(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 공개특허공보(A)

(11) 공개번호 10-2023-0017944
(43) 공개일자 2023년02월07일

(51) 국제특허분류(Int. Cl.)
C07K 14/47 (2006.01) *A23L 33/18* (2016.01)
A61K 38/00 (2006.01) *A61P 21/00* (2006.01)
A61P 25/00 (2006.01) *C12N 15/62* (2006.01)
(52) CPC특허분류
C07K 14/47 (2013.01)
A23L 33/18 (2016.08)
(21) 출원번호 10-2021-0099007
(22) 출원일자 2021년07월28일
심사청구일자 없음

(71) 출원인
한림대학교 산학협력단
강원도 춘천시 한림대학길 1, 한림대학교(옥천동)
(72) 발명자
최수영
강원도 춘천시 우석로101번길 86, 108동 1002호 (석사동, 석사대우아파트)
문승명
서울특별시 강동구 올림픽로 572, 101동 1004호
(뒷면에 계속)
(74) 대리인
강성혜

전체 청구항 수 : 총 10 항

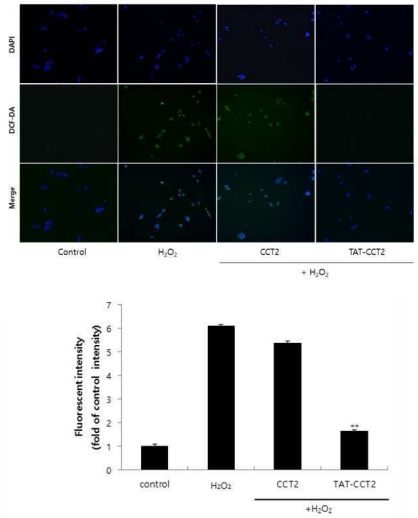
(54) 발명의 명칭 **세포 투과성 CCT2 융합단백질을 포함하는 운동신경 질환 예방 또는 치료용 약학 조성물**

(57) 요 약

과제: 부작용이 적거나 없으며, 효과가 우수한 운동신경 질환 치료용 약제를 제공하는 것.

해결수단: 본 발명은 세포투과성 CCT2 융합단백질을 포함하는 신경질환 치료용 약학 조성물에 관한 것으로서, 세포 내로 투과된 CCT2 융합단백질은 과산화수소 독성에 대해 세포생존율을 증가시켰고, 세포 내 활성산소종 수준 및 과산화수소로 유도되는 DNA 단편화를 감소시켰다. 이러한 결과들은 CCT2 융합단백질이 세포사멸에 대해 보호효과가 있으며, 운동신경 손상으로부터 신경세포를 보호하는 치료효과가 있음을 말해준다.

대 표 도 - 도3c



(52) CPC특허분류
A61K 38/00 (2013.01)
A61P 21/00 (2018.01)
A61P 25/00 (2018.01)
C12N 15/62 (2013.01)
A23V 2002/00 (2013.01)
A23V 2200/316 (2013.01)
C07K 2319/10 (2013.01)
C07K 2319/35 (2013.01)

(72) 발명자
음원식
강원도 춘천시 후석로 325, 포스코더샵아파트 112동 802호 (후평동)
신민재
인천광역시 남구 낙섬중로 18, 1-1201 (용현동, 대림아파트)
여현지
서울특별시 성북구 보문사길 111, 103동 1301호
여은지
서울특별시 성북구 보문사길 111, 103동 1301호
최연주
충청북도 옥천군 청성면 궁촌길 20-16
손은정
경기도 남양주시 비룡로116번길 35, 306동 404호 (마석역신도브래뉴 3차 아파트, 묵현리)
황인구
서울특별시 관악구 낙성대동 산4-2 교수아파트 C동 402호
권현정
강원도 강릉시 경강로2015번안길 7
김대원
강원도 강릉시 교동광장로 138-12, 302동 201호

이 발명을 지원한 국가연구개발사업
과제고유번호 1345332237
과제번호 2019R1A6A1A11036849
부처명 교육부
과제관리(전문)기관명 한국연구재단
연구사업명 이공학학술연구기반구축(R&D)
연구과제명 생명공학연구소
기 여 율 1/2
과제수행기관명 한림대학교
연구기간 2020.03.01 ~ 2021.02.28
이 발명을 지원한 국가연구개발사업
과제고유번호 1711135529
과제번호 2021R1F1A1049744
부처명 과학기술정보통신부
과제관리(전문)기관명 한국연구재단
연구사업명 개인기초연구(과기정통부)(R&D)
연구과제명 허혈성 질환에서 chaperonin containing T-complex protein의 신경세포보호 효능 및 기전 탐색
기 여 율 1/2
과제수행기관명 한림대학교
연구기간 2021.06.01 ~ 2022.02.28

명 세 서

청구범위

청구항 1

단백질 수송 도메인이 CCT2 단백질의 최소한 일측 말단에 공유결합된 세포침투 효율이 향상된 CCT2 융합단백질.

청구항 2

청구항 1에 있어서,

상기 CCT2 융합단백질은 그 아미노산 서열이 서열번호 4 또는 서열번호 6임을 특징으로 하는 CCT2 융합단백질.

청구항 3

청구항 1 또는 청구항 2의 CCT2 융합단백질을 함유하는 운동신경 질환 예방 또는 치료용 약학 조성물.

청구항 4

CCT2 코딩 cDNA의 적어도 일측 말단에 단백질 수송 도메인 코딩 올리고뉴클레오타이드 서열이 결합된 CCT2 융합단백질을 코딩하는 재조합 폴리뉴클레오타이드.

청구항 5

청구항 4에 있어서,

상기 재조합 폴리뉴클레오타이드는 그 염기 서열이 서열번호 3 또는 서열번호 5임을 특징으로 하는 CCT2 융합단백질을 코딩하는 재조합 폴리뉴클레오타이드.

청구항 6

청구항 4 또는 청구항 5의 재조합 폴리뉴클레오타이드를 함유하는 운동신경 질환 예방 또는 치료용 약학 조성물.

청구항 7

CCT2 코딩 cDNA의 최소한 일측 말단에 단백질 수송 도메인 코딩 올리고뉴클레오타이드 서열이 결합된 CCT2 융합단백질을 코딩하는 재조합 폴리뉴클레오타이드를 함유하는 운동신경 질환 예방 또는 치료용 CCT2 융합단백질 발현 벡터.

청구항 8

CCT2 코딩 cDNA의 최소한 일측 말단에 단백질 수송 도메인 코딩 올리고뉴클레오타이드 서열이 결합된 CCT2 융합단백질을 코딩하는 재조합 폴리뉴클레오타이드를 함유하는 CCT2 융합단백질 발현벡터를 포함하는 운동신경 질환 예방 또는 치료용 약학 조성물.

청구항 9

청구항 3, 청구항 6, 청구항 8 중 선택된 어느 한 항에 있어서,

상기 운동신경 질환은 근위축성 측삭 경화증 (ALS), 진행성 구근 마비 (PBP), 진행성 근육 위축 (PMA), 원발성 측삭 경화증 (PLS), 유사 구근 마비 또는 단변성 근위축증 (MMA)인, 운동신경 질환 예방 또는 치료용 약학 조성물.

청구항 10

청구항 1 또는 청구항 2의 CCT2 융합단백질을 유효성분으로 하는 운동신경 질환 예방 또는 개선용 건강기능식품 조성물.

발명의 설명

기 술 분 야

[0001] 본 발명은 세포 투과성 CCT2 융합단백질을 포함하는 신경질환 예방 또는 치료용 약학 조성물에 관한 것이다.

배 경 기 술

[0002] 운동신경 질환은 신체의 자발적 근육을 제어하는 세포인 운동신경에 영향을 미치는 신경 퇴행성 질환이다. 다양한 패턴의 근육 약화가 관찰되며, 근육 경련과 연축이 발생할 수 있다. 걷기, 말하기가 어려워질 수 있고, 호흡곤란, 호흡 부전이 발생할 수 있고, 타액을 삼키기 어려워지거나 과도한 타액 생산도 발생할 수 있다. 운동신경 질환으로는 루 게릭병이라고도 불리는 근위축성 측삭 경화증 (ALS), 진행성 구근 마비 (PBP), 진행성 근육 위축 (PMA), 원발성 측삭 경화증 (PLS), 유사 구근 마비, 단변성 근위축증 (MMA) 등이 있다.

[0003] 근위축성 측삭 경화증의 원인은 대부분의 경우 완전히 이해되지 않았으며, 운동신경 변성에 관여하는 기작은 복잡하다. 산화 스트레스가 운동신경 사멸을 일으키는 하나의 기작이라는 가설을 뒷받침하는 실질적인 증거가 있다. 이 이론은 항산화효소인 수퍼옥사이드 디스뮤테이즈 1 (SOD1)의 돌연변이가 질병을 유발한다는 발견으로 더 설득력을 갖게 되었다. 그러나, 돌연변이 SOD1이 운동신경 변성을 야기하는 정확한 기작은 확실하게 알려지지 않았다.

[0004] 신경세포 사멸과 관련하여 가장 널리 채택되는 가설 중 하나는 높은 수준의 불포화 지방산과 뉴런에 의한 높은 산소 소비로 인해 활성산소종 (reactive oxygen species, ROS) 생성이 증가하고, 뒤이어 DNA 및 세포막이 손상된다는 것이다 (Lin et al, 2003; Song et al, 2013). 허혈/재관류 중에 생성된 자유 라디칼은 뉴런에서 단백질 파괴, 지질 과산화 및 DNA 손상을 일으킨다 (Olmez and Ozyurt, 2012). 항산화제와 같은 내생적인 방어 기작이 활성화되어 과잉 자유 라디칼을 억제하고 세포 손상을 약화시킨다. 몇몇 연구는 항산화제 처리가 척수 허혈에 의해 유도된 신경 손상을 현저히 저하한다고 밝혔다 (Hwang et al, 2015; Kim et al, 2012; Zhu et al, 2012).

[0005] CCT2는 TCP1 복합체 (T-complex protein 1 subunit beta)를 포함하는 새퍼로닌의 멤버로, TCP1 링 복합체 (TRiC)라고도 불리는 분자 샤퍼론으로서, ATP 가수 분해시 단백질의 접힘을 돕는 분자 샤퍼론 복합체인 샤페린 함유 T 복합체(TRiC)의 구성요소이다.

