

**厚生労働省 ヒトゲノム・再生医療等研究事業**

**サル及びマウス脳完全長cDNAの分離とその細胞・個体  
での機能解明のための供給方法等に関する研究**

**課題番号：H12-ゲノム-013**

**平成13年度 研究報告**

**主任研究者・橋本雄之**

**(国立感染症研究所)**

**平成14年3月**

# 目 次

## 総括研究報告

サル及びマウス脳完全長 cDNA の分離とその細胞・個体での 機能解明のための供給方法等に関する研究.....	1
--	---

主任研究者：橋本 雄之（国立感染症研究所 遺伝子資源室長）

## 分担研究報告

カニクイザル脳完全長 cDNA の分離と保存及びマウス cDNA セット供給システムに関する研究.....	4
--	---

橋本 雄之（国立感染症研究所 遺伝子資源室長）

霊長類完全長 cDNA の染色体位置情報の収集と機能解析.....	19
-----------------------------------	----

平井 百樹（東京大学大学院 新領域創成科学研究科  
教授）

ヒトおよび霊長類各種組織からの完全長 cDNA の分類 .....	24
-----------------------------------	----

菅野 純夫（東京大学医科学研究所 ヒトゲノム解析  
センター ゲノム構造解析分野助教授）

核移植技術を用いた遺伝子機能および発現機構の解明 .....	28
--------------------------------	----

小倉 淳郎（国立感染症研究所 獣医科学部実験動物  
開発室長）

研究成果の刊行に関する一覧表 .....	33
----------------------	----

平成 13 年度

厚生科学研究費補助金（ヒトゲノム・再生医療等研究事業）総括研究報告書

サル及びマウス脳完全長 cDNA の分離とその細胞・個体での  
機能解明のための供給方法等に関する研究

課題番号：H12-ゲノム-013

主任研究者：橋本 雄之 国立感染症研究所遺伝子資源室長

カニクイザル脳 各部および精巣から完全長 cDNA に富む 6 万クローンを分離・保存した。それらの 5'端部分塩基配列を決定し、既知 DNA 配列との相同性や新規性を調べ、データベース化してバンクから公表・供給可能とした。

新規 cDNA クローン約 2,500 について、その全長塩基配列を決定して、1880 配列程を公共データベースに登録した。それらについて対応するヒト染色体上の位置を決定し、ヒト相同遺伝子のポジショナルクローニングへの情報とした。カニクイザル約 4 万、チンパンジー約 4,000 クローンから得られた 5'端配列に基づき対応するヒト既知 mRNA と各々比較したところ、5'UTR 領域はヒト-カニクイザル 95%、ヒト-チンパンジー 98%、5'側の CDS 領域はヒト-カニクイザル 98%、ヒト-チンパンジー 99%と非常に高い相同性があることが示された。核移植クローン技術を用いてマウスクローン胎仔や個体の産出効率および遺伝子発現の解析結果をもとにドナーとなる適切な細胞種やクローン胚の培養条件の適正化に成功し、安定してクローン個体を作成する技術を確認した。

分担研究者

平井 百樹 東京大学大学院

新領域創成科学研究科 教授

菅野 純夫 東京大学医科学研究所 助教授

小倉敦郎 国立感染症研究所 室長

(現理化学研究所)

その機能解明のために新たに完全長 cDNA クローンの分離を試みるとともに、それらを細胞や個体レベルで発現できる形として、産物の機能、発現制御等の研究の資源とすることは依然として必要なことである。本研究では特にヒト材料からでは分離しにくい cDNA を得ることにより、ヒトに近いモデル動物としてサル cDNA のヒト染色体へのマッピングによる相同遺伝子の発見と新規の機能予測を行い、未知のヒト相同遺伝子探索のためのリソースとするとともに、ヒト遺伝子との比較解析による遺伝子進化と機能予測のためにサル cDNA のカタログ化をめざす。さらに、マウス cDNA とあわせて、バンクを通じて DNA マイクロアレイや遺伝子導入マウス等の形で供給するシステムを検討することを目的とする。比較ゲノム手法によりヒトホモログの生体機能を推定し、ヒト疾病関連遺伝子の同定から機能解明、さらにその

