

【公報種別】特許法第 17 条の 2 の規定による補正の掲載

【部門区分】第 3 部門第 2 区分

【発行日】平成22年4月15日 (2010.4.15)

【公表番号】特表2007-519632(P2007-519632A)

【公表日】平成19年7月19日 (2007.7.19)

【年通号数】公開・登録公報2007-027

【出願番号】特願2006-547433(P2006-547433)

【国際特許分類】

A 6 1 K 38/00 (2006.01)

A 6 1 K 39/395 (2006.01)

A 6 1 K 45/00 (2006.01)

A 6 1 P 35/00 (2006.01)

A 6 1 K 51/00 (2006.01)

A 6 1 K 38/46 (2006.01)

A 6 1 K 31/395 (2006.01)

A 6 1 K 31/7034 (2006.01)

A 6 1 K 31/7088 (2006.01)

A 6 1 K 48/00 (2006.01)

C 0 7 K 16/30 (2006.01)

C 1 2 P 21/08 (2006.01)

C 1 2 N 15/09 (2006.01)

C 1 2 N 1/19 (2006.01)

C 1 2 N 1/21 (2006.01)

C 1 2 N 5/10 (2006.01)

C 0 7 D 498/18 (2006.01)

【F I】

A 6 1 K 37/02 Z N A

A 6 1 K 39/395 E

A 6 1 K 45/00

A 6 1 P 35/00

A 6 1 K 39/395 T

A 6 1 K 43/00

A 6 1 K 37/54

A 6 1 K 31/395

A 6 1 K 31/7034

A 6 1 K 31/7088

A 6 1 K 48/00

C 0 7 K 16/30

C 1 2 P 21/08

C 1 2 N 15/00 A

C 1 2 N 1/19

C 1 2 N 1/21

C 1 2 N 5/00 B

C 0 7 D 498/18 3 1 1

【誤訳訂正書】

【提出日】平成22年2月23日 (2010.2.23)

【誤訳訂正 1】

【訂正対象書類名】特許請求の範囲

【訂正対象項目名】全文

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【特許請求の範囲】

【請求項 1】

A T C C 登録番号 P T A - 6 3 4 0 の下に寄託されたハイブリドーマ 7 D 1 1 . 1 . 1 により產生され、配列番号：6 のアミノ酸配列を有するポリペプチドと結合する、単離された抗体。

【請求項 2】

請求項 1 で產生される抗体由来の抗体断片。

【請求項 3】

請求項 1 で產生される抗体由来のキメラ又はヒト化抗体。

【請求項 4】

増殖阻害剤に抱合された請求項 1 に記載の抗体。

【請求項 5】

細胞障害剤に抱合された請求項 1 に記載の抗体。

【請求項 6】

細胞障害剤が、毒素、抗生物質、放射性同位元素及び核酸溶解性酵素からなる群より選択される、請求項 5 に記載の抗体。

【請求項 7】

細胞障害剤が毒素である、請求項 6 に記載の抗体。

【請求項 8】

毒素が、メイタンシノイド、オーリスタチンペプチド及びカリケアマイシンからなる群より選択される、請求項 7 に記載の抗体。

【請求項 9】

毒素がメイタンシノイドである、請求項 8 に記載の抗体。

【請求項 10】

毒素がオーリスタチンペプチドである、請求項 8 に記載の抗体。

【請求項 11】

細菌中で產生される、請求項 1 に記載の抗体。

【請求項 12】

C H O 細胞中で產生される、請求項 1 に記載の抗体。

【請求項 13】

検出可能的に標識される、請求項 1 に記載の抗体。

【請求項 14】

請求項 1 に記載の抗体を担体と組み合わせて含む組成物。

【請求項 15】

担体が製薬学的に許容される担体である、請求項 14 に記載の組成物。

【請求項 16】

(a) 容器と、

(b) 該容器内に収容された請求項 15 に記載の組成物とを含む製造品。

【請求項 17】

さらに、ポリペプチドの検出のための前記組成物の使用について言及する、前記容器に添付したラベルと、該容器内に含まれるパッケージ挿入物とを含む、請求項 16 に記載の製造品。

【請求項 18】

請求項 1 に記載の抗体の発現に適した条件下で宿主細胞を培養し、細胞培養物から該抗体を回収することを含む、抗体を製造するための方法。

【請求項 19】

抗体が細菌中で產生される、請求項 18 に記載の方法。

【請求項 20】

抗体がCHO細胞中で産生される、請求項18に記載の方法。

【請求項 21】

抗体が酵母中で産生される、請求項18に記載の方法。

【誤訳訂正2】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】全文

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【発明の詳細な説明】

【発明の名称】造血系起源の腫瘍の治療のための組成物と方法

【発明の開示】

【0001】

発明の分野

本出願は、2004年11月15日出願のPCT出願（Claig Crowley等、ドケット番号P5105R1、「造血系起源の腫瘍の治療のための組成物と方法」、出願番号未定）、並びに2004年11月15日出願の米国特許出願（Cdraig Crowley等、ドケット番号P5105R1、「造血系起源の腫瘍の治療のための組成物と方法」及び2003年12月24日出願の同第60/532,426号の一部継続出願であり、米国特許法第120条に基づき、それらの優先権を主張する。本発明は、哺乳動物における造血性腫瘍の治療に有用な物質の組成物と、同用途のために該物質の組成物を使用する方法に関する。

【0002】

発明の背景

悪性腫瘍（癌）は、米国において心臓疾患に続き第2の主要な死亡原因である（Boring等、CA Cancer J. Clin. 43:7(1993)）。癌は、正常な組織から誘導されて腫瘍塊を形成する異常な又は腫瘍形成性の細胞の数の増加、これらの腫瘍形成性腫瘍細胞による隣接組織の侵襲、及び最終的に血液やリンパ系を介して局所のリンパ節や遠くの部位に転移と呼ばれる過程を介して広がる悪性細胞の生成を特徴とする。癌性状態においては、正常細胞が増殖しない条件下で細胞が増殖する。癌自体は、異なる侵襲及び攻撃性の程度で特徴付けられる広範な種々の形態で顕現する。

血球新生、すなわちリンパ球、白血球、血小板、赤血球及びナチュラルキラー細胞等の血液の細胞要素が産生されるプロセスの間に産生される細胞に関与する癌を造血系癌と呼ぶ。血液及びリンパ組織中に見られるリンパ球は免疫応答に重要であり、2つの主要なリンパ球の種類に分類される。すなわち、Bリンパ球（B細胞）及びTリンパ球（T細胞）であり、これらはそれぞれ、体液性免疫と、細胞媒介性免疫を媒介する。

B細胞は骨髄中において成熟し、その細胞表面に抗原結合性抗体を発現して骨髄を出る。ナイーブなB細胞は、その膜結合性抗体が特異的に結合する抗原に初めて遭遇すると、急速に分裂を始め、その子孫は記憶B細胞及び「プラズマ細胞」と呼ばれるエフェクター細胞に分化する。記憶B細胞の寿命は長く、元の親細胞と同じ特異性を持つ膜結合性抗体を発現し続ける。プラズマ細胞は膜結合性抗体を産生しないが、代わりに分泌可能な形態の抗体を産生する。分泌された抗体は、体液性免疫の主要なエフェクター分子である。

T細胞は、未成熟T細胞の増殖及び分化の環境となる胸腺の中で成熟する。T細胞が成熟する間に、T細胞では、T細胞レセプターを産生する遺伝子の再構成と、成熟T細胞の細胞表面における表現型を決定する助けとなるポジティブ及びネガティブ選択が行われる。成熟T細胞の特徴的な細胞表面マーカーは、CD3：T細胞レセプター複合体及びコアレセプターのCD4又はCD8の一方である。

【0003】

癌の治療に効果的な細胞標的を発見する試みでは、研究者達は、一又は複数の正常な非癌性細胞と比較し、一又は複数の特定の型の癌細胞の表面に特に発現する膜貫通又はさもないければ膜結合型のポリペプチドの同定を探索してきた。しばしば、このような膜結合ポ

リペプチドは非癌性細胞の表面と比べて癌細胞の表面により豊富に発現される。このような腫瘍関連細胞表面抗原ポリペプチドの同定は、抗体ベースの治療を介する癌細胞を標的として特異的に破壊する能力を生み出す。この点、抗体ベースの治療が、ある種の癌の治療において非常に効果的であることが証明されていることが留意される。例えば、ハーセプチン（登録商標）及びリツキサン（登録商標）（双方共にジェネンテック社、サウスサンフランシスコ、カリフォルニア）は、それぞれ乳癌及び非ホジキンリンパ腫を治療するのに成功裏に用いられている抗体である。より具体的には、ハーセプチン（登録商標）は、ヒト上皮成長因子レセプター2（HER2）プロト-オンコジーンの細胞外ドメインに選択的に結合する組換えDNA誘導ヒト化モノクローナル抗体である。HER2タンパク質の過剰発現は、25-30%の原発性乳癌に観察される。リツキサン（登録商標）は、正常及び悪性Bリンパ球の表面に見出されるCD20抗原に対する遺伝子操作キメラマウス／ヒトモノクローナル抗体である。これら抗体の双方共、CHO細胞中で組換え操作によって産生される。

癌の治療に効果的な細胞標的を発見する他の試みでは、研究者達は、（1）非癌性正常細胞の一又は複数の特定の型による場合と比較して癌細胞の一又は複数の特定の型によって特異的に産生される非膜結合ポリペプチド、（2）一又は複数の正常な非癌性細胞のものより有意に高い発現レベルで癌細胞により産生されるポリペプチド、又は（3）癌性及び非癌性状態の双方（例えば正常な前立腺及び前立腺腫瘍組織）においてその発現が一つの組織型（あるいは非常に制限された数の異なった細胞型）のみに特異的に限られているポリペプチドを探求してきた。このようなポリペプチドは癌細胞によって分泌されるか又は細胞内に残ったままでありうる。更に、このようなポリペプチドは、癌細胞自体ではなく、癌細胞に増強又は増殖亢進効果を有するポリペプチドを産生及び／又は分泌する細胞によってむしろ発現されうる。そのような分泌ポリペプチドは、しばしば正常細胞を超える増殖有利性を癌細胞に与えるタンパク質であり、例えば血管形成因子、細胞付着因子、成長因子等の物を含む。このような非膜結合ポリペプチドのアンタゴニストの同定は、このような癌の治療のための効果的な治療剤となることが期待される。更に、このようなポリペプチドの発現パターンの同定は、哺乳動物における特定の癌の診断に役立つであろう。

哺乳動物の癌治療は上記のような進歩を見ているが、それぞれ哺乳動物における腫瘍の存在を検出することができ、腫瘍性の細胞増殖を有効に抑制するためのさらなる治療薬に対する需要は依然大きい。従って、本発明の目的は、ポリペプチド、細胞膜関連ポリペプチド、単一（又は限定された数の）組織型に発現が限定された分泌ポリペプチド又は細胞内ポリペプチド、造血組織を、癌性及び非癌性状態の双方において同定し、それらポリペプチドとそれらのコード化核酸を使用して哺乳動物の造血性癌の治療的処置に有用な組成物を生成することである。

【0004】

発明の概要

A. 実施態様

本明細書において、本出願人は、特定の種類の細胞、例えばリンパ球、白血球、赤血球及び血小板等の血液新生段階において産生される細胞の、腫瘍細胞及び正常細胞の両方が特異的に発現する種々の細胞性ポリペプチド（及びそれらのコード核酸又はその断片）の同定について最初に記載する。ここで、上記のポリペプチドは全て、造血系起源腫瘍抗原（Tumor-Antigens of Hematopoietic Origin polypeptide）ポリペプチド（「TAHO」ポリペプチド）と呼ばれ、哺乳動物における癌治療の効果的な標的となることが予想される。

従って、本発明の一実施態様では、本発明は、造血系起源ポリペプチドの腫瘍抗原又はその断片（「TAHO」ポリペプチド）をコードするヌクレオチド配列を有する単離された核酸分子を提供する。

【0005】

ある態様では、単離された核酸分子は、（a）ここで開示されるアミノ酸配列を有する

完全長T A H Oポリペプチド、ここで開示されるシグナルペプチドを欠くT A H Oポリペプチドアミノ酸配列、ここに開示される膜貫通T A H Oポリペプチドの細胞外ドメインで、シグナルペプチドを含む又は含まないもの、又はここに開示される完全長T A H Oポリペプチドアミノ酸配列の任意の他の具体的に定まった断片をコードするD N A分子、又は(b)(a)のD N A分子の相補鎖に対して、少なくとも約80%の核酸配列同一性、あるいは少なくとも約81%、82%、83%、84%、85%、86%、87%、88%、89%、90%、91%、92%、93%、94%、95%、96%、97%、98%、99%又は100%の核酸配列同一性を有するヌクレオチド配列を含む。

他の態様では、単離された核酸分子は、(a)ここで開示される完全長T A H Oポリペプチドc D N Aのコード化配列、ここで開示されるシグナルペプチドを欠くT A H Oポリペプチドのコード化配列、ここに開示される膜貫通T A H Oポリペプチドの細胞外ドメインのシグナルペプチドを含む又は含まないコード化配列、又はここに開示される完全長T A H Oポリペプチドアミノ酸配列の任意の他の具体的に定まった断片のコード化配列、又は(b)(a)のD N A分子の相補鎖に対して、少なくとも約80%の核酸配列同一性、あるいは少なくとも約81%、82%、83%、84%、85%、86%、87%、88%、89%、90%、91%、92%、93%、94%、95%、96%、97%、98%、99%又は100%の核酸配列同一性を有するヌクレオチド配列を含む。

【0006】

更なる態様では、本発明は、(a)ここで開示されるA T C Cに寄託されたヒトタンパク質c D N Aの何れかの完全長コード領域によってコードされる同じ成熟ポリペプチドをコードするD N A分子、又は(b)(a)のD N A分子の相補鎖に対して、少なくとも約80%の核酸配列同一性、あるいは少なくとも約81%、82%、83%、84%、85%、86%、87%、88%、89%、90%、91%、92%、93%、94%、95%、96%、97%、98%、99%又は100%の核酸配列同一性を有するヌクレオチド配列を含む単離された核酸分子に関する。

本発明の他の態様は、膜貫通ドメイン欠損又は膜貫通ドメイン不活性化のいずれかである、又はそのようなコード化ヌクレオチド配列と相補的であるT A H Oポリペプチドをコードするヌクレオチド配列を含む単離された核酸分子を提供し、そのようなポリペプチドの膜貫通ドメインはここで開示されている。従って、ここに記載のT A H Oポリペプチドの可溶性細胞外ドメインが考慮される。

【0007】

他の態様では、本発明は、(a)ここで開示される完全長アミノ酸配列を有するT A H Oポリペプチド、ここで開示されるシグナルペプチドを欠くT A H Oポリペプチドアミノ酸配列、ここに開示される膜貫通T A H Oポリペプチドの細胞外ドメインで、シグナルペプチドを伴う又は伴わないもの、又はここで開示される完全長T A H Oポリペプチドアミノ酸配列の任意の他の具体的に定まった断片をコードするヌクレオチド配列、又は(b)(a)のヌクレオチド配列の相補鎖とハイブリダイズする単離された核酸分子に関する。この点に関して、本発明の実施態様は、例えば、検出プローブ、アンチセンスオリゴヌクレオチドプローブとして有用なハイブリダイゼーションプローブとしての用途を見出し得る、ここに開示される、完全長T A H Oポリペプチドコード化配列の断片、又はその相補鎖、又は抗T A H Oポリペプチド抗体、T A H O結合オリゴペプチド又はT A H Oポリペプチドに結合する他の小有機分子の結合部位を含むポリペプチドを任意にコードし得る完全長T A H Oポリペプチドのコード化断片に関する。このような核酸断片は、通常は少なくとも約5のヌクレオチド長、あるいは少なくとも約6、7、8、9、10、11、12、13、14、15、16、17、18、19、20、21、22、23、24、25、26、27、28、29、30、35、40、45、50、55、60、65、70、75、80、85、90、95、100、105、110、115、120、125、130、135、140、145、150、155、160、165、170、175、180、185、190、195、200、210、220、230、240、250、260、270、280、290、300、310、320、330、340、350、36

0、370、380、390、400、410、420、430、440、450、460、470、480、490、500、510、520、530、540、550、560、570、580、590、600、610、620、630、640、650、660、670、680、690、700、710、720、730、740、750、760、770、780、790、800、810、820、830、840、850、860、870、880、890、900、910、920、930、940、950、960、970、980、990、又は1000ヌクレオチド長であり、この文脈において「約」という用語は、表示ヌクレオチド配列長にその表示長の10%を加えるか又は減じたものを意味する。TAHOポリペプチドコード化ヌクレオチド配列の新規な断片は、よく知られた配列アラインメントプログラムの任意のものを使用してTAHOポリペプチドコード化ヌクレオチド配列を他の既知のヌクレオチド配列にアラインメントさせ、どのTAHOポリペプチドコード化ヌクレオチド配列断片が新規であるかを決定することによって、常套的に決定しうることが知られている。そのようなTAHOポリペプチドコード化ヌクレオチド配列の新規な断片の全てがここで考慮される。また考慮されるものは、これらのヌクレオチド分子断片によりコードされるTAHOポリペプチド断片、好ましくは抗TAHO抗体、TAHO結合オリゴペプチド又はTAHOポリペプチドに結合する他の小有機分子に対する結合部位を含んでなるTAHOポリペプチド断片である。

【0008】

他の実施態様では、本発明は上記において特定した単離された核酸配列の何れかによりコードされる単離されたTAHOポリペプチドを提供する。

ある態様では、本発明は、ここに開示される完全長アミノ酸配列を有するTAHOポリペプチド、ここに開示されるシグナルペプチドを欠くTAHOポリペプチドアミノ酸配列、ここに開示されるシグナルペプチドを有するか又は有しない膜貫通TAHOポリペプチドタンパク質の細胞外ドメイン、ここに開示される核酸配列の任意のもの、又はここに開示される完全長TAHOポリペプチドアミノ酸配列でその他の具体的に定まった断片によってコードされているアミノ酸配列に対して、少なくとも約80%のアミノ酸配列同一性、あるいは少なくとも約81%、82%、83%、84%、85%、86%、87%、88%、89%、90%、91%、92%、93%、94%、95%、96%、97%、98%、99%又は100%のアミノ酸配列同一性を有するアミノ酸配列を含む単離されたTAHOポリペプチドに関する。

【0009】

更なる態様では、本発明は、ここに開示されてATCCに寄託されたヒトタンパク質cDNAの何れかによりコードされるアミノ酸配列に対して、少なくとも約80%のアミノ酸配列同一性、あるいは少なくとも約81%、82%、83%、84%、85%、86%、87%、88%、89%、90%、91%、92%、93%、94%、95%、96%、97%、98%、又は99%のアミノ酸配列同一性を有するアミノ酸配列を含む単離されたTAHOポリペプチドに関する。

特定の態様では、本発明は、N末端シグナル配列及び／又は開始メチオニンを持たない単離されたTAHOポリペプチドを提供し、それは上述したそのようなアミノ酸配列をコードするヌクレオチド配列によってコードされている。これを製造する方法もまたここに開示され、これらの方法には、TAHOポリペプチドの発現に適した条件下で適切なコード化核酸分子を含有するベクターを含む宿主細胞を培養し、細胞培養物からTAHOポリペプチドを回収することを含む。

【0010】

本発明の他の態様は、膜貫通ドメインが欠失したか又は膜貫通ドメインが不活性化している単離されたTAHOポリペプチドを提供する。これを製造する方法もまたここに開示され、これらの方法には、TAHOポリペプチドの発現に適した条件下で適切なコード化核酸分子を含むベクターを含む宿主細胞を培養し、細胞培養物からTAHOポリペプチドを回収することを含む。

本発明の他の実施態様では、本発明は、ここで記載されているポリペプチドの何れかを

コードするDNAを含むベクターを提供する。任意のそのようなベクターを含む宿主細胞も提供される。例を挙げると、宿主細胞はCHO細胞、大腸菌、又は酵母菌であり得る。ここに開示されているポリペプチドの何れかの製造方法がさらに提供され、所望するポリペプチドの発現に適切な条件下で宿主細胞を培養し、細胞培養物からその所望するポリペプチドを回収することを含んでなる。

【0011】

他の実施態様では、本発明は、異種（非-TAHO）ポリペプチドに融合した、ここに開示のTAHOポリペプチドの何れかを含む単離したキメラポリペプチドを提供する。そのようなキメラ分子の例は、例えば、エピトープタグ配列又は免疫グロブリンのFc領域等の異種ポリペプチドと融合したここに開示のTAHOポリペプチドの何れかを含む。

その他の実施態様では、本発明は、上記又は下記のポリペプチドの何れかと、好ましくは特異的に結合する抗体を提供する。場合によっては、その抗体はモノクローナル抗体、抗体断片、キメラ抗体、ヒト化抗体、一本鎖抗体又は抗TAHOポリペプチド抗体がその各抗原性エピトープと結合するのを競合的に阻害する抗体である。本発明の抗体は、例えば、メイタンシノイド又はカリケアマイシンを含む毒素のような増殖阻害剤又は細胞障害性剤、抗生物質、放射性同位体、核酸溶解性酵素等と場合によってはコンジュゲートし得る。本発明の抗体は、場合によってはCHO細胞又は細菌細胞で産生され、好ましくは、それが結合する細胞の死を誘導する。検出のために、本発明の抗体は、検出可能に標識されたり、固体支持体に付着されたりする。

【0012】

本発明の他の実施態様では、本発明はここで開示されている抗体の何れかをコードするDNAを含むベクターを提供する。任意のそのようなベクターを含む宿主細胞も提供される。例を挙げると、この宿主細胞はCHO細胞、大腸菌、又は酵母菌であり得る。ここに記載されている抗体の製造方法が更に提供され、所望する抗体の発現に適切な条件下で宿主細胞を培養し、細胞培養物からその所望する抗体を回収することを含んでなる。

他の実施態様では、本発明は、上記の又は下記のTAHOポリペプチドの何れかに、好ましくは特異的に、結合するオリゴペプチド（「TAHO結合オリゴペプチド」）を提供する。場合によっては、本発明のTAHO結合オリゴペプチドは、例えばメイタンシノイド又はカリケアマイシンを含む毒素のような増殖阻害剤又は細胞障害性剤、抗生物質、放射性同位体、核酸溶解性酵素等とコンジュゲートされうる。本発明のTAHO結合オリゴペプチドは、場合によってはCHO細胞又は細菌細胞中で産生され、好ましくは、それが結合する細胞の死を誘導する。検出のために、本発明のTAHO結合オリゴペプチドは、検出可能に標識されたり、固体支持体等に付着させられたりする。

本発明の他の実施態様では、本発明は、ここで記載されているTAHO結合オリゴペプチドの何れかをコードするDNAを含むベクターを提供する。任意のそのようなベクターを含む宿主細胞も提供される。例を挙げると、宿主細胞はCHO細胞、大腸菌、又は酵母菌であり得る。ここに記載されているTAHO結合オリゴペプチドの任意のものを製造する方法が更に提供され、所望するオリゴペプチドの発現に適切な条件下で宿主細胞を培養し、細胞培養からその所望するオリゴペプチドを回収することを含んでなる。

他の実施態様では、本発明は、上記の又は下記のTAHOポリペプチドの何れかに、好ましくは特異的に、結合する小有機分子（「TAHO結合有機分子」）を提供する。場合によっては、本発明のTAHO結合有機分子は、例えばメイタンシノイド又はカリケアマイシンを含む毒素のような増殖阻害剤又は細胞障害性剤、抗生物質、放射性同位体、核酸溶解性酵素等とコンジュゲートし得る。本発明のTAHO結合有機分子は、好ましくは、それが結合する細胞の死を誘導する。検出のために、本発明のTAHO結合有機分子は、検出可能に標識したり、固体支持体等に付着したりできる。

【0013】

より更なる実施態様では、本発明は、担体と組み合わせられて、ここに記載のTAHOポリペプチド、ここに記載のキメラTAHOポリペプチド、ここに記載の抗TAHO抗体、ここに記載のTAHO結合オリゴペプチド、又はここに記載のTAHO結合有機分子を含

有する組成物に関する。場合によっては、この担体は薬学的に受容可能な担体である。

更に他の実施態様では、本発明は、容器及び容器内に収容された組成物を含む製造品に関し、その組成物には、ここに記載のT A H Oポリペプチド、ここに記載のキメラT A H Oポリペプチド、ここに記載の抗T A H O抗体、ここに記載のT A H O結合オリゴペプチド、又はここに記載のT A H O結合有機分子が含まれ得る。製造品は、更に場合によっては、治療的処置のためのこの組成物の使用に言及する、容器に添付したラベル、又は容器内に含まれるパッケージ挿入物を含みうる。

本発明の他の実施態様は、T A H Oポリペプチド、キメラT A H Oポリペプチド、抗T A H Oポリペプチド抗体、T A H O結合オリゴペプチド、又はT A H O結合有機分子に反応する症状の治療に有用な医薬の調製のための、ここに記載のT A H Oポリペプチド、ここに記載のキメラT A H Oポリペプチド、ここに記載の抗T A H Oポリペプチド抗体、ここに記載のT A H O結合オリゴペプチド、又はここに記載のT A H O結合有機分子の使用に関する。

【0014】

B. 更なる実施態様

他の実施態様では、本発明は以下のような本出願の請求項に記載の内容を目的とする。

1. (a) 図2 (配列番号2)、図4 (配列番号4)、図6 (配列番号6)、図8 (配列番号8)、図10 (配列番号10) 及び図12 (配列番号12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列をコードするDNA分子；

(b) 図2 (配列番号2)、図4 (配列番号4)、図6 (配列番号6)、図8 (配列番号8)、図10 (配列番号10) 及び図12 (配列番号12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列をコードするDNA分子であって、その関連するシグナルペプチドを欠くもの；

(c) 図2 (配列番号2)、図4 (配列番号4)、図6 (配列番号6)、図8 (配列番号8)、図10 (配列番号10) 及び図12 (配列番号12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸を有するポリペプチドの細胞外ドメインをコードするDNA分子であって、その関連するシグナルペプチドを伴うもの；

(d) 図2 (配列番号2)、図4 (配列番号4)、図6 (配列番号6)、図8 (配列番号8)、図10 (配列番号10) 及び図12 (配列番号12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸を有するポリペプチドの細胞外ドメインをコードするDNA分子であって、その関連するシグナルペプチドを欠くもの；

(e) 図1 (配列番号1)、図3 (配列番号：3)、図5 (配列番号5)、図7 (配列番号7)、図9 (配列番号9) 及び図11 (配列番号11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列；

(f) 図1 (配列番号1)、図3 (配列番号：3)、図5 (配列番号5)、図7 (配列番号7)、図9 (配列番号9) 及び図11 (配列番号11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列の完全長コード化領域中；又は

(g) (a)、(b)、(c)、(d)、(e) 又は (f) の相補鎖
に対し、少なくとも80%の核酸配列同一性を有するヌクレオチド配列を有する、単離された核酸。

2. (a) 図2 (配列番号2)、図4 (配列番号4)、図6 (配列番号6)、図8 (配列番号8)、図10 (配列番号10) 及び図12 (配列番号12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列をコードするヌクレオチド配列；

(b) 図2 (配列番号2)、図4 (配列番号4)、図6 (配列番号6)、図8 (配列番号8)、図10 (配列番号10) 及び図12 (配列番号12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列をコードするヌクレオチド配列であって、その関連するシグナルペプチドを欠くもの；

(c) 図2 (配列番号2)、図4 (配列番号4)、図6 (配列番号6)、図8 (配列番号8)、図10 (配列番号10) 及び図12 (配列番号12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸を有するポリペプチドの細胞外ドメインをコードするヌ

クレオチド配列であって、その関連するシグナルペプチドを伴うもの；

(d) 図2 (配列番号2)、図4 (配列番号4)、図6 (配列番号6)、図8 (配列番号8)、図10 (配列番号10) 及び図12 (配列番号12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸を有するポリペプチドの細胞外ドメインをコードするヌクレオチド配列であって、その関連するシグナルペプチドを欠くもの；

(e) 図1 (配列番号1)、図3 (配列番号：3)、図5 (配列番号5)、図7 (配列番号7)、図9 (配列番号9) 及び図11 (配列番号11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列；

(f) 図1 (配列番号1)、図3 (配列番号：3)、図5 (配列番号5)、図7 (配列番号7)、図9 (配列番号9) 及び図11 (配列番号11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列の完全長コード化領域；又は

(g) (a) (b)、(c)、(d)、(e) 又は (f) の相補鎖を有する単離された核酸

3. (a) 図2 (配列番号2)、図4 (配列番号4)、図6 (配列番号6)、図8 (配列番号8)、図10 (配列番号10) 及び図12 (配列番号12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列をコードする核酸；

(b) 図2 (配列番号2)、図4 (配列番号4)、図6 (配列番号6)、図8 (配列番号8)、図10 (配列番号10) 及び図12 (配列番号12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列をコードする核酸であって、その関連するシグナルペプチドを欠くもの；

(c) 図2 (配列番号2)、図4 (配列番号4)、図6 (配列番号6)、図8 (配列番号8)、図10 (配列番号10) 及び図12 (配列番号12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドの細胞外ドメインをコードする核酸であって、その関連するシグナルペプチドを伴うもの；

(d) 図2 (配列番号2)、図4 (配列番号4)、図6 (配列番号6)、図8 (配列番号8)、図10 (配列番号10) 及び図12 (配列番号12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドの細胞外ドメインをコードする核酸であって、その関連するシグナルペプチドを欠くもの；

(e) 図1 (配列番号1)、図3 (配列番号：3)、図5 (配列番号5)、図7 (配列番号7)、図9 (配列番号9) 及び図11 (配列番号11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列、；

(f) 図1 (配列番号1)、図3 (配列番号：3)、図5 (配列番号5)、図7 (配列番号7)、図9 (配列番号9) 及び図11 (配列番号11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列の完全長コード化領域；又は

(g) (a)、(b)、(c)、(d)、(e) 又は (f)

の相補鎖

にハイブリダイズする、単離された核酸。

4. ストリンジェント条件下でハイブリダイゼーションが起こる、請求項3に記載の核酸。

5. 少なくとも約5ヌクレオチド長である、請求項3に記載の核酸。

6. 請求項1、2 又は3に記載の核酸を含む発現ベクター。

7. 前記核酸が、ベクターで形質転換した宿主細胞によって認識されるコントロール配列に対して作用可能にリンクする、請求項6に記載の発現ベクター。

8. 請求項7に記載の発現ベクターを含む宿主細胞。

9. CHO細胞、大腸菌細胞又は酵母細胞である、請求項8に記載の宿主細胞。

10. 前記ポリペプチドの発現に適した条件下で請求項8に記載の宿主細胞を培養し、細胞培養物から前記ポリペプチドを回収する、ポリペプチド製造方法。

11. (a) 図2 (配列番号2)、図4 (配列番号4)、図6 (配列番号6)、図8 (配列番号8)、図10 (配列番号10) 及び図12 (配列番号12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチド；

(b) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドであって、その関連するシグナルペプチドを欠くもの；

(c) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドの細胞外ドメインであって、その関連するシグナルペプチドを伴うもの；

(d) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドの細胞外ドメインであって、その関連するシグナルペプチドを欠くもの；

(e) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号：3)、図 5 (配列番号 5)、図 7 (配列番号 7)、図 9 (配列番号 9) 及び図 11 (配列番号 11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列によってコードされるポリペプチド；又は

(f) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号：3)、図 5 (配列番号 5)、図 7 (配列番号 7)、図 9 (配列番号 9) 及び図 11 (配列番号 11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列の完全長コード化領域によってコードされたポリペプチド

に対し、少なくとも 80% のアミノ酸配列同一性を有する単離されたポリペプチド。

12. (a) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列；

(b) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列であって、その関連するシグナルペプチド配列を欠くもの；

(c) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるポリペプチドの細胞外ドメインのアミノ酸配列であって、その関連するシグナルペプチド配列を伴うもの；

(d) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるポリペプチドの細胞外ドメインのアミノ酸配列であって、その関連するシグナルペプチド配列を欠くもの；

(e) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号：3)、図 5 (配列番号 5)、図 7 (配列番号 7)、図 9 (配列番号 9) 及び図 11 (配列番号 11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列によってコードされるアミノ酸配列；又は

(f) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号：3)、図 5 (配列番号 5)、図 7 (配列番号 7)、図 9 (配列番号 9) 及び図 11 (配列番号 11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列の完全長コード化領域によってコードされるアミノ酸配列

を有する単離されたポリペプチド。

13. 異種ポリペプチドに溶融した請求項 11 又は 12 に記載のポリペプチドを含むキメラポリペプチド。

14. 前記異種ポリペプチドが、エプITOプタグ配列又は免疫グロブリンのFc領域である、請求項 13 に記載のキメラポリペプチド。

15. (a) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチド；

(b) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるポリペプチドであって、その関連するシグナルペプチドを欠くもの；

(c) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドの細胞外ドメインであって、その関連するシグナルペプチドを伴うもの；

(d) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドの細胞外ドメインであって、その関連するシグナルペプチドを欠くもの；

(e) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号：3)、図 5 (配列番号 5)、図 7 (配列番号 7)、図 9 (配列番号 9) 及び図 11 (配列番号 11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列によってコードされるポリペプチド；又は

(f) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号：3)、図 5 (配列番号 5)、図 7 (配列番号 7) 及び図 11 (配列番号 11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列の完全長コード化領域によってコードされるポリペプチドに対し、少なくとも 80% のアミノ酸配列同一性を有するポリペプチドに結合する、単離された抗体。

16. (a) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列；

(b) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列であって、その関連するシグナルペプチド配列を欠くもの；

(c) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるポリペプチドの細胞外ドメインのアミノ酸配列であって、その関連するシグナルペプチド配列を伴うもの；

(d) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるポリペプチドの細胞外ドメインのアミノ酸配列であって、その関連するシグナルペプチド配列を欠くもの；

(e) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号：3)、図 5 (配列番号 5)、図 7 (配列番号 7)、図 9 (配列番号 9) 及び図 11 (配列番号 11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列によってコードされるアミノ酸配列；又は

(f) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号：3)、図 5 (配列番号 5)、図 7 (配列番号 7)、図 9 (配列番号 9) 及び図 11 (配列番号 11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列の完全長コード化領域によってコードされるアミノ酸配列

を有するポリペプチドに結合する、単離された抗体。

17. モノクローナル抗体である、請求項 15 又は 16 に記載の抗体。

18. 抗体断片である、請求項 15 又は 16 に記載の抗体。

19. キメラ抗体又はヒト化抗体である、請求項 15 又は 16 に記載の抗体。

20. 増殖阻害剤に 抱合された、請求項 15 又は 16 に記載の抗体。

21. 細胞障害剤に 抱合された、請求項 15 又は 16 に記載の抗体。

22. 細胞障害剤が、毒素、抗生物質、放射性同位元素及び核酸溶解性酵素からなる群より選択される。請求項 21 に記載の抗体。

23. 細胞障害剤が毒素である、請求項21の抗体。
24. 毒素が、メイタンシノイド及びカリケアマイシンからなる群より選択される、請求項23に記載の抗体。
25. 毒素がメイタンシノイドである、請求項23に記載の抗体。
26. 細菌中で産生される、請求項15又は16に記載の抗体。
27. CHO細胞中で産生される、請求項15又は16に記載の抗体。
28. 結合する細胞に死滅を誘発する、請求項15又は16に記載の抗体。
29. 検出可能的に標識される、請求項15又は16に記載の抗体。
30. 請求項15又は16に記載の抗体をコードするヌクレオチド配列を有する単離された核酸。
31. ベクターで形質転換された宿主細胞によって認識されるコントロール配列に作用可能にリンクする、請求項30に記載の核酸を含む発現ベクター。
32. 請求項31に記載の発現ベクターを含む宿主細胞。
33. CHO細胞、大腸菌細胞又は酵母細胞である、請求項32の宿主細胞。
34. 請求項32に記載の宿主細胞を、前記抗体の発現に適した条件下で培養し、細胞培養物から前記抗体を回収する、抗体製造方法。
35. (a) 図2 (配列番号2)、図4 (配列番号4)、図6 (配列番号6)、図8 (配列番号8)、図10 (配列番号10) 及び図12 (配列番号12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチド；
- (b) 図2 (配列番号2)、図4 (配列番号4)、図6 (配列番号6)、図8 (配列番号8)、図10 (配列番号10) 及び図12 (配列番号12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドであって、その関連するシグナルペプチドを欠くもの；
- (c) 図2 (配列番号2)、図4 (配列番号4)、図6 (配列番号6)、図8 (配列番号8)、図10 (配列番号10) 及び図12 (配列番号12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドの細胞外ドメインであって、その関連するシグナルペプチドを伴うもの；
- (d) 図2 (配列番号2)、図4 (配列番号4)、図6 (配列番号6)、図8 (配列番号8)、図10 (配列番号10) 及び図12 (配列番号12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドの細胞外ドメインであって、その関連するシグナルペプチドを欠くもの；
- (e) 図1 (配列番号1)、図3 (配列番号：3)、図5 (配列番号5)、図7 (配列番号7)、図9 (配列番号9) 及び図11 (配列番号11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列によってコードされるポリペプチド；又は
- (f) 図1 (配列番号1)、図3 (配列番号：3)、図5 (配列番号5)、図7 (配列番号7)、図9 (配列番号9) 及び図11 (配列番号11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列の完全長コード化領域によってコードされるポリペプチド
- に対し、少なくとも80%のアミノ酸配列同一性を有するポリペプチドに結合する、単離されたオリゴペプチド。
36. (a) 図2 (配列番号2)、図4 (配列番号4)、図6 (配列番号6)、図8 (配列番号8)、図10 (配列番号10) 及び図12 (配列番号12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列；
- (b) 図2 (配列番号2)、図4 (配列番号4)、図6 (配列番号6)、図8 (配列番号8)、図10 (配列番号10) 及び図12 (配列番号12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列であって、その関連するシグナルペプチド配列を欠くもの；
- (c) 図2 (配列番号2)、図4 (配列番号4)、図6 (配列番号6)、図8 (配列番号8)、図10 (配列番号10) 及び図12 (配列番号12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるポリペプチドの細胞外ドメインのアミノ酸配列であって、その関

連するシグナルペプチド配列を伴うもの；

(d) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるポリペプチドの細胞外ドメインのアミノ酸配列であって、その関連するシグナルペプチド配列を欠くもの；

(e) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号：3)、図 5 (配列番号 5)、図 7 (配列番号 7)、図 9 (配列番号 9) 及び図 11 (配列番号 11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列によってコードされるアミノ酸配列；又は

(f) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号：3)、図 5 (配列番号 5)、図 7 (配列番号 7)、図 9 (配列番号 9) 及び図 11 (配列番号 11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列の完全長コード化領域によってコードされるアミノ酸配列

を有するポリペプチドに結合する、単離されたオリゴペプチド。

37. 増殖阻害剤に抱合された、請求項 35 又は 36 に記載のオリゴペプチド。

38. 細胞障害剤に抱合された、請求項 35 又は 36 に記載のオリゴペプチド。

39. 細胞障害剤が、毒素、抗生物質、放射性同位元素及び核酸溶解性酵素からなる群より選択される、請求項 38 に記載のオリゴペプチド。

40. 細胞障害剤が毒素である、請求項 38 に記載のオリゴペプチド。

41. 毒素が、メイタンシノイド及びカリケアマイシンからなる群より選択される、請求項 40 に記載のオリゴペプチド。

42. 毒素がメイタンシノイドである、請求項 40 に記載のオリゴペプチド。

43. 結合する細胞に死滅を誘発する、請求項 35 又は 36 に記載のオリゴペプチド。

44. 検出可能的に標識される、請求項 35 又は 36 に記載のオリゴペプチド。

45. (a) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチド；

(b) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドであって、その関連するシグナルペプチドを欠くもの；

(c) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドの細胞外ドメインであって、その関連するシグナルペプチドを伴うもの；

(d) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドの細胞外ドメインであって、その関連するシグナルペプチドを欠くもの；

(e) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号：3)、図 5 (配列番号 5)、図 7 (配列番号 7)、図 9 (配列番号 9) 及び図 11 (配列番号 11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列によってコードされるポリペプチド；又は

(f) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号：3)、図 5 (配列番号 5)、図 7 (配列番号 7)、図 9 (配列番号 9) 及び図 11 (配列番号 11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列の完全長コード化領域によってコードされるポリペプチド

に対し、少なくとも 80% のアミノ酸配列同一性を有するポリペプチドに結合する T A H O 結合有機分子。

46. (a) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列；

(b) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列であって、その関連するシグナルペプチド配列を欠くもの；

(c) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるポリペプチドの細胞外ドメインのアミノ酸配列であって、その関連するシグナルペプチド配列を伴うもの；

(d) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるポリペプチドの細胞外ドメインのアミノ酸配列であって、その関連するシグナルペプチド配列を欠くもの；

(e) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号：3)、図 5 (配列番号 5)、図 7 (配列番号 7)、図 9 (配列番号 9) 及び図 11 (配列番号 11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列によってコードされるアミノ酸配列；又は

(f) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号：3)、図 5 (配列番号 5)、図 7 (配列番号 7)、図 9 (配列番号 9) 及び図 11 (配列番号 11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列の完全長コード化領域によってコードされるアミノ酸配列

を有するポリペプチドに結合する、請求項 45 に記載の有機分子。

47. 増殖阻害剤に抱合された、請求項 45 又は 46 に記載の有機分子。

48. 細胞障害剤に抱合された、請求項 45 又は 46 に記載の有機分子。

49. 細胞障害剤が、毒素、抗生物質、放射性同位元素及び核酸溶解性酵素からなる群より選択される、請求項 48 に記載の有機分子。

50. 細胞障害剤が毒素である、請求項 48 に記載の有機分子。

51. 毒素が、メイタンシノイド及びカリケアマイシンからなる群より選択される、請求項 50 に記載の有機分子。

52. 毒素がメイタンシノイドである、請求項 50 に記載の有機分子。

53. 結合する細胞に死滅を誘発する、請求項 45 又は 46 に記載の有機分子。

54. 検出可能的に標識される、請求項 45 又は 46 に記載の有機分子。

55. (a) 請求項 11 に記載のポリペプチド；

(b) 請求項 12 に記載のポリペプチド；

(c) 請求項 15 に記載の抗体；

(d) 請求項 16 に記載の抗体；

(e) 請求項 35 に記載のオリゴペプチド；

(f) 請求項 36 に記載のオリゴペプチド；

(g) 請求項 45 に記載の T A H O 結合有機分子；又は

(h) 請求項 46 に記載の T A H O 結合有機分子；

を担体と組み合わせて含む組成物。

56. 前記担体が製薬的に許容可能な担体である、請求項 55 の組成物、

57. (a) 容器；及び

(b) 前記容器中に収容される請求項 55 の組成物

を含む製造品

58. 前記組成物が癌の治療又は診断的検出に使用できることを記載した、前記容器に貼付されたラベル、又は前記容器で含まれるパッケージ挿入物を更に含む、請求項 57 に記載の製造品。

59. (a) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチド；

(b) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号

号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドであって、その関連するシグナルペプチドを欠くもの;

(c) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドの細胞外ドメインであって、その関連するシグナルペプチドを伴うもの;

(d) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドの細胞外ドメインであって、その関連するシグナルペプチドを欠くもの;

(e) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号: 3)、図 5 (配列番号 5)、図 7 (配列番号 7)、図 9 (配列番号 9) 及び図 11 (配列番号 11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列によってコードされるポリペプチド; 又は

(f) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号: 3) 5 (配列番号 5)、図 7 (配列番号 7)、図 9 (配列番号 9) 及び図 11 (配列番号 11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列の完全長コード化領域によってコードされるポリペプチド

に対し、少なくとも 80% のアミノ酸配列同一性を有するタンパク質を発現する細胞の、増殖を阻害する方法であって、前記細胞を、前記タンパク質に結合する抗体、オリゴペプチド又は有機分子に接触させ、前記抗体、オリゴペプチド又は有機分子の、前記タンパク質に対する結合により、前記細胞の増殖を阻害する方法。

60. 前記抗体がモノクローナル抗体である、請求項 59 に記載の方法。

61. 前記抗体が抗体断片である、請求項 59 に記載の方法。

62. 前記抗体がキメラ抗体又はヒト化抗体である、請求項 59 に記載の方法。

63. 前記抗体、オリゴペプチド又は有機分子が増殖阻害剤に抱合された、請求項 59 に記載の方法。

64. 前記抗体、オリゴペプチド又は有機分子が細胞障害剤に抱合された、請求項 59 に記載の方法。

65. 前記細胞障害剤が、毒素、抗生物質、放射性同位元素及び核酸溶解性酵素からなる群より選択される、請求項 64 に記載の方法。

66. 細胞障害剤が毒素である、請求項 64 に記載の方法。

67. 毒素が、メイタンシノイド及びカリケアマイシンからなる群より選択される、請求項 66 に記載の方法。

68. 毒素がメイタンシノイドである、請求項 66 に記載の方法。

69. 前記抗体が細菌中で産生される、請求項 59 に記載の方法。

70. 前記抗体が CHO 細胞中で産生される、請求項 59 に記載の方法。

71. 前記細胞が造血細胞である、請求項 59 に記載の方法。

72. 前記造血細胞が、リンパ球、白血球、血小板、赤血球及びナチュラルキラー細胞からなる群より選択される、請求項 71 に記載の方法。

73. 前記リンパ球が B 細胞又は T 細胞である、請求項 72 に記載の方法。

74. 前記リンパ球が癌細胞である、請求項 73 の方法。

75. 前記癌細胞を、更に放射線治療又は化学療法薬に曝す、請求項 74 の方法。

76. 前記癌細胞が、リンパ腫細胞、骨髄腫細胞及び白血病細胞からなる群より選択される、請求項 75 に記載の方法。

77. 前記タンパク質が、非造血細胞より造血細胞に多く発現する、請求項 71 に記載の方法。

78. 前記細胞の死滅を誘発する、請求項 59 の方法。

79. 前記タンパク質が、

(a) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号

号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列;

(b) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列であって、その関連するシグナルペプチド配列を欠くもの;

(c) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるポリペプチドの細胞外ドメインのアミノ酸配列であって、その関連するシグナルペプチド配列を伴うもの;

(d) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるポリペプチドの細胞外ドメインのアミノ酸配列であって、その関連するシグナルペプチド配列を欠くもの;

(e) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号: 3)、図 5 (配列番号 5)、図 7 (配列番号 7)、図 9 (配列番号 9) 及び図 11 (配列番号 11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列によってコードされるアミノ酸配列; 又は

(f) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号: 3)、図 5 (配列番号 5)、図 7 (配列番号 7)、図 9 (配列番号 9) 及び図 11 (配列番号 11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列の完全長コード化領域によってコードされるアミノ酸配列

を有する、請求項 59 に記載の方法。

80. (a) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチド;

(b) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドであって、その関連するシグナルペプチドを欠くもの;

(c) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドの細胞外ドメインであって、その関連するシグナルペプチドを伴うもの;

(d) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドの細胞外ドメインであって、その関連するシグナルペプチドを欠くもの;

(e) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号: 3)、図 5 (配列番号 5)、図 7 (配列番号 7)、図 9 (配列番号 9) 及び図 11 (配列番号 11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列によってコードされるポリペプチド; 又は

(f) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号: 3)、図 5 (配列番号 5) (図 7 (配列番号 7)) は 9 (配列番号 9) 及び図 11 (配列番号 11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列の完全長コード化領域によってコードされるポリペプチド

に対し、少なくとも 80% のアミノ酸配列同一性を有するタンパク質を発現する細胞を含む癌性腫瘍を持つ哺乳動物の治療法であって、前記哺乳動物に対し、に前記タンパク質に結合する、抗体、オリゴペプチド又は有機分子の治療的有効量を投与することにより、前記哺乳動物を効果的に治療する方法。

81. 前記抗体がモノクローナル抗体である、請求項 80 に記載の方法。

82. 前記抗体が抗体断片である、請求項 80 に記載の方法。

- ８３． 前記抗体がキメラ抗体又はヒト化抗体である、請求項８０に記載の方法。
- ８４． 前記抗体、オリゴペプチド又は有機分子が増殖阻害剤に抱合された、請求項８０に記載の方法。
- ８５． 前記抗体、オリゴペプチド又は有機分子が細胞障害剤に抱合された、請求項８０に記載の方法。
- ８６． 前記細胞障害剤が、毒素、抗生物質、放射性同位元素及び核酸溶解性酵素からなる群より選択される、請求項８５に記載の方法。
- ８７． 細胞障害剤が毒素である、請求項８５に記載の方法。
- ８８． 毒素が、メイタンシノイド及びカリケアマイシンからなる群より選択される、請求項８７に記載の方法。
- ８９． 毒素がメイタンシノイドである、請求項８７に記載の方法。
- ９０． 前記抗体が細菌中で産生される、請求項８０に記載の方法。
- ９１． 前記抗体がＣＨＯ細胞中で産生される、請求項８０に記載の方法。
- ９２． 前記腫瘍を、更に放射線治療又は化学療法薬に曝す、請求項８０に記載の方法。
- ９３． 前記腫瘍が、リンパ腫、白血病又は骨髓腫である、請求項８０に記載の方法。
- ９４． 前記タンパク質が、非造血細胞より造血細胞に多く発現する、請求項８０に記載の方法。
- ９５． 前記タンパク質が、前記腫瘍の正常造血細胞より前記腫瘍の癌性造血細胞に多く発現する、請求項９４に記載の方法。
- ９６． 前記タンパク質が、
- (a) 図２（配列番号２）、図４（配列番号４）、図６（配列番号６）、図８（配列番号８）、図１０（配列番号１０）及び図１２（配列番号１２）に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列；
 - (b) 図２（配列番号２）、図４（配列番号４）、図６（配列番号６）、図８（配列番号８）、図１０（配列番号１０）及び図１２（配列番号１２）に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列であって、その関連するシグナルペプチド配列を欠くもの；
 - (c) 図２（配列番号２）、図４（配列番号４）、図６（配列番号６）、図８（配列番号８）、図１０（配列番号１０）及び図１２（配列番号１２）に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるポリペプチドの細胞外ドメインのアミノ酸配列であって、その関連するシグナルペプチド配列を伴うもの；
 - (d) 図２（配列番号２）、図４（配列番号４）、図６（配列番号６）、図８（配列番号８）、図１０（配列番号１０）及び図１２（配列番号１２）に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるポリペプチドの細胞外ドメインのアミノ酸配列であって、その関連するシグナルペプチド配列を欠くもの；
 - (e) 図１（配列番号１）、図３（配列番号：３）、図５（配列番号５）、図７（配列番号７）、図９（配列番号９）及び図１１（配列番号１１）に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列によってコードされるアミノ酸配列；又は
 - (f) 図１（配列番号１）、図３（配列番号：３）、図５（配列番号５）、図７（配列番号７）、図９（配列番号９）及び図１１（配列番号１１）に示されるヌクレオチド配列の完全長コード化領域によってコードされたアミノ酸配列
- を有する、請求項８０に記載の方法。
- ９７． 前記タンパク質を有すると思われる試料中におけるタンパク質の存在を決定する方法であって、前記タンパク質が、
- (a) 図２（配列番号２）、図４（配列番号４）、図６（配列番号６）、図８（配列番号８）、図１０（配列番号１０）及び図１２（配列番号１２）に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチド；
 - (b) 図２（配列番号２）、図４（配列番号４）、図６（配列番号６）、図８（配列番号８）、図１０（配列番号１０）及び図１２（配列番号１２）に示されるアミノ酸配列か

らなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドであって、その関連するシグナルペプチドを欠くもの；

(c) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドの細胞外ドメインであって、その関連するシグナルペプチドを伴うもの；

(d) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドの細胞外ドメインであって、その関連するシグナルペプチドを欠くもの；

(e) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号：3)、図 5 (配列番号 5)、図 7 (配列番号 7)、図 9 (配列番号 9) 及び図 11 (配列番号 11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列によってコードされるポリペプチド；又は

(f) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号：3) 5 (配列番号 5)、図 7 (配列番号 7)、図 9 (配列番号 9) 及び図 11 (配列番号 11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列の完全長コード化領域によってコードされるポリペプチド

に対し、少なくとも 80% のアミノ酸配列同一性を有し、前記タンパク質に結合する抗体、オリゴペプチド又は有機分子に前記試料を曝し、前記試料中の前記タンパク質に対する前記抗体、オリゴペプチド又は有機分子の結合を測定することを含み、前記タンパク質に対する前記抗体、オリゴペプチド又は有機分子が結合することにより、前記試料中における前記タンパク質の存在が示される方法。

98. 前記試料が、前記タンパク質を発現すると思われる細胞を含む、請求項 97 に記載の方法。

99. 前記細胞が癌細胞である、請求項 98 に記載の方法。

100. 前記抗体、オリゴペプチド又は有機分子を検出可能に標識する、請求項 97 に記載の方法。

101. 前記タンパク質が、

(a) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列；

(b) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列であって、その関連するシグナルペプチド配列を欠くもの；

(c) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるポリペプチドの細胞外ドメインのアミノ酸配列であって、その関連するシグナルペプチド配列を伴うもの；

(d) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるポリペプチドの細胞外ドメインのアミノ酸配列であって、その関連するシグナルペプチド配列を欠くもの；

(e) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号：3)、図 5 (配列番号 5)、図 7 (配列番号 7)、図 9 (配列番号 9) 及び図 11 (配列番号 11) に示されるヌクレオチド配列によってコードされるアミノ酸配列；又は

(f) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号：3)、図 5 (配列番号 5)、図 7 (配列番号 7)、図 9 (配列番号 9) 及び図 11 (配列番号 11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列の完全長コード化領域によってコードされるアミノ酸配列

を有する、請求項 97 に記載の方法。

102. (a) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチド；

(b) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドであって、その関連するシグナルペプチドを欠くもの；

(c) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドの細胞外ドメインであって、その関連するシグナルペプチドを伴うもの；

(d) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドの細胞外ドメインであって、その関連するシグナルペプチドを欠くもの；

(e) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号：3)、図 5 (配列番号 5)、図 7 (配列番号 7)、図 9 (配列番号 9) 及び図 11 (配列番号 11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列によってコードされるポリペプチド；又は

(f) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号：3)、図 5 (配列番号 5) (図 7 (配列番号 7)) は 9 (配列番号 9) 及び図 11 (配列番号 11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列の完全長コード化領域によってコードされるポリペプチド

に対し、少なくとも 80% のアミノ酸配列同一性を有するタンパク質の発現又は活性の増大に関連する増殖性障害の治療又は予防法であって、そのような治療を要する患者に対し、前記タンパク質のアンタゴニストの有効量を投与することにより、前記細胞増殖性障害を効果的に治療又は予防する方法。

103. 前記細胞増殖性障害が癌である、請求項 102 に記載の方法。

104. 前記アンタゴニストが、抗 T A H O ポリペプチド抗体、T A H O 結合オリゴペプチド、T A H O 結合有機分子又はアンチセンスオリゴヌクレオチドである、請求項 102 に記載の方法。

105. (a) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチド；

(b) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドであって、その関連するシグナルペプチドを欠くもの；

(c) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドの細胞外ドメインであって、その関連するシグナルペプチドを伴うもの；

(d) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドの細胞外ドメインであって、その関連するシグナルペプチドを欠くもの；

(e) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号：3)、図 5 (配列番号 5)、図 7 (配列番号 7)、図 9 (配列番号 9) 及び図 11 (配列番号 11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列によってコードされるポリペプチド；又は

(f) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号：3)、図 5 (配列番号 5) (図 7 (配列

番号 7)) は 9 (配列番号 9) 及び図 1 1 (配列番号 1 1) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列の完全長コード化領域によってコードされるポリペプチド

に対して少なくとも 8 0 % のアミノ酸配列同一性を有するタンパク質を発現する細胞に、抗体、オリゴペプチド又は有機分子を結合させる方法であって、前記タンパク質に結合する、抗体、オリゴペプチド又は有機分子を前記細胞に接触させ、前記タンパク質に前記抗体、オリゴペプチド又は有機分子を結合させることにより、前記タンパク質に前記抗体、オリゴペプチド又は有機分子を結合させる方法。

1 0 6 . 前記抗体がモノクローナル抗体である、請求項 1 0 5 に記載の方法。

1 0 7 . 前記抗体が抗体断片である、請求項 1 0 5 に記載の方法。

1 0 8 . 前記抗体がキメラ抗体又はヒト化抗体である、請求項 1 0 5 に記載の方法。

1 0 9 . 前記抗体、オリゴペプチド又は有機分子が増殖阻害剤に抱合された、請求項 1 0 5 に記載の方法。

1 1 0 . 前記抗体、オリゴペプチド又は有機分子が細胞障害剤に抱合された、請求項 1 0 5 に記載の方法。

1 1 1 . 前記細胞障害剤が、毒素、抗生物質、放射性同位元素及び核酸溶解性酵素からなる群より選択される、請求項 1 1 0 に記載の方法。

1 1 2 . 細胞障害剤が毒素である、請求項 1 1 0 に記載の方法。

1 1 3 . 毒素が、メイタンシノイド及びカリケアマイシンからなる群より選択される、請求項 1 1 2 に記載の方法。

1 1 4 . 毒素がメイタンシノイドである、請求項 1 1 2 に記載の方法。

1 1 5 . 前記抗体が細菌中で産生される、請求項 1 0 5 に記載の方法。

1 1 6 . 前記抗体が C H O 細胞中で産生される、請求項 1 0 5 に記載の方法。

1 1 7 . 前記細胞が造血細胞である、請求項 1 0 5 に記載の方法。

1 1 8 . 前記造血細胞が、リンパ球、白血球、血小板、赤血球及びナチュラルキラー細胞からなる群から選択される、請求項 1 1 7 に記載の方法。

1 1 9 . 前記リンパ球が B 細胞又は T 細胞である、請求項 1 1 8 に記載の方法。

1 2 0 . 前記リンパ球が癌細胞である、請求項 1 1 9 に記載の方法。

1 2 1 . 前記癌細胞を、更に放射線治療又は化学療法薬に曝す、請求項 1 2 0 に記載の方法。

1 2 2 . 前記癌細胞が、白血病細胞、リンパ腫細胞及び骨髓腫細胞からなる群より選択される、請求項 1 2 0 に記載の方法。

1 2 3 . 前記タンパク質が、非造血細胞より造血細胞に多く発現する、請求項 1 2 0 に記載の方法。

1 2 4 . 前記細胞の死滅を誘発する、請求項 1 0 5 に記載の方法。

1 2 5 . 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項 1 ないし 5 のいずれか一項又は請求項 3 0 に記載の核酸の使用法。

1 2 6 . 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項 1 ないし 5 のいずれか一項又は請求項 3 0 に記載の核酸の使用法。

1 2 7 . 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項 1 ないし 5 のいずれか一項に記載の核酸の使用法。

1 2 8 . 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項 6 に記載の発現ベクターの使用法。

1 2 9 . 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項 6 に記載の発現ベクターの使用法。

1 3 0 . 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項 6 に記載の発現ベクターの使用法。

1 3 1 . 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項 8 に記載の宿主細胞の使用法。

1 3 2 . 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項 8 に記載の宿主細胞の使用法。

1 3 3. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項 8 に記載の宿主細胞の使用法。

1 3 4. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項 1 1 又は 1 2 に記載のポリペプチドの使用法。

1 3 5. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項 1 1 又は 1 2 に記載のポリペプチドの使用法。

1 3 6. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項 1 1 又は 1 2 に記載のポリペプチドの使用法。

1 3 7. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項 1 5 又は 1 6 に記載の抗体の使用法。

1 3 8. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項 1 5 又は 1 6 に記載の抗体の使用法。

1 3 9. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項 1 5 又は 1 6 に記載の抗体の使用法。

1 4 0. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項 3 5 又は 3 6 に記載のオリゴペプチドの使用法。

1 4 1. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項 3 5 又は 3 6 に記載のオリゴペプチドの使用法。

1 4 2. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項 3 5 又は 3 6 に記載のオリゴペプチドの使用法。

1 4 3. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項 4 5 又は 4 6 に記載の T A H O 結合有機分子の使用法。

1 4 4. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項 4 5 又は 4 6 に記載の T A H O 結合有機分子の使用法。

1 4 5. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項 4 5 又は 4 6 に記載の T A H O 結合有機分子の使用法。

1 4 6. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項 5 5 に記載の組成物の使用法。

1 4 7. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項 5 5 に記載の組成物の使用法。

1 4 8. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項 5 5 に記載の組成物の使用法。

1 4 9. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項 5 7 に記載の製造品の使用法。

1 5 0. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項 5 8 に記載の製造品の使用法。

1 5 1. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項 5 8 に記載の製造品の使用法。

1 5 2. 細胞の増殖を阻害する方法であって、前記細胞の増殖が、

(a) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 1 0 (配列番号 1 0) 及び図 1 2 (配列番号 1 2) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチド；

(b) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 1 0 (配列番号 1 0) 及び図 1 2 (配列番号 1 2) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドであって、その関連するシグナルペプチドを欠くもの；

