 Homo sapiens cDNA /gb=W27967 /gi=1307915 /ug=Hs.136154 /len=755
130	W28184	31369_at	Cluster Incl. W28184:43c10 Homo sapiens cDNA /gb=W28184 /gi=1308132 /ug=Hs.136165 /len=954
131	W28191	31370_at	Cluster Incl. W28191:43d1 Homo sapiens cDNA /gb=W28191 /gi=1308139 /ug=Hs.136166 /len=954
132	W28197	31371_at	Cluster Incl. W28197:43d7 Homo sapiens cDNA /gb=W28197 /gi=1308145 /ug=Hs.136168 /len=886

HG_U95A

Cluster ID	Database Accession	Affymetrix Accession	Entrez Definition
133	W28203	31372_at	Cluster Incl. W28203:43g3 Homo sapiens cDNA /gb=W28203 /gi=1308169 /ug=Hs.136169 /len=818
134	W28249	31373_at	Cluster Incl. W28249:44b2 Homo sapiens cDNA /gb=W28249 /gi=1308197 /ug=Hs.136171 /len=896
135	W28268	31374_at	Cluster Incl. W28268:44d12 Homo sapiens cDNA /gb=W28268 /gi=1308216 /ug=Hs.136173 /len=836
136	W28546	31375_at	Cluster Incl. W28546:48c8 Homo sapiens cDNA /gb=W28546 /gi=1308494 /ug=Hs.136177 /len=927
137	W28918	31376_at	Cluster Incl. W28918:54a1 Homo sapiens cDNA /gb=W28918 /gi=1308884 /ug=Hs.136180 /len=821
138	W26469	31377_r_at	Cluster Incl. W26469:32f4 Homo sapiens cDNA /gb=W26469 /gi=1307375 /ug=Hs.136639 /len=754
139	AF041339	31378_at	Cluster Incl. AF041339:Homo sapiens homeodomain protein (PITX3) mRNA, complete cds /cds=(3,911) /gb=AF041339 /gi=3258632 /ug=Hs.137568 /len=1187
140	AF072164	31379_at	Cluster Incl. AF072164:Homo sapiens HSFE-1 mRNA, partial cds /cds=(763,1236) /gb=AF072164 /gi=3265149 /ug=Hs.137570 /len=2905
141	AF059198	31380_at	Cluster Incl. AF059198:Homo sapiens protein kinase/endoribonuclease (IRE1) mRNA, complete cds /cds=(96,3029) /gb=AF059198 /gi=3300093 /ug=Hs.137575
142	AF076483	31381_at	Cluster Incl. AF076483:Homo sapiens peptidoglycan recognition protein precursor (PGRP) mRNA, complete cds /cds=(44,634) /gb=AF076483 /gi=3342532 /ug=Hs.137583 /len=690
143	AF016492	31382_f_at	Cluster Incl. AF016492:Homo sapiens UDP-glucuronosyltransferase 2B mRNA, complete cds /cds=(9,1598) /gb=AF016492 /gi=3360272 /ug=Hs.137585 /len=1704
144	AF078533	31383_at	Cluster Incl. AF078533:Homo sapiens evolutionarily related interleukin-1beta converting enzyme mRNA, complete cds /cds=(62,1195) /gb=AF078533 /gi=3386522 /ug=Hs.137587 /len=2043
145	W28702	31384_at	Cluster Incl. W28702:50g10 Homo sapiens cDNA /gb=W28702 /gi=1308668 /ug=Hs.139040 /len=805
146	U14969	31385_at	Cluster Incl. U14969:Human ribosomal protein L28 mRNA, complete cds /cds=(27,440) /gb=U14969 /gi=550018 /ug=Hs.4437
147	M20812	31386_at	Cluster Incl. M20812:Human kappa-immunoglobulin germline pseudogene (cos118) variable region (subgroup V kappa I) /cds=(6,326) /gb=M20812 /gi=185958 /ug=Hs.150224 /len=351
148	AF068744	31387_at	Cluster Incl. AF068744:Homo sapiens double homeodomain protein (DUX2) mRNA, complete cds /cds=(211,453) /gb=AF068744 /gi=3414864 /ug=Hs.157425 /len=556
