



(19)



OFICINA ESPAÑOLA DE  
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA

(11) Número de publicación: **2 305 608**

(51) Int. Cl.:

**C07K 14/705** (2006.01)

**G01N 33/577** (2006.01)

**C12N 15/12** (2006.01)

**C07K 16/28** (2006.01)

**C12Q 1/68** (2006.01)

(12)

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

(86) Número de solicitud europea: **04010432 .5**

(86) Fecha de presentación : **20.11.1998**

(87) Número de publicación de la solicitud: **1481989**

(87) Fecha de publicación de la solicitud: **01.12.2004**

(54) Título: **Antígenos tipo A-33 y sus utilizaciones farmacológicas.**

(30) Prioridad: **21.11.1997 US 66364 P**  
**20.03.1998 US 78936 P**  
**17.09.1998 WO PCT/US98/19437**

(45) Fecha de publicación de la mención BOPI:  
**01.11.2008**

(45) Fecha de la publicación del folleto de la patente:  
**01.11.2008**

(73) Titular/es: **GENENTECH, Inc.**  
**1 DNA Way**  
**South San Francisco, California 94080-4990, US**

(72) Inventor/es: **Ashkenazi, Avi;**  
**Fong, Sherman;**  
**Goddard, Audrey;**  
**Gurney, Austin L.;**  
**Napier, Mary A.;**  
**Tumas, Daniel y**  
**Wood, William I.**

(74) Agente: **Ponti Sales, Adelaida**

Aviso: En el plazo de nueve meses a contar desde la fecha de publicación en el Boletín europeo de patentes, de la mención de concesión de la patente europea, cualquier persona podrá oponerse ante la Oficina Europea de Patentes a la patente concedida. La oposición deberá formularse por escrito y estar motivada; sólo se considerará como formulada una vez que se haya realizado el pago de la tasa de oposición (art. 99.1 del Convenio sobre concesión de Patentes Europeas).

## DESCRIPCIÓN

Antígenos tipo A-33 y sus utilizaciones farmacológicas.

5 **Campo de la invención**

La presente invención se refiere en general a la identificación, aislamiento y producción recombinante de ADN novedoso y polipéptidos novedosos, la presencia de los cuales está asociada con enfermedades inflamatorias (antígenos asociados con la inflamación) y/o cáncer, y a composiciones y procedimientos para el diagnóstico y el tratamiento de condiciones caracterizadas por dichos antígenos.

**Antecedentes de la invención**

La respuesta inflamatoria es compleja y está mediada por una serie de moléculas de señalización producidas de forma local por células mast, terminaciones nerviosas, plaquetas, leucocitos y activación de complementos. Ciertas moléculas de señalización provocan que el recubrimiento de células endoteliales se vuelva más poroso y/o incluso expresen selectinas que actúan como moléculas de la superficie celular que reconocen y atraen leucocitos a través del reconocimiento de carbohidratos específicos. La unión más fuerte de los leucocitos está mediada por las integrinas, las cuales median en el movimiento de los leucocitos a través del endotelio. Las moléculas de señalización adicionales actúan como quimioattractores, provocando que los leucocitos unidos avancen lentamente hacia la fuente del atrator. Otras moléculas de señalización producidas en la evolución de una respuesta inflamatoria escapan a la sangre y estimulan la médula espinal para que produzca más leucocitos y se liberen al torrente sanguíneo.

La inflamación es iniciada habitualmente por un antígeno, el cual puede ser a la práctica cualquier molécula capaz de iniciar una respuesta inmune. En condiciones fisiológicas normales éstas son moléculas exógenas, pero las moléculas generadas por el propio organismo pueden servir como catalizador como se sabe que pasa en varios estados de la enfermedad.

La proliferación de células T en un cultivo mixto de leucocitos o una reacción linfocitaria mixta (MLR) es una indicación establecida de la capacidad de un compuesto para estimular el sistema inmune. En una respuesta inflamatoria, los leucocitos de respuesta pueden ser neutrofílicos, eosinofílicos, monocíticos o linfocíticos. El examen histológico de los tejidos afectados proporciona evidencias de una respuesta estimulante o inhibidora inmune. Ver *Current Protocols in Immunology*, ed. John E. Coligan, 1994, John Wiley and Sons, Inc.

La enfermedad inflamatoria del intestino (IBD) es un término utilizado para describir colectivamente trastornos de los intestinos que incluyen tanto la colitis ulcerativa (UC) como la enfermedad de Crohn. Ambas se clasifican como trastornos diferentes, pero comparten características comunes y probablemente comparten patología. Lo común del criterio de diagnóstico dificulta determinar con precisión cuál de los dos trastornos sufre el paciente; sin embargo, el tipo y la localización de la lesión son habitualmente diferentes en cada uno. Las lesiones de la UC son de forma característica una úlcera superficial de la mucosa y aparecen en el colon, proximal al recto. Las lesiones de la CD son de forma característica fisuras lineales extensas y pueden aparecer en cualquier parte del intestino, implicando ocasionalmente el estómago, el esófago y el duodeno.

Los tratamientos convencionales para IBD implican habitualmente la administración de agentes antiinflamatorios o inmunosupresores, tales como sulfasalacina, corticosteroides, 6-mercaptopurina/azatropina o ciclosporina, todos ellos sólo aportan un alivio parcial al paciente afectado. Sin embargo, cuando fallan las terapias antiinflamatorias/inmunosupresoras, las colectomías son la última línea de defensa. La cirugía es requerida para aproximadamente el 30% de los pacientes de CD durante el primer año después del diagnóstico, con un aumento de la probabilidad para un procedimiento quirúrgico de aproximadamente un 5% anualmente desde ese momento. Desafortunadamente, la CD también tiene una tasa elevada de reaparición, ya que aproximadamente un 5% de los pacientes requieren cirugía posterior después del año inicial. Los pacientes de UC tienen además un riesgo sustancialmente creciente de desarrollar cáncer colorrectal. Presumiblemente, esto es debido a los ciclos recurrentes de lesión en el epitelio, seguido de un recrecimiento que aumenta continuamente el riesgo de transformación neoplásica.

Un miembro recientemente descubierto de la superfamilia de inmunoglobulinas conocida como Molécula de Adhesión de Unión (JAM) se ha identificado que está selectivamente concentrada en las uniones intercelulares de células endoteliales y epiteliales de orígenes diferentes. Manin-Padura, I. *et al.*, *J. Cell Biol.* 142(1): 117-27 (1998). JAM es una proteína de membrana integral del tipo I con dos bucles disulfuro extracelulares entre cadenas del tipo V. JAM porta una sustancial homología con el antígeno A33 (figura 1 o figura 18). Se halló que un anticuerpo monoclonal dirigido a JAM inhibía la trans migración de monocitos espontánea e inducida por quimioquinas a través de una capa de células endoteliales *in vitro*. Martin-Padura, *supra*.

Recientemente se ha descubierto que aumenta la expresión de JAM en el colon de ratones CRF2-4 -/- con colitis. CRF2-4 -/- (ratones knockout con subunidad IL-10R) desarrollan una colitis espontánea mediada por linfocitos, monocitos y neutrófilos. Varios animales también desarrollaron adenocarcinoma de colon. Como resultado, es probablemente previsible que los compuestos de la presente invención se expresen en niveles elevados en, o en cualquier caso, asociados con enfermedades humanas, tales como la enfermedad inflamatoria de intestino, otras enfermedades inflamatorias de intestino, así como carcinoma colorrectal.

Los compuestos de la presente invención también portan una homología significativa con el antígeno A33, un conocido marcador asociado con el cáncer colorrectal. El antígeno A33 se expresa en más del 90% de los cánceres de colon primarios o metastáticos, así como epitelio de colon normal. En los carcinomas que se originan de la mucosa colónica, el antígeno A33 se expresa de forma homogénea en más de un 95% de los casos. Sin embargo, el antígeno A33 no se ha detectado en un amplio rango de otros tejidos normales, es decir, su expresión parece ser específico de órgano. Por lo tanto, el antígeno A33 parece jugar un papel importante en la inducción del cáncer colorrectal.

Dado que el cáncer de colon es una enfermedad ampliamente extendida, el diagnóstico y tratamiento precoz es un objetivo médico importante. El diagnóstico y tratamiento del cáncer de colon se puede llevar a cabo utilizando anticuerpos monoclonales (mAbs) específicos que tienen por tanto etiquetas (*tags*) fluorescentes, magnéticos nucleares o radioactivos. Se pueden utilizar mAbs etiquetados con genes radioactivos, toxinas y/o fármaco para el tratamiento *in situ* con la descripción mínima del paciente, mAbs también se pueden utilizar para el diagnóstico durante el diagnóstico y el tratamiento de los cánceres de colon. Por ejemplo, cuando los niveles en suero del antígeno A33 son elevados en un paciente, una caída de los niveles después de la cirugía indicaría que la resección del tumor fue un éxito. Por otro lado, un aumento posterior en los niveles de antígeno A33 en el suero después de la cirugía indicaría que podría haberse formado la metástasis del tumor original o que podrían haber aparecido nuevos tumores primarios.

Dichos anticuerpos monoclonales se pueden utilizar en lugar de, o conjuntamente con cirugía y/u otras quimioterapias. Por ejemplo, los análisis preclínicos y los estudios de localización en pacientes infectados con carcinoma colorrectal con un mAb para A33 se describen en Welt *et al.*, *J. Clin. Oncol.* 8: 1894-1906 (1990) y Welt *et al.*, *J. Clin. Oncol.* 12: 1561-1571 (1994), mientras que U.S.P. 4.579.827 y U.S.S.N. 424.991 (E.P. 199.141) están dirigidos a la administración terapéutica de anticuerpos monoclonales, el último de los cuales se refiere a la aplicación de mAb anti-A33.

Ciertas ESTS, tales como las disponibles bajo los números de acceso F02373.1, W17367.1 y AA228697.1 mostraron cierta similitud con la secuencia de ácidos nucleicos de PR0362, descrita en la presente invención.

### Descripción resumida de la invención

La presente invención se refiere además a composiciones y procedimientos para el diagnóstico de enfermedades inflamatorias en mamíferos, incluyendo los humanos. La presente invención se basa en la identificación de proteínas (incluyendo anticuerpos agonistas y antagonistas) que estimulan o bien inhiben la respuesta inmunitaria en mamíferos. Las enfermedades inflamatorias se pueden tratar mediante la supresión de la respuesta inflamatoria. Las moléculas que aumentan una respuesta inflamatoria estimulan o potencian la respuesta inmunitaria a un antígeno. Las moléculas que estimulan una respuesta inflamatoria pueden inhibirse en el caso en el que la supresión de la respuesta inflamatoria sea beneficiosa. Las moléculas que estimulan la respuesta inflamatoria pueden utilizarse terapéuticamente en el caso en el que el aumento de la respuesta inflamatoria sea beneficiosa. Dichas moléculas estimulantes pueden inhibirse también en el caso en el que la supresión de la respuesta inflamatoria sea válida. Los anticuerpos neutralizantes son ejemplos de moléculas que inhiben moléculas que tienen actividad estimuladora inmune y que serían beneficiosos en el tratamiento de enfermedades inflamatorias. Las moléculas que inhiben la respuesta inflamatoria pueden utilizarse también (proteínas directamente o mediante la utilización de agonistas de anticuerpo) para inhibir la respuesta inflamatoria y de ese modo mejorar las enfermedades inflamatorias.