(c) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 1 0 (配列番号 1 0) 及び図 1 2 (配列番号 1 2) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドの細胞外ドメインであって、その関連するシグナルペプチドを伴うもの；

(d) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 1 0 (配列番号 1 0) 及び図 1 2 (配列番号 1 2) に示されるアミノ酸配列か

らなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドの細胞外ドメインであって、その関連するシグナルペプチドを欠くもの；

(e) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号：3)、図 5 (配列番号 5)、図 7 (配列番号 7)、図 9 (配列番号 9) 及び図 11 (配列番号 11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列によってコードされるポリペプチド；又は

(f) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号：3) 前記細胞の増殖を阻害することによって、5 (配列番号 5)、図 7 (配列番号 7)、図 9 (配列番号 9) 及び図 11 (配列番号 11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列の完全長コード化領域によってコードされるポリペプチド

に対し、少なくとも 80% のアミノ酸配列同一性を有するタンパク質の増殖促進効果に、少なくとも部分的に依存しており、前記タンパク質に結合する抗体、オリゴペプチド又は有機分子に前記タンパク質を接触させることにより、前記細胞の増殖を阻害する方法。

153. 前記細胞が造血細胞である、請求項 152 に記載の方法。

154. 前記タンパク質が前記細胞によって発現される、請求項 152 に記載の方法。

155. 前記タンパク質への前記抗体、オリゴペプチド又は有機分子の結合が、前記タンパク質の細胞増殖促進活性をアンタゴナイズする、請求項 152 に記載の方法。

156. 前記タンパク質への前記抗体、オリゴペプチド又は有機分子の結合が、前記細胞の死滅を誘発する、請求項 152 に記載の方法。

157. 前記抗体がモノクローナル抗体である、請求項 152 に記載の方法。

158. 前記抗体が抗体断片である、請求項 152 に記載の方法。

159. 前記抗体がキメラ抗体又はヒト化抗体である、請求項 152 に記載の方法。

160. 前記抗体、オリゴペプチド又は有機分子が増殖阻害剤に抱合された、請求項 152 に記載の方法。

161. 前記抗体、オリゴペプチド又は有機分子が細胞障害剤に抱合された、請求項 152 に記載の方法。

162. 前記細胞障害剤が、毒素、抗生物質、放射性同位元素及び核酸溶解性酵素からなる群より選択される、請求項 161 に記載の方法。

163. 細胞障害剤が毒素である、請求項 161 に記載の方法。

164. 毒素が、メイタンシノイド及びカリケアマイシンからなる群より選択される、請求項 163 に記載の方法。

165. 毒素がメイタンシノイドである、請求項 163 に記載の方法。

166. 前記抗体が細菌中で産生される、請求項 152 に記載の方法。

167. 前記抗体が CHO 細胞中で産生される、請求項 152 に記載の方法。

168. 前記タンパク質が、

(a) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列；

(b) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列であって、その関連するシグナルペプチド配列を欠くもの；

(c) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるポリペプチドの細胞外ドメインのアミノ酸配列であって、その関連するシグナルペプチド配列を伴うもの；

(d) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるポリペプチドの細胞外ドメインのアミノ酸配列であって、その関連するシグナルペプチド配列を欠くもの；

(e) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号：3)、図 5 (配列番号 5)、図 7 (配列

番号 7)、図 9 (配列番号 9) 及び図 11 (配列番号 11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列によってコードされるアミノ酸配列; 又は

(f) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号: 3)、図 5 (配列番号 5)、図 7 (配列番号 7)、図 9 (配列番号 9) 及び図 11 (配列番号 11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列の完全長コード化領域によってコードされるアミノ酸配列

を有する、請求項 152 に記載の方法。

169. 哺乳動物の腫瘍を治療する方法であって、前記腫瘍の増殖が、

(a) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチド;

(b) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドであって、その関連するシグナルペプチドを欠くもの;

(c) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドの細胞外ドメインであって、その関連するシグナルペプチドを伴うもの;

(d) 図 2 (配列番号 2)、図 4 (配列番号 4)、図 6 (配列番号 6)、図 8 (配列番号 8)、図 10 (配列番号 10) 及び図 12 (配列番号 12) に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドの細胞外ドメインであって、その関連するシグナルペプチドを欠くもの;

(e) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号: 3)、図 5 (配列番号 5)、図 7 (配列番号 7)、図 9 (配列番号 9) 及び図 11 (配列番号 11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列によってコードされるポリペプチド; 又は

(f) 図 1 (配列番号 1)、図 3 (配列番号: 3)、図 5 (配列番号 5) (図 7 (配列番号 7)) は 9 (配列番号 9) 及び図 11 (配列番号 11) に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列の完全長コード化領域によってコードされるポリペプチド

に対し、少なくとも 80% のアミノ酸配列同一性を有するタンパク質の増殖促進効果に少なくとも部分的に依存し、前記タンパク質に結合する抗体、オリゴペプチド又は有機分子に前記タンパク質を接触させることにより、前記腫瘍を効果的に治療する方法。

170. 前記タンパク質が前記腫瘍の細胞によって発現される、請求項 169 に記載の方法。

171. 前記タンパク質への前記抗体、オリゴペプチド又は有機分子の結合が、前記タンパク質の細胞増殖促進活性をアンタゴナイズする、請求項 169 に記載の方法。

172. 前記抗体がモノクローナル抗体である、請求項 169 に記載の方法。

173. 前記抗体が抗体断片である、請求項 169 に記載の方法。

174. 前記抗体がキメラ抗体又はヒト化抗体である、請求項 169 に記載の方法。

175. 前記抗体、オリゴペプチド又は有機分子が増殖阻害剤に抱合された、請求項 169 に記載の方法。

176. 前記抗体、オリゴペプチド又は有機分子が細胞障害剤に抱合された、請求項 169 に記載の方法。

177. 前記細胞障害剤が、毒素、抗生物質、放射性同位元素及び核酸溶解性酵素からなる群より選択される、請求項 176 に記載の方法。

178. 細胞障害剤が毒素である、請求項 176 に記載の方法。

179. 毒素が、メイタンシノイド及びカリケアマイシンからなる群より選択される。請求項 178 に記載の方法。

180. 毒素がメイタンシノイドである、請求項 178 に記載の方法。

181. 前記抗体が細菌中で産生される、請求項169に記載の方法。
182. 前記抗体がCHO細胞中で産生される、請求項169に記載の方法。
183. 前記タンパク質が、
- (a) 図2(配列番号2)、図4(配列番号4)、図6(配列番号6)、図8(配列番号8)、図10(配列番号10)及び図12(配列番号12)に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列；
- (b) 図2(配列番号2)、図4(配列番号4)、図6(配列番号6)、図8(配列番号8)、図10(配列番号10)及び図12(配列番号12)に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列であって、その関連するシグナルペプチド配列を欠くもの；
- (c) 図2(配列番号2)、図4(配列番号4)、図6(配列番号6)、図8(配列番号8)、図10(配列番号10)及び図12(配列番号12)に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるポリペプチドの細胞外ドメインのアミノ酸配列であって、その関連するシグナルペプチド配列を伴うもの；
- (d) 図2(配列番号2)、図4(配列番号4)、図6(配列番号6)、図8(配列番号8)、図10(配列番号10)及び図12(配列番号12)に示されるアミノ酸配列からなる群より選択されるポリペプチドの細胞外ドメインのアミノ酸配列であって、その関連するシグナルペプチド配列を欠くもの；
- (e) 図1(配列番号1)、図3(配列番号：3)、図5(配列番号5)、図7(配列番号7)、図9(配列番号9)及び図11(配列番号11)に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列によってコードされるアミノ酸配列；又は
- (f) 図1(配列番号1)、図3(配列番号：3)、図5(配列番号5)、図7(配列番号7)、図9(配列番号9)及び図11(配列番号11)に示されるヌクレオチド配列からなる群より選択されるヌクレオチド配列の完全長コード化領域によってコードされるアミノ酸配列
- を有する、請求項169に記載の方法。
184. 請求項13に記載のキメラポリペプチドを含む成る組成物。
185. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項30に記載の核酸の使用法。
186. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項7に記載の発現ベクターの使用法。
187. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項31に記載の発現ベクターの使用法。
188. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項7に記載の発現ベクターの使用法。
189. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項31に記載の発現ベクターの使用法。
190. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項7に記載の発現ベクターの使用法。
191. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項31に記載の発現ベクターの使用法。
192. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項9に記載の宿主細胞の使用法。
193. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項32に記載の宿主細胞の使用法。
194. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項33に記載の宿主細胞の使用法。
195. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項9に記載の宿主細胞の使用法。
196. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項32に記載の宿主細胞の使用法。
197. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項33に記載の宿主細胞の使用法。

198. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項9に記載の宿主細胞の使用法。
199. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項32に記載の宿主細胞の使用法。
200. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項33に記載の宿主細胞の使用法。
201. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項13に記載のポリペプチドの使用法。
202. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項14に記載のポリペプチドの使用法。
203. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項13に記載のポリペプチドの使用法。
204. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項14に記載のポリペプチドの使用法。
205. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項13に記載のポリペプチドの使用法。
206. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項14に記載のポリペプチドの使用法。
207. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項17に記載の抗体の使用法。
208. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項18に記載の抗体の使用法。
209. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項19に記載の抗体の使用法。
210. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項20に記載の抗体の使用法。
211. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項21に記載の抗体の使用法。
212. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項22に記載の抗体の使用法。
213. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項23に記載の抗体の使用法。
214. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項24に記載の抗体の使用法。
215. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項25に記載の抗体の使用法。
216. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項26に記載の抗体の使用法。
217. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項27に記載の抗体の使用法。
218. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項28に記載の抗体の使用法。
219. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項29に記載の抗体の使用法。
220. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項17に記載の抗体の使用法。
221. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項18に記載の抗体の使用法。
222. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項19に記載の抗体の使用法。
223. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項20に記載の抗体の使用法。
224. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項21に記載の抗体の使用法。
225. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項22に記載の抗体の使用法。

- 2 2 6. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項 2 3 に記載の抗体の使用法。
- 2 2 7. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項 2 4 に記載の抗体の使用法。
- 2 2 8. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項 2 5 に記載の抗体の使用法。
- 2 2 9. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項 2 6 に記載の抗体の使用法。
- 2 3 0. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項 2 7 に記載の抗体の使用法。
- 2 3 1. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項 2 8 に記載の抗体の使用法。
- 2 3 2. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項 2 9 に記載の抗体の使用法。
- 2 3 3. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項 1 7 に記載の抗体の使用法。
- 2 3 4. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項 1 8 に記載の抗体の使用法。
- 2 3 5. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項 1 7 に記載の抗体の使用法。
- 2 3 6. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項 1 8 に記載の抗体の使用法。
- 2 3 7. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項 1 9 に記載の抗体の使用法。
- 2 3 8. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項 2 0 に記載の抗体の使用法。
- 2 3 9. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項 2 1 に記載の抗体の使用法。
- 2 4 0. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項 2 2 に記載の抗体の使用法。
- 2 4 1. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項 2 3 に記載の抗体の使用法。
- 2 4 2. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項 2 4 に記載の抗体の使用法。
- 2 4 3. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項 2 5 に記載の抗体の使用法。
- 2 4 4. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項 2 6 に記載の抗体の使用法。
- 2 4 5. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項 2 7 に記載の抗体の使用法。
- 2 4 6. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項 2 8 に記載の抗体の使用法。
- 2 4 7. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項 2 9 に記載の抗体の使用法。
- 2 4 8. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項 3 7 に記載のオリゴペプチドの使用法。
- 2 4 9. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項 3 8 に記載のオリゴペプチドの使用法。
- 2 5 0. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項 3 9 に記載のオリゴペプチドの使用法。
- 2 5 1. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項 4 0 に記載のオリゴペプチドの使用法。
- 2 5 2. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項 4 1 に記載のオリゴペプチドの使用法。
- 2 5 3. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項 4 2 に記載のオリゴペプチドの使用法。
- 2 5 4. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項 4 3 に記載のオリゴ

ペプチドの使用法。

255. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項44に記載のオリゴペプチドの使用法。

256. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項37に記載のオリゴペプチドの使用法。

257. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項38に記載のオリゴペプチドの使用法。

258. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項39に記載のオリゴペプチドの使用法。

259. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項40に記載のオリゴペプチドの使用法。

260. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項41に記載のオリゴペプチドの使用法。

261. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項42に記載のオリゴペプチドの使用法。

262. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項43に記載のオリゴペプチドの使用法。

263. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項44に記載のオリゴペプチドの使用法。

264. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項37に記載のオリゴペプチドの使用法。

265. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項38に記載のオリゴペプチドの使用法。

266. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項39に記載のオリゴペプチドの使用法。

267. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項40に記載のオリゴペプチドの使用法。

268. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項41に記載のオリゴペプチドの使用法。

269. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項42に記載のオリゴペプチドの使用法。

270. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項43に記載のオリゴペプチドの使用法。

271. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項44に記載のオリゴペプチドの使用法。

272. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項47に記載のTAHO結合有機分子の使用法。

273. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項48に記載のTAHO結合有機分子の使用法。

274. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項49に記載のTAHO結合有機分子の使用法。

275. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項50に記載のTAHO結合有機分子の使用法。

276. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項51に記載のTAHO結合有機分子の使用法。

277. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項52に記載のTAHO結合有機分子の使用法。

278. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項53に記載のTAHO結合有機分子の使用法。

279. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項54に記載のTAHO

○結合有機分子の使用法。

280. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項47に記載のTAHO結合有機分子の使用法。

281. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項48に記載のTAHO結合有機分子の使用法。

282. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項49に記載のTAHO結合有機分子の使用法。

283. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項50に記載のTAHO結合有機分子の使用法。

284. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項51に記載のTAHO結合有機分子の使用法。

285. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項52に記載のTAHO結合有機分子の使用法。

286. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項53に記載のTAHO結合有機分子の使用法。

287. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項54に記載のTAHO結合有機分子の使用法。

288. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項47に記載のTAHO結合有機分子の使用法。

289. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項48に記載のTAHO結合有機分子の使用法。

290. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項49に記載のTAHO結合有機分子の使用法。

291. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項50に記載のTAHO結合有機分子の使用法。

292. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項51に記載のTAHO結合有機分子の使用法。

293. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項52に記載のTAHO結合有機分子の使用法。

294. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項53に記載のTAHO結合有機分子の使用法。

295. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項54に記載のTAHO結合有機分子の使用法。

296. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項56に記載の組成物の使用法。

297. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項56に記載の組成物の使用法。

298. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項56に記載の組成物の使用法。

299. 癌の治療又は診断的検出用の薬剤の調製における、請求項58に記載の製造品の使用法。

300. 腫瘍の治療用の薬剤の調製における、請求項58に記載の製造品の使用法。

301. 細胞増殖性障害の治療又は予防用の薬剤の調製における、請求項58に記載の製造品の使用法。

302. 表7に示すATCC登録番号の下に寄託された、単離された抗体。

303. 配列番号13のヌクレオチド配列によってコードされる重鎖及び配列番号14のヌクレオチド配列によってコードされる軽鎖を含む、単離された抗体。

304. モノクローナル抗体である、請求項302又は303に記載の抗体。

305. 抗体断片である、請求項302又は303に記載の抗体。

306. キメラ抗体又はヒト化抗体である、請求項302又は303に記載の抗体。

307. 増殖阻害剤に抱合された、請求項302又は303に記載の抗体。

308. 細胞障害剤に抱合された、請求項302又は303に記載の抗体。
309. 細胞障害剤が、毒素、抗生物質、放射性同位元素及び核酸溶解性酵素からなる群より選択される、請求項308の抗体。
310. 細胞障害剤が毒素である、請求項308の抗体、
311. 毒素が、メイタンシノイド及びカリケアマイシンからなる群より選択される、請求項310の抗体、
312. 毒素がメイタンシノイドである、請求項310の抗体。
313. 細菌中で産生される、請求項302又は303に記載の抗体。
314. CHO細胞中で産生される、請求項302又は303に記載の抗体。
315. 結合する細胞に死滅を誘発する、請求項302又は303に記載の抗体。
316. 検出可能的に標識される、請求項302又は303に記載の抗体。
317. 請求項302又は303に記載の抗体をコードするヌクレオチド配列を有する単離された核酸。
318. ベクターで形質転換した宿主細胞によって認識されるコントロール配列に作用可能にリンクする、請求項317に記載の核酸を含む発現ベクター。
319. 請求項318に記載の発現ベクターを含む宿主細胞。
320. CHO細胞、大腸菌細胞又は酵母細胞である、請求項319に記載の宿主細胞。

【0015】

(好ましい実施態様の詳細な説明)

I. 定義

ここで使用される「TAHOポリペプチド」及び「TAHO」という用語は、直後に数値表示がある場合には種々のポリペプチドを指し、完全な表示（つまり、TAHO／数字）は、ここに記載する特定のポリペプチド配列を意味する。「数字」という用語がここでは実際の数的表示として提供されている「TAHO／数字ポリペプチド」及び「TAHO／数字」という用語には、天然配列ポリペプチド、ポリペプチド変異体及び天然配列ポリペプチドとポリペプチド変異体の断片（ここでさらに定義される）を包含する。ここに記載されているTAHOポリペプチドは、ヒト組織型又は他の供給源といった種々の供給源から単離してもよく、あるいは組換え又は合成法によって調製してもよい。「TAHOポリペプチド」という用語は、ここに記載の各個々のTAHO／数字ポリペプチドを指す。

「TAHOポリペプチド」を指すこの明細書の全ての開示は、各ポリペプチドを個々に指すと同時に集合的に指す。例えば、調製、精製、誘導、抗体の形成、TAHO結合オリゴペプチドの形成、TAHO結合有機分子の形成、投与、含有する組成物、疾患の治療等の記載は、本発明の各ポリペプチドに関する。「TAHOポリペプチド」という用語は、また、ここに記載のTAHO／数字ポリペプチドの変異体を含む。

「TAHO3」はここで、「FcRH2」又は「SPAP1」とも呼ぶ。「TAHO17」はここで、「FcRH1」又は「IRTA5」とも呼ぶ。「TAHO18」はここで、「IRTA2」又は「FcRH5」とも呼ぶ。「TAHO20」はここで、「FcRH3」又は「IRTA3」とも呼ぶ。「TAHO21」はここで、「IRTA1」又は「FcRH4」とも呼ぶ。「TAHO22」はここで、「FcRH6」又は「FAIL」とも呼ぶ。

【0016】

「天然配列TAHOポリペプチド」には、天然由来のTAHOポリペプチドに対応する同一のアミノ酸配列を有するポリペプチドが含まれる。このような天然配列TAHOポリペプチドは、自然から単離することもできるし、組換え又は合成手段により生成することもできる。「天然配列TAHOポリペプチド」という用語には、特に、特定のTAHOポリペプチドの自然に生じる切断又は分泌形態(例えば、細胞外ドメイン配列)、自然に生じる変異形態(例えば、選択的にスプライシングされた形態)及びそのポリペプチドの自然に生じる対立遺伝子変異体が含まれる。本発明のある実施態様では、ここに開示される天然配列TAHOポリペプチドは、添付図に示される完全長アミノ酸配列を含む成熟又は完全

長天然配列ポリペプチドである。開始及び停止コドン（示されているならば）は、図において太字及び下線で示した。添付図に「N」で示した核酸残基は、任意の核酸残基である。しかし、添付図に開示したT A H Oポリペプチドは、図面においてアミノ酸位置1としてここに表示されたメチオニン残基で始まるように示されているが、図面におけるアミノ酸位置1の上流又は下流に位置する他のメチオニン残基をT A H Oポリペプチドの開始アミノ酸残基として用いることも考えられるし、可能でもある。

T A H Oポリペプチド「細胞外ドメイン」又は「E C D」は、膜貫通及び細胞質ドメインを実質的に有しないT A H Oポリペプチドの形態を意味する。通常、T A H OポリペプチドE C Dは、それらの膜貫通及び／又は細胞質ドメインを1%未満、好ましくはそのようなドメインを0.5%未満しか持たない。本発明のT A H Oポリペプチドについて同定された任意の膜貫通ドメインは、疎水性ドメインのその型を同定するために当該分野において日常的に使用される基準に従い同定されることが理解されるであろう。膜貫通ドメインの厳密な境界は変わり得るが、最初に同定されたドメインの何れかの末端から約5アミノ酸を越えない可能性が高い。場合によっては、従って、T A H Oポリペプチドの細胞外ドメインは、実施例又は明細書で同定されるように膜貫通ドメイン／細胞外ドメインの境界の何れかの側から約5を越えないアミノ酸を含んでもよく、シグナルペプチドを伴う又は伴わない、それらのポリペプチド及びそれらをコードする核酸は、本発明で考慮される。

【0017】

ここに開示する種々のT A H Oポリペプチドの「シグナルペプチド」のおおよその位置は、本明細書及び／又は添付図に示されうる。しかし、シグナルペプチドのC末端境界は変化しうるが、ここで最初に定義したようにシグナルペプチドC末端境界の何れかの側で約5アミノ酸未満である可能性が最も高く、シグナルペプチドのC末端境界は、そのような型のアミノ酸配列成分を同定するのに日常的に使用される基準に従って同定しうることに留意される（例えば、Nielsen等, Prot. Eng.10: 1-6 (1997)及びvon Heinje等, Nucl. Acids. Res. 14: 4683-4690 (1986)）。更に、幾つかの場合には、分泌ポリペプチドからのシグナル配列の切断は完全に均一ではなく、一つ以上の分泌種をもたらすことも認められる。シグナルペプチドがここに同定されるシグナルペプチドのC末端境界の何れかの側の約5アミノ酸未満内で切断されるこれらの成熟ポリペプチド、及びそれらをコードするポリヌクレオチドは、本発明で考慮される。

「T A H Oポリペプチド変異体」とはT A H Oポリペプチド、好ましくは、ここに開示するような完全長天然配列T A H Oポリペプチド配列、ここで開示するようなシグナルペプチドを欠くT A H Oポリペプチド配列、ここに開示するようなシグナルペプチドを有する又は有しないT A H Oポリペプチドの細胞外ドメイン又はここに開示する完全長T A H Oポリペプチド配列の任意の他の断片（例えば、完全長T A H Oポリペプチドの完全なコード配列の一部のみを示す核酸によってコードされるもの）と少なくとも約80%のアミノ酸配列同一性を有するここで定義するような活性なT A H Oポリペプチドを意味する。このようなT A H Oポリペプチド変異体には、例えば、完全長天然アミノ酸配列のN末端又はC末端において一又は複数のアミノ酸残基が付加、もしくは欠失されたT A H Oポリペプチドが含まれる。通常、T A H Oポリペプチド変異体は、ここに開示する完全長天然配列T A H Oポリペプチド配列、ここに開示するシグナルペプチドを欠くT A H Oポリペプチド配列、シグナルペプチドを有する又は有しないここに開示するT A H Oポリペプチドの細胞外ドメイン、又はここに開示する完全長T A H Oポリペプチド配列の任意の具体的に定義した他の断片に対して、少なくとも約80%のアミノ酸配列同一性、あるいは少なくとも約81%、82%、83%、84%、85%、86%、87%、88%、89%、90%、91%、92%、93%、94%、95%、96%、97%、98%、又は99%のアミノ酸配列同一性を有している。通常、T A H O変異体ポリペプチドは、少なくとも約10アミノ酸長、あるいは少なくとも約20、30、40、50、60、70、80、90、100、110、120、130、140、150、160、170、180、190、200、210、220、230、240、250、260、270、280

、290、300、310、320、330、340、350、360、370、380、390、400、410、420、430、440、450、460、470、480、490、500、510、520、530、540、550、560、570、580、590、600アミノ酸長、又はそれ以上である。場合によっては、T A H O変異体ポリペプチドは、天然T A H Oポリペプチド配列に比較して一つ以下の保存的アミノ酸置換、あるいは天然T A H Oポリペプチド配列に比較して2、3、4、5、6、7、8、9、又は10以下の同類アミノ酸置換を有するにすぎない。

【0018】

ここで同定したT A H Oポリペプチド配列に関する「パーセント(%)アミノ酸配列同一性」とは、配列を整列させ、最大のパーセント配列同一性を得るために必要ならば間隙を導入し、如何なる保存的置換も配列同一性の一部と考えないとした後の、特定のT A H Oポリペプチド配列のアミノ酸残基と同一である候補配列中のアミノ酸残基のパーセントとして定義される。パーセントアミノ酸配列同一性を決定する目的のためのアラインメントは、当業者の技量の範囲にある種々の方法、例えばB L A S T、B L A S T-2、A L I G N、又はM e g a l i g n (D N A S T A R) ソフトウェアのような公に入手可能なコンピュータソフトウェアを使用することにより達成可能である。当業者であれば、比較される配列の完全長に対して最大のアラインメントを達成するために必要な任意のアルゴリズムを含む、アラインメントを測定するための適切なパラメータを決定することができる。しかし、ここでの目的のためには、%アミノ酸配列同一性値は、A L I G N-2プログラム用の完全なソースコードが下記の表1に提供されている配列比較コンピュータプログラムA L I G N-2を使用することによって得られる。A L I G N-2配列比較コンピュータプログラムはジェネンテック社によって作成され、下記の表1に示したソースコードは米国著作権庁、ワシントンD.C., 20559に使用者用書類とともに提出され、米国著作権登録番号T X U 5 1 0 0 8 7で登録されている。A L I G N-2プログラムはジェネンテック社、サウス サン フランシスコ、カリフォルニアから公的に入手可能であり、下記の表1に提供されたソースコードからコンパイルしてもよい。A L I G N-2プログラムは、U N I X (登録商標) オペレーティングシステム、好ましくはデジタルU N I X (登録商標) V 4 . 0 Dでの使用のためにコンパイルされる。全ての配列比較パラメータは、A L I G N-2プログラムによって設定され変動しない。

アミノ酸配列比較にA L I G N-2が用いられる状況では、与えられたアミノ酸配列Aの、与えられたアミノ酸配列Bへの、それとの、又はそれに対する%アミノ酸配列同一性(あるいは、与えられたアミノ酸配列Bへの、それとの、又はそれに対する或る程度の%アミノ酸配列同一性を持つ又は含む与えられたアミノ酸配列Aと言うこともできる)は次のように計算される：

分率X/Yの100倍

ここで、Xは配列アラインメントプログラムA L I G N-2のA及びBのプログラムアラインメントによって同一であると一致したスコアのアミノ酸残基の数であり、YはBの全アミノ酸残基数である。アミノ酸配列Aの長さがアミノ酸配列Bの長さとは異なる場合、AのBに対する%アミノ酸配列同一性は、BのAに対する%アミノ酸配列同一性とは異なると認識されるであろう。%アミノ酸配列同一性の計算の例として、表2及び3は、「比較タンパク質」と称されるアミノ酸配列の「T A H O」と称されるアミノ酸配列に対する%アミノ酸配列同一性の計算方法を示し、ここで「T A H O」は対象の仮想T A H Oポリペプチドのアミノ酸配列を表し、「比較タンパク質」は対象の「T A H O」ポリペプチドと比較され、これに対するポリペプチドのアミノ酸配列を表し、「X」、「Y」及び「Z」は、それぞれ異なる假定アミノ酸残基を表す。特に断らない限りは、ここで使用される全ての%アミノ酸配列同一性値は、A L I G N-2コンピュータプログラムを用いて直ぐ上の段落に記載されるようにして得られる。

【0019】

「T A H O変異体ポリヌクレオチド」又は「T A H O変異体核酸配列」とは、ここで定義されるように、T A H Oポリペプチド、好ましくは活性T A H Oポリペプチドをコード

し、ここに開示する完全長天然配列 T A H O ポリペプチド配列、ここに開示するシグナルペプチドを欠いた完全長天然配列 T A H O ポリペプチド配列、シグナルペプチドを有する又は有しないここに開示する T A H O ポリペプチドの細胞外ドメイン、又はここに開示する完全長 T A H O ポリペプチド配列の他の任意の断片をコードする核酸配列（完全長 T A H O ポリペプチドの完全なコード化配列の一部分のみを表す核酸によってコードされた）と、少なくとも約 80 % の核酸配列同一性を有する核酸分子を意味する。通常、T A H O 変異体ポリヌクレオチドは、ここに開示する完全長天然配列 T A H O ポリペプチド配列、ここに開示するシグナルペプチドを欠く完全長天然配列 T A H O ポリペプチド配列、シグナルペプチドを有する又は有しないここに開示する T A H O ポリペプチドの細胞外ドメイン、又はここに開示する完全長 T A H O ポリペプチド配列の任意の他の断片をコードする核酸配列と、少なくとも約 80 % の核酸配列同一性、あるいは少なくとも約 81 %、82 %、83 %、84 %、85 %、86 %、87 %、88 %、89 %、90 %、91 %、92 %、93 %、94 %、95 %、96 %、97 %、98 %、又は 99 % の核酸配列同一性を有している。変異体は、天然ヌクレオチド配列を含まない。

通常、T A H O 変異体ポリヌクレオチドは、少なくとも約 5 ヌクレオチド長、あるいは少なくとも約 6、7、8、9、10、11、12、13、14、15、16、17、18、19、20、21、22、23、24、25、26、27、28、29、30、35、40、45、50、55、60、65、70、75、80、85、90、95、100、105、110、115、120、125、130、135、140、145、150、155、160、165、170、175、180、185、190、195、200、210、220、230、240、250、260、270、280、290、300、310、320、330、340、350、360、370、380、390、400、410、420、430、440、450、460、470、480、490、500、510、520、530、540、550、560、570、580、590、600、610、620、630、640、650、660、670、680、690、700、710、720、730、740、750、760、770、780、790、800、810、820、830、840、850、860、870、880、890、900、910、920、930、940、950、960、970、980、990、又は 1000 ヌクレオチド長であり、この文脈の「約」という用語は、表示ヌクレオチド配列長にその表示長の 10 % を加えるか又は減じたものを意味する。

【0020】

ここで同定される T A H O コード化核酸配列に対する「パーセント (%) 核酸配列同一性」は、配列を整列させ、最大のパーセント配列同一性を得るために必要ならば間隙を導入し、対象の T A H O 核酸配列のヌクレオチドと同一である候補配列中のヌクレオチドのパーセントとして定義される。パーセント核酸配列同一性を決定する目的のためのアラインメントは、当業者の知る範囲にある種々の方法、例えば B L A S T、B L A S T - 2、A L I G N 又は M e g a l i g n (D N A S T A R) ソフトウェアのような公に入手可能なコンピュータソフトウェアを使用することにより達成可能である。ここでの目的のためには、% 核酸配列同一性値は、A L I G N - 2 プログラム用の完全なソースコードが下記の表 1 に提供されている配列比較コンピュータプログラム A L I G N - 2 を使用することによって得られる。A L I G N - 2 配列比較コンピュータプログラムはジェネンテック社によって作成され、下記の表 1 に示したソースコードは米国著作権庁、ワシントン D.C., 20559 に使用者用書類とともに提出され、米国著作権登録番号 T X U 5 1 0 0 8 7 の下で登録されている。A L I G N - 2 プログラムはジェネンテック社、サウスサンフランシスコ、カリフォルニアから公的に入手可能であり、下記の表 1 に提供されたソースコードからコンパイルしてもよい。A L I G N - 2 プログラムは、U N I X (登録商標) オペレーティングシステム、好ましくはデジタル U N I X (登録商標) V 4 . 0 D での使用のためにコンパイルされる。全ての配列比較パラメータは、A L I G N - 2 プログラムによって設定され変動しない。

核酸配列比較に A L I G N - 2 が用いられる状況では、与えられた核酸配列 C の、与え

られた核酸配列Dとの、又はそれに対する%核酸配列同一性（あるいは、与えられた核酸配列Dと、又はそれに対して或る程度の%核酸配列同一性を持つ又は含む与えられた核酸配列Cと言うこともできる）は次のように計算される：

分率W/Zの100倍

ここで、Wは配列アラインメントプログラムALIGN-2のC及びDのアラインメントによって同一であると一致したスコアのヌクレオチドの数であり、ZはDの全ヌクレオチド数である。核酸配列Cの長さが核酸配列Dの長さ異なる場合、CのDに対する%核酸配列同一性は、DのCに対する%核酸配列同一性とは異なることは理解されるであろう。%核酸配列同一性の計算の例として、「TAHO-DNA」が対象となる仮想的TAHOコード化核酸配列を表し、「比較DNA」が対象となる「TAHO-DNA」核酸分子が比較されている核酸配列を表し、そして「N」、「L」及び「V」の各々が異なった仮想ヌクレオチドを表して、表4及び5が「比較DNA」と称される核酸配列の「TAHO-DNA」と称される核酸配列に対する%核酸配列同一性の計算方法を示す。特に断らない限りは、ここでの全ての%核酸配列同一性値は、直ぐ上のパラグラフに示したようにALIGN-2コンピュータプログラムを用いて得られる。

【0021】

他の実施態様では、TAHO変異体ポリヌクレオチドとは、TAHOポリペプチドをコードする核酸分子であり、好ましくはストリンジェントなハイブリダイゼーション及び洗浄条件下で、ここに記載の完全長TAHOポリペプチドをコードするヌクレオチド配列とハイブリダイゼーションすることができる。TAHO変異体ポリペプチドは、TAHO変異体ポリヌクレオチドによってコードされているものであり得る。

TAHOポリペプチドをコードする核酸に関して使用される場合の「完全長コード領域」という用語は、（添付図において開始及び停止コドンの間でしばしば示される）本発明の完全長TAHOポリペプチドをコードするヌクレオチド配列を意味する。ATCC寄託核酸に関して使用される場合の「完全長コード領域」という用語は、ATCCに寄託されたベクター中に挿入されているcDNAのTAHOポリペプチドコード部分を意味する（添付図において開始及び停止コドンの間にしばしば示される。（開始コドンと停止コドンを太字及び下線で示す））。

【0022】

ここに開示される種々のTAHOポリペプチドを記載するために使用される「単離」とは、自然環境の成分から同定され及び分離及び／又は回収されたポリペプチドを意味する。その自然環境の汚染成分とは、そのポリペプチドの診断又は治療への使用を典型的には妨害する物質であり、酵素、ホルモン、及び他のタンパク質様又は非タンパク質様溶質が含まれる。好ましい実施態様では、ポリペプチドは、(1)スピニングカップシークエネーターを使用することにより、少なくとも15残基のN末端あるいは内部アミノ酸配列を得るのに十分なほど、あるいは、(2)クーマシーブルーあるいは好ましくは銀染色を用いた非還元あるいは還元条件下でSDS-PAGEにより均一になるまで精製される。単離されたポリペプチドには、TAHOポリペプチドの自然環境の少なくとも一つの成分が存在しないため、組換え細胞内のインサイツのポリペプチドが含まれる。しかしながら、通常は、単離されたポリペプチドは少なくとも一つの精製工程により調製される。

「単離された」TAHOポリペプチドをコードする核酸又は他のポリペプチドコード化核酸は、同定され、ポリペプチドをコードする核酸の天然源に通常付随している少なくとも一つの汚染核酸分子から分離された核酸分子である。単離されたポリペプチドをコードする核酸分子は、天然に見出される形態あるいは設定以外のものである。故に、単離されたポリペプチドをコードする核酸分子は、天然の細胞中に存在する特異的なポリペプチドをコードする核酸分子とは区別される。しかし、ポリペプチドをコードする単離された核酸分子には、例えば、核酸分子が天然細胞のものとは異なった染色体位置にあるポリペプチドを通常は発現する細胞に含まれるポリペプチドをコードする核酸分子が含まれる。

【0023】

「コントロール配列」という用語は、特定の宿主生物において作用可能に結合したコー

ド配列を発現するために必要なDNA配列を指す。例えば原核生物に好適なコントロール配列は、プロモーター、場合によってはオペレータ配列と、リボソーム結合部位を含む。真核生物の細胞は、プロモーター、ポリアデニル化シグナル及びエンハンサーを利用することが知られている。

核酸は、他の核酸配列と機能的な関係にあるときに「作用可能に結合し」ている。例えば、プレ配列あるいは分泌リーダーのDNAは、ポリペプチドの分泌に参画するプレタンパク質として発現されているなら、そのポリペプチドのDNAに作用可能に結合している；プロモーター又はエンハンサーは、配列の転写に影響を及ぼすならば、コード配列に作用可能に結合している；又はリボソーム結合部位は、もしそれが翻訳を容易にするような位置にあるなら、コード配列と作用可能に結合している。一般的に、「作用可能に結合している」とは、結合したDNA配列が近接しており、分泌リーダーの場合には近接して読みフェーズにあることを意味する。しかし、エンハンサーは必ずしも近接している必要はない。結合は簡便な制限部位でのライゲーションにより達成される。そのような部位が存在しない場合は、従来の手法に従って、合成オリゴヌクレオチドアダプターあるいはリンカーが使用される。

【0024】

ハイブリダイゼーション反応の「ストリンジェンシー」は、当業者によって容易に決定され、一般的にプローブ長、洗浄温度、及び塩濃度に依存する経験的な計算である。一般に、プローブが長くなると適切なアニリングに必要な温度が高くなり、プローブが短くなるとそれに必要な温度は低くなる。ハイブリダイゼーションは、一般的に、相補鎖がその融点より低い環境に存在する場合に、変性DNAの再アニールする能力に依存する。プローブとハイブリダイゼーション配列の間で所望される相同性の程度が高くなればなるほど、用いることができる相対温度が高くなる。その結果、より高い相対温度は、反応条件をよりストリンジェントにすることになり、低い温度はストリンジェントを低下させることになる。ハイブリダイゼーション反応のストリンジェンシーの更なる詳細及び説明については、Ausubel等、Current Protocols in Molecular Biology (Wiley Interscience Publishers, 1995)を参照のこと。

ここで定義される「ストリンジェント条件」又は「高度のストリンジェンシー条件」は、(1) 洗浄に低イオン強度及び高温を用いる、例えば、50℃で、0.015Mの塩化ナトリウム/0.0015Mのクエン酸ナトリウム/0.1%のドデシル硫酸ナトリウム；(2) ハイブリダイゼーション中にホルムアミド等の変性剤を用いる、例えば、42℃で、50% (v/v) ホルムアミドと0.1%ウシ血清アルブミン/0.1%フィコール/0.1%のポリビニルピロリドン/50mMのpH6.5のリン酸ナトリウムバッファー、及び750mMの塩化ナトリウム、75mMクエン酸ナトリウム；又は(3) 42℃で、50%ホルムアミド、5×SSC (0.75MのNaCl、0.075Mのクエン酸ナトリウム)、50mMのリン酸ナトリウム (pH6.8)、0.1%のピロリン酸ナトリウム、5×デンハード液、超音波処理サケ精子DNA (50µg/ml)、0.1%SDS、及び10%の硫酸デキストラン溶液中で終夜ハイブリダイゼーション、42℃で、0.2×SSC (塩化ナトリウム/クエン酸ナトリウム) 中にて10分間の洗浄、ついで55℃で、EDTAを含む0.1×SSCからなる10分間高ストリンジェンシー洗浄を用いるものによって同定される。

「中程度のストリンジェント条件」は、Sambrook等、Molecular Cloning: A Laboratory Manual (New York: Cold Spring Harbor Press, 1989)に記載されているように同定され、上記のストリンジェントより低い洗浄溶液及びハイブリダイゼーション条件 (例えば、温度、イオン強度及び%SDS) の使用を含む。中程度のストリンジェント条件は、20%ホルムアミド、5×SSC (150mMのNaCl、15mMのクエン酸三ナトリウム)、50mMリン酸ナトリウム (pH7.6)、5×デンハード液、10%硫酸デキストラン、及び20mg/mlの変性剪断サケ精子DNAを含む溶液中にて37℃での終夜インキュベーション、次いで1×SSC中にて約37-50℃でのフィルターの洗浄といった条件である。当業者であれば、プローブ長などの因子に適合させる必要に応じて、ど

のようにして温度、イオン強度等を調節するかを認識する。

【0025】

「エピトープタグ」なる用語は、ここで用いられるときは、「タグポリペプチド」と融合したT A H Oポリペプチド又は抗T A H O抗体を含んでなるキメラポリペプチドを意味する。タグポリペプチドは、その抗体が産生され得るエピトープを提供するのに十分な残基を有し、その長さは融合するポリペプチドの活性を阻害しないよう十分に短い。また、タグポリペプチドは、好ましくは抗体が他のエピトープと実質的に交差反応をしないようにならかなり独特である。適切なタグポリペプチドは、一般に、少なくとも6のアミノ酸残基、通常は約8～50のアミノ酸残基(好ましくは、約10～20の残基)を有する。

ここでの目的に対する「活性な」又は「活性」とは、天然又は天然に生じるT A H Oの生物学的及び／又は免疫学的活性を保持するT A H Oポリペプチドの形態を意味し、その中で、「生物学的」活性とは、天然又は天然発生T A H Oが保持する抗原性エピトープに対する抗体の生成を誘発する能力以外の、天然又は天然発生T A H Oによって引き起こされる生物機能(阻害又は刺激)を意味し、「免疫学的」活性とは、天然又は天然発生T A H Oが保持する抗原性エピトープに対する抗体の生成を誘発する能力を意味する。

【0026】

「アンタゴニスト」なる用語は最も広い意味で用いられ、そしてここに開示した天然T A H Oポリペプチドの生物学的活性を部分的又は完全にブロック、阻害、又は中和する任意の分子が含まれる。同じように、「アゴニスト」という用語は最も広い意味で用いられ、ここに開示した天然T A H Oポリペプチドの生物学的活性を模倣する任意の分子が含まれる。適切なアゴニスト又はアンタゴニスト分子には、特にアゴニスト又はアンタゴニスト抗体又は抗体断片、断片、又は天然T A H Oポリペプチドのアミノ酸配列変異体、ペプチド、アンチセンスオリゴヌクレオチド、小有機分子等が含まれる。T A H Oポリペプチドのアゴニスト又はアンタゴニストを同定する方法は、T A H Oポリペプチドと候補アゴニスト又はアンタゴニスト分子を接触させ、そして通常はT A H Oポリペプチドに関連している一又は複数の生物学的活性の検出可能な変化を測定することが含まれ得る。

「治療する」又は「治療」又は「緩和」とは、治療上の処置及び予防的療法又は防護的療法の双方を称し、その目的は、標的である病的症状又は疾患を防ぐか又は衰え(小さく)させることである。治療を必要とするものには、疾患に罹りやすいものと同時に疾患に既に罹っているもの、又は疾患が予防されるべきものを含む。本発明の方法に従って抗T A H O抗体、T A H O結合オリゴペプチド又はT A H O結合有機分子の治療量を投与された後に、患者が次の一又は複数のものについて観察可能な及び／又は測定可能な減少又は消失を示したならば、被検体又は哺乳動物は、T A H Oポリペプチド発現癌に関して成功裏に「治療された」ことになる：癌細胞の数の減少、又は癌細胞の消失；腫瘍の大きさの減少；軟部組織及び骨への癌の広がりを含む、末梢器官への癌細胞の浸潤の阻害(すなわち、ある程度の減速及び好ましくは停止)；腫瘍転移の阻害(すなわち、ある程度の減速及び好ましくは停止)；腫瘍増殖のある程度の阻害；及び／又は特定の癌に関連している一又は複数の症状のある程度の緩和；疾病率及び死亡率の減少、及び生命問題の質の改善。ある程度、抗T A H O抗体又はT A H O結合オリゴペプチドは、生存癌細胞の増殖を防ぐ及び／又は死滅させることができ、それは、細胞増殖抑制及び／又は細胞障害性であり得る。これらの兆候又は症状の低減は、また、患者が感じることができる。

【0027】

疾患における成功裏の治療及び改善を評価することに関する上記のパラメーターは、医師にとってよく知られている日常的手法によって容易に測定が可能である。癌治療では、有効性は、例えば、病気の進行までの時間(T T P)の算定及び／又は反応速度(R R)を確かめることによって測定できる。転移は、ステージング試験によって、骨のスカン及び骨への広がり確かめるためのカルシウムレベル及び他の酵素に関する試験によって確かめることができる。C Tスカンは、また、領域の骨盤及びリンパ節への広がりを探索することで行うことができる。胸のX線、及び既知の方法による肝臓の酵素レベルの測定を、それぞれ肺及び肝臓への転移を探索するために用いる。疾患をモニタリングする他

の常套的方法には、経直腸的超音波断層法（T R U S）及び経直腸的針生検（T R N B）が含まれる。

より局所的な癌である膀胱癌に関しては、疾患の進行を確かめる方法には、膀胱鏡検査による尿細胞評価、尿中に存在する血液のモニタリング、超音波断層撮影又は静脈性腎盂像、コンピュータ断層撮影法（C T）及び磁気共鳴映像法（M R I）による尿路上皮性路の視覚化が含まれる。遠隔転移の存在は、腹部のC T、胸x線、又は骨格の放射性核種イメージングによって評価することができる。

【0028】

「慢性」投与とは、初期の治療効果（活性）を長期間にわたって維持するようにするために、急性態様とは異なり連続的な態様での薬剤の投与を意味する。「間欠」投与とは、中断無く連続的になされるのではなく、むしろ本質的に周期的になされる処理である。

癌の治療、症状の緩和又は診断のための「哺乳動物」とは、哺乳動物に分類される任意の動物を意味し、ヒト、家畜用及び農場用動物、動物園、スポーツ、又はペット動物、例えばイヌ、ネコ、ウシ、ウマ、ヒツジ、ブタ、ヤギ、ウサギなどを含む。好ましくは、哺乳動物はヒトである。

一又は複数の更なる治療薬と「組み合わせた」投与とは、同時（同時期）及び任意の順序での連続した投与を含む。

【0029】

ここで用いられる「担体」は、製薬的に許容されうる担体、賦形剤、又は安定化剤を含み、用いられる服用量及び濃度でそれらに曝露される細胞又は哺乳動物に対して非毒性である。生理学的に許容されうる担体は、水性pH緩衝溶液であることが多い。生理学的に許容されうる担体の例は、リン酸塩、クエン酸塩、及び他の有機酸塩のバッファー；アスコルビン酸を含む酸化防止剤；低分子量（約10残基未満）ポリペプチド；タンパク質、例えば血清アルブミン、ゼラチン、又は免疫グロブリン；疎水性ポリマー、例えばポリビニルピロリドン；アミノ酸、例えばグリシン、グルタミン、アスパラギン、アルギニン又はリジン；グルコース、マンノース又はデキストランを含む単糖類、二糖類、及び他の炭水化物；E D T A等のキレート剤；マンニトール又はソルビトール等の糖アルコール；ナトリウム等の塩形成対イオン；及び／又は非イオン性界面活性剤、例えば、T W E E N（登録商標）、ポリエチレングリコール（P E G）、及びP L U R O N I C S（登録商標）を含む。

「固相」又は「固体支持体」とは、本発明の抗体、T A H O結合オリゴペプチド又はT A H O結合有機分子が接着できる非水性マトリクスを意味する。ここに包含される固相の例は、部分的又は全体的にガラス（例えば、径の調整されたガラス）、ポリサッカリド（例えばアガロース）、ポリアクリルアミド、ポリスチレン、ポリビニルアルコール及びシリコーンで形成されたものを含む。或る実施態様では、前後関係に応じて、固相はアッセイ用プレートのウェル；その他では精製用カラム（例えばアフィニティクロマトグラフィーカラム）を含むことができる。また、この用語は、米国特許第4275149号に記載されたような別々の粒子の不連続な固相も含む。

「リポソーム」は、哺乳動物への薬物（例えばT A H Oポリペプチド、それらに対する抗体又はT A H O結合オリゴペプチド）輸送に有用な、脂質、リン脂質及び／又は界面活性剤を含む種々のタイプの小胞体である。リポソームの成分は、通常は細胞膜の脂質配向に類似した2層構造に配列される。

【0030】

ここで定義されている「小」分子又は「小」有機分子とは、約500ダルトン未満の分子量である。

ここに開示するポリペプチド、抗体、T A H O結合オリゴペプチド、T A H O結合有機分子、又はそのアゴニスト又はアンタゴニストの「有効量」とは、特に述べた目的を実施するために十分な量のことである。「有効量」は、述べられた目的に関連して、経験的及び常套的な形で決定することができる。

【0031】

「治療的有効量」という用語は、患者又は哺乳動物の疾患又は疾病を「治療」するのに効果的な抗体、ポリペプチド、T A H O 結合オリゴペプチド、T A H O 結合有機分子又は他の薬剤の量を指す。癌の場合、治療的に有効量の薬は癌細胞の数を減じ；腫瘍の大きさを減じ；末梢器官への癌細胞の浸潤を阻害（すなわち、ある程度まで減速、好ましくは停止）し；腫瘍転移を阻害（すなわち、ある程度まで減速及び好ましくは停止）し；腫瘍増殖をある程度まで阻害し；及び／又は癌に関連する一又は複数の症状をある程度まで緩和する。「治療する」のここでの定義を参照せよ。薬が存在する癌細胞の増殖を妨げ及び／又は死滅させる程度まで、それは、細胞分裂停止及び／又は細胞障害性であり得る。

抗T A H O 抗体、T A H O ポリペプチド、T A H O 結合オリゴペプチド又はT A H O 結合有機分子の「増殖阻害量」は、細胞、特に腫瘍、例えば癌細胞の増殖をインビトロ又はインビボで阻害できる量である。腫瘍性細胞増殖の阻害の目的のための抗T A H O 抗体、T A H O ポリペプチド、T A H O 結合オリゴペプチド又はT A H O 結合有機分子の「増殖阻害量」は、経験的及び常套的な形で決定することができる。

【0032】

抗T A H O 抗体、T A H O ポリペプチド、T A H O 結合オリゴペプチド又はT A H O 結合有機分子の「細胞障害性量」は、細胞、特に腫瘍、例えば癌細胞をインビトロ又はインビボで破壊できる量である。腫瘍性細胞増殖の阻害の目的のための抗T A H O 抗体、T A H O ポリペプチド、T A H O 結合オリゴペプチド又はT A H O 結合有機分子の「細胞障害性量」は、経験的及び常套的な形で決定することができる。

「抗体」という用語は最も広い意味において使用され、例えば、単一の抗T A H O モノクローナル抗体(アゴニスト、アンタゴニスト、及び中和抗体を含む)、多エピトープ(pol yepitopic)特異性を持つ抗T A H O 抗体組成物、ポリクローナル抗体、一本鎖抗T A H O 抗体、及び所望する生物学的又は免疫学的活性を示す限りは抗T A H O 抗体の断片（下記を参照）を包含する。「免疫グロブリン」(I g)という用語は、ここでの抗体と相互に置き換え可能に用いられる。

【0033】

「単離された抗体」とは、その自然環境の成分から同定され分離され及び／又は回収されたものを意味する。その自然環境の汚染成分とは、抗体の治療への使用を妨害する物質であり、酵素、ホルモン、及び他のタンパク質様又は非タンパク質様溶質が含まれる。好ましい実施態様では、抗体は、(1)ローリー(Lowry)法によって定量して95重量%以上の、最も好ましくは99重量%以上の抗体まで、(2)スピニングカップシークエネーターを使用することにより、少なくとも15のN末端あるいは内部アミノ酸配列の残基を得るのに十分な程度まで、あるいは(3)クーマシーブルーあるいは好ましくは銀染色を用いた還元又は非還元条件下でのS D S - P A G Eによる均一性まで精製される。単離された抗体には、組換え体細胞内のインサイツの抗体が含まれるが、これは抗体の自然環境の少なくとも一つの成分が存在しないからである。しかしながら、通常は、単離された抗体は少なくとも一つの精製工程により調製される。

基本的な4-鎖抗体ユニットは2つの同一の軽(L)鎖と2つの同一の重(H)鎖から構成されるヘテロ四量体の糖タンパクである(I g M抗体は、基本的なヘテロ四量体ユニットとそれに付随するJ鎖と称される付加的なポリペプチドの5つからなり、よって10の抗原結合部位を有するが、分泌されたI g A抗体は重合して、基本的4-鎖ユニットとそれ付随するJ鎖のうち2-5つを含む多価集合を形成可能である)。I g Gの場合、4-鎖ユニットは一般的に約150000ダルトンである。それぞれのL鎖は1つの共有ジスルフィド結合によってH鎖に結合するが、2つのH鎖はH鎖のアイソタイプに応じて一又は複数のジスルフィド結合により互いに結合している。それぞれのH及びL鎖はまた規則的な間隔を持った鎖内ジスルフィド結合を持つ。それぞれのH鎖は、 α 及び γ 鎖の各々に対しては3つの定常ドメイン(C_H)が、 μ 及び ϵ アイソタイプに対しては4つの C_H ドメインが続く可変ドメイン(V_H)をN末端に有する。それぞれのL鎖は、その他端に定常ドメイン(C_L)が続く可変ドメイン(V_L)をN末端に有する。 V_L は V_H と整列し、 C_L は重鎖の第一定常ドメイン(C_{H1})と整列している。特定のアミノ酸残基が、軽鎖及び重鎖可変

ドメイン間の界面を形成すると考えられている。 V_L と V_H は共同して対になって、単一の抗原結合部位を形成する。異なるクラスの抗体の構造及び特性は、例えばBasic and Clinical Immunology, 8版, Daniel P. Stites, Abba I. Terr and Tristram G. Parslow(編), Appleton & Lange, Norwalk, CT, 1994, 71頁及び6章を参照のこと。

【0034】

任意の脊椎動物種からのL鎖には、その定常ドメインのアミノ酸配列に基づいて、カッパ及びラムダと呼ばれる2つの明確に区別される型の一つを割り当てることができる。また、その重鎖の定常ドメイン(C_H)のアミノ酸配列に応じて、免疫グロブリンには異なったクラス又はアイソタイプを割り当てることができる。IgA、IgD、IgE、IgG及びIgMという免疫グロブリンの5つの主要なクラスがあり、それぞれ α 、 δ 、 ϵ 、 γ 及び μ と呼ばれる重鎖を有する。さらに γ 及び α のクラスは、 C_H 配列及び機能等の比較的小さな差異に基づいてサブクラスに分割され、例えば、ヒトにおいては次のサブクラス：IgG1、IgG2、IgG3、IgG4、IgA1及びIgA2が発現する。

「可変」という用語は、可変ドメインのある部分が抗体の間で配列が広範囲に異なることを意味する。Vドメインは抗原結合性を媒介し、その特定の抗原に対する特定の抗体の特異性を定める。しかし、可変性は可変ドメインの110-アミノ酸スパンを通して均等には分布されていない。代わりに、V領域は、それぞれ9-12アミノ酸長である「高頻度可変領域」と称される極度の可変性を有するより短い領域によって分離された15-30アミノ酸のフレームワーク領域(FR)と呼ばれる比較的不变の伸展からなる。天然重鎖及び軽鎖の可変ドメイン各々は、大きな β -シート配置をとり、3つの高頻度可変領域により接続された4つのFR領域を含み、それはループ状の接続を形成し、 β -シート構造の一部を形成することもある。各鎖の高頻度可変領域はFRにより他の鎖からの高頻度可変領域とともに極近傍に保持され、抗体の抗原結合部位の形成に寄与している(Kabat等, Sequences of Proteins of Immunological Interest, 5th ED. Public Health Service, National Institutes of Health, Bethesda, MD. (1991))。定常ドメインは抗体の抗原への結合に直接は関係ないが、種々のエフェクター機能、例えば抗体依存性細胞障害(ADCC)における抗体の寄与を示す。

【0035】

ここで使用される場合、「高頻度可変領域」なる用語は、抗原結合性の原因となる抗体のアミノ酸残基を意味する。高頻度可変領域は「相補性決定領域」又は「CDR」からのアミノ酸残基(すなわち、 V_L においては、およそ残基24-34(L1)、50-56(L2)及び89-97(L3)、及び V_H においては、およそ1-35(H1)、50-65(H2)及び95-102(H3); Kabat等, Sequences of Proteins of Immunological Interest, 5版 Public Health Service, National Institutes of Health, Bethesda, MD. (1991))及び／又は「高度可変ループ」からの残基(例えば、 V_L においては、およそ残基26-32(L1)、50-52(L2)及び91-96(L3)、及び V_H においては、およそ26-32(H1)、53-55(H2)及び96-101(H3); Chothia及びLesk J. Mol. Biol. 196:901-917 (1987))を含んでなる。

ここで使用される「モノクローナル抗体」という用語は、実質的に均一な抗体の集団から得られる抗体を意味する、すなわち、集団に含まれる個々の抗体が、少量で存在しうる自然に生じる可能性のある突然変異を除いて同一である。モノクローナル抗体は高度に特異的であり、一つの抗原部位に対している。さらに、異なる決定基(エピトープ)に対する異なる抗体を含むポリクローナル抗体調製物と比べて、各モノクローナル抗体は、抗原上の単一の決定基に対するものである。その特異性に加えて、モノクローナル抗体は、他の抗体によって汚染されずに合成される点で有利である。「モノクローナル」との修飾詞は、抗体を何か特定の方法で生成しなければならないことを意味するものではない。例えば、本発明において有用なモノクローナル抗体は、最初にKohler等, Nature 256, 495 (1975)により記載されたハイブリドーマ法によって作ることができ、あるいは組換えDNA法によって、細菌、真核細胞動物又は植物細胞から作ることができる(例えば、米国特許第4816567号参照)。また「モノクローナル抗体」は、例えばClackson等, Nature 35

2:624-628(1991)、及びMarks等, J. Mol. Biol. 222:581-597(1991)に記載された技術を用いてファージ抗体ライブラリーから単離することもできる。

【0036】

ここで、モノクローナル抗体は、重鎖及び／又は軽鎖の一部が、特定の種由来の抗体、あるいは特定の抗体クラス又はサブクラスに属する抗体の対応する配列と同一であるか又は相同性があり、鎖の残りの部分が他の種由来の抗体、あるいは他の抗体クラス又はサブクラスに属する抗体の対応する配列と同一であるか又は相同である「キメラ」抗体、並びにそれが所望の生物活性を有する限りこのような抗体の断片を特に含む(米国特許第4816567号;及びMorrison等, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 81:6851-6855(1984))。ここで対象のキメラ抗体には、非ヒト霊長類(例えば旧世界ザル、類人猿等)から由来する可変ドメイン抗原-結合配列及びヒト定常領域配列を含む「プリマタイズ(primatized)」抗体を含む。

「無傷」の抗体は、抗原-結合部位、並びに C_L 及び少なくとも重鎖定常ドメイン、 C_{H1} 、 C_{H2} 及び C_{H3} を含むものである。定常ドメインは天然配列定常ドメイン(例えば、ヒト天然配列定常ドメイン)又はそれらのアミノ酸配列変異体であってよい。好ましくは、無傷の抗体は一又は複数のエフェクター機能を有する。

【0037】

「抗体断片」は、無傷の抗体の一部、好ましくは無傷の抗体の抗原結合又は可変領域を含む。抗体断片の例は、Fab、Fab'、 $F(ab')_2$ 、及びFv断片;ダイアボディ(diabodies);直鎖状抗体(米国特許第5641870号、実施例2;Zapata等, Protein Eng. 8(10): 1057-1062 [1995]);単鎖抗体分子;及び抗体断片から形成された多重特異性抗体を含む。

抗体のパパイン消化は、「Fab」断片と呼ばれる2つの同一の抗体結合断片と、容易に結晶化する能力を反映して命名された残留「Fc」断片を産生する。Fab断片は全長L鎖とH鎖の可変領域ドメイン(V_H)、及び一つの重鎖の第一定常ドメイン(C_{H1})からなる。各Fab断片は抗原結合性に関して一価である、すなわち単一の抗原-結合部位を有する。抗体のペプシン処理により、単一の大きな $F(ab')_2$ 断片が生じ、これは2価の抗原結合部位を持つ2つのジスルフィド結合されたFab断片にほぼ対応し、抗原を交差結合させることができるものである。Fab'断片は、抗体ヒンジ領域からの一又は複数のシステインを含む C_{H1} ドメインのカルボキシ末端に幾つかの残基が付加されていることによりFab断片と相違する。Fab'-SHは、ここでは定常ドメインのシステイン残基(類)が遊離のチオール基を持つFab'を表す。 $F(ab')_2$ 抗体断片は、通常はFab'断片の対として生成され、それらの間にヒンジシステインを有する。抗体断片の他の化学的結合も知られている。

【0038】

Fc断片はジスルフィドにより一緒に保持されている双方のH鎖のカルボキシ末端部位を含む。抗体のエフェクター機能は、Fc領域の配列により決定され、その領域は、所定の型の細胞に見出されるFcレセプター(FcR)によって認識される部位である。

「Fv」は、完全な抗原-認識及び-結合部位を含む最小の抗体断片である。この断片は、密接に非共有結合した1本の重鎖と1本の軽鎖の可変領域の二量体からなる。これら2つのドメインの折り畳みから、抗原結合のためのアミノ酸残基に寄与し、抗体に対する抗原結合特異性を付与する6つの高頻度可変ループ(H及びL鎖から、それぞれ3つのループ)が生じる。しかしながら、単一の可変ドメイン(又は抗原に特異的な3つのCDRのみを含んでなるFvの半分)でさえ、結合部位全体よりは低い親和性であるが、抗原を認識し結合する能力を持つ。