#### A. 研究目的

ヒトゲノム解析プロジェクトの一環として発現遺伝子部分（cDNA 断片、expressed sequence tag, EST）のクローン化が大規模に進められ、ヒト EST300 万以上がデータベースに登録され、予想遺伝子数を越えるクラスターに分類されたクローンが分離されている。また、ヒト全塩基配列決定は昨年 3 月にドラフトが公表され、2003 年には完了することが計画されている。しかし、遺伝子機能解明は並行して進められたとしても、全体としては残された課題となる。したがって、ゲノムの遺伝子部分の確定と

疾病の成因解明そして診断、治療に結びつく研究の発展に資することが期待される。これにより遺伝子治療など先端的医療の基盤づくりの一翼を担い、もって国民の保健・医療の一層の向上をめざす。

## B. 研究方法

1) サル脳 各部の8組織(大脳皮質、頭頂葉、側頭葉、前頭葉、後頭葉、脳幹、小脳皮質、延髄、)及び精巣について、オリゴキャップ法により作製した完全長cDNAに富むライブラリーDNAから、細胞発現用プロモーター付きベクターに組み込んだcDNAクローンを総計100,000個、今年度3万個を分離し、96穴プレートのアレイにして凍結保存する。(菅野、橋本)

2) そうした多数クローンを増幅して保管するとともに、一部を用いてDNAを調製し、自動DNAシーケンサーを用いて年30,000個(3年間で9万個)の部分塩基配列を決定する。シーケンスのホモロジーサーチを自動的に行えるプログラムを利用して、既知ヒトcDNAとの相同性や、全く新規のものか等を調べ、その結果をデータベースに登録し、バンクから供給可能とする。(橋本)

3) 新規のクローンについては年約1,000個(3,000/3年)を目途に全長塩基配列を決定するとともに、組織での発現状況等による機能予測や染色体ごとのヒトドラフト配列との比較と蛍光インサイツハイブリダイゼーション(FISH)法によるヒト染色体へのマッピングを行い、対応するヒト相同遺伝子のポジショナル・クローニングの基盤とする。(平井、橋本)

4) 入手困難であったチンパンジー組織が入手できたので、カニクイザルに適宜チンパンジーcDNA配列比較を加えてヒト既知mRNAと配列比較することにより、遺伝子の配列保存、進化から機能予測を試みる。(平井、菅野、橋本)

5) 既に5'側シーケンシングを行い、公共DNAデータ

ベースに登録したマウスおよびカニクイザル脳cDNAクローンをを用いて、重複の少ないセットアレイを作製する。それをもとにマイクロアレイ作製技術を持つところと共同研究としてcDNAマイクロアレイを作製する。それらを脳・神経変性疾患等の研究で必要としているところに供与できるようにする。(橋本)

5) 機能解析を目的とするcDNA(年5種)をマウス培養細胞(線維芽細胞あるいは胚性幹細胞)ゲノムへ導入し、薬剤耐性またはレポーター遺伝子をマーカーとして導入遺伝子を持つ細胞を選択した後、核移植クローン技術を用いて細胞由来のゲノムを持つ胚、胎仔、個体を作成する(年30系統)。種々の細胞を用いて遺伝子導入クローンマウスをえることにより、遺伝子の位置効果や発現機構、臓器特異性などの情報を得る。(小倉)

### (倫理面への配慮)

ヒトcDNAライブラリー原材料は医療機関に属する医師により、本人または遺族の書面による承諾を得て、採取されたもので、コード化され個人識別情報は研究者に示されない。さらに、作製に当たって複数回使用されるなどの手段で保護を行う形を取った。