Por consiguiente, las proteínas de la presente invención son útiles para el diagnóstico y/o el tratamiento (incluyendo la prevención) de enfermedades de tipo inmune. Los anticuerpos que se unen a las proteínas estimuladoras son útiles para suprimir la respuesta inflamatoria. Los anticuerpos que se unen a proteínas inhibitorias son útiles para estimular la respuesta inflamatoria y el sistema inmune. Las proteínas y los anticuerpos de la presente invención también son útiles para preparar medicinas y medicamentos para el tratamiento de enfermedades de tipo inflamatorio e inmune.

En una realización tal y como se define en las reivindicaciones, la presente invención se refiere a agonistas de un polipéptido PRO362 que mimetiza una o más de las funciones o actividades de un polipéptido PRO362.

En otra realización, la presente invención se refiere a un procedimiento para determinar la presencia de un polipéptido PRO362 que comprende la exposición de una célula sospechosa de contener el polipéptido a un anticuerpo anti-PRO362 y la determinación la unión del anticuerpo a la célula.

En otra realización, la presente invención se refiere a un procedimiento de diagnóstico de una enfermedad de tipo inflamatoria en un mamífero, que comprende la detección del nivel de expresión de un gen que codifica un polipéptido PRO362 (a) en una muestra de prueba de células tejido obtenidas del mamífero, y (b) en una muestra de prueba de células de tejido normal conocido del mismo tipo de célula, en el que un nivel de expresión más elevado en la muestra de prueba indica la presencia de una enfermedad inflamatoria en el mamífero.

En otra realización, la presente invención se refiere a un procedimiento de diagnóstico de una enfermedad inflamatoria en un mamífero, que comprende (a) poner en contacto un anticuerpo anti-PRO362 con una muestra de prueba de células de cultivo de tejido obtenidas del mamífero, y (b) detectar la formación de un complejo entre el anticuerpo y el polipéptido PRO362. La detección puede ser cualitativa o cuantitativa, y se puede realizar en comparación con el seguimiento de la formación del complejo en una muestra de control de células de tejido normal conocido del mismo tipo de célula. Una mayor cantidad de complejos formados en la muestra de prueba indica la presencia de tumor en el

## ES 2 305 608 T3

mamífero del que se obtuvieron las células del tejido de prueba. El anticuerpo preferiblemente transporta un marcador detectable. La formación del complejo se puede monitorizar, por ejemplo, mediante microscopía de luz, citometría de flujo, fluorimetría u otras técnicas conocidas en el sector. La muestra de prueba se obtiene normalmente de un individuo sospechoso de tener una deficiencia o anomalía en relación con la respuesta inflamatoria.

La presente invención puede ser útil en un kit de diagnóstico, que contiene un anticuerpo anti-PRO362 y un portador (por ejemplo, un tampón) en un envase adecuado. El kit puede contener instrucciones para el uso del anticuerpo para detectar el polipéptido PRO362.

La presente invención puede ser útil en un artículo de fabricación, que comprende:

un recipiente;

una etiqueta en el recipiente; y

una composición que comprende un agente activo contenido en el recipiente; en el que la composición es eficaz para estimular o inhibir una respuesta inflamatoria en un mamífero, la etiqueta en el recipiente indica que la composición se puede utilizar para tratar una enfermedad inflamatoria, y el agente activo en la composición es un agente que estimula o inhibe la expresión y/o actividad del polipéptido PRO362. En un aspecto, el agente activo es un polipéptido PRO362 o un anticuerpo anti-PRO362.

La presente invención puede ser útil en un procedimiento para identificar un compuesto capaz de inhibir la expresión y/o actividad de un polipéptido PRO362 mediante el contacto de un compuesto candidato con un polipéptido PRO362 en condiciones y durante el tiempo suficiente para permitir que estos dos compuestos interactúen. En un aspecto específico, el compuesto candidato o el polipéptido PRO362 se inmovilizan sobre un soporte sólido. En otro aspecto, el componente no inmovilizado transporta un marcador detectable.

En un aspecto adicional, la presente invención puede ser útil en un procedimiento de tratamiento de una enfermedad inflamatoria, mediante la administración de una cantidad terapéutica eficaz de un antagonista de PRO362 a un paciente necesitado del mismo para el tratamiento de una enfermedad seleccionada entre: enfermedad inflamatoria del intestino, lupus eritematoso sistémico, artritis reumatoide, artritis crónica juvenil, espondiloartropatías, esclerosis sistémica (escleroderma), miopatías inflamatorias idiopáticas (dermatomiositis, polimiositis), síndrome de Sjögren, vasculitis sistémica, sarcoidosis, anemia hemolítica autoinmune (pancitopenia inmune, hemoglobinuria paroxismal nocturna), trombocitopenia autoinmune (púrpura trombocitopénica idiopática, trombocitopenia mediada por el sistema inmune), tiroiditis (enfermedad de Graves, tiroiditis de Hashimoto, tiroiditis linfocítica juvenil, tiroiditis atrófica), diabetes mellitus, enfermedad renal mediada por el sistema inmune (glomerulonefritis, nefritis tubulointersticial), enfermedades desmielinizantes de los sistemas nerviosos central y periférico, tales como la esclerosis múltiple, polineuropatía idiopática, enfermedades hepato biliares tales como las hepatitis infecciosas (hepatitis A, B, C, D, E y otros virus no hepatotrópicos), hepatitis crónica activa autoinmune, cirrosis biliar primaria, hepatitis granulomatosa, y conlangitis esclerosante, enfermedades inflamatorias y fibróticas del pulmón (por ejemplo, fibrosis quística, neumonía eosinofílica, fibrosis pulmonar idiopática y neumonitis por hipersensibilidad), enteropatía sensible al gluten, enfermedad de Whipple, enfermedades de la piel autoinmunes o mediadas por el sistema inmune incluyendo las enfermedades de piel bullosa, eritema multiforme y dermatitis de contacto, psoriasis, enfermedades alérgicas del pulmón, tales como neumonía eosinofílica, fibrosis pulmonar idiopática y neumonitis por hipersensibilidad, enfermedades asociadas a trasplantes incluido el rechazo del injerto y la enfermedad de injerto contra huésped.

En una realización adicional, la presente invención puede ser útil en un procedimiento de diagnóstico de un tumor en un mamífero, que comprende la detección del nivel de expresión de un gen que codifica un polipéptido PRO362 (a) en una muestra de prueba de células de tejido obtenidas del mamífero, y (b) en una muestra de prueba de células de tejido normal conocido del mismo tipo de célula, en el que un nivel de expresión más elevado en la muestra de prueba indica la presencia de un tumor en el mamífero del que se obtuvieron las células de tejido de prueba.

En otra realización, la presente invención puede ser útil en un procedimiento de diagnóstico de un tumor en un mamífero, que comprende (a) poner en contacto un anticuerpo anti-PRO362 con una muestra de prueba de células de tejido obtenidas del mamífero, y (b) detectar la formación de un complejo entre el anti-PRO362 y el polipéptido PRO362 en la muestra de prueba. La detección puede ser cualitativa o cuantitativa, y se puede realizar en comparación con el seguimiento de la formación del complejo en una muestra de control de células de tejido normal conocido del mismo tipo de célula. Una mayor cantidad de complejos formados en la muestra de prueba indica la presencia de tumor en el mamífero del que se obtuvieron las células del tejido de prueba. El anticuerpo preferiblemente transporta un marcador detectable. La formación del complejo se puede monitorizar, por ejemplo, mediante microscopía de luz, citometría de flujo, fluorimetría u otras técnicas conocidas en el sector. Preferiblemente, la muestra de prueba se obtiene de un individuo mamífero sospechoso de presentar un crecimiento o proliferación de células neoplásicas (por ejemplo, células cancerosas).

En otra realización, la presente invención puede ser útil en un kit de diagnóstico del cáncer, que comprende un anticuerpo anti-PRO362 y un portador (por ejemplo, un tampón) en un envase adecuado. El kit puede contener instrucciones para el uso del anticuerpo para detectar el polipéptido PRO362.

En otra realización, la presente invención puede ser útil en un procedimiento para inhibir el crecimiento de células tumorales que comprenden la exposición de una célula que sobreexpresa un polipéptido PRO362 a una cantidad eficaz de un agente que inhibe la expresión y/o actividad del polipéptido PRO362. El agente preferiblemente es un polipéptido anti-PRO362, un péptido orgánico e inorgánico pequeño, fosfopéptido, molécula antisentido o ribozima, o una molécula de triple hélice. En un aspecto específico, el agente, por ejemplo, un anticuerpo anti-PRO263 induce la muerte celular. En un aspecto adicional, las células tumorales se exponen además a tratamiento con radiación y/o un agente citotóxico o quimioterapéutico.

La presente invención es útil en un artículo de fabricación, que comprende:

un recipiente;

una etiqueta en el recipiente; y

una composición que comprende un agente activo contenido en el recipiente; en el que la composición es eficaz para inhibir el crecimiento de células tumorales, la etiqueta en el recipiente indica que la composición se puede utilizar para tratar condiciones caracterizadas por la sobreexpresión, y el agente activo en la composición es un agente que inhibe la expresión y/o actividad del polipéptido PRO362. En un aspecto, el agente activo es un anticuerpo anti-PRO362.

En otra realización tal como se define en las reivindicaciones, la presente invención proporciona una molécula de ácido nucleico aislada que comprende ADN que codifica un polipéptido PRO362. En un aspecto, el ácido nucleico aislado comprende ADN que codifica el polipéptido PRO362 que tiene los residuos de aminoácidos 1 a 321 de la figura 3 (SEC ID NO. 2) o es complementaria a dicha secuencia de ácido nucleico codificante y permanece de manera estable unida a la misma en condiciones de astringencia como mínimo moderadas, y opcionalmente, en condiciones de astringencia elevadas. En otro aspecto, el ácido nucleico aislado comprende ADN que codifica el polipéptido PRO362 que tiene los residuos de aminoácidos 1 a X de la figura 3 (SEC ID NO. 2), donde X es cualquier residuo de aminoácido de 271 a 280, o es complementaria a dicha secuencia de ácido nucleico codificante y permanece de manera estable unida a la misma en condiciones de astringencia como mínimo moderadas, y opcionalmente, en condiciones de astringencia elevadas. La secuencia de ácido nucleico aislado puede comprender la inserción de ADNc del vector DNA45416-1251 depositado el 5 de febrero de 1998, como ATCC 209620 que incluye la secuencia de nucleótidos que codifica PRO362.

En otra realización tal como se define en las reivindicaciones, la presente invención proporciona moléculas de ácido nucleico aisladas que se hibridan al complemento de las moléculas de ácido nucleico que codifican los polipéptidos PRO362. El ácido nucleico preferiblemente es ADN y la hibridación tiene lugar en condiciones astringentes. Dichas moléculas de ácido nucleico pueden actuar como moléculas antisentido de los antígenos asociados a la inflamación identificados en la presente invención, que a su vez, pueden ser útiles en la modulación de los antígenos asociados a la inflamación o como cebadores antisentido en las reacciones de amplificación. Además, dichas secuencias se pueden utilizar como parte de secuencia de ribozima y/o triple hélice que, a su vez, se pueden utilizar en la regulación de los antígenos asociados a la inflamación.

En otra realización tal como se define en las reivindicaciones, la presente invención proporciona un vector que comprende ADN que codifica el polipéptido PRO362. También se proporciona una célula huésped que comprende dicho vector. A modo de ejemplo, las células huésped pueden ser células CHO, *E. coli* o levadura. Adicionalmente se proporciona un procedimiento para producir polipéptidos PRO362 y comprende el cultivo de células huésped en condiciones adecuadas para la expresión de PRO301 o PRO362 y la recuperación de los mismos del cultivo celular.