【0039】

「sFv」又は「scFv」とも略称される「単鎖Fv」は、単一のポリペプチド鎖内に結合した V_H 及び V_L 抗体ドメインを含む抗体断片である。好ましくは、sFvポリペプチドは V_H 及び V_L ドメイン間にポリペプチドリンカーをさらに含み、それはsFVが抗原結合に望まれる構造を形成するのを可能にする。sFvの概説については、Pluckthu

n in The Pharmacology of Monoclonal Antibodies, vol. 113, Rosenberg及びMoore編, Springer-Verlag, New York, pp. 269-315 (1994); Borrebaeck 1995, 以下を参照のこと。

「ダイアボディ(diabodies)」という用語は、鎖間ではなく鎖内でVドメインを対形成させ、結果として二価の断片、すなわち2つの抗原-結合部位を有する断片が得られるように、 V_H と V_L ドメインとの間に、短いリンカー(約5-10残基)を持つsFv断片(前の段落を参照)を構築することにより調製される小型の抗体断片を意味する。二重特異性ダイアボディは2つの「交差」sFv断片のヘテロダイマーであり、そこでは2つの抗体の V_H 及び V_L ドメインが異なるポリペプチド鎖上に存在する。ダイアボディは、例えば、欧州特許第404097号; 国際公開93/11161号; 及びHollinger等, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 90: 6444-6448 (1993)により十分に記載されている。

【0040】

非ヒト(例えば齧歯類)抗体の「ヒト化」形とは、非ヒト抗体から得られた最小配列を含むキメラ抗体である。大部分において、ヒト化抗体は、レシピエントの高頻度可変領域の残基が、マウス、ラット、ウサギ又は非ヒト霊長類のような所望の抗体特異性、親和性及び能力を有する非ヒト種(ドナー抗体)の高頻度可変領域の残基によって置換されたヒト免疫グロブリン(レシピエント抗体)である。ある場合には、ヒト免疫グロブリンのフレームワーク領域(FR)残基は、対応する非ヒト残基によって置換される。さらに、ヒト化抗体は、レシピエント抗体にもドナー抗体にも見出されない残基を含んでいてもよい。これらの修飾は抗体の特性をさらに洗練するために行われる。一般的に、ヒト化抗体は、全て又はほとんど全ての高頻度可変ループが非ヒト免疫グロブリンのものに一致し、全て又はほとんど全てのFRがヒト免疫グロブリン配列である、少なくとも1つ、典型的には2つの可変ドメインの実質的に全てを含む。ヒト化抗体は、状況に応じて免疫グロブリン定常領域(Fc)、典型的にはヒトの免疫グロブリンの定常領域の少なくとも一部を含む。さらなる詳細は、Jones等, Nature 321, 522-525(1986); Riechmann等, Nature 332, 323-329(1988); 及びPresta, Curr. Op. Struct. Biol. 2, 593-596(1992)を参照のこと。

「種依存性抗体」、例えば哺乳動物抗-ヒトIgE抗体は、二番目の哺乳動物種からの抗原の相同体に対して有している結合親和性よりも、一番目の哺乳動物種からの抗原に対してより強力な結合親和性を有する抗体である。通常、種依存性抗体は、ヒト抗原(すなわち、約 1×10^{-7} M以下、好ましくは約 1×10^{-8} M以下、最も好ましくは約 1×10^{-9} M以下の結合親和性(Kd)値を有する)と「特異的に結合」するが、そのヒト抗原に対する結合親和性よりも、少なくとも約50倍、又は少なくとも約500倍、又は少なくとも約1000倍弱い、二番目の非ヒト哺乳動物種からの抗原の相同体に対する結合親和性を有する。種依存性抗体は、上に定義した種々の型の抗体のいずれでもあることが可能だが、好ましくはヒト化又はヒト抗体である。

【0041】

「TAHO結合オリゴペプチド」はここで記載される様なTAHOポリペプチドに好ましくは特異的に結合するオリゴペプチドである。TAHO結合オリゴペプチドは、既知のオリゴペプチド合成方法論を用いて化学的に合成することができ、あるいは組み換え技術を用いて調製及び精製することができる。TAHO結合オリゴペプチドは通常、少なくとも約5のアミノ酸長であり、或いは少なくとも約6、7、8、9、10、11、12、13、14、15、16、17、18、19、20、21、22、23、24、25、26、27、28、29、30、31、32、33、34、35、36、37、38、39、40、41、42、43、44、45、46、47、48、49、50、51、52、53、54、55、56、57、58、59、60、61、62、63、64、65、66、67、68、69、70、71、72、73、74、75、76、77、78、79、80、81、82、83、84、85、86、87、88、89、90、91、92、93、94、95、96、97、98、99又は100のアミノ酸長以上であり、このようなオリゴペプチドはここに記載される様なTAHOポリペプチドに対して好ましくは特異的に結合する能力がある。TAHO結合オリゴペプチドは、よく知られた技術を用いて過

度の実験をすることなしに同定することができる。この点において、ポリペプチド標的に特異的に結合する能力のあるオリゴペプチドのオリゴペプチドライブラリーを検索する技術は当分野でよく知られていることを注記する（例えば、米国特許第5556762号、同第5750373号、同第4708871号、同第4833092号、同第5223409号、同第5403484号、同第5571689号、同第5663143号；PCT公開第WO84/03506号、及びWO84/03564号；Geysen等, Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A., 81:3998-4002 (1984)；Geysen等, Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A., 82:178-182 (1985)；Geysen等, in Synthetic Peptides as Antigens, 130-149 (1986)；Geysen等, J. Immunol. Meth., 102:259-274 (1987)；Schoofs等, J. Immunol., 140:611-616 (1988), Cwirlla, S.E.等(1990) Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 87:6378；Lowman, H.B.等 (1991) Biochemistry, 30:10832；Clackson, T.等 (1991) Nature, 352:624；Marks, J.D.等 (1991) J. Mol. Biol., 222:581；Kang, A.S.等 (1991) Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 88:8363、及びSmith, G.P. (1991) Current Opin. Biotechnol., 2:668参照）。

「TAHO結合有機分子」とは、ここに記載されるようなTAHOポリペプチドに、好ましくは特異的に、結合する、ここに定義されるようなオリゴペプチド又は抗体以外の有機分子である。TAHO結合有機分子は既知の方法（例えばPCT公開第WO00/00823号及びWO00/39585号参照）を用いて同定され、化学的に合成されうる。TAHO結合有機分子は通常、約2000ダルトン未満の大きさであり、あるいは約1500、750、500、250又は200ダルトン未満の大きさであり、ここに記載されるようなTAHOポリペプチドに、好ましくは特異的に結合する能力のあるこのような有機分子は、よく知られた技術を用いて過度の実験をすることなしに同定されうる。この点において、ポリペプチド標的に結合する能力のある分子の有機分子ライブラリーを検索する技術は当分野でよく知られていることを注記する（例えばPCT公開第WO00/00823号及びWO00/39585号参照）。

【0042】

対象の抗原、例えば腫瘍関連ポリペプチド抗原標的と「結合する」抗体、オリゴペプチド又は他の有機分子は、その抗体、オリゴペプチド又は他の有機分子がその抗原を発現している細胞又は組織を標的とする治療剤として有用であり、他のタンパク質と有意には交差反応しないように十分な親和性でその抗原と結合するものである。そのような実施態様では、抗体、オリゴペプチド又は他の有機分子の「非標的」タンパク質との結合の程度は、蛍光標示式細胞分取器（FACS）分析又は放射免疫沈降（RIA）によって定量して、その特定の標的タンパク質との抗体、オリゴペプチド又は他の有機分子の結合の約10%よりも低い。標的分子への抗体、オリゴペプチド又は他の有機分子の結合に関して、特定のポリペプチド又は特定のポリペプチド標的上のエピトープと「特異的に結合」又は「特異的に結合する」、又はそれに対して「特異的である」という用語は、非特異的な相互作用とは測定して異なる結合を意味する。特異的な結合は、例えば、一般に結合活性を持たない類似した構造の分子であるコントロール分子の結合性と比較して、分子の結合性を定量することによって測定することができる。例えば、特異的な結合性は、標的、例えば過剰の非標識標的に類似したコントロール分子とも競合によって定量することができる。この場合、プローブに対する標識標的の結合が過剰の非標識標的によって競合的に阻害されるならば、特異的結合が表示される。ここで使用される特定のポリペプチド又は特定のポリペプチド標的上のエピトープと「特異的に結合」又は「特異的に結合する」、又はそれに対して「特異的である」という用語は、例えば標的に対して少なくとも約 10^{-4} M、あるいは少なくとも約 10^{-5} M、あるいは少なくとも約 10^{-6} M、あるいは少なくとも約 10^{-7} M、あるいは少なくとも約 10^{-8} M、あるいは少なくとも約 10^{-9} M、あるいは少なくとも約 10^{-10} M、あるいは少なくとも約 10^{-11} M、あるいは少なくとも約 10^{-12} M、あるいはそれ以上のKdを持つ分子によって示されうる。一実施態様では、「特異的に結合する」という用語は、如何なる他のポリペプチド又はポリペプチドエピトープへ実質的に結合することなく分子が特定のポリペプチド又は特定のポリペプチドのエピトープに結合する結合を意味する。

「T A H Oポリペプチドを発現する腫瘍細胞の増殖を阻害する」抗体、オリゴペプチド又は他の有機分子、又は「増殖阻害」抗体、オリゴペプチド又は他の有機分子は、適切なT A H Oポリペプチドを発現又は過剰発現する癌細胞の測定可能な程の増殖阻害を引き起こすものである。T A H Oポリペプチドは、癌細胞の表面上に発現される膜貫通ポリペプチドであることができ、癌細胞によって産生され分泌されるポリペプチドであり得る。好ましい増殖阻害抗T A H O抗体、オリゴペプチド又は他の有機分子は、一般的には、試験された抗体、オリゴペプチド又は他の有機分子で処理されていない腫瘍細胞であるコントロールである、適切なコントロールと比較して、20%より多く、好ましくは約20%から約50%、そしてさらに好ましくは50%よりも多く（例えば、約50%から約100%）でT A H O発現腫瘍細胞の増殖を阻害する。一実施態様では、増殖阻害は、細胞培養で約0.1から30 $\mu\text{g}/\text{ml}$ 又は約0.5 nMから200 nMの抗体濃度で測定することができ、抗体への腫瘍細胞の曝露の後、増殖阻害を1-10日で確かめる。インビボでの腫瘍細胞の増殖阻害は、下記の実験実施例に記載しているような種々の方法で確かめることができる。約1 $\mu\text{g}/\text{kg}$ から約100 mg/kg 体重の抗T A H O抗体の投与が、最初の抗体の投与から約5日から3ヶ月内、好ましくは約5から30日以内に腫瘍の大きさ又は腫瘍細胞増殖に減少を引き起こす場合、抗体はインビボで増殖阻害性である。

【0043】

「アポトーシスを誘発する」抗体、オリゴペプチド又は他の有機分子は、アネキシンVの結合、DNAの断片化、細胞収縮、小胞体の拡張、細胞断片化、及び／又は膜小胞の形成（アポトーシス体と呼ばれる）等により決定されるようなプログラム細胞死を誘発するものである。細胞は、通常、T A H Oポリペプチドを過剰発現しているものである。好ましくは、細胞は腫瘍細胞、例えばB細胞、T細胞、好塩基球、好酸球、好中球、単球、血小板、又は赤血球等の造血細胞である。アポトーシスに伴う細胞のイベントを評価するために種々の方法が利用できる。例えば、ホスファチジルセリン（PS）転位をアネキシン結合により測定することができ；DNA断片化はDNAラダーリングにより評価することができ；DNA断片化に伴う細胞核／クロマチン凝結は低二倍体細胞の何らかの増加により評価することができる。好ましくは、アネキシン結合アッセイにおいて、アポトーシスを誘発する抗体、オリゴペプチド又は他の有機分子は、未処理細胞の約2～50倍、好ましくは約5～50倍、最も好ましくは約10～50倍のアネキシン結合を誘発するという結果を生じるものである。

抗体の「エフェクター機能」とは、抗体のFc領域（天然配列Fc領域又はアミノ酸配列変異体Fc領域）に帰する生物学的活性を意味し、抗体のアイソタイプにより変わる。抗体のエフェクター機能の例には、C1q結合及び補体依存性細胞障害；Fcレセプター結合性；抗体依存性細胞媒介性細胞障害（ADCC）；貪食作用；細胞表面レセプター（例えば、B細胞レセプター）のダウンレギュレーション；及びB細胞活性化が含まれる。

【0044】

「抗体依存性細胞媒介性細胞障害」又は「ADCC」とは、ある種の細胞障害細胞（例えば、ナチュラルキラー（NK）細胞、好中球及びマクロファージ）上に存在するFcレセプター（FcRs）と結合した分泌Igにより、これらの細胞障害エフェクター細胞が抗原-担持標的細胞に特異的に結合し、続いて細胞毒により標的細胞を死滅させることを可能にする細胞障害性の形態を意味する。抗体は細胞障害細胞を「備えて」おり、これはこのような死滅には絶対に必要なものである。ADCCを媒介する主要な細胞NK細胞はFc γ RIIIのみを発現するのに対し、単球はFc γ RI、Fc γ RII及びFc γ RIIIを発現する。造血細胞でのFcRの発現は、Ravetch and Kinet, Annu. Rev. Immunol 9:457-92 (1991)の464頁の表3に要約されている。対象の分子のADCC活性をアッセイするために、米国特許第5500362号又は同第5821337号に記載されているようなインビトロADCCアッセイを実施することができる。このようなアッセイにおいて有用なエフェクター細胞には、末梢血液単核細胞（PBMC）及びナチュラルキラー細胞（NK細胞）が含まれる。代わりとして、もしくは付加的に、対象の分子のADCC活性は、例えば、Clynes等, (USA) 95:652-656 (1998)において開示されているような

動物モデルにおいて、インビボで評価することが可能である。

「Fcレセプター」又は「FcR」は、抗体のFc領域に結合するレセプターを記載するものである。好適なFcRは天然配列ヒトFcRである。さらに好適なFcRは、IgG抗体（ガンマレセプター）と結合するもので、FcγRI、FcγRII及びFcγRIIIサブクラスのレセプターを含み、これらのレセプターの対立遺伝子変異体、選択的にスプライシングされた形態のものも含まれる。FcγRIIレセプターには、FcγRIIA（「活性型レセプター」）及びFcγRIIB（「阻害型レセプター」）が含まれ、主としてその細胞質ドメインは異なるが、類似のアミノ酸配列を有するものである。活性型レセプターFcγRIIAは、細胞質ドメインにチロシン依存性免疫レセプター活性化モチーフ（immunoreceptor tyrosine-based activation motif ; ITAM）を含んでいる。阻害型レセプターFcγRIIBは、細胞質ドメインにチロシン依存性免疫レセプター阻害性モチーフ（immunoreceptor tyrosine-based inhibition motif ; ITIM）を含んでいる（Daeron, Annu. Rev. immunol. 15:203-234 (1997)を参照）。FcRsに関しては、Ravetch and Kinet, Annu.Rev. Immunol. 9:457-492 (1991); Capel等, Immunomethods 4:25-34 (1994); 及びde Haas等, J.Lab. Clin. Med. 126:330-41 (1995)に概説されている。将来的に同定されるものも含む他のFcRsはここでの「FcR」という言葉によって包含される。また、該用語には、母性IgGsが胎児に受け継がれる要因となっている新生児性レセプターFcRn（Guyer等, J. Immunol. 117:587 (1976) Kim等, J. Immunol. 24:249 (1994)）も含まれる。

【0045】

「ヒトエフェクター細胞」とは、一又は複数のFcRsを発現し、エフェクター機能を実行する白血球のことである。その細胞が少なくともFcγRIIIを発現し、ADCCエフェクター機能を実行することが望ましい。ADCCを媒介するヒト白血球の例として、末梢血液単核細胞（PBMC）、ナチュラルキラー（NK）細胞、単球、細胞障害性T細胞及び好中球が含まれるが、PBMCとNK細胞が好適である。エフェクター細胞は天然源、例えば血液から単離してもよい。

「補体依存性細胞障害」もしくは「CDC」は、補体の存在下で標的を溶解することを意味する。典型的な補体経路の活性化は補体系（Clq）の第1補体が、同族抗原と結合した（適切なサブクラスの）抗体に結合することにより開始される。補体の活性化を評価するために、CDCアッセイを、例えばGazzano-Santoro等, J. Immunol. Methods 202:163 (1996)に記載されているように実施することができる。

【0046】

「癌」及び「癌性」という用語は、典型的には調節されない細胞増殖を特徴とする、哺乳動物における生理学的状態を指すか記述する。癌の例には、これらに限定されるものではないが、造血性癌又は血液関連癌、例えばリンパ腫、白血病、骨髄腫又はリンパ性悪性腫瘍に加え、脾臓の癌及びリンパ節の癌が含まれる。そのようなB細胞関連癌の具体的な例として、例えば、高悪性度、中悪性度及び低悪性度のリンパ腫（例えば粘膜内リンパ組織B細胞リンパ腫及び非ホジキンリンパ腫等のB細胞リンパ腫、マントル細胞リンパ腫、バーキットリンパ腫、小リンパ球リンパ腫、周辺帯リンパ腫、拡散性大細胞リンパ腫、濾胞性リンパ腫、及びホジキンリンパ腫及びT細胞リンパ腫を含む）、白血病（二次性白血病、慢性リンパ性白血病、例えばB細胞白血病（CD5+Bリンパ球）、骨髄性白血病、例えば急性骨髄性白血病、慢性骨髄性白血病、リンパ性白血病、例えば急性リンパ芽球性白血病及び骨髄異形成症候群を含む）、プラズマ細胞悪性腫瘍等の多発性骨髄腫、並びにその他血液学的及び／又はB細胞又はT細胞関連癌が挙げられる。更には追加的な造血性細胞の癌が含まれ、このような細胞には、好塩基球、好酸球、好中球及び単球等の多形核白血球、樹状細胞、血小板、赤血球及びナチュラルキラー細胞が含まれる。B細胞癌の起源を説明する。周辺帯B細胞リンパ腫は周辺帯の記憶B細胞を起源とし、濾胞性リンパ腫及び拡散性大B細胞リンパ腫は胚中心の軽帯（light zone）の中心細胞を起源とし、多発性骨髄腫はプラズマ細胞を起源とし、慢性リンパ性白血病及び小リンパ球白血病はB1細胞（CD5+）を起源とし、マントル細胞リンパ腫はマントル帯のナイーブなB細胞を起

源とし、バーキットリンパ腫は胚中心の暗帯 (dark zone) の中心芽細胞を起源とする。本明細書で「造血性細胞組織」と呼ぶ造血性細胞を含む組織には、胸腺及び骨髄及び末梢性リンパ組織、例えば脾臓、リンパ節、粘膜に関連するリンパ組織、例えば消化管関連のリンパ組織、扁桃腺、パイエル板及び虫垂及びその他粘膜に関連するリンパ組織、例えば気管支内側が含まれる。

「細胞増殖性疾患」及び「増殖性疾患」という用語は、ある程度の異常な細胞増殖を伴う疾患を意味する。一実施態様では、細胞増殖性疾患は癌である。

ここで用いられる「腫瘍」は、悪性又は良性に関わらず、全ての腫瘍形成細胞成長及び増殖、及び全ての前癌性及び癌性細胞及び組織を意味する。

【0047】

「細胞死を誘導する」抗体、オリゴペプチド又は他の有機分子は、生細胞を生育不能にするものである。細胞は、T A H O ポリペプチドを発現するものであり、T A H O ポリペプチドを特異的に発現するか、又は過剰発現する種類の細胞である。細胞は特定の細胞腫瘍の癌性細胞あるいは正常細胞でもよい。T A H O ポリペプチドは、癌細胞の表面上で発現される膜貫通ポリペプチドであることができ、癌細胞により生成され分泌されるポリペプチドであり得る。その細胞は癌細胞、例えば、B細胞又はT細胞である。インビトロ細胞死は、抗体依存性細胞媒介細胞障害 (A D C C) 又は補体依存性障害 (C D C) によって誘導される細胞死を識別するために、補体及び免疫エフェクター細胞の無い状態で確かめてもよい。従って、細胞死に関するアッセイは、熱不活性化血清 (すなわち、補体の無い) を用いて、免疫エフェクター細胞が無い状態でおこなってもよい。抗体、オリゴペプチド又は他の有機分子が細胞死を誘導するか否かを確かめるために、ヨウ化プロピジウム (P I)、トリパンブルー (Moore等 Cytotechnology 17: 1-11(1995)) 又は7 A A Dの取り込みによって評価した膜整合性の損失を、未処理細胞と関連して評価することができる。好ましい細胞死を誘導する抗体、オリゴペプチド又は他の有機分子は、B T 4 7 4 細胞でのP I取り込みアッセイで、P I取り込みを誘導するものである。

「T A H O 発現細胞」は、細胞の表面上に又は分泌形態で内因性又は形質移入されたT A H O ポリペプチドを発現する。「T A H O 発現癌」は、細胞表面上に存在するT A H O ポリペプチドを有する、又はT A H O ポリペプチドを生成し分泌する細胞を含む癌である。任意には、「T A H O 発現癌」は、その細胞の表面上に十分なレベルのT A H O ポリペプチドを生成し、抗T A H O 抗体、オリゴペプチド又は他の有機分子はそれへ結合することができ、癌に関して治療的効果を有する。他の実施態様では、任意には「T A H O 発現癌」は、抗T A H O 抗体、オリゴペプチド又は他の有機分子アンタゴニストが結合することができ、癌に対して治療的有効量を有するように十分なレベルのT A H O ポリペプチドを産生及び分泌する。後者に関して、アンタゴニストは腫瘍細胞による分泌T A H O ポリペプチドの産生及び分泌を減少、抑制又は阻害するアンチセンスオリゴヌクレオチドであり得る。T A H O ポリペプチドを「過剰発現」する癌は、同じ組織型の非癌性細胞と比較して、その細胞表面に顕著により高いレベルのT A H O ポリペプチドを有する、或いは産生及び分泌するものである。そのような過剰発現は、遺伝子増幅又は増大した転写又は翻訳によって生じ得る。T A H O ポリペプチド過剰発現は、検出又は予後アッセイにおいて、細胞の表面上に存在する、あるいは細胞により分泌されるT A H O タンパク質の増大したレベルを評価することによって定量されうる (例えば、T A H O ポリペプチドをコードする単離された核酸から、組み換えD N A 技術を用いて調製することができる単離されたT A H O ポリペプチドに対して調製した抗T A H O 抗体を用いた免疫組織化学アッセイを介して; F A C S 分析など)。あるいは、又は付加的に、例えば、T A H O コード化核酸又はその相補鎖と一致する核酸ベースプローブを使用する蛍光インサイツハイブリダイゼーション; (F I S H; 1998年10月公開の国際公開98/45479を参照せよ)、サザンブロッティング、ノーザンブロッティング、又はポリメラーゼ連鎖反応 (P C R) 技術、例えばリアルタイム定量P C R (R T - P C R) を介して、細胞のT A H O ポリペプチドコード化核酸又はm R N A のレベルを測定してもよい。また、例えば、抗体ベースアッセイを用いて、血清のような生物学的体液中に流れている抗原を測定することによ

って、T A H Oポリペプチド過剰発現を研究してもよい（同じく、例えば、1990年6月12日に発行の米国特許第4933294号；1991年4月18日に公開の国際公開91/05264；1995年3月28日に発行の米国特許第5401638号；Sias等，J. Immunol. Methods 132: 73-80(1990)を参照せよ）。上記のアッセイとは別に、種々のインビボアッセイは、熟練技術者に入手可能である。例えば、患者の体の中にある細胞を、例えば、放射活性アイソトープのような検出可能な標識で場合によって標識した抗体に曝してもよく、患者の細胞への抗体の結合は、例えば、放射活性の外部スキャンニングによって、又は以前に抗体へ曝した患者から取り出した生検を分析することによって評価することができる。

【0048】

ここで用いられているように、「イムノアドヘシン」という用語は、免疫グロブリン定常ドメインのエフェクター機能を持つ異種タンパク質（「アドヘシン」）の結合特異性を付与した抗体様分子を指す。構造的には、イムノアドヘシンは抗体の抗原認識及び結合部位以外の所望の結合特異性を持つアミノ酸配列（即ち「異種」）と免疫グロブリン定常ドメイン配列との融合物である。イムノアドヘシン分子のアドヘシン部分は、典型的には少なくともレセプター又はリガンドの結合部位を含む近接アミノ酸配列を含む。イムノアドヘシンの免疫グロブリン定常ドメイン配列は、I g G-1、I g G-2、I g G-3、又はI g G-4サブタイプ、I g A（I g A-1及びI g A-2を含む）、I g E、I g D又はI g Mなどの任意の免疫グロブリンから得ることができる。

「標識」という語は、ここで用いられる場合、「標識化」抗体、オリゴペプチド又は他の有機分子を作製するために、抗体、オリゴペプチド又は他の有機分子に直接的又は間接的に結合させる検出可能な化合物又は組成物を意味する。標識はそれ自身によって検出可能でもよく（例えば、放射性同位体標識又は蛍光標識）、あるいは、酵素標識の場合には、検出可能な基質化合物又は組成物の化学的変換を触媒してもよい。

【0049】

ここで用いられる「細胞障害性剤」という用語は、細胞の機能を阻害又は阻止し及び／又は細胞破壊を生ずる物質を指す。この用語は、放射性同位体（例えば、 At^{211} 、 I^{131} 、 I^{125} 、 Y^{90} 、 Re^{186} 、 Re^{188} 、 Sm^{153} 、 Bi^{212} 、 P^{32} 及び Lu の放射性同位体）、化学治療薬、例えばメトトレキセート、アドリアマイシン、ビンカルカロイド類（ビンクリスチン、ビンブラスチン、エトポシド）、ドキソルビシン、メルファラン、マイトマイシンC、クロラムブシル、ダウノルビシン又は他の挿入剤、酵素及びその断片、例えば核酸溶解性酵素、抗生物質、及び毒素、例えばその断片及び／又は変異体を含む小分子毒素又は細菌、糸状菌、植物又は動物起源の酵素的に活性な毒素、そして下記に開示する種々の抗腫瘍又は抗癌剤を含むように意図されている。他の細胞障害性薬が下記に記載されている。殺腫瘍性剤は、腫瘍細胞の破壊を引き起こす。

ここで用いられる際の「増殖阻害剤」は、細胞、特にT A H O発現癌細胞の増殖をインビトロ又はインビボの何れかで阻害する化合物又は組成物を意味する。よって、増殖阻害剤は、S期でT A H O発現細胞の割合を有意に減少させるものである。増殖阻害剤の例は、細胞周期の進行を（S期以外の位置で）阻害する薬剤、例えばG1停止又はM期停止を誘発する薬剤を含む。古典的なM期ブロッカーは、ビンカス（ビンクリスチン及びビンブラスチン）、タキサン類、及びトポイソメラーゼII阻害剤、例えばドキソルビシン、エピルビシン、ダウノルビシン、エトポシド、及びブレオマイシンを含む。またG1停止させるこれらの薬剤は、S期停止にも波及し、例えば、DNAアルキル化剤、例えば、タモキシフェン、プレドニゾン、ダカルバジン、メクロレタミン、シスプラチン、メトトレキセート、5-フルオロウラシル、及びアラ-Cである。更なる情報は、The Molecular Basis of Cancer, Mendelsohn及びIsrael, 編, Chapter 1, 表題「Cell cycle regulation, oncogene, and antineoplastic drugs」, Murakami等, (WB Saunders: Philadelphia, 1995)、特に13頁に見出すことができる。タキサン類（パクリタキセル及びドセタキセル）は、共にイチイに由来する抗癌剤である。ヨーロッパイチイに由来するドセタキセル（TAXOTERE（登録商標）、ローン・プーラン ローラー）は、パクリタキセル（TAXOL（登録商

標)、ブリストル-マイヤー スクウィブ)の半合成類似体である。パクリタキセル及びドセタキセルは、チューブリン二量体から微小管の集合を促進し、細胞の有糸分裂を阻害する結果となる脱重合を防ぐことによって微小管を安定化にする。

【0050】

「ドキシソルビシン」はアントラサイクリン抗生物質である。ドキシソルビシンの完全な化学名は、(8S-シス)-10-[(3-アミノ-2, 3, 6-トリデオキシ- α -L-リキソ-ヘキサピラノシル)オキシ]-7, 8, 9, 10-テトラヒドロ-6, 8, 11-トリヒドロキシ-8-(ヒドロキシアセチル)-1-メトキシ-5, 12-ナフタセンジオンである。

「サイトカイン」なる用語は、一つの細胞集団から放出され、他の細胞に細胞間メディエータとして作用するタンパク質の一般用語である。このようなサイトカインの例は、リンホカイン、モノカイン、及び伝統的なポリペプチドホルモンである。サイトカインに含まれるのは、成長ホルモン、例えばヒト成長ホルモン、N-メチオニルヒト成長ホルモン、及びウシ成長ホルモン；副甲状腺ホルモン；チロキシニン；インシュリン；プロインシュリン；レラキシニン；プロレラキシニン；糖タンパク質ホルモン、例えば濾胞刺激ホルモン(FSH)、甲状腺刺激ホルモン(TSH)、及び黄体化ホルモン(LH)；肝臓成長因子；線維芽成長因子；プロラクチン；胎盤ラクトゲン；腫瘍壊死因子- α 及び- β ；ミューラー阻害因子；マウス生殖腺刺激ホルモン関連ペプチド；インヒビン；アクチビン；血管内皮成長因子；インテグリン；トロンプオエチン(TPO)；NGF- β 等の神経成長因子；血小板成長因子；TGF- α 及びTGF- β 等のトランスフォーミング成長因子(TGFs)；インシュリン様成長因子-I及びII；エリスロポエチン(EPO)；骨誘発因子；インターフェロン- α 、- β 、及び- γ 等のインターフェロン；コロニー刺激因子(CSFs)、例えばマクロファージ-CSF(M-CSF)；顆粒球-マクロファージ-CSF(GM-CSF)；及び顆粒球-CSF(G-CSF)；インターロイキン(ILs)、例えばIL-1、IL-1 α 、IL-2、IL-3、IL-4、IL-5、IL-6、IL-7、IL-8、IL-9、IL-11、IL-12；腫瘍壊死因子、例えばTNF- α 及びTNF- β ；及びLIF及びキットリガンド(KL)を含む他のポリペプチド因子である。ここで用いられる際、用語サイトカインには、天然供給源から、又は組換え細胞培養からのタンパク質、及び天然配列サイトカインの生物学的に活性な等価物が含まれる。

「パッケージ挿入物」という用語は、効能、用途、服用量、投与、配合禁忌及び／又はその治療薬の用途に関する警告についての情報を含む、治療薬の商業的包装を慣習的に含めた指示書を指す。

【0051】

表 1

```

/*
 *
 * C-C increased from 12 to 15
 * Z is average of EQ
 * B is average of ND
 * match with stop is _M; stop-stop = 0; J (joker) match = 0
 */
#define _M      -8      /* value of a match with a stop */

int      _day[26][26] = {
/*      A  B  C  D  E  F  G  H  I  J  K  L  M  N  O  P  Q  R  S  T  U  V  W  X  Y  Z */
/* A */      { 2, 0, -2, 0, 0, -4, 1, -1, -1, 0, -1, -2, -1, 0, _M, 1, 0, -2, 1, 1, 0, 0, -6, 0, -3, 0},
/* B */      { 0, 3, -4, 3, 2, -5, 0, 1, -2, 0, 0, -3, -2, 2, _M, -1, 1, 0, 0, 0, 0, -2, -5, 0, -3, 1},
/* C */      {-2, -4, 15, -5, -5, -4, -3, -3, -2, 0, -5, -6, -5, -4, _M, -3, -5, -4, 0, -2, 0, -2, -8, 0, 0, -5},
/* D */      { 0, 3, -5, 4, 3, -6, 1, 1, -2, 0, 0, -4, -3, 2, _M, -1, 2, -1, 0, 0, 0, -2, -7, 0, -4, 2},
/* E */      { 0, 2, -5, 3, 4, -5, 0, 1, -2, 0, 0, -3, -2, 1, _M, -1, 2, -1, 0, 0, 0, -2, -7, 0, -4, 3},
/* F */      {-4, -5, -4, -6, -5, 9, -5, -2, 1, 0, -5, 2, 0, -4, _M, -5, -5, -4, -3, -3, 0, -1, 0, 0, 7, -5},
/* G */      { 1, 0, -3, 1, 0, -5, 5, -2, -3, 0, -2, -4, -3, 0, _M, -1, -1, -3, 1, 0, 0, -1, -7, 0, -5, 0},
/* H */      {-1, 1, -3, 1, 1, -2, -2, 6, -2, 0, 0, -2, -2, 2, _M, 0, 3, 2, -1, -1, 0, -2, -3, 0, 0, 2},
/* I */      {-1, -2, -2, -2, -2, 1, -3, -2, 5, 0, -2, 2, 2, -2, _M, -2, -2, -2, -1, 0, 0, 4, -5, 0, -1, -2},
/* J */      { 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, _M, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0},
/* K */      {-1, 0, -5, 0, 0, -5, -2, 0, -2, 0, 5, -3, 0, 1, _M, -1, 1, 3, 0, 0, 0, -2, -3, 0, -4, 0},
/* L */      {-2, -3, -6, -4, -3, 2, -4, -2, 2, 0, -3, 6, 4, -3, _M, -3, -2, -3, -3, -1, 0, 2, -2, 0, -1, -2},
/* M */      {-1, -2, -5, -3, -2, 0, -3, -2, 2, 0, 0, 4, 6, -2, _M, -2, -1, 0, -2, -1, 0, 2, -4, 0, -2, -1},
/* N */      { 0, 2, -4, 2, 1, -4, 0, 2, -2, 0, 1, -3, -2, 2, _M, -1, 1, 0, 1, 0, 0, -2, -4, 0, -2, 1},
/* O */      {_M, _M, _M, _M, _M, _M, _M, _M, _M, _M, _M, _M, _M, _M, _M, 0, _M, _M, _M, _M, _M, _M, _M, _M, _M},
/* P */      { 1, -1, -3, -1, -1, -5, -1, 0, -2, 0, -1, -3, -2, -1, _M, 6, 0, 0, 1, 0, 0, -1, -6, 0, -5, 0},
/* Q */      { 0, 1, -5, 2, 2, -5, -1, 3, -2, 0, 1, -2, -1, 1, _M, 0, 4, 1, -1, -1, 0, -2, -5, 0, -4, 3},
/* R */      {-2, 0, -4, -1, -1, -4, -3, 2, -2, 0, 3, -3, 0, 0, _M, 0, 1, 6, 0, -1, 0, -2, 2, 0, -4, 0},
/* S */      { 1, 0, 0, 0, 0, -3, 1, -1, -1, 0, 0, -3, -2, 1, _M, 1, -1, 0, 2, 1, 0, -1, -2, 0, -3, 0},
/* T */      { 1, 0, -2, 0, 0, -3, 0, -1, 0, 0, 0, -1, -1, 0, _M, 0, -1, -1, 1, 3, 0, 0, -5, 0, -3, 0},
/* U */      { 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, _M, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0},
/* V */      { 0, -2, -2, -2, -2, -1, -1, -2, 4, 0, -2, 2, 2, -2, _M, -1, -2, -2, -1, 0, 0, 4, -6, 0, -2, -2},
/* W */      {-6, -5, -8, -7, -7, 0, -7, -3, -5, 0, -3, -2, -4, -4, _M, -6, -5, 2, -2, -5, 0, -6, 17, 0, 0, -6},
/* X */      { 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, _M, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0},
/* Y */      {-3, -3, 0, -4, -4, 7, -5, 0, -1, 0, -4, -1, -2, -2, _M, -5, -4, -4, -3, -3, 0, -2, 0, 0, 10, -4},
/* Z */      { 0, 1, -5, 2, 3, -5, 0, 2, -2, 0, 0, -2, -1, 1, _M, 0, 3, 0, 0, 0, 0, -2, -6, 0, -4, 4}
};

```

表 1 (続き)

```

/*
 */
#include <stdio.h>
#include <ctype.h>

#define MAXJMP      16      /* max jumps in a diag */
#define MAXGAP      24      /* don't continue to penalize gaps larger than this */
#define JMPS        1024    /* max jmps in an path */
#define MX          4       /* save if there's at least MX-1 bases since last jmp */

#define DMAT         3      /* value of matching bases */
#define DMIS         0      /* penalty for mismatched bases */
#define DINS0        8      /* penalty for a gap */
#define DINS1        1      /* penalty per base */
#define PINS0        8      /* penalty for a gap */
#define PINS1        4      /* penalty per residue */

struct jmp {
    short          n[MAXJMP];      /* size of jmp (neg for dely) */
    unsigned short x[MAXJMP];      /* base no. of jmp in seq x */
};
/* limits seq to 2^16 -1 */

struct diag {
    int            score;          /* score at last jmp */
    long           offset;         /* offset of prev block */
    short          ijmp;           /* current jmp index */
    struct jmp     jp;             /* list of jmps */
};

struct path {
    int            spc;            /* number of leading spaces */
    short          n[JMPS];        /* size of jmp (gap) */
    int            x[JMPS];        /* loc of jmp (last elem before gap) */
};

char              *ofile;         /* output file name */
char              *namex[2];      /* seq names: getseqs() */
char              *prog;          /* prog name for err msgs */
char              *seqx[2];       /* seqs: getseqs() */
int               dmax;           /* best diag: nw() */
int               dmax0;          /* final diag */
int               dna;            /* set if dna: main() */
int               endgaps;        /* set if penalizing end gaps */
int               gapx, gapy;     /* total gaps in seqs */
int               len0, len1;     /* seq lens */
int               ngapx, ngapy;   /* total size of gaps */
int               smax;           /* max score: nw() */
int               *xbm;           /* bitmap for matching */
long              offset;         /* current offset in jmp file */
struct            diag            *dx;      /* holds diagonals */
struct            path            pp[2];    /* holds path for seqs */

char              *calloc(), *malloc(), *index(), *strcpy();
char              *getseq(), *g_calloc();

```


表 1(続き)

```

/* Needleman-Wunsch alignment program
*
* usage: progs file1 file2
* where file1 and file2 are two dna or two protein sequences.
* The sequences can be in upper- or lower-case and may contain ambiguity
* Any lines beginning with ';', '>' or '<' are ignored
* Max file length is 65535 (limited by unsigned short x in the jmp struct)
* A sequence with 1/3 or more of its elements ACGTU is assumed to be DNA
* Output is in the file "align.out"
*
* The program may create a tmp file in /tmp to hold info about traceback.
* Original version developed under BSD 4.3 on a vax 8650
*/
#include "nw.h"
#include "day.h"

static _dbval[26] = {
    1,14,2,13,0,0,4,11,0,0,12,0,3,15,0,0,0,5,6,8,8,7,9,0,10,0
};

static _pbval[26] = {
    1, 2|(1<<('D'-'A'))|(1<<('N'-'A')), 4, 8, 16, 32, 64,
    128, 256, 0xFFFFFFFF, 1<<10, 1<<11, 1<<12, 1<<13, 1<<14,
    1<<15, 1<<16, 1<<17, 1<<18, 1<<19, 1<<20, 1<<21, 1<<22,
    1<<23, 1<<24, 1<<25|(1<<('E'-'A'))|(1<<('Q'-'A'))
};

main(ac, av)
int ac;
char *av[];
{
    prog = av[0];
    if (ac != 3) {
        fprintf(stderr, "usage: %s file1 file2\n", prog);
        fprintf(stderr, "where file1 and file2 are two dna or two protein sequences.\n");
        fprintf(stderr, "The sequences can be in upper- or lower-case\n");
        fprintf(stderr, "Any lines beginning with ';' or '<' are ignored\n");
        fprintf(stderr, "Output is in the file \"align.out\"\n");
        exit(1);
    }
    namex[0] = av[1];
    namex[1] = av[2];
    seqx[0] = getseq(namex[0], &len0);
    seqx[1] = getseq(namex[1], &len1);
    xbm = (dna)? _dbval : _pbval;

    endgaps = 0; /* 1 to penalize endgaps */
    ofile = "align.out"; /* output file */

    nw(); /* fill in the matrix, get the possible jmps */
    readjmps(); /* get the actual jmps */
    print(); /* print stats, alignment */

    cleanup(0); /* unlink any tmp files */}

```

表 1 (続き)

```

/* do the alignment, return best score: main()
 * dna: values in Fitch and Smith, PNAS, 80, 1382-1386, 1983
 * pro: PAM 250 values
 * When scores are equal, we prefer mismatches to any gap, prefer
 * a new gap to extending an ongoing gap, and prefer a gap in seqx
 * to a gap in seq y.
 */

```

```

nw()

```

nw

```

{
    char      *px, *py;          /* seqs and ptrs */
    int       *ndely, *dely;     /* keep track of dely */
    int       ndelx, delx;       /* keep track of delx */
    int       *tmp;              /* for swapping row0, row1 */
    int       mis;               /* score for each type */
    int       ins0, ins1;        /* insertion penalties */
    register  id;                /* diagonal index */
    register  ij;                /* jmp index */
    register  *col0, *col1;      /* score for curr, last row */
    register  xx, yy;            /* index into seqs */

    dx = (struct diag *)g_calloc("to get diags", len0+len1+1, sizeof(struct diag));
    ndely = (int *)g_calloc("to get ndely", len1+1, sizeof(int));
    dely = (int *)g_calloc("to get dely", len1+1, sizeof(int));
    col0 = (int *)g_calloc("to get col0", len1+1, sizeof(int));
    col1 = (int *)g_calloc("to get col1", len1+1, sizeof(int));
    ins0 = (dna)? DINS0 : PINS0;
    ins1 = (dna)? DINS1 : PINS1;
    smax = -10000;
    if (endgaps) {
        for (col0[0] = dely[0] = -ins0, yy = 1; yy <= len1; yy++) {
            col0[yy] = dely[yy] = col0[yy-1] - ins1;
            ndely[yy] = yy;
        }
        col0[0] = 0;          /* Waterman Bull Math Biol 84 */
    }
    else
        for (yy = 1; yy <= len1; yy++)
            dely[yy] = -ins0;
    /* fill in match matrix
     */
    for (px = seqx[0], xx = 1; xx <= len0; px++, xx++) {
        /* initialize first entry in col
         */
        if (endgaps) {
            if (xx == 1)
                col1[0] = delx = -(ins0+ins1);
            else
                col1[0] = delx = col0[0] - ins1;
            ndelx = xx;
        }
        else {
            col1[0] = 0;
            delx = -ins0;
            ndelx = 0;
        }
    }
}

```

表 1 (続き)

...nw

```

for (py = seqx[1], yy = 1; yy <= len1; py++, yy++) {
    mis = col0[yy-1];
    if (dna)
        mis += (xbm[*px-'A']&xbm[*py-'A'])? DMAT : DMIS;
    else
        mis += _day[*px-'A'][*py-'A'];

    /* update penalty for del in x seq;
     * favor new del over ongong del
     * ignore MAXGAP if weighting endgaps
     */
    if (endgaps || ndely[yy] < MAXGAP) {
        if (col0[yy] - ins0 >= dely[yy]) {
            dely[yy] = col0[yy] - (ins0+ins1);
            ndely[yy] = 1;
        } else {
            dely[yy] -= ins1;
            ndely[yy]++;
        }
    } else {
        if (col0[yy] - (ins0+ins1) >= dely[yy]) {
            dely[yy] = col0[yy] - (ins0+ins1);
            ndely[yy] = 1;
        } else
            ndely[yy]++;
    }

    /* update penalty for del in y seq;
     * favor new del over ongong del
     */
    if (endgaps || ndelx < MAXGAP) {
        if (col1[yy-1] - ins0 >= delx) {
            delx = col1[yy-1] - (ins0+ins1);
            ndelx = 1;
        } else {
            delx -= ins1;
            ndelx++;
        }
    } else {
        if (col1[yy-1] - (ins0+ins1) >= delx) {
            delx = col1[yy-1] - (ins0+ins1);
            ndelx = 1;
        } else
            ndelx++;
    }

    /* pick the maximum score; we're favoring
     * mis over any del and delx over dely
     */

    id = xx - yy + len1 - 1;
    if (mis >= delx && mis >= dely[yy])
        col1[yy] = mis;

```

...nw

表 1 (続き)

```

else if (delx >= dely[yy]) {
    col1[yy] = delx;
    ij = dx[id].ijmp;
    if (dx[id].jp.n[0] && (!dna || (ndelx >= MAXJMP
    && xx > dx[id].jp.x[ij]+MX) || mis > dx[id].score+DINS0)) {
        dx[id].ijmp++;
        if (++ij >= MAXJMP) {
            writejmps(id);
            ij = dx[id].ijmp = 0;
            dx[id].offset = offset;
            offset += sizeof(struct jmp) + sizeof(offset);
        }
    }
    dx[id].jp.n[ij] = ndelx;
    dx[id].jp.x[ij] = xx;
    dx[id].score = delx;
}
else {
    col1[yy] = dely[yy];
    ij = dx[id].ijmp;
    if (dx[id].jp.n[0] && (!dna || (ndely[yy] >= MAXJMP
    && xx > dx[id].jp.x[ij]+MX) || mis > dx[id].score+DINS0)) {
        dx[id].ijmp++;
        if (++ij >= MAXJMP) {
            writejmps(id);
            ij = dx[id].ijmp = 0;
            dx[id].offset = offset;
            offset += sizeof(struct jmp) + sizeof(offset);
        }
    }
    dx[id].jp.n[ij] = -ndely[yy];
    dx[id].jp.x[ij] = xx;
    dx[id].score = dely[yy];
}
if (xx == len0 && yy < len1) {
    /* last col
    */
    if (endgaps)
        col1[yy] -= ins0+ins1*(len1-yy);
    if (col1[yy] > smax) {
        smax = col1[yy];
        dmax = id;
    }
}
}
if (endgaps && xx < len0)
    col1[yy-1] -= ins0+ins1*(len0-xx);
if (col1[yy-1] > smax) {
    smax = col1[yy-1];
    dmax = id;
}
}
tmp = col0; col0 = col1; col1 = tmp;
}
(void) free((char *)ndely);
(void) free((char *)dely);
(void) free((char *)col0);
(void) free((char *)col1);
}

```

表 1(続き)

```

/*
 *
 * print() -- only routine visible outside this module
 *
 * static:
 * getmat() -- trace back best path, count matches: print()
 * pr_align() -- print alignment of described in array p[]: print()
 * dumpblock() -- dump a block of lines with numbers, stars: pr_align()
 * nums() -- put out a number line: dumpblock()
 * putline() -- put out a line (name, [num], seq, [num]): dumpblock()
 * stars() -- put a line of stars: dumpblock()
 * stripname() -- strip any path and prefix from a seqname
 */

#include "nw.h"

#define SPC      3
#define P_LINE  256    /* maximum output line */
#define P_SPC    3      /* space between name or num and seq */

extern _day[26][26];
int olen;              /* set output line length */
FILE *fx;              /* output file */

print()
{
    int lx, ly, firstgap, lastgap;    /* overlap */

    if ((fx = fopen(ofile, "w")) == 0) {
        fprintf(stderr, "%s: can't write %s\n", prog, ofile);
        cleanup(1);
    }
    fprintf(fx, "<first sequence: %s (length = %d)\n", namex[0], len0);
    fprintf(fx, "<second sequence: %s (length = %d)\n", namex[1], len1);
    olen = 60;
    lx = len0;
    ly = len1;
    firstgap = lastgap = 0;
    if (dmax < len1 - 1) { /* leading gap in x */
        pp[0].spc = firstgap = len1 - dmax - 1;
        ly -= pp[0].spc;
    }
    else if (dmax > len1 - 1) { /* leading gap in y */
        pp[1].spc = firstgap = dmax - (len1 - 1);
        lx -= pp[1].spc;
    }
    if (dmax0 < len0 - 1) { /* trailing gap in x */
        lastgap = len0 - dmax0 - 1;
        lx -= lastgap;
    }
    else if (dmax0 > len0 - 1) { /* trailing gap in y */
        lastgap = dmax0 - (len0 - 1);
        ly -= lastgap;
    }
    getmat(lx, ly, firstgap, lastgap);
    pr_align();
}

```

print

表 1(続き)

```

/*
 * trace back the best path, count matches
 */
static
getmat(lx, ly, firstgap, lastgap)                                getmat
    int      lx, ly;                                           /* "core" (minus endgaps) */
    int      firstgap, lastgap;                                /* leading trailing overlap */
{
    int      nm, i0, i1, siz0, siz1;
    char      outx[32];
    double    pct;
    register  n0, n1;
    register char *p0, *p1;
    /* get total matches, score
     */
    i0 = i1 = siz0 = siz1 = 0;
    p0 = seqx[0] + pp[1].spc;
    p1 = seqx[1] + pp[0].spc;
    n0 = pp[1].spc + 1;
    n1 = pp[0].spc + 1;
    nm = 0;
    while ( *p0 && *p1 ) {
        if (siz0) {
            p1++;
            n1++;
            siz0--;
        }
        else if (siz1) {
            p0++;
            n0++;
            siz1--;
        }
        else {
            if (xbm[*p0-'A']&xbm[*p1-'A'])
                nm++;
            if (n0++ == pp[0].x[i0])
                siz0 = pp[0].n[i0++];
            if (n1++ == pp[1].x[i1])
                siz1 = pp[1].n[i1++];
            p0++;
            p1++;
        }
    }

    /* pct homology:
     * if penalizing endgaps, base is the shorter seq
     * else, knock off overhangs and take shorter core
     */
    if (endgaps)
        lx = (len0 < len1)? len0 : len1;
    else
        lx = (lx < ly)? lx : ly;
    pct = 100.*((double)nm)/((double)lx);
    fprintf(fx, "\n");
    fprintf(fx, "<%d match%s in an overlap of %d: %.2f percent similarity\n",
        nm, (nm == 1)? "" : "es", lx, pct);

```

表 1(続き)

...getmat

```

fprintf(fx, "<gaps in first sequence: %d", gapx);
if (gapx) {
    (void) sprintf(outx, " (%d %s%s)",
        ngapx, (dna)? "base":"residue", (ngapx == 1)? "" : "s");
    fprintf(fx, "%s", outx);
}
fprintf(fx, ", gaps in second sequence: %d", gapy);
if (gapy) {
    (void) sprintf(outx, " (%d %s%s)",
        ngapy, (dna)? "base":"residue", (ngapy == 1)? "" : "s");
    fprintf(fx, "%s", outx);
}
if (dna)
    fprintf(fx,
        "\n<score: %d (match = %d, mismatch = %d, gap penalty = %d + %d per base)\n",
        smax, DMAT, DMIS, DINS0, DINS1);
else
    fprintf(fx,
        "\n<score: %d (Dayhoff PAM 250 matrix, gap penalty = %d + %d per residue)\n",
        smax, PINS0, PINS1);
if (endgaps)
    fprintf(fx,
        "<endgaps penalized. left endgap: %d %s%s, right endgap: %d %s%s\n",
        firstgap, (dna)? "base" : "residue", (firstgap == 1)? "" : "s",
        lastgap, (dna)? "base" : "residue", (lastgap == 1)? "" : "s");
else
    fprintf(fx, "<endgaps not penalized\n");
}
static      nm;          /* matches in core -- for checking */
static      lmax;        /* lengths of stripped file names */
static      ij[2];       /* jmp index for a path */
static      nc[2];       /* number at start of current line */
static      ni[2];       /* current elem number -- for gapping */
static      siz[2];
static char *ps[2];      /* ptr to current element */
static char *po[2];      /* ptr to next output char slot */
static char out[2][P_LINE]; /* output line */
static char star[P_LINE]; /* set by stars() */
/*
 * print alignment of described in struct path pp[]
 */
static
pr_align()
{
    int      nn;          /* char count */
    int      more;
    register i;

    for (i = 0, lmax = 0; i < 2; i++) {
        nn = stripname(name[i]);
        if (nn > lmax)
            lmax = nn;
        nc[i] = 1;
        ni[i] = 1;
        siz[i] = ij[i] = 0;
        ps[i] = seqx[i];
        po[i] = out[i];
    }
}

```

pr_align

表 1(続き)

```

for (nn = nm = 0, more = 1; more; ) {
    for (i = more = 0; i < 2; i++) {
        /*
         * do we have more of this sequence?
         */
        if (!*ps[i])
            continue;
        more++;
        if (pp[i].spc) { /* leading space */
            *po[i]++ = ' ';
            pp[i].spc--;
        }
        else if (siz[i]) { /* in a gap */
            *po[i]++ = '-';
            siz[i]--;
        }
        else { /* we're putting a seq element
            */
            *po[i] = *ps[i];
            if (islower(*ps[i]))
                *ps[i] = toupper(*ps[i]);
            po[i]++;
            ps[i]++;
            /*
             * are we at next gap for this seq?
             */
            if (ni[i] == pp[i].x[ij[i]]) {
                /*
                 * we need to merge all gaps
                 * at this location
                 */
                siz[i] = pp[i].n[ij[i]++];
                while (ni[i] == pp[i].x[ij[i]])
                    siz[i] += pp[i].n[ij[i]++];
            }
            ni[i]++;
        }
    }
    if (++nn == olen || !more && nn) {
        dumpblock();
        for (i = 0; i < 2; i++)
            po[i] = out[i];
        nn = 0;
    }
}
/*
 * dump a block of lines, including numbers, stars: pr_align()
 */
static
dumpblock()
{
    register i;
    for (i = 0; i < 2; i++)
        *po[i]-- = '\0';
}

```

...pr_align

dumpblock

表 1(続き)

...dumpblock

```

(void) putc('\n', fx);
for (i = 0; i < 2; i++) {
    if (*out[i] && (*out[i] != ' ' || *(po[i]) != ' ')) {
        if (i == 0)
            nums(i);
        if (i == 0 && *out[1])
            stars();
        putline(i);
        if (i == 0 && *out[1])
            fprintf(fx, star);
        if (i == 1)
            nums(i);
    }
}
}
/*
 * put out a number line: dumpblock()
 */
static
nums(ix)
int ix; /* index in out[] holding seq line */
{
    char nline[P_LINE];
    register i, j;
    register char *pn, *px, *py;
    for (pn = nline, i = 0; i < lmax+P_SPC; i++, pn++)
        *pn = ' ';
    for (i = nc[ix], py = out[ix]; *py; py++, pn++) {
        if (*py == ' ' || *py == '-')
            *pn = ' ';
        else {
            if (i%10 == 0 || (i == 1 && nc[ix] != 1)) {
                j = (i < 0)? -i : i;
                for (px = pn; j; j /= 10, px--)
                    *px = j%10 + '0';
                if (i < 0)
                    *px = '-';
            }
            else
                *pn = ' ';
            i++;
        }
    }
    *pn = '\0';
    nc[ix] = i;
    for (pn = nline; *pn; pn++)
        (void) putc(*pn, fx);
    (void) putc('\n', fx);
}
/*
 * put out a line (name, [num], seq, [num]): dumpblock()
 */
static
putline(ix)
int ix;
{

```

nums

putline

表 1(続き)

...putline

```

int          i;
register char *px;

for (px = namex[ix], i = 0; *px && *px != ':'; px++, i++)
    (void) putc(*px, fx);
for (; i < lmax+P_SPC; i++)
    (void) putc(' ', fx);

/* these count from 1:
 * ni[] is current element (from 1)
 * nc[] is number at start of current line
 */
for (px = out[ix]; *px; px++)
    (void) putc(*px&0x7F, fx);
(void) putc('\n', fx);
}

/*
 * put a line of stars (seqs always in out[0], out[1]): dumpblock()
 */
static
stars()
{
    int          i;
    register char *p0, *p1, cx, *px;

    if (!*out[0] || (*out[0] == ' ' && *(po[0]) == ' ') ||
        !*out[1] || (*out[1] == ' ' && *(po[1]) == ' '))
        return;
    px = star;
    for (i = lmax+P_SPC; i; i--)
        *px++ = ' ';

    for (p0 = out[0], p1 = out[1]; *p0 && *p1; p0++, p1++) {
        if (isalpha(*p0) && isalpha(*p1)) {
            if (xbm[*p0-'A']&xbm[*p1-'A']) {
                cx = '*';
                nm++;
            }
            else if (!dna && _day[*p0-'A'][*p1-'A'] > 0)
                cx = '!';
            else
                cx = ' ';
        }
        else
            cx = ' ';
        *px++ = cx;
    }
    *px++ = '\n';
    *px = '\0';
}

```

stars

表 1 (続き)

```
/*
 * strip path or prefix from pn, return len: pr_align()
 */
```

```
static
```

```
stripname(pn)
```

```
    char    *pn;    /* file name (may be path) */
```

```
{
```

```
    register char    *px, *py;
```

```
    py = 0;
```

```
    for (px = pn; *px; px++)
```

```
        if (*px == '/')
```

```
            py = px + 1;
```

```
    if (py)
```

```
        (void) strcpy(pn, py);
```

```
    return(strlen(pn));
```

```
}
```

stripname

表 1(続き)

```

/*
 * cleanup() -- cleanup any tmp file
 * getseq() -- read in seq, set dna, len, maxlen
 * g_calloc() -- calloc() with error checkin
 * readjumps() -- get the good jumps, from tmp file if necessary
 * writejumps() -- write a filled array of jumps to a tmp file: nw()
 */
#include "nw.h"
#include <sys/file.h>

char *jname = "/tmp/homgXXXXXX"; /* tmp file for jumps */
FILE *fj; /* cleanup tmp file */
int cleanup();
long lseek();
/*
 * remove any tmp file if we blow
 */
cleanup(i)
int i;
{
    if (fj)
        (void) unlink(jname);
    exit(i);
}
/*
 * read, return ptr to seq, set dna, len, maxlen
 * skip lines starting with ';', '<', or '>'
 * seq in upper or lower case
 */
char *
getseq(file, len)
char *file; /* file name */
int *len; /* seq len */
{
    char line[1024], *pseq;
    register char *px, *py;
    int natgc, tlen;
    FILE *fp;
    if ((fp = fopen(file, "r")) == 0) {
        fprintf(stderr, "%s: can't read %s\n", prog, file);
        exit(1);
    }
    tlen = natgc = 0;
    while (fgets(line, 1024, fp)) {
        if (*line == ';' || *line == '<' || *line == '>')
            continue;
        for (px = line; *px != '\n'; px++)
            if (isupper(*px) || islower(*px))
                tlen++;
    }
    if ((pseq = malloc((unsigned)(tlen+6))) == 0) {
        fprintf(stderr, "%s: malloc() failed to get %d bytes for %s\n", prog, tlen+6, file);
        exit(1);
    }
    pseq[0] = pseq[1] = pseq[2] = pseq[3] = '\0';

```

cleanup

getseq

表 1(続き)

```

py = pseq + 4;
*len = tlen;
rewind(fp);
while (fgets(line, 1024, fp)) {
    if (*line == ';' || *line == '<' || *line == '>')
        continue;
    for (px = line; *px != '\n'; px++) {
        if (isupper(*px))
            *py++ = *px;
        else if (islower(*px))
            *py++ = toupper(*px);
        if (index("ATGCU", *(py-1)))
            natgc++;
    }
    *py++ = '\0';
    *py = '\0';
    (void) fclose(fp);
    dna = natgc > (tlen/3);
    return(pseq+4);
}
char *
g_alloc(msg, nx, sz)
char *msg;          /* program, calling routine */
int nx, sz;          /* number and size of elements */
{
    char *px, *calloc();
    if ((px = calloc((unsigned)nx, (unsigned)sz)) == 0) {
        if (*msg) {
            fprintf(stderr, "%s: g_alloc() failed %s (n=%d, sz=%d)\n", prog, msg, nx, sz);
            exit(1);
        }
    }
    return(px);
}

/*
 * get final jmps from dx[] or tmp file, set pp[], reset dmax: main()
 */
readjmps()
{
    int fd = -1;
    int siz, i0, i1;
    register i, j, xx;
    if (fj) {
        (void) fclose(fj);
        if ((fd = open(jname, O_RDONLY, 0)) < 0) {
            fprintf(stderr, "%s: can't open() %s\n", prog, jname);
            cleanup(1);
        }
    }
    for (i = i0 = i1 = 0, dmax0 = dmax, xx = len0; ; i++) {
        while (1) {
            for (j = dx[dmax].ijmp; j >= 0 && dx[dmax].jp.x[j] >= xx; j--)
                ;

```

...getseq

g_alloc

readjmps

表 1(続き)