カニクイザルは国立感染症研究所サル需給調整委員会で審議されたもので、殺処分を行わざるをえなくなったものを霊長類センター研究者との共同研究という形で分与を受けた。チンパンジー組織は三和科学所有で自然死したものから、同所倫理委での議を経て分与を受けた。

## C. 研究結果

1) 既に開発したマウス脳cDNAセットから重複のない約2,300クローンのマイクロアレイを作製し、脳で高発現している新規クローンを分離した(ヘリックス研究所との共同)。

2) カニクイザル脳各部の7組織(頭頂葉、側頭葉、前頭葉、後頭葉、

脳幹、小脳皮質、延髄) および精巣について、オリゴキャップ法により作製した完全長 cDNA に富むライブラリー cDNA クローンを各々 5,000-1 万クローンを分離し、96 穴プレートのアレイにして凍結保存した。自動 DNA シークエンサーを用いて上記の順に 9832, 7903, 7773, 3763, 2299, 10336, 2330 および 10168 の計 50,000 個以上以上の 5'端部分塩基配列を決定し、ホモロジーサーチの自動プログラムを利用して、既知 DNA 配列との相同性や新規性等を調べ、その結果をデータベース化して、バンクから供給可能とした。3) これらから新規 cDNA クローン約 2,500 を選び、その全長塩基配列を決定して、1,882 配列を公共データベースに登録した。そのうち、一定の ORF を持つものについて、そのコードするタンパク質想定などの解析を行った。4) FISH 法でカニクイザル染色体とヒト染色体とのシンテニー関係を調べ、ヒト 21+7,15+14,20+22 が融合し、逆に 2 番は 2 つに分かれていることを明確にした。また、新規クローン 65 については、ヒト染色体上へのマッピングを試み、うち 53 クローン的位置を決定し、ヒト相同遺伝子のポジショナルクロニングへの情報とした。5) カニクイザルの脳 7 領域、心臓、腎臓、肝臓とチンパンジー大脳、小脳、肝臓、皮膚由来完全長 cDNA ライブラリーから単離したカニクイザル約 4 万、チンパンジー約 4,000 クローンから得られた 5'端配列について対応するヒト既知 mRNA 各々 734 種、74 種と比較したところ、5'UTR 領域はヒト-カニクイザル 94.9%、ヒト-チンパンジー 98.2%、5'側の CDS 領域はヒト-カニクイザル 97.8%、ヒト-チンパンジー 99.3% と非常に高い相同性を示した。6) 核移植クローン技術を用いて核移植クローン胎仔や個体の産出効率および遺伝子発現の解析結果をもとにドナーとな

る適切な細胞種や遺伝子型そしてクローン胚の培養条件の適正化に成功し、安定してクローン個体を作成する技術を確立した。については、ヒト染色体上へのマッピングを試み、うち 53 クローン的位置を決定し、ヒト相同遺伝子のポジショナルクロニン D. 考察

全ゲノム塩基配列が決定されても完全長 cDNA クローンを分離・集積していくことは決定された塩基配列の中に発現する遺伝子部分、エキソンを確定し、機能を解明していく上で必要であり、今後のゲノム科学の貴重なリソースである。

#### E. 結論

カニクイザル脳 各部および精巣から完全長 cDNA に富む 6 万クローンを分離・保存した。それらの 5'端部分塩基配列を決定し、既知 DNA 配列との相同性や新規性等を調べ、データベース化してバンクから公表・供給可能とした。

新規 cDNA クローン約 2,500 について、その全長塩基配列を決定して、1880 配列を公共データベースに登録した。そのうち、約 300 クローンについて対応するヒト染色体の位置を決定し、ヒト相同遺伝子のポジショナルクロニングへの情報とした。カニクイザル約 4 万、チンパンジー約 4,000 クローンから得られた 5'端配列に基づき対応するヒト既知 mRNA と各々比較したところ、5'UTR 領域はヒト-カニクイザル 95%、ヒト-チンパンジー 98%、5'側の CDS 領域はヒト-カニクイザル 98%、ヒト-チンパンジー 99% と非常に高い相同性があることを示した。核移植クローン技術を用いてマウスクローン胎仔や個体の産出効率および遺伝子発現の解析結果をもとにドナーとなる適切な細胞種やクローン胚の培養条件の適正化に成功し、安定してクローン個体を作成する技術を確立した。