149	L22650	31388_at	Cluster Incl. L22650:Human early lymphoid activation protein (EPAG) mRNA sequence /cds=(54,371) /gb=L22650 /gi=468321 /ug=Hs.157431 /len=667
150	U46752	31389_at	Cluster Incl. U46752:Human phosphotyrosine independent ligand p62B B-cell isoform for the Lck SH2 domain mRNA, partial cds /cds=(0,1262) /gb=U46752 /gi=1184950 /ug=Hs.158298 /len=1975
151	U20648	31390_at	Cluster Incl. U20648:Human zinc finger protein (ZNF154) mRNA, partial cds /cds=(0,263) /gb=U20648 /gi=676874 /ug=Hs.158299 /len=791
152	AF040723	31391_at	Cluster Incl. AF040723:Homo sapiens neuroan1 mRNA, complete cds /cds=(10,1869) /gb=AF040723 /gi=3282690 /ug=Hs.158300 /len=3925
153	U88965	31392_r_at	Cluster Incl. U88965:Human PO42 gene, complete cds /cds=(327,932) /gb=U88965 /gi=3282236 /ug=Hs.158302
154	AB011076	31393_r_at	Cluster Incl. AB011076:Homo sapiens mRNA for UTF1, complete cds /cds=(15,1040) /gb=AB011076 /gi=3688603 /ug=Hs.158307 /len=1155

Cluster ID	Database Accession	Affymetrix Accession	Entrez Definition
155	AB006423	31394_at	Cluster Incl. AB006423:Homo sapiens TSA2004 mRNA, complete cds /cds=(57,1274) /gb=AB006423 /gi=3724281 /ug=Hs.158308 /len=1449
156	AB012851	31395_i_at	Cluster Incl. AB012851:Homo sapiens mRNA for Musashi, complete cds /cds=(64,1152) /gb=AB012851 /gi=3786319 /ug=Hs.158311 /len=1940
157	AB012851	31396_r_at	Cluster Incl. AB012851:Homo sapiens mRNA for Musashi, complete cds /cds=(64,1152) /gb=AB012851 /gi=3786319 /ug=Hs.158311 /len=1940
158	AL022151	31397_at	Cluster Incl. AL022151:Human DNA sequence from clone 199L16 on chromosome Xq22.1-22.3. Contains a 40S Ribosomal Protein S29 LIKE (pseudo?) gene, an EST, STSs, GSSs and tcta and tatg repeat polymorphisms /cds=(58,210) /gb=AL022151 /gi=3790137 /ug=Hs.158312 /len=293
159	AF091582	31398_at	Cluster Incl. AF091582:Homo sapiens bile salt export pump (BSEP) mRNA, complete cds /cds=(126,4091) /gb=AF091582 /gi=3873242 /ug=Hs.158316 /len=4776
160	AF101441	31399_at	Cluster Incl. AF101441:Homo sapiens bone morphogenetic protein 10 (BMP10) mRNA, complete cds /cds=(159,1433) /gb=AF101441 /gi=3873290 /ug=Hs.158317 /len=1584
161	AB018261	31400_at	Cluster Incl. AB018261:Homo sapiens mRNA for KIAA0718 protein, partial cds /cds=(0,2230) /gb=AB018261 /gi=3882156 /ug=Hs.158318 /len=3742
162	AB018332	31401_r_at	Cluster Incl. AB018332:Homo sapiens mRNA for KIAA0789 protein, complete cds /cds=(800,1909) /gb=AB018332 /gi=3882298 /ug=Hs.158319 /len=4480
163	AF103884	31402_at	Cluster Incl. AF103884:Homo sapiens minor histocompatibility antigen HB-1 mRNA, complete cds /cds=(107,232) /gb=AF103884 /gi=3901429 /ug=Hs.158320 /len=382
164	U39905	31403_at	Cluster Incl. U39905:Human vesicular monoamine transporter VMAT1 mRNA, complete cds /cds=(267,1844) /gb=U39905 /gi=1314289 /ug=Hs.158322 /len=2749