En otra realización tal como se define en las reivindicaciones, la presente invención proporciona un polipéptido PRO362 aislado. En particular, la presente invención proporciona un PRO362 de secuencia nativa aislado, el cual, en un aspecto, incluye una secuencia de aminoácidos que comprende los residuos 1 a 321 de la figura 3 (SEC ID No. 2). Una realización adicional de la presente invención está dirigida a un dominio extracelular aislado de un polipéptido PRO362 que comprende los aminoácidos 1 a X de la figura 3 (SEC ID No. 2), donde X es cualquier residuo de aminoácido de 271 a 280. Opcionalmente, el polipéptido PRO362 se obtiene o es obtenible mediante la expresión del polipéptido codificado por la inserción de ADNc del vector DNA45416-1251 depositado el 5 de febrero de 1998 como ATCC de No. de depósito 209620.

En otra realización, la presente invención proporciona moléculas quiméricas que comprenden un polipéptido PRO362 fusionado a un polipéptido o secuencia de aminoácidos heterólogos. Un ejemplo de dicha molécula quimérica comprende un polipéptido PRO362 fusionado a una secuencia de epítipo etiqueta o una región Fc de una inmunoglobulina.

En la presente invención también se describe un marcador de secuencia expresada (EST) que comprende las secuencias de nucleótidos identificadas como: DNA35936 (SEC ID No. 3) en la figura 4A, consen01 (SEC ID No. 4) en la figura 4B y consen02 (DNA42257) (SEC ID No. 5).

En otra realización, la presente invención proporciona un anticuerpo aislado que se une a un polipéptido PRO362. Dicho anticuerpo puede mimetizar la actividad de un polipéptido PRO362 (un anticuerpo agonista) o, a la inversa,

otro anticuerpo puede inhibir o neutralizar la actividad de un polipéptido PRO362 (anticuerpo antagonista). En otro aspecto, el anticuerpo es un anticuerpo monoclonal que preferiblemente contiene residuos de una región determinante de complementariedad (CDR) no humana y residuos de una región de estructura (FR) humana. El anticuerpo se puede marcar y/o inmovilizar sobre un soporte sólido. En un aspecto adicional, el anticuerpo se madura por afinidad, un fragmento de anticuerpo o un anticuerpo de cadena única. La presente invención también proporciona un anticuerpo anti-idiotípico que está dirigido a un anticuerpo anti-PRO362.

La presente invención puede ser útil en una composición que contiene un polipéptido PRO362 o un anticuerpo agonista o antagonista en una mezcla con un portador o excipiente. En un aspecto, la composición contiene una cantidad terapéuticamente eficaz del péptido o anticuerpo. En otro aspecto, cuando la composición contiene una molécula estimuladora de la inflamación, la composición es útil para: (a) aumentar la infiltración de células inflamatorias en un tejido de un mamífero con necesidad de ello, (b) estimular o potenciar una respuesta inmune en un mamífero con necesidad de ello, (c) aumentar la proliferación de linfocitos T en un mamífero con necesidad de ello en respuesta a un antígeno. En un aspecto adicional, cuando la composición contiene una molécula inhibidora inflamatoria, la composición es útil para: (a) disminuir la infiltración de células inflamatorias en un tejido de un mamífero con necesidad de ello, (b) inhibir o reducir una respuesta inflamatoria con necesidad de ello, o (c) disminuir la proliferación de linfocitos T en un mamífero con necesidad de ello en respuesta a un antígeno. En otro aspecto, la composición contiene un principio activo adicional, el cual puede ser, por ejemplo, un anticuerpo adicional o un agente citotóxico o quimioterapéutico. Preferiblemente, la composición es estéril.

La presente invención puede ser útil en la disposición de un ácido nucleico que codifica un anticuerpo anti-PRO362 y vectores y células huésped recombinantes que comprenden dicho ácido nucleico y en un procedimiento de producción de dicho anticuerpo mediante el cultivo de una célula huésped transformada con ácido nucleico que codifica el anticuerpo en condiciones tales que el anticuerpo se expresa y la recuperación del anticuerpo del cultivo celular.

## Breve descripción de los dibujos

La figura 1 muestra una comparación entre los polipéptidos codificados por el antígeno A33 (SEC. ID NO: 6), el DNA40628 (SEC. ID NO: 1), el DNA45416 (SEC. ID NO: 2), el DNA35638 (SEC. ID NO: 9) y JAM (SEC. ID NO: 10).

La figura 2 muestra la secuencia de aminoácidos derivada (SEC. ID NO: 1) de un polipéptido PRO301 de secuencia nativa. Este polipéptido tiene 299 aminoácidos de largo, teniendo una secuencia señal en el residuo 1 a 27, un dominio extracelular en el residuo 28 a aproximadamente 235, homología con la superfamilia de Ig en el residuo 94 a 235, un potencial dominio transmembrana en el residuo 236 a aproximadamente 258 y un dominio intracelular en aproximadamente el residuo 259 a 299.

La figura 3 muestra la secuencia de aminoácidos (SEC ID NO. 2) derivada de los nucleótidos 119-1081 de la secuencia de nucleótidos mostrada en las figuras 6A y 6B (DNA45416, SEC ID NO. 7). También se muestra en la figura 3 con líneas subrayadas las localizaciones de un sitio de glicosaminoglicano y un dominio transmembrana.

La figura 4A muestra el montaje de consenso DNA35936 (SEC ID NO. 3), y la figura 4B muestra consen01 (SEC ID NO. 4), que se utilizaron en el aislamiento de DNA40628.

La figura 4C muestra consen02 (DNA42257) (SEC ID NO. 5) que se utilizó en el aislamiento de DNA45416 (SEC ID NO. 7).

La figura 5 muestra la secuencia de nucleótidos de un ADNc de DNA40628 de secuencia nativa, que es un ADNc de PRO301 de secuencia nativa, también denominado como "UNQ264" y/o "DNA40628-1216".

Las figuras 6A y B muestran una secuencia de nucleótidos DNA45416 (SEC ID NO. 7) que es un ADNc de PRO362 de secuencia nativa, también denominado como "UNQ317" y/o "DNA45416-1251". También se observa la metionina iniciadora y la traducción de la proteína para un polipéptido PRO362 de longitud completa (SEC ID NO. 2).

La figura 7 muestra la secuencia de nucleótidos (SEC ID NO. 8) de un ADNc de PRO245 de secuencia nativa, donde la secuencia de nucleótidos se designa como "UNQ219" y/o "DNA35638".

La figura 8 muestra las secuencias de oligonucleótidos OLI2162 (35936.f1) (SEC ID NO. 12), OLI2163 (35936.pl) (SEC ID NO. 13), OLI2164 (35936.f2) (SEC ID NO. 14), OLI2165 (35936.r1) (SEC ID NO. 15), OLI2166 (35936.f3) (SEC ID NO. f6), OLI2167 (35936.r2) (SEC ID NO. 17), que se utilizaron en el aislamiento de DNA40628.

La figura 9 muestra una representación de doble cadena de DNA42257 (consen02) (SEC ID NO. 5) junto con las localizaciones de cinco cebadores de oligonucleótidos, mostrados subrayados, todas utilizadas en el aislamiento de DNA45416 (SEC ID NO. 7). Los oligonucleótidos representados son: 42257.f1 (SEC ID NO. 18), 42257.f2 (SEC ID NO. 19), 42257.r1 (SEC ID NO. 20), 42257.r2 (SEC ID NO. 21) y 42257.p1 (SEC ID NO. 22).

La figura 10 describe la puntuación, emparejamiento y porcentaje de homología en la alineación con Blast entre 2 fragmentos solapantes de DNA40628 y A33\_HUMAN, un precursor del antígeno A33 humano.

## ES 2 305 608 T3

La figura 10A compara el inicio de los residuos codificados en la posición de nucleótido 121 a 816 de DNA40628 (SEC ID NO. 23) con el inicio de los residuos codificados en los nucleótidos 17 a 284 de A33 HUMAN (SEC ID NO. 24); la figura 10B compara el inicio de los residuos codificados en los nucleótidos 112 a 810 (SEC ID NO. 25) con el inicio de los residuos codificados en los nucleótidos 12 a 284 (SEC ID NO. 26), respectivamente.

La figura 11 muestra la secuencia de aminoácidos derivada de un polipéptido PRO245 de secuencia nativa (SEC ID NO. 9) codificado por la secuencia de nucleótidos de la figura 7 (DNA35638, SEC ID NO. 8).

La figura 12 indica una identidad del 25,3% entre la secuencia de aminoácidos codificada por DNA40628 (SEC ID NO. 1) y el antígeno A33 (SEC ID NO. 6).

La figura 13 indica una identidad del 20,8% entre la secuencia de aminoácidos codificada por DNA45416 (SEC ID NO. 2) y el antígeno A33 (SEC ID NO. 6).

La figura 14 indica una identidad del 24,3% entre la secuencia de aminoácidos codificada por DNA35638 (SEC ID NO. 9) y el antígeno A33 (SEC ID NO. 6).

La figura 15 indica una identidad del 67,6% entre la secuencia de aminoácidos codificada por DNA40628 (SEC ID NO. 1) y JAM (SEC ID NO. 10).

La figura 16 indica una identidad del 23,3% entre la secuencia de aminoácidos codificada por DNA45416 (SEC ID NO. 2) y JAM (SEC ID NO. 10).

La figura 17 indica una identidad del 34,2% entre la secuencia de aminoácidos codificada por DNA35638 (SEC ID NO. 9) y JAM (SEC ID NO. 10).

La figura 18 indica una identidad del 26% entre la secuencia de aminoácidos codificada por el antígeno A33 (SEC ID NO. 6) y JAM (SEC ID NO. 10).

La figura 19 muestra los resultados del procedimiento de hibridación de transferencia de puntos descrito en el ejemplo 8.

La figura 20 muestra los resultados del ensayo de expresión del ARNm de Taqman descrito en el Ejemplo 9.

La figura 21 muestra la unión de la proteína codificada por DNA40628 a neutrófilos humanos tal como se describe en el ejemplo 7.

### Descripción detallada de las realizaciones preferentes

#### I. Definiciones

Los términos “PRO362”, o “polipéptido PRO362” y “antígeno asociado al cáncer” cuando se utiliza en la presente invención engloba a PRO362 de secuencia nativa y a las variantes del mismo (que más adelante también se definen en la presente). El PRO362 puede aislarse a partir de una serie de fuentes, tales como a partir de tipos de tejido humano o de alguna otra fuente, o prepararse mediante procedimientos de recombinación o sintéticos.

El término “enfermedad inflamatoria” significa una enfermedad en la que un componente del sistema inmune de un mamífero causa, media o de algún otro modo contribuye a una respuesta inflamatoria que contribuye a la morbilidad del mamífero. También se incluyen enfermedades en las que la estimulación o intervención de la respuesta inflamatoria tienen un efecto de mejora en la progresión de la enfermedad. Las enfermedades inflamatorias mediadas por el sistema inmune se incluyen dentro de este término.

El término enfermedad “mediada por células T” significa una enfermedad en la cual las células T directa o indirectamente median o de algún otro modo contribuyen a la morbilidad en un mamífero. La enfermedad mediada por células T puede estar asociada con efectos mediados por la célula, efectos mediados por linfocinas, etc. e incluso los efectos asociados con las células B, si las células B se estimulan, por ejemplo, mediante linfocinas secretadas por las células T.