## 分担研究報告書

### カニクイザル脳完全長cDNAの分離と保存及びマウスcDNAセット供給システムに関する研究

橋本雄之

国立感染症研究所 遺伝子資源室

カニクイザル脳各部および精巢の完全長 cDNA に富むライブラリー DNA から各々 5,000 ～ 1 万クローンを分離し、総計 6 万個以上を凍結保存した。計 50,000 個以上の 5' 端部分塩基配列を決定し、その配列比較解析を行い、結果をデータベース化してバンクから公表・クローンを供給可能とした。これらから新規 cDNA クローン約 2,500 を選び、その全長塩基配列を決定して、1,880 配列程を公共データベースに登録した。それらにはヒトゲノムシーケンス上に配置され、新規のヒト遺伝子の存在を予測できるものも当然あり、これまでに特定染色体上の配列と一致するヒト相同遺伝子候補約 300 クローンが見出された。

#### A. 研究目的

ヒトゲノム全体のDNA配列決定プロジェクトとその一環として発現遺伝子部分 (cDNA断片、expressed sequence tag, EST) のクローン化が大規模に進められているが、遺伝子部分の確定とその機能解明は配列決定と並行して進められたとしても、全体としては残された課題となる。したがって、本研究では新たにサルおよびマウス完全長 cDNA クローンを分離し、細胞で発現できる形として供給する体制を作り、産物の機能、発現制御等の研究の資源とすることを目的とする。

#### B. 研究方法

- 1) 多サンプルが一挙に収集されることに対応するため、プラスミドDNA自動調製機を用い、100検体以上を一回に増幅し、自動希釈装置で多検体用に制限酵素等を希釈し、制限酵素切断を行った後、アガロースゲル電気泳動で、DNAの検査を行うシステムをcDNAクローンの増幅・検査に適用する。
- 2) DNAシーケンサーを用いて、クローンDNAの部分塩基配列を決定し、イン

サートされたDNAの両端から部分塩基配列決定をする。多数のcDNAクローンについてコンピュータープログラムによりDNAデータベース上の配列と相同性検索を行い、既知のものに合致するものについて、その5'領域を完全に含んでいるかどうか判定する。

3) 既知の配列と相同性のない新規のものについては、そのインサートの全長配列を主としてプライマーウオーキング法で決定する。

#### C. 研究結果

我々は特にヒト材料からでは分離しにくい cDNA を得ることと、ヒトに近いモデル動物としてのサル cDNA のヒト染色体へのマッピングと新規の機能解析を行い、ヒト相同遺伝子探索のためのカタログ化をめざすとともに、バンクを通じてDNAマイクロアレイで供給するシステムを検討することを目的として、(1) カニクイザル脳各部の7組織(頭頂葉、側頭葉、前頭葉、後頭葉、脳幹、小脳皮質、延髄)および精巢について、オリゴキャップ法により作製した完全長 cDNA に富むライブ

ラリー cDNA クローンを各々 5,000-1 万クローンを分離し、96 穴プレートのアレイにして凍結保存した。自動 DNA シークエンサーを用いて上記の順に 9832, 7903, 7773, 3763, 2299, 10336, 2330 および 10168 の計 50,000 個以上の 5' 端部分塩基配列を決定し、ホモロジーサーチを自動的に実行するプログラムを利用して、既知 DNA 配列との相同性や、新規性等を調べ、その結果をデータベース化して、バンクから供給可能とした