[0006] TRiC 복합체는 WRAP53/TCAB1의 접힘을 매개하여 말단소립 유지보수를 조절한다. TRiC 복합체의 일부로 섬모로의 수송 소포를 조절하는 섬모형성에 관여하는 복합체인 BBSome의 조립에 관여한다. TRIC 복합체는 액틴과 튜불린의 단백질 접힘에 중요한 역할을 한다.

발명의 내용

해결하려는 과제

[0008] 본 발명은 운동 신경세포 손상과 사멸로 인한 운동 신경질환의 효과적인 예방 또는 치료용 약학 조성물 및/또는

운동 신경질환 개선용 식품 조성물을 제공하는 것을 목적으로 한다.

과제의 해결 수단

[0009] 본 발명자들은 상기 과제를 해결하기 위하여 PEP-1, HIV Tat 펩타이드와 같은 단백질 수송 도메인을 코딩하는 핵산 서열을 CCT2 유전자 서열과 재조합하여 발현한 CCT2 융합단백질이 NSC34 세포 내로 원활하게 침투하는 것을 확인하였으며, 이를 바탕으로 하여 산화 스트레스에 대한 세포 침투성 CCT2 융합단백질의 보호 효과에 대해 연구하였다.

[0010] 본 발명자들은 단백질 수송 도메인과 결합한 CCT2 융합단백질이 시험관 내에서 산화 스트레스에 의해 유도된 신경세포 사멸에 대해 운동 신경세포를 보호하는 효과가 있는지를 밝히고자 하였다. 허혈성 운동신경세포 사멸에 대해 CCT2 융합단백질의 잠재적인 효과를 연구하기 위해 본 발명자들은 세포 내로 투과할 수 있는 CCT2 융합단백질을 제작하였다. CCT2 융합단백질은 신경세포 내부로 농도 의존적 및 시간 의존적으로 효과적으로 투과하였다. 세포 내로 투과된 CCT2 융합단백질은 과산화수소 독성에 대한 세포 생존율을 증가시켰고, 세포 내 활성산소종 수준을 낮추었다. 이러한 결과들은 CCT2 융합단백질이 시험관 내에서 일어나는 세포사멸에 대해 보호효과를 나타내며, 산화 스트레스와 관련된 신경질환에 대해 치료제로 이용될 수 있음을 말해준다.

[0011] 본 발명의 상세한 설명 등에서 사용되는 주요 용어의 정의는 다음과 같다.

[0012] "CCT2 융합단백질"이란 단백질 수송 도메인과 CCT2 단백질을 포함하며, 단백질 수송 도메인과 목표 단백질 (즉, 본 발명에서는 CCT2 단백질을 의미함)의 유전적 융합이나 화학 결합으로 형성된 공유결합 복합체를 의미한다. 본 명세서에서는 구체적인 실시예로 HIV-Tat 단백질 수송 도메인을 이용하였으므로 "CCT2 융합단백질"을 "Tat-CCT2", "Tat-CCT2 융합단백질" 등과 혼용하였다.

[0013] "목표 단백질"이란 본래 표적 세포로 들어갈 수 없거나, 유용한 속도로 표적 세포로 들어갈 수 없는 수송도메인 또는 이의 단편이 아닌 분자로서, 수송도메인과 융합되기 전의 분자 그 자체 또는 수송도메인-목표 단백질 복합체의 목표 단백질 부분을 의미한다. 목표 단백질로서는 폴리펩티드, 단백질, 펩타이드를 포함하며, 본 발명에서는 CCT2을 의미한다.

[0014] "융합단백질"이란 수송도메인 및 한 개 이상의 목표 단백질 부분을 포함하며, 수송도메인과 목표 단백질의 유전적 융합이나 화학 결합으로 형성된 복합체를 의미한다.

[0015] 또한, 상기 "유전적 융합"이란 단백질을 코딩하는 DNA 서열의 유전적 발현을 통해서 형성된 선형, 공유결합으로 이루어진 연결을 의미한다. 또한, "표적 세포"란 수송도메인에 의해 목표 단백질이 전달되는 세포를 의미하는 것으로서, 표적 세포는 체내 또는 체외의 세포를 말한다. 즉, 표적 세포는 체내 세포, 다시 말하여 살아있는 동물 또는 인간의 장기 또는 조직을 구성하는 세포 또는 살아 있는 동물 또는 인간에서 발견되는 미생물을 포함하는 의미이다. 또한, 표적 세포는 체외 세포, 즉 배양된 동물세포, 인체 세포 또는 미생물을 포함하는 의미이다.

[0016] 본 발명에서의 "단백질 수송 도메인"은 고분자 유기화합물, 예컨대 올리고뉴클레오타이드, 펩타이드, 단백질, 올리고당 또는 다당류 등과 공유결합을 이루어 별도의 수용체나 운반체, 에너지를 필요로 하지 않고 상기 유기화합물들을 세포 내로 도입시킬 수 있는 것을 말한다.

[0017] 또한, 본 명세서에서는 단백질, 펩타이드, 유기화합물을 세포 내로 "도입"하는 것에 대하여 "운반", "침투", "수송", "전달", "투과", "통과"한다는 표현들과 혼용하였다.

[0018] 본 발명의 구성을 좀 더 자세히 설명하면, 본 발명의 일 실시예에서 본 발명자들은 먼저 CCT2 융합단백질을 과대 발현시키고 쉽게 정제할 수 있는 CCT2 융합단백질 발현 벡터를 개발하였다. 이 발현 벡터는 인간 CCT2 단백질, 7~21개 아미노산으로 이루어진 단백질 수송 도메인 하나 이상, 그리고 N 말단부분에 6개의 히스티딘 잔기를 발현시킬 수 있는 cDNA를 포함하고 있다. 그 예시로 CCT2 융합단백질의 아미노산 서열은 서열목록의 서열번호 4 또는 서열번호 6임을 특징으로 한다.

[0019] 이 발현벡터를 이용하여 CCT2 융합단백질을 대장균에서 과대 발현시켰으며 Ni-친화 크로마토그래피를 이용하여 정제하였다. 배양된 세포에 CCT2 융합단백질이 시간 및 농도 의존적으로 세포에 운반되는 것을 웨스턴 블롯으로 확인하였다. 세포 내로 투과된 CCT2 융합단백질은 세포 내에서 최대 12시간 동안 지속적으로 유지되었으며, 산화 스트레스에 의한 세포사멸을 억제하였다.

[0020] 이러한 결과는 CCT2 융합단백질이 세포 내로 잘 투과되고, 세포 내에서 CCT2 단백질의 기능을 잘 나타내고 있음을 의미한다. 따라서 이러한 CCT2 융합단백질은 활성산소종과 관련된 증세로부터 신경세포를 보호하는 등의 신

경질환에 응용할 가능성을 제시해 준다.

[0021] 세포 투과성 CCT2 융합단백질을 유효성분으로 함유하는 약제학적 조성물은 약제학적 분야에서 통상적으로 허용되는 담체와 함께 배합하여 통상적인 방법에 의해 경구 또는 주사 형태 등으로 제형화할 수 있다. 경구용 조성물로는 예를들면 정제 및 젤라틴 캡슐이 있으며, 이들은 활성 성분 이외에도 희석제 (예: 락토스, 덱스트로스, 수크로스, 만니톨, 솔비톨, 셀룰로즈 및/또는 글리신), 활탁제 (예: 실리카, 탤크, 스테아르산 및 그의 마그네슘 또는 칼슘염 및/또는 폴리에틸렌글리콜)를 함유하고, 정제는 또한 결합제 (예: 마그네슘 알루미늄 실리케이트, 전분 페이스트, 젤라틴, 메틸셀룰로스, 나트륨 카복시메틸셀룰로스 및/또는 폴리비닐피롤리돈)를 함유하며, 경우에 따라서 붕해제 (예: 전분, 한천, 알긴산 또는 그의 나트륨염) 또는 비등 혼합물 및/또는 흡수제, 착색제, 향미제 및 감미제를 함유하는 것이 바람직하다. 주사용 조성물은 등장성 수용액 또는 현탁액이 바람직하고, 언급한 조성물은 멸균되고/되거나 보조제 (예: 방부제, 안정화제, 습윤제 또는 유화제 용액 촉진제, 삼투압 조절을 위함 염/또는 완충제)를 함유한다. 또한, 이들은 기타 치료에 유용한 물질을 함유할 수 있다.

[0022] 이와 같이 제조된 약제학적 제제는 목적하는 바에 따라 경구로 투여하거나, 비경구 방식 즉, 정맥 내, 피하, 복강 내 투여 또는 국소적용할 수 있다. 용량은 일일 투여량 0.0001~100㎎/㎏을 1 내지 수회에 나누어 투여할 수 있다. 특정 환자에 대한 투여용량 수준은 환자의 체중, 연령, 성별, 건강상태, 투여시간, 투여 방법, 배설율, 질환의 중증도 등에 따라 변화될 수 있다.

[0023] 나아가, 본 발명은 상기 CCT2 융합단백질을 유효성분으로 하고 약학적으로 허용되는 담체를 포함하는 것을 특징으로 하는, 신경질환 예방 및 치료에 유용한 약제학적 조성물을 제공한다.

[0024] 본 발명은 또한 CCT2 단백질을 세포 내로 효율적으로 전달하기 위한 방법을 제공한다. 본 발명에 따른 CCT2 단백질 분자의 세포 내 전달은 HIV Tat 펩타이드와 같은 단백질 수송 도메인이 공유결합된 형태의 융합단백질을 구성하여 수행된다. 본 발명의 상기 단백질 수송 도메인의 일례로는 HIV Tat 펩타이드를 들 수 있다. 그러나, 본 발명의 단백질 수송 도메인이 HIV Tat 펩타이드로만 한정되는 것은 아니며, HIV Tat 펩타이드의 아미노산 서열 일부 치환이나 부가, 결여로 PEP-1 펩타이드와 유사한 기능을 하는 펩타이드를 제조하는 것이 본 발명이 속하는 분야에서 통상의 지식을 가진 당업자에게는 용이하므로, 7~21개의 아미노산으로 구성되고, 라이신 또는 아르기닌을 4개 이상 다수 포함하는 단백질 수송 도메인과 이로부터 아미노산 일부 치환으로 동일·유사한 단백질 수송기능을 수행하는 단백질 수송 도메인을 이용한 융합단백질도 본 발명의 범위에 속함은 자명하다고 할 것이다.