Entre los ejemplos de enfermedades de tipo inmune e inflamatorias, algunas de las cuales están mediadas por células T, que pueden tratarse de acuerdo con la presente invención se incluyen: enfermedad inflamatoria del intestino, lupus eritematoso sistémico, artritis reumatoide, artritis crónica juvenil, espondiloartropatías, esclerosis sistémica (escleroderma), miopatías inflamatorias idiopáticas (dermatomiositis, polimiositis), síndrome de Sjörgen, vasculitis sistémica, sarcoidosis, anemia hemolítica autoinmune (pancitopenia inmune, hemoglobinuria paroxismal nocturna), trombocitopenia autoinmune (púrpura trombocitopénica idiopática, trombocitopenia mediada por el sistema inmune), tiroiditis (enfermedad de Graves, tiroiditis de Hashimoto, tiroiditis limfocítica juvenil, tiroiditis artrófica), diabetes mellitus, enfermedad renal mediada por el sistema inmune (glomerulonefritis, nefritis tubulointersticial), enfermedades desmielinizantes de los sistemas nerviosos central y periférico, tales como la esclerosis múltiple, polineuropatía idiopática, enfermedades hepato biliares tales como hepatitis infecciosas (hepatitis A, B, C, D, E y otros virus no

hepatotrópicos), hepatitis crónica activa autoinmune, cirrosis biliar primaria, hepatitis granulomatosa, y conlangitis esclerosante, enfermedades inflamatorias y fibróticas del pulmón (por ejemplo, fibrosis quística), enteropatía sensible al gluten, enfermedad de Whipple, enfermedades de piel autoinmune o mediadas por el sistema inmune, incluyendo las enfermedades de piel bullosa, eritema multiforme y dermatitis de contacto, psoriasis, enfermedades alérgicas del pulmón, tales como las neumonías eosinofílicas, fibrosis pulmonar idiopática y neumonitis por hipersensibilidad, enfermedades asociadas a trasplantes incluyendo el rechazo del injerto y la enfermedad de injerto contra huésped.

“Tumor”, tal y como se utiliza en la presente invención, se refiere a todo crecimiento y proliferación de células neoplásicas, ya sea maligno o benigno, y a todos los tejidos y células pre-cancerosos.

Los términos “cáncer” y “canceroso” se refieren o describen la condición fisiológica en mamíferos que se caracteriza habitualmente por un crecimiento celular no regulado. Entre los ejemplos de cáncer se incluyen, pero sin limitación, el carcinoma, el linfoma, el blastoma, el sarcoma y la leucemia, pero no se limita a éstos. Entre los ejemplos más particulares de dichos cánceres se incluyen el cáncer de mama, el cáncer de próstata, el cáncer de colon, el cáncer de células escamosas, el cáncer de pulmón de células pequeñas, el cáncer de pulmón de células no pequeñas, el cáncer gastrointestinal, el cáncer pancreático, el glioblastoma, el cáncer cervical, el cáncer de ovario, el cáncer de hígado, el cáncer de vejiga, el hepatoma, el cáncer colorrectal, el carcinoma endométrico, el carcinoma de glándulas salivares, el cáncer de riñón, el cáncer de hígado, el cáncer de vulva, el cáncer tiroidal, el carcinoma hepático y diversos tipos de cáncer de cabeza y cuello.

“Tratamiento” es una intervención realizada con la intención de evitar el desarrollo o alterar la patología de un trastorno. Por consiguiente, “tratamiento” se refiere tanto al tratamiento terapéutico como a las medidas profilácticas o preventivas. Entre los necesitados del tratamiento se incluyen aquellos que ya tienen el trastorno así como aquellos en los que se previene la enfermedad. En el tratamiento de una enfermedad de tipo inmune, un agente terapéutico puede aumentar o disminuir directamente la magnitud de la respuesta de un componente de la respuesta inmune, o volver la enfermedad más susceptible al tratamiento con otros agentes terapéuticos, por ejemplo, antibióticos, antimicóticos, agentes antiinflamatorios, quimioterapéuticos, etc.

La “patología” de una enfermedad relacionada con el sistema inmune incluye todo fenómeno que compromete el bienestar del paciente. Esto incluye, sin limitación, el crecimiento celular anormal o incontrolable (células neutrofílicas, eosinofílicas, monocíticas, linfocíticas), la producción de anticuerpos, la auto-producción de anticuerpos, la producción de complemento, la interferencia con el funcionamiento normal de las células vecinas, la liberación a niveles anormales de citoquinas u otros productos de secreción, la supresión o el empeoramiento de cualquier respuesta inflamatoria o inmunológica, la infiltración de células inflamatorias (neutrofílicas, eosinofílicas, monocíticas, linfocíticas) en los espacios celulares, etc.

El término “mamífero” tal y como se utiliza en la presente invención se refiere a cualquier mamífero clasificado como mamífero, incluyendo humanos, animales domésticos y de granja y animales de zoológico, de deporte, o de compañía, tales como caballos, cerdos, ganado, perros, gatos y hurones, etc. En una realización preferente de la presente invención, el mamífero es un hombre.

La administración “combinada con” uno o más agentes terapéuticos adicionales incluye administraciones simultáneas (concurrente) y consecutivas en cualquier orden.

El término “agente citotóxico” tal y como se utiliza en la presente invención se refiere a una sustancia que inhibe o impide la función de las células y/o provoca la destrucción de las células. El término pretende incluir isótopos radioactivos (por ejemplo  $I^{131}$ ,  $I^{125}$ ,  $Y^{90}$  y  $Re^{186}$ ), agentes quimioterapéuticos, y toxinas tales como las toxinas activadas enzimáticamente de origen bacteriano, micótico, vegetal o animal o fragmentos de las mismas.

Un “agente quimioterapéutico” es un compuesto útil en el tratamiento del cáncer. Entre los ejemplos de agentes quimioterapéuticos se incluyen la adriamicina, la doxorubicina, la epirubicina, el 5-fluorouracilo, el arabinósido de citosina (“Ara-C”), la ciclofosfamida, el tiotepa, el busulfano, la citoxina, los taxoides, por ejemplo el paclitaxel (Taxol®; Bristol-Myers Squibb Oncology, Princeton, N.J.) y el doxetaxel (Taxotere®, Rhéum; ne-Poulenc Roher, Antony, Francia), el toxotere, el metotrexato, el cisplatino, el malfalán, la vinblastina, la bleomicina, el etopósido, la ifosfamida, la mitomicina C., la mitoxantrona, la vincristina (Louvristina), la vinorelbina, el carboplatino, el tenipósido, la daunomicina, la carminomicina, la aminopterina, la dactinomicina, las mitomicinas, las esperamicinas (ver Patente de Estados Unidos N° 4.675.187), el melfalán, y otros gases de nitrógeno relacionados. También se incluyen en esta definición los agentes hormonales que actúan para regular o inhibir la acción hormonal en tumores, tales como el tamoxifeno y la onapristona.

Un “agente inhibidor del crecimiento” cuando se utiliza en la presente invención se refiere a un compuesto o una composición que inhibe el crecimiento de una célula, especialmente células cancerígenas que expresan o sobreexpresan cualquiera de los genes identificados en la presente invención, *in vitro* o *in vivo*. De este modo, el agente inhibidor del crecimiento es aquel que reduce significativamente el porcentaje de las células que expresan o sobreexpresan dichos genes en fase S. Algunos ejemplos de agentes inhibidores del crecimiento incluyen los agentes que bloquean la progresión del ciclo celular (en un punto diferente de la fase S), tales como agentes que inducen la interrupción de G1 y la interrupción de la fase M. Algunos bloqueadores clásicos de fase M incluyen los alcaloides vinca (vincristina y vinblastina), taxol e inhibidores topo II como por ejemplo doxorubicina, epirubicina, daunorubicina, etopósido, y



bleomicina. Los agentes que interrumpen G I también afectan la interrupción de la fase S, por ejemplo, agentes alquilantes de ADN, tales como por ejemplo tamoxifeno, prednisona, dacarbazina, mecloretamina, cisplatino, metotrexato, 5-fluorouracilo, y ara-C. Puede encontrarse más información en *The Molecular Basis of Cancer*, Mendelsohn y Israel, eds., Chapter 1, titulado "Cell cycle regulation, oncogens, and antineoplastic drugs" por Murakami *et al.*, (WB Saunders: filadelfia, 1995), especialmente la página 13.

El término "citoquina" es un término genérico para proteínas liberadas por una población de células que actúa sobre otra célula como mediadores intercelulares. Algunos ejemplos de dichas citoquinas son linfoquinas, monoquinas, y hormonas de polipéptidos tradicionales. Entre las citoquinas se incluyen hormonas del crecimiento, tales como hormona del crecimiento humano, hormona del crecimiento humano N-metionilo, y hormona de crecimiento bovino; hormona paratiroidal; tiroxina; insulina; proinsulina; relaxina; prorelaxina; hormonas de glicoproteínas, tales como hormona estimulante del folículo (FSH), hormona estimulante de la tiroides (TSH), y hormona luteínica (LH); factor de crecimiento hepático; factor de crecimiento de fibroblastos; prolactina; lactógeno placentario; factor  $\alpha$  y  $\beta$  de necrosis tumoral; sustancia inhibidora mulleriana; péptido asociado a gonadotropina de ratón; inhibina; activina; factor de crecimiento endotelial vascular; integrina; trombopoyetina (TPO); factores de crecimiento nervioso, tales como NGF- $\beta$ ; factor de crecimiento plaquetario; factores de crecimiento transformante (TGFs), tales como TGF- $\alpha$  y TGF- $\beta$ , factor de crecimiento I y II de tipo insulina; eritropoyetina (EPO); factores osteoinductivos; interferones, tales como interferón- $\alpha$ ,  $\beta$ , y  $\gamma$ ; factores estimulantes de colonias (CSFs), tales como macrófago-CSF (M-CSF); granulocito-macrófago-CSF (GM-CSF); y granulocito-CSF (G-CSF); interleuquinas (ILs), tales como IL-1, IL-1 $\alpha$ , IL-2, IL-3, IL-4, IL-5, IL-6, IL-7, IL-8, IL-9, IL-11, IL-12; un factor de necrosis tumoral, tal como TNF- $\alpha$  o TNF- $\beta$ , y otros factores de polipéptidos que incluyen LIF y ligando kit (LK). Tal y como se utiliza en la presente invención, el término citoquina incluye proteínas de fuentes naturales o de cultivos de células recombinantes y equivalentes biológicamente activos de las citoquinas de secuencia nativa.

"Cantidad terapéuticamente efectiva" es la cantidad de PRO245 activo o agonista que se requiere para conseguir una estimulación medible de la respuesta inflamatoria.

Una "PRO362 de secuencia nativa" comprende un polipéptido que tiene la misma secuencia de aminoácidos que un PRO362 derivado de la naturaleza. Dicho PRO362 de secuencia nativa se puede aislar de la naturaleza o se puede producir mediante medios recombinantes o sintéticos. El término "PRO362 de secuencia nativa" comprende específicamente formas naturales truncadas o secretadas de PRO362, respectivamente, (por ejemplo, una secuencia de dominio extracelular), formas variantes naturales (por ejemplo, formas de ajuste alternativas) y variantes alélicas naturales de PRO362.

En otra realización, el polipéptido PRO362 de secuencia nativa es un dominio extracelular de la proteína PRO362 de longitud completa que comprende los aminoácidos 1 a X de la secuencia de aminoácidos mostrada en la figura 3 (SEC ID No: 2), donde X es cualquier residuo de aminoácido de 271 a 280. Opcionalmente, el polipéptido PRO362 se obtiene o es obtenible mediante la expresión del polipéptido codificado por la inserción de ADNc del vector DNA45416-1251 depositado el 5 de febrero de 1998 como ATCC de No. de depósito 209620.