...readjumps

```

    if (j < 0 && dx[dmax].offset && fj) {
        (void) lseek(fd, dx[dmax].offset, 0);
        (void) read(fd, (char *)&dx[dmax].jp, sizeof(struct jmp));
        (void) read(fd, (char *)&dx[dmax].offset, sizeof(dx[dmax].offset));
        dx[dmax].ijmp = MAXJMP-1;
    }

    else
        break;
}

if (i >= JMPS) {
    fprintf(stderr, "%s: too many gaps in alignment\n", prog);
    cleanup(1);
}

if (j >= 0) {
    siz = dx[dmax].jp.n[j];
    xx = dx[dmax].jp.x[j];
    dmax += siz;
    if (siz < 0) { /* gap in second seq */
        pp[1].n[i1] = -siz;
        xx += siz;
        /* id = xx - yy + len1 - 1 */
        pp[1].x[i1] = xx - dmax + len1 - 1;
        gapy++;
        ngapy -= siz;
/* ignore MAXGAP when doing endgaps */
        siz = (-siz < MAXGAP || endgaps)? -siz : MAXGAP;
        i1++;
    }
    else if (siz > 0) { /* gap in first seq */
        pp[0].n[i0] = siz;
        pp[0].x[i0] = xx;
        gapx++;
        ngapx += siz;
/* ignore MAXGAP when doing endgaps */
        siz = (siz < MAXGAP || endgaps)? siz : MAXGAP;
        i0++;
    }
}
else
    break;
}

/* reverse the order of jumps */
for (j = 0, i0--; j < i0; j++, i0--) {
    i = pp[0].n[j]; pp[0].n[j] = pp[0].n[i0]; pp[0].n[i0] = i;
    i = pp[0].x[j]; pp[0].x[j] = pp[0].x[i0]; pp[0].x[i0] = i;
}

for (j = 0, i1--; j < i1; j++, i1--) {
    i = pp[1].n[j]; pp[1].n[j] = pp[1].n[i1]; pp[1].n[i1] = i;
    i = pp[1].x[j]; pp[1].x[j] = pp[1].x[i1]; pp[1].x[i1] = i;
}

if (fd >= 0)
    (void) close(fd);

if (fj) {
    (void) unlink(jname);
    fj = 0;
    offset = 0;
}
}

```

表 1(続き)

```

/*
 * write a filled jmp struct offset of the prev one (if any): nw()
 */
writejumps(ix)                                writejumps
{
    int ix;
    char *mktemp();

    if (!fj) {
        if (mktemp(jname) < 0) {
            fprintf(stderr, "%s: can't mktemp() %s\n", prog, jname);
            cleanup(1);
        }
        if ((fj = fopen(jname, "w")) == 0) {
            fprintf(stderr, "%s: can't write %s\n", prog, jname);
            exit(1);
        }
    }
    (void) fwrite((char *)&dx[ix].jp, sizeof(struct jmp), 1, fj);
    (void) fwrite((char *)&dx[ix].offset, sizeof(dx[ix].offset), 1, fj);
}

```

【 0 0 5 2 】

表 2

TAHO	XXXXXXXXXXXXXXXXXX	(長さ = 15 アミノ酸)
比較タンパク質	XXXXXXXXYYYYYYY	(長さ = 12 アミノ酸)

% アミノ酸配列同一性 =

(ALIGN-2によって決定した二つのポリペプチド配列間で等しく一致するアミノ酸残基の数)

÷ (TAHOポリペプチドの全アミノ酸残基の数) =

5 ÷ 15 = 33.3%

表 3

TAHO	XXXXXXXXXX	(長さ = 10 アミノ酸)
比較タンパク質	XXXXXYYYYYZZYZ	(長さ = 15 アミノ酸)

% アミノ酸配列同一性 =

(ALIGN-2によって決定した二つのポリペプチド配列間で等しく一致するアミノ酸残基の数)
 ÷ (TAHOポリペプチドの全アミノ酸残基の数) =

$$5 \div 10 = 50\%$$

表 4

TAHO-DNA	NNNNNNNNNNNNNN	(長さ = 14 ヌクレオチド)
比較DNA	NNNNNNLLLLLLLLLL	(長さ = 16 ヌクレオチド)

% 核酸配列同一性 =

(ALIGN-2によって決定した二つの核酸配列間で等しく一致するヌクレオチドの数)
 ÷ (TAHO-DNA核酸配列の全ヌクレオチドの数) =

$$6 \div 14 = 42.9\%$$

表 5

TAHO-DNA	NNNNNNNNNNNNNN	(長さ = 12 ヌクレオチド)
比較DNA	NNNNLLLLVV	(長さ = 9 ヌクレオチド)

% 核酸配列同一性 =

(ALIGN-2によって決定した二つの核酸配列間で等しく一致するヌクレオチドの数)
 ÷ (TAHO-DNA核酸配列の全ヌクレオチドの数) =

$$4 \div 12 = 33.3\%$$

【 0 0 5 3 】

I I . 本発明の組成物及び方法

A. 抗T A H O抗体

一実施態様では、本発明は、ここで治療薬としての用途が見出され得る抗T A H O抗体を提供する。例示的な抗体には、ポリクローナル、モノクローナル、ヒト化、二重特異性及びヘテロコンジュゲート抗体が含まれる。

【0054】

1. ポリクローナル抗体

ポリクローナル抗体は、好ましくは、関連する抗原とアジュバントを複数回皮下(sc)又は腹腔内(ip)注射することにより、動物に産生される。それは、免疫化されるべき種において免疫原性であるタンパク質へ、関連する抗原(特に、合成ペプチドが用いられる場合)を結合させるために有用である。例えば、この抗原を、キーホールリンペットヘモシアニン(K L H)、血清アルブミン、ウシサイログロブリン、又は大豆トリプシンインヒターへ、二重官能性又は誘導体形成剤、例えばマレイミドベンゾイルスルホスクシンイミドエステル(システイン残基を介する抱合)、N-ヒドロキシスクシンイミド(リジン残基を介する抱合)、グルタルアルデヒド、及び無水コハク酸、 SOCl_2 、又はR及び R^1 が異なるアルキル基である $\text{R}^1\text{N}=\text{C}=\text{NR}$ を用いて結合させることができる。

動物を、例えばタンパク質又はコンジュゲート $100\mu\text{g}$ 又は $5\mu\text{g}$ (それぞれウサギ又はマウスの場合)を完全フロイントアジュバント3容量と併せ、この溶液を複数部位に皮内注射することによって、抗原、免疫原性コンジュゲート、又は誘導体に対して免疫する。1ヶ月後、該動物を、完全フロイントアジュバントに入れた初回量の $1/5$ ないし $1/10$ のペプチド又はコンジュゲートを用いて複数部位に皮下注射することにより、追加免疫する。7ないし14日後に動物を採血し、抗体価について血清を検定する。動物は、力価がプラトーに達するまで追加免疫する。コンジュゲートはまた、タンパク融合として組換え細胞培養中で調製することができる。また、ミョウバンのような凝集化剤が、免疫反応の増強のために好適に使用される。

【0055】

2. モノクローナル抗体

モノクローナル抗体は、Kohler等, Nature, 256:495 (1975)により最初に記載されたハイブリドーマ法、又は組換えDNA法(米国特許第4816567号)によって作成することができる。

ハイブリドーマ法においては、マウス又はその他の適当な宿主動物、例えばハムスターを上記のように免疫し、免疫化に用いられたタンパク質と特異的に結合する抗体を産生する、又は産生することのできるリンパ球を導き出す。別法として、リンパ球をインビトロで免疫することもできる。免疫化の後、リンパ球を単離し、ポリエチレングリコールのような適当な融合剤を用いて骨髓腫細胞と融合させ、ハイブリドーマ細胞を形成させる(Goding, Monoclonal Antibodies: Principles and Practice, 59-103頁(Academic Press, 1986))。

このようにして調製されたハイブリドーマ細胞を、融合していない親の骨髓腫細胞(融合のパートナーとも呼ばれる)の増殖または生存を阻害する一又は複数の物質を好ましくは含む適当な培地に蒔き、増殖させる。例えば、親の骨髓腫細胞が酵素ヒポキサンチングアニンホスホリボシルトランスフェラーゼ(HGPR T又はHPR T)を欠失するならば、ハイブリドーマのための培地は、典型的には、HGPR T-欠失細胞の増殖を妨げる物質であるヒポキサンチン、アミノプテリン、及びチミジンを含有するであろう(HAT培地)。

【0056】

好ましい融合のパートナーである骨髓腫細胞は、効率的に融合し、選択された抗体産生細胞による抗体の安定な高レベルの発現を支援し、融合しない親細胞に対して選択する選択培地に対して感受性である細胞である。これらの中でも、好ましい骨髓腫株化細胞は、マウス骨髓腫ライン、例えば、ソーグ・インスティテュート・セル・ディストリビューション・センター、サンディエゴ、カリフォルニア、USAより入手し得るMOPC-21およびMPC-11マウス腫瘍、及び、アメリカン・タイプ・カルチャー・コレクション

、マナッサス、バージニア、U S Aより入手し得るS P - 2又はX 6 3 - A g 8 - 6 5 3細胞から誘導されるものである。ヒト骨髓腫及びマウスーヒトヘテロ骨髓腫株化細胞もまたヒトモノクローナル抗体の産生のために開示されている (Kozbor, J.Immunol., 133:3001 (1984); Brodeur等, Monoclonal Antibody Production Techniques and Applications, 51-63頁, (Marcel Dekker, Inc., New York, 1987))。

ハイブリドーマ細胞が生育している培地を、抗原に対するモノクローナル抗体の産生について検定する。好ましくは、ハイブリドーマ細胞により産生されるモノクローナル抗体の結合特異性は、免疫沈降又はインビトロ結合検定、例えばラジオイムノアッセイ (R I A) 又は酵素結合免疫吸着検定 (E L I S A) によって測定する。

【0057】

例えば、モノクローナル抗体の結合親和性は、Munson等, Anal. Biochem., 107:220(1980)のスキッチャード分析によって測定することができる。

所望の特異性、親和性、及び／又は活性の抗体を産生するハイブリドーマ細胞が確定された後、そのクローンを限界希釈法によりサブクローニングし、標準的な方法により増殖させることができる (Goding, Monoclonal Antibodies: Principles and Practice, 59-103頁 (Academic Press, 1986))。この目的に対して好適な培地は、例えば、D - M E M又はR P M I - 1 6 4 0培地を包含する。また、このハイブリドーマ細胞は、動物の腹水症腫瘍として、例えばマウスへの細胞の腹腔内注射によって、インビボで増殖させることができる。

サブクローンにより分泌されたモノクローナル抗体は、例えばアフィニティクロマトグラフィー (例えばプロテインA又はプロテインG-セファロースを用いる) 又はイオン交換クロマトグラフィー、ヒドロキシアパタイトクロマトグラフィー、ゲル電気泳動、透析等のような常套的な抗体精製法によって、培地、腹水、又は血清から上手く分離される。

モノクローナル抗体をコードするD N Aは、常法を用いて (例えば、マウス抗体の重鎖および軽鎖をコードしている遺伝子に特異的に結合できるオリゴヌクレオチドプローブを用いることにより) 即座に分離されて、配列決定される。ハイブリドーマ細胞は、このようなD N Aの好ましい供給源となる。ひとたび分離されたならば、D N Aを発現ベクター中に入れ、ついでこれを、この状況以外では抗体タンパク質を産生しない大腸菌細胞、サルC O S細胞、チャイニーズハムスター卵巣 (C H O) 細胞、又は骨髓腫細胞のような宿主細胞中に形質移入し、組換え宿主細胞におけるモノクローナル抗体の合成を獲得することができる。抗体をコードするD N Aの細菌での組み換え発現に関する概説論文には、Sker ra等, Curr. Opinion in Immunol., 5:256-262(1993)及びPluckthun, Immunol. Revs. 130: 151-188(1992)が含まれる。

【0058】

更なる実施態様では、抗体又は抗体断片は、McCafferty等, Nature, 348:552-554 (1990)に記載された技術を使用して産生される抗体ファージライブラリーから分離することができる。Clackson等, Nature, 352:624-628 (1991)及び Marks等, J.Mol.Biol., 222:581-597 (1991)は、ファージライブラリーを使用したマウス及びヒト抗体の分離を記述している。続く刊行物は、鎖シャフリングによる高親和性 (n M範囲) のヒト抗体の生成 (Marks等, Bio/Technology, 10:779-783[1992])、並びに非常に大きなファージライブラリーを構築するための方策としてコンビナトリアル感染とインビボ組換え (Waterhouse等, Nuc.A cids.Res., 21:2265-2266[1993]) を記述している。従って、これらの技術はモノクローナル抗体の分離に対する伝統的なモノクローナル抗体ハイブリドーマ法に対する実行可能な別法である。

抗体をコードするD N Aは、例えば、ヒト重鎖及び軽鎖定常ドメイン (C_H 及びC_L) の配列を、相同的マウス配列に代えて置換することによって (米国特許第4, 816, 567号; Morrison等, Proc.Nat.Acad.Sci., USA, 81:6851(1984))、又は免疫グロブリンコード配列に非免疫グロブリンポリペプチド (異種ポリペプチド) のコード配列の全部又は一部を共有結合させることによって修飾してキメラ又は融合抗体ポリペプチドを生成することができる。非免疫グロブリンポリペプチド配列は、抗体の定常ドメインと置き代わる

ことができるか、又は抗体の1つの抗原結合部位の可変ドメインが置換されて、抗原に対する特異性を有する1つの抗原結合部位と異なる抗原に対する特異性を有するもう一つの抗原結合部位とを含むキメラ二価抗体を作り出す。

【0059】

3. ヒト及びヒト化抗体

本発明の抗-T A H O抗体は、さらにヒト化抗体又はヒト抗体を含む。非ヒト(例えばマウス)抗体のヒト化形とは、キメラ免疫グロブリン、免疫グロブリン鎖又はその断片(例えばFv、Fab、Fab'、F(ab')₂あるいは抗体の他の抗原結合サブ配列)であって、非ヒト免疫グロブリンに由来する最小配列を含むものである。ヒト化抗体は、レシピエントの相補性決定領域(CDR)の残基が、マウス、ラット又はウサギのような所望の特異性、親和性及び能力を有する非ヒト種(ドナー抗体)のCDRの残基によって置換されたヒト免疫グロブリン(レシピエント抗体)を含む。幾つかの例では、ヒト免疫グロブリンのFvフレームワーク残基は、対応する非ヒト残基によって置換されている。また、ヒト化抗体は、レシピエント抗体にも、移入されたCDRもしくはフレームワーク配列にも見出されない残基を含んでいてもよい。一般的に、ヒト化抗体は、全て又はほとんど全てのCDR領域が非ヒト免疫グロブリンのものに一致し、全て又はほとんど全てのFR領域がヒト免疫グロブリンのコンセンサス配列である、少なくとも1つ、典型的には2つの可変ドメインの実質的に全てを含む。ヒト化抗体は、最適には免疫グロブリン定常領域(Fc)、典型的にはヒトの免疫グロブリンの定常領域の少なくとも一部を含む〔Jones等, *Nature*, 321:522-525 (1986); Riechmann等, *Nature*, 332:323-329 (1988); 及びPresta, *Curr. Op Struct. Biol.*, 2:593-596 (1992)〕。

非ヒト抗体をヒト化する方法はこの分野でよく知られている。一般的に、ヒト化抗体には非ヒト由来の一又は複数のアミノ酸残基が導入される。これら非ヒトアミノ酸残基は、しばしば、典型的には「移入」可変ドメインから得られる「移入」残基と称される。ヒト化は基本的にウィンター(Winter)及び共同研究者〔Jones等, *Nature*, 321:522-525 (1986); Riechmann等, *Nature*, 332:323-327 (1988); Verhoeyen等, *Science*, 239:1534-1536 (1988)〕の方法に従って、齧歯類CDR又はCDR配列をヒト抗体の対応する配列に置換することにより実施される。よって、このような「ヒト化」抗体は、無傷のヒト可変ドメインより実質的に少ない分が非ヒト種由来の対応する配列で置換されたキメラ抗体(米国特許第4, 816, 567号)である。実際には、ヒト化抗体は典型的には幾つかのCDR残基及び場合によっては幾つかのFR残基が齧歯類抗体の類似する部位からの残基によって置換されたヒト抗体である。

【0060】

抗体がヒトの治療用途を意図している場合、抗原性及びHAMA反応(ヒト抗-マウス抗体)を低減するには、ヒト化抗体を生成する際に使用するヒトの軽重両方のヒト可変ドメインの選択が非常に重要である。いわゆる「ベストフィット法」では、齧歯動物抗体の可変ドメインの配列を、既知のヒト可変ドメイン配列のライブラリー全体に対してスクリーニングする。次に齧歯動物のものと最も近いヒトVドメイン配列を同定し、その中のヒトフレームワーク(FR)をヒト化抗体のために受け入れる(Sims等, *J. Immunol.*, 151:2296 (1993); Chothia等, *J. Mol. Biol.*, 196:901(1987))。他の方法では、軽又は重鎖の特定のサブグループのヒト抗体全てのコンセンサス配列から誘導される特定のフレームワーク領域を使用する。同じフレームワークをいくつかの異なるヒト化抗体に使用できる(Carter等, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 89:4285 (1992); Presta等, *J. Immunol.*, 151:2623(1993))。

更に、抗体を、抗原に対する高結合親和性や他の好ましい生物学的性質を保持してヒト化することが重要である。この目標を達成するべく、好ましい方法では、親及びヒト化配列の三次元モデルを使用して、親配列及び様々な概念的ヒト化産物の分析工程を経てヒト化抗体を調製する。三次元免疫グロブリンモデルは一般的に入手可能であり、当業者にはよく知られている。選択された候補免疫グロブリン配列の推測三次元立体配座構造を図解し、表示するコンピュータプログラムは購入可能である。これら表示を見ることで、候補

免疫グロブリン配列の機能における残基のありそうな役割の分析、すなわち候補免疫グロブリンの抗原との結合能力に影響を及ぼす残基の分析が可能になる。このようにして、例えば標的抗原に対する親和性が高まるといった、望ましい抗体特性が達成されるように、FR残基をレシピエント及び移入配列から選択し、組み合わせることができる。一般的に、高頻度可変領域残基は、直接かつ最も実質的に抗原結合性に影響を及ぼしている。

【0061】

ヒト化抗TAHO抗体の種々の形態が考えられる。例えばヒト化抗体は、免疫結合体を生成するために、状況に応じて一又は複数の細胞傷害剤(類)と結合していてもよい抗体断片、例えばFabであってもよい。また、ヒト化抗体は無傷抗体、例えば無傷IgG1抗体であってもよい。

ヒト化の別法として、ヒト抗体を生成することができる。例えば、現在では、免疫化することで、内因性免疫グロブリンの産生がなく、ヒト抗体の全レパートリーを産生することのできるトランスジェニック動物(例えば、マウス)を作ることが可能である。例えば、キメラ及び生殖細胞系突然変異体マウスにおける抗体重鎖結合領域(J_H)遺伝子のホモ接合体欠失によって、結果として内因性抗体産生の完全な阻害が起こることが説明されてきた。ヒト生殖系列免疫グロブリン遺伝子配列の、このような生殖細胞系突然変異体マウスへの転移によって、結果として抗原投与時にヒト抗体の産生がおこる。Jakobovits等, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 90:2551 (1993); Jakobovits等, *Nature* 362:255-258 (1993); Ruggeman等, *Year in Immuno.*, 7:33 (1993); 米国特許第5545806号、同5569825号、同5591669号(全てジェンファーム(GenPharm)); 同5545807号; 及び国際公開第97/17852号を参照されたい。

【0062】

別法として、ファージディスプレイ技術(McCafferty等, *Nature* 348:552-553[1990])を使用して、非免疫化ドナーの免疫グロブリン可変(V)ドメイン遺伝子レパートリーから、インビトロでヒト抗体及び抗体断片を産出させることができる。この技術によれば、抗体Vドメイン遺伝子を、フレーム単位で、繊維状バクテリオファージ、例えばM13又はfdの大きい又は小さいコートタンパク質遺伝子のどちらかでクローンし、ファージ粒子の表面で機能的抗体断片として表示させる。繊維状粒子がファージゲノムの一本鎖DNAコピーを含むので、抗体の機能特性に基づいた選択に基づいても、結果としてこれらの特性を示す抗体をコードする遺伝子の選択が成される。よって、このファージはB細胞のいくつかの特性を模倣している。ファージディスプレイは多様な形式で行うことができる; 例えばJohnson, Kevin S. 及びChiswell, David J., *Current Opinion in Structural Biology* 3:564-571(1993)を参照せよ。V-遺伝子セグメントのいくつかの供給源を、ファージディスプレイのために使用できる。Clackson等, *Nature*, 352:624-628(1991)は、免疫化したマウス脾臓由来のV遺伝子の小さいランダムなコンビナトリアルライブラリーから、多様で多くの抗-オキサゾロン抗体を単離した。非免疫化ヒトドナーのV遺伝子のレパートリーが構成可能であり、多様で多くの抗原(自己抗原を含む)に対する抗体は、Marks等, *J. Mol. Biol.* 222:581-597(1991)、又はGriffith等, *EMBO J.* 12:725-734(1993)に記載の技術にそのまま従うことで単離することができる。また、米国特許第5565332号及び同5573905号を参照のこと。

上述したように、ヒト抗体はインビトロで活性化したB細胞により産生することができる(米国特許第5567610号及び同5229275号)。

【0063】

4. 抗体断片

ある状況下では、抗体全体よりも、抗体断片を用いることに利点がある。より小さな大きさの断片によって迅速なクリアランスが可能となり、固形腫瘍への接近の改良につながり得る。

抗体断片を産生するために様々な技術が開発されている。伝統的には、これらの断片は、無傷の抗体のタンパク分解性消化によって誘導された(例えば、Morimoto等, *Journal of Biochemical and Biophysical Methods* 24:107-117 (1992)及びBrennan等, *Science*, 2

29:81(1985)を参照されたい)。しかし、これらの断片は、現在は組換え宿主細胞により直接産生することができる。F a b、F v 及び S c F v 抗体断片は、すべて大腸菌で発現させ分泌させることができ、従って、大量のこれら断片の産生が容易となった。抗体断片は、上で論じた抗体ファージライブラリーから単離することができる。別法として、F a b'-S H断片は大腸菌から直接回収することができ、化学的に結合させてF(a b')₂断片を形成することができる(Carter等, Bio/Technology 10:163-167(1992))。他のアプローチ法では、F(a b')₂断片を組換え宿主細胞培養から直接分離することができる。インビボ半減期が増した、サルベージレセプター結合性エピトープ残基を含むF a b及びF(a b')₂が、米国特許第5869046号に記載されている。抗体断片を生成するための他の方法は、当業者には明らかであろう。他の実施態様では、選択する抗体は単鎖F v断片(s c F v)である。国際公開93/16185号；米国特許第5571894号；及び米国特許第5587458号を参照のこと。F v及びs F vは、定常領域を欠く無傷の連結部位を有する唯一の種である；従って、インビボで使用している間の減少した非特異的結合に適している。s F v融合タンパク質は、s F vのアミノ又はカルボキシ末端のどちらかで、エフェクタータンパク質の融合体が生成されるように構成されてもよい。上掲のAntibody Engineering, Borrebaeck編を参照のこと。また、抗体断片は、例えば米国特許第5641870号に記載されているような「直鎖状抗体」であってもよい。そのような直鎖状抗体断片は単一特異性又は二重特異性であってもよい。

【0064】

5. 二重特異性抗体

二重特異性抗体は、少なくとも2つの異なるエピトープに対して結合特異性を有する抗体である。例示的な二重特異性抗体は、T A H Oタンパク質の2つの異なるエピトープに結合しうる。他のこのような抗体では他のタンパク質に対する結合部位とT A H O結合部位とが結合しうる。あるいは、抗T A H Oアームは、T A H O-発現細胞に細胞防御メカニズムを集中させ局在させるように、F c γ R I (C D 6 4)、F c γ R I I (C D 3 2)及びF c γ R I I I (C D 1 6)等のI g G (F c γ R)に対するF c レセプター、又はT細胞レセプター分子(例えばC D 3)等の白血球上のトリガー分子に結合するアームと結合しうる。また、二重特異性抗体はT A H Oを発現する細胞に細胞障害剤を局在化するためにも使用されうる。これらの抗体はT A H O結合アーム及び細胞障害剤(例えば、サポリン(saporin)、抗インターフェロン-α、ピンカアルカロイド、リシンA鎖、メトトレキセート又は放射性同位体ハプテン)と結合するアームを有する。二重特異性抗体は完全長抗体又は抗体断片(例えばF(a b')₂二重特異性抗体)として調製することができる。

国際公開第96/16673号には、二重特異性抗-E r b B 2/抗-F c γ R I I I 抗体が記載されており、米国特許第5837234号には、二重特異性抗-E r b B 2/抗-F c γ R I 抗体が開示されている。二重特異性抗-E r b B 2/F c α 抗体は国際公開第98/02463号に示されている。米国特許第5821337号は、二重特異性抗-E r b B 2/抗-C D 3 抗体を教示するものである。

二重特異性抗体を作成する方法は当該分野において既知である。完全長二重特異性抗体の伝統的な産生は二つの免疫グロブリン重鎖-軽鎖対の同時発現に基づき、ここで二つの鎖は異なる特異性を持っている(Millstein等, Nature, 305:537-539(1983))。免疫グロブリン重鎖及び軽鎖が無作為に取り揃えられているため、これらのハイブリドーマ(四部雑種)は10個の異なる抗体分子の可能性ある混合物を産生し、そのうちただ一つが正しい二重特異性構造を有する。通常、アフィニティクロマトグラフィー工程により行われる正しい分子の精製は、かなり煩わしく、生成物収率は低い。同様の方法が国際公開第93/08829号及びTraunecker等、EMBO J. 10:3655-3659(1991)に開示されている。

【0065】

異なったアプローチ法では、所望の結合特異性を有する抗体可変ドメイン(抗原-抗体結合部位)を免疫グロブリン定常ドメイン配列と融合させる。該融合は好ましくは、少なくともヒンジの一部、C_H2及びC_H3領域を含むI g 重鎖定常ドメインである。軽鎖の結合に必要な部位を含む第一の重鎖定常領域(C_H1)を、融合の少なくとも一つに存在させ

ることが望ましい。免疫グロブリン重鎖の融合、望まれるならば免疫グロブリン軽鎖をコードしているDNAを、別個の発現ベクター中に挿入し、適当な宿主生物に同時トランスフェクトする。これにより、組立に使用される三つのポリペプチド鎖の等しくない比率が所望の二重特異性抗体の最適な収率をもたらす態様において、三つのポリペプチド断片の相互の割合の調節に大きな融通性が与えられる。しかし、少なくとも二つのポリペプチド鎖の等しい比率での発現が高収率をもたらすとき、又はその比率が所望の鎖の結合にあまり影響がないときは、2または3個全てのポリペプチド鎖のためのコード化配列を一つの発現ベクターに挿入することが可能である。

この手法の好ましい実施態様では、二重特異性抗体は、第一の結合特異性を有する一方のアームのハイブリッド免疫グロブリン重鎖と他方のアームのハイブリッド免疫グロブリン重鎖-軽鎖対(第二の結合特異性を提供する)とからなる。二重特異性分子の半分にしか免疫グロブリン軽鎖がないと容易な分離法が提供されるため、この非対称的構造は、所望の二重特異性化合物を不要な免疫グロブリン鎖の組み合わせから分離することを容易にすることが分かった。このアプローチ法は、国際公開第94/04690号に開示されている。二重特異性抗体を産生する更なる詳細については、例えばSuresh等, *Methods in Enzymology*, 121:210 (1986)を参照されたい。

【0066】

米国特許第5731168号に記載された他の手法によれば、一对の抗体分子間の界面を操作して組換え細胞培養から回収されるヘテロダイマーのパーセントを最大にすることができる。好適な界面は C_H3 ドメインの少なくとも一部を含む。この方法では、第1抗体分子の界面からの一又は複数の小さいアミノ酸側鎖がより大きな側鎖(例えばチロシン又はトリプトファン)と置き換えられる。大きな側鎖と同じ又は類似のサイズの相補的「キャビティ」を、大きなアミノ酸側鎖を小さいもの(例えばアラニン又はスレオニン)と置き換えることにより第2の抗体分子の界面に作り出す。これにより、ホモダイマーのような不要の他の最終産物に対してヘテロダイマーの収量を増大させるメカニズムが提供される。

二重特異性抗体は、架橋した又は「ヘテロコンジュゲート」抗体もまた含む。例えば、ヘテロコンジュゲートの抗体の一方はアビジンに結合され、他方はビオチンに結合され得る。そのような抗体は、例えば、不要の細胞に対する免疫系細胞をターゲティングするため(米国特許第4676980号)、及びHIV感染の治療のために提案された(国際公開第91/00360号、同92/200373号、及び欧州特許第03089号)。ヘテロコンジュゲート抗体は、あらゆる簡便な架橋法を用いて作製することができる。好適な架橋剤は当該分野において良く知られており、幾つかの架橋技術と共に米国特許第4676980号に開示されている。

【0067】

抗体断片から二重特異性抗体を産生する技術もまた文献に記載されている。例えば、化学結合を使用して二重特異性抗体を調製することができる。Brennan等, *Science*, 229:81 (1985)は無傷の抗体をタンパク分解性に切断して $F(a b')_2$ 断片を産生する手順を記述している。これらの断片は、ジチオール錯体形成剤、亜硫酸ナトリウムの存在下で還元して近接ジチオールを安定化させ、分子間ジスルフィド形成を防止する。産生された $F a b'$ 断片はついでチオニトロベンゾアート(TNB)誘導体に変換される。 $F a b'$ -TNB誘導体の一つをついでメルカプトエチルアミンでの還元により $F a b'$ -チオールに再変換し、他の $F a b'$ -TNB誘導体の等モル量と混合して二重特異性抗体を形成する。作られた二重特異性抗体は酵素の選択的固定化用の薬剤として使用することができる。

最近の進歩により、大腸菌からの $F a b'$ -SH断片の直接の回収が容易になり、これは化学的に結合して二重特異性抗体を形成することができる。Shalaby等, *J. Exp. Med.*, 175:217-225 (1992)は完全にヒト化された二重特異性抗体 $F(a b')_2$ 分子の製造を記述している。各 $F a b'$ 断片は大腸菌から別個に分泌され、インビトロで定方向化学共役を受けて二重特異性抗体を形成する。このようにして形成された二重特異性抗体は、正常なヒトT細胞、及びErbB2レセプターを過剰発現する細胞に結合可能で、ヒト乳房腫瘍標的

に対するヒト細胞障害性リンパ球の細胞溶解活性の誘因となる。

【0068】

組換え細胞培養から直接的に二重特異性抗体断片を作成し分離する様々な技術もまた記述されている。例えば、二重特異性抗体はロイシンジッパーを使用して生成されている。Kostelny等, J.Immunol. 148(5):1547-1553 (1992)。F o s 及びJ u n タンパク質からのロイシンジッパーペプチドを遺伝子融合により二つの異なった抗体のF a b'部分に結合させる。抗体ホモダイマーをヒンジ領域で還元してモノマーを形成し、ついで再酸化して抗体ヘテロダイマーを形成する。この方法はまた抗体ホモダイマーの生成に対して使用することができる。Hollinger等, Proc.Natl.Acad.Sci. USA, 90:6444-6448 (1993)により記述された「ダイアボディ」技術は二重特異性抗体断片を作成する別のメカニズムを提供した。断片は、同一鎖上の2つのドメイン間の対形成を可能にするには十分に短いリンカーによりV_LにV_Hを結合してなる。従って、一つの断片のV_H及びV_Lドメインは他の断片の相補的V_L及びV_Hドメインと強制的に対形成させられ、よって2つの抗原結合部位を形成する。単鎖F v (s F v)ダイマーの使用により二重特異性抗体断片を製造する他の方策もまた報告されている。Gruber等, J.Immunol. 152:5368 (1994)を参照されたい。

二価より多い抗体も考えられる。例えば、三重特異性抗体を調製することができる。Tutt等 J.Immunol. 147:60(1991)。

【0069】

6. ヘテロコンジュゲート抗体

ヘテロコンジュゲート抗体もまた本発明の範囲に入る。ヘテロコンジュゲート抗体は、2つの共有結合した抗体からなる。このような抗体は、例えば、免疫系細胞を不要な細胞に対してターゲティングさせるため〔米国特許第4676980号〕及びH I V感染の治療のために〔国際公開第91/00360；国際公開第92/200373；欧州特許第03089号〕提案されている。この抗体は、架橋剤に関連したものを含む合成タンパク化学における既知の方法を使用して、インビトロで調製することができると考えられる。例えば、ジスルフィド交換反応を使用するか又はチオエーテル結合を形成することによって、免疫毒素を作成することができる。この目的に対して好適な試薬の例には、イミノチオレート及びメチル-4-メルカプトブチルイミダート、及び例えば米国特許第4676980号に開示されたものが含まれる。

【0070】

7. 多価抗体

多価抗体は、抗体が結合する抗原を発現する細胞により、二価抗体よりも早くインターナリゼーション(及び/又は異化)されうる。本発明の抗体は、3又はそれ以上の結合部位を有する多価抗体(I g Mクラス以外のもの)であり得(例えば四価抗体)、抗体のポリペプチド鎖をコードする核酸の組換え発現により容易に生成することができる。多価抗体は二量化ドメインと3又はそれ以上の抗原結合部位を有する。好ましい二量化ドメインはF c領域又はヒンジ領域を有する(又はそれらからなる)。このシナリオにおいて、抗体はF c領域と、F c領域のアミノ末端に3又はそれ以上の抗原結合部位を有しているであろう。ここで、好ましい多価抗体は3ないし8、好ましくは4の抗原結合部位を有する(又はそれらからなる)。多価抗体は少なくとも1つのポリペプチド鎖(好ましくは2つのポリペプチド鎖)を有し、ポリペプチド鎖(類)は2又はそれ以上の可変ドメインを有する。例えば、ポリペプチド鎖(類)はV D 1-(X 1)_n-V D 2-(X 2)_n-F cを有し、ここでV D 1は第1の可変ドメインであり、V D 2は第2の可変ドメインであり、F cはF c領域のポリペプチド鎖の一つであり、X 1及びX 2はアミノ酸又はポリペプチドを表し、nは0又は1である。例えば、ポリペプチド鎖(類)は：V H-C H 1-柔軟なリンカー-V H-C H 1-F c領域鎖；又はV H-C H 1-V H-C H 1-F c領域鎖を有し得る。ここで多価抗体は、好ましくは少なくとも2つ(好ましくは4つ)の軽鎖可変ドメインポリペプチドをさらに有する。ここで多価抗体は、例えば約2～約8の軽鎖可変ドメインポリペプチドを有する。ここで考察される軽鎖可変ドメインポリペプチドは軽鎖可変ドメインを有し、場合によってはC Lドメインを更に有する。

【0071】

8. エフェクター機能の操作

本発明の抗体をエフェクター機能について改変し、例えば抗体の抗原-依存細胞媒介細胞障害性 (ADCC) 及び／又は補体依存細胞障害性 (CDC) を向上させることは望ましい。これは、抗体の Fc 領域で一又は複数のアミノ酸置換を誘導することによりなされる。あるいは又はさらに、システイン残基を Fc 領域に導入し、それにより、この領域に鎖間ジスルフィド結合を形成するようにしてもよい。そのようにして生成された同種二量体抗体は、向上したインターナリゼーション能力及び／又は増加した補体媒介細胞殺傷及び抗体-依存細胞性細胞障害性 (ADCC) を有する可能性がある。Caron等, J. Exp. Med. 176: 1191-1195 (1992) 及び Shopes, B. J. Immunol. 148: 2918-2922 (1992) 参照。また、向上した抗腫瘍活性を持つ同種二量体抗体は、Wolff等, Cancer Research 53: 2560-2565 (1993) に記載されている異種二官能性架橋を用いて調製することができる。あるいは、抗体は、2つの Fc 領域を有するように加工して、それにより補体溶解及び ADCC 能力を向上させることもできる。Stevenson等, Anti-Cancer Drug Design 3: 219-230 (1989) 参照。抗体の血清半減期を増大させるために、例えば米国特許第 5739277 号に記載のように、抗体 (特に抗体断片) ヘサルベージレセプター結合エピトープを導入してもよい。ここで使用される場合の「サルベージレセプター結合エピトープ」なる用語は、IgG 分子のインビボ血清半減期を増加させる原因である IgG 分子 (例えば、IgG₁、IgG₂、IgG₃ 又は IgG₄) の Fc 領域のエピトープを意味する。

【0072】

9. 免疫複合体

また、本発明は、化学治療薬、増殖阻害剤、毒素 (例えば、細菌、真菌、植物又は動物由来の酵素活性毒素、又はその断片) などの細胞障害性剤、あるいは放射性同位体 (即ち、放射性コンジュゲート) と抱合している抗体を含む免疫複合体に関する。

このような免疫複合体の生成に有用な化学治療薬を上に記載した。用いることのできる酵素活性毒素及びその断片には、ジフテリア A 鎖、ジフテリア毒素の非結合活性断片、(緑膿菌からの) 外毒素 A 鎖、リシン A 鎖、アブリン A 鎖、モデクシン (modeccin) A 鎖、アルファ-サルシン、アレウリテス・フォーディ (Aleurites fordii) タンパク質、ジアンチン (dianthin) タンパク質、フィトラカ・アメリカナ (Phytolaca americana) タンパク質 (PAPI、PAPII、及び PAP-S)、モモルディカ・チャランチア (momordica charantia) インヒビター、クルシン (curcin)、クロチン (crocin)、サパオナリア・オフィシナリス (saponaria officinalis) インヒビター、ゲロニン (gelonin)、ミトゲリン (mitogellin)、レストリクトシン (restrictocin)、フェノマイシン (phenomycin)、エノマイシン (enomycin) 及びトリコテセン (tricothecene) が含まれる。放射性コンジュゲート抗体の生成には、様々な放射性ヌクレオチドが利用可能である。例としては、²¹²Bi、¹³¹I、¹³¹In、⁹⁰Y 及び ¹⁸⁶Re が含まれる。抗体及び細胞障害性薬の複合体は、種々の二官能性タンパク質カップリング剤、例えば、N-スクシンイミジル-3-(2-ピリジルジチオール) プロピオナート (SPDP)、イミノチオラン (IT)、イミドエステルの二官能性誘導体 (ジメチルアジピミデート HCL 等)、活性エステル (ジスクシンイミジルスベレート等)、アルデヒド (グルタルアルデヒド等)、ビス-アジド化合物 (ビス(p-アジドベンゾイル)ヘキサンジアミン等)、ビス-ジアゾニウム誘導体 (ビス-(p-ジアゾニウムベンゾイル)-エチレンジアミン等)、ジイソシアネート (トリエン 2, 6-ジイソシアネート等)、及びビス-活性フッ素化合物 (1, 5-ジフルオロ-2, 4-ジニトロベンゼン等) を用いて作成できる。例えば、リシン免疫毒素は、Vitetta等, Science 238: 1098 (1987) に記載されているように調製することができる。カーボン-14-標識 1-イソチオシアナトベンジル-3-メチルジエチレントリアミン五酢酸 (MX-DTPA) は、放射性ヌクレオチドの抗体への抱合のためのキレート剤の例である。国際公開 94/11026 参照。

抗体のコンジュゲートと一又は複数の小分子毒素、例えばカリケアマイシン、オーリスタチン (auristatin) ペプチド、例えばモノメチルオーリスタチン (MMAE) (ドラス

タチンの合成類似体)、メイタンシノイド、例えばDM1、トリコセン(trichothene)及びCC1065、及び毒性活性を有するこれらの毒素の誘導体が、ここで考察される。

【0073】

メイタンシン及びメイタンシノイド

好ましい一実施態様では、本発明の抗TAHO抗体(完全長又は断片)は一又は複数のメイタンシノイド分子と結合している。

メイタンシノイド、例えばDM1は、チューブリン重合を阻害するように作用する分裂阻害剤である。メイタンシンは、最初、東アフリカシラブ*Maytenus serrata*から単離されたものである(米国特許第3896111号)。その後、ある種の微生物がメイタンシノイド類、例えばメイタンシノール及びC-3メイタンシノールエステルを生成することが発見された(米国特許第4151042号)。合成メイタンシノール及びその誘導体及び類似体は、例えば米国特許第4137230号；同4248870号；同4256746号；同4260608号；同4265814号；同4294757号；同4307016号；同4308268号；同4308269号；同4309428号；同4313946号；同4315929号；同4317821号；同4322348号；同4331598号；同4361650号；同4364866号；同4424219号；同4450254号；同4362663号；及び同4371533号に開示されており、その開示は出典を明示してここに取り込まれる。

【0074】

メイタンシノイド-抗体コンジュゲート

治療指標を改善する試みにおいて、メイタンシン及びメイタンシノイドは、腫瘍細胞抗原に特異的に結合する抗体と結合している。メイタンシノイドを含有する免疫コンジュゲート及びそれらの治療用途は、例えば米国特許第5,208,020号、同5,416,064号、欧州特許第0425235B1号に開示されており、その開示は出典を明示してここに取り込まれる。Liu等, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 93:8618-8623(1996)には、ヒト結腸直腸癌に対するモノクローナル抗体C242に結合するDM1と命名されたメイタンシノイドを含有する免疫コンジュゲートが記載されている。前記コンジュゲートは培養された結腸癌細胞に対して高い細胞障害性を有することが見出されており、インビボ腫瘍増殖アッセイにおいて抗腫瘍活性を示す。Chari等, Cancer Research, 52:127-131(1992)には、メイタンシノイドが、ジスルフィド結合を介して、ヒト結腸癌株化細胞の抗原に結合するマウス抗体A7、又はHER-2/neuオンコジーンに結合する他のマウスモノクローナル抗体TA.1に結合している免疫コンジュゲートが記載されている。TA.1-メイタンシノイドコンジュゲートの細胞障害性はヒト乳癌株化細胞SK-BR-3におけるインビトロで試験され、細胞当たり 3×10^5 HER-2表面抗原が発現した。薬剤コンジュゲートにより、遊離のメイタンシノイド剤に類似した細胞障害度が達成され、該細胞障害度は、抗体分子当たりのメイタンシノイド分子の数を増加させることにより増加する。A7-メイタンシノイドコンジュゲートはマウスにおいては低い全身性細胞障害性を示した。

【0075】

抗TAHOポリペプチド抗体-メイタンシノイドコンジュゲート(免疫コンジュゲート)

抗TAHO抗体-メイタンシノイドコンジュゲートは、抗体又はメイタンシノイド分子のいずれの生物学的活性もほとんど低減することなく、メイタンシノイド分子に抗TAHO抗体を化学的に結合させることにより調製される。1分子の毒素/抗体は、裸抗体の使用において細胞障害性を高めることが予期されているが、抗体分子当たり、平均3-4のメイタンシノイド分子が結合したものは、抗体の機能又は溶解性に悪影響を与えることなく、標的細胞に対する細胞障害性を向上させるといった効力を示す。メイタンシノイドは当該技術分野でよく知られており、公知の技術で合成することも、天然源から単離することもできる。適切なメイタンシノイドは、例えば米国特許第5208020号、及び他の特許、及び上述した特許ではない刊行物に開示されている。好ましいメイタンシノイドは、メイタンシノール、及び種々のメイタンシノールエステル等の、メイタンシノール分子

の芳香環又は他の位置が修飾されたメイタンシノール類似体である。

例えば、米国特許第5208020号又は欧州特許第0425235B1号、及びChar i等, Cancer Research, 52:127-131(1992)に開示されているもの等を含む、抗体-メイタンシノイドコンジュゲートを作製するために、当該技術で公知の多くの結合基がある。結合基には、上述した特許に開示されているようなジスルフィド基、チオエーテル基、酸不安定性基、光不安定性基、ペプチターゼ不安定性基、又はエステラーゼ不安定性基が含まれるが、ジスルフィド及びチオエーテル基が好ましい。

【0076】

抗体とメイタンシノイドとのコンジュゲートは、種々の二官能性タンパク質カップリング剤、例えばN-スクシンイミジル-3-(2-ピリジルジチオ)プロピオナート(SPD P)、スクシンイミジル-4-(N-マレイミドメチル)シクロヘキサン-1-カルボキシラート、イミノチオラン(IT)、イミドエステル類の二官能性誘導体(例えばジメチルアジピミダー トHCL)、活性エステル類(例えば、スベリン酸ジスクシンイミジル)、アルデヒド類(例えば、グルタルアルデヒド)、ビスアジド化合物(例えば、ビス(p-アジドベンゾイル)ヘキサジアミン)、ビス-ジアゾニウム誘導体(例えば、ビス-(p-ジアゾニウムベンゾイル)エチレンジアミン)、ジイソシアネート(例えば、トルエン-2,6-ジイソシアネート)、及び二活性フッ素化合物(例えば、1,5-ジフルオロ-2,4-ジニトロベンゼン)を使用して作製することができる。特に好ましいカップリング剤には、ジスルフィド結合に提供されるN-スクシンイミジル-4-(2-ピリジルチオ)ペンタノアート(SPP)、スルホスクシンイミジルマレイミドメチルシクロヘキサンカルボン塩酸(SMCC)及びN-スクシンイミジル-3-(2-ピリジルジチオ)プロピオナート(SPD P)(Carlsson等, Biochem. J. 173:723-737[1978])が含まれる。その他の有用なリンカーには、シス-MC-vc-PAB(マレイミド成分及びパラ-アミノベンジルカルバモイル(PAB)セルフィンモレ イティブ(self-immolative)成分を有するバリナーシトルリン(vc)ジペプチドリ ンカー試薬)が含まれる。

リンカーは結合の種類に応じて、種々の位置でメイタンシノイド分子に結合し得る。例えば、従来からのカップリング技術を使用してヒドロキシル基と反応させることによりエステル結合を形成することができる。反応はヒドロキシル基を有するC-3位、ヒドロキシメチルで修飾されたC-14位、ヒドロキシル基で修飾されたC-15位、及びヒドロキシル基を有するC-20位で生じる。好ましい実施態様において、結合はメイタンシノール又はメイタンシノールの類似体のC-3位で形成される。

【0077】

カリケアマイシン

対象の他の免疫コンジュゲートには、一又は複数のカリケアマイシン分子と結合した抗TAHO抗体が含まれる。抗生物質のカリケアマイシンファミリーはサブ-ピコモルの濃度で二重鎖DNA破壊を生じることができる。カリケアマイシンファミリーのコンジュゲートの調製については、米国特許第5712374号、同5714586号、同5739116号、同5767285号、同5770701号、同5770710号、同5773001号、同5877296号(全て、American Cyanamid Company)を参照のこと。使用可能なカリケアマイシンの構造類似体には、限定するものではないが、 γ_1^I 、 α_2^I 、 α_3^I 、N-アセチル- γ_1^I 、PSAG及び θ^I_1 (Hinman等, Cancer Research, 53:3336-3342(1993)、Lode等 Cancer Research, 58:2925-2928(1998)及び上述したAmerican Cyanamidの米国特許)が含まれる。抗体が結合可能な他の抗腫瘍剤は、葉酸代謝拮抗薬であるQFAである。カリケアマイシン及びQFAは双方共、細胞内に作用部位を有し、原形質膜を容易に通過しない。よって抗体媒介性インターナリゼーションによるこれらの薬剤の細胞への取込により、細胞障害効果が大きく向上する。

【0078】

他の細胞障害剤

本発明の抗TAHO抗体と結合可能な他の抗腫瘍剤には、BCNU、ストレプトゾシン、ビンクリスチン及び5-フルオロウラシル、米国特許第5053394号、同577

0710号に記載されており、集合的にLL-E33288複合体として公知の薬剤のファミリー、並びにエスペラマイシン(esperamicine)(米国特許第5877296号)が含まれる。

使用可能な酵素活性毒及びその断片には、ジフテリアA鎖、ジフテリア毒素の非結合性活性断片、外毒素A鎖(シュードモナス・アエルギノーサ(*Pseudomonas aeruginosa*))、リシンA鎖、アブリンA鎖、モデシン(modeccin)A鎖、アルファ-サルシン(sarcin)、アレウライツ・フォルディイ(*Aleurites fordii*)プロテイン、ジアンシン(dianthin)プロテイン、フィトラッカ・アメリカナ(*Phytolacca americana*)プロテイン(PAPI、PAPII及びPAP-S)、モモルディカ・キャランティア(*Momordica charantia*)インヒビター、クルシン(curcin)、クロチン、サパオナリア(*Saponaaria*)オフィシナリスインヒビター、ゲロニン(gelonin)、マイトゲリン(mitogellin)、レストリクトシン(restrictocin)、フェノマイシン、エノマイシン及びトリコセセンス(tricothecenes)が含まれる。例えば、1993年10月28日公開の国際公開第93/21232号を参照のこと。

本発明は、抗体と核酸分解活性を有する化合物(例えばリボヌクレアーゼ又はDNAエンドヌクレアーゼ、例えばデオキシリボヌクレアーゼ；DNAアーゼ)との間に形成される免疫コンジュゲートをさらに考察する。

【0079】

腫瘍を選択的に破壊するため、抗体は高い放射性を有する原子を含有してよい。放射性コンジュゲートした抗TAHO抗体を生成するために、種々の放射性同位体が利用される。例には、 At^{211} 、 I^{131} 、 I^{125} 、 Y^{90} 、 Re^{186} 、 Re^{188} 、 Sm^{153} 、 Bi^{212} 、 P^{32} 、 Pb^{212} 及びLuの放射性同位体が含まれる。コンジュゲートが検出に使用される場合、それはシンチグラフィー研究用の放射性原子、例えば tc^{99m} 又は I^{123} 、又は核磁気共鳴(NMR)映像(磁気共鳴映像、mriとしても公知)用のスピン標識、例えばヨウ素-123、ヨウ素-131、インジウム-111、フッ素-19、炭素-13、窒素-15、酸素-17、ガドリニウム、マンガン又は鉄を含有し得る。

放射-又は他の標識が、公知の方法でコンジュゲートに導入される。例えば、ペプチドは生物合成されるか、又は水素の代わりにフッ素-19を含む適切なアミノ酸前駆体を使用する化学的なアミノ酸合成により合成される。標識、例えば tc^{99m} 又は I^{123} 、 Re^{186} 、 Re^{188} 及び In^{111} は、ペプチドのシステイン残基を介して結合可能である。イットリウム-90はリジン残基を介して結合可能である。IODOGEN法(Fraker等(1978) Biochem. Biophys. Res. Commun. 80:49-57)は、ヨウ素-123の導入に使用することができる。他の方法の詳細は、「Monoclonal Antibodies in Immunoscintigraphy」(Chatal, CRC Press 1989)に記載されている。

【0080】

抗体と細胞障害剤のコンジュゲートは、種々の二官能性タンパク質カップリング剤、例えばN-スクシンイミジル-3-(2-ピリジルジチオ)プロピオナート(SPDP)、スクシンイミジル-4-(N-マレイミドメチル)シクロヘキサン-1-カルボキシラート、イミノチオラン(IT)、イミドエステル類の二官能性誘導体(例えばジメチルアジピミデートHCL)、活性エステル類(例えば、スベリン酸ジスクシンイミジル)、アルデヒド類(例えば、グルタルアルデヒド)、ビスアジド化合物(例えば、ビス(p-アジドベンゾイル)ヘキサンジアミン)、ビス-ジアゾニウム誘導体(例えば、ビス-(p-ジアゾニウムベンゾイル)エチレンジアミン)、ジイソシアネート(例えば、トリエン-2,6-ジイソシアネート)、及び二活性フッ素化合物(例えば、1,5-ジフルオロ-2,4-ジニトロベンゼン)を使用して作製することができる。例えば、リシン免疫毒素は、Vitetta等, Science 238:1098(1987)に記載されているようにして調製することができる。炭素-14標識1-イソチオシアナトベンジル-3-メチルジエチレン-トリアミン五酢酸(MX-DTPA)が抗体に放射性ヌクレオチドをコンジュゲートするためのキレート剤の例である。国際公開第94/11026号を参照されたい。リンカーは細胞中の細胞障害剤の放出を容易にするための「切断可能リンカー」であってよい。例えば、酸不安定性リンカー、ペプチダーゼ過敏性リンカー、光不安定性リンカー、ジメチルリンカー又はジスルフィド含有リンカーが使用され得る(Chari

等, Cancer Research, 52:127-131(1992); 米国特許第 5 2 0 8 0 2 0 号)。

別法として、抗 T A H O 抗体及び細胞障害剤を含有する融合タンパク質は、例えば組換え技術又はペプチド合成により作製される。D N A の長さは、コンジュゲートの所望する特性を破壊しないリンカーペプチドをコードする領域により離間しているか、又は互いに隣接しているコンジュゲートの 2 つの部分の領域をそれぞれ含有する。

他の実施態様において、腫瘍の事前ターゲティングに利用するために、「レセプター」(例えばストレプトアビジン)に抗体をコンジュゲートし、ここで抗体-レセプターコンジュゲートを患者に投与し、続いて清澄剤を使用し、循環から未結合コンジュゲートを除去し、細胞障害剤(例えば放射性ヌクレオチド)にコンジュゲートする「リガンド」(例えばアビジン)を投与する。

【0081】

10. 免疫リボソーム

ここで開示されている抗 T A H O 抗体は、免疫リボソームとして処方することもできる。「リボソーム」は、哺乳動物への薬物輸送に有用な、脂質、リン脂質及び／又は界面活性剤を含む種々のタイプの小胞体である。リボソームの成分は、通常は生物膜の脂質配向に類似した 2 層構造に配列される。抗体を含有するリボソームは、例えば Epstein 等, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 82:3688(1985); Hwang 等, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 77:4030(1980); 及び米国特許第 4 4 8 5 0 4 5 号及び同 4 5 4 4 5 4 5 号; 及び 1 9 9 7 年 1 0 月 2 3 日に公開の国際公開 9 7 / 3 8 7 3 1 に記載されているように、当該分野において既知の方法により調製される。循環時間が増したリボソームは米国特許第 5 0 1 3 5 5 6 号に開示されている。

特に有用なリボソームは、ホスファチジルコリン、コレステロール及び P E G - 誘導体化ホスファチジルエタノールアミン (P E G - P E) を含有する脂質組成物を用いた逆相蒸発法により作製することができる。リボソームは孔径が定められたフィルターを通して押し出され、所望の直径を有するリボソームが得られる。本発明の抗体の F a b ' 断片は、ジスルフィド交換反応を介して、Martin 等, J. Biol. Chem. 257:286-288(1982)に記載されているようにしてリボソームにコンジュゲートすることができる。場合によっては、化学療法剤はリボソーム内に包含される。Gabizon 等, J. National Cancer Inst. 81(19)1484(1989)を参照されたい。

【0082】

B. T A H O 結合オリゴペプチド

本発明の T A H O 結合オリゴペプチドはここで記載される様な T A H O ポリペプチドに、好ましくは特異的に、結合するオリゴペプチドである。T A H O 結合オリゴペプチドは、既知のオリゴペプチド合成法を用いて化学的に合成することができ、あるいは組換え技術を用いて調製及び生成することができる。T A H O 結合オリゴペプチドは通常、少なくとも約 5 のアミノ酸長であり、或いは少なくとも約 6、7、8、9、10、11、12、13、14、15、16、17、18、19、20、21、22、23、24、25、26、27、28、29、30、31、32、33、34、35、36、37、38、39、40、41、42、43、44、45、46、47、48、49、50、51、52、53、54、55、56、57、58、59、60、61、62、63、64、65、66、67、68、69、70、71、72、73、74、75、76、77、78、79、80、81、82、83、84、85、86、87、88、89、90、91、92、93、94、95、96、97、98、99 又は 100 のアミノ酸長以上であり、このようなオリゴペプチドはここに記載される様な T A H O ポリペプチドに対して好ましくは特異的に結合する能力がある。T A H O 結合オリゴペプチドは、よく知られた技術を用いて過度の実験をすることなしに同定することができる。この点において、ポリペプチド標的に特異的に結合する能力のあるオリゴペプチドのオリゴペプチドライブラリーを検索する技術は当分野でよく知られていることを注記する (例えば、米国特許第 5 5 5 6 7 6 2 号、同第 5 7 5 0 3 7 3 号、同第 4 7 0 8 8 7 1 号、同第 4 8 3 3 0 9 2 号、同第 5 2 2 3 4 0 9 号、同第 5 4 0 3 4 8 4 号、同第 5 5 7 1 6 8 9 号、同第 5 6 6 3 1 4 3 号; P C

T公開第WO 84/03506号、及びWO 84/03564号；Geysen等, Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A., 81:3998-4002 (1984)；Geysen等, Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A., 82:178-182 (1985)；Geysen等, in Synthetic Peptides as Antigens, 130-149 (1986)；Geysen等, J. Immunol. Meth., 102:259-274 (1987)；Schoofs等, J. Immunol., 140:611-616 (1988), Cwirla, S.E.等(1990) Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 87:6378；Lowman, H.B.等 (1991) Biochemistry, 30:10832；Clackson, T.等 (1991) Nature, 352:624；Marks, J.D.等 (1991) J. Mol. Biol., 222:581；Kang, A.S.等 (1991) Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 88:8363、及びSmith, G.P. (1991) Current Opin. Biotechnol., 2:668参照)。

【0083】

この点において、バクテリオファージ（ファージ）ディスプレイは、大きなオリゴペプチドライブラリーを検索して、ポリペプチド標的に特異的に結合する能力のあるこれらライブラリーのメンバーを同定することを可能にするよく知られた技術の一つである。ファージディスプレイは、様々なポリペプチドがバクテリオファージ粒子の表面上のコートタンパク質に融合タンパク質として表示されることによる技術である（Scott, J.K. 及び Smith G. P. (1990) Science 249:386）。ファージディスプレイの有用性は、選択的にランダム化されたタンパク質変異体（又はランダムクローン cDNA）の大きなライブラリーを標的分子に高い親和性で結合するこれらの配列について素早く効果的に分類することができる点にある。ファージでのペプチド（Cwirla, S.E.等 (1990) Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 87:6378）又はタンパク質（Lowman, H.B.ら (1991) Biochemistry, 30:10832；Clackson, T.ら (1991) Nature, 352: 624；Marks, J.D.等 (1991), J. Mol. Biol., 222:581；Kang, A.S.等 (1991) Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 88:8363）ライブラリーのディスプレイは、特異的に結合する特性を有するものについて無数のポリペプチド又はオリゴペプチドをスクリーニングするために使用されている（Smith, G.P. (1991) Current Opin. Biotechnol., 2:668）。ランダム突然変異体のファージライブラリーの分類は、多数の変異体を構築して増殖させる方法、標的レセプターを用いた親和性精製の方法、及び結合増強の結果を評価する手段を必要とする。米国特許第5223409号、同第5403484号、同第5571689号、及び同第5663143号。

【0084】

ほとんどのファージディスプレイ法は繊維状ファージを使用していたが、λファージディスプレイシステム（WO 95/34683；米国特許第5627024号）、T4ファージディスプレイシステム（Ren等 Gene, 215:439 (1998)；Zhu等Cancer Research, 58(15): 3209-3214 (1998)；Jiang等, Infection & Immunity, 65(11): 4770-4777 (1997)；Ren等, Gene, 195(2):303-311 (1997)；Ren, Protein Sci., 5:1833 (1996)；Efimov等, Virus Genes, 10:173 (1995)及びT7ファージディスプレイシステム（Smith及びScott, Methods in Enzymology, 217, 228-257 (1993)；米国特許第5766905号）も知られている。

【0085】

現在、基礎的なファージディスプレイ構想の多くの他の改良及び変形が開発されている。これらの改良は、選択された標的分子への結合についてペプチドライブラリーをスクリーニングするための、及びこれらのタンパク質が所望の特性をスクリーニングする潜在能力で機能性タンパク質をディスプレイするためのディスプレイシステムの能力を増強する。ファージディスプレイ反応のための組み換え反応手段について記載があり（WO 98/14277）及びファージディスプレイライブラリーは二分子相互作用（WO 98/20169；WO 98/20159）及び拘束性ヘリックスペプチドの特性（WO 98/20036）を分析及び制御するために使用されている。WO 97/35196は、リガンドが標的分子に結合しうる第一の溶液、及び親和性リガンドが標的分子に結合しない第二の溶液とファージディスプレイライブラリーを接触させて結合リガンドを選択的に単離する、親和性リガンドの単離方法を記載する。WO 97/46251は、親和性精製抗体でランダムファージディスプレイライブラリーをバイオパニングし、次いで結合ファージを単離し、続いてマイクロプレートのウェルでマイクロパニングして高親和性結合ファージを

単離する方法を記載する。黄色ブドウ球菌 (*Staphylococcus aureus*) タンパク質 A の親和性タグとしての使用も報告されている (Li 等, (1998) *Mol Biotech.*, 9:187)。WO 97/47314 は、ファージディスプレイライブラリーでもよいコンビナトリアルライブラリーを用いて酵素特異性を識別するための基質サブトラクションライブラリーの使用を記載している。ファージディスプレイに用いる洗浄剤における使用に適した酵素を選択する方法は WO 97/09446 に記載される。特異的に結合するタンパク質を選択する更なる方法は、米国特許第 5498538 号、同第 5432018 号、及び WO 98/15833 に記載されている。

ペプチドライブラリーの作製及びこれらのライブラリーのスクリーニングの方法は、米国特許第 5723286 号、同第 5432018 号、同第 5580717 号、同第 5427908 号、同第 5498530 号、同第 5770434 号、同第 5734018 号、同第 5698426 号、同第 5763192 号、及び同第 5723323 号に記載される。