[0025] 구체적으로, 본 발명은 CCT2 융합단백질, CCT2 융합단백질을 코딩하는 올리고뉴클레오타이드, CCT2 융합단백질을 코딩하는 올리고뉴클레오타이드를 포함하는 벡터, 이 융합단백질, 상기 올리고뉴클레오타이드 또는 상기 벡터를 포함하는 신경질환 치료 또는 예방 목적의 약학 조성물 및 이 융합단백질을 포함하는 신경질환 예방 또는 개선 용도의 건강기능성 식품 조성물에 관한 것이다.

[0026] 상기 CCT2 융합단백질을 코딩하는 폴리뉴클레오타이드는 구체적으로 서열번호 3 또는 서열번호 5임을 특징으로 한다.

[0027] 본 발명의 상기 세포 투과성 CCT2 융합단백질을 첨가할 수 있는 식품으로는, 각종 식품류, 예를 들어, 음료, 껌, 차, 비타민 복합제, 건강보조 식품류 등이 있으며, 환제, 분말, 과립, 침제, 정제, 캡슐 또는 음료 형태로 사용할 수있다. 이때, 식품 또는 음료 중의 상기 CCT2 융합단백질의 양은, 일반적으로 본발명의 건강식품 조성물의 경우 전체 식품 중량의 0.01 내지 15 중량%, 바람직하게는 0.2 내지 10 중량%로 가할 수 있으며, 건강 음료 조성물의 경우 100㎖를 기준으로 0.1 내지 30g, 바람직하게는 0.2 내지 5g의 비율로 가할 수 있다. 본 발명의 본 발명의 건강음료 조성물은 지시된 비율로 필수 성분으로서 상기 CCT2 융합단백질을 함유하는 외에는 액체 성분에는 특별한 제한점은 없으며 통상의 음료와 같이 여러가지 향미제 또는 천연 탄수화물 등을 추가 성분으로서 함유할 수 있다. 상술한 천연 탄수화물의 예로는 모노사카라이드, 예를 들어, 포도당, 과당 등 디사카라이드, 예를 들어 말토스, 수크로스 등 폴리사카라이드, 예를 들어 덱스트린, 시클로덱스트린 등과 같은 통상적인 당 및 자일리톨, 소르비톨, 에리트리톨 등의 당알콜이다. 상술한 것 이외의 향미제로서 천연 향미제(타우마틴, 스테비아 추출물(예를 들어 레바우디오시드 A, 글리시리진 등)) 및 합성 향미제(사카린, 아스파탐 등)를 유리하게 사용할 수 있다. 상기 천연 탄수화물의 비율은 본 발명의 조성물 100㎖당 일반적으로 약 1 내지 20g, 바람직하게는 약 5 내지 12g이다. 상기 외에 본 발명의 조성물은 여러 가지 영양제, 비타민, 광물(전해질), 합성 풍미제 및 천연 풍미제 등의 풍미제, 착색제 및 중진제(치즈, 초콜릿 등), 펙트산 및 그의 염, 알긴산 및 그의 염, 유기산, 보호성 콜로이드 증점제, pH 조절제, 안정화제, 방부제, 글리세린, 알콜, 탄산 음료에 사용되는 탄산화제 등을 함유할 수 있다. 그밖에 본 발명의 조성물들은 천연 과일 쥬스 및 과일 쥬스 음료 및

야채 음료의 제조를 위한 과육을 함유할 수 있다. 이러한 성분은 독립적으로 또는 조합하여 사용할 수 있다. 이러한 첨가제의 비율은 중요하지는 않으나 본 발명의 조성물 100 중량부 당 0 내지 약 20 중량부의 범위에서 선택되는 것이 일반적이다.

[0028] 본 발명의 CCT2 융합단백질은 7 내지 21개의 아미노산 잔기로 구성되며 아르기닌 또는 라이신 잔기를 3/4 이상 포함하는 수송도메인이 CCT2의 최소한 일측 말단에 공유결합되어 세포침투 효율이 향상된 CCT2 융합단백질을 말한다. 또한, 상기 수송도메인은 HIV Tat 49-57 잔기, Pep-1 펩타이드, 올리고라이신, 올리고아르기닌 또는 올리고 (라이신,아르기닌) 중의 1종 이상을 말한다. 또한, 본 발명의 상기 CCT2 융합단백질 아미노산 서열은 서열목록의 서열번호 4 또는 서열번호 6이다. CCT2 융합단백질 제조에서 제한부위 서열의 선택 등에 따라 다양한 서열의 융합단백질을 얻을 수 있으며, 이는 본 발명이 속하는 기술 분야에서 통상의 지식을 가진 사람에게 자명하다. 위 아미노산 서열은 예시적인 것일 뿐 CCT2 융합단백질 아미노산 서열이 위에 나열된 서열로 한정되는 것이 아님은 자명하다.

[0029] 또한, 본 발명은 상기 CCT2 융합단백질을 유효성분으로 하고 약학적으로 허용되는 담체를 포함하며, 신경질환의 예방 및 치료용 약제학적 조성물을 제공한다.

[0030] 또한, 본 발명은 상기 CCT2 융합단백질을 유효성분으로 하며, 신경질환의 예방 또는 개선용 건강기능식품 조성물을 제공한다.

[0031] 본 발명은 7~21개의 아미노산으로 구성되고, 라이신 또는 아르기닌을 4개 이상 포함하는 단백질 수송 도메인이 CCT2 단백질의 적어도 일측 말단에 공유결합된 세포 투과성 (cell-transducing) CCT2 융합단백질에 관한 것이다. 또한, CCT2 융합단백질은 silent change에 따라 서열 내에서 하나 이상의 아미노산이 기능적으로 동등하게 작용하는 유사한 극성의 다른 아미노산(들)로 치환될 수 있다. 서열 내 아미노산 치환은 그 아미노산이 속하는 클래스의 다른 구성원들로부터 선택될 수 있다. 예컨대, 소수성 아미노산 분류는 알라닌, 발린, 류이신, 이소류이신, 페닐알라닌, 발린, 트립토판, 프롤린 및 메티오닌을 포함한다. 극성 중성 아미노산은 글리신, 세린, 트레오닌, 시스테인, 티로신, 아스파라긴 및 글루타민을 포함한다. 양성 염기성 아미노산은 아르기닌, 라이신 및 히스티딘을 포함한다. 음성 전하를 띤 산성 아미노산은 아스파르트산 및 글루탐산을 포함한다. 또한, 본 발명의 융합단백질과 아미노산 서열 간의 일정 범위의 상동성 예컨대 85-100% 범위 내의 동일 유사한 생물학적 활성을 갖는 절편 또는 이들의 유도체들도 본 발명의 권리범위에 포함된다.

[0032] 본 발명은 단백질 수송 도메인이 CCT2 단백질의 최소한 일측 말단에 공유결합된 세포침투 효율이 향상된 CCT2 융합단백질에 관한 것이다.

[0033] 또한, 본 발명은 상기 CCT2 융합단백질의 그 아미노산 서열이 서열번호 4 또는 서열번호 6임을 특징으로 하는 CCT2 융합단백질에 관한 것이다.

[0034] 또한, 본 발명은 상기 CCT2 융합단백질을 함유하는 운동신경 질환 예방 또는 치료용 약학 조성물에 관한 것이다.

[0035] 또한, 본 발명은 CCT2 코딩 cDNA의 적어도 일측 말단에 단백질 수송 도메인 코딩 올리고뉴클레오타이드 서열이 결합된 CCT2 융합단백질을 코딩하는 재조합 폴리뉴클레오타이드에 관한 것이다.

[0036] 또한, 본 발명은 상기 재조합 폴리뉴클레오타이드의 염기 서열이 서열번호 3 또는 서열번호 5임을 특징으로 하는 CCT2 융합단백질을 코딩하는 재조합 폴리뉴클레오타이드에 관한 것이다.

[0037] 또한, 본 발명은 상기 재조합 폴리뉴클레오타이드를 함유하는 운동신경질환 예방 또는 치료용 약학 조성물에 관한 것이다.

[0038] 또한, 본 발명은 CCT2 코딩 cDNA의 최소한 일측 말단에 단백질 수송 도메인 코딩 올리고뉴클레오타이드 서열이 결합된 CCT2 융합단백질을 코딩하는 재조합 폴리뉴클레오타이드를 함유하는 운동신경 질환 예방 또는 치료용 CCT2 융합단백질 발현 벡터에 관한 것이다.

[0039] 또한, 본 발명은 CCT2 코딩 cDNA의 최소한 일측 말단에 단백질 수송 도메인 코딩 올리고뉴클레오타이드 서열이 결합된 CCT2 융합단백질을 코딩하는 재조합 폴리뉴클레오타이드를 함유하는 CCT2 융합단백질 발현벡터를 포함하는 운동신경 질환 예방 또는 치료용 약학 조성물에 관한 것이다.

[0040] 또한, 상기 운동신경 질환은 근위축성 측삭 경화증 (ALS), 진행성 구근 마비 (PBP), 진행성 근육 위축 (PMA), 원발성 측삭 경화증 (PLS), 유사 구근 마비 또는 단변성 근위축증 (MMA)인 것을 특징으로 한다.

[0041] 또한, 본 발명은 CCT2 융합단백질을 유효성분으로 하는 운동신경 질환 예방 또는 개선용 건강기능식품 조성물에 관한 것이다.

발명의 효과

[0042] 본 발명에서 세포 내로 투과된 CCT2 융합단백질은 과산화수소 독성에 대해 세포생존율을 증가시켰다. 이러한 결과는 CCT2 융합단백질이 활성산소종에 의한 운동신경세포 사멸에 대해 보호효과가 있으며, 세포 투과성 CCT2 융합단백질이 운동신경질환 예방 및 치료용 약학 조성물로 유용함을 말해준다.

도면의 간단한 설명

[0043] 도 1은 pET-15b 벡터 상에 Tat-CCT2 발현 벡터를 구축하는 것을 도시한 것이다. 합성 Tat 올리고머는 NdeI 및 XhoI 부위에 클로닝하였고, 사람 CCT2 cDNA는 pET-15b의 XhoI 및 BamHI 부위에 클로닝하였다. (A)는 CCT2 및 Tat-CCT2 융합단백질의 발현 벡터를 구축하는 것을 도시한 것이다. Tat-CCT2 융합단백질은 여섯 개의 히스티딘 잔기를 포함한다. (B)는 IPTG를 첨가하여 각 단백질을 발현한 다음 정제된 CCT2 및 Tat-CCT2 융합단백질을 15% SDS-PAGE를 이용하여 정제하고 항 토끼 폴리히스티딘 항체로 웨스턴 블롯팅한 결과이다.