El "dominio extracelular de PRO362" o "ECD de PRO362" se refiere a una forma del polipéptido PRO362 que está esencialmente libre de los dominios transmembrana y citoplasmáticos de las respectivas moléculas de longitud completa. Normalmente, el ECD de PRO362 tendrá menos de un 15 de dichos dominios transmembrana y/o citoplasmáticos, y preferiblemente tendrá menos de un 0,5% de dichos dominios. Opcionalmente, el ECD del polipéptido PRO362 comprenderá los residuos de aminoácidos 1 a X de la figura 3 (SEC ID No. 2), donde x es cualquier aminoácido de 271 a 280. Se entenderá que cualquier dominio transmembrana identificado para los polipéptidos PRO362 de la presente invención se identifica según el criterio utilizado de forma rutinaria en la técnica para identificar ese tipo de dominio hidrofóbico. Los límites exactos de un dominio transmembrana pueden variar, pero más probablemente por no mas de aproximadamente 5 aminoácidos en cualquier extremo del dominio tal como se identificó inicialmente. Por consiguiente, el ECD del polipéptido PRO362 puede comprender opcionalmente los aminoácidos 1 a X de la figura 3 (SEC ID No. 2), donde x es cualquier residuo de aminoácido de 271 a 280 de la figura 3 (SEC ID No. 2).

"Variante de PRO362" significa un polipéptido PRO362 activo tal como se define posteriormente que tiene por lo menos aproximadamente un 80% de identidad en la secuencia de aminoácidos con el polipéptido PRO362 que tiene la secuencia de aminoácidos deducida mostrada en la figura 3 (SEC ID No: 2) para un polipéptido PRO362 de secuencia nativa de longitud completa. Dichas variantes de polipéptido PRO362 incluyen, por ejemplo, polipéptidos PRO362 en los que se añaden o eliminan uno o más residuos de aminoácidos en el extremo N-terminal o C-terminal de la secuencia de la figura 3 (SEC ID NO: 2). Normalmente, una variante de polipéptido PRO362 tendrá por lo menos aproximadamente un 80% de identidad en la secuencia de aminoácidos, preferiblemente por lo menos aproximadamente un 85% de identidad en la secuencia de aminoácidos, más preferiblemente por lo menos aproximadamente un 90% de identidad en la secuencia de aminoácidos e incluso más preferiblemente por los menos aproximadamente un 95% de identidad en la secuencia de aminoácidos con la secuencia de aminoácidos de la figura 3 (SEC ID NO: 2).

El "porcentaje (%) de identidad en la secuencia de aminoácidos" con respecto a las secuencias de PRO362 identificadas en la presente invención se define como el porcentaje de residuos de aminoácidos en una secuencia candidata que son idénticos con los residuos de aminoácidos en la secuencia de PRO362 después de la alineación de las secuencias y la introducción de espacios, si es necesario, para conseguir el máximo porcentaje de identidad en la secuencia, y sin considerar ninguna sustitución conservativa como parte de la identidad de la secuencia. La alineación con el objetivo

de determinar el porcentaje de identidad en la secuencia de aminoácidos se puede conseguir de varias maneras que están dentro de la técnica, por ejemplo, utilizando software informático disponible públicamente, tal como software BLAST, BLAST-2, ALIGN o Megalign (DNASTAR). Los expertos en la materia pueden determinar parámetros apropiados para medir la alineación, incluyendo cualquier algoritmo necesario para conseguir el máximo de alineamiento sobre la longitud completa de las secuencias que se comparan.

El “porcentaje (%) de identidad en la secuencia de ácidos nucleicos” con respecto a las secuencias que codifican PRO362 identificadas en la presente invención (DNA45416) se define como el porcentaje de nucleótidos en una secuencia candidata que son idénticos con los nucleótidos en la secuencia que codifica PRO362, respectivamente, después de la alineación de las secuencias y la introducción de espacios, si es necesario, para conseguir el máximo porcentaje de identidad en la secuencia. La alineación con el objetivo de determinar el porcentaje de identidad en la secuencia de ácidos nucleicos se puede conseguir de varias maneras que están dentro de la técnica, por ejemplo, utilizando software informático disponible públicamente, tal como software BLAST, BLAST-2, ALIGN o Megalign (DNASTAR). Los expertos en la materia pueden determinar parámetros apropiados para medir la alineación, incluyendo cualquier algoritmo necesario para conseguir el máximo de alineamiento sobre la longitud completa de las secuencias que se comparan.

El término “aislado” cuando se utiliza para describir los diversos polipéptidos descritos en la presente invención, significa polipéptidos que se han identificado y separado y/o recuperado a partir de un componente de su medio natural. Los componentes contaminantes de su medio natural son materiales que habitualmente interferirían con usos diagnósticos o terapéuticos para el polipéptido, y pueden incluir enzimas, hormonas y otros solutos proteínicos o no proteínicos. En realizaciones preferidas, se purificará el polipéptido (1) hasta un grado suficiente para obtener por lo menos 15 residuos de una secuencia de aminoácidos N-terminal o interna mediante la utilización de un secuenciador de copa giratoria, o (2) hasta una homogeneidad por SDS-PAGE en condiciones no reductoras o reductoras utilizando azul de Coomassie o, preferiblemente, tinción con plata. El polipéptido aislado incluye el polipéptido *in situ* en el interior de células recombinantes, ya que por lo menos un componente del medio natural de PRO301 no estará presente. Normalmente, sin embargo, el polipéptido aislado se preparará mediante por lo menos una etapa de purificación.

Una molécula de ácido nucleico “aislada” que codifica el polipéptido PRO362 es una molécula de ácido nucleico que se identifica y se separa de por lo menos una molécula de ácido nucleico contaminante con la que está normalmente asociada en el medio natural del ácido nucleico que codifica el polipéptido PRO362. Una molécula de ácido nucleico aislada que codifica el polipéptido PRO362 está en una forma o disposición diferente de la que se encuentra en la naturaleza. Por lo tanto, las moléculas de ácido nucleico aisladas que codifican el polipéptido PRO362 se distinguen de la molécula de ácido nucleico DNA40628 ya que existe en células naturales. Sin embargo, una molécula de ácido nucleico aislada que codifica el polipéptido PRO362 incluye moléculas de ácido nucleico que codifican el polipéptido PRO362 contenidas en células que normalmente expresan el polipéptido PRO362 que se codifica, cuando, por ejemplo, la molécula de ácido nucleico está en una localización cromosómica diferente de la de las células naturales.

El término “secuencias de control” se refiere a secuencias de ADN necesarias para la expresión de una secuencia codificante unida operativamente en un organismo huésped particular. Las secuencias de control que son adecuadas para procariontes incluyen, por ejemplo, un promotor, opcionalmente una secuencia operadora, y un sitio de unión a ribosoma. Se sabe que las células eucariotas utilizan promotores, señales de poliadenilación y potenciadores.

Un ácido nucleico está “unido operativamente” cuando está situado en una relación funcional con otra secuencia de ácidos nucleicos. Por ejemplo, el ADN para una presecuencia o secuencia líder secretora está unido operativamente a ADN para un polipéptido si se expresa como una preproteína que participa en la secreción del polipéptido; un promotor o potenciador está unido operativamente a una secuencia codificante si afecta a la transcripción de la secuencia; o un sitio de unión a ribosoma está unido operativamente a una secuencia codificante si está situado para facilitar la traducción. Generalmente, “unido operativamente” significa que las secuencias de ADN que se unen están contiguas y, en el caso de una secuencia líder secretora, contiguas y en fase de lectura. Sin embargo, los potenciadores no tienen que estar contiguos. La unión se realiza mediante la unión en los sitios de restricción convenientes. Si dichos sitios no existen, los adaptadores o enlazadores de oligonucleótidos sintéticos se utilizan según la práctica convencional.

El término “anticuerpo” se utiliza en el sentido más amplio y cubre específicamente, por ejemplo, anticuerpos monoclonales anti-PRO363 individuales (incluyendo agonista, antagonista, y anticuerpos neutralizantes) y composiciones de anticuerpo anti-PRO362 con especificidad poliepitópica. El término “anticuerpo monoclonal”, tal y como se utiliza en la presente invención, se refiere a un anticuerpo obtenido de una población de anticuerpos sustancialmente homogéneos, es decir, los anticuerpos individuales que comprenden la población son idénticos a excepción de posibles mutaciones naturales que pueden estar presentes en pequeñas cantidades.

“Activo” o “actividad” para los objetivos de la presente invención se refiere a una forma o formas de PRO362 que retienen las actividades biológica y/o inmunológica de PRO362 nativo o natural. Una actividad preferida es la capacidad de unirse y afectar, por ejemplo bloquear o en cualquier caso modular, una actividad de unión a antígeno. La actividad implica preferiblemente la regulación, actividad del cáncer y/o antígenos asociados a virus.

La “astringencia” de las reacciones de hibridación se puede determinar fácilmente por un experto habitual en la materia, y generalmente es un cálculo empírico dependiente de la longitud de la sonda, la temperatura de lavado, y la concentración de sal. En general, sondas más largas requieren temperaturas más elevadas para una hibridación más

correcta, mientras que sondas más cortas necesitan temperaturas más bajas. La hibridación depende generalmente de la capacidad del ADN desnaturalizado para rehibridarse cuando las cadenas complementarias están presentes en un medio por debajo de su temperatura de fusión. Cuanto mayor es el grado de homología deseada entre la sonda y la secuencia de hibridación, mayor es la temperatura relativa que se puede utilizar. Como resultado, se deduce que temperaturas relativas superiores tenderían a hacer las condiciones de reacción más astringentes, mientras que temperaturas inferiores no tanto. Para detalles adicionales y explicaciones de la astringencia de las reacciones de hibridación, ver Ausubel y otros, *Current Protocols in Molecular Biology*, Wiley Interscience Publishers, (1995).

“Condiciones astringentes” o “condiciones de astringencia elevada”, tal y como se definen en la presente invención, se pueden identificar por aquellas que: (1) utilizan una fuerza iónica baja y una temperatura elevada para el lavado, por ejemplo, cloruro sódico 0,015 M/citrato sódico 0,0015 M/dodecil sulfato sódico al 0,1% a 50°C; (2) utilizan durante la hibridación un agente desnaturalizante, tal como formamida, por ejemplo, formamida al 50% (v/v) con albúmina de suero bovino al 0,1%/Ficol al 0,1%/polivinilpirrolidona al 0,1%/tampón de fosfato sódico 50 mM a pH 6,5 con cloruro sódico 750 mM, citrato sódico 75 mM a 42°C; o (3) utilizan formamida al 50%, 5 x SSC (NaCl 0,75 M, citrato sódico 0,075 M), fosfato sódico 50 mM (pH 6,8), pirofosfato sódico al 0,1%, 5 x solución de Denhardt, ADN de esperma de salmón sonificado (50 µg/ml), SDS al 0,1% y sulfato de dextrano al 10% a 42°C, con lavados a 42°C en 0,2 x SSC (cloruro sódico/citrato sódico) y formamida al 50% a 55°C, seguido de un lavado de astringencia elevada que consiste en 0,1 x SSC que contiene EDTA a 55°C.