<http://www.nih.go.jp/yoken/genebank/QxxX/QccE-list.html>。

(2) これらから新規 cDNA クローン約 2,500 を選び、その全長塩基配列を決定して、1,880 配列程を公共データベースに登録した (別表)。そのうち、一定の ORF を持つものについて、そのコードするタンパク質想定などの解析を行った。それらにはヒトゲノムシークエンス上に配置され、新規のヒト遺伝子の存在を予測できるものも当然あり、これまでに特定染色体上の配列と一致するものが約 300 クローンが見出された。

既に開発したマウス脳 cDNA5339 から重複のない約 2,300 クローンをスポットしたマイクロアレイを作製し、脳で高発現している新規クローンを分離した (ヘリックス研究所との共同)。

#### D. 考 察

全ゲノム塩基配列が決定されても完全長 cDNA クローンを分離・集積していくことは決定された塩基配列の中に、発現する遺伝子部分、エキソンを確定していくのに必要であり、また、酵母や線虫などの全塩基配列が決められて特定されている遺伝子のオルソログを求めるのに利用できる。さらに、細胞での発現による機能解明に用いることができるし、逆に、ミュータントマウスの

個体レベルで機能の分かった遺伝子の参照として解析に用いることもできることからポストシークエンスプロジェクトを進めるリソースとして重要である。

#### E. 結 論

カニクイザル脳 各部および精巢の完全長 cDNA に富むライブラリー DNA から各々 5,000 ~ 1 万クローン、計 6 万個以上を分離し、凍結保存した。計 50,000 個以上の 5' 端部分塩基配列を決定し、配列比較解析を行い、バンクから供給可能とした。これらから新規 cDNA クローン約 2,500 を選び、その全長塩基配列を決定して、1880 配列程を公共データベースに登録した。そのうち、ヒトゲノムシークエンスと相同性があり、ヒト特定染色体上に新規のヒト遺伝子の存在を予測できるものが約 300 クローン見出された。

#### F. 研究発表

##### 1. 論文発表

1) Osada, N., Kusuda, J., M., Hirata, M., Tanuma, R., Hida, M., Sugano, S., Hirai, M., Hashimoto, K.: Search for genes positively selected during primate evolution by 5-end sequence screening of cynomolgus monkey cDNAs.

Genomics in press.

2) Tanikawa, N., Ohmiya, Y., Ohkubo, H., Hashimoto, K., Kangawa, K., Kojima, M., Ito, S. & Watanabe, K.: identification and characterization of a novel type of membrane-associated prostaglandin E synthase.

Biochem Biophys Res Commun 291(4);884-889,2002,

3) Osada,N.Hida,M.,Kususda,J.,Tanuma,R., Hirata,M., Hirai,M.,Terao,K., Suzuki, Y., Sugano,S., Hashimoto.K.:

Prediction of unidentified human genes based on sequence similarity to novel cDNAs of cynomolgus monkey brain.

GenomeBiology( 2001) 3( 1) :research 0006.1-0006.5,

4) Kato, M., Seki,N., Sugano, S., Hashimoto, K., Masuho, Y., Muramastu,M., Kaibuchi, K.,Nakafuku, M.: Identiofication of sonic hedgehog-responsive genes by using cDNA microarray.

Biochem Biophys Res Commun (2001) 30;289(2):472-8

5) Osada N., Hida,M.,Kusuda ,J.,Tanuma, R.,Iseki,K., Hirata, M., Suto, Y.,Hirai,M.,Terao,K.,Suzuki,Y.,Sugano,S., Hashimoto,K.:Assignment of 118 novel cDNAs of cynomolgus monkey brain to human chromosomes.

Gene (2001) 275/1,31-37.

6) Suzuki,Y.,Tsunoda,T.,Sese,J.,Taira,H., Mizushima-Sugano,J. Hata,H.,Ota,T., Isogai,T.,Osada,N.,Hashimoto,K.,Tanaka,T., Nakamura,Y.,Suyama,A.,Sakaki,Y.Morishita, S.,Okubo,K., and Sugano S.:Identification and Characterization of the Potential Promoter Regions of 1031 Kinds of Human Genes. Genome Res. (2001) 11: 677-684.