도 2는 NSC34 세포로의 Tat-CCT2 융합단백질의 투과를 나타낸다. (A)는Tat-CCT2 융합단백질(2~8μM) 및 CCT2 단백질(2~8μM)을 1시간 동안 배양 배지에 처리하고, (B)는 Tat-CCT2 융합단백질 및 CCT2 단백질을 15~60분 동안 배양 배지에 처리하여 웨스턴 블롯팅으로 분석한 결과이다. (C) Tat-CCT2 융합단백질의 세포 내 분포를 공촛점 형광 현미경으로 가시화하였다. (D) Tat-CCT2 융합단백질(8μM)을 NSC34 세포에 1~60 시간 동안 배양하고 웨스턴 블롯팅으로 분석하여 Tat-CCT2 융합단백질의 NSC34 세포로의 안정성을 분석하였다.

도 3a는 1시간 동안 각각 Tat-CCT2 융합단백질 또는 CCT2 단백질로 전처리한 NSC34 세포에 과산화수소(100μM)를 가하고 1시간 동안 둔 다음 MTT 분석법을 이용하여 세포생존율을 비색 분석법으로 측정한 결과이다.

도 3b는 1시간 동안 각각 Tat-CCT2 융합단백질 또는 CCT2 단백질로 전처리한 NSC34 세포에 과산화수소(100μM)를 가하고 1시간 동안 둔 다음 5-CFDA, AM 분석법을 이용하여 세포생존율을 비색 분석법으로 측정한 결과이다.

도 3c는 세포 내 활성산소종 수준을 DCF-DA 염색으로 측정한 결과이다.

도 3d는 TUNEL 염색으로 DNA 단편화를 측정한 결과이다.

발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

[0044] 아래에서는 구체적인 실시예를 들어 본 발명의 구성을 좀 더 자세히 설명한다. 그러나, 본 발명의 범위가 실시예의 기재에 의하여 한정되는 것이 아님은 본 발명이 속하는 기술분야에서 통상의 지식을 가진 자에게 자명하다. 특히, 본 발명의 실시예에서는 CCT2 융합단백질을 구성하는 단백질 수송 도메인으로 HIV Tat 펩타이드를 이용하였으나, 본 발명이 속하는 기술분야에서 통상의 지식을 가진 자라면 HIV Tat 펩타이드가 N-말단에 결합된 CCT2 융합단백질을 응용하여, PEP-1 펩타이드, 올리고아르기닌, 올리고라이신 및 올리고(아르기닌+라이신) 등의 다양한 단백질 수송 도메인을 CCT2의 N-말단 또는 C-말단 중 한 곳 이상에 결합시킨 융합단백질을 용이하게 형성할 수 있고, 이와 같은 융합단백질 간에 약간의 차이는 있을 수 있으나 유사한 활성을 나타냄을 용이하게 알 수 있다.

[0046] **재료**

[0047] Ni^{2+}-니트릴로삼초산 세파로즈 수퍼플로우는 Qiagen에서 구매하였고, PD-10 컬럼 크로마토그래피(Amersham, Brauncschweig, Germany)를 구매하였다. 마우스 운동 뉴런인 NSC34 세포는 한국세포주연구재단(KCLF)에서 제공받았다. DCF-DA(2',7'-Dichlorofluorescein diacetate)와 Bcl-2, Bax, β-액틴, P-p53, p53, 캐스페이즈 3, 캐스페이즈 9, p-p38, p38, p-Erk, Erk, p-JNK 및 JNK의 일차 항체는 Cell signaling Technology(Beverly, MA, USA)와 Santa Cruz Biotechnology(Santa Cruz, CA, USA)에서 구입하였다. 이밖의 모든 시약은 특급 제품을 이용하였다.

[0049] **Tat-CCT2 융합단백질의 발현 및 정제**

[0050] CCT2 단백질 및 Tat-CCT2 융합단백질의 발현 벡터를 구축하였다. 인간 CCT2 유전자를 cDNA와 함께 2개의 프라이머를 이용하여 중합효소 연쇄반응으로 증폭시켰다. 센스 프라이머는 5'-CTCGAGGGCAACGCGCAG-3'이고, *Xho*I 제한효소 작용부위가 5' 쪽에 존재한다. 안티센스 프라이머는 5'-GGATCCTCAGGAATCTTCGGACTC-3'이고, *BamH*I 제한효소 작용부위가 5' 쪽에 존재한다. 중합효소 연쇄반응을 통하여 얻은 결과물을 TA 벡터에 연결하고 *Xho*I과 *BamH*I을 이용하여 자른 후에 발현 벡터에 연결하여 Tat-CCT2 융합단백질을 제조하였다. 이와 마찬가지로 대조군인 CCT2 단백질은 Tat 펩타이드가 결여된 벡터를 이용하여 제조하였다. 재조합된 Tat-CCT2 플라스미드를 대장균인 BL21로 형질변환시킨 후 0.5mM IPTG (isopropyl-β-D-thiogalactoside)로 유도하여 18℃에서 하룻밤 배양하였다. 배양한 세포를 초음파로 분쇄하여 Tat-CCT2 융합단백질을 얻기 위해 Ni^{2+}-니트릴로삼초산 세파로즈 수퍼플로우 컬럼을 이용하여 정제하였다. 단백질 농도는 브래드포드 방법으로 우혈청 알부민을 표준물질로 이용하여 결정하였다.

[0052] **NSC34 세포로 Tat-CCT2 융합단백질 도입**

[0053] NSC34 세포는 37℃, 95% 공기 및 5% CO_2의 조건을 유지해주며, 10% 우태혈청 (FBS) 및 5 mM $NaHCO_3$, 항생제 (100㎍/ml 스트렙토마이신, 100U/ml 페니실린), 20 mM HEPES/NaOH (pH 7.4)를 포함하는 DMEM (Dulbecco's Modified Eagle's Medium)을 이용하여 습한 조건에서 배양하였다.

[0054] Tat-CCT2 융합단백질 및 대조군 CCT2 단백질의 세포 내 도입에 대한 시간 의존성 및 농도 의존성을 평가하였다. 세포는 60㎜ 디쉬에서 시간 (15~60분) 및 각 단백질의 투여량 (2~8μM)을 달리하여 처리하였다. 트립신-EDTA (Gibco)를 처리하고 PBS를 이용하여 세척한 다음 세포 내로 투과된 융합단백질을 브래드포드 방법으로 정량하고, 웨스턴 블롯으로 분석하였다.

[0056] **웨스턴 블롯 분석**

[0057] 웨스턴 블롯 분석을 위해 세포 분쇄액 내의 단백질을 12% SDS 폴리아크릴아마이드 젤로 분리한 다음, 젤에 있는 단백질을 나이트로셀룰로스 막 (nitrocellulose membrane; Amersham, UK)으로 전기이동시켰다. 막은 TBS-T 완충액 (25 mM Tris-HCl, 140 mM NaCl, 0.1% Tween 20, pH 7.5)으로 블로킹하였다. 막은 제조업체에서 권장하는 일차 항체를 사용하여 웨스턴 블롯 분석하였다. 결합한 항체 복합체는 강화 화학 발광제를 이용하여 제조자 (Amersham, Franklin Lakes, NJ,USA)의 지시에 따라 탐지하였다.

[0059] **공촛점 현미경 관찰**

[0060] NSC34 세포 내의 Tat-CCT2 융합단백질과 CCT2 단백질을 탐지하기 위해 세포를 유리 커버슬립 상에 시드하고 Tat-CCT2 융합단백질과 CCT2 단백질을 8μM 농도로 1시간 동안 처리하였다. 세포를 PBS로 두 번 세척한 다음 실온에서 5분간 4% 파라포름알데하이드로 고정하였다. NSC34 세포는 실온에서 40분간 3% 우혈청 알부민과 0.1% Triton X-100이 함유된 PBS (PBS-BT)로 40분간 블로킹하고, PBSBT로 세척하였다. 일차 항체 (His-probe, Santa Cruz Biotechnology)는 1:10000 비율로 희석하고, 이차 항체 (Alexa fluor 488, Invitrogen)는 1:15000 비율로 희석한 후 어두운 곳에서 실온으로 1시간 동안 배양하였다. 세포핵은 DAPI (4',6-diamidino-2-phenylindole 1 mg/ml; Roche, Mannheim, Germnay)로 3분간 염색하였다. 염색된 NSC34 세포는 Fv-300 공촛점 형광현미경 (Olympus, Tokyo, Japan) 하에서 관찰하였다.

[0062] **세포 생존율 분석**

[0063] 과산화수소로 처리한 NSC34 세포의 생존율을 MTT {3-(4,5-dimethylthiazol -2-yl)-2,5-dipheyltetrazolium bromide}를 이용하여 비색분석법으로 확인하였다. 세포에 2~8μM의 Tat-CCT2 융합단백질을 선처리하거나 또는 처리하지 않고, 세포를 100μM의 과산화수소에 1시간 동안 노출하여 세포사멸을 유도하였다. ELISA 마이크로플레이트 판독기 (Labsystems Multiskan MCC/340)로 570㎚에서 흡광도를 측정하였다. 세포 생존율은 무처리 대조군에 대한 백분율로 나타내었다.

[0065] **세포 내 활성산소종 수준 측정**

[0066] DCF-DA (2',7'-dichlorodihydrofluorescein diacetate)를 이용하여 세포 내 활성산소종 수준을 측정하였다. DCF-DA는 활성산소종에 의해 세포 내에서 DCF로 전환되어 형광을 발한다. NSC34 세포에 Tat-CCT2 융합단백질을 처리하였을 때와 처리하지 않았을 때의 활성산소종 수준을 비교해 보았다. Tat-CCT2 융합단백질은 5μM로 1시간 동안 처리하였고 후에 과산화수소를 700μM의 농도로 30분 동안 처리하였다. 그리고 PBS로 두 번 씻어주고 DCF-DA를 20μM의 농도로 30분 처리하였다. 형광 강도는 Fluoroskan ELISA plate reader (Labsystems, Helsinki, Finland)를 이용하여 485nm 여기파장 (exitation), 538nm 방출파장 (emission)을 측정하였다.