Las “condiciones moderadamente astringentes” se pueden identificar tal y como se describen en Sambrook y otros, *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, Nueva York: Cold Spring Harbor Press, 1989, e incluye la utilización de una solución de lavado y condiciones de hibridación (por ejemplo, temperatura, fuerza iónica y % de SDS) menos astringentes que las descritas anteriormente. Un ejemplo de condiciones moderadamente astringentes es la incubación durante toda la noche a 37°C en una solución que comprende: formamida al 20%, 5 x SSC (NaCl 150 mM, citrato sódico 15 mM), fosfato sódico 50 mM (pH 7,6), 5 x solución de Denhardt, sulfato de dextrano al 10%, y ADN de esperma de salmón fragmentado desnaturalizado 20 mg/ml, seguido del lavado de los filtros en 1 x SSC a aproximadamente 37-50°C. El experto en la materia sabrá cómo ajustar la temperatura, la fuerza iónica, etc. según sea necesario para acomodar factores, tales como la longitud de la sonda y similares.

El término “epítipo etiquetado” cuando se utiliza en la presente invención se refiere a un polipéptido quimérico que comprende un polipéptido de la presente invención fusionado a un “polipéptido etiqueta”. El polipéptido etiqueta tiene residuos suficientes para proporcionar un epítipo contra el que se puede fabricar un anticuerpo, aunque es suficientemente corto de manera que no interfiere en la actividad del polipéptido al que se fusiona. El polipéptido etiqueta es también preferiblemente bastante único, de manera que el anticuerpo sustancialmente no reacciona de forma cruzada con otros epítipos. Los polipéptidos etiqueta adecuados tienen generalmente por lo menos seis residuos de aminoácidos y habitualmente entre aproximadamente 8 y 50 residuos de aminoácidos (preferiblemente, entre aproximadamente 10 y 20 residuos de aminoácidos).

“Activo” o “actividad” en el contexto de variantes del polipéptido de la presente invención se refiere a forma o formas de proteínas de la presente invención que retienen las actividades biológica y/o inmunológica de un polipéptido nativo o natural de la presente invención.

“Actividad biológica” en el contexto de un anticuerpo u otra molécula que se pueden identificar mediante los ensayos de cribado descritos en la presente invención (por ejemplo, una molécula pequeña orgánica o inorgánica, péptido, etc.) se utiliza para referirse a la capacidad de dichas moléculas de inducir o inhibir la infiltración de células inflamatorias en un tejido, de estimular o inhibir la proliferación de células T y de estimular o inhibir la liberación de linfocitos por las células. Otra actividad preferida es el aumento de la permeabilidad vascular o la inhibición de la misma.

El término “antagonista” se utiliza en el sentido más amplio, e incluye cualquier molécula que parcial o totalmente bloquea, inhibe o neutraliza una actividad biológica de un polipéptido nativo descrito en la presente invención. De forma similar, el término “agonista” se utiliza en el sentido más amplio e incluye cualquier molécula que imita una actividad biológica de un polipéptido nativo descrito en la presente invención. Entre las moléculas agonistas o antagonistas adecuadas se incluyen específicamente anticuerpos o fragmentos de anticuerpos, fragmentos o variantes de secuencias de aminoácidos de polipéptidos nativos de la presente invención, péptidos, pequeñas moléculas orgánicas, etc., agonistas o antagonistas.

Una “molécula pequeña” se define en la presente invención como una molécula que tiene un peso molecular inferior a aproximadamente 600 daltons.

“Anticuerpos” (Abs) e “inmunoglobulinas” (Igs) son glicoproteínas que tienen las mismas características estructurales. Mientras los anticuerpos muestran especificidad de unión a un antígeno específico, las inmunoglobulinas incluyen tanto anticuerpos como otras moléculas de tipo anticuerpo que carecen de la especificidad de antígeno. Los polipéptidos del último tipo se producen, por ejemplo, a niveles bajos mediante el sistema linfático y a niveles elevados mediante mielomas. El término “anticuerpo” se utiliza en el sentido más amplio y cubre especialmente, sin limitación, anticuerpos monoclonales intactos, anticuerpos policlonales, anticuerpos multiespecíficos (por ejemplo, anticuerpos biespecíficos) formados a partir de por lo menos dos anticuerpos intactos, y fragmentos de anticuerpos siempre y cuando muestren la actividad biológica deseada.

“Anticuerpos nativos” e “inmunoglobulinas nativas” son glicoproteínas habitualmente heterotetraméricas de aproximadamente 150.000 daltons, compuestos de dos cadenas ligeras (L) idénticas y dos cadenas pesadas (H) idénticas. Cada cadena ligera está unida a una cadena pesada mediante un puente disulfuro covalente, mientras que el número de uniones disulfuro varía entre las cadenas pesadas de diferentes isotipos de inmunoglobulinas. Cada cadena pesada y ligera también tiene puentes disulfuros entre cadenas espaciados de forma regular. Cada cadena pesada tiene en un extremo un dominio variable ( $V_H$ ) seguido de un conjunto de dominios constantes. Cada cadena ligera tiene un dominio variable en un extremo ( $V_L$ ) y un dominio constante ( $V_H$ ) en su otro extremo; el dominio constante de la cadena ligera está alineado con el primer dominio constante de la cadena pesada, y el dominio variable de la cadena ligera está alineado con el dominio variable de la cadena pesada. Se cree que hay residuos de aminoácidos concretos que forman una interfase entre los dominios variables de cadena ligera y pesada.

El término “variable” se refiere al hecho de que ciertas partes de los dominios variables difieren ampliamente en la secuencia entre anticuerpos y se utilizan en la unión y especificidad de cada anticuerpo particular para su antígeno particular. Sin embargo, la variabilidad no está distribuida uniformemente a lo largo de los dominios variables de los anticuerpos. Está concentrada en tres segmentos denominados regiones determinantes de complementariedad (CDRs) o regiones hipervariables en los dominios variables tanto de la cadena ligera como de la cadena pesada. Las partes más altamente conservadas de dominios variables se denominan estructura (“framework”) (FR). Los dominios variables de cadenas ligeras y pesadas nativas comprenden cada uno cuatro regiones FR, que adoptan ampliamente una configuración de lámina beta, conectadas mediante tres CDRs, que forman bucles que conectan, y en algunos casos forman parte de, la estructura de lámina beta. Las CDRs en cada cadena se mantienen juntas de manera próxima mediante las regiones FR y, con las CDRs de la otra cadena, contribuyen a la formación del sitio de unión a antígeno de los anticuerpos (ver Rabat *et al.*, *NIH Publ. No.* 91-3142, Vol. 1, páginas 647-669 (1991)). Los dominios constantes no están implicados directamente en la unión de un anticuerpo a un antígeno, pero muestran varias funciones efectoras, tales como la participación del anticuerpo en la toxicidad celular dependiente de anticuerpo.

El término “fragmentos de anticuerpo” comprende una porción de un anticuerpo intacto, preferiblemente la región de unión a antígeno o la región variable del anticuerpo intacto. Algunos ejemplos de fragmentos de anticuerpo incluyen fragmentos Fab, Fab', F(ab')<sub>2</sub>, y Fv; diácuerpos; anticuerpos lineales (Zapata *et al.*, *Protein Eng.*, 8(10): 1057-1062 [1995]); moléculas de anticuerpos de cadena única; y anticuerpos multiespecíficos formados a partir de fragmentos de anticuerpos.

La digestión de anticuerpos con papaína produce dos fragmentos de unión a antígeno idénticos, denominados fragmentos “Fab”, cada uno de los cuales posee un único sitio de unión a antígeno, y un fragmento “Fc” residual. La designación “Fc” refleja la capacidad de cristalizar fácilmente. El tratamiento con pepsina produce un fragmento F(ab')<sub>2</sub> que tiene dos sitios de combinación de antígeno y que incluso es capaz de entrecruzar el antígeno.

“Fv” es el fragmento de anticuerpo mínimo que contiene un sitio completo de reconocimiento y unión a antígeno. Esta región consiste en un dímero de un dominio variable de cadena pesada- y uno de cadena ligera- en asociación estrecha no covalente. Es en esta configuración que las tres CDRs de cada dominio variable interaccionan para definir un sitio de unión a antígeno sobre la superficie del dímero VH-VL. Colectivamente, las seis CDRs confieren especificidad de unión a antígeno al anticuerpo. Sin embargo, incluso un solo dominio variable (o la mitad de un Fv que comprende sólo tres CDRs específicas para antígeno) tiene la capacidad de reconocer y unirse a antígeno, aunque a una menor afinidad que el sitio de unión completo.

El fragmento Fab contiene también el dominio constante de la cadena ligera y el primer dominio constante (CH1) de la cadena pesada. Los fragmentos Fab' difieren de los fragmentos Fab en la adición de unos pocos residuos en el extremo carboxi terminal del dominio de la cadena pesada CH1, incluyendo una o más cisteínas de la región de la bisagra del anticuerpo. Fab'-SH es la designación en la presente invención para Fab' en el cual el residuo o residuos de cisteína de los dominios constantes portan un grupo tiol libre. Los fragmentos de anticuerpo F(ab')<sub>2</sub> se produjeron originalmente como pares de fragmentos Fab' que tiene cisteínas bisagra entre ellos. También se conocen otros acoplamientos químicos de fragmentos de anticuerpo.

Las “cadenas ligeras” de anticuerpos (inmunoglobulinas) de cualquier especie vertebrada pueden asignarse a uno entre dos tipos claramente diferentes, denominados kappa ( $\kappa$ ) y lambda ( $\lambda$ ), en base a las secuencias de aminoácidos de sus dominios constantes.

Dependiendo de la secuencia de aminoácidos del dominio constante de sus cadenas pesadas, las inmunoglobulinas pueden asignarse a clases diferentes. Existen cinco clases principales de inmunoglobulinas: IgA, IgD, IgE, IgG e IgM y varias de ellas pueden dividirse a su vez en subclases (isotipos), por ejemplo, IgG1, IgG2, IgG3, IgG4, IgA e IgA2. Los dominios constantes de cadena pesada que corresponden a las diferentes clases de inmunoglobulinas se denominan  $\alpha$ ,  $\delta$ ,  $\epsilon$ ,  $\gamma$ , y  $\mu$ , respectivamente. Las estructuras de las subunidades y las configuraciones tridimensionales de las diferentes clases de inmunoglobulinas son bien conocidas.

El término “anticuerpo monoclonal” tal y como se utiliza en la presente invención se refiere a un anticuerpo obtenido de una población de anticuerpos sustancialmente homogéneos, es decir, los anticuerpos individuales que comprenden la población son idénticos a excepción de posibles mutaciones naturales que pueden estar presentes en cantidades menores. Los anticuerpos monoclonales son altamente específicos, dirigiéndose contra un sitio antigénico único. Además, a diferencia de preparaciones de anticuerpos convencionales (policlonales) que incluyen habitualmen-

te diferentes anticuerpos dirigidos contra determinantes (epítomos) diferentes, cada anticuerpo monoclonal se dirige contra un determinante único en el antígeno. Además de su especificidad, los anticuerpos monoclonales son ventajosos en que se sintetizan mediante el cultivo de hibridomas, sin estar contaminados por otras inmunoglobulinas. El modificador “monoclonal” indica el carácter del anticuerpo por obtenerse a partir de una población sustancialmente homogénea de anticuerpos, y no debe interpretarse que se requiere la producción del anticuerpo mediante cualquier procedimiento particular. Por ejemplo, los anticuerpos monoclonales a utilizar según la presente invención, se pueden fabricar mediante el método del hibridoma descrito por primera vez por Kohler *et al.*, *Nature*, 256:495 (1975), o se puede fabricar mediante procedimientos de ADN recombinante (véase, por ejemplo, la Patente de Estados Unidos No. 4.816.567). Los “anticuerpos monoclonales” también se pueden aislar de las bibliotecas de fagos-anticuerpos fagos utilizando las técnicas descritas en Clackson *et al.*, *Nature*, 352: 624-628 (1991) y Marks *et al.*, *J. Mol. Biol.*, 222: 581-597 (1991), por ejemplo. Véase también las Patentes de Estados Unidos Nos. 5.750.373, 5.571.698, 5.403.484 y 5.223.409 que describen la preparación de anticuerpos utilizando fagémidos y vectores tipo fago.