【0086】

C. T A H O 結合有機分子

T A H O 結合有機分子とは、ここに記載されるような T A H O ポリペプチドに、好ましくは特異的に結合する、ここに定義されるようなオリゴペプチド又は抗体以外の有機分子である。T A H O 結合有機分子は既知の方法 (例えば P C T 公開第 WO 00/00823 及び WO 00/39585 号参照) を用いて同定され、化学的に合成されうる。T A H O 結合有機分子は通常、約 2000 ダルトンの大きさ未満であり、あるいは約 1500、750、500、250 又は 200 ダルトンの大きさであり、ここに記載される様な T A H O ポリペプチドに、好ましくは特異的に結合する能力のあるこのような有機分子は、よく知られた技術を用いて過度の実験をすることなしに同定されうる。この点において、ポリペプチド標的に結合する能力のある分子の有機分子ライブラリーを検索する技術は当分野でよく知られていることを注記する (例えば P C T 公開第 WO 00/00823 及び WO 00/39585 号参照)。T A H O 結合有機分子は、例えばアルデヒド、ケトン、オキシム、ヒドラゾン、セミカルバゾン、カルバジド、一級アミン、二級アミン、三級アミン、N 置換ヒドラジン、ヒドラジド、アルコール、エーテル、チオール、チオエーテル、ジスルフィド、カルボン酸、エステル、アミド、尿素、カルバミン酸塩、炭酸塩、ケタール、チオケタール、アセタール、チオアセタール、ハロゲン化アリール、アリールスルホン酸、ハロゲン化アルキル、アルキルスルホン酸、芳香族化合物、複素環化合物、アニリン、アルケン、アルキン、ジオール、アミノアルコール、オキサゾリジン、オキサゾリン、チアゾリジン、チアゾリン、エナミン、スルホンアミド、エポキシド、アジリジン、イソシアン酸塩、塩化スルホニル、ジアゾ化合物、酸塩化物等であり得る。

【0087】

D. 所望する特性を有する抗 T A H O 抗体、T A H O 結合オリゴペプチド及び T A H O 結合有機分子のスクリーニング

T A H O ポリペプチドに結合する抗体、オリゴペプチド及び有機分子を生成する技術を上記にて記載した。所望するような、所定の生物学的特性を有する抗体、オリゴペプチド又は有機分子をさらに選択することができる。

本発明の抗 T A H O 抗体、オリゴペプチド又は他の有機分子の増殖阻害効果を、例えば、内因的又は T A H O 遺伝子によるトランスフェクション後のいずれかで T A H O ポリペプチドを発現する細胞を用いる当該分野で周知の方法によって評価することができる。例えば、適切な腫瘍細胞株及び T A H O 形質移入細胞は、数日間 (例えば、2-7)、種々の濃度の本発明の抗 T A H O モノクローナル抗体、オリゴペプチド又は他の有機分子で処理し、クリスタル・バイオレット又は M T T で染色、又は幾つかの他の比色アッセイによって分析し得る。増殖を測定するその他の方法は、本発明の抗 T A H O 抗体、T A H O 結合オリゴペプチド又は T A H O 結合有機分子の存在又は非存在下で処理した細胞の ^3H -チミジン取り込みを比較することによる。処理の後、細胞を収集し、DNA へ取り込まれた放射能をシンチレーションカウンターで定量化した。適切なポジティブコントロールには、細胞株の増殖を阻害することが知られている増殖阻害抗体でその選択した細胞株を処

理することが含まれる。インビボでの増殖阻害は、当該分野で知られている種々の方法で確かめることができる。腫瘍細胞は、T A H Oポリペプチドを過剰発現するものである。抗T A H O抗体、T A H O結合オリゴペプチド又はT A H O結合有機分子は、ある実施態様では約0.5から30 $\mu\text{g}/\text{ml}$ の抗体濃度で、未処理腫瘍細胞と比べて約25-100%、より好ましくは約30-100%、そしてさらにより好ましくは約50-100%又は70-100%のT A H O発現腫瘍細胞の増殖をインビトロ又はインビボで阻害する。増殖阻害は、細胞培養で、約0.5から30 $\mu\text{g}/\text{ml}$ 又は0.5 nMから200 nMの抗体濃度で測定することができ、その増殖阻害は、抗体への腫瘍細胞の曝露後1-10日で確かめられる。約1 $\mu\text{g}/\text{kg}$ から約100 mg/kg体重での抗T A H O抗体の投与が、抗体の最初の投与から約5日から3ヶ月、好ましくは約5日から30日以内に腫瘍の大きさの減少又は腫瘍細胞増殖の減少を引き起こすならば、抗体はインビボで増殖阻害作用がある。

【0088】

細胞死を誘発する抗T A H O抗体、T A H O結合オリゴペプチド又はT A H O結合有機分子を選択するために、例えばヨウ化プロピジウム (P I)、トリパンプルー又は7 A A Dの取込みにより示される膜インテグリティの損失度合いを対照と比較して求める。P I取込みアッセイは、補体及び免疫エフェクター細胞の不在下で行われる。T A H Oポリペプチド発現細胞腫瘍細胞を、培地のみ、又は適切な抗T A H O抗体 (例えば約10 $\mu\text{g}/\text{ml}$)、T A H O結合オリゴペプチド又はT A H O結合有機分子を含有する培地でインキュベートする。細胞を3日間インキュベートする。各処理に続いて、細胞を洗浄し、細胞凝塊除去のために35 mmのストレーナキャップ付き12×75チューブ(チューブ当たり1 ml、処理グループ当たり3チューブ)に等分する。次いで、チューブへP I (10 $\mu\text{g}/\text{ml}$)を与える。サンプルをF A C S C A N (登録商標) フローサイトメータとF A C S C O N V E R T (登録商標) セルクエスト (CellQuest) ソフトウェア (Becton Dickinson) を使用して分析してもよい。P I取込みによって測定されるような、統計的に有意なレベルの細胞死を誘発する抗T A H O抗体、T A H O結合オリゴペプチド又はT A H O結合有機分子は、細胞死誘発抗T A H O抗体、T A H O結合オリゴペプチド又はT A H O結合有機分子として選択することができる。

関心のある抗体が結合したT A H Oポリペプチド上のエピトープに結合する抗体、オリゴペプチド又は他の有機分子をスクリーニングするために、Antibodies, A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory, Ed Harlow及びDavid Lane編(1988)に記載されているような通常の交差ブロッキングアッセイを実施することができる。既知の抗T A H O抗体のように、試験抗体、オリゴペプチド又は他の有機分子が同じ部位又はエピトープと結合するならば、このアッセイを確定するために用いることができる。あるいは、又は付加的に、エピトープマッピングを、当該分野で周知の方法によって行うことができる。例えば、接触残基を同定するために、例えばアラニンスキャンニングによって抗体配列を変異させることができる。この変異体抗体は、適切なフォールディングを確かめるために、最初にポリクローナル抗体との結合について試験される。異なる方法では、T A H Oポリペプチドの異なる領域と一致するペプチドを、試験抗体群又は試験抗体及び特徴付けられた又は既知のエピトープを有する抗体による競合アッセイで用いることができる。

【0089】

E. 抗体依存性酵素媒介性プロドラッグ治療法 (A D E P T)

また、本発明の抗体は、プロドラッグ (例えばペプチジル化学療法剤、国際公開81/01145を参照) を活性な抗癌剤へ変換するプロドラッグ活性化酵素へ抗体をコンジュゲートすることによって、A D E P Tにおいて使用することができる。例えば国際公開88/07378及び米国特許第4975278号を参照されたい。

A D E P Tに有用な免疫コンジュゲートの酵素成分には、より活性な細胞毒形態に変換するようにプロドラッグへ作用し得る任意の酵素が含まれる。

限定するものではないが、この発明の方法に有用な酵素には、ホスファート含有プロドラッグを遊離の薬剤に変換するのに有用なアルカリ性ホスファターゼ；スルファート含有

プロドラッグを遊離の薬剤に変換するのに有用なアリールスルファターゼ；非毒性 5-フルオロシトシンを抗癌剤 5-フルオロウラシルに変換するのに有用なシトシンデアミナーゼ；プロテアーゼ、例えばセラチアプロテアーゼ、サーモリシン、サブチリシン、カルボキシペプチダーゼ及びカテプシン(例えば、カテプシン B 及び L)で、ペプチド含有プロドラッグを遊離の薬剤に変換するのに有用なもの；D-アミノ酸置換基を含有するプロドラッグの変換に有用な D-アラニルカルボキシペプチダーゼ；炭水化物切断酵素、例えばグリコシル化プロドラッグを遊離の薬剤に変換するのに有用なノイラミニダーゼ及び β ガラクトシダーゼ； β ラクタムで誘導体化された薬剤を遊離の薬剤に変換させるのに有用な β ラクタマーゼ；及びペニシリンアミダーゼ、例えばそれぞれフェノキシアセチル又はフェニルアセチル基で、それらのアミン性窒素において誘導体化された薬剤を遊離の薬剤に変換するのに有用なペニシリン V アミダーゼ又はペニシリン G アミダーゼが含まれる。あるいは、「アブザイム」としてもまた公知の酵素活性を有する抗体を、遊離の活性薬剤に本発明のプロドラッグを変換させるために使用することもできる(例えば、Massey, Nature 328:457-458(1987)を参照)。抗体-アブザイムコンジュゲートは、ここで記載されているようにして、腫瘍細胞個体群にアブザイムを送達するために調製することができる。

この発明の酵素は、当該分野においてよく知られている技術、例えば上で検討したヘテロ二官能性架橋試薬を使用することにより、抗 T A H O 抗体に共有的に結合させることができる。あるいは、本発明の抗体の少なくとも抗原結合領域を本発明の酵素の少なくとも機能的に活性な部位に結合せしめてなる融合タンパク質を、当該技術においてよく知られている組換え D N A 技術を使用して作成することができる(Neuberger等, Nature 312:604-608[1984])。

【0090】

F. 完全長 T A H O ポリペプチド

本発明は、本出願で T A H O ポリペプチドと呼ばれるポリペプチドをコードする新規に同定され単離された核酸配列を提供する。特に下記の実施例でさらに詳細に説明するように、種々の T A H O ポリペプチドをコードする c D N A (部分及び完全長)が同定され単離された。

下記の実施例に開示するように、種々の c D N A クローンが A T C C に寄託されている。これらのクローンの正確なヌクレオチド配列は、この分野で日常的な方法を用いて寄託されたクローンを配列決定することにより容易に決定することができる。予測されるアミノ酸配列は、ヌクレオチド配列から常套的技量を用いて決定できる。ここに記載した T A H O ポリペプチド及びコード化核酸について、本出願人は、現時点で入手可能な配列情報と最も良く一致するリーディングフレームであると考えられるものを同定した。

【0091】

G. 抗 T A H O 抗体及び T A H O ポリペプチド変異体

ここに記載した抗 T A H O 抗体及び完全長天然配列 T A H O ポリペプチドに加えて、抗 T A H O 抗体及び T A H O ポリペプチド変異体も調製できると考えられる。抗 T A H O 抗体及び T A H O ポリペプチド変異体は、コード化 D N A に適当なヌクレオチド変化を導入することによって、及び／又は所望の抗体又はポリペプチドを合成することによって調製できる。当業者は、アミノ酸変化がグリコシル化部位の数又は位置の変化あるいは膜固着特性の変化などの抗 T A H O 抗体の翻訳後プロセス又は T A H O ポリペプチドの翻訳後プロセスを変え得るのを理解するであろう。

ここに記載した抗 T A H O 抗体及び T A H O ポリペプチドの変異は、例えば、米国特許第 5 3 6 4 9 3 4 号に示す保存的及び非保存的変異に関する技術及び指針のいずれかを用いて作成することができる。変異は、結果として天然配列抗体又はポリペプチドと比較してアミノ酸配列の変化を生じる、抗体又はポリペプチドをコードする一又は複数のコドンの置換、欠失又は挿入であってもよい。場合によっては、変異は、抗 T A H O 抗体又は T A H O ポリペプチドの一つ又は複数のドメインにおける、少なくとも一つのアミノ酸の他の任意のアミノ酸との置換による。どのアミノ酸残基が所望の活性に悪影響を与えることなく挿入、置換又は欠失され得るかを確かめる指針は、抗 T A H O 抗体又は T A H O ポリ

ペプチドの配列を既知の相同タンパク質分子の配列と比較し、相同性の高い領域内で生じたアミノ酸配列変化の数を最小にすることによって見出される。アミノ酸置換は、一のアミノ酸を類似した構造及び／又は化学特性を持つ他のアミノ酸で置換すること、例えばロイシンのセリンでの置換、即ち保存的アミノ酸置換の結果であるとして行うことができる。挿入及び欠失は、場合によっては1から5のアミノ酸の範囲内であり得る。許容され得る変異は、配列にアミノ酸の挿入、欠失又は置換を系統的に作成し、生じた変異体を完全長又は成熟天然配列によって示される活性に関して試験することによって確かめられる。

【0092】

抗T A H O抗体及びT A H Oポリペプチド断片がここで提供されている。そのような断片は、例えば完全長天然抗体又はタンパク質と比較した時に、N末端又はC末端で切断しているか、又は内部残基を欠いている可能性がある。ある断片は、抗T A H O抗体又はT A H Oポリペプチドの所望される生物学的活性にとって必修ではないアミノ酸残基を欠く。

抗T A H O抗体及びT A H Oポリペプチド断片は、多くの従来技術のいずれかによって調製してもよい。所望のペプチド断片は化学合成してもよい。代替的方法には、酵素的消化、例えば特定のアミノ酸残基で確定した部位でタンパク質を切断することが知られた酵素によってタンパク質を処理することで、又は適当な制限酵素でDNAを消化して所望の断片を単離することによって抗体又はポリペプチド断片を生成することが含まれる。さらにその他の好適な技術には、ポリメラーゼ連鎖反応（PCR）によって、所望の抗体又はポリペプチド断片をコードするDNA断片を単離し増幅することが含まれる。DNA断片の所望の末端を確定するオリゴヌクレオチドは、PCRの5'及び3'プライマーで用いられる。好ましくは、抗T A H O抗体及びT A H Oポリペプチド断片は、ここに開示した天然抗T A H O抗体又はT A H Oポリペプチドと少なくとも1つの生物学的及び／又は免疫学的活性を共有する。

【0093】

特定の実施態様では、対象とする保存的置換を、好ましい置換の項目で表6に示す。このような置換が生物学的活性の変化をもたらす場合、表6に例示的置換と名前を付けた又は以下にアミノ酸分類でさらに記載するように、より実質的な変化が導入され生成物がスクリーニングされる。

【0094】

表 6

元の残基	例示的置換	好ましい置換
Ala (A)	val; leu; ile	val
Arg (R)	lys; gln; asn	lys
Asn (N)	gln; his; lys; arg	gln
Asp (D)	glu	glu
Cys (C)	ser	ser
Gln (Q)	asn	asn
Glu (E)	asp	asp
Gly (G)	pro; ala	ala
His (H)	asn; gln; lys; arg	arg
Ile (I)	leu; val; met; ala; phe; ノルロイシン	leu
Leu (L)	ノルロイシン; ile; val; met; ala; phe	ile
Lys (K)	arg; gln; asn	arg
Met (M)	leu; phe; ile	leu
Phe (F)	leu; val; ile; ala; tyr	leu
Pro (P)	ala	ala
Ser (S)	thr	thr
Thr (T)	ser	ser
Trp (W)	tyr; phe	tyr
Tyr (Y)	trp; phe; thr; ser	phe
Val (V)	ile; leu; met; phe; ala; ノルロイシン	leu

【0095】

抗TAHO抗体又はTAHOポリペプチドの機能又は免疫学的同一性の実質的修飾は、(a)置換領域のポリペプチド骨格の構造、例えばシート又は螺旋配置、(b)標的部位の電荷又は分子疎水性、又は(c)側鎖の嵩を維持しながら、それらの効果において有意に異なる置換基を選択することにより達成される。天然に生じる残基は共通の側鎖特性に基づいてグループに分けることができる：

- (1) 疎水性：ノルロイシン, met, ala, val, leu, ile;
- (2) 中性の親水性：cys, ser, thr;
- (3) 酸性：asp, glu;
- (4) 塩基性：asn, gln, his, lys, arg;
- (5) 鎖配向に影響する残基：gly, pro; 及び
- (6) 芳香族：trp, tyr, phe。

非保存的置換は、これらの分類の1つのメンバーを他の分類に交換することを必要とするであろう。また、そのように置換された残基は、保存的置換部位、又はより好ましくは、残された(非保存)部位に導入されうる。

変異は、オリゴヌクレオチド媒介(部位特異的)突然変異誘発、アラニンスキャンニング、及びPCR突然変異誘発等のこの分野で知られた方法を用いてなすことができる。部位特異的突然変異誘発[Carter等, Nucl. Acids Res., 13: 4331 (1986); Zoller等, Nucl. Acids Res., 10: 6487 (1987)]、カセット突然変異誘発[Wells等, Gene, 34: 315 (1985)]、制限的選択突然変異誘発[Wells等, Philos. Trans. R. Soc. London SerA, 317: 415 (1986)]又は他の知られた技術をクローニングしたDNAに実施して、抗TAHO抗体又はTAHOポリペプチド変異体DNAを作成することもできる。

【0096】

また、隣接配列に沿って一又は複数のアミノ酸を同定するのにスキャンニングアミノ酸分析を用いることができる。好ましいスキャンニングアミノ酸は比較的小さく、中性のアミノ酸である。そのようなアミノ酸は、アラニン、グリシン、セリン、及びシステインを

含む。アラニンは、ベータ炭素を越える側鎖を排除し変異体の主鎖構造を変化させにくいので、この群の中で典型的に好ましいスキャンニングアミノ酸である [Cunningham及びWells, Science, 244: 1081-1085 (1989)]。また、アラニンは最もありふれたアミノ酸であるため典型的には好ましい。さらに、それは埋もれた及び露出した位置の両方に見られることが多い [Creighton, The Proteins, (W.H. Freeman & Co., N.Y.); Chothia, J. Mol. Biol., 150: 1 (1976)]。アラニン置換が十分な量の変異体を生じない場合は、アイソテリック(isoteric)アミノ酸を用いることができる。

抗T A H O抗体又はT A H Oポリペプチドの適切なコンフォメーションを維持することに関与していない任意のシステイン残基も、分子の酸化的安定性を向上させ、異常な架橋を防ぐために、概してセリンと置換され得る。逆に、抗T A H O抗体又はT A H Oポリペプチドの安定性（特に、抗体がF v断片のような抗体断片）を向上させるために、それにシステイン結合（複数でも）を加えてもよい。

【0097】

特に好ましい型の置換変異体は、親抗体（例えば、ヒト化抗体又はヒト抗体）の一又は複数の高頻度可変領域残基の置換を含む。一般的に、更なる開発のために得られた変異体は、それらが生成された親抗体と比較して向上した生物学的特性を有している。そのような置換変異体を生成する簡便な方法には、ファージディスプレイを使用する親和性成熟がふくまれる。簡潔に言えば、高頻度可変領域部位（例えば、6-7部位）を変異させて各部位における全ての可能なアミノ酸置換を生成させる。このように生成された抗体変異体は、繊維状ファージ粒子から、各粒子内に充填されたM13の遺伝子I I I産物への融合物として一価形態で表示される。ファージ表示変異体は、ついで、ここに開示されるようなそれらの生物学的活性（例えば、結合親和性）についてスクリーニングされる。改変の候補となる高頻度可変領域部位を同定するために、アラニンスキャンニング突然変異誘発を実施し、抗原結合に有意に寄与する高頻度可変領域残基を同定することができる。あるいは、又はそれに加えて、抗原-抗体複合体の結晶構造を分析して抗体とヒトT A H Oポリペプチドとの接点を同定するのが有利である場合もある。このような接触残基及び隣接残基は、ここで詳しく記述した技術による置換の候補である。そのような変異体が生成されたら、変異体のパネルにここに記載するようなスクリーニングを施し、一又は複数の関連アッセイにおいて優れた特性を持つ抗体を更なる開発のために選択することができる。

抗T A H O抗体のアミノ酸配列変異体をコードする核酸分子は、当該分野で周知の種々の方法によって調製される。これらの方法には、限定されるものではないが、オリゴヌクレオチド媒介（又は部位特異的）突然変異誘発、PCR突然変異誘発、そして抗-T A H O抗体の早期に調製した変異体又は非変異体形のカセット突然変異誘発による、天然ソースからの単離（天然発生アミノ酸配列変異体の場合）又は調製が含まれる。

【0098】

H. 抗T A H O抗体及びT A H Oポリペプチドの修飾

抗T A H O抗体及びT A H Oポリペプチドの共有結合的修飾は本発明の範囲内に含まれる。共有結合的修飾の一型には、抗T A H O抗体又はT A H Oポリペプチドの標的とするアミノ酸残基を、抗T A H O抗体又はT A H Oポリペプチドの選択された側鎖又はN又はC末端残基と反応できる有機誘導体化試薬と反応させることが含まれる。二官能性試薬による誘導体化は、例えば抗T A H O抗体又はT A H Oポリペプチドを、抗T A H O抗体の精製方法で用いる水不溶性支持体マトリクス又は表面と架橋させるために有用であり、その逆も同じである。通常用いられる架橋剤には、例えば、1,1-ビス（ジアゾアセチル）-2-フェニルエタン、グルタルアルデヒド、N-ヒドロキシスクシンイミドエステル、例えば4-アジドサリチル酸を有するエステル、3,3'-ジチオビス（スクシンイミジルプロピオネート）等のジスクシンイミジルエステルを含むホモ二官能性イミドエステル、ビス-N-マレイミド-1,8-オクタン等の二官能性マレイミド、及びメチル-3-[(p-アジドフェニル)-ジチオ]プロピオイミダート等の試薬が含まれる。

他の修飾には、グルタミル及びアスパラギン残基の各々対応するグルタミル及びアスパルチル残基への脱アミノ化、プロリン及びリシンのヒドロキシル化、セリル又はトレ

オニル残基のヒドロキシル基のリン酸化、リシン、アルギニン、及びヒスチジン側鎖の α -アミノ基のメチル化[T.E. Creighton, *Proteins: Structure and Molecular Properties*, W.H. Freeman & Co., San Francisco, pp.79-86 (1983)], N末端アミンのアセチル化、及び任意のC末端カルボキシル基のアミド化を含む。

【0099】

本発明の範囲内に含まれる抗TAHO抗体又はTAHOポリペプチドの共有結合的修飾の他の型は、抗体又はポリペプチドの天然グリコシル化パターンの変更を含む。ここで意図される「天然グリコシル化パターンの変更」とは、天然配列抗TAHO抗体又はTAHOポリペプチドに見られる一又は複数の炭水化物部分を欠失させること（内在するグリコシル化部位を取り除くことによって、又は化学及び／又は酵素的手法でグリコシル化を欠失させることのいずれか）、及び／又は天然配列抗TAHO抗体又はTAHOポリペプチドに存在しない一又は複数のグリコシル化部位の付加を意味する。更には、この語句には、存在する種々の炭水化物部分の性質及び特性の変化を含む、天然タンパク質のグリコシル化における定性的な変化が含まれる。

抗体及び他のポリペプチドのグリコシル化とは、典型的にはN-結合又はO-結合のいずれかである。N-結合とは、アスパラギン残基の側鎖への炭水化物部分の付与を指す。トリペプチドは、Xがプロリンを除く任意のアミノ酸である、アスパラギン-X-セリン及びアスパラギン-X-スレオニンの配列であり、アスパラギン側鎖への炭水化物部分が酵素的に付与される認識部位である。従って、ポリペプチドのこれらトリペプチド配列のいずれかの存在によって、潜在的なグリコシル化部位が作り出される。O-結合グリコシル化とは、5-ヒドロキシプロリン又は5-ヒドロキシリジンも用いられるが、殆どの場合にはセリン又はスレオニンへN-アセチルガラクトサミン、ガラクトース、又はキシロースのうちの一つの糖をヒドロキシアミノ酸へ付与することを指す。

抗TAHO抗体又はTAHOポリペプチドへのグリコシル化部位の付加は、アミノ酸配列を改変して、それが上記に記載のトリペプチド配列（N-結合グリコシル化部位について）の一つ又は複数を含むようにすることによって簡便に完遂できる。この改変は、また、最初の抗TAHO抗体又はTAHOポリペプチドの配列へ一つ又は複数のセリン又はスレオニン残基を付加、又は置換することによって生成される（O-結合グリコシル化部位について）。抗TAHO抗体又はTAHOポリペプチドアミノ酸配列は、DNAレベルでの変化を通して、特に、コドンが所望するアミノ酸へ翻訳される、あらかじめ選択した塩基での抗TAHO抗体又はTAHOポリペプチドをコードするDNAを変異させることによって、場合によっては改変され得る。

【0100】

抗TAHO抗体又はTAHOポリペプチド上に糖部分の数を増加させる他の手段は、グリコシドのポリペプチドへの化学的又は酵素的結合による。そのような方法は、この技術分野において、例えば、1987年9月11日に発行された国際公開87/05330、及びAplin及びWriston, *CRC Crit. Rev. Biochem.*, pp. 259-306 (1981)に記載されている。

抗TAHO抗体又はTAHOポリペプチド上に存在する炭水化物部分の除去は、化学的又は酵素的に、あるいはグルコシル化の標的として提示されたアミノ酸残基をコードするコドンの変異的置換によってなすことができる。化学的脱グリコシル化技術は、この分野で知られており、例えば、Hakimuddin等, *Arch. Biochem. Biophys.*, 259:52 (1987)によって、そしてEdge等, *Anal. Biochem.*, 118: 131 (1981)によって記載されている。ポリペプチド上の炭水化物部分の酵素的切断は、Thotakura等, *Meth. Enzymol.* 138:350 (1987)に記載されているように、種々のエンド及びエキソグリコシダーゼを用いることにより達成される。

抗TAHO抗体又はTAHOポリペプチド共有結合的修飾の他の型は、抗体又はポリペプチドを種々の非タンパク質様ポリマーの1つ、例えばポリエチレングリコール（PEG）、ポリプロピレングリコール、又はポリオキシアルキレンへ、米国特許第4640835号；第4496689号；第4301144号；第4670417号；第479119

2号又は第4179337号に記載された方法で結合させることを含む。また、抗体又はポリペプチドは、例えばコアセルベーション法によって又は界面重合によって調製されたマイクロカプセル（例えば、それぞれヒドロキシメチルセルロース又はゼラチン-マイクロカプセル及びポリ-(メチルメタクリレート)マイクロカプセル）に、コロイド状薬物送達系（例えば、リポソーム、アルブミンミクロスフィア、マイクロエマルジョン、ナノ粒子及びナノカプセル）又はマクロエマルジョンで捕捉することができる。このような技術はRemington's Pharmaceutical Sciences, 16版, A. Oslo編(1980)に開示されている。

また、本発明の抗TAHO抗体又はTAHOポリペプチドは、その他の異種ポリペプチド又はアミノ酸配列と融合した抗TAHO抗体又はTAHOポリペプチドを含むキメラ分子が形成される方法で修飾されてもよい。

【0101】

一実施態様では、このようなキメラ分子は、抗タグ抗体が選択的に結合できるエピトープを提供するタグポリペプチドと抗TAHO抗体又はTAHOポリペプチドとの融合を含む。エピトープタグは、一般的には抗TAHO抗体又はTAHOポリペプチドのアミノ又はカルボキシル末端に位置する。このような抗TAHO抗体又はTAHOポリペプチドのエピトープタグ形態の存在は、タグポリペプチドに対する抗体を用いて検出することができる。また、エピトープタグの提供は、抗タグ抗体又はエピトープタグに結合する他の型の親和性マトリクスを用いたアフィニティ精製によって抗TAHO抗体又はTAHOポリペプチドを容易に精製できるようにする。種々のタグポリペプチド及びそれら各々の抗体はこの分野で良く知られている。例としては、ポリ-ヒスチジン（ポリ-His）又はポリ-ヒスチジン-グリシン（poly-his-gly）タグ；flu HAタグポリペプチド及びその抗体12CA5 [Field等, Mol. Cell. Biol., 8:2159-2165 (1988)]；c-mycタグ及びそれに対する8F9、3C7、6E10、G4、B7及び9E10抗体 [Evan等, Molecular and Cellular Biology, 5:3610-3616 (1985)]；及び単純ヘルペスウイルス糖タンパク質D (gD) タグ及びその抗体 [Paborsky等, Protein Engineering, 3(6):547-553 (1990)]を含む。他のタグポリペプチドは、フラッグペプチド [Hopp等, BioTechnology, 6:1204-1210 (1988)]；KT3エピトープペプチド [Martin等, Science, 255:192-194 (1992)]； α -チューブリンエピトープペプチド [Skinner等, J. Biol. Chem., 266:15163-15166 (1991)]；及びT7遺伝子10タンパク質ペプチドタグ [Lutz-Freyermuth等, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 87:6393-6397 (1990)]を含む。

それに換わる実施態様では、キメラ分子は抗TAHO抗体又はTAHOポリペプチドの免疫グロブリン又は免疫グロブリンの特定領域との融合体を含んでもよい。キメラ分子の二価形態（「イムノアドヘシン」とも呼ばれる）については、そのような融合体はIgG分子のFc領域であり得る。Ig融合体は、好ましくはIg分子内の少なくとも1つの可変領域に換えて抗TAHO抗体又はTAHOポリペプチドの可溶化（膜貫通ドメイン欠失又は不活性化）形態を含む。特に好ましい実施態様では、免疫グロブリン融合体は、IgG分子のヒンジ、CH₂及びCH₃、又はヒンジ、CH₁、CH₂及びCH₃領域を含む。免疫グロブリン融合体の製造については、1995年6月27日発行の米国特許第5428130号を参照のこと。

【0102】

I. 抗TAHO抗体及びTAHOポリペプチドの調製

以下の説明は、主として、抗TAHO抗体及びTAHOポリペプチドコード化核酸を含むベクターで形質転換又は形質移入された細胞を培養することにより抗TAHO抗体及びTAHOポリペプチドを産生させる方法に関する。勿論、当該分野においてよく知られている他の方法を用いて抗TAHO抗体及びTAHOポリペプチドを調製することができると考えられている。例えば、適切なアミノ酸配列、又はその一部分を、固相技術を用いた直接ペプチド合成によって生成してもよい [例えば、Stewart等, Solid-Phase Peptide Synthesis, W.H. Freeman Co., サンフランシスコ, カリフォルニア(1969)；Merrifield, J. Am. Chem. Soc., 85:2149-2154 (1963)参照]。手動技術又は自動を使用することに

よってインビトロタンパク質合成を行ってもよい。自動合成は、例えば、アプライド・バイオシステムズ・ペプチド合成機（フォスター シティ，カリフォルニア）を用いて、製造者の指示によって実施してもよい。抗T A H O抗体又はT A H Oポリペプチドの種々の部分を別々に化学的に合成し、化学的又は酵素的方法を用いて結合させて所望する抗T A H O抗体又はT A H Oポリペプチドを生成させてもよい。

【0103】

1. 抗T A H O抗体又はT A H OポリペプチドをコードするDNAの単離

抗T A H O抗体又はT A H OポリペプチドをコードするDNAは、抗T A H O抗体又はT A H OポリペプチドmRNAを保有してそれを検出可能なレベルで発現すると考えられる組織から調製されたcDNAライブラリーから得ることができる。従って、ヒト抗T A H O抗体又はT A H OポリペプチドDNAは、ヒトの組織から調製されたcDNAライブラリーから簡便に得ることができる。また抗T A H O抗体又はT A H Oポリペプチド-コード化遺伝子は、ゲノムライブラリーから又は公知の合成方法（例えば、自動核酸合成）により得ることもできる。

ライブラリーは、対象となる遺伝子あるいはその遺伝子によりコードされるタンパク質を同定するために設計されたプローブ（少なくとも約20-80塩基のオリゴヌクレオチド等）によってスクリーニングできる。選択されたプローブによるcDNA又はゲノムライブラリーのスクリーニングは、例えばSambrook等，Molecular Cloning: A Laboratory Manual(New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989)に記載されている標準的な手順を使用して実施することができる。抗T A H O抗体又はT A H Oポリペプチドをコードする遺伝子を単離する他の方法は、PCR法を使用するものである[Sambrook等, 上掲; Dieffenbach等, PCR Primer: A Laboratory Manual(Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1995)]。

【0104】

cDNAライブラリーをスクリーニングするための技術は、当該分野で良く知られている。プローブとして選択されたオリゴヌクレオチド配列は、疑陽性が最小化されるような十分な長さであり、十分に明瞭でなければならない。オリゴヌクレオチドは、スクリーニングされるライブラリー内のDNAとのハイブリダイゼーション時に検出可能であるように標識されていることが好ましい。標識化の方法は当該分野において良く知られており、³²P標識ATPのような放射線標識、ビオチン化あるいは酵素標識の使用を含む。中程度のストリンジェンシー及び高度のストリンジェンシーを含むハイブリダイゼーション条件は、上掲のSambrookら、に示されている。

このようなライブラリースクリーニング法において同定された配列は、GenBankらの公共データベース又は他の個人の配列データベースに寄託され利用可能となっている他の周知の配列と比較及びアラインメントすることができる。分子の決定された領域内の又は完全長配列に渡っての（アミノ酸又はヌクレオチドレベルのいずれかでの）配列同一性は、当該分野で知られた、及びここに記載した方法を用いて決定することができる。

タンパク質コード化配列を有する核酸は、初めてここで開示された推定アミノ酸配列を使用し、また必要ならば、cDNAに逆転写されていないmRNAの生成中間体及び先駆物質を検出する上掲のSambrook等に記述されているような従来のプライマー伸展法を使用して、選択されたcDNA又はゲノムライブラリーをスクリーニングすることによって得られる。

【0105】

2. 宿主細胞の選択及び形質転換

宿主細胞を、ここに記載した抗T A H O抗体又はT A H Oポリペプチド生成のための発現又はクローニングベクターで形質移入又は形質転換し、プロモーターを誘導し、形質転換体を選択し、又は所望の配列をコードする遺伝子を増幅するために適当に変性された常套的栄養培地で培養する。培養条件、例えば培地、温度、pH等々は、過度の実験をすることなく当業者が選ぶことができる。一般に、細胞培養の生産性を最大にするための原理、プロトコル、及び実用技術は、Mammalian Cell Biotechnology: a Practical Approach

, M. Butler編 (IRL Press, 1991) 及び上掲の Sambrook 等に見出すことができる。

真核生物細胞形質移入及び原核生物細胞形質転換の方法、例えば、 CaCl_2 、 CaPO_4 、リポソーム媒介及びエレクトロポレーションは当業者に知られている。用いられる宿主細胞に応じて、その細胞に対して適した標準的な方法を用いて形質転換はなされる。前掲の Sambrook 等に記載された塩化カルシウムを用いるカルシウム処理又はエレクトロポレーションが、一般的に原核生物に対して用いられる。アグロバクテリウム・トウメファシエンスによる感染が、Shaw 等, *Gene*, 23:315(1983) 及び 1989 年 6 月 29 日公開の国際公開 89/05859 に記載されているように、或る種の植物細胞の形質転換に用いられる。このような細胞壁のない哺乳動物の細胞に対しては、Graham 及び van der Eb, *Virology*, 52:456-457 (1978) のリン酸カルシウム沈降法が用いられる。哺乳動物細胞の宿主系形質転換の一般的な態様は米国特許第 4,399,216 号に記載されている。酵母菌中への形質転換は、典型的には、Van Solingen 等, *J. Bact.*, 130:946 (1977) 及び Hsiao 等, *Proc. Natl. Acad. Sci. (USA)*, 76:3829 (1979) の方法に従って実施される。しかしながら、DNA を細胞中に導入する他の方法、例えば、核マイクロインジェクション、エレクトロポレーション、無傷の細胞、又はポリカチオン、例えばポリブレン、ポリオルニチン等を用いる細菌プロトプラスト融合もまた用いることもできる。哺乳動物細胞を形質転換するための種々の技術については、Keown 等, *Methods in Enzymology*, 185:527-537 (1990) 及び Mansour 等, *Nature*, 336:348-352 (1988) を参照のこと。

【0106】

ここに記載のベクターに DNA をクローニングあるいは発現するために適切な宿主細胞は、原核生物、酵母菌、又は高等真核生物細胞である。適切な原核生物には、限定するものではないが、真正細菌、例えばグラム陰性又はグラム陽性微生物、例えば大腸菌のような腸内細菌科が含まれる。種々の大腸菌株が公に利用可能であり、例えば、大腸菌 K12 株 MM294 (ATCC 31446)；大腸菌 X1776 (ATCC 31537)；大腸菌株 W3110 (ATCC 27325) 及び K5772 (ATCC 53635) である。他の好ましい原核動物宿主細胞は、大腸菌属、例えば大腸菌 (*E. coli*)、エンテロバクター、エルビニア (*Erwinia*)、クレブシエラ (*Klebsiella*)、プロテウス (*Proteus*)、サルモネラ、例えばネズミチフス菌 (*Salmonella Typhimurium*)、セラチア、例えばセラチア・マルセサンス (*Serratia marcescens*)、及び赤痢菌、並びに桿菌、例えばバチルス・スブチルス (*B. subtilis*) 及びバチルス・リチェニフォルミス (*B. licheniformis*) (例えば、1989 年 4 月 12 日発行の DD266710 に記載されたバチルス・リチェニフォルミス 41P)、シュドモナス、例えば緑膿菌及びストレプトマイセスなどの腸内細菌科を含む。これらの例は限定ではなく例示である。株 W3110 は、組換え DNA 生成物発酵のための共通の宿主株であるので一つの特に好ましい宿主又は親宿主である。好ましくは、宿主細胞は最小量のタンパク質分解酵素を分泌する。例えば、株 W3110 を、宿主にとって内因性のタンパク質をコードする遺伝子の遺伝子変異をもたらしように修飾してもよく、そのような宿主の例としては、完全な遺伝子型 *tonA* を有する大腸菌 W3110 株 1A2；完全な遺伝子型 *tonA ptr3* を有する大腸菌 W3110 株 9E4；完全な遺伝子型 *tonA ptr3 phoA E15 (argF-lac) 169 degP ompT kan^r* を有する大腸菌 W3110 株 27C7 (ATCC 55,244)；完全な遺伝子型 *tonA ptr3 phoA E15 (argF-lac) 169 degP ompT rbs7 ilvG kan^r* を有する大腸菌 W3110 株 37D6；非カナマイシン耐性 *degP* 欠失変異を持つ 37D6 株である大腸菌 W3110 株 40B4；及び 1990 年 8 月 7 日発行の米国特許第 4946783 号に開示された変異周辺質プロテアーゼを有する大腸菌株を含む。あるいは、クローニングのインビトロ法、例えば PCR 又は他の核酸ポリメラーゼ反応が好ましい。

【0107】

完全長抗体、抗体断片、及び抗体融合タンパク質は、治療用の抗体が細胞傷害剤 (例えば、毒素) と結合し、その免疫コンジュゲートそのものが腫瘍細胞の破壊において有効性を示す場合など、特にグリコシル化及び Fc エフェクター機能が不要ない場合に、細菌で

産生させることができる。完全長抗体は、血液循環でより長い半減期を有する。大腸菌での産生が、より迅速でより費用効率的である。細菌での抗体断片及びポリペプチドの発現については、例えば、米国特許第5648237号(Carter等)、米国特許第5789199号(Joly等)、及び翻訳開始部位(TIR)及び発現と分泌を最適化するシグナル配列を記載している米国特許第5840523号(Simmons等)を参照のこと。これら特許は、ここに参考文献として取り入れられている。発現の後、抗体は、大腸菌細胞ペーストから可溶性分画へ分離し、例えば、アイソタイプによってプロテインA又はGカラムを介して精製することができる。最終精製は、例えば、CHO細胞で発現させた抗体を精製するための工程と同じようにして行うことができる。

【0108】

原核生物に加えて、糸状菌又は酵母菌のような真核微生物は、抗TAHO抗体又はTAHOポリペプチドコード化ベクターのための適切なクローニング又は発現宿主である。サッカロミセス・セレビシアは、通常用いられる下等真核生物宿主微生物である。他に、シゾサッカロミセス・ポンベ(*Schizosaccharomyces pombe*) (Beach及びNurse, *Nature*, 290: 140 [1981]; 1985年5月2日公開の欧州特許第139383号); クリュイペロミセス宿主(*Kluyveromyces hosts*) (米国特許第4943529号; Fleer等, *Bio/Technology*, 9: 968-975 (1991))、例えばクリュイペロミセスラクチス(*K. lactis*) (MW98-8C, CBS683, CBS4574; Louvencourt等, *J. Bacteriol.*, 154(2): 737-742 [1983])、クリュイペロミセス・フラギリス(*K. fragilis*) (ATCC 12424)、クリュイペロミセス・ブルガリクス(*K. bulgaricus*) (ATCC 16045)、クリュイペロミセス・ウィケラミイ(*K. wickerhamii*) (ATCC 24178)、クリュイペロミセス・ワルチイ(*K. waltii*) (ATCC 56500)、クリュイペロミセス・ドロソフィラルム(*K. drosophilarm*) (ATCC 36906; Van den Berg等, *Bio/Technology*, 8: 135 (1990))、クリュイペロミセス・テモトレランス(*K. thermotolerans*)及びクリュイペロミセス・マルキシアナス(*K. marxianus*); ヤロウィア(*Yarrowia*) (欧州特許第402226号); ピシア・パストリス(*Pichia pastoris*) (欧州特許第183070号; Sreekrishna等, *J. Basic Microbiol.*, 28: 265-278 [1988]); カンジダ; トリコデルマ・レーシア(*Trichoderma reesia*) (欧州特許第244234号); アカパンカビ (Case等, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 76: 5259-5263 [1979]); シュワニオマイセス(*Schwanniomyces*)、例えばシュワニオマイセス・オクシデンタリス(*Schwanniomyces occidentalis*) (1990年10月31日公開の欧州特許第394538号); 及び糸状真菌、例えば、ニューロスボラ、ペニシリウム、トリポクラジウム(*Tolypocladium*) (1991年1月10日公開の国際公開91/00357); 及びアスペルギルス宿主、例えばアスペルギルス・ニダランス (Ballance等, *Biochem. Biophys. Res. Commun.*, 112: 284-289 [1983]; Tilburn等, *Gene*, 26: 205-221 [1983]; Yelton等, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 81: 1470-1474 [1984]) 及びアスペルギルス・ニガー (Kelly及びHynes, *EMBO J.*, 4: 475-479 [1985]) が含まれる。ここで好ましいメチロトロピック(C1化合物資化性、Methylotropic)酵母は、これらに限られないが、ハンセヌラ(*Hansenula*)、カンジダ、クロエケラ(*Kloeckera*)、ピシア(*Pichia*)、サッカロミセス、トルロプシス(*Torulopsis*)、及びロドトルラ(*Rhodotorula*)からなる属から選択されたメタノールで増殖可能な酵母を含む。この酵母の分類の例示である特定の種のリストは、C. Anthony, *The Biochemistry of Methylotrophs*, 269 (1982)に記載されている。

【0109】

グリコシル化抗TAHO抗体又はTAHOポリペプチドの発現に適した宿主細胞は、多細胞生物から由来のものである。非脊椎動物細胞の例には、植物細胞、例えば綿、トウモロコシ、ジャガイモ、大豆、ペチュニア、トマト及びタバコの細胞培養と同様に、ショウジョウバエS2及びヨトウ(*Spodoptera*) Sf9等の昆虫細胞が含まれる。多くのバキュロウイルス株及び変異体、及びヨトウガ(*Spodoptera frugiperda*) (幼虫(caterpillar))、ネッタイシマカ(蚊)、ヒトスジシマカ(蚊)、キイロショウジョウバエ(ショウジョウバエ)、及びカイコ等の宿主に対応する許容性昆虫宿主細胞が同定されている。種々のトランスフ

ェクション用のウィルス株、例えばオートグラファ・カルフォルニカ(*Autographa californica*) NPVのL-1変異株、カイコNPVのBm-5株が公に入手でき、このようなウィルスは、本発明に係るウィルスとして、特に、ヨトウガ細胞のトランスフェクションのために使用してもよい。

しかし、最大の関心は脊椎動物細胞に向けられ、培養(組織培養)した脊椎動物細胞の増殖がルーチン作業となった。有用な哺乳動物宿主細胞株の例は、SV40(COS-7, ATCC CRL 1651)で形質転換させたサル腎CV1細胞株；ヒト胚芽腎細胞株(293又は懸濁培養で増殖するようにサブクローン化された293細胞, Graham等, *J. Gen. Virol.*, 36:59 (1977))；ベビーハムスター腎細胞(BHK, ATCC CCL 10)；チャイニーズハムスター卵巣細胞／-DHFR(CHO, Urlaub等, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 77: 4216 (1980))；マウスセルトリ細胞(TM4, Mather, *Biol. Reprod.*, 23: 243-251 (1980))；サル腎細胞(CV1 ATCC CCL 70)；アフリカミドリザル腎細胞(VERO-76, ATCC CRL-1587)；ヒト頸管腫瘍細胞(HELA, ATCC CCL 2)；イヌ腎細胞(MDCK, ATCC CCL 34)；バッファローラット肝細胞(BRL 3A, ATCC CRL 1442)；ヒト肺細胞(W138, ATCC CCL 75)；ヒト肝細胞(Hep G2, HB 8065)；マウス乳房腫瘍細胞(MMT 060562, ATCC CCL 51)；TRI細胞(Mather等, *Annals N.Y. Acad. Sci.*, 383:44-68 (1982))；MRC 5細胞；FS4細胞；及びヒト肝臓癌細胞(Hep G2)である。

宿主細胞は、抗TAHO抗体又はTAHOポリペプチド生成のために上述の発現又はクローニングベクターで形質転換され、プロモーターを誘発し、形質転換体を選出し、又は所望の配列をコードする遺伝子を増幅するために適切に修正した通常の栄養培地で培養される。

【0110】

3. 複製可能なベクターの選択及び使用

抗TAHO抗体又はTAHOポリペプチドをコードする核酸(例えば、cDNA又はゲノムDNA)は、クローニング(DNAの増幅)又は発現のために複製可能なベクター内に挿入される。様々なベクターが公的に入手可能である。ベクターは、例えば、プラスミド、コスミド、ウィルス粒子、又はファージの形態とすることができる。適切な核酸配列が、種々の手法によってベクターに挿入される。一般に、DNAはこの分野で周知の技術を用いて適当な制限エンドヌクレアーゼ部位に挿入される。ベクター成分としては、一般に、これらに制限されるものではないが、一又は複数のシグナル配列、複製開始点、一又は複数のマーカー遺伝子、エンハンサーエレメント、プロモーター、及び転写終結配列を含む。これらの成分の一又は複数を含む適当なベクターの作成には、当業者に知られた標準的なライゲーション技術を用いる。

TAHOは直接的に組換え手法によって生成されるだけでなく、シグナル配列あるいは成熟タンパク質あるいはポリペプチドのN-末端に特異的切断部位を有する他のポリペプチドである異種性ポリペプチドとの融合ペプチドとしても生成される。一般に、シグナル配列はベクターの成分であるか、ベクターに挿入される抗TAHO抗体又はTAHOポリペプチド-コード化DNAの一部である。シグナル配列は、例えばアルカリフォスファターゼ、ペニシリナーゼ、lppあるいは熱安定性エンテロトキシンIIリーダーの群から選択される原核生物シグナル配列であってよい。酵母の分泌に関しては、シグナル配列は、酵母インベルターゼリーダー、アルファ因子リーダー(酵母菌属(*Saccharomyces*)及びクリュイベロミセス(*Kluyveromyces*) α因子リーダーを含み、後者は米国特許第5, 010, 182号に記載されている)、又は酸ホスホターゼリーダー、カンジダ・アルビカンズ(*C. albicans*)グルコアミラーゼリーダー(1990年4月4日発行の欧州特許第362179号)、又は1990年11月15日に公開された国際公開90/13646に記載されているシグナルであり得る。哺乳動物細胞の発現においては、哺乳動物シグナル配列は、同一あるいは関連種の分泌ポリペプチド由来のシグナル配列並びにウィルス分泌リーダーのようなタンパク質の直接分泌に使用してもよい。

【0111】

発現及びクローニングベクターは共に一又は複数の選択された宿主細胞においてベクターの複製を可能にする核酸配列を含む。そのような配列は多くの細菌、酵母及びウイルスについてよく知られている。プラスミド pBR322 に由来する複製開始点は大部分のグラム陰性細菌に好適であり、2 μ プラスミド開始点は酵母に適しており、様々なウイルス開始点 (SV40、ポリオーマ、アデノウイルス、VSV 又は BPV) は哺乳動物細胞におけるクローニングベクターに有用である。

発現及びクローニングベクターは、典型的には、選べるマーカーとも称される選択遺伝子を含む。典型的な選択遺伝子は、(a) アンピシリン、ネオマイシン、メトトレキセートあるいはテトラサイクリンのような抗生物質あるいは他の毒素に耐性を与え、(b) 栄養要求性欠陥を補い、又は (c) 複合培地から得られない重要な栄養素を供給するタンパク質をコードしており、例えばバシリの D-アラニンラセマーゼをコードする遺伝子がある。

哺乳動物細胞に適切な選べるマーカーの例は、DHFR あるいはチミジンキナーゼのように、抗TAHO抗体又はTAHOポリペプチド-コード化核酸を取り込むことのできる細胞成分を同定することのできるものである。野生型DHFRを用いた場合の好適な宿主細胞は、Urlaub等により、Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 77:4216 (1980)に記載されているようにして調製され増殖されたDHFR活性に欠陥のあるCHO株化細胞である。酵母菌中での使用に好適な選択遺伝子は酵母プラスミドYRp7に存在するtrp1遺伝子である [Stinchcomb等, Nature, 282:39(1979); Kingsman等, Gene, 7:141(1979); Tschemper等, Gene, 10:157(1980)]。trp1遺伝子は、例えば、ATCC番号44076あるいはPEP4-1のようなトリプトファンで増殖する能力を欠く酵母菌の突然変異株に対する選択マーカーを提供する [Jones, Genetics, 85:12 (1977)]。

【0112】

発現及びクローニングベクターは、通常、抗TAHO抗体又はTAHOポリペプチド-コード化核酸配列に作用可能に結合し、mRNA合成を方向付けるプロモーターを含む。種々の有能な宿主細胞により認識されるプロモーターが知られている。原核生物宿主との使用に適したプロモーターは β -ラクタマーゼ及びラクトースプロモーター系 [Chang等, Nature, 275:615 (1978); Goeddel等, Nature, 281:544 (1979)]、アルカリフォスファターゼ、トリプトファン(trp)プロモーター系 [Goeddel, Nucleic Acids Res., 8:4057 (1980); 欧州特許第36,776号]、及びハイブリッドプロモーター、例えばtacプロモーター [deBoer等, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 80:21-25 (1983)]を含む。細菌系で使用するプロモーターもまた抗TAHO抗体又はTAHOポリペプチドをコードするDNAと作用可能に結合したシャイン・ダルガーノ(S.D.)配列を有する。

酵母宿主との使用に適したプロモーター配列の例としては、3-ホスホグリセラートキナーゼ [Hitzeman等, J. Biol. Chem., 255:2073 (1980)] 又は他の糖分解酵素 [Hess等, J. Adv. Enzyme Reg., 7:149 (1968); Holland, Biochemistry, 17:4900(1978)]、例えばエノラーゼ、グリセルアルデヒド-3-リン酸デヒドロゲナーゼ、ヘキソキナーゼ、ピルビン酸デカルボキシラーゼ、ホスホフルクトキナーゼ、グルコース-6-リン酸イソメラーゼ、3-ホスホグリセレートムターゼ、ピルビン酸キナーゼ、トリオセリン酸イソメラーゼ、ホスホグルコースイソメラーゼ、及びグルコキナーゼが含まれる。

他の酵母プロモーターとしては、増殖条件によって転写が制御される付加的効果を有する誘発的プロモーターであり、アルコールデヒドロゲナーゼ2、イソチクロムC、酸フォスファターゼ、窒素代謝と関連する分解性酵素、メタロチオネイン、グリセルアルデヒド-3-リン酸デヒドロゲナーゼ、及びマルトース及びガラクトースの利用を支配する酵素のプロモーター領域がある。酵母菌での発現に好適に用いられるベクターとプロモーターは欧州特許第73657号に更に記載されている。

【0113】

哺乳動物の宿主細胞におけるベクターからの抗TAHO抗体又はTAHOポリペプチド転写は、例えば、ポリオーマウイルス、伝染性上皮腫ウイルス(1989年7月5日公開の英国特許第2211504号)、アデノウイルス(例えばアデノウイルス2)、ウシ乳頭腫ウイルス、トリ肉腫ウイルス、サイトメガロウイルス、レトロウイルス、B型肝炎ウィ

ルス及びサルウィルス40 (SV40)のようなウィルスのゲノムから得られるプロモーター、異種性哺乳動物プロモーター、例えばアクチンプロモーター又は免疫グロブリンプロモーター、及び熱衝撃プロモーターから得られるプロモーターによって、このようなプロモーターが宿主細胞系に適合し得る限り制御される。

より高等の真核生物による抗T A H O抗体又はT A H OポリペプチドをコードするD N Aの転写は、ベクター中にエンハンサー配列を挿入することによって増強され得る。エンハンサーは、通常は約10から300塩基対で、プロモーターに作用してその転写を増強するD N Aのシス作用要素である。哺乳動物遺伝子由来の多くのエンハンサー配列が現在知られている(グロビン、エラスターゼ、アルブミン、 α -フェトプロテイン及びインスリン)。しかしながら、典型的には、真核細胞ウィルス由来のエンハンサーが用いられるであろう。例としては、複製開始点の後期側のS V 4 0エンハンサー(100-270塩基対)、サイトメガロウィルス初期プロモーターエンハンサー、複製開始点の後期側のポリオマエンハンサー及びアデノウィルスエンハンサーが含まれる。エンハンサーは、抗T A H O抗体又はT A H Oポリペプチドコード化配列の5'又は3'位でベクター中にスプライシングされ得るが、好ましくはプロモーターから5'位に位置している。

また真核生物宿主細胞(酵母、真菌、昆虫、植物、動物、ヒト、又は他の多細胞生物由来の有核細胞)に用いられる発現ベクターは、転写の終結及びm R N Aの安定化に必要な配列も含む。このような配列は、真核生物又はウィルスのD N A又はc D N Aの通常は5'、時には3'の非翻訳領域から取得できる。これらの領域は、抗T A H O抗体又はT A H Oポリペプチドをコードするm R N Aの非翻訳部分にポリアデニル化断片として転写されるヌクレオチドセグメントを含む。

組換え脊椎動物細胞培養での抗T A H O抗体又はT A H Oポリペプチドの合成に適応化するのに適切な他の方法、ベクター及び宿主細胞は、Gething等, Nature, 293:620-625 (1981); Mantei等, Nature, 281:40-46 (1979); 欧州特許第117060号; 及び欧州特許第117058号に記載されている。

【0114】

4. 宿主細胞の培養

本発明の抗T A H O抗体又はT A H Oポリペプチドを生成するために用いられる宿主細胞は種々の培地において培養することができる。市販培地の例としては、ハム(Ham)のF10(シグマ)、最小必須培地((MEM),シグマ)、R P M I - 1 6 4 0(シグマ)及びダルベッコの改良イーグル培地((DMEM),シグマ)が宿主細胞の培養に好適である。また、Ham等, Meth. Enz. 58:44 (1979), Barnes等, Anal. Biochem. 102:255 (1980), 米国特許第4767704号; 同4657866号; 同4927762号; 同4560655号; 又は同5122469号; 国際公開第90/03430号; 国際公開第87/00195号; 又は米国特許再発行第30985号に記載された任意の培地も宿主細胞に対する培養培地として使用できる。これらの培地はいずれも、ホルモン及び/又は他の成長因子(例えばインスリン、トランスフェリン、又は表皮成長因子)、塩類(例えば、塩化ナトリウム、カルシウム、マグネシウム及びリン酸塩)、バッファー(例えばH E P E S)、ヌクレオシド(例えばアデノシン及びチミジン)、抗生物質(例えば、ゲンタマイシン(商品名)薬)、微量元素(マイクロモル範囲の最終濃度で通常は存在する無機化合物として定義される)及びグルコース又は同等のエネルギー源を必要に応じて補充することができる。任意の他の必要な補充物質もまた当業者に知られている適当な濃度で含まれてもよい。培養条件、例えば温度、p H等々は、発現のために選ばれた宿主細胞について以前から用いられているものであり、当業者には明らかであろう。

【0115】

5. 遺伝子増幅/発現の検出

遺伝子の増幅及び/又は発現は、ここで提供された配列に基づき、適切に標識されたプローブを用い、例えば、従来よりのサザンブロット法、m R N Aの転写を定量化するノーザンブロット法[Thomas, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 77:5201-5205 (1980)]、ドットブロット法(D N A分析)、又はインサイツハイブリダイゼーションによって、直接的に試

料中で測定することができる。あるいは、DNA二本鎖、RNA二本鎖、及びDNA-RNAハイブリッド二本鎖又はDNA-タンパク二本鎖を含む、特異的二本鎖を認識することができる抗体を用いることもできる。ついで、抗体を標識し、アッセイを実施することができ、ここで二本鎖は表面に結合しており、その結果、表面での二本鎖の形成の時点でその二本鎖に結合した抗体の存在を検出することができる。

あるいは、遺伝子の発現は、遺伝子産物の発現を直接的に定量化する免疫学的な方法、例えば細胞又は組織切片の免疫組織化学的染色及び細胞培養又は体液のアッセイによって、測定することもできる。試料液の免疫組織化学的染色及び／又はアッセイに有用な抗体は、モノクローナルでもポリクローナルでもよく、任意の哺乳動物で調製することができる。簡便には、抗体は、天然配列TAHOポリペプチドに対して、又はここで提供されるDNA配列をベースとした合成ペプチドに対して、又はTAHO DNAに融合し特異的抗体エピトープをコードする外因性配列に対して調製され得る。

【0116】

6. 抗TAHO抗体及びTAHOポリペプチドの精製

抗TAHO抗体及びTAHOポリペプチドの形態は、培地又は宿主細胞の溶菌液から回収することができる。膜結合性であるならば、適切な洗浄液(例えばトリトン-X100)を用いて又は酵素的切断により膜から引き離すことができる。抗TAHO抗体及びTAHOポリペプチドの発現に用いられる細胞は、凍結融解サイクル、超音波処理、機械的破壊、又は細胞溶解剤などの種々の化学的又は物理的手段によって破壊することができる。

抗TAHO抗体及びTAHOポリペプチドは、組換え細胞タンパク又はポリペプチドから精製することが望ましい。適切な精製手順の例である次の手順により精製される：すなわち、イオン交換カラムでの分画；エタノール沈殿；逆相HPLC；シリカ又はカチオン交換樹脂、例えばDEAEによるクロマトグラフィー；クロマトフォーカシング；SDS-PAGE；硫酸アンモニウム沈殿；例えばセファデックスG-75を用いるゲル濾過；IgGのような汚染物を除くプロテインAセファロースカラム；及び抗TAHO抗体及びTAHOポリペプチドのエピトープタグ形態を結合させる金属キレート化カラムである。この分野で知られ、例えば、Deutscher, *Methods in Enzymology*, 182 (1990)；Scopes, *Protein Purification: Principles and Practice*, Springer-Verlag, New York (1982)に記載された多くのタンパク質精製方法を用いることができる。選ばれる精製過程は、例えば、用いられる生成方法及び特に生成される特定の抗TAHO抗体又はTAHOポリペプチドの性質に依存する。

【0117】

組換え技術を使用する場合、抗体は細胞内、細胞膜周辺腔内に生成されるか、又は培地に直接分泌され得る。抗体が細胞内に生成される場合、第1工程として、粒状屑、宿主細胞又は溶菌断片を、例えば遠心分離又は超遠心分離にかけて取り除く。Carter等, *Bio/Technology* 10:163-167(1992)は、大腸菌の細胞膜周辺腔に分泌される抗体を単離するための手順について記載している。簡単に述べると、細胞ペーストを酢酸ナトリウム(pH 3.5)、EDTA、及びフェニルメチルスルホニルフロリド(PMSF)の存在下で、30分以上かけて解凍する。細胞屑は遠心分離により除去することができる。抗体が培地へ分泌されている場合、そのような発現系からの上清は、一般的には、市販のタンパク質濃縮フィルター、例えばAmicon又はMillipore Pelliconの限外濾過ユニットを用いて最初に濃縮する。PMSFなどのプロテアーゼ阻害剤を上記の任意の工程に含めてタンパク質分解を阻害してもよく、抗生物質を含めて外来性の汚染物の成長を防止してもよい。