## 2. 学会発表

1)長田直樹、肥田宗友、楠田潤、田沼玲子、伊関可奈子、平田誠、平井百樹、数藤由美子、橋本雄之：カニクイザル脳由来完全長 cDNA ライブラリーの新規遺伝子の探索及び解析。

第 55 回日本人類学会大会 第 17 回日本霊長類学会大会 連合大会、京都、2001 年 7 月

2) 坂手龍一、肥田宗友、菅野純夫、橋本雄之、早坂郁夫、寺尾恵治、平井百樹：霊長類遺伝子データベース。

第 55 回日本人類学会大会 第 17 回日本霊長類学会大会 連合大会、京都、2001 年 7 月

3) 長田直樹、肥田宗友、楠田潤、田沼玲子、平田誠、平井百樹、橋本雄之：カニクイザル脳 cDNA を利用したヒトゲノム配列からのヒト新規遺伝子予測

第 24 回日本分子生物学会年会、、横浜、2001 年 1 2 月

4) 楠田潤、長田直樹、田沼玲子、平田誠、肥田宗友、菅野純夫、橋本雄之：カニクイザルにおける神経疾患遺伝子ホモログの解析。

第 24 回日本分子生物学会年会、、横浜、2001 年 1 2 月

5) 肥田宗友、坂手龍一、鈴木 穰、橋本雄之、寺尾恵治、平井百樹、五條堀孝、菅野純夫：ヒトとチンパンジー、カニクイザル遺伝子の転写・翻訳開始領域の比較。

第 24 回日本分子生物学会年会、、横浜、2001 年 1 2 月

6) 加藤真樹、中福雅人、菅野純夫、橋本雄之、村松正明、増保安彦、貝渕弘三、関直彦：

cDNA microarray を用いた Sonic hedgehog 応答遺伝子の同定。

第 24 回日本分子生物学会年会、、横浜、2001 年 1 2 月



























AB071108 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-18283,  
 AB071109 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-18363,  
 AB071110 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-18372,  
 AB071111 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-18420,  
 AB071112 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-18462,  
 AB071113 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-18554,  
 AB071114 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-18571,  
 AB071115 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-18831,  
 AB071116 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-18840,  
 AB071117 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-19004,  
 AB071118 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-19023,  
 AB071119 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-19028,  
 AB071120 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-19036,  
 AB071121 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-19132,  
 AB071122 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-19380,  
 AB071123 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-19421,  
 AB071124 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-19445,  
 AB071125 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-19495,  
 AB071126 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-19551,  
 AB071127 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-19751,  
 AB071128 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-19788,  
 AB071129 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-19789,  
 AB071130 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-19827,  
 AB071131 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-19856,  
 AB071132 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-19865,  
 AB071133 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-19931,  
 AB071134 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-19952,  
 AB072736 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-14120,  
 AB072737 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-14152,  
 AB072738 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-14291,  
 AB072739 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-14590,  
 AB072740 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-14839,  
 AB072741 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-15119,  
 AB072742 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-15384,  
 AB072743 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-15492,  
 AB072744 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-15844,  
 AB072745 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-15931,  
 AB072746 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-16005,  
 AB072747 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-16015,  
 AB072748 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-16028,  
 AB072749 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-16150,  
 AB072750 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-16224,  
 AB072751 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-16847,  
 AB072752 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-17022,  
 AB072753 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-18001,  
 AB072754 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-18130,  
 AB072755 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-18427,  
 AB072756 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-18431,  
 AB072757 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-18806,  
 AB072758 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-18877,  
 AB072759 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-18885,  
 AB072760 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-19735,  
 AB072761 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-19758,  
 AB072762 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-19771,  
 AB072763 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-19928,  
 AB072764 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-19960,  
 AB072765 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-19961,  
 AB072766 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-19971,  