Entre los anticuerpos monoclonales de la presente invención se incluyen específicamente anticuerpos “quiméricos” (inmunoglobulinas) en los que una parte de la cadena pesada y/o ligera es idéntica con u homóloga a las secuencias correspondientes en anticuerpos derivados de una especie particular o que pertenece a una clase o subclase de anticuerpo particular, mientras que el resto de cadena o cadenas es idéntico con u homólogo a las secuencias correspondientes en anticuerpos derivados de otras especies o que pertenece a otra clase o subclase de anticuerpo, así como fragmentos de dichos anticuerpos, siempre y cuando muestren la actividad biológica deseada (Patente de Estados Unidos No. 4.816.567; Morrison *et al.*, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 81: 6851-6855 (1984)).

Las formas “humanizadas” de anticuerpos no humanos (por ejemplo, murinos) son inmunoglobulinas quiméricas, cadenas de inmunoglobulinas o fragmentos de las mismas (tales como Fv, Fab, Fab', F(ab')<sub>2</sub> u otras subsecuencias de unión a antígeno de anticuerpos) que contienen una secuencia mínima derivada de inmunoglobulina no humana. Para la mayor parte, los anticuerpos humanizados son inmunoglobulinas humanas (anticuerpo receptor) en que varios o todos los residuos de una región determinante de la complementariedad (CDR) del receptor se sustituyen por residuos de una CDR de una especie no humana (anticuerpo dador), tal como ratón, rata o conejo que tienen la especificidad, afinidad y capacidad deseadas. En algunos casos, ciertos residuos de la región de estructura (FR) de Fv de la inmunoglobulina humana también se pueden sustituir por los correspondientes residuos no humanos. Además, los anticuerpos humanizados pueden comprender residuos que no se encuentran ni en el anticuerpo receptor ni en las secuencias de CDR o estructura importadas. Estas modificaciones se realizan para refinar adicionalmente y optimizar la acción del anticuerpo. En general, el anticuerpo humanizado comprenderá sustancialmente todos de, como mínimo, uno, y habitualmente dos, dominios variables, en que todas o sustancialmente todas las regiones CDR corresponden a aquellas de las de una inmunoglobulina no humana y todas o sustancialmente todas las regiones FR son aquellas de una secuencia de inmunoglobulina humana. El anticuerpo humanizado también comprenderá óptimamente, como mínimo, una parte de una región constante (Fc) de inmunoglobulina, habitualmente la de una inmunoglobulina humana. Para más detalles, véase Jones *et al.*, *Nature*, 321: 522-525 (1986), Reichmann *et al.*, *Nature* 332: 323-329 (1988); y Presta, *Curr. Op. Struct. Biol.*, 2: 593-596 (1992). El anticuerpo humanizado incluye un anticuerpo “primatizado” en el que la región de unión a antígeno del anticuerpo se deriva de un anticuerpo producido mediante la inmunización de monos macaco con el antígeno de interés. Los anticuerpos que contienen residuos de monos del Viejo Mundo también son posibles en la presente invención. Véase, por ejemplo, las Patentes de Estados Unidos Nos. 5.658.570; 5.693.780; 5.681.722; 5.750.105 y 5.756.096.

Los fragmentos de anticuerpo “Fv de cadena única” o “sFv” comprenden los dominios V<sub>H</sub> y V<sub>L</sub> del anticuerpo, en los que estos dominios están presentes en una única cadena de polipéptido. Preferiblemente, el polipéptido Fv comprende además un polipéptido enlazador entre los dominios V<sub>H</sub> y V<sub>L</sub> que permite que el sFv forme la estructura deseada para la unión a antígeno. Para una revisión de sFv ver Pluckthun en *The Pharmacology of Monoclonal Antibodies*, vol. 113, Rosenberg y Moore eds., Springer-Verlag, Nueva York, pp. 269-315 (1994).

El término “diacuerpos” se refiere a pequeños fragmentos de anticuerpos con dos sitios de unión a antígeno, cuyos fragmentos comprenden un dominio variable de cadena pesada (V<sub>H</sub>) conectado a un dominio variable de cadena ligera (V<sub>L</sub>) en la misma cadena de polipéptido (V<sub>H</sub> - V<sub>L</sub>). Utilizando un enlazador que es demasiado corto para permitir el emparejamiento entre los dos dominios en la misma cadena, los dominios son forzados a emparejarse con los dominios complementarios de otra cadena y crean dos sitios de unión a antígeno. Los diacuerpos se describen más detalladamente en, por ejemplo, EP 404.097; WO 93/11161; y Hollinger *et al.*, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 90: 6444-6448 (1993).

Un anticuerpo “aislado” es uno que se ha identificado y separado y/o recuperado a partir de un componente de su medio natural. Los componentes contaminantes de su medio natural son materiales que interferirían con las utilidades de diagnóstico y terapéuticas del anticuerpo, y pueden incluir enzimas, hormonas, y otros solutos proteínicos y no proteínicos. En realizaciones preferidas, el compuesto de la presente invención se purificará (1) hasta más de un 95% en peso del compuesto según se determina por el método de Lowry, y más preferiblemente más de un 99% en peso, (2) hasta un grado suficiente para obtener por lo menos 15 residuos de secuencia de aminoácidos N-terminal o interna mediante la utilización de un secuenciador de copa giratoria, o (3) hasta la homogeneidad mediante SDS-PAGE en condiciones reductoras o no reductoras utilizando azul de Coomassie o, preferiblemente, tinción con plata. El compuesto aislado, por ejemplo, anticuerpo o polipéptido, incluye el compuesto *in situ* dentro de las células recombinantes ya que por lo menos un componente del medio natural del compuesto no estará presente. Normalmente, sin embargo, el compuesto aislado se preparará mediante por lo menos una etapa de purificación.

La palabra “marcador” cuando se utiliza en la presente invención se refiere a un compuesto o composición detectable que se conjuga directa o indirectamente al compuesto, por ejemplo, anticuerpo o polipéptido, para generar un compuesto “marcado”. El “marcador” puede ser detectable por sí mismo (por ejemplo, marcadores radioisótopos o marcadores fluorescentes) o, en el caso de un marcador enzimático, puede catalizar la alteración química de un compuesto o composición sustrato que es detectable.

Por “fase sólida” se entiende una matriz no acuosa a la que se puede adherir el compuesto de la presente invención. Entre los ejemplos de fases sólidas que se engloban en la presente invención se incluyen las formadas parcial o totalmente de cristal (por ejemplo, cristal de poro controlado), polisacáridos (por ejemplo, agarosa), poliacrilamidas, poliestireno, polivinilalcohol y siliconas. En ciertas realizaciones, dependiendo del contexto, la fase sólida puede comprender el pocillo de una placa de ensayo; en otras es una columna de purificación (por ejemplo, una columna de cromatografía de afinidad). Este término también incluye una fase sólida discontinua de partículas discretas, tales como las descritas en la Patente de Estados Unidos No. 4.275.149.

Un “liposoma” es una vesícula pequeña compuesta de varios tipos de lípidos, fosfolípidos y/o tensoactivos que es útil para la liberación de un fármaco (tal como los anticuerpos anti-ErbB2 descritos en la presente invención y, opcionalmente, un agente quimioterapéutico) a un mamífero. Los componentes del liposoma se disponen habitualmente en una formación de bicapa, similar a la disposición de los lípidos de las membranas biológicas.

Tal y como se utiliza en la presente invención, el término “inmunoadhesina” designa moléculas de tipo anticuerpo que combinan la especificidad de unión de una proteína heteróloga (una “adhesina”) con las funciones efectoras de dominios constantes de inmunoglobulina. Estructuralmente, las inmunoadhesinas comprenden una fusión de una secuencia de aminoácidos con la especificidad de unión deseada que es otra aparte del reconocimiento y sitio de unión a antígeno de un anticuerpo (es decir, es “heterólogo”), y una secuencia de dominio constante de inmunoglobulina. La parte de adhesina de una molécula de inmunoadhesina habitualmente es una secuencia de aminoácidos contigua que comprende por lo menos el sitio de unión de un receptor o un ligando. La secuencia del dominio constante de inmunoglobulina en la inmunoadhesina se puede obtener a partir de cualquier inmunoglobulina, tal como los subtipos IgG-1, IgG-2, IgG-3 o IgG-4, IgA (incluyendo IgA-1 e IgA-2), IgE, IgD o IgM.

## II. Composiciones y procedimientos de la invención

### A. Preparación de los polipéptidos PRO362

#### 1. Polipéptidos PRO362 de longitud completa

La presente solicitud identifica y aísla secuencias de nucleótidos que codifican polipéptidos a los que se hace referencia en la presente solicitud como PRO301, PRO362 o PRO245. En particular, los Solicitantes han identificado y aislado ADNc que codifica un polipéptido PRO301, PRO362 o PRO245, tal y como se describe con mayor detalle en los Ejemplos siguientes. Utilizando los programas informáticos de alineación de secuencias BLAST y FastA, los solicitantes hallaron que PRO301 de secuencia nativa de longitud completa (figura 2, SEC ID No: 1), PRO362 (figura 3, SEC ID No: 2) y PRO245 (figura 11, SEC ID No: 9) tienen una homología significativa tanto para antígeno A33 como JAM. (Véase las figuras 1, 12-18). Por consiguiente, actualmente se cree que PRO362, descrito en la presente solicitud, es un miembro recientemente identificado de la familia de proteínas del antígeno A33 y se puede asociar con trastornos inflamatorios, tales como la enfermedad inflamatoria del intestino, así como enfermedades neoplásicas humanas, tales como cáncer colorrectal.

#### 2. Variantes de PRO262

Además del PRO362 de secuencia nativa de longitud completa descrita en la presente invención, se contempla que se pueden preparar variantes de PRO362. Las variantes de PRO362 se pueden preparar introduciendo cambios de nucleótidos apropiados en el ADN de PRO362, respectivamente, o mediante la síntesis de los polipéptidos PRO362 deseados. Los expertos en la materia entenderán que los cambios de aminoácidos pueden alterar los procedimientos post-traduccionales del PRO362, tales como el cambio del número o la posición de los sitios de glicosilación o la alteración de las características de anclamiento a la membrana.

Las variaciones en el PRO362 de secuencia nativa de longitud completa o en varios dominios del PRO362 descritos en la presente invención, se pueden realizar, por ejemplo, utilizando cualquiera de las técnicas y directrices para mutaciones conservativas y no conservativas establecidas, por ejemplo, en la Patente de Estados Unidos 5.364.934. Las variaciones pueden ser una sustitución, una delección o una inserción de uno o más codones que codifican el PRO362 que dan lugar a un cambio en la secuencia de aminoácidos del PRO362 en comparación con el PRO362 de secuencia nativa. Opcionalmente, la variación es por sustitución de por lo menos un aminoácido por cualquier otro aminoácido en uno o más de los dominios del PRO362. Al determinar qué residuo de aminoácido se puede insertar, sustituir o eliminar sin afectar de forma adversa la actividad deseada, se puede encontrar una guía mediante la comparación de la secuencia del PRO362 con la de las moléculas de proteínas conocidas homólogas y minimizando el número de cambios en la secuencia de aminoácidos realizadas en regiones con elevada homología. Las sustituciones de aminoácidos pueden ser el resultado de la sustitución de un aminoácido por otro aminoácido que tiene una estructura y/o propiedades químicas similares, tales como la sustitución de una leucina por una serina, es decir, sustituciones de aminoácidos conservativos.