165	AF019765	31404_at	Cluster Incl. AF019765:untitled /cds=(0,428) /gb=AF019765 /gi=3955190 /ug=Hs.158325 /len=623
166	U25341	31405_at	Cluster Incl. U25341:Human Mel1b-melatonin receptor (MTNR1B) mRNA, complete cds /cds=(12,1100) /gb=U25341 /gi=971193 /ug=Hs.158328 /len=1105
167	U52219	31406_at	Cluster Incl. U52219:Human melatonin-related receptor mRNA, complete cds /cds=(69,1910) /gb=U52219 /gi=1326154 /ug=Hs.158329 /len=1939
168	U09860	31407_at	Cluster Incl. U09860:Human enterokinase mRNA, complete cds /cds=(40,3099) /gb=U09860 /gi=746412 /ug=Hs.158333 /len=3696
169	AF012270	31408_at	Cluster Incl. AF012270:Homo sapiens visual pigment-like receptor peropsin (Rrh) mRNA, complete cds /cds=(50,1063) /gb=AF012270 /gi=2307009 /ug=Hs.158338 /len=1374
170	U35459	31409_at	Cluster Incl. U35459:Human bomapin mRNA, complete cds /cds=(0,1193) /gb=U35459 /gi=1065408 /ug=Hs.158339 /len=1194
171	AF023614	31410_at	Cluster Incl. AF023614:Homo sapiens transmembrane activator and CAML interactor (TACI) mRNA, complete cds /cds=(13,894) /gb=AF023614 /gi=2554947 /ug=Hs.158341 /len=1357
172	AF000980	31411_at	Cluster Incl. AF000980:Homo sapiens testis-specific Basic Protein Y 2 (BPY2) mRNA, complete cds /cds=(332,652) /gb=AF000980 /gi=2580545 /ug=Hs.158342 /len=1202
173	AF000988	31412_at	Cluster Incl. AF000988:Homo sapiens testis-specific PTP-BL Related Y protein (PRY) mRNA, complete cds /cds=(182,925) /gb=AF000988 /gi=2580561 /ug=Hs.158343 /len=1238
174	AF000990	31413_at	Cluster Incl. AF000990:Homo sapiens testis-specific Testis Transcript Y 1 (TTY1) mRNA, partial cds /cds=(0,182) /gb=AF000990 /gi=2580565 /ug=Hs.158344 /len=910

Cluster ID	Database Accession	Affymetrix Accession	Entrez Definition
175	AF000991	31414_at	Cluster Incl. AF000991:Homo sapiens testis-specific Testis Transcript Y 2 (TTY2) mRNA, partial cds /cds=(0,73) /gb=AF000991 /gi=2580567 /ug=Hs.158345 /len=3167
176	AF000997	31415_at	Cluster Incl. AF000997:Homo sapiens testis-specific XK Related Y (XKRY) mRNA, complete cds /cds=(663,1142) /gb=AF000997 /gi=2580579 /ug=Hs.158346 /len=1578
177	AF019612	31416_at	Cluster Incl. AF019612:Homo sapiens S2P mRNA, complete cds /cds=(99,1658) /gb=AF019612 /gi=2745732 /ug=Hs.158347 /len=1759
178	AF041240	31417_at	Cluster Incl. AF041240:Homo sapiens prepro-orexin mRNA, complete cds /cds=(87,482) /gb=AF041240 /gi=2897117 /ug=Hs.158348 /len=577
179	Z97055	31418_at	Cluster Incl. Z97055:Human DNA sequence from PAC 388M5 on chromosome 22. Contains a 60S Ribosomal protein L1 like pseudogene, a chromosomal protein HMG-17 like gene, a Sulfotransferase (Sulfokinase) like gene, a putative GS2 like gene, a predicted CpG island, ESTs and STSs /cds=(146,367) /gb=Z97055 /gi=2916859 /ug=Hs.158349 /len=1159