[0068] **TUNEL 분석**

[0069] NSC34 세포에 Tat-CCT2 융합단백질을 처리하지 않은 군과 8μM의 농도로 1시간 동안 처리한 군의 배양액에 과산화수소 (100μM)를 가하여 1시간 동안 처리하였다. 세포사멸을 측정하기 위해 TUNEL (Terminal deoxynucleotidyl transferase-mediated biotinylated dUTP nick end labeling staining) 기법은 세포사멸 탐지 킷트 (Roche Applied Science)를 사용하여 수행하였다. 형광현미경 (Nikon eclipse 80i, Japan)을 이용하여 결과를 분석하였다.

[0071] **결과 1: Tat-CCT2 융합단백질의 정제 및 세포 투과**

[0072] 발명자들은 침투성 Tat-CCT2 융합단백질을 제조하기 위해 단백질 수송 도메인 PTD (Protein Transduction Domain)의 일종인 Tat이 포함된 Tat-벡터와 CCT2 유전자를 재조합하였다(도 1의 A). 대장균에서 과대발현시켜 Ni^{2+}-나이트릴로삼초산 세파로즈 친화 크로마토그래피 컬럼과 PD-10 컬럼 크로마토그래피를 이용하여 정제하였고, SDS-PAGE와 웨스턴 블롯 분석법을 이용하여 Tat-CCT2 융합단백질이 정제된 것을 확인하였다(도 1의 A, B).

[0074] **결과 2: NSC34 세포 내로 Tat-CCT2 융합단백질의 투과**

[0075] Tat-CCT2 융합단백질의 시간 및 농도별로 NSC34 세포 내 투과 정도를 측정하였다. 그 결과 시간 및 농도 의존적으로 세포 내 투과가 효과적으로 일어났으며, CCT2 단백질은 투과가 일어나지 않았다(도 2a, 2b). 또한, 공촛점 현미경을 이용하여 DAPI로 세포핵을 염색하고, Tat-CCT2 융합단백질을 녹색 형광으로 염색하여 효과적으로 세포 내로 투과되는 것을 확인하였다(도 2c). Tat-CCT2 융합단백질의 NSC34 세포 내 안정성을 확인하였다(도 2d).

[0077] **결과 3: 산화스트레스로 인한 세포생존율, 활성산소종 생성 및 DNA 단편화에 대한 Tat-CCT2 융합단백질의 세포 보호효과**

[0078] 세포에 Tat-CCT2 융합단백질을 농도별로 전처리 후 과산화수소로 산화스트레스를 유도하였다. 세포 생존능력을 확인하기 위해 MTT 분석을 수행하였다. NSC34 세포에 100μM 과산화수소를 단일 처리하였을 경우 생존한 세포 수가 약 40%로 감소하였으나, Tat-CCT2를 선처리한 경우 농도 의존적으로 세포생존율이 증가하였다(도 3a, 3b).

[0079] 또한, 과산화수소를 처리할 때 유도되는 활성산소종을 Tat-CCT2 융합단백질이 효과적으로 억제하는지 확인하기 위해 8-OHdG 형광 염료를 사용하여 세포 내 산화 정도를 분석하였다. NSC34 세포가 1시간 동안 100μM의 과산화수소에 노출되었을 때, 과산화수소에 의해 현저하게 8-OHdG 신호가 증가하였다. 그러나 과산화수소에 의해 유도된 활성산소종은 Tat-CCT2 융합단백질에 의해 감소하였다(도 3c).

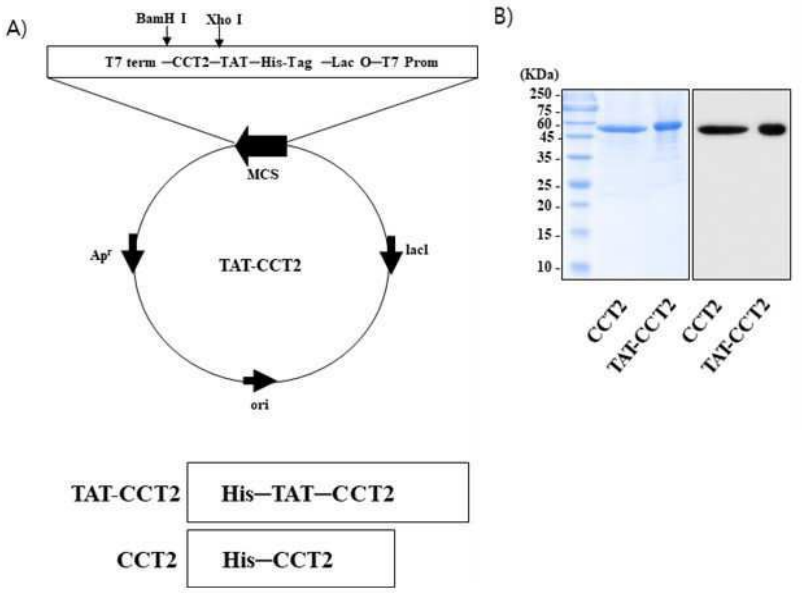
[0081] 산화 스트레스로 인해 발생되는 DNA 단편화에 대한 융합단백질의 보호효과는 DNA 단편화 부위에 특이적으로 붙는 형광 염료를 이용한 TUNEL 염색 방법으로 알아보았다. 앞선 실험과 동일한 상태에서 수행하였고, NSC34 세포가 1시간 동안 100μM의 과산화수소에 노출되었을 때, Tat-CCT2 융합단백질이 DNA 단편화에 대해 보호효과가 있다는 결과를 확인하였다(도 3d).

[0082] 따라서, 본 발명은 Tat-CCT2 융합단백질이 산화 스트레스로 인한 운동신경질환 등의 신경퇴행성 질환 및 다양한

질환에 대하여 치료제로서 효과적으로 응용될 수 있다는 가능성을 제시한다.