 AB072767 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-20104,  
 AB072768 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-20110,  
 AB072769 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-20218,  
 AB072770 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-20224,  
 AB072771 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-20236,  
 AB072772 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-20271,  
 AB072773 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-20273,  
 AB072774 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-20419,  
 AB072775 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-20424,  
 AB072776 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-20433,  
 AB072777 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-20515,  
 AB072778 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-20523,  
 AB072779 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-20563,  
 AB072780 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-20639,  
 AB072781 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-20672,  
 AB072782 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-20721,  
 AB072783 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-20736,  
 AB072784 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-20807,  
 AB072785 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-20919,  
 AB072786 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-20925,  
 AB072787 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-20952,  
 AB072788 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-20987,  
 AB072789 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-21012,  
 AB072790 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-21339,  
 AB072791 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-21346,  
 AB072792 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-21378,  
 AB072793 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-21447,  
 AB072794 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-21457,  
 AB072795 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-21523,  
 AB072796 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-21536,  
 AB074444 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-16296,  
 AB074445 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-16408,  
 AB074446 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-18075,  
 AB074447 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-19877,  
 AB074448 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-20302,  
 AB074449 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-20664,  
 AB074450 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-20692,  
 AB074451 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-20842,  
 AB074452 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-20857,  
 AB074453 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-21060,  
 AB074454 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-21032,  
 AB074455 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-21565,  
 AB074456 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-21583,  
 AB074457 *Macaca fascicularis* testis cDNA clone:QtsA-21585,  
 AB074458 *Macaca fascicularis* mRNA for cryptochrome 1, QtsA-16837,  
 AB064989 *Macaca fascicularis* mRNA for SOX30 protein, :QtsA-10245,  
 AB064990 *Macaca fascicularis* mRNA, human hypothetical protein  
 FLJ3181:QtsA-10679,  
 AB064991 *Macaca fascicularis* mRNA for B29 protein:QtsA-10723,  
 AB064992 *Macaca fascicularis* mRNA for kinensin:QtsA-10833,  
 AB064993 *Macaca fascicularis* mRNA for hypothetical nuclear factor  
 SBB122:QtsA-10963,  
 AB064994 *Macaca fascicularis* TNP2 mRNA transition protein 2:QtsA-11347,  
 AB064995 *Macaca fascicularis* SNX1 mRNA for sorting nexin 1:QtsA-11535,  
 AB064996 *Macaca fascicularis* mRNA for pre-B-cell leukemia transcription  
 factor 1:QtsA-11670,  
 AB064997 *Macaca fascicularis* mRNA, human hypothetical protein  
 FLJ23495:QtsA-11749,  
 AB064998 *Macaca fascicularis* BBH mRNA for gamma butyrobetaine  
 hydroxylase:QtsA-11945,  
 AB066550 *Macaca fascicularis* mRNA, similar to human hypothetical protein  
 FLJ13031,  
 AB066551 *Macaca fascicularis* mRNA, similar to human hypothetical protein  
 DKFZp4340194  
 AB066552 *Macaca fascicularis* mRNA, similar to human hypothetical protein  
 DKFZp4341099,  
 AB066553 *Macaca fascicularis* mRNA, similar to human hypothetical protein  
 DKFZp4341099,  
 AB066554 *Macaca fascicularis* mRNA for NAD-dependent methylene  
 tetrahydrofolate dehydrogenase cyclohydrolase,  
 AB066555 *Macaca fascicularis* mRNA for transcription factorNYD-sp10,  
 AB066556 *Macaca fascicularis* mRNA, similar to human nucleoporin NYD-SP7,  
 AB066557 *Macaca fascicularis* mRNA for kinensin,  
 AB066558 *Macaca fascicularis* mRNA for fructose-1,6-bisphosphate aldolase A,  
 AB066559 *Macaca fascicularis* mRNA, similar to human hypothetical protein  
 FLJ23495.