180	AF023203	31419_r_at	Cluster Incl. AF023203:Homo sapiens homeobox protein Ogl2 (OGL12) mRNA, partial cds /cds=(0,28) /gb=AF023203 /gi=2979681 /ug=Hs.158350 /len=412
181	AL008721	31420_at	Cluster Incl. AL008721:Homo sapiens DNA sequence from BAC 390C10 on chromosome 22q11.21-12.1. Contains an Immunoglobulin LIKE gene and a pseudogene similar to Beta Crystallin. Contains ESTs, STSs, GSSs and taga and tat repeat polymorphisms /cds=(0,332) /gb=AL008721 /gi=3171883
182	X52005	31421_at	Cluster Incl. X52005:H.sapiens skeletal embryonic myosin light chain 1 (MLC1) mRNA /cds=(82,675) /gb=X52005 /gi=34677 /ug=Hs.159218 /len=1005
183	Y16793	31422_at	Cluster Incl. Y16793:Homo sapiens hHa7 gene, complete CDS /cds=(0,1289) /gb=Y16793 /gi=3724115 /ug=Hs.159403 /len=1525
184	AL021306	31423_at	Cluster Incl. AL021306:Human DNA sequence from clone 1109B5 on chromosome 22 /cds=(0,569) /gb=AL021306 /gi=2808416 /ug=Hs.159896 /len=570
185	AC004853	31424_at	Cluster Incl. AC004853:Homo sapiens PAC clone DJ0669B10 from 7q33-q35 /cds=(0,953) /gb=AC004853 /gi=3766130 /ug=Hs.159899 /len=954
186	AC004853	31425_g_at	Cluster Incl. AC004853:Homo sapiens PAC clone DJ0669B10 from 7q33-q35 /cds=(0,953) /gb=AC004853 /gi=3766130 /ug=Hs.159899 /len=954
187	U34806	31426_at	Cluster Incl. U34806:Human G protein-coupled receptor (GPR15) gene, complete cds /cds=(0,1082) /gb=U34806 /gi=1171145 /ug=Hs.159900 /len=1083
188	U43604	31427_at	Cluster Incl. U43604:Human unidentified mRNA, partial sequence /cds=UNKNOWN /gb=U43604 /gi=1171236 /ug=Hs.159901 /len=1677
189	U56420	31428_at	Cluster Incl. U56420:Human olfactory receptor (OLF1) gene, complete cds /cds=(0,944) /gb=U56420 /gi=1336040 /ug=Hs.159903 /len=945
190	AE000659	31429_at	Cluster Incl. AE000659:Homo sapiens T-cell receptor alpha delta locus from bases 250472 to 501670 (section 2 of 5) of the Complete Nucleotide Sequence /cds=(0,342) /gb=AE000659 /gi=2358025 /ug=Hs.159904 /len=343
191	AE000659	31430_at	Cluster Incl. AE000659:Homo sapiens T-cell receptor alpha delta locus from bases 250472 to 501670 (section 2 of 5) of the Complete Nucleotide Sequence /cds=(0,339) /gb=AE000659 /gi=2358025 /ug=Hs.159905 /len=340

Cluster ID	Database Accession	Affymetrix Accession	Entrez Definition
192	U12255	31431_at	Cluster Incl. U12255:Human IgG Fc receptor hFcRn mRNA, complete cds /cds=(125,1222) /gb=U12255 /gi=595474 /ug=Hs.160741 /len=1440
193	U12255	31432_g_at	Cluster Incl. U12255:Human IgG Fc receptor hFcRn mRNA, complete cds /cds=(125,1222) /gb=U12255 /gi=595474 /ug=Hs.160741 /len=1440
194	AL022727	31433_at	Cluster Incl. AL022727:Human DNA sequence from clone 80I19 on chromosome 6p21.31-22.2 Contains genes and pseudogenes for olfactory receptor-like proteins, STS, GSS /cds=(0,938) /gb=AL022727 /gi=3093312 /ug=Hs.163518 /len=939