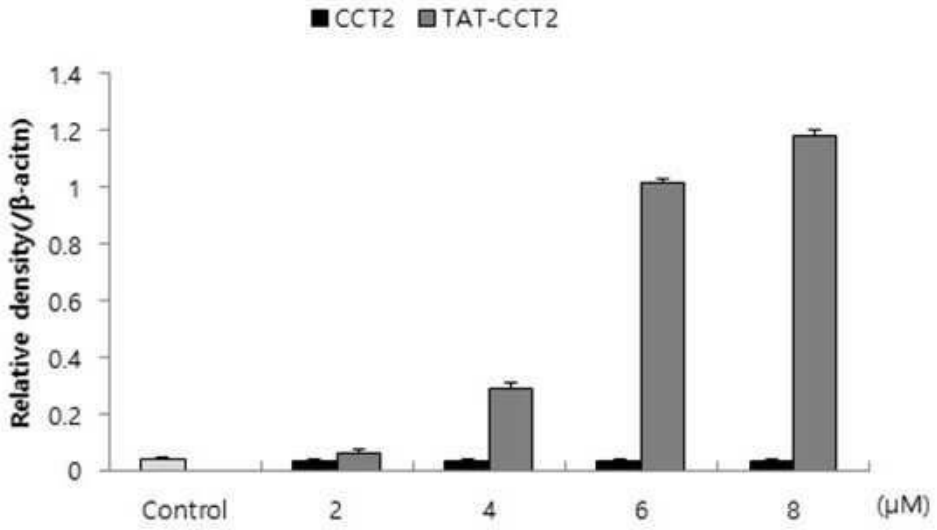
도면

도면1

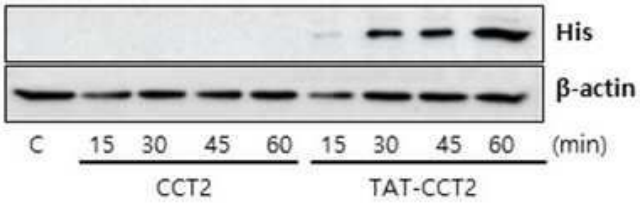


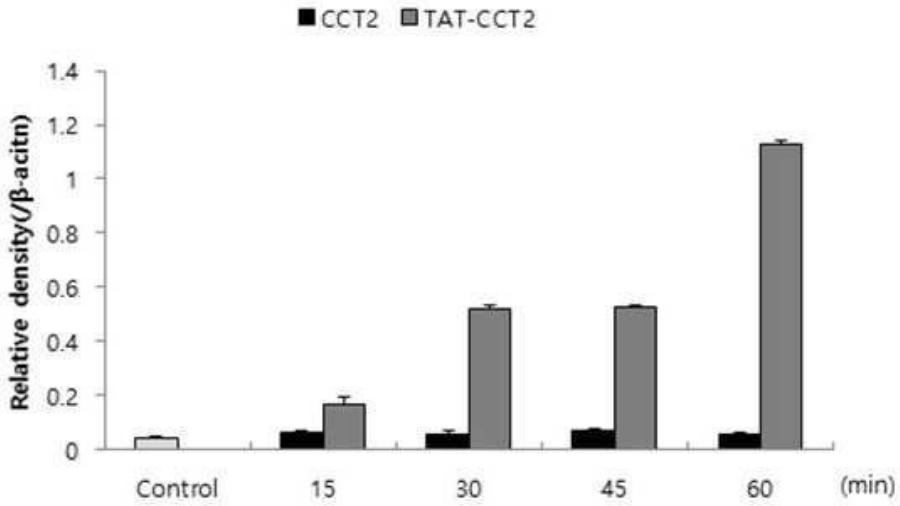
도면2a



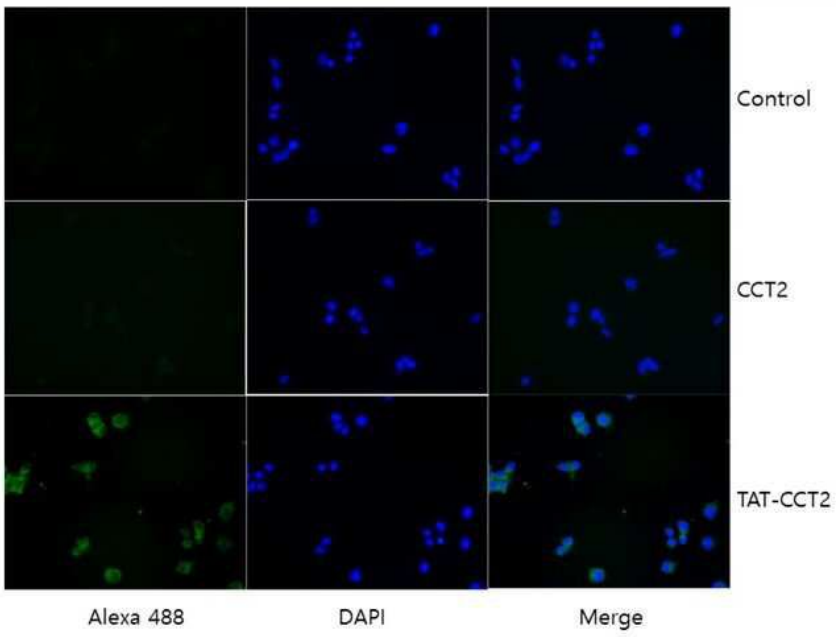


도면2b

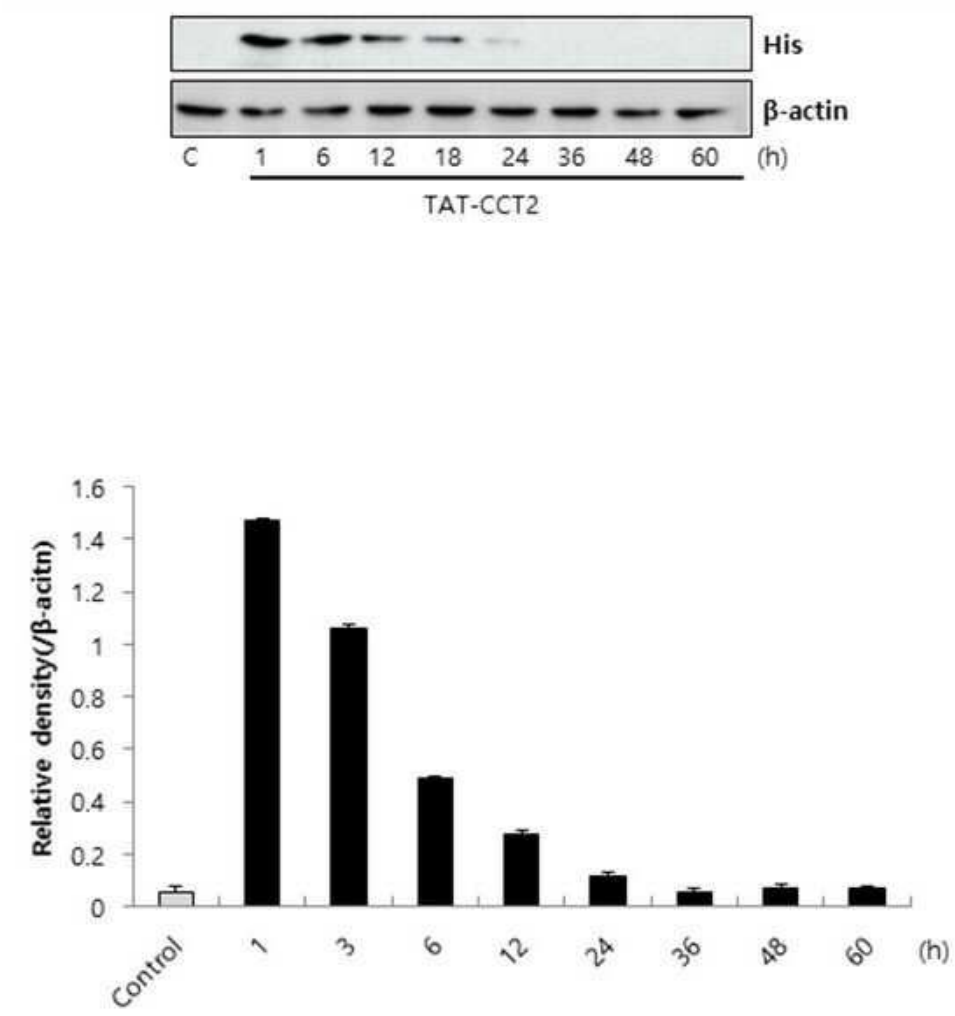

His
β-actin
C 15 30 45 60 15 30 45 60 (min)
CCT2
TAT-CCT2


CCT2
TAT-CCT2
Relative density(/β-acitn)
1.4
1.2
1
0.8
0.6
0.4
0.2
0
Control
15
30
45
60
(min)

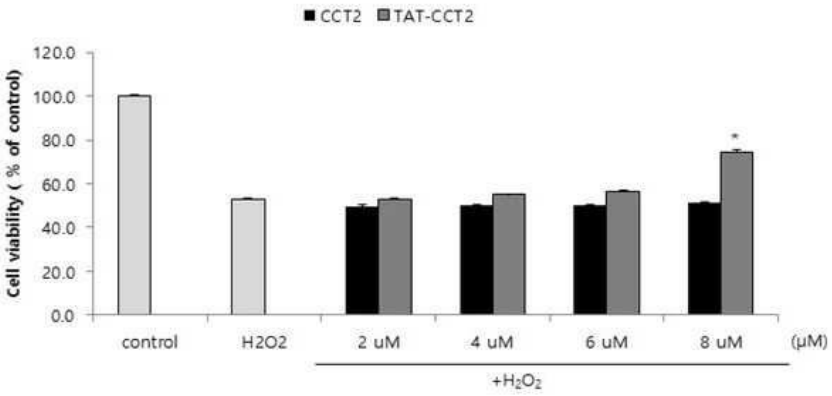
도면2c


Control
CCT2
TAT-CCT2
Alexa 488
DAPI
Merge

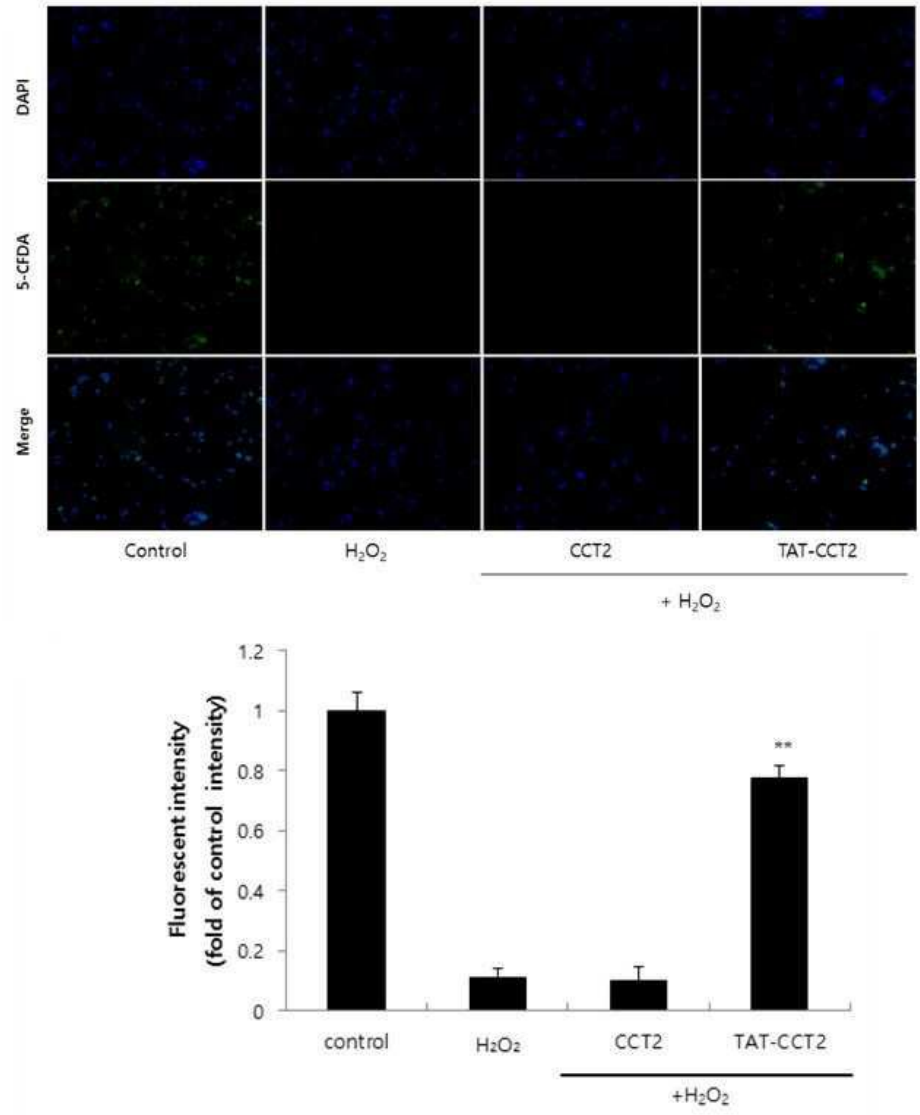
도면2d


His
β-actin
C 1 6 12 18 24 36 48 60 (h)
TAT-CCT2
Relative density(/β-acitn)
1.6
1.4
1.2
1
0.8
0.6
0.4
0.2
0
Control 1 3 6 12 24 36 48 60 (h)