細胞から調製した抗体組成物は、例えば、ヒドロキシルアパタイトクロマトグラフィー、ゲル電気泳動、透析、及びアフィニティクロマトグラフィーを用いて精製でき、アフィニティクロマトグラフィーが好ましい精製技術である。アフィニティリガンドとしてのプロテインAの適合性は抗体に存在する免疫グロブリンFc領域の種及びアイソタイプに依存する。プロテインAは、ヒト $\gamma 1$ 、 $\gamma 2$ 、又は $\gamma 4$ 重鎖に基づく抗体の精製に用いることができる(Lindmark等, *J. Immunol. Meth.* 62: 1-13 [1983])。プロテインGは、全てのマウスアイソタイプ及びヒト $\gamma 3$ に推奨されている(Guss等, *EMBO J.* 5: 15671575

[1986])。アフィニティリガンドが結合されるマトリクスはアガロースであることが最も多いが、他の材料も使用可能である。孔制御ガラスやポリ(スチレンジビニル)ベンゼン等の機械的に安定なマトリクスは、アガロースで達成できるものより早い流速及び短い処理時間を可能にする。抗体がC_H3ドメインを含む場合、Bakerbond ABX(商標)樹脂(J.T. Baker, Phillipsburg, NJ)が精製に有用である。イオン交換カラムでの分画、エタノール沈殿、逆相HPLC、シリカ上のクロマトグラフィー、アニオン又はカチオン交換樹脂(ポリアスパラギン酸カラム)上でのヘパリンSEPHAROSE(商品名)クロマトグラフィー、クロマトフォーカシング、SDS-PAGE、及び硫酸アンモニウム沈殿などの他のタンパク質精製技術も、回収される抗体に応じて利用可能である。

任意の予備精製工程に続いて、対象とする抗体と汚染物とを含む混合物に、約2.5-4.5のpHでの溶離バッファーを用いて、低pH疎水性相互作用クロマトグラフィーを施してもよく、好ましくは低い塩濃度(例えば、約0-0.25M塩)で実施される。

【0118】

J. 製薬製剤

本発明に係る抗TAHO抗体、TAHO結合オリゴペプチド、TAHO結合有機分子及び/又はTAHOポリペプチドの治療的製剤は、所望される程度の純度を持つ抗体、ポリペプチド、オリゴペプチド又は有機分子を凍結乾燥製剤又は水性溶液の形態で、最適な製薬上許容される担体、賦形剤又は安定化剤と混合することにより調製され保存される(Remington's Pharmaceutical Sciences 16th 版, Osol, A. 編. [1980])。許容される担体、賦形剤、又は安定化剤は、用いられる用量及び濃度で受容者に非毒性であり、酢酸、Tris、リン酸、クエン酸、及び他の有機酸などの緩衝液；アスコルビン酸及びメチオンを含む酸化防止剤；防腐剤(オクタデシルジメチルベンジルアンモニウムクロライド；ヘキサメトニウムクロライド；ベンズアルコニウムクロライド、ベンズエトニウムクロライド；フェノール、ブチル又はベンジルアルコール；メチル又はプロピルパラベン等のアルキルパラベン；カテコール；レゾルシノール；シクロヘキサノール；3-ペンタノール；及びm-クレゾールなど)；低分子量(約10残基未満)ポリペプチド；血清アルブミン、ゼラチン、又は免疫グロブリン等のタンパク質；ポリビニルピロリドン等の親水性ポリマー；グリシン、グルタミン、アスパラギン、ヒスチジン、アルギニン、又はリジン等のアミノ酸；グルコース、マンノース、又はデキストリンを含む単糖類、二糖類、及び他の炭水化物；EDTA等のキレート剤；トレハロース及び塩化ナトリウムなどのトニシファイヤー；スクロース、マンニトール、トレハロース又はソルビトールなどの糖；ポリソルベート等の界面活性剤；ナトリウムなどの塩形成対イオン；金属錯体(例えば、Zn-タンパク質錯体)；及び/又はトゥイーン(TWEEN)(登録商標)、プルロニクス(PLURONICS)(登録商標)、又はポリエチレングリコール(PEG)等の非イオン性界面活性剤を含む。抗体は、好ましくは5-200mg/mlの間、好ましくは10-100mg/mlの間の濃度の抗体で構成される。

【0119】

ここでの製剤は、また、治療すべき特定の徴候の必要に応じて一以上の活性化合物、好ましくは互いに悪影響を及ぼさない相補的活性を持つものも含んでよい。例えば、抗TAHO抗体、TAHO結合オリゴペプチド又はTAHO結合有機分子に加えて、1つの製剤に、例えば、TAHOポリペプチド上の異なるエピトープと結合する第二抗TAHO抗体、又は特定の癌の増殖に影響を与える増殖因子のような何らかの他の標的に対する抗体を含めることは望ましい。あるいは、又はさらに、この組成物は、更に化学療法剤、細胞障害性剤、サイトカイン、増殖阻害剤、抗-ホルモン剤、及び/又は心臓保護剤を含んでもよい。このような分子は、意図する目的にとって有効な量の組み合わせで適切に存在する。

また、活性成分は、例えばコアセルベーション技術により又は界面重合により調製されたマイクロカプセル、例えば、各々ヒドロキシメチルセルロース又はゼラチン-マイクロカプセル及びポリ(メタクリル酸メチル)マイクロカプセル中、コロイド状薬物送達系(例えば、リポソーム、アルブミン小球、マイクロエマルジョン、ナノ粒子及びナノカプセ

ル) 中、又はマイクロエマルジョン中に包括されていてもよい。これらの技術は、Remington's Pharmaceutical Sciences 16th edition, Osol, A. Ed. (1980)に開示されている。

徐放性製剤を調製してもよい。徐放性製剤の好適な例は、抗体を含有する固体疎水性ポリマーの半透性マトリクスを含み、このマトリクスは成形された物品、例えばフィルム、又はマイクロカプセルの形状である。徐放性マトリクスの例には、ポリエステル、ヒドロゲル（例えば、ポリ(2-ヒドロキシエチル-メタクリレート)又はポリ(ビニルアルコール)）、ポリアクチド（米国特許第3773919号）、L-グルタミン酸及びγエチル-L-グルタメートのコポリマー、非分解性エチレン-酢酸ビニル、LUPRON DEPOT(登録商標)（乳酸-グリコール酸コポリマーと酢酸リユープロリドの注射可能な小球）などの分解性乳酸-グリコール酸コポリマー、ポリ-(D)-(-)-3-ヒドロキシブチル酸が含まれる。

インビボ投与に使用される製剤は無菌でなければならない。これは、滅菌濾過膜を通した濾過により容易に達成される。

【0120】

K. 抗TAHO抗体、TAHO結合オリゴペプチド又はTAHO結合有機分子を用いる治療

癌におけるTAHO発現を定量するために、種々の検出アッセイが利用可能である。一実施態様では、TAHOポリペプチド過剰発現は、免疫組織化学(IHC)によって分析される。腫瘍生検からのパラフィン包埋組織切片をIHCアッセイへ供してもよいし、次のようなTAHOタンパク質染色強度基準と合致させてもよい：

スコア0 - 染色が観察されないか、又は膜染色が腫瘍細胞の10%未満で観察される。

スコア1+ - わずかに／弱く認知できる程度の膜染色が腫瘍細胞の10%を越えて検出される。細胞はそれらの膜の一部のみが染色される。

スコア2+ - 弱いないしは中程度の完全な膜染色が腫瘍細胞の10%を越えて観察される。

スコア3+ - 中程度から強い完全な膜染色が腫瘍細胞の10%を越えて観察される。

TAHOポリペプチド発現に関して0又は1+スコアの腫瘍は、TAHOが過剰発現していないことを特徴としうるものであるのに対し、2+又は3+スコアの腫瘍はTAHOが過剰発現していることを特徴としうる。

【0121】

別に、又は付加的に、FISHアッセイ、例えばINFORM(登録商標)(Ventana, Arizonaから販売)又はPATHVISION(登録商標)(Vysis, Illinois)を、ホルマリン固定、パラフィン包埋された腫瘍組織で実施して、腫瘍におけるTAHO過剰発現の程度(生じているならば)を測定してもよい。

TAHO過剰発現又は増幅は、インビボ検出アッセイを使用して評価することができ、例えば検出される分子に結合し、検出可能な標識(例えば、放射性同位体又は蛍光標識)が付けられた分子(例えば抗体、オリゴペプチド又は有機分子)を投与し、標識の局在化について患者を外部スキャンする。

上に記載したように、本発明の抗TAHO抗体、オリゴペプチド又は有機分子には、種々の非治療的用途がある。本発明の抗TAHO抗体、オリゴペプチド又は有機分子は、TAHOポリペプチドを発現している癌のステージ分類に有用である(例えば、ラジオイメージングで)。他の細胞の精製の工程として、混合細胞の集団からTAHO発現細胞を死滅させて除去するために、この抗体、オリゴペプチド又は有機分子は、また、例えば、ELISA又はウェスタンブロットにおいて、インビトロでTAHOポリペプチドの検出及び定量化のために、細胞からTAHOポリペプチドを精製又は免疫沈降するのに有用である。

【0122】

現在、癌の段階に応じて、癌の治療には、次の治療：外科手術による癌組織の除去、放射線治療、及び化学治療の一つ、又はそれらを組合せたものが含まれる。抗TAHO抗体

、オリゴペプチド又は有機分子による治療は、特に、化学治療における副作用や毒素に対する耐性がない老年の患者、及び放射線治療の有用性に限界がある転移性疾患において所望されている。本発明の腫瘍標的化抗T A H O抗体、オリゴペプチド又は有機分子は、疾患の初期診断時及び再発中におけるT A H O-発現癌の緩和に有用である。治療用途に関しては、抗T A H O抗体、オリゴペプチド又は有機分子は、単独で、あるいは例えば、ホルモン、抗血管形成、又は放射線標識された化合物と共に、又は外科手術、寒冷療法、及び／又は放射線治療と組み合わせてもよく、使用してもよい。抗T A H O抗体、オリゴペプチド又は有機分子による治療は、従来の治療の前又は後のいずれかに連続させて、他の形態の従来の治療と共に実施することができる。化学療法剤、例えばタキソテル(登録商標)(ドセタキセル)、タキソール(登録商標)(パリクタキセル)、エストラムスチン及びミトキサントロンは、癌、特に危険性の少ない患者の癌治療に使用される。癌を治療又は緩和するための本発明の方法において、上述した一又は複数の化学療法剤による治療と組合せて、癌患者に抗T A H O抗体、オリゴペプチド又は有機分子を投与することができる。特に、パリクタキセル及び改変誘導体との組合せ治療が考えられる(例えば、欧州特許第0600517号を参照のこと)。抗T A H O抗体、オリゴペプチド又は有機分子は治療的有効量の化学療法剤と共に投与されるであろう。他の実施態様では、抗T A H O抗体、オリゴペプチド又は有機分子は化学療法剤、例えばパクリタキセルの活性及び効力を高めるための化学治療と組合せて投与される。医師用卓上参考書(P D R)には、種々の癌治療に使用されるこれらの薬剤の用量が開示されている。治療的に有効な上述の化学療法剤の投薬計画及び用量は、治療される特定の癌、疾患の程度、及び当該技術分野の医師によく知られている他の因子に依存し、医師が決定することができる。

【0123】

特定の一実施態様では、細胞障害剤に結合した抗T A H O抗体、オリゴペプチド又は有機分子を含有する毒素コンジュゲートを患者に投与する。好ましくは、T A H Oタンパク質に結合した免疫コンジュゲートは細胞によりインターナリゼーションし、結果として、それが結合した癌細胞の殺傷性における免疫コンジュゲートの治療的効果が向上する。好ましい実施態様では、細胞障害剤は、癌細胞内の核酸を標的とするか、又はこれに干渉する。このような細胞障害剤の例は、上述されており、メイタンシノイド、カリケアマイシン、リボヌクレアーゼ及びD N Aエンドヌクレアーゼを含む。

抗T A H O抗体、オリゴペプチド又は有機分子又はその免疫コンジュゲートは、公知の方法、例えばボラス、もしくは一定時間にわたる連続注入による静脈内投与、筋肉内、腹腔内、脳脊髄内、皮下、関節内、滑液包内、くも膜下腔内、経口、局所的、又は吸入経路により、ヒトの患者に投与される。抗体、オリゴペプチド又は有機分子の静脈内又は皮下投与が好ましい。

他の治療計画を抗T A H O抗体、オリゴペプチド又は有機分子の投与と組合せてもよい。組合せ投与には、別々の製剤又は単一の医薬製剤を使用する同時投与、及び好ましくは両方(又は全ての)活性剤が同時にその生物学的活性を働かせる時間があるいずれかの順での連続投与が含まれる。このような組合せ治療により、結果として相乗的治療効果が生じることが好ましい。

【0124】

また、特定の癌に関連した他の腫瘍抗原に対する抗体の投与と共に、抗T A H O抗体又は抗体類、オリゴペプチド又は有機分子の投与を組合せることが望ましい。

他の実施態様では、本発明の治療方法は、異なる化学療法剤の混合物の同時投与を含む、抗T A H O抗体(又は抗体類)、オリゴペプチド又は有機分子と一又は複数の化学療法剤又は増殖阻害剤との組合せ投与を含む。化学療法剤には、リン酸エストラムスチン、プレドニムスチン、シスプラチン、5-フルオロウラシル、メルファラン、シクロホスファミド、ヒドロキシ尿素及びヒドロキシ尿素タキサン類(hydroxyureataxanes)(例えばパクリタキセル及びドキシタキセル)及び／又はアントラサイクリン抗生物質が含まれる。このような化学療法剤の調製及び投与スケジュールは製造者の注意書きに従い使用されるか、又は熟練した実務者により経験的に決定される。このような化学療法の調製及び投与スケ

ジュールは、Chemotherapy Service編 M.C.Perry, Williams & Wilkins, Baltimore, MD (1992)にも記載されている。

抗体、オリゴペプチド有機分子は、抗ホルモン化合物；例えばタモキシフェン等の抗-エストロゲン化合物；抗-プロゲステロン、例えばオナプリストン(onapristone)(欧州特許第616812号を参照)；又は抗アンドロゲン、例えばフルタミドを、このような分子に対して既知の用量で組合せてもよい。治療される癌がアンドロゲン非依存性癌である場合、患者は予め抗アンドロゲン治療を受け、癌がアンドロゲン非依存性になった後、抗T A H O抗体、オリゴペプチド又は有機分子(及び場合によってはここに記載した他の薬剤)を患者に投与してもよい。

【0125】

しばしば、心臓保護剤(治療に関連する心筋の機能不全を防止又は低減するため)又は一又は複数のサイトカインを患者に同時投与することも有益なことである。上述した治療摂生に加えて、抗体、オリゴペプチド又は有機分子治療の前、同時又は治療後に、外科的に癌細胞を取り除くか、及び／又は放射線治療を施してもよい。上述した任意の同時投与される薬剤の適切な用量は現在使用されている量であり、抗T A H O抗体、オリゴペプチド又は有機分子と薬剤の組合せ作用(相乗作用)に応じてより少なくしてもよい。

疾患の予防又は治療のための投与量及び方式は、公知の基準に従い、医師により選択されるであろう。抗体、オリゴペプチド又は有機分子の適切な用量は、上記のような治療される疾患の種類、疾患の重症度及び過程、抗体、オリゴペプチド又は有機分子を予防目的で投与するのか治療目的で投与するのか、過去の治療、患者の臨床歴及び抗体、オリゴペプチド又は有機分子の応答性、手当てをする医師の裁量に依存するであろう。抗体、オリゴペプチド又は有機分子は一度に又は一連の処置にわたって患者に適切に投与される。好ましくは、抗体、オリゴペプチド又は有機分子は静脈注入又は皮下注射により投与される。疾患の種類及び重症度に応じて、例えば一又は複数の別個の投与又は連続注入のいずれであれ、体重1 k g当たり約1 μ gないし50 m g(例えば0.1-15 m g / k g / 用量)の抗体を患者への最初の投与量の候補とすることができる。投薬計画は、約4 m g / k gの初期負荷量、続いて1週間に約2 m g / k gの維持用量の抗T A H O抗体を投与することからなってもよい。しかしながら、他の投薬計画も有効であろう。上述した因子に応じて、典型的な一日の投与量は約1 μ g / k gから100 m g / k gあるいはそれ以上の範囲である。数日間又はそれ以上の繰り返し投与の場合、状態によっては、疾患の徴候の望ましい抑制が生じるまで処置を維持する。この治療の進行状態は、医師又は他の当業者に公知の基準をベースにした通常の方法やアッセイで容易にモニターされる。

【0126】

抗体タンパク質の患者への投与の他に、本出願は遺伝子治療による抗体の投与を考察する。抗体をコードする核酸の投与は「抗体を治療的有效量で投与する」という表現に含まれる。例えば、遺伝子治療を用いた細胞内抗体の産生に関する、1996年3月14日に公開された国際公開第96/07321号を参照のこと。

核酸(場合によってはベクター内に含まれたもの)を患者の細胞に入れるために：インビボ及びエキソビボという2つの主要な方法がある。インビボ送達では、核酸は、通常は抗体が必要とされている部位に直接注入される。エキソビボ処理では、患者の細胞を取り出し、核酸をこれらの単離された細胞に導入し、修飾された細胞を患者に、直接、又は例えば患者に埋め込まれる多孔性膜にカプセル化して投与する(米国特許第4892538号及び第5283187号参照)。核酸を生細胞に導入するために利用可能な種々の技術がある。これらの技術は、核酸が培養された細胞にインビトロで移入されるか、又は対象とする宿主にインビボで移入されるかによって異なる。哺乳動物細胞にインビトロで核酸を移入するのに適した技術は、リポソーム、エレクトロポレーション、マイクロインジェクション、細胞融合、D E A E-デキストラン、リン酸カルシウム沈降法などの使用を含む。遺伝子のエキソビボ送達に通常用いられるベクターはレトロウイルスベクターである。

【0127】

現在好まれているインビボ核酸移入技術は、ウイルスベクター（例えば、アデノウイルス、単純ヘルペスⅠウイルス、又はアデノ関連ウイルス）、及び脂質ベースの系（例えば、遺伝子の脂質媒介移入に有用な脂質は、DOTMA、DOPE、及びDC-Cholである）での形質移入を含む。現在知られている遺伝子マーキング及び遺伝子治療プロトコルの概説については、Anderson等、Science, 256:808-813 (1992)を参照のこと。また、国際公開第93/25673号及びそこに引用された参考文献も参照。

本発明の抗TAHO抗体は、ここでの「抗体」の定義により包含される様々な形態であってよい。よって、抗体には、完全長又は無傷抗体、抗体断片、天然配列抗体又はアミノ酸変異体、ヒト化、キメラ又は融合抗体、免疫コンジュゲート、及びそれらの機能的断片が含まれる。融合抗体において、抗体配列は異種ポリペプチド配列に融合している。抗体はFc領域が修飾されて、所望のエフェクター機能を提供することができる。以下の段落に詳細に記載されるように、適切なFc領域と共に、細胞表面に結合したそのままの抗体は、例えば抗体-依存性細胞障害(ADCC)を介して又は補体依存性細胞障害において補体を補充することにより、又は他のいくつかのメカニズムにより、細胞障害性を誘発し得る。また、副作用及び治療による合併症を最小にするようにエフェクター機能を除去又は低減することが望ましい場合には、所定の他のFc領域が使用される。

一実施態様では、抗体は、本発明の抗体と同じエピトープとの結合に関して競合するか、又はこれに実質的に結合する。また、本発明の抗TAHO抗体の生物学的特徴を有する抗体、特にインビボ腫瘍ターゲティング及び任意の細胞増殖阻害又は細胞障害特性を含むものが考察される。

上述した抗体の産生方法をここで詳細に記載する。

【0128】

本抗TAHO抗体、オリゴペプチド又は有機分子は、哺乳動物におけるTAHO-発現癌の治療又は一又は複数の癌の徴候の緩和に有用である。このような癌には、造血性癌又は血液関連癌、例えばリンパ腫、白血病、骨髄腫又はリンパ性悪性腫瘍、並びに脾臓の癌及びリンパ節の癌が含まれるが、これらに限定されない。そのようなB細胞関連癌の具体的な例として、例えば、高悪性度、中悪性度及び低悪性度のリンパ腫（例えば粘膜内リンパ組織B細胞リンパ腫及び非ホジキンリンパ腫等のB細胞リンパ腫、マントル細胞リンパ腫、バーキットリンパ腫、小リンパ球リンパ腫、周辺帯リンパ腫、拡散性大細胞リンパ腫、濾胞性リンパ腫、及びホジキンリンパ腫及びT細胞リンパ腫を含む）、白血病（二次性白血病、慢性リンパ性白血病、例えばB細胞白血病（CD5+Bリンパ球）、骨髄性白血病、例えば急性骨髄性白血病、慢性骨髄性白血病、リンパ性白血病、例えば急性リンパ芽球性白血病及び骨髄異形成症候群を含む）、プラズマ細胞悪性腫瘍等の多発性骨髄腫、並びにその他血液学的及び／又はB細胞又はT細胞関連癌が挙げられる。癌には、上述した任意の転移性癌が含まれる。抗体、オリゴペプチド又は有機分子は、哺乳動物においてTAHOポリペプチドを発現している癌細胞の少なくとも一部に結合可能である。好ましい実施態様では、抗体、オリゴペプチド又は有機分子は、インビボ又はインビトロで細胞のTAHOポリペプチドに結合して、TAHO-発現腫瘍細胞を破壊又は死滅させるか、又はこのような腫瘍細胞の増殖を阻害するのに効果的である。このような抗体には、裸の抗TAHO抗体(いかなる薬剤にも結合していない)が含まれる。細胞傷害性又は細胞増殖阻害特性を有する裸の抗体は、細胞障害剤と併用すると、より強く腫瘍細胞を破壊することが可能である。例えば細胞障害剤と抗体とを結合させ、以下に記載するような免疫コンジュゲートを形成させることによって、細胞障害特性を抗TAHO抗体に付与することができる。この細胞障害剤又は増殖阻害剤は、好ましくは小分子である。毒素、例えばカリケアマイシン又はメイタンシノイド、及びそれらの類似物又は誘導体が好ましい。

【0129】

本発明は、本発明の抗TAHO抗体、オリゴペプチド又は有機分子と担体を含有する組成物を提供する。癌の治療のために、組成物はその治療の必要性に応じて患者に投与することができ、ここで組成物は免疫コンジュゲート又は裸の抗体として存在する一又は複数の抗TAHO抗体を含有し得る。さらなる実施態様においては、組成物は、他の療法剤、

例えば化学療法剤を含む増殖阻害剤又は細胞障害剤とこれらの抗体、オリゴペプチド又は有機分子を組合せて含有することもできる。また本発明は、本発明の抗T A H O抗体、オリゴペプチド又は有機分子と担体を含有する製剤も提供する。一実施態様では、製剤は製薬的に許容可能な担体を含有する治療用製剤である。

本発明の他の態様は、抗T A H O抗体をコードする単離された核酸分子である。H及びL鎖、特に高頻度可変領域残基をコードする核酸、天然配列抗体及び変異体をコードする鎖、該抗体の修飾体及びヒト化形態を含む。

本発明は、抗T A H O抗体、オリゴペプチド又は有機分子を治療的有效量、哺乳動物に投与することを含む、哺乳動物におけるT A H Oポリペプチド-発現癌の治療又は癌の一又は複数の徴候を緩和するのに有用な方法を提供する。抗体、オリゴペプチド又は有機分子治療組成物は、医師の指示通りに、短い期間(急性)又は慢性的に、又は間欠的に投与することができる。また、T A H Oポリペプチド-発現細胞の増殖を阻害し、該細胞を殺傷する方法も提供される。

本発明は少なくとも一つの抗T A H O抗体、オリゴペプチド又は有機分子を含有するキット又は製造品も提供する。抗T A H O抗体、オリゴペプチド又は有機分子を含有するキットは、例えばT A H O細胞殺傷アッセイ、細胞からのT A H Oポリペプチドの精製又は免疫沈降における用途が見出されている。例えば、T A H Oの単離及び精製のためには、キットはビーズ(例えばセファロースビーズ)に結合した抗T A H O抗体、オリゴペプチド又は有機分子を含有することができる。インビトロにおけるT A H Oの検出及び定量化、例えばE L I S A又はウェスタンブロットにおける抗体、オリゴペプチド又は有機分子を含有するキットを提供することもできる。検出に有用なこのような抗体、オリゴペプチド又は有機分子は、蛍光又は放射標識などの標識が付されて提供され得る。

【0130】

L. 製造品及びキット

本発明の他の実施態様は、抗T A H O発現癌の治療に有用な物質を含有する製造品である。この製造品は容器と容器に付与又は添付されるラベル又はパッケージ挿入物を含んでなる。好適な容器は、例えば、ビン、バイアル、シリンジ等を含む。容器は、ガラス又はプラスチックなどの多様な材料から形成されてよい。容器は、癌の状態の治療に有効な組成物を収容し、無菌のアクセスポートを有し得る(例えば、容器は皮下注射針で貫通可能なストッパーを有する静脈内溶液バッグ又はバイアルであってよい)。組成物中の少なくとも一つの活性剤は本発明の抗T A H O抗体、オリゴペプチド又は有機分子である。ラベル又はパッケージ挿入物は、組成物が癌の治療のために使用されることを示す。ラベル又はパッケージ挿入物は、癌患者に抗体、オリゴペプチド又は有機分子組成物を投与する際の注意書きをさらに含む。製造品はさらに、製薬的に許容可能なバッファー、例えば注射用の静菌水(B W F I)、リン酸緩衝塩水、リンガー液及びデキストロース溶液を含む第2の容器を具備してもよい。さらに、他のバッファー、希釈剤、フィルター、針及びシリンジを含む商業的及び使用者の見地から望ましい他の材料を含んでもよい。

【0131】

種々の目的、例えばT A H O発現細胞殺傷アッセイ、細胞からのT A H Oポリペプチドの精製又は免疫沈降に有用なキットも提供される。T A H Oポリペプチドの単離及び精製において、キットはビーズ(例えばセファロースビーズ)に結合した抗T A H O抗体、オリゴペプチド又は有機分子を含むことが可能である。インビトロにおけるT A H Oポリペプチドの検出及び定量化、例えばE L I S A又はウェスタンブロットのための抗体、オリゴペプチド又は有機分子を含むキットを提供することもできる。製造品と同様、キットも容器と容器に付与又は添付されるラベル又は能書を含んでなる。容器には少なくとも1つの本発明の抗T A H O抗体、オリゴペプチド又は有機分子を含有する組成物が収容されている。希釈液及びバッファー、コントロール抗体等を収容する付加的な容器を具備していてもよい。ラベル又は能書は、組成物についての記載、並びに意図するインビトロ又は検出での使用に関する注意書きを提供するものである。

【0132】

M. T A H Oポリペプチド及びT A H O-ポリペプチドコード核酸の用途

T A H Oポリペプチドをコードする核酸配列（又はそれらの相補鎖）は、ハイブリダイゼーションプローブとしての使用を含む分子生物学の分野において、染色体及び遺伝子マッピングにおいて、及びアンチセンスRNA及びDNAプローブの生成において種々の用途を有している。また、T A H Oコード化核酸は、ここに記載される組換え技術によるT A H Oポリペプチドの調製に有用であり、これらT A H Oポリペプチドは、例えば、ここで記載の抗T A H O抗体の調製において用途を見出し得る。

完全長天然配列T A H O遺伝子又はその一部は、完全長T A H O c D N Aの単離又はここに開示した天然T A H O配列に対して所望の配列同一性を持つ更に他のc D N A（例えば、T A H Oの天然発生変異体又は他の種からのT A H Oをコードするもの）の単離のために、c D N Aライブラリ用のハイブリダイゼーションプローブとして使用できる。場合によっては、プローブの長さは約20～約50塩基である。このハイブリダイゼーションプローブは、少なくとも部分的に完全長天然ヌクレオチド配列の新規な領域から誘導してもよく、それらの領域は、過度の実験をすることなく、天然配列T A H Oのプロモーター、エンハンサー成分及びイントロンを含むゲノム配列から判定され得る。例えば、スクリーニング法は、T A H O遺伝子のコード領域を周知のDNA配列を用いて単離して約40塩基の選択されたプローブを合成することを含む。ハイブリダイゼーションプローブは、 ^{32}P 又は ^{35}S 等の放射性ヌクレオチド、又はアビディン／ビオチン結合系を介してプローブに結合したアルカリホスファターゼ等の酵素標識を含む種々の標識で標識され得る。本発明のT A H O遺伝子の配列に相補的な配列を有する標識されたプローブは、ヒトc D N A、ゲノムDNA又はmRNAのライブラリーをスクリーニングし、そのライブラリーの何れのメンバーにプローブがハイブッド形成するかを決定するのに使用できる。ハイブリダイゼーション技術を、以下の実施例において更に詳細に記載する。本出願に開示されている任意のE S T配列は、ここに開示している方法を利用して、同じようにプローブとして用い得る。

【0133】

T A H Oコード核酸の他の有用な断片には、標的T A H O m R N A（センス）又はT A H O D N A（アンチセンス）配列と結合できる一本鎖核酸配列（RNA又はDNAのいずれか）を含むアンチセンス又はセンスオリゴヌクレオチドが含まれる。本発明によると、アンチセンス又はセンスオリゴヌクレオチドは、T A H O D N Aのコード領域の断片を含む。そのような断片は、一般的には少なくとも約14ヌクレオチド、好ましくは約14から30ヌクレオチドを含む。与えられたタンパク質をコードするc D N A配列に基づいて、アンチセンス又はセンスオリゴヌクレオチドを得る能力は、例えば、Stein及びCohen（Cancer Res. 48:2659, 1988）及び van der Krol等（BioTechniques 6:958, 1988）に記載されている。

アンチセンス又はセンスオリゴヌクレオチドの標的核酸配列への結合は二重鎖の形成をもたらし、それは、二重鎖の分解の促進、転写又は翻訳の未熟終止を含む幾つかの方法の一つ、又は他の方法により、標的配列の転写又は翻訳を阻止する。そのような方法は、本発明に含まれている。よって、アンチセンスオリゴヌクレオチドは、T A H Oタンパク質の発現を阻止するのに用いられ、それらT A H Oタンパク質は、哺乳動物での癌の誘導を担い得る。アンチセンス又はセンスオリゴヌクレオチドは、修飾糖－ホスホジエステル骨格（又は他の糖結合、国際公開91/06629に記載のもの等）を有するオリゴヌクレオチドを更に含み、そのような糖結合は内因性ヌクレアーゼ耐性である。そのような耐性糖結合を持つオリゴヌクレオチドは、インビボで安定であるが（つまり、酵素分解に耐えうるが）、標的ヌクレオチド配列に結合できる配列特異性は保持している。

【0134】

アンチセンス結合の好適な遺伝子内部位には、遺伝子のオープンリーディングフレーム（O R F）の翻訳開始／開始コドン（5'-A U G／5'-A T G）又は終結／停止コドン（5'-U A A、5'-U A G及び5'-U G A／5'-T A A、5'-T A G及び5'-T G A）を含む領域が含まれる。これらの領域は翻訳開始又は終結コドンから何れかの方向（つまり5

'又は3')に約25から約50の近接ヌクレオチドを包含するmRNA又は遺伝子の一部を意味する。アンチセンス結合のための他の好適な領域には、イントロン；エキソン；イントロン-エキソン接合部；翻訳開始コドンと翻訳終結コドンの間の領域であるオープンリーディングフレーム(ORF)又は「コード領域」；5'-5'トリホスフェート結合を介してmRNAの5'-最末端残基に結合したN7-メチル化グアノシン残基を含み、5'キャップ構造自体と同様にキャップに隣接する最初の50ヌクレオチドを含むmRNAの5'キャップ；翻訳開始コドンから5'方向のmRNAの部分で、mRNA又は遺伝子上の対応するヌクレオチドの翻訳開始コドンと5'キャップ部位の間のヌクレオチドを含む5'の未翻訳領域(5'UTR)；及び翻訳終結コドンから3'方向のmRNAの部分で、mRNA又は遺伝子上の対応するヌクレオチドの3'末端と翻訳停止コドンの間のヌクレオチドを含む、3'未翻訳領域(3'UTR)が含まれる。

TAHOタンパク質の発現を阻害するのに有用な好適なアンチセンス化合物の特定の例には、修飾骨格又は非天然ヌクレオシド間結合を含むオリゴヌクレオチドが含まれる。修飾された骨格を有するオリゴヌクレオチドには骨格にリン原子を保持しているものと骨格にリン原子を有していないものが含まれる。この明細書の目的のために、また当該分野でしばしば引用されるように、そのヌクレオシド間骨格にリン原子を持たない修飾オリゴヌクレオチドはまたオリゴヌクレオシドであると考えることができる。好適な修飾オリゴヌクレオチド骨格には、例えばホスホロチオネート、キラルホスホロチオネート、ホスホロジチオネート、ホスホトリエステル、アミノアルキルホスホトリエステル、メチル及び他のアルキルホスホネートで、3'-アルキレンホスホネート、5'-アルキレンホスホネート及びキラルホスホネートを含むもの、ホスフィネート、ホスホルアミデートで、3'-アミノホスホルアミデート及びアミノアルキルホスホルアミデートを含むもの、チオノホスホルアミデート、チオノアルキルホスホネート、チオノアルキルホスホトリエステル、セレノホスフェート及びボラノ-ホスフェートで通常の3'-5'結合を持つもの、これらの2'-5'結合類似体、及び一又は複数のヌクレオチド間結合が3'から3'、5'から5'又は2'から2'結合である逆転された極性を持つものが含まれる。逆転した極性を持つ好適なオリゴヌクレオチドは単一の3'から3'結合を最も3'側のヌクレオチド間結合、つまり、非塩基性(abasic)でありうる単一の逆転ヌクレオシド残基(核酸塩基がないか、又はその代わりにヒドロキシル基を有する)を含む。様々な塩、混合された塩及び遊離の酸形態がまた含まれる。リン含有結合の調製を教唆する代表的な米国特許には、限定されるものではないが、米国特許3687808；4469863；4476301；5023243；5177196；5188897；5264423；5276019；5278302；5286717；5321131；5399676；5405939；5453496；5455233；5466677；5476925；5519126；5536821；5541306；5550111；5563253；5571799；5587361；5194599；5565555；5527899；5721218；5672697及び5625050が含まれ、その各々は出典明示によりここに取り込まれる。

【0135】

リン原子をそこに含まない好適な修飾オリゴヌクレオチド骨格は短鎖アルキル又はシクロアルキルヌクレオシド間結合、混合ヘテロ原子及びアルキル又はシクロアルキルヌクレオシド間結合、又は一又は複数の短鎖ヘテロ原子又は複素環ヌクレオシド間結合によって形成される骨格を有する。これらには、モルホリノ結合(ヌクレオシドの糖部分から部分的に形成される)を有するもの；シロキサン骨格；スルフィド、スルホキシド及びスルホン骨格；ホルムアセチル及びチオホルムアセチル骨格；メチレンホルムアセチル及びチオホルムアセチル骨格；リボアセチル骨格；アルケン含有骨格；スルファメート骨格；メチレンイミノ及びメチレンヒドラジノ骨格；スルホネート及びスルホンアミド骨格；アミド骨格；及び混合N、O、S及びCH₂成分部分を有する他のものが含まれる。このようなオリゴヌクレオチドの調製を教唆する代表的な米国特許には、限定されるものではないが、米国特許5034506；5166315；5185444；5214134；5216141；5235033；5264562；5264564；5405938；543

4 2 5 7 ; 5 4 6 6 6 7 7 ; 5 4 7 0 9 6 7 ; 5 4 8 9 6 7 7 ; 5 5 4 1 3 0 7 ; 5 5 6 1 2 2 5 ; 5 5 9 6 0 8 6 ; 5 6 0 2 2 4 0 ; 5 6 1 0 2 8 9 ; 5 6 0 2 2 4 0 ; 5 6 0 8 0 4 6 ; 5 6 1 0 2 8 9 ; 5 6 1 8 7 0 4 ; 5 6 2 3 0 7 0 ; 5 6 6 3 3 1 2 ; 5 6 3 3 3 6 0 ; 5 6 7 7 4 3 7 ; 5 7 9 2 6 0 8 ; 5 6 4 6 2 6 9 及び 5 6 7 7 4 3 9 が含まれ、その各々は出典明示によりここに取り込まれる。

他の好適なアンチセンスオリゴヌクレオチドでは、糖とヌクレオシド間結合の双方、つまりヌクレオチド単位の骨格が新規な基と置換される。ベース単位は適切な核酸標的化合物とのハイブリダイゼーションのために維持される。一つのそのようなオリゴマー化合物である、優れたハイブリダイゼーション特性を持つことが示されているオリゴヌクレオチド擬態体はペプチド核酸 (PNA) と呼ばれる。PNA 化合物では、オリゴヌクレオチドの糖骨格はアミド含有骨格、特にアミノエチルグリシン骨格と置き換えられている。核酸塩基は保持され、骨格のアミド部分のアザ窒素原子に直接又は間接に結合している。PNA 化合物の調製を教唆する代表的な米国特許には、限定されるものではないが、米国特許 5 5 3 9 0 8 2 ; 5 7 1 4 3 3 1 ; 及び 5 7 1 9 2 6 2 が含まれ、その各々は出典明示によりここに取り込まれる。PNA 化合物の更なる教示はNielsen等, Science, 1991, 254, 1497-1500に見出すことができる。

好適なアンチセンスオリゴヌクレオチドはホスホロチオネート骨格及び／又はヘテロ原子骨格、特に $-\text{CH}_2-\text{NH}-\text{O}-\text{CH}_2-$ 、 $-\text{CH}_2-\text{N}(\text{CH}_3)-\text{O}-\text{CH}_2-$ [メチレン(メチルイミノ)又はMMI 骨格として知られる]、 $-\text{CH}_2-\text{O}-\text{N}(\text{CH}_3)-\text{CH}_2-$ 、 $-\text{CH}_2-\text{N}(\text{CH}_3)-\text{N}(\text{CH}_3)-\text{CH}_2-$ 、及び上で参照した米国特許第 5 4 8 9 6 7 7 号に記載された $-\text{O}-\text{N}(\text{CH}_3)-\text{CH}_2-\text{CH}_2-$ [ここで天然ホスホジエステル骨格は $-\text{O}-\text{P}-\text{O}-\text{CH}_2-$ と表される] 及び上で参照された米国特許第 5 6 0 2 2 4 0 号のアミド骨格を含む。また好ましいものは上で参照した米国特許第 5 0 3 4 5 0 6 号のモルホリノ骨格構造を有するアンチセンスオリゴヌクレオチドである。

【0136】

修飾オリゴヌクレオチドはまた一又は複数の置換糖部分を含みうる。好適なオリゴヌクレオチドは 2' 位に次のものの一つを含む: OH; F; O-アルキル、S-アルキル、又は N-アルキル; O-アルケニル、S-アルケニル又は N-アルケニル; O-アルキニル、S-アルキニル又は N-アルキニル; 又は O-アルキル-O-アルキルを含み、ここでアルキル、アルケニル及びアルキニルは置換又は非置換 $\text{C}_1 \sim \text{C}_{10}$ アルキル又は $\text{C}_2 \sim \text{C}_{10}$ アルケニル及びアルキニルでありうる。特に好ましいものは $\text{O}[(\text{CH}_2)_n\text{O}]_m\text{CH}_3$ 、 $\text{O}(\text{CH}_2)_n\text{OCH}_3$ 、 $\text{O}(\text{CH}_2)_n\text{NH}_2$ 、 $\text{O}(\text{CH}_2)_n\text{CH}_3$ 、 $\text{O}(\text{CH}_2)_n\text{ONH}_2$ 、及び $\text{O}(\text{CH}_2)_n\text{ON}[(\text{CH}_2)_n\text{CH}_3]_2$ であり、ここで n 及び m は 1 から約 10 である。他の好適なアンチセンスオリゴヌクレオチドは 2' 位に次のものの一つを含む: $\text{C}_1 \sim \text{C}_{10}$ 低級アルキル、置換低級アルキル、アルケニル、アルキニル、アルカリル、アラルキル、O-アルカリル又は O-アラルキル、SH、SCH₃、OCN、Cl、Br、CN、CF₃、OCF₃、SOCH₃、SO₂CH₃、ONO₂、NO₂、N₃、NH₂、ヘテロシクロアルキル、ヘテロシクロアルカリル、アミノアルキルアミノ、ポリアルキルアミノ、置換シリル、RNA 切断基、レポーター基、インターカレーター、オリゴヌクレオチドの薬物動態学的性質を改善する基、オリゴヌクレオチドの薬理的性質を改善する基、及び同様な性質を持つ他の置換基。好適な修飾は 2'-メトキシエトキシ (2'-O-(2-メトキシエチル) 又は 2'-MOE としても知られている 2'-O-CH₂CH₂OCH₃) (Martin 等, Helv. Chim. Acta., 1995, 78, 486-504)、つまりアルコキシアルコキシ基を含む。更に好適な修飾は、以下の実施例に記載されているように 2'-ジメチルアミノオキシエトキシ、つまり 2'-DMAOE としても知られている $\text{O}(\text{CH}_2)_2\text{ON}(\text{CH}_3)_2$ 基、及び 2'-ジメチルアミノエトキシエトキシ (2'-O-ジメチルアミノエトキシエチル 又は 2'-DMAEOE としても知られている)、つまり 2'-O-CH₂-O-CH₂-N(CH₂) を含む。

更に好適な修飾は、2'-ヒドロキシル基が糖環の 3' 又は 4' 炭素原子に結合され二環糖部分を形成する固定核酸 (Locked Nucleic Acids: LNA s) を含む。結合は好ましくは n

が1又は2である2'酸素原子と4'炭素原子を架橋するメチレン(-CH₂-)_n基である。L N A s 及びその製造方法は国際公開98/39352及び国際公開99/14226に記載されている。

他の好適な修飾は2'-メトキシ(2'-O-CH₃)、2'-アミノプロポキシ(2'-OCH₂CH₂CH₂NH₂)、2'-アリル(2'-CH₂-CH=CH₂)、2'-O-アリル(2'-O-CH₂-CH=CH₂)及び2'-フルオロ(2'-F)を含む。2'-修飾はアラビノ(上)位置又はリボ(下)位置においてでありうる。好適な2'-アラビノ修飾は2'-Fである。同様の修飾はまたオリゴヌクレオチドの他の位置、特に3'末端ヌクレオチドの糖の3'位又は2'-5'結合オリゴヌクレオチド及び5'末端ヌクレオチドの5'位になすことができる。オリゴヌクレオチドはまたペントフラノシル糖の代わりにシクロブチル部分のような糖擬態体を有しうる。そのような修飾糖構造の調製を教唆する代表的な米国特許には、限定されるものではないが、米国特許4981957; 5118800; 5319080; 5359044; 5393878; 5446137; 5466786; 5514785; 5519134; 5567811; 5576427; 5591722; 5597909; 5610300; 5627053; 5639873; 5646265; 5658873; 5670633; 5792747; 及び5700920が含まれ、その各々は出典明示により全体がここに取り込まれる。

【0137】

オリゴヌクレオチドにはまた核酸塩基(当該分野ではしばしば単に「塩基」と称される)の修飾又は置換が含まれうる。ここで使用される場合、「未修飾の」又は「天然の」核酸塩基にはプリン塩基アデニン(A)及びグアニン(G)及びピリミジン塩基チミン(T)、シトシン(C)及びウラシル(U)が含まれる。修飾核酸塩基には、他の合成及び天然核酸塩基、例えば5-メチルシトシン(5-me-C)、5-ヒドロキシメチルシトシン、キサンチン、ヒポキサンチン、2-アミノアデニン、6-メチル及び他のアデニン及びグアニンのアルキル誘導体、2-プロピル及び他のアデニン及びグアニンのアルキル誘導体、2-チオウラシル、2-チオチミン及び2-チオシトシン、5-ハロウラシル及びシトシン、5-プロポニル(-C≡C-CH₃又はCH₂-C≡CH)ウラシル及びシトシン及び他のピリミジン塩基のアルキル誘導体、6-アゾウラシル、シトシン及びチミン、5-ウラシル(プソイドウラシル)、4-チオウラシル、8-ハロ、8-アミノ、8-チオール、8-チオアルキル、8-ヒドロキシル及び他の8-置換アデニン類及びグアニン類、5-ハロ、特に5-ブロモ、5-トリフルオロメチル及び他の5-置換ウラシル類及びシトシン類、7-メチルグアニン及び7-メチルアデニン、2-F-アデニン、2-アミノ-アデニン、8-アザグアニン及び8-アザアデニン、7-デアザグアニン及び7-デアザアデニン及び3-デアザグアニン及び3-デアザアデニンが含まれる。更なる修飾核酸塩基には、三環系ピリミジン類、例えばフェノキサジンシチジン(1H-ピリミド[5,4-b][1,4]ベンゾキサジン-2(3H)-オン)、フェノチアジンシチジン(1H-ピリミド[5,4-b][1,4]ベンゾチアジン-2(3H)-オン)、G-クランプ、例えば置換フェノキサジンシチジン(例えば9-(2-アミノエトキシ)-H-ピリミド[5,4-b][1,4]ベンゾキサジン-2(3H)-オン)、カルバゾールシチジン(2H-ピリミド[4,5-b]インドール-2-オン)、ピリドインドールシチジン(H-ピリド[3',2':4,5]ピロロ[2,3-d]ピリミジン-2-オン)が含まれる。修飾核酸塩基にはまたプリン又はピリミジン塩基が他の複素環で置き換えられているもの、例えば7-デアザ-アデニン、7-デアザグアニン、2-アミノピリジン及び2-ピリドンが含まれうる。更なる核酸塩基には米国特許第3687808号に開示されているもの、The Concise Encyclopedia Of Polymer Science And Engineering, 858-859頁, Kroschwitz, J.I.編 John Wiley & Sons, 1990に開示されているもの、及びEnglisch等, Angewandte Chemie, International Edition, 1991, 30,613に開示されているものが含まれる。これらの核酸塩基のある種のもは本発明のオリゴマー化合物の結合親和性を増大させるのに特に有用である。これらには、5-置換ピリミジン、6-アザピリミジン及びN-2、N-6及びO-6置換プリンで、2-アミノプロピルアデニン、5-プロピニルウラシル及び5-プロピニルシトシンを含むものが含まれる。5-メチルシトシン置換は0.6-1.2

℃だけ核酸二重安定性を増大させることが知られており (Sanghvi等, *Antisense Research and Applications*, CRC Press, Boca Raton, 1993, pp.276-278)、より詳細には 2'-O-メトキシエチル糖修飾と組み合わせた場合には、好適な塩基置換である。修飾核酸塩基の製造を教唆する代表的な米国特許には、限定されるものではないが、米国特許 3 6 8 7 8 0 8 ; 並びに米国特許 4 8 4 5 2 0 5 ; 5 1 3 0 3 0 2 ; 5 1 3 4 0 6 6 ; 5 1 7 5 2 7 3 ; 5 3 6 7 0 6 6 ; 5 4 3 2 2 7 2 ; 5 4 5 7 1 8 7 ; 5 4 5 9 2 5 5 ; 5 4 8 4 9 0 8 ; 5 5 0 2 1 7 7 ; 5 5 2 5 7 1 1 ; 5 5 5 2 5 4 0 ; 5 5 8 7 4 6 9 ; 5 5 9 4 1 2 1 ; 5 5 9 6 0 9 1 ; 5 6 1 4 6 1 7 ; 5 6 4 5 9 8 5 ; 5 8 3 0 6 5 3 ; 5 7 6 3 5 8 8 ; 6 0 0 5 0 9 6 ; 5 6 8 1 9 4 1 及び 5 7 5 0 6 9 2 が含まれ、その各々は出典明示によりここに取り込まれる。

【0138】

アンチセンスオリゴヌクレオチドの他の修飾は、オリゴヌクレオチドの活性、細胞分布又は細胞取り込みを亢進する一又は複数の部分又はコンジュゲートをオリゴヌクレオチドに化学的に結合させる。本発明の化合物は第1級又は第2級ヒドロキシル基のような官能基に共有結合したコンジュゲート基を含みうる。本発明のコンジュゲート基には、介入物 (インターカレーター)、レポーター分子、ポリアミン、ポリアミド、ポリエチレングリコール、ポリエーテル、オリゴマーの薬理的性質を増強する基、及びオリゴマーの薬物動態学的性質を増強する基が含まれる。典型的なコンジュゲート基には、コレステロール、脂質、カチオン脂質、リン脂質、カチオン性リン脂質、ビオチン、フェナジン、葉酸塩、フェナントリジン、アントラキノン、アクリジン、フルオレセイン、ローダミン、クマリリン、及び染料が含まれる。この発明の文脈における薬理的性質を増強する基には、オリゴマー取り込みを改善し、分解に対するオリゴマーの耐性を亢進し、及び／又はRNAとの配列特異的ハイブリダイゼーションを補強する基が含まれる。この発明の文脈における薬物動態学的性質を増強する基には、オリゴマー取り込み、分散、代謝又は排出を改善する基が含まれる。コンジュゲート部分には限定されるものではないが、脂質分子、例えばコレステロール部分 (Letsinger等, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 1989, 86, 6553-6556)、コール酸 (Manoharan等, *Bioorg. Med. Chem. Lett.*, 1994, 4, 1053-1063)、チオエーテル、例えばヘキシル-S-トリチルチオール (Manoharan等, *Ann. N.Y. Acad. Sci.*, 1992, 660-306-309; Manoharan等, *Bioorg. Med. Chem. Lett.*, 1993, 3, 2765-2770)、チオコレステロール (Oberhauser等, *Nucl. Acids Res.*, 1992, 20, 533-538)、脂肪族鎖、例えばドデカンジオール又はウンデシル残基 (Saison-Behmoaras等, *EMBOJ.*, 1991, 10, 1111-1118; Kabanov等, *FEBS Lett.*, 1990, 259, 327-330; Svinarchuk等, *Biochimie*, 1993, 75, 49-54)、リン脂質、例えばジ-ヘキサデシル-rac-グリセロール又はトリエチル-アンモニウム 1, 2 -ジ-O-ヘキサデシル-rac-グリセロ-3-H-ホスホナート (Manoharan等, *Tetrahedron Lett.*, 1995, 36, 3651-3654; Shea等, *Nucl. Acids Res.*, 1990, 18, 3777-3783)、ポリアミン又はポリエチレングリコール鎖 (Manoharan等, *Nucleosides & Nucleotides*, 1995, 14, 969-973)、又はアダマンタン酢酸 (Manoharan等, *Tetrahedron Lett.*, 1995, 36, 3651-3654)、パルミチル部分 (Mishra等, *Biochim. Biophys. Acta*, 1995, 1264, 229-237)、又はオクタデシルアミン又はヘキシルアミノ-カルボニル-オキシコレステロール部分が含まれる。本発明のオリゴヌクレオチドはまた活性な薬物物質、例えばアスピリン、ワルファリン、フェニルブタゾン、イブプロフェン、スプロフェン、フェンブフェン、ケトプロフェン、(S)-(+) -プラノプロフェン、カルプロフェン、ダンシルサルコシン、2, 3, 5-トリヨード安息香酸、フルフェナム酸、フォリン酸、ベンゾチアジド、クロロチアジド、ジアゼピン、インドメチシン、バルビツレート、セファロスポリン、サルファ剤、抗糖尿病剤、抗菌剤又は抗生物質にコンジュゲートすることができる。オリゴヌクレオチド-薬剤コンジュゲート及びその製造方法は米国特許出願第 0 9 / 3 3 4 1 3 0 号 (1999年6月15日出願) 及び米国特許 4 8 2 8 9 7 9 ; 4 9 4 8 8 8 2 ; 5 2 1 8 1 0 5 ; 5 5 2 5 4 6 5 ; 5 5 4 1 3 1 3 ; 5 5 4 5 7 3 0 ; 5 5 5 2 5 3 8 ; 5 5 7 8 7 1 7 ; 5 5 8 0 7 3 1 ; 5 5 8 0 7 3 1 ; 5 5 9 1 5 8 4 ; 5 1 0 9 1 2 4 ; 5 1 1 8 8 0 2 ; 5 1 3 8 0 4 5 ; 5 4 1 4 0

7 7 ; 5 4 8 6 6 0 3 ; 5 5 1 2 4 3 9 ; 5 5 7 8 7 1 8 ; 5 6 0 8 0 4 6 ; 4 5 8 7 0
 4 4 ; 4 6 0 5 7 3 5 ; 4 6 6 7 0 2 5 ; 4 7 6 2 7 7 9 ; 4 7 8 9 7 3 7 ; 4 8 2 4 9
 4 1 ; 4 8 3 5 2 6 3 ; 4 8 7 6 3 3 5 ; 4 9 0 4 5 8 2 ; 4 9 5 8 0 1 3 ; 5 0 8 2 8
 3
 0 ; 5 1 1 2 9 6 3 ; 5 2 4 1 1 3 6 ; 5 0 8 2 8 3 0 ; 5 1 1 2 9 6 3 ; 5 2 1 4 1 3
 6 ; 5 2 4 5 0 2 2 ; 5 2 5 4 4 6 9 ; 5 2 5 8 5 0 6 ; 5 2 6 2 5 3 6 ; 5 2 7 2 2 5
 0 ; 5 2 9 2 8 7 3 ; 5 3 1 7 0 9 8 ; 5 3 7 1 2 4 1 ; 5 3 9 1 7 2 3 ; 5 4 1 6 2 0
 3 ; 5 4 5 1 4 6 3 ; 5 5 1 0 4 7 5 ; 5 5 1 2 6 6 7 ; 5 5 1 4 7 8 5 ; 5 5 6 5 5 5
 2 ; 5 5 6 7 8 1 0 ; 5 5 7 4 1 4 2 ; 5 5 8 5 4 8 1 ; 5 5 8 7 3 7 1 ; 5 5 9 5 7 2
 6 ; 5 5 9 7 6 9 6 ; 5 5 9 9 9 2 3 ; 5 5 9 9 9 2 8 及び 5 6 8 8 9 4 1 に記載され、
 その各々は出典明示によりここに取り込まれる。

【0139】

与えられた化合物の全ての位置を一様に修飾する必要はなく、実際、一を超える上述の修飾を単一化合物中に又はオリゴヌクレオチド内の単一ヌクレオシドにさえ導入することができる。本発明はまたキメラ化合物であるアンチセンス化合物を含む。本発明の文脈における「キメラ」アンチセンス化合物又は「キメラ」は、それぞれが少なくとも一のモノマー単位、つまりオリゴヌクレオチド化合物の場合にはヌクレオチドからなる2以上の化学的に区別される領域を含むアンチセンス化合物、特にオリゴヌクレオチドである。これらのオリゴヌクレオチドは典型的にはオリゴヌクレオチドにヌクレアーゼ分解に対する増大した耐性、増大した細胞性取り込み、及び／又は標的核酸に対する増大した結合親和性を付与するようにオリゴヌクレオチドが修飾されている少なくとも一の領域を含む。オリゴヌクレオチドの更なる領域はRNA:DNA又はRNA:RNAハイブリッドを切断可能な酵素の基質となりうる。例を挙げると、RNAアーゼHはRNA:DNA二本鎖のRNA鎖を切断する細胞性エンドヌクレアーゼである。故に、RNAアーゼHの活性化はRNA標的の開裂を生じ、遺伝子発現のオリゴヌクレオチド阻害の効果を大きく向上させる。従って、同じ標的領域にハイブリダイズするホスホロチオネートデオキシオリゴヌクレオチドと比較して、キメラオリゴヌクレオチドが使用される場合、より短いオリゴヌクレオチドで同等の結果をしばしば得ることができる。本発明のキメラアンチセンス化合物は上述の二以上のオリゴヌクレオチド、修飾オリゴヌクレオチド、オリゴヌクレオシド及び／又はオリゴヌクレオチド擬態体の複合構造体として形成されてもよい。好適なキメラアンチセンスオリゴヌクレオチドはヌクレアーゼ耐性を付与するために3'末端に少なくとも一の2'修飾糖（好ましくは2'-O-(CH₂)₂-O-CH₃）とRNAアーゼH活性を付与するために少なくとも4の隣接した2'-H糖を持つ領域を含む。このような化合物はまた当該分野においてハイブリッド又はギャプマー(gapmers)とも呼ばれている。好適なギャプマーは少なくとも4の隣接した2'-H糖を持つ少なくとも一の領域で分離した3'末端と5'末端2'修飾糖（好ましくは2'-O-(CH₂)₂-O-CH₃）の領域を持ち、好ましくはホスホロチオネート骨格結合を含む。このようなハイブリッド構造の調製を教示する代表的な米国特許には、限定されるものではないが、米国特許第5013830; 5149797; 5220007; 5256775; 5366878; 5403711; 5491133; 5565350; 5623065; 5652355; 5652356; 及び5700922が含まれ、これらのそれぞれが出典明示によりここに取り込まれる。

本発明において使用されるアンチセンス化合物は固相合成のよく知られた技術によって簡便かつ常套的に製造することができる。そのような合成のための装置は、例えばApplied Biosystems (Foster City, Calif.)を含む幾つかのメーカーによって販売されている。当該分野で知られているそのような合成のための任意の他の手段を付加的に又は別に使用してもよい。オリゴヌクレオチド、例えばホスホロチオネート及びアルキル化誘導体を調製するために類似の技術を使用することはよく知られている。本発明の化合物は、また、取り込み、分散及び／又は吸収を補助するための他の分子、分子構造又は化合物混合物、例えばリポソーム、レセプター標的分子、経口、直腸、局所適用又は他の製剤と、混合、カプセル化、コンジュゲート又はその他、組み合わせられてもよい。そのような取り込み、

分散及び／又は吸収を補助する製剤の調製を教示する代表的な米国特許には、限定されるものではないが、米国特許第 5 1 0 8 9 2 1 ; 5 3 5 4 8 4 4 ; 5 4 1 6 0 1 6 ; 5 4 5 9 1 2 7 ; 5 5 2 1 2 9 1 ; 5 5 4 3 1 5 8 ; 5 5 4 7 9 3 2 ; 5 5 8 3 0 2 0 ; 5 5 9 1 7 2 1 ; 4 4 2 6 3 3 0 ; 4 5 3 4 8 9 9 ; 5 0 1 3 5 5 6 ; 5 1 0 8 9 2 1 ; 5 2 1 3 8 0 4 ; 5 2 2 7 1 7 0 ; 5 2 6 4 2 2 1 ; 5 3 5 6 6 3 3 ; 5 3 9 5 6 1 9 ; 5 4 1 6 0 1 6 ; 5 4 1 7 9 7 8 ; 5 4 6 2 8 5 4 ; 5 4 6 9 8 5 4 ; 5 5 1 2 2 9 5 ; 5 5 2 7 5 2 8 ; 5 5 3 4 2 5 9 ; 5 5 4 3 1 5 2 ; 5 5 5 6 9 4 8 ; 5 5 8 0 5 7 5 ; 及び 5 5 9 5 7 5 6 が含まれ、これらのそれぞれが出典明示によりここに取り込まれる。

【0140】

センス又はアンチセンスオリゴヌクレオチドの他の例は、国際公開 9 0 / 1 0 0 4 8 に記載されているもののような、有機部分、及びオリゴヌクレオチドの標的核酸配列への親和性を向上させる他の部分、例えばポリ-(L-リジン)に共有結合したオリゴヌクレオチドを含む。さらにまた、エリプチシン等の挿入剤及びアルキル化剤又は金属錯体をセンス又はアンチセンスオリゴヌクレオチドに結合させ、アンチセンス又はセンスオリゴヌクレオチドの標的ヌクレオチド配列への結合特異性を改変してもよい。

アンチセンス又はセンスオリゴヌクレオチドは、例えば、 CaPO_4 -媒介 DNA トランスフェクション、エレクトロポレーションを含む任意の遺伝子転換方法により、又はエプスタイン-バーウイルスなどの遺伝子転換ベクターを用いることにより、標的核酸配列を含む細胞に導入される。好ましい方法では、アンチセンス又はセンスオリゴヌクレオチドは、適切なレトロウイルスベクターに挿入される。標的核酸配列を含む細胞は、インビボ又はエキソビボで組換えレトロウイルスベクターに接触させる。好適なレトロウイルスベクターは、これらに限られないが、マウスレトロウイルス M-MuLV から誘導されるもの、N2 (M-MuLV から誘導されたレトロウイルス)、又は DCT5A、DCT5B 及び DCT5C と命名されたダブルコピーベクター (国際公開 9 0 / 1 3 6 4 1 参照) を含む。

【0141】

また、センス又はアンチセンスオリゴヌクレオチドは、国際公開 9 1 / 0 4 7 5 3 に記載されているように、リガンド結合分子との複合体の形成により標的ヌクレオチド配列を含む細胞に導入してもよい。適切なリガンド結合分子は、これらに限られないが、細胞表面レセプター、成長因子、他のサイトカイン、又は細胞表面レセプターに結合する他のリガンドを含む。好ましくは、リガンド結合分子の複合体形成は、リガンド結合分子がその対応する分子又はレセプターに結合する、あるいはセンス又はアンチセンスオリゴヌクレオチド又はその複合体の細胞への侵入を阻止する能力を実質的に阻害しない。

あるいは、センス又はアンチセンスオリゴヌクレオチドは、国際公開 9 0 / 1 0 4 4 8 に記載されたように、オリゴヌクレオチド-脂質複合体の形成により標的核酸配列を含む細胞に導入してもよい。センス又はアンチセンスオリゴヌクレオチド-脂質複合体は、好ましくは内因性リパーゼにより細胞内で分解される。