195	AF086790	31434_at	Cluster Incl. AF086790:Homo sapiens aconitase precursor (ACON) mRNA, nuclear gene encoding mitochondrial protein, partial cds /cds=(0,1803) /gb=AF086790 /gi=3600097 /ug=Hs.166002 /len=2196
196	AF090327	31435_at	Cluster Incl. AF090327:Homo sapiens sperm maturation-related glycoprotein GP-83 mRNA, partial cds /cds=(0,1766) /gb=AF090327 /gi=3643252 /ug=Hs.166003 /len=1981
197	AF061055	31436_s_at	Cluster Incl. AF061055:Homo sapiens estrogen receptor beta 5 splice variant mRNA, partial cds /cds=(0,194) /gb=AF061055 /gi=3094026 /ug=Hs.166006 /len=372
198	AF061055	31437_r_at	Cluster Incl. AF061055:Homo sapiens estrogen receptor beta 5 splice variant mRNA, partial cds /cds=(0,194) /gb=AF061055 /gi=3094026 /ug=Hs.166006 /len=372
199	Z22971	31438_s_at	Cluster Incl. Z22971:H.sapiens mRNA for M130 antigen extracellular variant /cds=(101,3550) /gb=Z22971 /gi=312147 /ug=Hs.166016 /len=3802
200	X63095	31439_f_at	Cluster Incl. X63095:H.sapiens mRNA for rhesus polypeptide (RhVI) /cds=(9,812) /gb=X63095 /gi=36042 /ug=Hs.166020
201	Z47363	31440_at	Cluster Incl. Z47363:H.sapiens TCF-1 mRNA for T cell factor 1 splice form F /cds=(0,62) /gb=Z47363 /gi=619886 /ug=Hs.166027 /len=184
202	X55989	31441_at	Cluster Incl. X55989:Human ECRP gene for eosinophil cationic related protein /cds=(71,551) /gb=X55989 /gi=22940 /ug=Hs.166037 /len=733
203	Z21818	31442_at	Cluster Incl. Z21818:H.sapiens carcinoembryonic antigen gene /cds=(110,244) /gb=Z21818 /gi=437783 /ug=Hs.166040 /len=595
204	S76346	31443_at	Cluster Incl. S76346:AML1=AML1 [alternatively spliced, exons 5 and b] [human, mRNA Partial, 284 nt] /cds=(0,159) /gb=S76346 /gi=913288 /ug=Hs.166060 /len=284
205	M62895	31444_s_at	Cluster Incl. M62895:Human lipocortin (LIP) 2 pseudogene mRNA, complete cds-like region /cds=UNKNOWN /gb=M62895 /gi=187145 /ug=Hs.166072 /len=1361
206	Y09846	31445_at	Cluster Incl. Y09846:H.sapiens shc pseudogene, p66 isoform /cds=(53,1803) /gb=Y09846 /gi=1834516 /ug=Hs.166089
207	D89501	31446_s_at	Cluster Incl. D89501:Human PBI gene, complete cds /cds=(14,418) /gb=D89501 /gi=1854451 /ug=Hs.166099 /len=576
208	U63542	31447_at	Cluster Incl. U63542:Human putative FAP protein mRNA, partial cds /cds=(0,758) /gb=U63542 /gi=1890646 /ug=Hs.166101
209	U82277	31448_s_at	Cluster Incl. U82277:Human immunoglobulin-like transcript 1b mRNA, complete cds /cds=(0,611) /gb=U82277 /gi=1907320 /ug=Hs.166103 /len=661
210	AF009787	31449_at	Cluster Incl. AF009787:Homo sapiens T cell receptor beta chain (TCRB) mRNA, partial cds /cds=(0,80) /gb=AF009787 /gi=2275604 /ug=Hs.166129 /len=189
211	U78166	31450_s_at	Cluster Incl. U78166:Human Ras-like small GTPase RIBA mRNA, alternatively spliced, complete cds /cds=(172,633) /gb=U78166 /gi=2286102 /ug=Hs.166131 /len=1154