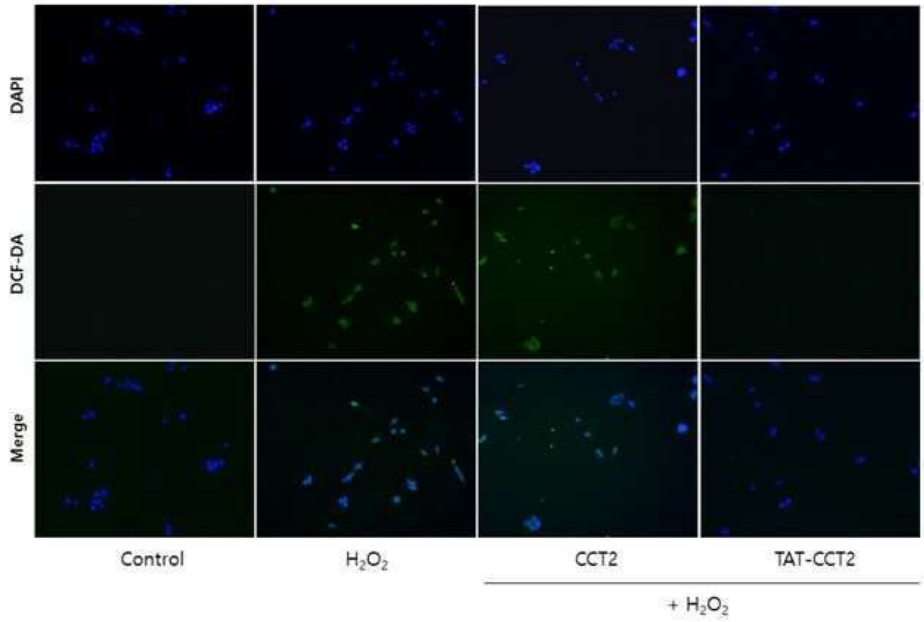
도면3a

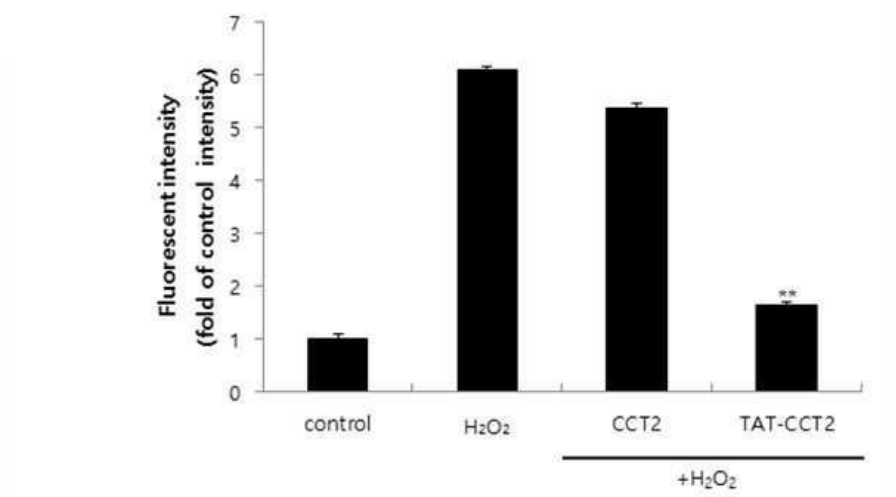

CCT2 TAT-CCT2
Cell viability (% of control)
120.0
100.0
80.0
60.0
40.0
20.0
0.0
control H2O2 2 uM 4 uM 6 uM 8 uM (μM)
+H2O2
*

도면3b

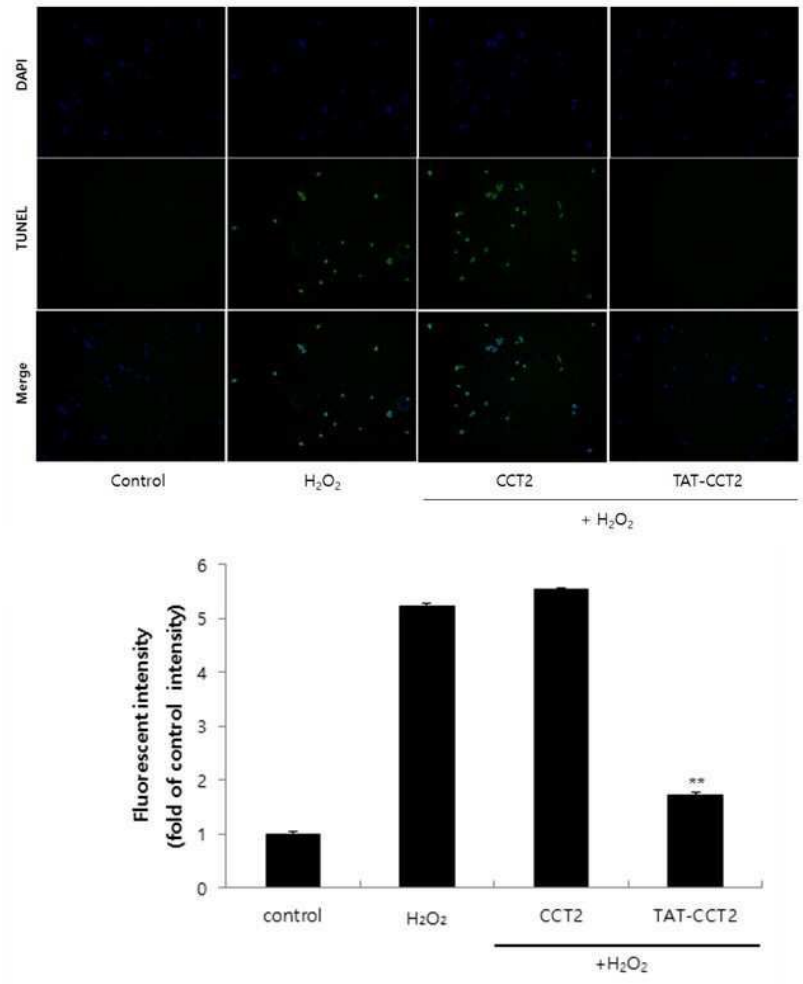

DAPI
5-CFDA
Merge
Control
H_2O_2
CCT2
TAT-CCT2
+ H_2O_2
Fluorescent intensity
(fold of control intensity)
1.2
1
0.8
0.6
0.4
0.2
0
**
control
H_2O_2
CCT2
TAT-CCT2
+H_2O_2

도면3c


DAPI
DCF-DA
Merge
Control
H_2O_2
CCT2
TAT-CCT2
+ H_2O_2


Fluorescent intensity
(fold of control intensity)
0
1
2
3
4
5
6
7
**
control
H_2O_2
CCT2
TAT-CCT2
+H_2O_2

도면3d



서 열 목 록

<110> Industry Academic Cooperation Foundation, Hallym University

<120> A pharmaceutical composition containing cell-transducing CCT2 fusion protein for preventing or treating motor neuronal disorder

<130> SYCHOI-HallymU-CCT2-NSC34

<160> 6

<170> KoPatentIn 3.0

<210> 1

<211> 18

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> primer

<400> 1

ctcgagggca acgcgcag 18

<210> 2

<211> 24

<

212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> primer

<400> 2

ggatcctcag gaatcttcgg actc 24

<210> 3

<211> 1671

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> polynucleotide coding PEP-1-CCT2 fusion protein