【0142】

アンチセンス又はセンス RNA 又は DNA 分子は、通常は少なくとも約 5 ヌクレオチド長、あるいは少なくとも約 6、7、8、9、10、11、12、13、14、15、16、17、18、19、20、21、22、23、24、25、26、27、28、29、30、35、40、45、50、55、60、65、70、75、80、85、90、95、100、105、110、115、120、125、130、135、140、145、150、155、160、165、170、175、180、185、190、195、200、210、220、230、240、250、260、270、280、290、300、310、320、330、340、350、360、370、380、390、400、410、420、430、440、450、460、470、480、490、500、510、520、530、540、550、560、570、580、590、600、610、620、630、640、650、660、670、680、690、700、710、720、730、740、750、760、770、780、79

0、800、810、820、830、840、850、860、870、880、890、900、910、920、930、940、950、960、970、980、990、又は1000ヌクレオチド長であり、この文脈の「約」という用語は、参照ヌクレオチド配列長にその参照長の10%を加えるか又は減じたものを意味する。

また、プローブをPCR技術に用いて、密接に関連したTAHOコード化配列の同定のための配列のプールを作成することができる。

また、TAHOをコードするヌクレオチド配列は、そのTAHOをコードする遺伝子のマッピングのため、及び遺伝子疾患を持つ個体の遺伝子分析のためのハイブリダイゼーションプローブの作成にも用いることができる。ここに提供されるヌクレオチド配列は、インサイツハイブリダイゼーション、既知の染色体マーカーに対する連鎖分析、及びライブラリーでのハイブリダイゼーションスクリーニング等の周知の技術を用いて、染色体及び染色体の特定領域にマッピングすることができる。

【0143】

TAHOのコード化配列が他のタンパク質に結合するタンパク質をコードする場合（例えば、TAHOがレセプターである場合）、TAHOは、結合相互作用に関わっている他のタンパク質又は分子を同定するためのアッセイに使用することができる。このような方法により、レセプター／リガンド結合性相互作用の阻害剤を同定することができる。また、このような結合性相互作用に含まれるタンパク質は、ペプチド又は小分子阻害剤又は結合性相互作用のアゴニストのスクリーニングに用いることができる。また、レセプターTAHOは関連するリガンドの単離に使用できる。スクリーニングアッセイは、天然TAHO又はTAHOのレセプターの生物学的活性を模倣するリード化合物を見出すために設計してよい。このようなスクリーニングアッセイは、化学的ライブラリーの高スループットスクリーニングを施すことができるアッセイを含み、それらアッセイを特に小分子薬剤候補を同定することに適したものにする。考慮される小分子は、合成有機又は無機化合物を含む。アッセイは、この分野で良く特徴付けられているタンパク質-タンパク質結合アッセイ、生物学的スクリーニングアッセイ、免疫検定及び細胞ベースのアッセイを含む種々の型式で実施される。

また、TAHO又はその修飾型をコードする核酸は、トランスジェニック動物又は「ノックアウト」動物のいずれかを産生することに使用でき、これらは治療的に有用な試薬の開発やスクリーニングに有用である。トランスジェニック動物（例えばマウス又はラット）とは、出生前、例えば胚段階で、その動物又はその動物の祖先に導入された導入遺伝子を含む細胞を有する動物である。導入遺伝子とは、トランスジェニック動物が発生する細胞のゲノムに組み込まれたDNAである。一実施形態では、TAHOをコードするcDNAは、TAHOをコードするDNAを発現する細胞を含むトランスジェニック動物を作製するために使用するゲノム配列及び確立された技術に基づいて、TAHOをコードするゲノムDNAをクローン化するために使用することができる。トランスジェニック動物、特にマウス又はラット等を産生する方法は、当該分野において常套的になっており、例えば米国特許第4736866号や第4870009号に記述されている。典型的には、特定の細胞を組織特異的エンハンサーでのTAHO導入遺伝子の導入の標的にする。胚段階で動物の生殖系列に導入されたTAHOをコードする導入遺伝子のコピーを含むトランスジェニック動物はTAHOをコードするDNAの増大した発現の影響を調べるために使用できる。このような動物は、例えばその過剰発現を伴う病理学的状態に対して保護をもたらすと思われる試薬のテスター動物として使用できる。本発明のこの態様においては、動物を試薬で治療し、導入遺伝子を有する未治療の動物に比べ病理学的状態の発症率が低ければ、病理学的状態に対する治療上の処置の可能性が示される。

【0144】

あるいは、TAHOの非ヒト相同体は、動物の胚性細胞に導入されたTAHOをコードする変更ゲノムDNAと、TAHOをコードする内在性遺伝子との間の相同的組換えによって、TAHOをコードする欠陥又は変更遺伝子を有するTAHO「ノックアウト」動物を作成するために使用できる。例えば、TAHOをコードするcDNAは、確立された技

術に従い、T A H OをコードするゲノムDNAのクローニングに使用できる。T A H OをコードするゲノムDNAの一部を欠失させたり、組み込みをモニターするために使用する選択性マーカーをコードする遺伝子等の他の遺伝子で置換することができる。典型的には、ベクターは無変化のフランキングDNA(5'と3'末端の両方)を数千ベース含む[例えば、相同組換えベクターについてはThomas及びCapecchi, Cell, 51:503(1987)を参照のこと]。ベクターを胚幹細胞株に(例えばエレクトロポレーションによって)導入し、導入されたDNAが内在性DNAと相同的に組換えられた細胞を選択する[例えば、Li等, Cell, 69:915(1992)参照]。選択された細胞は次に動物(例えばマウス又はラット)の胚盤胞内に注入されて集合キメラを形成する[例えば、Bradley, Teratocarcinomas and Embryonic Stem Cells: A Practical Approach, E. J. Robertson編 (IRL, Oxford, 1987), p. 113-152参照のこと]。その後、キメラ胚を適切な偽妊娠の雌性乳母動物に移植し、期間において「ノックアウト」動物を作り出す。胚細胞に相同的に組換えられたDNAを有する子孫は標準的な技術により同定され、それらを利用して動物の全細胞が相同的に組換えられたDNAを含む動物を繁殖させることができる。ノックアウト動物は、T A H Oポリペプチドの欠乏によるある種の病理的状态及びその病理的状态の進行に対する防御能力によって特徴付けられる。

また、T A H Oポリペプチドをコードする核酸は遺伝子治療にも使用できる。遺伝子治療用途においては、例えば欠陥遺伝子を置換するため、治療的に有効な遺伝子産物のインビボ合成を達成するために遺伝子が細胞内に導入される。「遺伝子治療」とは、1回の処理により継続的効果が達成される従来の遺伝子治療と、治療的に有効なDNA又はmRNAの1回又は繰り返し投与を含む遺伝子治療薬の投与の両方を含む。アンチセンスRNA及びDNAは、ある種の遺伝子のインビボ発現を阻止する治療薬として用いることができる。短いアンチセンスオリゴヌクレオチドを、細胞膜による制限された取り込みに起因する低い細胞内濃度にもかかわらず、それが阻害剤として作用する細胞中に移入できることは既に示されている(Zamecnik等, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 83:4143-4146 [1986])。オリゴヌクレオチドは、それらの負に荷電したリン酸ジエステル基を非荷電基で置換することによって取り込みを促進するように修飾してもよい。

【0145】

生細胞に核酸を導入するための種々の技術が存在する。これらの技術は、核酸が培養細胞にインビトロで、あるいは意図する宿主の細胞においてインビボで移入されるかに応じて変わる。核酸を哺乳動物細胞にインビトロで移入するのに適した技術は、リボソーム、エレクトロポレーション、マイクロインジェクション、細胞融合、DEAE-デキストラン、リン酸カルシウム沈殿法などを含む。現在好ましいインビボ遺伝子移入技術は、ウイルス(典型的にはレトロウイルス)ベクターでのトランスフェクション及びウイルス被覆タンパク質-リボソーム媒介トランスフェクションである(Dzau等, Trends in Biotechnology 11, 205-210(1993))。幾つかの状況では、核酸供給源を、細胞表面膜タンパク質又は標的細胞に特異的な抗体、標的細胞上のレセプターに対するリガンド等の標的細胞を標的化する薬剤とともに提供するのが望ましい。リボソームを用いる場合、エンドサイトーシスを伴って細胞表面膜タンパク質に結合するタンパク質、例えば、特定の細胞型向性のキャプシドタンパク質又はその断片、サイクルにおいてインターナリゼーションを受けるタンパク質に対する抗体、細胞内局在化を標的とし細胞内半減期を向上させるタンパク質が、標的化及び／又は取り込みの促進のために用いられる。レセプター媒介エンドサイトーシス技術は、例えば、Wu等, J. Biol. Chem. 262, 4429-4432 (1987); 及びWagner等, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 87, 3410-3414 (1990)によって記述されている。遺伝子作成及び遺伝子治療のプロトコルの概説については、Anderson等, Science 256, 808-813 (1992)を参照のこと。

ここに記載したT A H Oポリペプチド又はその断片をコードする核酸分子は、染色体の同定に有用である。この点において、実際の配列データに基づく染色体マーキング試薬は殆ど利用可能ではないため、目下のところ新規な染色体マーカーの同定の必要である。本発明の各T A H O核酸分子は染色体マーカーとして使用できる。

また、本発明のT A H Oポリペプチド及び核酸分子は組織タイピングの診断に使用でき、本発明のT A H Oポリペプチドは、その他の組織と比較して1つの組織において、好ましくは同じ組織型の正常組織と比較して疾患性組織において特異的に発現する。T A H O核酸分子には、P C R、ノーザン分析、サザン分析及びウェスタン分析のプロープ生成のための用途が見出されるであろう。

【0146】

この発明は、T A H Oポリペプチド（アゴニスト）を模倣、又はT A H Oポリペプチド（アンタゴニスト）の効果を防ぐものを同定するための化合物をスクリーニングする方法を含む。アンタゴニスト薬候補に関するスクリーニングアッセイは、ここで同定された遺伝子によってコードされたT A H Oポリペプチドと結合又は複合化する、さもなければコードされているポリペプチドと他の細胞タンパク質の相互作用を妨害する化合物、例えば、細胞からのT A H Oポリペプチドの発現を阻害するものを含む化合物を同定するように設計されている。そのようなスクリーニングアッセイには、化学的ライブラリの高スループットスクリーニングを施すことができるアッセイが含まれ、それらアッセイを特に小分子薬候補の同定に適したものにする。

このアッセイは、タンパク質-タンパク質結合アッセイ、生化学スクリーニングアッセイ、免疫アッセイ、そして細胞ベースアッセイを含む、当該分野で良く特徴付けられている種々の形式で行うことができる。

アンタゴニストに関する全てのアッセイは、薬候補をここで同定された核酸によってコードされているT A H Oポリペプチドと、これら両成分が相互作用するのに十分な条件下及び時間にわたって接触させることを必要とする点で共通である。

結合アッセイにおいて、相互作用は結合であり、形成された複合体は単離されるか、又は反応混合物中で検出される。特別な実施態様では、ここに同定された遺伝子にコードされるT A H Oポリペプチド又は薬候補が、共有又は非共有結合により固相、例えばマイクロタイタープレートに固定化される。非共有結合は、一般的に固体表面をT A H Oポリペプチドの溶液で被覆し乾燥させることにより達成される。あるいは、固定化すべきT A H Oポリペプチドに特異的な固定化抗体、例えばモノクローナル抗体を固体表面に固着させるために用いることができる。アッセイは、固定化成分、例えば固着成分を含む被覆表面に、検出可能な標識で標識されていてもよい非固定化成分を添加することにより実施される。反応が完了したとき、未反応成分を例えば洗浄により除去し、固体表面に固着した複合体を検出する。最初の非固定化成分が検出可能な標識を有している場合、表面に固定化された標識の検出は複合体形成が起こったことを示す。最初の非固定化成分が標識を持たない場合は、複合体形成は、例えば、固定化された複合体に特異的に結合する標識抗体の使用によって検出できる。

【0147】

候補化合物が相互作用するがここに同定した遺伝子によってコードされる特定のT A H Oポリペプチドと結合しない場合、そのポリペプチドとの相互作用は、タンパク質-タンパク質相互作用を検出するために良く知られた方法によってアッセイすることができる。そのようなアッセイは、架橋、同時免疫沈降、及び勾配又はクロマトグラフィーのカラムを通す同時精製などの伝統的な手法を含む。さらに、タンパク質-タンパク質相互作用は、Chevray及びNathans Proc.Natl. Acad. Sci. USA, 89:5789-5793 (1991)に開示されているようにして、Fields及び共同研究者等 [Fields及びSong, Nature(London), 340,:245-246 (1989); Chien等, Proc.Natl. Acad. Sci. USA, 88:9578-9582 (1991)] に記載された酵母菌ベースの遺伝子系を用いることにより監視することができる。酵母菌G A L 4などの多くの転写活性化剤は、2つの物理的に別個のモジュラードメインからなり、一方はD N A結合ドメインとして作用し、他方は転写活性化ドメインとして機能する。以前の文献に記載された酵母菌発現系（一般に「2-ハイブリッド系」と呼ばれる）は、この特性の長所を利用して、2つのハイブリッドタンパク質を用い、一方では標的タンパク質がG A L 4のD N A結合ドメインに融合し、他方では、候補となる活性化タンパク質が活性化ドメインに融合している。G A L 1-l a c Zリポーター遺伝子のG A L 4活性化プロモータ

一の制御下での発現は、タンパク質-タンパク質相互作用を介したGAL4活性の再構成に依存する。相互作用するポリペプチドを含むコロニーは、 β -ガラクトシダーゼに対する色素生産性物質で検出される。2-ハイブリッド技術を用いた2つの特定のタンパク質間のタンパク質-タンパク質相互作用を同定するための完全なキット(MATCHMAKER(商品名))は、Clontechから商業的に入手可能である。この系は、特定のタンパク質相互作用に含まれるタンパク質ドメインのマッピング、並びにこの相互作用にとって重要なアミノ酸残基の特定にも拡張することができる。

【0148】

ここで同定されたTAHOポリペプチドをコードする遺伝子と他の細胞内又は細胞外成分との相互作用を阻害する化合物は、次のように試験できる：通常は反応混合物は、遺伝子産物と細胞内又は細胞外成分を、それら2つの生成物が相互作用及び結合する条件下及び時間で調製される。候補化合物の結合阻害能力を試験するために、反応は試験化合物の不存在及び存在下で実施される。さらに、プラシーボを第3の反応混合物に添加してポジティブコントロールを提供してもよい。混合物中に存在する試験化合物と細胞内又は細胞外成分との結合(複合体形成)は上記のように監視される。試験化合物を含有する反応混合物ではなくコントロール反応における複合体の形成は、試験化合物が試験化合物とその反応パートナーとの相互作用を阻害することを示す。

アンタゴニストを検定するために、TAHOポリペプチドを、特定の活性についてスクリーニングされる化合物とともに細胞に添加してもよく、TAHOポリペプチド存在下で対象とする活性を阻害する当該化合物の能力が、当該化合物がTAHOポリペプチドのアンタゴニストであることを示す。あるいは、アンタゴニストは、TAHOポリペプチド及び潜在的アンタゴニストを、膜結合TAHOポリペプチドレセプター又は組換えレセプターと、競合的阻害アッセイに適した条件下で結合させることにより検出してもよい。TAHOポリペプチドは、放射活性等で標識でき、レセプターに結合したTAHOポリペプチド分子の数を潜在的アンタゴニストの有効性を決定するのに使用できる。レセプターをコードする遺伝子は、当業者に知られた多くの方法、例えばリガンドバニング及びFACSソーティングにより同定できる。Coligan等, Current Protocols in Immun., 1(2): Chapter 5 (1991)。好ましくは発現クローニングが用いられ、そこではポリアデニル化RNAがTAHOポリペプチドに反応性の細胞から調製され、このRNAから生成されたcDNAライブラリがプールに分配され、COS細胞又は他のTAHOポリペプチドに反応性でない細胞の形質移入に使用される。スライドガラスで増殖させた形質移入細胞を、標識したTAHOポリペプチドへ曝露する。TAHOポリペプチドは、ヨウ素化又は部位特異的タンパク質キナーゼの認識部位の包含を含む種々の手段で標識できる。固定及びインキュベーションの後、スライドにオートラジオグラフ分析を施す。ポジティブプールを同定し、対話型サブプール化及び再スクリーニング法を用いてサブプールを調製して再形質移入し、最終的に推定レセプターをコードする単一のクローンを生成する。

【0149】

レセプター同定の代替的方法として、標識したTAHOポリペプチドをレセプター分子を発現する細胞膜又は抽出調製物に光親和性結合させることができる。架橋材料をPAGEで分離し、X線フィルムに曝す。レセプターを含む標識複合体を励起し、ペプチド断片に分離し、タンパク質マイクロシーケンシングを施してよい。マイクロシーケンシングから得たアミノ酸配列は、推定レセプターをコードする遺伝子を同定するcDNAライブラリをスクリーニングするディジェネレートオリゴヌクレオチドプローブの組の設計に用いられる。

アンタゴニストの他の検定では、レセプターを発現する哺乳動物細胞又は膜調製物を、候補化合物の存在下で標識TAHOポリペプチドとともにインキュベートする。次いで、この相互作用を促進又は阻止する化合物の能力を測定する。

潜在的なアンタゴニストのより特別な例は、免疫グロブリンとTAHOポリペプチドとの融合体に結合するオリゴヌクレオチド、特に、限られないが、ポリ-及びモノクローナル抗体及び抗体断片、一本鎖抗体、抗-イディオタイプ抗体、及びこれらの抗体又は断片

のキメラ又はヒト化形態、並びにヒト抗体及び抗体断片を含む抗体を含んでいる。あるいは、潜在的アンタゴニストは、密接に関連したタンパク質、例えば、レセプターを認識するが効果を与えず、よってT A H Oポリペプチドの作用を競合的に阻害するT A H Oポリペプチドの変異形態であってもよい。

他の潜在的なT A H Oポリペプチドアンタゴニストは、アンチセンス技術を用いて調製されたアンチセンスR N A又はD N A作成物であり、例えば、アンチセンスR N A又はD N A分子は、標的m R N Aにハイブリダイゼーションしてタンパク質翻訳を妨害することによりm R N Aの翻訳を直接阻止するように作用する。アンチセンス技術は、三重螺旋形成又はアンチセンスD N A又はR N Aを通して遺伝子発現を制御するのに使用でき、それらの方法はともに、ポリヌクレオチドのD N A又はR N Aへの結合に基づく。例えば、ここでの成熟T A H Oポリペプチドをコードするポリヌクレオチド配列の5'コード化部分は、約10から40塩基対長のアンチセンスR N Aオリゴヌクレオチドの設計に使用される。D N Aオリゴヌクレオチドは、転写に含まれる遺伝子の領域に相補的であるように設計され（三重螺旋—Lee等, Nucl, Acid Res., 6: 3073 (1979); Cooney等, Science, 241: 456 (1988); Dervan等, Science, 251: 1360 (1991)参照）、それによりT A H Oポリペプチドの転写及び生成を防止する。アンチセンスR N Aオリゴヌクレオチドはインビボでm R N Aにハイブリダイゼーションしてm R N A分子のT A H Oポリペプチドへの翻訳を阻止する（アンチセンス—Okano, Neurochem., 56: 560 (1991); Oligodeoxynucleotides as Antisense Inhibitors of Gene Expression (CRC Press: Boca Raton, FL, 1988)）。また上記のオリゴヌクレオチドは、細胞に輸送され、アンチセンスR N A又はD N Aをインビボで発現させて、T A H Oポリペプチドの産生を阻害することもできる。アンチセンスD N Aが用いられる場合、翻訳開始部位、例えば標的遺伝子ヌクレオチド配列の-10から+10位置の間から誘導されるオリゴデオキシリボヌクレオチドが好ましい。

【0150】

潜在的アンタゴニストは、T A H Oポリペプチドの活性部位、レセプター結合部位、又は成長因子又は他の関連結合部位に結合し、それによりT A H Oポリペプチドの正常な生物学的活性を阻止する小分子を含む。小分子の例は、これらに限られないが、小型ペプチド又はペプチド様分子、好ましくは可溶性ペプチド、及び合成非ペプチド有機又は無機化合物を含む。

リボザイムは、R N Aの特異的切断を触媒できる酵素的R N A分子である。リボザイムは、相補的標的R N Aへの配列特異的ハイブリダイゼーション、次いでヌクレオチド鎖切断的開裂により作用する。潜在的R N A標的内の特異的リボザイム切断部位は、既知の技術で同定できる。更なる詳細は、例えば、Rossi, Current Biology 4: 469-471 (1994)及びP C T公報、国際公開 97/33551（1997年9月18日公開）を参照。

転写阻害に用いられる三重螺旋形成における核酸分子は一本鎖でデオキシヌクレオチドからなる。これらのオリゴヌクレオチドの基本組成は、フーグスティン(Hoogsteen)塩基対則を介する三重螺旋形成を促進するように設計され、それは一般に二重鎖の一方の鎖上のプリン又はピリミジンのかなり大きな伸張を必要とする。さらなる詳細は、例えば、上記のP C T公報、国際公開 97/33551を参照。

これらの小分子は、上記で議論したスクリーニングアッセイの一又は複数の任意のものにより及び／又は当業者に良く知られた他の任意のスクリーニング技術により同定できる。

【0151】

単離されたT A H Oポリペプチド-コード化核酸は、ここに記載されているような当該分野で良く知られている技術を用いて、組み換え的にT A H Oポリペプチドを生成するために、ここで用いることが可能である。次に、生成されたT A H Oポリペプチドは、ここに記載されているような当該分野で良く知られている技術を用いて、抗T A H O抗体を生成するために用いることが可能である。

ここで同定されるT A H Oポリペプチドに特異的に結合する抗体、並びに上記に開示したスクリーニングアッセイによって同定された他の分子は、種々の疾患の治療のために、

製薬組成物の形態で投与することができる。

T A H Oポリペプチドが細胞内にあり、全抗体が阻害剤として用いられる場合、取り込める抗体が好ましい。しかし、リポフェクション又はリポソームも抗体、又は抗体断片を細胞に搬送するために使用できる。抗体断片が用いられる場合、標的タンパク質の結合ドメインに特異的に結合する最小阻害断片が好ましい。例えば、抗体の可変領域配列に基づいて、標的タンパク質配列に結合する能力を保持したペプチド分子が設計できる。このようなペプチドは、化学的に合成でき、及び／又は組換えDNA技術によって生成できる。例えば、Marasco等、Proc. Natl. Acad. Sci. USA 90, 7889-7893 (1993)参照。

ここでの製剤は、治療すべき特定の徴候に必要な場合に1つ以上の活性化合物、好ましくは互いに悪影響を及ぼさない相補的活性を持つものも含んでよい。あるいは、又はそれに加えて、組成物は、細胞障害性薬、サイトカイン、化学療法剤、又は増殖阻害剤のようなその機能を高める薬剤を含んでもよい。これらの分子は、適切には、意図する目的に有効な量の組み合わせで存在する。

以下の実施例は例示するためにのみ提供されるものであって、本発明の範囲を決して限定することを意図するものではない。

本明細書で引用した全ての特許及び参考文献の全体を、出典明示によりここに取り込む。

【実施例】

【0152】

実施例で言及されている市販試薬は、特に示さない限り製造者の使用説明に従い使用した。実施例で使用される抗体は、市販されている抗体、又は本明細書に記載の抗体である。ATCC受託番号により以下の実施例及び明細書全体の中で特定されている細胞の供給源は、アメリカン・タイプ・カルチャー・コレクション、マナッサス、バージニアである。

【0153】

実施例1：マイクロアレイを用いたT A H O発現のデータ分析

マイクロアレイを用いたデータでは、組織及び培養細胞から採取した幅広い種類のRNA試料にDNAマイクロアレイ分析を実施することにより、T A H O発現の分析を行う。試料は、静止状態と、外部から刺激を加えた直後両方の、正常及び癌性のヒト組織及び様々な精製済み免疫細胞を含む。これらRNA試料は、Agilent社のマイクロアレイを用いる標準的マイクロアレイプロトコルに従って分析することができる。

本実施例では、RNAを細胞から単離し、Agilent低出力RNA蛍光線形増幅キット（Agilent社）を用いたインビトロ転写により、シアニン3及びシアニン5標識したcRNAプローブを生成した。PROポリペプチド発現の試験対象となる、骨髄腫及びプラズマ細胞等の試料を、シアニン5を使用して標識し、試験試料の発現と比較するための汎用基準（Stratagene社の細胞株プール）をシアニン3を用いて標識した。0.1 µg ~ 0.2 mgの、シアニン3及びシアニン5で標識したcRNAプローブを、インサイツハイブリダイゼーションキットPlus（Agilent）を用いてAgilent社の60塩基長オリゴヌクレオチドアレイチップにハイブリダイズした。これらのプローブをマイクロアレイにハイブリダイズした。多発性骨髄腫の分析のため、標準Agilent社推奨条件及びバッファー（Agilent）を用いて、Agilent社の全ヒトゲノムオリゴヌクレオチドマイクロアレイにプローブをハイブリダイズした。

【0154】

4 R P Mのハイブリダイゼーションロータータセット上で、cRNAプローブを60℃で17時間に亘りマイクロアレイにハイブリダイズする。洗浄後、シアニン3及びシアニン5蛍光分子（532及び633 nmレーザ線）を励起して検出することができるAgilent社のマイクロアレイスキャナを用いて、マイクロアレイをスキャンした。特徴の認識、背景のサブトラクション及び標準化を行うAgilent社の特徴抽出ソフトウェアを用いて、スキャンされたマイクロアレイ画像から60塩基長オリゴヌクレオチドアレイにおける各遺伝子のデータを抽出し、結果として得られたデータを、Rosetta社のResolver遺伝子発

現データ分析システム（Rosetta Inpharmatics, Inc.）として知られるソフトウェアパッケージにロードした。Rosetta Resolverは、強度又は割合で示す大量の遺伝子発現データの保存、検索及び分析を行うための多数の分析ツール及び関連データベースを含んでいる。

【0155】

本実施例では、マイクロアレイを用いた分析のためにB細胞及びT細胞（コントロール）を取得した。ナイーブB細胞及び記憶B細胞、並びにプラズマ細胞を単離するため、4人の健常な男性ドナーから提供されたleukopak又は複数の健常なドナーの全血からヒト末梢血単核細胞（PBMC）を分離した。MACS（Miltenyi Biotec）磁性細胞選別システム及び抗CD138ビーズを用いてCD138+プラズマ細胞をPBMCから単離した。別法として、抗CD19ビーズ及びMACS選別を用いて全CD19+B細胞を選択した。CD19+（純度約90%）の濃縮後、FACS（Moflo）選別を行って、ナイーブB細胞と記憶B細胞を分離した。試料を遠心分離することにより、選別した細胞を回収した。選別した細胞を直ちにLTRバッファー中で溶解し、QIAshredder（Qiagen）のスピニングカラムを用いて均一化し、RNeasyミニキットによりRNAを精製した。RNAの収率は0.4~10 µgであり、それは細胞数に依存していた。コントロールとして、マイクロアレイ分析のためにT細胞を単離した。Stem Cell Technologies社のCD8細胞単離キット（Rosette Separation）を用いた陰性選別により白血球層から末梢血CD8細胞を単離し、CD8細胞単離キットを用いたMACS磁性細胞選別システムにより更に精製し、CD45RO細胞（Miltenyi Biotec）を除去するためにCD45ROMイクロビーズを添加した。CD8 T細胞を3つの試料に分割し、各試料に対し次のような刺激、即ち、（1）抗CD3及び抗CD28、並びにIL-12及び抗IL4抗体、（2）サイトカイン又は中和抗体を加えない抗CD3及び抗CD29、及び（3）抗CD3及び抗CD28、並びにIL-4、IL12抗体及び抗IFN-γ抗体を与えた。刺激から48時間後、RNAを回収した。72時間後、新鮮な培地で8倍に希釈することにより細胞を拡大させた。RNAを回収してから7日後、CD8細胞を回収、洗浄し、抗CD3及び抗CD28で再度刺激した。16時間後、RNAの2回目の回収を行った。再刺激の48時間後、RNAの3回目の回収を行った。RNAは、マニュアルの指示に従ってQiagen Midi prepsを用いて、1回目のRW1洗浄ステップの後でオンカラムDNase I消化を加えて回収した。RNaseを含まない水にRNAを溶出し、その後エタノール沈降により濃縮した。ヌクレアーゼを含まない水に沈降させたRNAを採り、最終的な最小濃度を0.5 µg/µlにした。

CD4+ TヘルパーT細胞、ナチュラルキラー（NK）細胞、好中球（N'phil）、CD14+、CD16+及びCD16-単球及び樹状細胞（DC）から単離したRNAに対し、追加的コントロールマイクロアレイを行った。

【0156】

加えて、非ホジキンリンパ腫（NHL）、濾胞性リンパ腫（FL）及び多発性骨髄腫（MM）等の癌性組織から単離したRNAに対し、マイクロアレイを行った。更に、正常細胞、例えば正常なリンパ節（NLN）、正常B細胞、例えば中心芽細胞、中心細胞及び濾胞性マントル由来のB細胞、記憶B細胞、並びに正常プラズマ細胞から単離したRNAに対してマイクロアレイを実施した。これらの細胞はB細胞系由来であり、扁桃腺プラズマ細胞、骨髄プラズマ細胞（BM PC）、CD19+プラズマ細胞（CD19+ PC）、CD19-プラズマ細胞（CD19- PC）等の、骨髄腫細胞の正常な対応物である。更に、小脳、心臓、前立腺、副腎、膀胱、小腸、大腸、胎児肝臓、子宮、腎臓、胎盤、胚、膵臓、筋肉、脳、唾液腺、骨髄（髄）、血液、胸腺、扁桃腺、脾臓、精巣、及び乳腺等の正常組織に対し、マイクロアレイを実施した。

非B細胞と比べてB細胞に有意に発現するものとして下記に列挙する分子が同定された。特に、これら分子は、非B細胞、例えばT細胞と比較した場合、ナイーブB細胞、IgG A+又はIgM+である記憶B細胞、及びPBMC又は骨髄由来のプラズマ細胞に異なって発現した。従って、これら分子は、哺乳動物の腫瘍の治療の良好な標的となる。

【0157】

分子	特異的発現が見られる位置	比較対象
DNA182432 (TAHO3)	B細胞	非B細胞
DNA340394 (TAHO17)	B細胞	非B細胞
DNA56041 (TAHO18)	B細胞	非B細胞
DNA257955 (TAHO20)	B細胞	非B細胞
DNA329863 (TAHO21)	B細胞	非B細胞
DNA346528 (TAHO22)	B細胞	非B細胞

【0158】

要約

図15～19では、mRNAの有意な発現は、2より大きな割合の値として示した（図15～19の縦軸）。図15～19では、前立腺、脾臓などの非B細胞における見かけ上の発現は全て、人為的結果、リンパ球による正常組織の浸潤又は供給メーカによる試料統一性の欠如を表すと考えられる。

(1) TAHO3（ここではSPAP1及びFcRH2とも呼ぶ）は、非ホジキンリンパ腫（NHL）及び濾胞性リンパ腫（FL）及び記憶B細胞（mem B）に有意に発現した。更に、TAHO3は、血液及び脾臓に有意に発現した（図15）。しかしながら、上述のように、前立腺、脾臓、血液等の非B細胞における見かけ上の発現は、いずれも人為的結果、リンパ球による正常組織の浸潤又は供給メーカによる試料統一性の欠如を示すものと考えられる。

(2) TAHO17（ここではFcRH1とも呼ぶ）は正常B細胞（NB）、及び記憶B細胞に有意に発現した（図16）。

(3) TAHO18（ここではIRTA2とも呼ぶ）は、非ホジキンリンパ腫（NHL）に有意に発現した（図17）。

(4) TAHO20（ここではFcRH3とも呼ぶ）は、正常B細胞（NB）及び多発性骨髄腫（MM）に有意に発現した。更に、TAHO20については、大腸、胎盤、肺及び脾臓における発現が検出された（図18）。しかしながら、上述のように、前立腺、脾臓、血液、扁桃腺等の非B細胞における見かけ上の発現は、いずれも、人為的結果、リンパ球による正常組織の浸潤又は供給メーカによる試料統一性の欠如を示すものと考えられる。

(5) TAHO21（ここではIRTA1とも呼ぶ）は、非ホジキンリンパ腫（NHL）、中心細胞及び記憶B細胞（図19）に有意に発現した。

【0159】

実施例2：TAHOMRNA発現の定量分析

このアッセイでは、5'ヌクレアーゼアッセイ（例えば、TaqMan（登録商標））及びリアルタイム定量PCR（例えば、Mx3000P（登録商標）Real-Time PCRシステム（Stratagene, La Jolla, CA））を、他の一次白血球タイプ等の異なる細胞タイプと比較して、B細胞等の特定の組織型に有意に過剰発現し、更には特定の組織型の非癌性細胞と比較して特定の組織型の癌性細胞に過剰発現する遺伝子を見出すために使用した。5'ヌクレアーゼアッセイ反応は、Taq DNAポリメラーゼ酵素の5'エキソヌクレアーゼ活性を利用してリアルタイムでの遺伝子発現をモニターする蛍光PCR-ベース技術である。2つのオリゴヌクレオチドプライマー（その配列は、対象である遺伝子又はEST配列に基づく）を、PCR反応で典型的な単位複製配列を生成するために使用する。三番目のオリゴヌクレオチド、又はプローブを、2つのPCRプライマーの間に位置するヌクレオチド配列を検出するために設計する。このプローブは、Taq DNAポリメラーゼ酵素によって伸長可能ではなく、レポーター蛍光色素及びクエンチャー 蛍光色素で標識する。レポーター色素からのどんなレーザー誘導放射も、プローブ上で2つの色素が近接して位置する場合には、消光色素によって消光する。PCR増幅反応の間、Taq DNAポリメラーゼ酵素は、鋳型依存的にプローブを切断する。この結果生じるプローブ断片は溶液中で分離し、放出レポーター色素からの信号は、二番目の蛍光物質の消光効果とは無関係である。レポーター色素の1

つの分子は、各新規合成分子のために遊離され、非消光レポーター色素の検出によって、データの定量的解釈に関する根拠が提供される。

5'ヌクレアーゼ手法は、Mx3000P（登録商標）Real-Time PCRシステムのようなリアルタイム定量PCR装置で行われる。このシステムは、サーモサイクラー、石英タングステンランプ、検出用の光電子増倍管（PMT）及びコンピューターで構成される。このシステムでは、サーモサイクラー上の96-ウェルフォーマットで試料を増幅する。増幅の間、レーザー誘導蛍光信号が、すべての96ウェルの光ファイバー計測ケーブルを介してリアルタイムで集められ、CCDで検出される。このシステムには、装置を作動するため、そしてデータを分析するためのソフトウェアが含まれる。

スクリーニングのための出発材料は、種々の異なる白血球タイプ（Neturophil (Neutr)、ナチュラルキラー細胞（NK）、樹状細胞（Dend.）、単球（Mono）、T細胞（CD4+及びCD8+サブセット）、幹細胞（CD34+）、から単離したmRNA（50ng/ウェル、ラン、2通り）、並びに、ドナー多様性を試験するための、20の別々のB細胞ドナー（ドナーID：310、330、357、362、597、635、816、1012、1013、1020、1072、1074、1075、1076、1077、1086、1096、1098、1109、1112）であった。全てのRNAは購入したものであり（AllCells, LLC, Berkeley, CA）、それぞれの濃度は受領時に正確に測定した。このmRNAは、例えば蛍光定量的に、正確に定量化される。

【0160】

5'ヌクレアーゼアッセイデータは、最初にCt、又は閾値サイクルとして表される。これは、レポーター信号が蛍光のバックグラウンドレベルを超えて蓄積するサイクルとして定義される。ΔCt値は、核酸試料中の特定の標識配列の開始コピーの相対数の定量的測定として用いられる。1Ct単位は、1PCRサイクル、又は標準に対しておよそ2倍の相対増加に一致し、2単位は、4倍相対増加に一致し、3単位は8倍相対増加に一致する等々であり、2つ以上の異なる組織間のmRNA発現の相対倍数増加を定量的に測定できる。試料中のCt値が低い程、その特定遺伝子の開始コピー数は多い。検量線がアッセイに含まれている場合、各標的の相対的な量は推定可能であり、コピー数が多いと、それに比例して量も多いというようにデータを見ることができ（コピー数が多いと反対にCt値は低い）、標準化された1Ctは2倍の増加に等しいという規則に変化があるとそれを矯正する。この技術を用いて、下に列挙した分子が、特定の組織又は細胞のタイプ（同一及び異なるドナー由来）と比較して特定の組織又は細胞タイプの単一（又は限られた数）で有意に（2倍以上）過剰発現していることが同定されており、その一部はまた、特定組織又は細胞タイプの正常細胞と比較したとき、癌性細胞に有意に（すなわち2倍以上）過剰発現していることが同定されているので、哺乳動物における癌の治療にとって優れたポリペプチド標的を表す。

分子	特異的発現が見られる腫瘍	比較対象
DNA182432 (TAHO3)	B細胞	非B細胞
DNA340394 (TAHO17)	B細胞	非B細胞

【0161】

要約

精製されたB細胞又は20のB細胞ドナー（310-1112）（AllCells）由来のB細胞から単離された総RNAにおけるTAHO3及びTAHO17の発現レベル、及び平均化したもの（Avg.B）は、それぞれ複数の白血球タイプ、好中球（Neutr）、ナチュラルキラー細胞（NK）（T細胞サブセット）、樹状細胞（Dend）、単球（Mono）、CD4+T細胞、CD8+T細胞、CD34+幹細胞（データは示さない）から単離した総RNAにおけるTAHO3及びTAHO17の発現レベルと比較して有意に高かった。

従って、Ta q M a n分析により検出したところ、TAHO3及びTAHO17が、非B細胞と比較してB細胞に有意に発現したことから、これらの分子は、B細胞関連癌を含む哺乳動物の腫瘍、例えばリンパ腫（つまり非ホジキンリンパ腫）、白血病（つまり慢性リンパ性白血病）、骨髓腫（つまり多発性骨髓腫）及びその他の造血細胞癌の治療の良好

な標的である。

【0162】

実施例3：インサイツハイブリダイゼーション

インサイツハイブリダイゼーションは、細胞又は組織調製物内での核酸配列の検出及び局在化のための強力で多用途の技術である。それは、例えば、遺伝子発現部位の同定、転写物の組織分布の分析、ウイルス感染の同定と局在化、特定のmRNA合成における変化の追跡及び染色体マッピングにおける補助に有用である。

インサイツハイブリダイゼーションは、Lu及びGillett, Cell Vision 1: 169-176 (1994)のプロトコルの最適化バージョンに従って、PCR生成³³P-標識リボプローブを用いて実施される。簡単に述べると、ホルマリン固定、パラフィン包埋ヒト組織を切片化し、脱パラフィンし、プロテイナーゼK (20g/ml)で15分間37℃で脱タンパクし、さらに上掲のLu及びGillettに記載されたようにインサイツハイブリダイゼーションする。(33-P)UTP-標識アンチセンスリボプローブをPCR産物から生成し、55℃で終夜ハイブリダイゼーションする。スライドをKodak NTB2核トラックエマルジョンに浸漬して4週間露出する。

³³P-リボプローブ合成

6.0 µl (125 mCi)の³³P-UTP (Amersham BF 1002, SA<2000 Ci/mmol)をスピード真空乾燥させた。乾燥³³P-UTPを含む各管に以下の成分を添加した：

2.0 µlの5x転写バッファー

1.0 µlのDTT (100 mM)

2.0 µlのNTP混合物 (2.5 mM: 各10 µlの10 mM GTP, CTP及びATP + 10 µlのH₂O)

1.0 µlのUTP (50 µM)

1.0 µlのRNase in

1.0 µlのDNAテンプレート (1 µg)

1.0 µlのH₂O

1.0 µlのRNAポリメラーゼ (PCR産物についてT3=AS, T7=S, 通常)

管を37℃で1時間インキュベートし、1.0 µlのRQ1 DNaseを添加し、ついで37℃で15分間インキュベートした。90 µlのTE (10 mM トリス pH 7.6 / 1 mM EDTA pH 8.0)を添加し、混合物をDE81紙にピペットした。残りの溶液をMicrocon-50限外濾過ユニットに充填し、プログラム10を用いてスピンさせた (6分間)。濾過ユニットを第2の管に変換し、プログラム2を用いてスピンさせた (3分間)。最終回収スピンの後、100 µlのTEを添加した。1 µlの最終生成物をDE81紙にピペットし6 mlのBIOFLUOR IIで数えた。

プローブをTBE/尿素ゲル上で走らせた。1-3 µlのプローブ又は5 µlのRNA Mrk IIIを3 µlのローディングバッファーに添加した。加熱ブロック上で95℃に3分間加熱した後、プローブを即座に氷上に置いた。ゲルのウェルを流し、試料を充填し、180-250ボルトで45分間走らせた。ゲルをサランラップでラップし、-70℃冷凍機内で補強スクリーンを持つXARフィルムに1時間から終夜露出した。

【0163】

³³P-ハイブリダイゼーション

A. 凍結切片の前処理

スライドを冷凍機から取り出し、アルミニウムトレイに配置して室温で5分間解凍した。トレイを55℃のインキュベータに5分間配置して凝結を減らした。スライドを蒸気フード内において4%パラホルムアルデヒド中で10分間固定し、0.5xSSCで5分間室温で洗浄した (25 ml 20xSSC + 975 ml SQ H₂O)。0.5 µg/mlのプロテイナーゼ中、37℃で10分間の脱タンパクの後 (250 mlの予備加熱RNase無しRNaseバッファー中の10 mg/mlストック12.5 µl)、切片を0.5xSSCで10分間室温で洗浄した。切片を、70%、95%、100%エタノール中、各2分間脱水した。

B. パラフィン包埋切片の前処理:

スライドを脱パラフィンし、S Q H₂O中に配置し、2 x S S Cで室温において各々5分間2回リンスした。切片を20 µg/mlのプロテイナーゼK (250 mlのRNase無しRNaseバッファー中10 mg/mlを500 µl; 37°C、15分間) - ヒト胚又は8 x プロテイナーゼK (250 mlのRNaseバッファー中100 µl、37°C、30分間) - ホルマリン組織で脱タンパクした。続く0.5 x S S Cでのリンス及び脱水は上記のように実施した。

C. プレハイブリッド化:

スライドをB o x バッファー (4 x S S C、50%ホルムアミド) - 飽和濾紙で列を作ったプラスチックボックスに並べた。

D. ハイブリダイゼーション:

スライド当たり1.0 x 10⁶ c p mのプロープ及び1.0 µlのtRNA (50 mg/mlストック)を95°Cで3分間加熱した。スライドを氷上で冷却し、スライド当たり48 µlのハイブリダイゼーションバッファーを添加した。ボルテックスの後、50 µlの³³P混合物をスライド上のプレハイブリダイゼーション50 µlに添加した。スライドを55°Cで終夜インキュベートした。

E. 洗浄:

洗浄は、2 x S S C、E D T Aで室温で10分間、2回実施し (400 mlの20 x S S C + 16 mlの0.25 M E D T A、V_f = 4 L)、次いでRNase A処理を37°Cで30分間行った (250 ml RNase バッファー中10 mg/mlを500 µl = 20 µg/ml)。スライドを2 x 10分間、2 x S S C E D T Aで室温において洗浄した。ストリンジェントな洗浄条件は次の通り: 55°Cで2時間、0.1 x S S C、E D T A (20 mlの20 x S S C + 16 mlのE D T A、V_f = 4 L)。

【0164】

F. オリゴヌクレオチド

ここに開示した様々なDNA配列についてインサイツ分析を実施した。これらの分析に対して用いたオリゴヌクレオチドは添付図に示した核酸 (又はその相補鎖) に相補的であるように得られた。

(2) DNA 257955 (TAHO20)

p 1 5'-TCAGCACGTGGATTCGAGTCA-3' (配列番号15)

p 2 5'-GTGAGGACGGGGCGAGAC-3' (配列番号16)

G. 結果

ここに開示した様々なDNA配列についてインサイツ分析を実施した。これらの分析からの結果は次の通りである:

(1) DNA 257955 (TAHO20)

良性及び腫瘍性リンパ細胞に発現が観察された。特に、正常組織では、胚中心、マントル帯及び周辺帯、並びに脾臓の白色髄組織といったB細胞領域に発現が観察された。このデータは、造血性腫瘍、特にB細胞腫瘍におけるこの分子の潜在的役割と一致する。

【0165】

実施例4: TAHOのハイブリダイゼーションプローブとしての使用

以下の方法は、TAHOをコードするヌクレオチド配列のハイブリダイゼーションプローブとして、すなわち哺乳類におけるTAHOの存在を検出するための使用を記載する。

ここに開示した完全長又は成熟TAHOのコード化配列を含んでなるDNAを、ヒト組織cDNAライブラリー又はヒト組織ゲノムライブラリーにおける相同的なDNA (例えば、TAHOの天然に生じる変異体をコードするもの) のスクリーニングのためのプローブとしてもまた用いられる。

いずれかのライブラリーDNAを含むフィルターのハイブリダイゼーション及び洗浄は、以下の高ストリンジェント条件で実施した。放射標識TAHO誘導プローブのフィルターへのハイブリダイゼーションは、50%ホルムアルデヒド、5 x S S C、0.1% S D S、0.1%ピロリン酸ナトリウム、50 mMリン酸ナトリウム、pH 6.8、2 x デン

ハルト溶液、及び10%硫酸デキストランの溶液中で、42℃において20時間行った。フィルターの洗浄は、0.1×SSC及び0.1%SDSの水溶液中、42℃で行った。

ついで、完全長天然配列TAHOをコードするDNAと所望の配列同一性を有するDNAは、この分野で知られた標準的な方法を用いて同定できる。

【0166】

実施例5：大腸菌中でのTAHOの発現

この実施例は、大腸菌中での組換え発現によるTAHOの非グリコシル化形態の調製を例証する。

TAHOをコードするDNA配列は、選択されたPCRプライマーを用いて最初に増幅した。プライマーは、選択された発現ベクターの制限酵素部位に対応する制限酵素部位を持たなければならない。種々の発現ベクターが用いられる。好適なベクターの例は、pBR322（大腸菌由来のもの；Bolivar等，Gene，2:95（1977）参照）であり、アンピシリン及びテトラサイクリン耐性についての遺伝子を含む。ベクターは、制限酵素で消化され、脱リン酸化される。PCR増幅した配列は、次いで、ベクターに結合させる。ベクターは、好ましくは抗生物質耐性遺伝子、trpプロモーター、ポリ-Hisリーダー（最初の6つのSTIIコドン、ポリ-His配列、及びエンテロキナーゼ切断部位を含む）、TAHOコードする領域、ラムダ転写ターミネーター、及びargU遺伝子を含む。

ライゲーション混合物は、ついで、上掲のSambrook等に記載された方法を用いて選択した大腸菌の形質転換に使用される。形質転換体は、それらのLBプレートで増殖する能力により同定され、次いで抗生物質耐性クローンが選択される。プラスミドDNAが単離され、制限分析及びDNA配列で確認される。

選択されたクローンは、抗生物質を添加したLBブロスなどの液体培地で終夜増殖させることができる。終夜培地は、続いて大規模培地の播種に用いられる。次に細胞を所望の光学密度まで増殖させ、その間に発現プロモーターが作動する。

さらに数時間の細胞培養の後、遠心分離による集菌が可能である。遠心分離で得られた細胞ペレットは、この分野で知られた種々の試薬を用いて可溶化され、次いで可溶化TAHOタンパク質を、タンパク質が強く結合する条件下で金属キレート化カラムを用いて精製した。

【0167】

以下の手法を用いて、ポリ-His（ポリ-ヒス）タグ形態でTAHOを大腸菌で発現させてもよい。TAHOをコードするDNAを選択したPCRプライマーを用いて最初に増幅した。プライマーは、選択された発現ベクターの制限酵素部位に対応する制限酵素部位、及び効率的で信頼性のある翻訳開始、金属キレートカラムでの迅速な精製、及びエンテロキナーゼでのタンパク質分解的除去を与える他の有用な配列を含む。次いでPCR増幅された、ポリ-Hisタグ配列を発現ベクターに結合させ、それを株52（W3110 fuhA(tonA) lon galE rpoHts(htpRts) clpP(lacIq)）に基づく大腸菌宿主の形質転換に使用した。形質転換体は、最初に50mg/mlのカルベニシリンを含有するLB中、30℃で振盪しながら3-5のOD₆₀₀に達するまで増殖させた。ついで培地をCRAP培地（3.57gの(NH₄)₂SO₄、0.71gのクエン酸ナトリウム・2H₂O、1.07gのKCl、5.36gのDifco酵母抽出物、500mL水中の5.36gのSheffield hycase SF、並びに110mMのMPO₃、pH7.3、0.55%（w/v）のグルコース及び7mMのMgSO₄の混合で調製）中に50-100倍希釈し、30℃で振盪させながら約20-30時間増殖させた。試料を取り出してSDS-PAGE分析により発現を確認し、バルク培地を遠心分離して細胞のペレットとした。細胞ペレットを精製及びリフォールディングまで凍結させた。

0.5から1Lの発酵（6-10gペレット）からの大腸菌ペーストを、7Mのグアニジン、20mMのトリス、pH8バッファー中で10容量（w/v）で再懸濁させた。固体硫酸ナトリウム及びテトラチオン酸ナトリウムを添加して最終濃度を各々0.1M及び0.02Mとし、溶液を4℃で終夜攪拌した。この工程により、すべてのシステイン残基が亜硫酸化によりブロックされた変性タンパク質がもたらされた。溶液をBeckman Ultracen

trifuge中で40,000rpmで30分間濃縮した。上清を金属キレートカラムバッファ(6Mのグアニジン、20mMのトリス、pH7.4)の3-5容量で希釈し、0.22ミクロンフィルターを通して濾過して透明化した。透明化抽出物を、金属キレートカラムバッファで平衡化させた5mlのQiagen Ni-NTA金属キレートカラムに充填した。カラムを50mMのイミダゾール(Calbiochem, Utrol grade)を含む添加バッファ、pH7.4で洗浄した。タンパク質を250mMのイミダゾールを含有するバッファで溶離した。所望のタンパク質を含有する画分をプールし、4℃で保存した。タンパク質濃度は、そのアミノ酸配列に基づいて計算した吸光係数を用いて280nmにおけるその吸収により見積もった。

【0168】

試料を、20mMのトリス、pH8.6、0.3MのNaCl、2.5Mの尿素、5mMのシステイン、20mMのグリシン及び1mMのEDTAからなる新たに調製した再生バッファ中に徐々に希釈することによりタンパク質を再生させた。リフォールディング容量は、最終的なタンパク質濃度が50~100マイクログラム/mlとなるように選択した。リフォールディング溶液を4℃で12-36時間ゆっくり攪拌した。リフォールディング反応はTFAを最終濃度0.4%(約3のpH)で添加することにより停止させた。タンパク質をさらに精製する前に、溶液を0.22ミクロンフィルターを通して濾過し、アセトニトリルを最終濃度2-10%で添加した。再生したタンパク質を、Poros R1/H逆相カラムで、0.1%TFAの移動バッファと10~80%のアセトニトリル勾配での溶離を用いてクロマトグラフにかけた。A280吸収を持つ画分の一定分量をSDSポリアクリルアミドゲルで分析し、相同な再生タンパク質を含有する画分をプールした。一般的に、殆どの正しく再生したタンパク質種は、これらの種が最も緻密であり、その疎水性内面が逆相樹脂との相互作用から遮蔽されているので、アセトニトリルの最低濃度で溶離される。凝集した種は通常、より高いアセトニトリル濃度で溶離される。誤って再生したタンパク質を所望の形態から除くのに加えて、逆相工程は試料からエンドトキシンも除去する。

所望の折り畳みTAHOポリペプチドを含有する画分をプールし、弱い窒素流を溶液に向けながらアセトニトリルを除去した。透析又は調製バッファで平衡化したG25Superfine(Pharmacia)樹脂でのゲル濾過及び滅菌濾過により、0.14Mの塩化ナトリウム及び4%のマニトールを含む20mMのHepes、pH6.8にタンパク質を調製した。

ここで記載されるTAHOポリペプチドのあるものは、この方法を使用して成功裏に発現させ精製した。

【0169】

実施例6：哺乳動物細胞中でのTAHOの発現

この実施例は、哺乳動物細胞における組み換え発現によるTAHOの潜在的なグリコシル化形態の調製を例示する。

発現ベクターとしてpRK5(1989年3月15日発行のEP307247を参照のこと)を用いた。場合によっては、TAHODNAを選択した制限酵素を持つpRK5に結合させ、上掲のSambrook等に記載されたようなライゲーション方法を用いてTAHODNAを挿入させる。得られたベクターは、各々pRK5-TAHOと呼ばれる。

一実施態様では、選択された宿主細胞は293細胞とすることができる。ヒト293細胞(ATCC CCL 1573)は、ウシ胎児血清及び場合によっては栄養成分及び/又は抗生物質を添加したDMEMなどの媒質中で組織培養プレートにおいて増殖させて集密化した。約10µgのpRK5-TAHO DNAを、VARNADNA遺伝子をコードする約1µgのDNAと混合し[Thimmappaya等, Cell, 31:543(1982)]、500µlの1mMトリス-HCl、0.1mMEDTA、0.227M CaCl_2 に溶解させた。この混合物に、500µlの50mM HEPES(pH7.35)、280mMのNaCl、1.5mMの NaPO_4 を滴下添加し、25℃で10分間沈殿物を形成させた。沈殿物を懸濁し、293細胞に加えて37℃で約4時間定着させた。培養培地を吸引し、2mlのPBS中20%グリセロールを30秒間添加した。293細胞は、次いで無血清培地で洗浄し、新鮮な

培地を添加し、細胞を約5日間インキュベートした。

形質移入の約24時間後、培養培地を除去し、培養培地（単独）又は $200\mu\text{Ci}/\text{ml}$ ^{35}S -システイン及び $200\mu\text{Ci}/\text{ml}$ ^{35}S -メチオニンを含む培養培地で置換した。12時間のインキュベーションの後、条件培地を回収し、スピンフィルターで濃縮し、15%SDSゲルに添加した。処理したゲルを乾燥させ、TAHOポリペプチドの存在を現すとして選択された時間にわたってフィルムにさらした。形質転換した細胞を含む培地は、更なるインキュベーションを施し（無血清培地で）、培地を選択されたバイオアッセイで試験した。

【0170】

これに換わる技術において、TAHOは、Somparyrac等, Proc. Natl. Acad. Sci., 12:7575 (1981)に記載された硫酸デキストラン法を用いて293細胞に一過的に導入される。293細胞は、スピナーフラスコ内で最大密度まで増殖させ、 $700\mu\text{g}$ のpRK5-TAHO DNAを添加する。細胞は、まずスピナーフラスコから遠心分離によって濃縮し、PBSで洗浄した。DNA-デキストラン沈殿物を細胞ペレット上で4時間インキュベートした。細胞を20%グリセロールで90秒間処理し、組織培養培地で洗浄し、組織培養培地、 $5\mu\text{g}/\text{ml}$ ウシインシュリン及び $0.1\mu\text{g}/\text{ml}$ ウシトランスフェリンを含むスピナーフラスコに再度導入した。約4日後に、条件培地を遠心分離して濾過し、細胞及び細胞片を除去した。次いで発現されたTAHOを含む試料を濃縮し、透析及び／又はカラムクロマトグラフィー等の選択した方法によって精製した。

他の実施態様では、TAHOをCHO細胞で発現させることができる。pRK5-TAHOは、 CaPO_4 又はDEAE-デキストランなどの公知の試薬を用いてCHO細胞に形質移入することができる。上記したように、細胞培地をインキュベートし、培地を培養培地（単独）又は ^{35}S -メチオニン等の放射性標識を含む培地に置換することができる。TAHOポリペプチドの存在を判定した後、培養培地を無血清培地に置換してもよい。好ましくは、培地を約6日間インキュベートし、ついで条件培地を収集する。ついで、発現されたTAHOを含む培地を濃縮して、任意の選択した方法によって精製することができる。

【0171】

また、エピトープタグTAHOは、宿主CHO細胞において発現させてもよい。TAHOは、pRK5ベクターからサブクロニングした。サブクローン挿入物は、ついで、PCRを施してバキュロウイルス発現ベクター中のポリ-Hisタグ等の選択されたエピトープタグを持つ枠に融合できる。ポリ-HisタグTAHO挿入物は、ついで、安定なクローンの選択のためのDHFR等の選択マーカーを含むSV40誘導ベクターにサブクロニングできる。最後に、CHO細胞をSV40誘導ベクターで（上記のように）形質移入した。発現を確認するために、上記のように標識化を行ってもよい。発現されたポリ-HisタグTAHOを含む培養培地は、次いで濃縮し、 Ni^{2+} -キレートアフィニティクロマトグラフィー等の選択された方法により精製できる。

また、TAHOは、一過性発現法によって、CHO及び／又はCOS細胞中で、あるいは他の安定な発現法によってCHO細胞中で発現させることもできる。

CHO細胞における安定な発現は、以下の方法を用いて実施することが可能である。タンパク質を、各タンパク質の可溶形態のコード化配列（例えば、細胞外ドメイン）がヒンジ、CH2及びCH2ドメインを含むIgG1定常領域配列に融合したIgG作成物（イムノアドヘシン）及び／又はポリ-Hisタグ形態として発現する。

【0172】

PCR増幅に続いて、それぞれのDNAを、Ausubel等, Current Protocols of Molecular Biology, Unit 3.16, John Wiley and Sons (1997)に記載されたような標準的技術を用いてCHO発現ベクターにサブクロニングした。CHO発現ベクターは、対象とするDNAの5'及び3'に適合する制限部位を有し、cDNAの便利なシャトル化(Shuttling)ができるように作製される。ベクターは、Lucas等, Nucl. Acids Res. 24: 9, 1774-1779 (1996)に記載されたようにCHO細胞での発現を用い、対象とするcDNA及

びジヒドロフォレートレダクターゼ (DHFR) の発現の制御にSV40初期プロモーター／エンハンサーを用いる。DHFR発現は、形質移入に続くプラスミドの安定な維持のための選択を可能にする。

所望のプラスミドDNAの12マイクログラムを、市販の形質移入試薬Superfect(登録商標)(Quiagen)、Dasper(登録商標)及びFugene(登録商標)(Boehringer Mannheim)を用いて約一千万のCHO細胞に導入した。細胞は、上掲のLucas等に記載されているように増殖させた。約 3×10^7 細胞を、下記のような更なる増殖及び生産のためにアンプル中で凍結させた。

【0173】

プラスミドDNAを含むアンプルを水槽に配して解凍し、ボルテックスにより混合した。内容物を10mLの媒質を含む遠心管にピペットして、1000rpmで5分間遠心分離した。上清を吸引して細胞を10mLの選択培地(0.2 μ m濾過PS20、5%の0.2 μ m透析濾過ウシ胎児血清を添加)中に懸濁させた。次いで細胞を90mLの選択培地を含む100mLスピナーに分けた。1-2日後、細胞を150mLの選択増殖培地を満たした250mLスピナーに移し、37℃でインキュベートした。さらに2-3日後、250mL、500mL及び2000mLのスピナーを 3×10^5 細胞/mLで播種した。細胞培地を遠心分離により新鮮培地に交換し、生産培地に再懸濁させた。任意の適切なCHO培地を用いてもよいが、実際には1992年6月16日に発行された米国特許第5122469号に記載された生産培地を使用した。3Lの生産スピナーを 1.2×10^6 細胞/mLで播種した。0日目に、細胞数とpHを測定した。1日目に、スピナーをサンプリングし、濾過空気での散布を実施した。2日目に、スピナーをサンプリングし、温度を33℃に変え、500g/Lのグルコース及び0.6mLの10%消泡剤(例えば35%ポリジメチルシロキサンエマルション、Dow Corning 365 Medical Grade Emulsion)の30mLとした。生産を通して、pHは7.2近傍に調節し維持した。10日後、又は生存率が70%を下回るまで、細胞培地を遠心分離で回収して0.22 μ mフィルターを通して濾過した。濾過物は、4℃で貯蔵するか、即座に精製用カラムに充填した。

ポリ-Hisタグ作成物について、タンパク質はNi-NTAカラム(Qiagen)を用いて精製した。精製の前に、イミダゾールを条件培地に5mMの濃度まで添加した。条件培地を、0.3MのNaCl及び5mMイミダゾールを含む20mMのHepes、pH7.4バッファーで平衡化した6mLのNi-NTAカラムに4-5mL/分の流速で4℃においてポンプ供給した。充填後、カラムをさらに平衡バッファーで洗浄し、タンパク質を0.25Mイミダゾールを含む平衡バッファーで溶離した。高度に精製されたタンパク質は、続いて10mMのHepes、0.14MのNaCl及び4%のマニトール、pH6.8を含む貯蔵バッファー中で25mLのG25 Superfine(Pharmacia)カラムを用いて脱塩し、-80℃で貯蔵した。