<400> 3

aaagaaacct ggtgggaaac ctggtggacc gaatggtctc agccgaaaaa aaaacgtaaa 60

gtgatggcgt ccctttccct tgcacctgtt aacatcttta aggcaggagc tgatgaagag 120

agagcagaga cagctcgtct gacttctttt attggtgcca tcgccattgg agacttggta 180

aagagcacct tgggacccaa aggcatggac aaaattcttc taagcagtgg acgagatgcc 240

tctcttatgg taaccaatga tggtgccact attctaaaaa acattggtgt tgacaatcca 300

gcagctaaag ttttagttga tatgtcaagg gttcaagatg atgaagttgg tgatggcact 360

acctctgtta ccgttttagc agcagaatta ttaagggaag cagaatcttt aattgcaaaa 420

aagattcatc cacagaccat catagcgggt tggagagaag ccacgaaggc tgcaagagag 480

gcgctgttga gttctgcagt tgatcatggt tccgatgaag ttaaattccg tcaagattta 540

atgaatattg cgggcacaac attatcctca aaacttctta ctcatcacaa agaccacttt 600

acaaagttag ctgtagaagc agttctcaga ctgaaaggct ctggcaacct ggaggcaatt 660

catattatca agaagctagg aggaagtttg gcagattcct atttagatga aggcttcctg 720

ttggataaaa aaattggagt aaatcaacca aaacgaattg aaaatgctaa aattcttatt 780

gcaaatactg gtatggatac agacaaaata aagatatttg gttcccgggt aagagttgac 840

tctacagcaa aggttgcaga aatagaacat gcggaaaagg aaaaaatgaa ggagaaagtt 900

gaacgtattc ttaagcatgg aataaattgc tttattaaca ggcaattaat ttataattat 960

cctgaacagc tctttggtgc tgctggtgtc atggctattg agcatgcaga ttttgcaggt 1020

gtggaacgcc tagctcttgt cacaggtggt gaaattgcct ctacctttga tcacccagaa 1080

ctggtgaagc ttggaagttg caaacttatc gaggaagtca tgattggaga agacaaactc 1140

attcactttt ctggggttgc ccttggtgag gcttgtacca ttgttttgcg tggtgccact 1200

caacaaattt tagatgaagc agaaagatca ttgcatgatg ctctttgtgt tcttgcgcaa 1260

actgtaaagg actctagaac agtttatgga ggaggctgtt ctgagatgtt gatggctcat 1320

gctgtgacac agcttgccaa tagaacacca ggcaaagaag ctgttgcaat ggagtcttat 1380

gctaaagcac tgagaatgtt gccaaccatc atagctgaca atgcaggcta tgacagtgca 1440

gacctggtgg cacagctcag ggctgctcac agtgaaggca ataccactgc tggattggat 1500

atgagggaag gcaccattgg agatatggct atcctgggta taacagaaag ttttcaagtg 1560

aagcgacagg ttcttctgag tgcagctgaa gcagcagagg tgattctgcg tgtggacaac 1620

atcatcaaag cggcacccag gaaacgtgtc cctgatcacc acccctgtta a 1671

<210> 4

<211> 556

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEP-1-CCT2 fusion protein

<400> 4

Lys Glu Thr Trp Trp Glu Thr Trp Trp Thr Glu Trp Ser Gln Pro Lys
1 5 10 15

Lys Lys Arg Lys Val Met Ala Ser Leu Ser Leu Ala Pro Val Asn Ile
20 25 30

Phe Lys Ala Gly Ala Asp Glu Glu Arg Ala Glu Thr Ala Arg Leu Thr
35 40 45

Ser Phe Ile Gly Ala Ile Ala Ile Gly Asp Leu Val Lys Ser Thr Leu
50 55 60

Gly Pro Lys Gly Met Asp Lys Ile Leu Leu Ser Ser Gly Arg Asp Ala
65 70 75 80

Ser Leu Met Val Thr Asn Asp Gly Ala Thr Ile Leu Lys Asn Ile Gly

85 90 95

Val Asp Asn Pro Ala Ala Lys Val Leu Val Asp Met Ser Arg Val Gln
100 105 110

Asp Asp Glu Val Gly Asp Gly Thr Thr Ser Val Thr Val Leu Ala Ala
115 120 125

Glu Leu Leu Arg Glu Ala Glu Ser Leu Ile Ala Lys Lys Ile His Pro

130 135 140

Gln Thr Ile Ile Ala Gly Trp Arg Glu Ala Thr Lys Ala Ala Arg Glu
145 150 155 160

Ala Leu Leu Ser Ser Ala Val Asp His Gly Ser Asp Glu Val Lys Phe
165 170 175

Arg Gln Asp Leu Met Asn Ile Ala Gly Thr Thr Leu Ser Ser Lys Leu
180 185 190

Leu Thr His His Lys Asp His Phe Thr Lys Leu Ala Val Glu Ala Val
195 200 205

Leu Arg Leu Lys Gly Ser Gly Asn Leu Glu Ala Ile His Ile Ile Lys
210 215 220

Lys Leu Gly Gly Ser Leu Ala Asp Ser Tyr Leu Asp Glu Gly Phe Leu
225 230 235 240

Leu Asp Lys Lys Ile Gly Val Asn Gln Pro Lys Arg Ile Glu Asn Ala
245 250 255

Lys Ile Leu Ile Ala Asn Thr Gly Met Asp Thr Asp Lys Ile Lys Ile
260 265 270

Phe Gly Ser Arg Val Arg Val Asp Ser Thr Ala Lys Val Ala Glu Ile
275 280 285

Glu His Ala Glu Lys Glu Lys Met Lys Glu Lys Val Glu Arg Ile Leu
290 295 300

Lys His Gly Ile Asn Cys Phe Ile Asn Arg Gln Leu Ile Tyr Asn Tyr
305 310 315 320

Pro Glu Gln Leu Phe Gly Ala Ala Gly Val Met Ala Ile Glu His Ala
325 330 335

Asp Phe Ala Gly Val Glu Arg Leu Ala Leu Val Thr Gly Gly Glu Ile
340 345 350

Ala Ser Thr Phe Asp His Pro Glu Leu Val Lys Leu Gly Ser Cys Lys
355 360 365

Leu Ile Glu Glu Val Met Ile Gly Glu Asp Lys Leu Ile His Phe Ser

370 375 380

Gly Val Ala Leu Gly Glu Ala Cys Thr Ile Val Leu Arg Gly Ala Thr
385 390 395 400
Gln Gln Ile Leu Asp Glu Ala Glu Arg Ser Leu His Asp Ala Leu Cys
405 410 415
Val Leu Ala Gln Thr Val Lys Asp Ser Arg Thr Val Tyr Gly Gly Gly
420 425 430
Cys Ser Glu Met Leu Met Ala His Ala Val Thr Gln Leu Ala Asn Arg
435 440 445

Thr Pro Gly Lys Glu Ala Val Ala Met Glu Ser Tyr Ala Lys Ala Leu
450 455 460
Arg Met Leu Pro Thr Ile Ile Ala Asp Asn Ala Gly Tyr Asp Ser Ala
465 470 475 480
Asp Leu Val Ala Gln Leu Arg Ala Ala His Ser Glu Gly Asn Thr Thr
485 490 495
Ala Gly Leu Asp Met Arg Glu Gly Thr Ile Gly Asp Met Ala Ile Leu
500 505 510
Gly Ile Thr Glu Ser Phe Gln Val Lys Arg Gln Val Leu Leu Ser Ala

515 520 525
Ala Glu Ala Ala Glu Val Ile Leu Arg Val Asp Asn Ile Ile Lys Ala
530 535 540
Ala Pro Arg Lys Arg Val Pro Asp His His Pro Cys
545 550 555

<210> 5
<211> 1635
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> polynucleotide coding TAT-CCT2 fusion protein
<400> 5

aggaagaagc ggagacagcg acgaagaatg gcgtcccttt cccttgcacc tgttaacatc 60
tttaaggcag gagctgatga agagagagca gagacagctc gtctgacttc ttttattggt 120

gccatcgcca ttggagactt ggtaaagagc accttgggac ccaaaggcat ggacaaaatt 180
cttctaagca gtggacgaga tgcctctctt atggtaacca atgatggtgc cactattcta 240

aaaaacattg gtgttgacaa tccagcagct aaagttttag ttgatatgtc aagggttcaa 300

gatgatgaag ttggtgatgg cactacctct gttaccgttt tagcagcaga attattaagg 360

gaagcagaat ctttaattgc aaaaaagatt catccacaga ccatcatagc gggttggaga 420

gaagccacga aggctgcaag agaggcgctg ttgagttctg cagttgatca tggttccgat 480

gaagttaaat tccgtcaaga tttaatgaat attgcgggca caacattatc ctcaaaactt 540

cttactcatc acaaagacca ctttacaaag ttagctgtag aagcagttct cagactgaaa 600

ggctctggca acctggaggc aattcatatt atcaagaagc taggaggaag tttggcagat 660

tcctatttag atgaaggctt cctgttggat aaaaaaattg gagtaaatca accaaaacga 720

attgaaaatg ctaaaattct tattgcaaat actggtatgg atacagacaa aataaagata 780

tttggttccc gggtaagagt tgactctaca gcaaaggttg cagaaataga acatgcggaa 840

aaggaaaaaa tgaaggagaa agttgaacgt attcttaagc atggaataaa ttgctttatt 900

aacaggcaat taatttataa ttatcctgaa cagctctttg gtgctgctgg tgtcatggct 960

attgagcatg cagattttgc aggtgtggaa cgcctagctc ttgtcacagg tggtgaaatt 1020

gcctctacct ttgatcaccc agaactggtg aagcttggaa gttgcaaact tatcgaggaa 1080

gtcatgattg gagaagacaa actcattcac ttttctgggg ttgcccttgg tgaggcttgt 1140

accattgttt tgcgtggtgc cactcaacaa attttagatg aagcagaaag atcattgcat 1200

gatgctcttt gtgttcttgc gcaaactgta aaggactcta gaacagttta tggaggaggc 1260

tgttctgaga tgttgatggc tcatgctgtg acacagcttg ccaatagaac accaggcaaa 1320

gaagctgttg caatggagtc ttatgctaaa gcactgagaa tgttgccaac catcatagct 1380

gacaatgcag gctatgacag tgcagacctg gtggcacagc tcagggctgc tcacagtgaa 1440

ggcaatacca ctgctggatt ggatatgagg gaaggcacca ttggagatat ggctatcctg 1500

ggtataacag aaagttttca agtgaagcga caggttcttc tgagtgcagc tgaagcagca 1560

gaggtgattc tgcgtgtgga caacatcatc aaagcggcac ccaggaaacg tgtccctgat 1620

caccacccct gttaa 1635

<210> 6

<211> 544

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TAT-CCT2 fusion protein

<400

> 6

Arg Lys Lys Arg Arg Gln Arg Arg Arg Met Ala Ser Leu Ser Leu Ala

1 5 10 15

Pro Val Asn Ile Phe Lys Ala Gly Ala Asp Glu Glu Arg Ala Glu Thr

20 25 30

Ala Arg Leu Thr Ser Phe Ile Gly Ala Ile Ala Ile Gly Asp Leu Val

35 40 45

Lys Ser Thr Leu Gly Pro Lys Gly Met Asp Lys Ile Leu Leu Ser Ser

50 55 60

Gly Arg Asp Ala Ser Leu Met Val Thr Asn Asp Gly Ala Thr Ile Leu

65 70 75 80

Lys Asn Ile Gly Val Asp Asn Pro Ala Ala Lys Val Leu Val Asp Met

85 90 95

Ser Arg Val Gln Asp Asp Glu Val Gly Asp Gly Thr Thr Ser Val Thr

100 105 110

Val Leu Ala Ala Glu Leu Leu Arg Glu Ala Glu Ser Leu Ile Ala Lys

115 120 125

Lys Ile His Pro Gln Thr Ile Ile Ala Gly Trp Arg Glu Ala Thr Lys

130 135 140

Ala Ala Arg Glu Ala Leu Leu Ser Ser Ala Val Asp His Gly Ser Asp

145 150 155 160

Glu Val Lys Phe Arg Gln Asp Leu Met Asn Ile Ala Gly Thr Thr Leu

165 170 175

Ser Ser Lys Leu Leu Thr His His Lys Asp His Phe Thr Lys Leu Ala

180 185 190

Val Glu Ala Val Leu Arg Leu Lys Gly Ser Gly Asn Leu Glu Ala Ile

195 200 205

His Ile Ile Lys Lys Leu Gly Gly Ser Leu Ala Asp Ser Tyr Leu Asp

210 215 220

Glu Gly Phe Leu Leu Asp Lys Lys Ile Gly Val Asn Gln Pro Lys Arg

225 230 235 240

Ile Glu Asn Ala Lys Ile Leu Ile Ala Asn Thr Gly Met Asp Thr Asp

245 250 255

Lys Ile Lys Ile Phe Gly Ser Arg Val Arg Val Asp Ser Thr Ala Lys

260 265 270

Val Ala Glu Ile Glu His Ala Glu Lys Glu Lys Met Lys Glu Lys Val

275 280 285

Glu Arg Ile Leu Lys His Gly Ile Asn Cys Phe Ile Asn Arg Gln Leu

290 295 300

Ile Tyr Asn Tyr Pro Glu Gln Leu Phe Gly Ala Ala Gly Val Met Ala

305 310 315 320

Ile Glu His Ala Asp Phe Ala Gly Val Glu Arg Leu Ala Leu Val Thr

325 330 335

Gly Gly Glu Ile Ala Ser Thr Phe Asp His Pro Glu Leu Val Lys Leu

340 345 350

Gly Ser Cys Lys Leu Ile Glu Glu Val Met Ile Gly Glu Asp Lys Leu

355 360 365

Ile His Phe Ser Gly Val Ala Leu Gly Glu Ala Cys Thr Ile Val Leu

370 375 380

Arg Gly Ala Thr Gln Gln Ile Leu Asp Glu Ala Glu Arg Ser Leu His

385 390 395 400

Asp Ala Leu Cys Val Leu Ala Gln Thr Val Lys Asp Ser Arg Thr Val

405 410 415

Tyr Gly Gly Gly Cys Ser Glu Met Leu Met Ala His Ala Val Thr Gln

420 425 430

Leu Ala Asn Arg Thr Pro Gly Lys Glu Ala Val Ala Met Glu Ser Tyr

435 440 445

Ala Lys Ala Leu Arg Met Leu Pro Thr Ile Ile Ala Asp Asn Ala Gly

450 455 460

Tyr Asp Ser Ala Asp Leu Val Ala Gln Leu Arg Ala Ala His Ser Glu

465 470 475 480

Gly Asn Thr Thr Ala Gly Leu Asp Met Arg Glu Gly Thr Ile Gly Asp

485 490 495

Met Ala Ile Leu Gly Ile Thr Glu Ser Phe Gln Val Lys Arg Gln Val

500 505 510

Leu Leu Ser Ala Ala Glu Ala Ala Glu Val Ile Leu Arg Val Asp Asn
515 520 525

Ile Ile Lys Ala Ala Pro Arg Lys Arg Val Pro Asp His His Pro Cys
530 535 540