【0174】

イムノアドヘシン(Fc含有)作成物を以下のようにして条件培地から精製した。条件培地を、20mMのリン酸ナトリウムバッファー、pH6.8で平衡化した5mLのプロテインAカラム(Pharmacia)にポンプ供給した。充填後、カラムを平衡バッファーで強く洗浄した後、100mMのクエン酸、pH3.5で溶離した。溶離したタンパク質は、1mLの画分を275 μ Lの1Mトリスバッファー、pH9を含む管に回収することにより即座に中性化した。高度に精製されたタンパク質は、続いてポリ-Hisタグタンパク質について上記した貯蔵バッファー中で脱塩した。均一性はSDSポリアクリルアミドゲルで試験し、エドマン(Edman)分解によりN末端アミノ酸配列決定した。

ここに開示されるTAHOポリペプチドのあるものは、この方法を使用して成功裏に発現させ精製した。

【0175】

実施例7：酵母中でのTAHOの発現

以下の方法は、酵母中でのTAHOの組換え発現を記述する。

第1に、ADH2/GAPDHプロモーターからのTAHOの細胞内生産又は分泌のた

めの酵母菌発現ベクターを作成する。T A H OをコードするD N A及びプロモーターを選択したプラスミドの適当な制限酵素部位に挿入してT A H Oの細胞内発現を指示する。分泌のために、T A H OをコードするD N Aを選択したプラスミドに、A D H 2 / G A P D HプロモーターをコードするD N A、天然T A H Oシグナルペプチド又は他の哺乳動物シグナルペプチド、又は、例えば酵母菌アルファ因子又は転化酵素分泌シグナル／リーダー配列、及び（必要ならば）T A H Oの発現のためのリンカー配列と共にクローニングすることができる。

酵母菌株A B 1 1 0等の酵母菌は、ついで上記の発現プラスミドで形質転換し、選択された発酵培地中で培養できる。形質転換した酵母菌上清は、1 0 %トリクロロ酢酸での沈降及びS D S - P A G Eによる分離で分析し、次いでクマシーブルー染色でゲルの染色をすることができる。

続いて組換えT A H Oは、発酵培地から遠心分離により酵母菌細胞を除去し、次いで選択されたカートリッジフィルターを用いて培地を濃縮することによって単離及び精製できる。T A H Oを含む濃縮物は、選択されたカラムクロマトグラフィー樹脂を用いてさらに精製してもよい。

ここに開示されるT A H Oポリペプチドのあるものは、この方法を使用して成功裏に発現させ精製した。

【0176】

実施例8：バキュロウイルス感染昆虫細胞中でのT A H Oの発現

以下の方法は、バキュロウイルス感染昆虫細胞中におけるT A H Oの組換え発現を示す。

T A H Oをコードする配列を、バキュロウイルス発現ベクターに含まれるエピトープタグの上流に融合させた。このようなエピトープタグは、ポリ-H i s タグ及び免疫グロブリンタグ（I g GのF c領域など）を含む。p V L 1 3 9 3（Navagen）などの市販されているプラスミドから誘導されるプラスミドを含む種々のプラスミドを用いることができる。簡単に述べると、T A H Oコード化配列、又はT A H Oのコード化配列の所望する部分、例えば膜貫通タンパク質の細胞外ドメインをコードする配列又はタンパク質が細胞外である場合の成熟タンパク質をコードする配列が、5'及び3'領域に相補的なプライマーでのP C Rにより増幅される。5'プライマーは、隣接する（選択された）制限酵素部位を包含していてもよい。生産物は、ついで、選択された制限酵素で消化され、発現ベクターにサブクローニングされる。

組換えバキュロウイルスは、上記のプラスミド及びBaculoGold^{T M} ウイルスD N A（Pharmlingen）を、Spodoptera frugiperda（「S f 9」）細胞（A T C C C R L 1 7 1 1）中にリポフェクチン（GIBCO-BRLから市販）を用いて同時形質移入することにより作成される。2 8 °Cで4－5日インキュベートした後、放出されたウイルスを回収し、更なる増幅に用いた。ウイルス感染及びタンパク質発現は、O'Reilley等、Baculovirus expression vectors: A Laboratory Manual, Oxford: Oxford University Press (1994)に記載されているように実施した。

【0177】

次に、発現されたポリ-H i s タグT A H Oは、例えばN i ²⁺ -キレートアフィニティクロマトグラフィーにより次のように精製される。抽出は、Rupert等、Nature, 362: 175-179 (1993)に記載されているように、ウイルス感染した組み換えS f 9細胞から調製した。簡単には、S f 9細胞を洗浄し、超音波処理用バッファー（2 5 m MのHepes、p H 7. 9；1 2. 5 m MのM g C l ₂；0. 1 m MのE D T A；1 0 %グリセロール；0. 1 %のN P - 4 0；0. 4 MのK C l）中に再懸濁し、氷上で2回20秒間超音波処理した。超音波処理物を遠心分離で透明化し、上清をローディングバッファー（5 0 m Mリン酸塩、3 0 0 m MのN a C l、1 0 %グリセロール、p H 7. 8）で50倍希釈し、0. 4 5 µmフィルターで濾過した。N i ²⁺ -N T Aアガロースカラム（Qiagenから市販）を5 m Lの総容積で調製し、2 5 m Lの水で洗浄し、2 5 m Lのローディングバッファーで平衡させた。濾過した細胞抽出物は、毎分0. 5 m Lでカラムに充填した。カラム

を、分画回収が始まる点である A_{280} のベースラインまでローディングバッファーで洗浄した。次に、カラムを、結合タンパク質を非特異的に溶離する二次洗浄バッファー（50 mM リン酸塩；300 mM の $NaCl$ 、10% グリセロール、 $pH 6.0$ ）で洗浄した。 A_{280} のベースラインに再度到達した後、カラムを二次洗浄バッファー中で 0 から 500 mM イミダゾール勾配で展開した。1 mL の分画を回収し、SDS-PAGE 及び銀染色又はアルカリホスファターゼ（Qiagen）に複合した Ni^{2+} -NTA でのウェスタンブロットで分析した。溶離した His_{10} -タグ T A H O を含む画分をプールしてローディングバッファーで透析した。

あるいは、IgG タグ（又はFc タグ）T A H O の精製は、例えば、プロテイン A 又はプロテイン G カラムクロマトグラフィーを含む公知のクロマトグラフィー技術を用いて実施できる。

ここに開示される T A H O ポリペプチドのあるものは、この方法を使用して成功裏に発現させ精製した。

【0178】

実施例 9：T A H O に結合する抗体の調製

この実施例は、T A H O に特異的に結合できるモノクローナル抗体の調製を例示する。

モノクローナル抗体の生産のための技術は、この分野で知られており、例えば、上掲の Goding に記載されている。使用することができる免疫原には、精製 T A H O、T A H O を含む融合タンパク質、及び細胞表面上に組換え T A H O を発現する細胞が含まれる。免疫原の選択は、当業者が過度の実験をすることなくすることができる。

B a l b / c 等のマウスを、完全フロイントアジュバントに乳化して皮下又は腹腔内に 1-100 マイクログラムで注入した T A H O 免疫原で免疫化する。あるいは、免疫原を M P L - T D M アジュバント（Ribi Immunochemical Research, Hamilton, MT）に乳化し、動物の後足蹠に注入してもよい。免疫化したマウスは、次いで 10 から 12 日後に、選択したアジュバント中に乳化した付加的免疫源で追加免疫する。その後、数週間、マウスをさらなる免疫化注射で追加免疫する。抗 T A H O 抗体の検出のための E L I S A アッセイで試験するために、レトロオービタル出血からの血清試料をマウスから周期的に採取してもよい。

適当な抗体力価が検出された後、抗体に「ポジティブ（陽性）」な動物に、免疫原の静脈内注射の最後の注入をすることができる。3 から 4 日後、マウスを屠殺し、脾臓細胞を取り出した。次いで脾臓細胞を（35% ポリエチレングリコールを用いて）、A T C C から番号 C R L 1 5 9 7 で入手可能な P 3 X 6 3 A g U . 1 等の選択されたマウス骨髄腫株化細胞に融合させた。融合によりハイブリドーマ細胞が生成され、次いで、H A T（ヒポキサンチン、アミノプテリン、及びチミジン）培地を含む 96 ウェル組織培養プレートに蒔き、非融合細胞、骨髄腫ハイブリッド、及び脾臓細胞ハイブリッドの増殖を阻害した。

【0179】

ハイブリドーマ細胞は、免疫原に対する反応性についての E L I S A でスクリーニングされる。免疫原に対する所望のモノクローナル抗体を分泌する「ポジティブ（陽性）」ハイブリドーマ細胞の決定は、技術常識の範囲内である。

陽性ハイブリドーマ細胞を同系の B a l b / c マウスに腹腔内注入し、抗 T A H O モノクローナル抗体を含む腹水を生成させる。あるいは、ハイブリドーマ細胞を、組織培養フラスコ又はローラーボトルで増殖させることもできる。腹水中に生成されたモノクローナル抗体の精製は、硫酸アンモニウム沈降、それに続くゲル排除クロマトグラフィーを用いて行うことができる。あるいは、抗体のプロテイン A 又はプロテイン G への親和性に基づくアフィニティクロマトグラフィーを用いることもできる。

この技術を用いて、本明細書に記載した T A H O ポリペプチドの一部を目的とする抗体を成功裏に生成することができる。具体的には、T A H O タンパク質を認識してそれに結合できる（標準 E L I S A、F A C S 分析及び／又は免疫組織学的分析により測定）機能的モノクローナル抗体を、本明細書に記載する以下の T A H O タンパク質、即ち、T A H O 3（D N A 1 8 2 4 3 2）、T A H O 1 7（D N A 3 4 0 3 9 4）、T A H O 1 8（D

NA56041)、TAHO20(DNA257955)、TAHO21(DNA329863)及びTAHO22(DNA346528)に対して成功裏に生成できる。

本明細書に開示するTAHOポリペプチドを目的とするモノクローナル抗体の調製に加えて、(インビトロ及びインビボの両方で)対象のTAHOポリペプチドを発現する細胞(又は組織)へ細胞毒素を方向付けるのに使用される細胞毒素に、多数のモノクローナル抗体を成功裏に抱合されたことができる。例えば、毒素(例えばDM1)誘導体化モノクローナル抗体は、以下のTAHOポリペプチド、即ち、TAHO3(DNA182432)、TAHO17(DNA340394)、TAHO18(DNA56041)、TAHO20(DNA257955)、TAHO21(DNA329863)及びTAHO22(DNA346528)に対して成功裏に生成することができる。

【0180】

FcRH/IRTA(TAHO3、TAHO17、TAHO18、TAHO20、TAHO21)安定細胞株の生成

FcRH抗体のスクリーニング用の細胞株を作成するために、タグ付き及びタグ無しのFcRH/IRTAを安定して発現しているSVT2マウス線維芽細胞系を生成した。FcRH/IRTA cDNAは、脾臓細胞ライブラリーからPCR増幅し、TA(Invitrogen)をpCR4にクローニングした。タグの付いていない発現コンストラクトを作成するために、PCRを用いて制限部位を加え、PCR産物を消化してベクターに連結することにより、オープンリーディングフレーム(ORF)を哺乳動物の発現ベクターpCMV.PD.nbeにクローニングした。N末端のタグを付した発現コンストラクトは、シグナル配列無しのFcRH/IRTA ORF増幅、及びgDタグ及びシグナル配列(MGGTAARLGAVILFVVIVGHGVRGKYALADASLKMAADPNRFRGKDLPLDQLL)(配列番号17)を含むpMSCVneo(Clonetech)へのPCR産物の連結により作成した。各FcRH/IRTAについて2の安定細胞株を確立し、FACS特異的反応性及びFcRH/IRTA間の交差反応性のためのモノクローナル抗体のスクリーニングに使用した。標準リポフェクタミン2000(Invitrogen: Carlsbad, CA)プロトコルにより、gDでタグを付けた発現ベクターと、タグを付けない発現ベクターとを、SVT2(高ブドウ糖 DMEM +10% FBS +2mM Lグルタミン細胞中で増殖させたもの)に形質移入した。gDでタグを付けた形質移入体を0.5mg/mlのジェネテシン(Invitrogen; Carlsbad, CA)選択に一週間付し、次いで単一細胞FACSをgDタグ特異的モノクローナル抗体(gD:952、ジェネテック; South San Francisco)で選別し、最も多く発現するクローンを得た。タグの無い形質移入体に対し、目視できるコロニーが成長するまで5.0ug/mlのピューロマイシン(Calbiochem; La Jolla, CA)選択を行った。各コロニーのRNAを標準Trizola(Invitrogen; Carlsbad, CA)プロトコルにより単離し、TaqMana(ABI; Foster City, CA)を実施して、最も多く生成するクローンを決定した。

【0181】

FcRH/IRTA(TAHO3、TAHO17、TAHO18、TAHO20、TAHO21)に対するモノクローナル抗体の生成

CHO細胞へのFcRH/IRTAのHisでタグを付けた細胞外ドメイン(ECD)を発現するベクターを過渡的に形質移入することにより、マウスの免疫化用のタンパク質を生成した。形質移入した細胞の上清からニッケルカラムにてタンパク質を精製し、タンパク質の同一性をN末端配列決定により確認した。

10のBalb/cマウス(Charles River Laboratories/Hollister, CA)又は20のXenomicea(Abgenix/Fremont, CA)を、Ribiaジュバント(Ribia Immunochem Research, Inc./Hamilton, MO)中においてポリヒスチジンでタグを付けた(HIS6)組換えタンパク質を用いて過剰免疫化した。直接的ELISAで免疫原に対して強い抗体力価を示すマウス由来のB細胞、及びFACSで対象のFcRHを安定的に発現するSVT2マウス線

維芽細胞に特異的に結合するB細胞を、前述（Kohler及びMilstein, 1975; Hongo等、1995）に類似の修正プロトコルを使用してマウス骨髄腫細胞（X 6 3 . A g 8 . 6 5 3 ; アメリカン・タイプ・カルチャー・コレクション／Rockville, MD）に融合した。10～12日後、上清を回収し、直接E L I S A及びF A C Sにより抗体精製と結合についてスクリーニングした。限界希釈によるサブクローニングを2回行った後で最も高い免疫結合を示す陽性のクローンを播種して培養し、F c R H、-2、-3、-4、及び-5特異性及び交差反応性を含むさらなる特徴付けを行った。各ハイブリドーマ系統から回収した上清を、前述（Hongo等、1995）に類似の修正プロトコルを用いて親和性クロマトグラフィー（Pharmacia fast protein液体クロマトグラフィー〔FPLC〕； Pharmacia/Uppsala, Sweden）により精製した。次いで精製された抗体調整物を無菌濾過（孔サイズ0.2 μm、Nalgene／Rochester, NY）し、リン酸緩衝食塩水（PBS）中において4℃で保存した。

【0182】

（標準E L I S A、F A C S選別分析及び／又は免疫組織化学分析により測定した場合）T A H Oタンパク質を認識し、T A H Oタンパク質に結合可能なモノクローナル抗体が、T A H O 3（F c R H 2／I R T A 4）、T A H O 1 7（F c R H 1／I R T A 5）、T A H O 1 8（F c R H 5／I R T A 2）、T A H O 2 0（F c R H A 3／I R T A 3）及びT A H O 2 1（F c R H 4／I R T A 1）に対して成功裏に精製され、それぞれ抗F c R H 2-7 G 7（ここでは7 G 7又は7 G 7 . 7 . 8と呼ぶ）、抗F c R H 1-1 F 9（ここでは1 F 9又は1 F 9 . 1 . 1と呼ぶ）、抗F c R H 1-2 A 1 0（ここでは2 A 1 0又は2 A 1 0 . 1 . 1と呼ぶ）、抗F c R H 5-7 D 1 1（ここでは7 D 1 1又は7 D 1 1 . 1 . 1と呼ぶ）、抗F c R H 3-6 F 2（ここでは6 F 2又は6 F 2 . 1 . 1と呼ぶ）、及び抗F c R H 4-1 A 3（ここでは1 A 3又は1 A 3 . 1 . 1と呼ぶ）と命名され、P T A-6 3 3 6（7 G 7 . 7 . 8）、P T A-6 3 3 2（1 F 9 . a . a）、P T A-6 3 3 3（2 A 1 0 . 1 . 1）、P T A-6 3 4 0（7 D 1 1 . 1 . 1）、P T A-6 3 3 7（6 F 2 . 1 . 1）及びP T A-6 3 3 9（1 A 3 . 1 . 1）として2004年11月30日にA T C Cに寄託された。

更に、交差抗体である抗F c R H 1、2-1 D 6（ここでは1 D 6又は1 D 6 . 3 . 8と呼ぶ）は、F c R H 2抗原を用いて生成されたものであるが、F c R H 1抗原だけでなくF c R H 2抗原にも反応する。この抗体を2004年11月30日にA T C CにP T A-6 3 3 4として寄託した。1 D 6抗体をクローニングし、図13に示す重鎖の配列（配列番号13）及び図14に示す軽鎖の配列（配列番号14）によって配列決定した。交差抗体である抗F c R H 1、2、3-7 A 2（ここでは7 A 2 . 4 . 1と呼ぶ）は、F c R H 2抗原を用いて精製されているが、F c R H 1、F c R H 2、及びF c R H 3抗原に反応する。この抗体を2004年11月30日にA T C CにP T A-6 3 3 5として寄託した。交差抗体である抗F c R H 1、2、3、5-7 E 4（ここでは7 E 4又は7 E 4 . 1 . 1と呼ぶ）は、F c R H 3抗原を用いて精製されたものであるが、F c R H 1、F c R H 2、F c R H 3及びF c R H 5抗原に反応し、それぞれ2004年11月30日にA T C CにP T A-6 3 3 8として寄託された。

【0183】

実施例10：特異的抗体を用いたT A H Oポリペプチドの精製

天然又は組換えT A H Oポリペプチドは、この分野の種々の標準的なタンパク質精製方法によって精製できる。例えば、プロ-T A H Oポリペプチド、成熟ポリペプチド、又はプレ-T A H Oポリペプチドは、対象のT A H Oポリペプチドに特異的な抗体を用いた免疫親和性クロマトグラフィーによって精製される。一般に、免疫親和性カラムは抗T A H Oポリペプチド抗体を活性化クロマトグラフィー樹脂に共有結合させて作成される。

ポリクローナル免疫グロブリンは、硫酸アンモニウムでの沈殿又は固定化プロテインA（Pharmacia LKB Biotechnology, Piscataway, N.J.）での精製のいずれかにより免疫血清から調製される。同様に、モノクローナル抗体は、硫酸アンモニウム沈殿又は固定化プロテインAでのクロマトグラフィーによりマウス腹水液から調製される。部分的に精製され

た免疫グロブリンは、C n B r -活性化セファロースTM(Pharmacia LKB Biotechnology)等のクロマトグラフィー樹脂に共有結合される。抗体が樹脂に結合され、樹脂がブロックされ、誘導体樹脂は製造者の指示に従って洗浄される。

このような免疫親和性カラムは、可溶化形態のT A H Oポリペプチドを含有する細胞からの画分を調製することによるT A H Oポリペプチドの精製において利用される。この調製物は、洗浄剤の添加又はこの分野で公知の方法により微分遠心分離を介して得られる全細胞又は細胞成分画分の可溶化により誘導される。あるいは、シグナル配列を含む可溶化T A H Oポリペプチドは、細胞が増殖する培地中に有用な量で分泌される。

可溶化T A H Oポリペプチド含有調製物は、免疫親和性カラムを通され、カラムはT A H Oポリペプチドの好ましい吸着をさせる条件下(例えば、洗浄剤存在下の高イオン強度バッファー)で洗浄される。ついで、カラムは、抗体/T A H Oポリペプチド結合を分解する条件下(例えば、約p H 2 - 3といった低p H、高濃度の尿素又はチオシアン酸イオン等のカオトロップ)で溶離され、T A H Oポリペプチドが回収される。

【0184】

実施例11：インビトロでの腫瘍細胞死滅アッセイ

対象のT A H Oポリペプチドを発現する哺乳動物細胞を、標準的な発現ベクター及びクローニング法を使用して得る。あるいは、対象のT A H Oポリペプチドを発現する多くの腫瘍細胞株は例えばA T C Cから公的に入手可能であり、標準的なE L I S A又はF A C S分析法を使用して常套的に同定することができる。ついで抗T A H Oポリペプチドモノクローナル抗体(市販及びその毒素コンジュゲート誘導体)をアッセイで用いて、T A H Oポリペプチド発現細胞を死滅させるインビトロでの抗体の能力を定量することができる。

例えば、対象のT A H Oポリペプチドを発現する細胞を上述のようにして得て、96ウェルの皿に蒔く。一分析例では、抗体/毒素コンジュゲート(又は裸の抗体)を4日の期間の細胞インキュベーションの間、含ませる。第二の独立の分析例では、細胞を抗体/毒素コンジュゲート(又は裸の抗体)と共に1時間インキュベートし、ついで洗浄して、4日の期間、抗体/毒素コンジュゲートの不存在下でインキュベートする。ついで、細胞生存度を、PromegaのCellTiter-Glo Luminescent Cell Viability Assay(カタログ番号G7571)を使用して測定する。未処理細胞はネガティブコントロールになる。

B細胞株(A R H - 7 7、B J A B、D a u d i、D O H H - 2、S u - D H L - 4、R a j i及びR a m o s)を、別々の無菌丸底96ウェル組織培養物処理済プレート(Cellstar 650 185)に、1ウェル当たり細胞5000個の密度で調製した。細胞は、アッセイ培地(R P M I 1 4 6 0、1%のL - グルタミン、10%のウシ胎児血清(F B S ; H y clone)及び10mMのH E P E S)であった。細胞を37℃のインキュベーターに一晩置いた。抗体薬コンジュゲートをアッセイ培地において $2 \times 10 \mu\text{g/ml}$ に希釈した。S M C C等のクロスリンカー又はジスルフィドリンカーS P Pを用いてコンジュゲートをD M 1毒素にリンクさせた。更に、V c - P A Bを用いてコンジュゲートをM M A E毒素にリンクさせてもよい。ハーセプチンを主成分とするコンジュゲート(S M C C - D M 1又はS P P - D M 1)をネガティブコントロールとして使用した。コンジュゲートの充填容量に対応する遊離型L - D M 1相当物を、ポジティブコントロールとして使用した。希釈に先立ち、試料を攪拌して確実に混合物を均一化した。抗体薬コンジュゲートを更に1:3まで希釈し続けた。Rapidplate(登録商標)96/384 Zymark自動化システムを用いて、この細胞株を一行当たり各試料50 μl を充填した。プレート全体に充填したら、プレートを3日間に亘り再度インキュベートし、毒素の効果を出現させた。全てのウェルに10分間に亘って1ウェル当たり100 μl のCell Glo(Promega、カタログ番号G7571/2/3)を添加することにより反応を停止させた。停止させたウェルの内容物100 μl を、底が透明な96ウェル白組織培養物処理済プレート(Costar 3610)に移し、蛍光を読み取って相対的光単位(R L U)として報告した。

抗T A H Oポリペプチドモノクローナル抗体は、B細胞関連癌、例えばリンパ腫(つまり非ホジキンリンパ腫)、白血病(つまり慢性リンパ性白血病)、骨髄腫(つまり多発性

骨髓腫)及びその他造血細胞癌を含む腫瘍の、インビトロでの腫瘍増殖低減に有用である。

【0185】

実施例12：インビボでの腫瘍細胞死滅アッセイ

コンジュゲート又は未コンジュゲート抗TAHOポリペプチドモノクローナル抗体の効能を検査するために、マウスにおける腫瘍への抗TAHO抗体の影響を分析した。メスのCB17ICR SCIDマウス(週齢6~8週、Charles Rivers Laboratories; Hollister, CA)に対し、 5×10^6 個のRAJI細胞又は 2×10^7 個のBJABルシフェラーゼ細胞を皮下注射した。腫瘍の容積を二次元に基づいて計算し、ノギスを用いて測定し、式 $V = 0.5 a \times b^2$ に従って mm^3 で表した。ここで、a及びbは腫瘍のそれぞれ長径及び短径である。各実験グループから回収されたデータは平均±SEで表した。腫瘍の平均容積が100~200 mm^3 となるような、それぞれ8~10匹からなるグループにマウスを分け、その時点で、毎週5mg/kgの抗体を用いて静脈内(i.v.)への治療を開始し、2~3週間続けた。実験期間中、腫瘍を週に1又は2回測定した。腫瘍の容積が3000 mm^3 に達する前、又は腫瘍が妨害的な潰瘍形成の兆候を示したとき、マウスを安楽死させた。全ての動物プロトコルは、Institutional Animal Care and Use Committee (IACUC)によって承認された。使用した抗体と毒素の間のリンカーは、SPP、SMCC、又はcys-MC-vc-PAB(マレイミド成分及びパラアミノベンジルカルバモイル(PAB)セルフィンモレイティブ成分を有するバリナーシトルリン(vc)ジペプチドリinker試薬)であった。使用した毒素はDM1又はMMAEであった。

抗TAHOポリペプチドモノクローナル抗体は、B細胞関連癌を含む哺乳動物の腫瘍、例えばリンパ腫(つまり非ホジキンリンパ腫)、白血病(つまり慢性リンパ性白血病)、骨髓腫(つまり多発性骨髓腫)及びその他造血細胞癌の、インビボでの腫瘍増殖の低減に有用である。

【0186】

実施例13：免疫組織化学

TAHOポリペプチドの組織発現を決定し、実施例1のマイクロアレイの結果を確認するため、本出願人のヒト組織バンクより入手したの口蓋扁桃、脾臓、リンパ節及びパイエル板を含む、スナップ凍結したリンパ組織及びホルマリン固定したパラフィン包埋(FFPE)リンパ組織において、TAHOポリペプチド発現の免疫組織化学的検出を試験した。

TAHO標的発現の罹患率を、FFPEリンパ組織マイクロアレイ(Cybrdi)及び24の凍結ヒトリンパ検体において評価した。凍結組織検体を5 μm の切片にし、空気乾燥させ、免疫染色に先立って5分間アセトンで固定した。パラフィン包埋組織を5 μm の切片にし、SuperFrost Plus顕微鏡スライド(VWR)に載せた。

凍結切片について、スライドをTBST、1%のBSA及び0.05%のアジ化ナトリウムを含む10%の正常ウマ血清に30分間入れ、次いでアビジン/ビオチン遮断キット(Vector)試薬を用いてインキュベートし、その後一次抗体を添加した。マウスのモノクローナル一次抗体(市販)を、ビオチニン化したウマ抗マウスIgG(Vector)を用いて検出し、その後アビジン-ビオチンペルオキシダーゼ複合体(ABC Elite, Vector)及び金属増強ジアミノベンジジンテトラヒドロクロライド(DAB, Pierce)を用いてインキュベートした。コントロール切片は、アイソタイプ的一致する無関係なマウスモノクローナル抗体(Pharmingen)を用いて同等の濃度でインキュベートした。ABC-HRP試薬の適用後、増幅希釈液中でビオチンチラミド(Perkin Elmer)を用いて5~10分に亘り切片をインキュベートし、洗浄し、ABC-HRP試薬を用いて再度インキュベートした。上述のように、DABを用いて検出を行った。

FFPEヒト組織切片を希釈水に入れて蠟を取り除き、沸騰水中で20分間Target Retrieval溶液(Dako)で処理し、その後20分間冷却した。残留する内在性のペルオキシダーゼ活性を1×遮断溶液(KPL)を用いて4分間遮断した。アビジン/ビオチン遮断試薬、及び、10%の正常ウマ血清を含む遮断バッファーを用いて切片をインキュベートし

た後、モノクローナル抗体を加え、遮断バッファー中において0.5～5.0 $\mu\text{g}/\text{ml}$ まで希釈した。次いで、ビオチン化した抗マウス二次抗体を用いて切片を連続的にインキュベートし、その後ABC-HRPによる検出及びDABを用いた色素生産性検出を行った。上述のTyramide Signal Amplificationを使用して、TAHO標的(HAHO17及びTAHO21)の数を求めるための染色の感受性を増大させた。本実験に用いたTAHO抗体には、市販の抗体、及び抗TAHO17(1F9)、抗TAHO3(2G7)及び抗TAHO21(1A3)を含む本明細書に記載の抗体が含まれる。

【0187】

要約

(1) TAHO17(FcRH1又はIRTA5)は、凍結したヒト扁桃腺組織中のXenomice(Abgenix)中で製造され、完全にヒト化されたモノクローナル抗体である、クローン1F9を用いて検出したところ、マントル帯の強い標識を示し、またそれよりも弱い、胚中心に有意な標識を示した(データは示さない)。ビオチン化した1F9を、アビジン-ビオチンペルオキシダーゼ複合体(ABC-HRP)を用いて検出した。ビオチン化した1F9を、アビジン-ビオチンペルオキシダーゼ複合体(ABC-HRP)を用いて検出し、トリアミド-ビオチンによるシグナル増幅を行い、その後ABC-HRPによる2回目のインキュベーションを行い、色素生産性を検出した。

(2) TAHO3(FcRH2)は、凍結したヒト扁桃腺組織中のクローン2G7を用いて検出したところ、B細胞濾胞の縁部に沿う細胞の強い標識と、マントル帯における有意な染色を示し、これらはおそらく記憶B細胞と思われた。(データは示さない)。

(3) TAHO21(FcRH4又はIRTA1)は、クローン1A3により、FFPEヒト扁桃腺組織及びバイエル板組織中のTyramide Signal Amplification(TSA)を用いて検出したところ、扁桃腺及び小腸のバイエル板を含む、粘膜関連リンパ組織(MALT)に強い標識を示した(データは示さない)。TAHO21染色は、記憶B細胞と思われるB細胞濾胞の縁に沿った部分に集中していた。

従って、B細胞が発達するリンパ器官である扁桃腺試料における免疫組織化学により評価した、TAHO17、TAHO3、及びTAHO21の発現パターンを考慮すると、これら分子は、B細胞関連癌を含む哺乳動物の腫瘍、例えばリンパ腫(つまり非ホジキンリンパ腫)、白血病(つまり慢性リンパ性白血病)、骨髓腫(つまり多発性骨髓腫)及びその他造血細胞癌の治療の良好な標的である。

【0188】

実施例14：フローサイトメトリー

TAHO分子の発現を決定するため、正常細胞及び疾病細胞、例えば慢性リンパ性白血病(CLL)細胞を含めた様々な細胞を用いてFACS分析を行った。

A. 正常細胞: FcRH(TAHO3、TAHO18、TAHO17、TAHO20、TAHO21、TAHO22)

以下の精製したmAbs又は蛍光色素抱合型mAbs、即ち、BD Biosciences(San Jose, CA)社のCD16(クローン:3G8)、CD32(クローン:3D3)、CD64(クローン:10.1)、抗ヒトIgk(クローン:G20-123)又はl(クローン:JDC-12)軽鎖-FITC、CD27(クローン:M-T271)-FITC、CD77(クローン:5B5)-FITC、IgD(クローン:IA6-2)-PE、CD34(クローン:581)-PE、CD138(クローン:Mi15)-PE、CD38(クローン:HIT2)-PerCP-Cy5.5、CD19(クローン:SJ25C1)-PerCP-Cy5.5、IgM(クローン:G20-127)-PECy5、CD3(クローン:UCHT1)-APC、CD15(クローン:HI98)-APC、CD20(クローン:2H7)-APC及びCD56(クローン:B159)-APC、並びに、Caltag Laboratories(Berlingame, CA)社のCD14(クローン:TuK4)-APCを用いて、フローサイトメトリーを行った。市販されているか、又は本発明に記載のビオチン抱合型抗体、例えばTAHO17/FcRH1(1F9又は2A10)、TAHO3(FcRH2(7G7、1D6又は7A2)、

TAHO20/FcRH3 (6F2又は7E4)、TAHO21/FcRH4 (1A3) 及びTAHO18/FcRH5 (7D11)をフローサイトメトリーに使用した。

まず、細胞(容積100ml当たり細胞 10^6 個)を、それぞれ1mgのCD16抗体、CD32抗体及びCD64抗体と、それぞれ10mgのヒト及びマウスの γ グロブリン(Jackson ImmunoResearch Laboratories、West Grove、PA)を用いてインキュベートすることにより、非特異的結合を遮断し、次いで適切な濃度のmAbsを用いて30分間に亘り、暗所において4℃でインキュベートした。ビオチン化した抗体を使用した場合、次いで製造者の指示に従ってストレプトアビジン-PE又はストレプトアビジン-APC(Jackson ImmunoResearch Laboratories)を加えた。FACS calibur(BD Biosciences、San Jose、CA)においてフローサイトメトリーを実行した。線形モードにおいて、前方散乱(FSC)及び側方散乱(SSC)信号が記録され、対数モードで蛍光信号が記録された。死滅した細胞及び残骸を細胞の散乱特性を用いて取り出した。CellQuest Proソフトウェア(BD Biosciences)及びFlowJo(Tree Star Inc.)を用いてデータを分析した。

【0189】

単核細胞(MNC)として、ヒト血液試料を、ジェネンテック社の社内リサーチ血液プログラムの健常な固体から回収し、LSM培地(ICN/Cappel/Aurora、OH)を用いた標準密度遠心分離によりプラズマ骨髄細胞(PBMC)を調製した。ヒトの骨髄試料はAll Cells(Berkeley、CA)から入手し、BM-MNCはLSM培地を用いた標準密度遠心分離により調製した。扁桃腺はBio-Options(Fullerton、CA)を通して扁桃摘出術を行った患者から入手し、脾臓の生検もBio-Optionsにより入手した。扁桃腺組織又は脾臓組織を小片に切り、1mg/mlのコラゲナーゼ及び0.1U/mlのDnase(US Biological、Swampscott、MA)を用いてRPMI-1640中において37℃で20分間消化させ、30mmの細胞濾過器(BD Biosciences)に通して単一の細胞懸濁を得た。次いで、LSM培地を用いた標準密度遠心分離により、扁桃腺又は脾臓のMNCを調製した。まず、CD20 Microbeads及びLS MACSカラム(Milteny Biotec、Auburn、CA)を用いてPBMCからB細胞を単離し、次いでCD20-APC陽性集団のゲーティングにより、同定した。T細胞、NK細胞及び単球は、それぞれCD3-APC、CD56-APC及びCd14-APC陽性集団のゲーティングにより、CD20MACS単離の陰性画分から同定された。まずヒト血液を3%(PBS中)のデキストラン500(Amersham Bioscience/Piscataway、NJ)(1:1)により30分間室温で処理することにより大部分のRBCを除去し、次いでLSM培地を用いた標準密度の遠心分離からペレットを回収することにより、血液顆粒球を単離した。更に、CD15-APC陽性集団のゲーティングにより顆粒球の集団を同定した。

まず、CD19 MicroBeads及びMACS LSカラム(Milteny Biotec)を用いて骨髄単核細胞(BM-MNC)からCD19+B細胞を単離し、次いでCD34-PE、Cd19-PerCP-Cy5.5、CD27-FITC、抗ヒトIgk及びl軽鎖-FITCからなるマーカーの組み合わせ、又はIgD-PE、IgM-PECy5、抗ヒトIgk及びl軽鎖-FITCの組み合わせを用いて染色した。pro-B細胞がCD34+/CD19+/CD27-として同定され、一方、pre-B細胞がCD34-/CD19+/CD27-/k及びl軽鎖-として同定された。未成熟-B細胞がIgD-/IgM+/CD27-として同定され、一方、成熟-B細胞がIgD+/IgM+/CD27-として同定された。扁桃腺又は脾臓MNCから、BM-MNCから、まずCD19 MicroBeads及びLS MACSカラムを用いてCD19+B細胞を単離し、次いでCD77-FITC、IgD-PE及びCD38-PerCP-Cy5.5からなるマーカーの組み合わせにより染色した。ナイーブB細胞がCD38-/IgD-として同定され、記憶B細胞がCD38-/IgD-として同定され、マントル帯B細胞がCD38+/IgD-として同定され、プラズマ細胞がCd38++/IgD-として同定された。また、CD138MicroBeads及びLS MACSカラム(Milteny Biotec)を用いて扁桃腺又は脾臓単核細胞か

ら直接プラズマ細胞を単離し、CD38-PerCP-Cy5.5の高い集団及びCD138-PEの陽性集団に対するゲーティングにより更なる同定を行った。

【0190】

正常細胞上のFcRHの要約

TAHO17に特異的なモノクローナル抗体を用いたTAHO17 (FcRH1/IRTA5)の発現パターンは、TAHO17の発現がB細胞区画に特異的であることを示した。TAHO17は、pro-B細胞及びpre-B細胞に発現するが、ナイーブなB細胞及び記憶B細胞における発現よりそのレベルはずっと低く、CD19-、CD34+幹細胞には発現しない。TAHO17は成熟B細胞に多く発現し、CD20+ CD27-末梢血ナイーブB細胞、CD20+ CD27+ 末梢血記憶B細胞、IgD+、CD38-扁桃腺及び脾臓ナイーブB細胞、IgD-、CD38-扁桃腺及び脾臓記憶B細胞を含め、試験した大部分の成熟B細胞の細胞集団に発現した。しかしながら、IgD-、CD38+胚中心細胞におけるTAHO17の発現レベルは低く、プラズマ細胞には発現しなかった（データは示さない）。よって、TAHO17は、pro-B細胞、pre-B細胞、成熟B細胞、胚中心B細胞及び記憶B細胞を含む、B細胞のマーカーであることが示唆される。

TAHO3に特異的なモノクローナル抗体を用いたTAHO3の発現パターンは、TAHO3の発現が記憶B細胞のみに特異的であることを示した。末梢血におけるTAHO3の発現は、CD20+細胞集団、CD20+ CD27+集団のサブセットに限られていた。扁桃腺及び脾臓において、TAHO3は、大部分が記憶B細胞からなるCD20+ IgD- CD38-集団においてのみ高いレベルで発現した。B細胞区画内において、CD27は、過剰変異及びクラススイッチ免疫グロブリン遺伝子により規定される記憶B細胞のマーカーである。末梢血及び扁桃腺では、TAHO3はCD20+ CD27+細胞にしか発現しなかった。更に、CD20+ CD27+細胞の全てがTAHO3を発現した。TAHO3は骨髄由来のプラズマ細胞のpre-B細胞、pro-B細胞では発現しなかった。TAHO3は、扁桃腺由来のCD138+ CD38++ プラズマ細胞の一部には発現した。これにより、TAHO3が記憶B細胞のマーカーであることが示唆される。

【0191】

TAHO20に特異的なモノクローナル抗体を用いたTAHO20 (FcRH3/IRTA3)の発現パターンは、TAHO20がB細胞区画外で発現することを示した。TAHO20は、B細胞区画の外部で発現した。血液において、TAHO20はCD56+リンパ球に発現し、これはTAHO20がNK細胞に発現することを示した。更に、TAHO20は、血液、扁桃腺及び脾臓由来のナイーブ及び記憶細胞に非常に低いレベルで発現し、骨髄由来の胚中心B細胞、pro-B細胞、pre-B細胞、及びプラズマ細胞に低いレベルで発現した。よって、TAHO20は、NK細胞及び成熟B細胞、胚中心B細胞、及び記憶B細胞のマーカーであることが示唆される。

TAHO21に特異的なモノクローナル抗体を用いたTAHO21 (FcRH4/IRTA1)の発現パターンは、TAHO21が記憶B細胞に発現することを示した。TAHO21は、骨髄由来のpre-B細胞、Pro-B細胞又はプラズマ細胞に有意に発現しなかった。しかしながら、扁桃腺において、粘膜関連リンパ組織(MALT)の周辺帯に関連するCD20+ IgD-CD38-記憶B細胞集団のサブセットが、TAHO21の強い発現を示した。この集団は脾臓においてさらに小さかった。よって、TAHO21は、記憶B細胞サブセットのマーカーであることが示唆される。

【0192】

TAHO18に特異的なモノクローナル抗体を用いたTAHO18 (FcRH5/IRTA2)の発現パターンは、B細胞、プラズマ細胞及び多発性骨髄腫細胞における発現を示した。TAHO18の発現は、血液、扁桃腺及び脾臓のナイーブ細胞と記憶B細胞に検出された。TAHO18は、pro-B細胞、pre-B細胞、又はGC細胞の表面には発現しなかった。TAHO18は、扁桃腺、脾臓及び骨髄由来のプラズマ細胞に発現した

。TAHO18の発現は、多発性骨髄腫細胞に検出された。よって、TAHO18は、成熟細胞、記憶B細胞、プラズマ細胞のマーカー且つ多発性骨髄腫細胞におけるマーカーであることが示唆される。

従って、FACSによって評価した扁桃腺BサブタイプにおけるTAHO17、TAHO3、TAHO20、TAHO21及びTAHO18の発現パターンを考慮すると、これらの分子は、B細胞関連癌を含む哺乳動物の腫瘍、例えばリンパ腫（つまり非ホジキンリンパ腫）、白血病（つまり慢性リンパ性白血病）、骨髄腫（つまり多発性骨髄腫）及びその他造血細胞癌の治療のための良好な標的である。

【0193】

B. CLL細胞：FcRH（TAHO3、TAHO18、TAHO17、TAHO20）

以下の精製済み又は蛍光色素抱合mAbs：CD5-PE、CD19-PerCP-Cy5.5、CD20-FITC、CD20-APCをCLL試料のフローサイトメトリーに用いた。更に、CD79A、CD22、CD23、CD79A（ZL7-4）、CD79B（SN8）、CD180、CXCR5、FcRH1-2A10、FcRH2-7G7、FcRH2-1D6、FcRH2-7A2、FcRH3-6F2、FcRH4-1A3又はFcRH5-7D11に対するビオチン化抗体をフローサイトメトリーに使用した。CD5、CD19及びCD20抗体を使用してCLL細胞に入れ、細胞生存率をチェックするためにPI染色を実施した。

まず、細胞（容積100ml中 10^6 個）を、それぞれ1mgのCD5抗体、CD19抗体及びCD20抗体、並びにそれぞれ10mgのヒト及びマウスのγグロブリン（Jackson ImmunoResearch Laboratories、West Grove、PA）を用いてインキュベートすることにより、非特異的結合を遮断し、次いで適切な濃度のmAbsを用いて30分間に亘り、暗所において4℃でインキュベートした。ビオチン化した抗体を使用した場合、次いで製造者の指示に従ってストレプトアビジン-PE又はストレプトアビジン-APC（Jackson ImmunoResearch Laboratories）を加えた。FACS calibur（BD Biosciences、San Jose、CA）においてフローサイトメトリーを実行した。線形モードにおいて、前方散乱（FSC）及び側方散乱（SSC）信号が記録され、対数モードで蛍光信号が記録された。死滅した細胞及び残骸を細胞の散乱特性を用いて取り出した。CellQuest Pro ソフトウェア（BD Biosciences）及びFlowJo（Tree Star Inc.）を用いてデータを分析した。市販されているか、又は本明細書に記載されるビオチン抱合抗体、例えばTAHO17/FcRH1（1F9又は2A10）、TAHO3/FcRH2（7G7、1D6又は7A2）、TAHO20/FcRH3（6F2又は7E4）、TAHO21/FcRH4（1A3）及びTAHO18/FcRH5（7D11）をフローサイトメトリーに使用した。

【0194】

CLL試料におけるFcRHの要約

対象のTAHOポリペプチドに特異的なモノクローナル抗体を用いてCLL試料の発現パターンを実行した。TAHO17（FcRH1）、TAHO3（FcRH2）、TAHO20（FcRH3）、TAHO18（FcRH5）は、CLL試料に有意な発現を示した（データは示さない）。

従って、FACSによって評価した、慢性リンパ球白血病（CLL）試料における、TAHO17、TAHO3、TAHO20、及びTAHO18の発現パターンを考慮すると、これら分子は、B細胞関連癌を含む哺乳動物の腫瘍、例えばリンパ腫（つまり非ホジキンリンパ腫）、白血病（つまり慢性リンパ性白血病）、骨髄腫（つまり多発性骨髄腫）及びその他造血細胞癌の治療の良好な標的である。

【0195】

実施例15：TAHOの内部移行

TAHO抗体のB細胞株への内部移行を、ARH77、SuDHL4、U698M、huB及びBJAB細胞株を含むRaji、Ramos、Daudi及びその他B細胞株において評価した。

20の反応に使用するために細胞を有するB細胞（ $\sim 50 \times 10^6$ 個）の、レディトゥスプリット(ready-to-split) 15 cmディッシュを使用した。細胞は25継代以下（週齢8週未満）であり、マイコプラズマを起こすことなく健常に増殖していた。

蓋を緩めた15 mlのFalconチューブ中において、 $1 \mu\text{g/ml}$ のマウス抗TAHO抗体を、2 ml中 2.5×10^6 個の細胞を有する通常の増殖培地（例えばPRMI/10% FBS/1% グルタミン）に加え、 37°C で5% CO_2 のインキュベーターに24時間入れた。培地は、1:10のFcRブロック（MACSキット、希釈してアジ化物を除去）、1%のpen/strep、 $5 \mu\text{M}$ のペプスタチンA、 $10 \mu\text{g/ml}$ のロイペプチン（リソソームプロテアーゼインヒビター）及び $25 \mu\text{g/ml}$ のAlexa488-トランスフェリン（再循環経路を標識し、生存している細胞を示す；或いは、全ての経路を標識するために、Ax488デキストラン液相マーカーを用いてもよい）を含むものであった。急速に内部移行する抗体について、5分毎のタイムポイントを採用した。1時間未満のタイムポイントについては、1 mlの完全な無炭酸塩培地（Gibco 18045-088 + 10%のFBS、1%のグルタミン、1%のpen/strep、10 mMのHepes（pH 7.4））を使用し、 CO_2 インキュベーターではなく 37°C の水槽において反応を実施した。

所定の時間過程を終了後、遠心分離（ 1500 rpm のG6-SRにおいて 4°C で5分間、又は 4°C のベンチトップ型エッペンドルフ遠心分離において 2500 rpm で3分間）することにより細胞を回収し、1.5 mlの無炭酸塩培地（エッペンドルフ）、又は1.5 mlのFalconチューブ用10 mlの培地中で1度洗浄した。細胞に対し、2度目の遠心分離を行い、室温で20分間PBS中3%パラホルムアルデヒド（EMS）0.5 mlに再懸濁し、細胞を固定させた。

以下のステップを全て行った後、遠心分離により細胞を回収した。細胞をPBS中において洗浄後、PBS中50 mMの NH_4Cl （Sigma）0.5 ml中で10分間消光し、4分間の遠心分離回転の間にPBS中0.1%のトリトン-X-100 5 mlで4分間透過処理した。PBS中で細胞を洗浄し、遠心分離した。 $1 \mu\text{g/ml}$ のCy3-抗マウス（又は抗種1°抗体）を加えることにより、室温で20分間に亘り、 $200 \mu\text{l}$ の完全無炭酸塩培地における抗体の取り込みを検出した。無炭酸塩培地中において細胞を2度洗浄し、 $25 \mu\text{l}$ の無炭酸塩培地中に再懸濁し、ポリリジンでコーティングした8ウェルのLabtekIIスライドのうち1つのウェルに細胞を滴下し、少なくとも1時間（又は冷蔵庫で一晩）置いた。非結合細胞は全て吸引し、スライド上において、 $50 \times 24 \text{ mm}$ のカバーガラスの下に、Vectashieldを含むDAPIを1ウェル当たり1滴載せた。100倍の対物レンズを用いて、抗体の内部移行について細胞を試験した。

【0196】

材料の寄託

次の材料をアメリカン・タイプ・カルチャー・コレクション, 10801 University Blvd., Manassas, Virginia, 20110-2209, USA(ATCC)に寄託した：

表 7

材料	ATCC寄託番号	寄託日
抗FcRH2-7G7 (7G7.7.8)	PTA-6336	2004年11月30日
抗FcRH1-1F9 (1F9.1.1)	PTA-6332	2004年11月30日
抗FcRH1-2A10 (2A10.1.1)	PTA-6333	2004年11月30日
抗FcRH5-7D11 (7D11.1.1)	PTA-6340	2004年11月30日
抗FcRH3-6F2 (6F2.1.1)	PTA-6337	2004年11月30日
抗FcRH4-1A3 (1A3.1.1)	PTA-6339	2004年11月30日
抗FcRH1,2-1D6 (1D6.3.8)	PTA-6334	2004年11月30日
抗FcRH1,2,3-7A2 (7A2.4.1)	PTA-6335	2004年11月30日
抗FcRH1,2,3,5-7E4 (7E4.1.1)	PTA-6338	2004年11月30日

この寄託は、特許手続き上の微生物の寄託の国際的承認に関するブダペスト条約及びその規則（ブダペスト条約）の規定に従って行われた。これは、寄託の日付から30年間、寄

託の生存可能な培養が維持されることを保証するものである。寄託物はブダペスト条約の条項に従い、またジェネンテック社とATCCとの間の合意に従い、ATCCから入手することができ、これは、関連した米国特許の発行時又は任意の米国又は外国特許出願のいずれか早いものの公開時に、寄託培養物の後代を永久かつ非制限的に公開されることを保証し、米国特許法第122条及びそれに従う特許庁長官規則(特に参照番号8860G638の37CFR第1.14条を含む)に従って権利を有すると米国特許商標庁長官が決定した者に後代を入手可能とすることを保証するものである。

【0197】

本出願の譲受人は、寄託した培養物が、適切な条件下で培養されているときに死亡もしくは損失又は破壊された場合、通知時に材料を同一の他のものに即座に取り替えることに同意する。寄託物質の入手可能性は、特許法に従いあらゆる政府の権限下で認められた権利に違反して、本発明を実施するライセンスであるとみなされるものではない。

上記の文書による明細書は、当業者に本発明を実施できるようにするために十分であると考えられる。記載した実施形態は、本発明の特定の態様の単一の例示であるので、本発明は、本明細書に記載した実施例によってその範囲が限定されるものではなく、機能的に均等な実施形態も本発明の範囲に含まれる。ここでの材料の寄託は、本明細書の記載が、そのベストモードを含む本発明のいずれかの態様の実施を可能にするのに不十分であることを意味するものではなく、特定の例示に関する請求項の範囲を限定するものでもない。実際、ここに示し記載したものに加えて、本発明を様々に改変することは、前記の記載から当業者にとっては明らかなものであり、請求の範囲内に入るものである。

【図面の簡単な説明】

【0198】

【図1】TAHO3 (PRO31998) cDNAのヌクレオチド配列(配列番号1)を示し、配列番号1は、本明細書において「DNA182432」(「FcRH2」又は「SPAP1」とも呼ぶ)と命名するクローンである。

【図2A】図1に示される配列番号1のコード配列に由来するアミノ酸配列(配列番号2)を示す。

【図2B】図1に示される配列番号1のコード配列に由来するアミノ酸配列(配列番号2)を示す。

【図3】TAHO17 (PRO85143) cDNAのヌクレオチド配列(配列番号3)を示し、配列番号3は、本明細書において「DNA340394」(「FcRH1」又は「IRTA5」とも呼ぶ)と命名するクローンである。

【図4】図3に示される配列番号3のコード配列に由来するアミノ酸配列(配列番号4)を示す。

【図5】TAHO18 (PRO820) cDNAのヌクレオチド配列(配列番号5)を示し、配列番号5は、本明細書において「DNA56041」(「FcRH5」又は「IRTA2」とも呼ぶ)と命名するクローンである。

【図6】図5に示される配列番号5のコード配列に由来するアミノ酸配列(配列番号6)を示す。

【図7A】TAHO20 (PRO52483) cDNAのヌクレオチド配列(配列番号7)を示し、配列番号7は、本明細書において「DNA257955」(「FcRH3」又は「IRTA3」とも呼ぶ)と命名するクローンである。

【図7B】TAHO20 (PRO52483) cDNAのヌクレオチド配列(配列番号7)を示し、配列番号7は、本明細書において「DNA257955」(「FcRH3」又は「IRTA3」とも呼ぶ)と命名するクローンである。

【図8A】図7に示される配列番号7のコード配列に由来するアミノ酸配列(配列番号8)を示す。

【図8B】図7に示される配列番号7のコード配列に由来するアミノ酸配列(配列番号8)を示す。

【図9A】TAHO21 (PRO85193) cDNAのヌクレオチド配列(配列番号9)

）を示し、配列番号 9 は、本明細書において「DNA 3 2 9 8 6 3」（「FcRH 4」又は「IRTA 1」とも呼ぶ）と命名するクローンである。

【図 9 B】TAHO 2 1（PRO 8 5 1 9 3）cDNA のヌクレオチド配列（配列番号 9）を示し、配列番号 9 は、本明細書において「DNA 3 2 9 8 6 3」（「FcRH 4」又は「IRTA 1」とも呼ぶ）と命名するクローンである。

【図 10 A】図 9 に示される配列番号 9 のコード配列に由来するアミノ酸配列（配列番号 10）を示す。

【図 10 B】図 9 に示される配列番号 9 のコード配列に由来するアミノ酸配列（配列番号 10）を示す。

【図 11】TAHO 2 2（PRO 9 6 8 4 9）cDNA のヌクレオチド配列（配列番号 11）を示し、配列番号 11 は、本明細書において「DNA 3 4 6 5 2 8」（「FcRH 6」又は「FAIL」とも呼ぶ）と命名するクローンである。

【図 12】図 11 に示される配列番号 11 のコード配列に由来するアミノ酸配列（配列番号 12）を示す。

【図 13】本明細書において 1D6 と命名する（1D6.3.8 と呼ぶ）、抗 FcRH 2-1D6 の重鎖をコード化する、ヌクレオチド配列（配列番号 13）を示す。

【図 14】本明細書において 1D6 と命名する（1D6.3.8 と呼ぶ）、抗 FcRH 2-1D6 の軽鎖をコード化する、ヌクレオチド配列（配列番号 14）を示す。

【図 15 A】正常な試料及び患部試料における TAHO 3 の発現、例えば NHL 試料、濾胞性リンパ腫（FL）及び記憶 B 細胞（memB）における有意な発現を示すマイクロアレイデータを示す。図中使用される省略形は、以下の通りである：非ホジキンリンパ腫（NHL）、濾胞性リンパ腫（FL）、正常なリンパ節（NLN）、正常な B 細胞（NB）。

【図 15 B】正常な試料及び患部試料における TAHO 3 の発現、例えば NHL 試料、濾胞性リンパ腫（FL）及び記憶 B 細胞（memB）における有意な発現を示すマイクロアレイデータを示す。

【図 15 C】正常な試料及び患部試料における TAHO 3 の発現、例えば NHL 試料、濾胞性リンパ腫（FL）及び記憶 B 細胞（memB）における有意な発現を示すマイクロアレイデータを示す。図中使用される省略形は、以下の通りである：ナチュラルキラー細胞（NK）、樹状細胞（DC）。

【図 15 D】正常な試料及び患部試料における TAHO 3 の発現、例えば NHL 試料、濾胞性リンパ腫（FL）及び記憶 B 細胞（memB）における有意な発現を示すマイクロアレイデータを示す。図中使用される省略形は、以下の通りである：多発性骨髄腫細胞（MM）、記憶 B 細胞（memB）、プラズマ細胞（PC）、骨髄プラズマ細胞（BMPC）。

【図 16 A】正常な試料及び患部試料における TAHO 17 の発現、例えば正常な B 細胞（NB）及び記憶 B 細胞（memB）における有意な発現を示しているマイクロアレイデータを示す。図中使用される省略形は、以下の通りである：非ホジキンリンパ腫（NHL）、濾胞性リンパ腫（FL）、正常なリンパ節（NLN）、正常な B 細胞（NB）。

【図 16 B】正常な試料及び患部試料における TAHO 17 の発現、例えば正常な B 細胞（NB）及び記憶 B 細胞（memB）における有意な発現を示しているマイクロアレイデータを示す。

【図 16 C】正常な試料及び患部試料における TAHO 17 の発現、例えば正常な B 細胞（NB）及び記憶 B 細胞（memB）における有意な発現を示しているマイクロアレイデータを示す。図中使用される省略形は、以下の通りである：非ホジキンリンパ腫（NHL）、濾胞性リンパ腫（FL）、ナチュラルキラー細胞（NK）、樹状細胞（DC）。

【図 16 D】正常な試料及び患部試料における TAHO 17 の発現、例えば正常な B 細胞（NB）及び記憶 B 細胞（memB）における有意な発現を示しているマイクロアレイデータを示す。図中使用される省略形は、以下の通りである：多発性骨髄腫細胞（MM）、記憶 B 細胞（memB）、プラズマ細胞（PC）、骨髄プラズマ細胞（BMPC）。

【図 17 A】正常な試料及び患部試料における TAHO 18 の発現、例えば NHL 試料に

おける有意な発現を示しているマイクロアレイデータを示す。図中使用される省略形は、以下の通りである：非ホジキンリンパ腫（NHL）、濾胞性リンパ腫（FL）、正常なリンパ節（NLN）、正常なB細胞（NB）。

【図17B】正常な試料及び患部試料におけるTAHO18の発現、例えばNHL試料における有意な発現を示しているマイクロアレイデータを示す。

【図17C】正常な試料及び患部試料におけるTAHO18の発現、例えばNHL試料における有意な発現を示しているマイクロアレイデータを示す。図中使用される省略形は、以下の通りである：ナチュラルキラー細胞（NK）、樹状細胞（DC）。

【図17D】正常な試料及び患部試料におけるTAHO18の発現、例えばNHL試料における有意な発現を示しているマイクロアレイデータを示す。図中使用される省略形は、以下の通りである：多発性骨髄腫細胞（MM）、記憶B細胞（mem B）、プラズマ細胞（PC）、骨髄プラズマ細胞（BM PC）。

【図18A】正常な試料及び患部試料におけるTAHO20の発現、例えば多発性骨髄腫試料（MM）、正常なB細胞（NB）、並びに正常な大腸、正常な胎盤、正常な肺、正常な脾臓及び正常な骨髄プラズマ細胞（BM PC）における有意な発現を示しているマイクロアレイデータを示す。図中使用される省略形は、以下の通りである：非ホジキンリンパ腫（NHL）、濾胞性リンパ腫（FL）、正常なリンパ節（NLN）、正常なB細胞（NB）。

【図18B】正常な試料及び患部試料におけるTAHO20の発現、例えば多発性骨髄腫試料（MM）、正常なB細胞（NB）、並びに正常な大腸、正常な胎盤、正常な肺、正常な脾臓及び正常な骨髄プラズマ細胞（BM PC）における有意な発現を示しているマイクロアレイデータを示す。

【図18C】正常な試料及び患部試料におけるTAHO20の発現、例えば多発性骨髄腫試料（MM）、正常なB細胞（NB）、並びに正常な大腸、正常な胎盤、正常な肺、正常な脾臓及び正常な骨髄プラズマ細胞（BM PC）における有意な発現を示しているマイクロアレイデータを示す。図中使用される省略形は、以下の通りである：ナチュラルキラー細胞（NK）、樹状細胞（DC）。

【図18D】正常な試料及び患部試料におけるTAHO20の発現、例えば多発性骨髄腫試料（MM）、正常なB細胞（NB）、並びに正常な大腸、正常な胎盤、正常な肺、正常な脾臓及び正常な骨髄プラズマ細胞（BM PC）における有意な発現を示しているマイクロアレイデータを示す。図中使用される省略形は、以下の通りである：多発性骨髄腫細胞（MM）、記憶B細胞（mem B）、プラズマ細胞（PC）、骨髄プラズマ細胞（BM PC）。

【図19A】正常な試料及び患部試料におけるTAHO21の発現、例えばNHL試料、中心細胞及び記憶B細胞における有意な発現を示しているマイクロアレイデータを示す。図中使用される省略形は、以下の通りである：非ホジキンリンパ腫（NHL）、濾胞性リンパ腫（FL）、正常なリンパ節（NLN）、正常なB細胞（NB）。

【図19B】正常な試料及び患部試料におけるTAHO21の発現、例えばNHL試料、中心細胞及び記憶B細胞における有意な発現を示しているマイクロアレイデータを示す。

【図19C】正常な試料及び患部試料におけるTAHO21の発現、例えばNHL試料、中心細胞及び記憶B細胞における有意な発現を示しているマイクロアレイデータを示す。図中使用される省略形は、以下の通りである：ナチュラルキラー細胞（NK）、樹状細胞（DC）。

【図19D】正常な試料及び患部試料におけるTAHO21の発現、例えばNHL試料、中心細胞及び記憶B細胞における有意な発現を示しているマイクロアレイデータを示す。図中使用される省略形は、以下の通りである：多発性骨髄腫細胞（MM）、記憶B細胞（mem B）、プラズマ細胞（PC）、骨髄プラズマ細胞（BM PC）。

【図20】FcRH（FcRH1、FcRH2、FcRH3、FcRH4、FcRH5及びFcRH6）の免疫グロブリンドメインとFcγレセプター（FcγRI、FcγRII、FcγRIII）間の相同性及びパーセント同一性を示す。図に示すパーセント同

一性は、各ドメインと F c R H 3 のドメインとの同一性を示す。