Las inserciones o deleciones pueden estar opcionalmente en el intervalo de aproximadamente 1 a 5 aminoácidos. La variación permitida se puede determinar realizando de forma sistemática inserciones, deleciones o sustituciones de aminoácidos en la secuencia y probando las variantes resultantes para la actividad en el ensayo *in vitro* descrito en los Ejemplos siguientes.

Las variaciones se pueden realizar utilizando procedimientos conocidos en la técnica tales como la mutagénesis mediada por oligonucleótidos (dirigida de sitio), el rastreo de alanina, y mutagénesis por PCR. Para producir el ADN de variante de PRO245 se puede llevar a cabo sobre el ADN clonado una mutagénesis dirigida de sitio [Carter *et al.*, *Nucl. Acids. Res.*, 13: 4331 (1986); Zoller *et al.*, *Nucl. Acids. Res.*, 10: 6487 (1987)], mutagénesis de cassette [Wells *et al.*, *Gene*, 34 315 (1985)], mutagénesis de selección de restricción [Wells *et al.*, *Philos. Trans. R. Soc. London SerA*, 317:415 (1986)] u otras técnicas conocidas.

El análisis de aminoácidos por rastreo también se puede realizar para identificar uno o más aminoácidos a lo largo de una secuencia contigua. Entre los aminoácidos de rastreo preferidos están los aminoácidos neutros relativamente pequeños. Entre dichos aminoácidos se incluyen alanina, glicina, serina y cisteína. La alanina es habitualmente un aminoácido de rastreo preferido entre este grupo ya que elimina la cadena lateral más allá del carbono beta y es menos probable que altere la conformación de la cadena principal de la variante. La alanina es también habitualmente preferida ya que es el aminoácido más habitual. Además, se encuentra frecuentemente tanto en posiciones escondidas como expuestas [Creighton, *The Proteins*, (W.H. Freeman and Co., N.Y.), Chothia, *J. Mol. Biol.*, 150:1 (1976)]. Si la sustitución de alanina no produce cantidades adecuadas de variante, se puede utilizar un aminoácido isotérico.

### 3. Modificaciones de PRO362

Las modificaciones covalentes de PRO362 están incluidas en el alcance de la presente invención. Un tipo de modificación covalente incluye la reacción de residuos de aminoácidos marcados del PRO362 con un agente derivatizante orgánico que es capaz de reaccionar con cadenas laterales seleccionadas o los residuos N- o C-terminales del PRO362. La derivatización con agentes bifuncionales es útil, por ejemplo, para reticular PRO326 con una matriz o superficie de soporte insoluble en agua para su utilización en el procedimiento para purificar anticuerpos, y viceversa. Entre los agentes de reticulación utilizados habitualmente se incluyen, por ejemplo, 1,1-bis(diazoacetil)-2-feniletano, glutaraldehído, ésteres de N-hidroxisuccinimida, por ejemplo, ésteres con ácido 4-azido salicílico, imidoésteres homobifuncionales, incluyendo ésteres disuccinimidílicos, tales como 3,3'-ditiobis(succinimidilpropionato), maleimidas bifuncionales, tales como bis-N-maleimido-1,8-octano y agentes, tales como metil-3-[(p-azidofenil)ditio]propioimidato.

Otras modificaciones incluyen la desamidación de residuos glutamínico y asparagínico a los correspondientes residuos glutámico y aspartico, respectivamente, la hidroxilación de prolina y lisina, fosforilación de grupos hidroxilo de residuos de serina o treonina, metilación de los grupos  $\alpha$ -amino de las cadenas laterales de lisina, arginina e histidina [T.E. Creighton, *Proteins: Structure and Molecular Properties*, W.H. Freeman & Co., San Francisco, páginas 79-86 (1983)], acetilación de la amina N-terminal, y la amidación de cualquier grupo carboxilo C-terminal.

Otro tipo de modificación covalente del polipéptido PRO362 incluido en el alcance de la presente invención comprende la alteración del patrón de glicosilación nativo del polipéptido. Por "alteración del patrón de glicosilación nativo" para los objetivos de la presente invención se pretende indicar la eliminación de uno o más grupos carbohidratos hallados en PRO362 de secuencia nativa y/o la adición de uno o más sitios de glicosilación que no están presentes en el PRO362 de secuencia nativa y/o la alteración de la proporción y/o composición de los residuos azúcares unidos al sitio o sitios de glicosilación.

La adición de sitios de glicosilación al polipéptido PRO362 se puede realizar alterando la secuencia de aminoácidos. La alteración se puede realizar, por ejemplo, mediante la adición de, o la sustitución por, uno o más residuos de serina o treonina en el PRO362 de secuencia nativa (para sitios de glicosilación unidos a O). La secuencia de aminoácidos de PRO362 puede alterarse opcionalmente a través de los cambios a nivel de ADN, particularmente mediante la mutación del ADN que codifica el polipéptido PRO362 en bases preseleccionadas, de manera que los codones que se generan se traducirán en los aminoácidos deseados.

Otros medios para aumentar el número de grupos carbohidrato en el polipéptido PRO362 es mediante acoplamiento químico o enzimático de glicósidos al polipéptido. Dichos procedimientos están descritos en la técnica, por ejemplo, en WO 87/05330 publicada el 11 de septiembre de 1987, y en Aplin y Wriston, *CRC Crit. Rev. Biochem.*, páginas 259-306 (1981).

La eliminación de grupos carbohidrato presentes en el polipéptido PRO362 se puede realizar química o enzimáticamente o mediante sustitución mutacional de codones que codifican los residuos de aminoácidos que actúan como dianas para la glicosilación. Las técnicas de deglicosilación químicas son conocidas en la técnica y están descritas, por ejemplo, por Hakimuddin, *et al. Arch. Biochem. Biophys.*, 259:52 (1987) y por Edge, *et al. Anal. Biochem.*, 118:131 (1981). La división enzimática de grupos carbohidrato del polipéptido se puede conseguir mediante la utilización de un conjunto de endo- y exoglicosidasas tal y como se describe en Thotakura *et al. Meth. Enzymol.*, 138:350 (1987).

Otro tipo de modificación covalente de PRO362 comprende la unión del polipéptido PRO301, PR362 o PRO245 a uno de un conjunto de polímeros no proteínicos, por ejemplo, polietilenglicol, polipropilenglicol o polioxialquilenos, de la forma establecida en las Patentes de Estados Unidos Nos. 4.640.835; 4.496.689; 4.301.144; 4.670.417; 4.791.192 ó 4.179.337.

El PRO362 de la presente invención también se puede modificar de manera que forme una molécula quimérica que comprenda PRO362 fusionado a otro polipéptido o secuencia de aminoácidos heterólogos. En una realización, dicha molécula quimérica comprende una fusión del PRO362 con un polipéptido etiqueta que proporciona un epítipo al que se puede unir selectivamente un anticuerpo anti-etiqueta. El epítipo-etiqueta se sitúa generalmente en el extremo terminal amino o carboxilo del PRO362. La presencia de dichas formas etiquetadas con epítipo del PRO362 se pueden detectar utilizando un anticuerpo contra el polipéptido etiqueta. Además, la disposición del epítipo-etiqueta permite que el PRO362 se purifique fácilmente mediante purificación de afinidad utilizando un anticuerpo anti-etiqueta u otro tipo de matriz de afinidad que se une al epítipo-etiqueta. En una realización alternativa, la molécula quimérica puede comprender una fusión del PRO362 con una inmunoglobulina o una región particular de una inmunoglobulina. Para una forma bivalente de la molécula quimérica, dicha fusión podría ser a la región Fc de una molécula IgG.

En la técnica se conocen varios polipéptidos etiqueta y sus respectivos anticuerpos. Entre los ejemplos se incluyen etiquetas poli-histidina (poli-his) o poli-histidina-glicina (poli-his-gly); el polipéptido etiqueta de gripe HA y su anticuerpo 12C45 [Field *et al.*, *Mol. Cell. Biol.*, **8**: 2159-2165 (1988)]; la etiqueta c-myc y los anticuerpos 8F9, 3C7, 6E10, G4, B7 y 9E10 de la misma [Evan *et al.*, *Molecular and Cellular Biology*, **5**: 3610-3616 (1985)]; y la etiqueta de glicoproteína D (gD) del virus del Herpes Simplex y su anticuerpo [Paborsky *et al.*, *Protein Engineering*, **3** (6): 547-553 (1990)]. Entre otros polipéptidos etiqueta se incluyen el péptido-Flag [Hopp *et al.*, *BioTechnology*, **6**: 1204-1210 (1988)]; el péptido epítipo KT3 [Martin *et al.*, *Science*, **255**: 192-194 (1992)]; un péptido epítipo de  $\alpha$ -tubulina [Skinner *et al.*, *J. Biol. Chem.*, **266**: 15163-15166 (1991)]; y el péptido-etiqueta de la proteína T7 del gen 10 [Lutz-Freyemuth *et al.*, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **87**: 6393-6397 (1990)].

#### 4. Producción y aislamiento de PRO362

La siguiente descripción se refiere principalmente a la producción de PRO362 mediante el cultivo de células transformadas o transfectadas con un vector que contiene ácido nucleico de PRO362. Naturalmente, se prevé que se puedan utilizar procedimientos alternativos, que se conocen bien en la técnica, para preparar PRO362. Por ejemplo, la secuencia de PRO362, o partes de la misma, se pueden producir mediante síntesis directa de péptidos utilizando técnicas de fase sólida [véase, por ejemplo, Stewan *et al.*, *Solid-Phase Peptide Synthesis*, W.H. Freeman Co., San Francisco, CA (1969); Merrifield, *J. Am. Chem. Soc.*, **85**: 2149-2154 (1963)]. La síntesis de proteínas *in vitro* se puede realizar utilizando técnicas manuales o mediante automatización. La síntesis automatizada se puede realizar, por ejemplo, utilizando un Applied Biosystems Peptide Synthesizer (Foster City, CA) utilizando las instrucciones del fabricante. Se pueden sintetizar químicamente varias partes del PRO362 de forma separada y se pueden combinar utilizando procedimientos químicos o enzimáticos para producir PRO362 de longitud completa.

##### a. Aislamiento del ADN que codifica PRO362

El ADN que codifica PRO362 se puede obtener a partir de una biblioteca de ADNc preparada a partir de tejido que se cree que posee el ARNm de PRO362 y expresarlo a un nivel detectable. Por consiguiente, el ADN de PRO362 humano se puede obtener convenientemente a partir de una biblioteca de ADNc preparada a partir de tejido humano, tal como se describe en los Ejemplos. El gen que codifica PRO362 también se puede obtener a partir de una biblioteca genómica o mediante síntesis de oligonucleótidos.

Las bibliotecas se pueden cribar con sondas (tales como anticuerpos para PRO362 u oligonucleótidos de por lo menos aproximadamente 20-80 bases) diseñadas para identificar el gen de interés o la proteína codificada por el mismo. El cribado del ADNc o biblioteca genómica con la sonda seleccionada se puede realizar utilizando procedimientos estándar, tal como se describe en Sambrook *et al.*, *Molecular Cloning: A Laboratory Manual* (New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989). Un medio alternativo para aislar el gen que codifica PRO362 es utilizar la metodología de PCR [Sambrook *et al.*, *supra*; Dieffenbach *et al.*, *PCR Primer: A Laboratory Manual* (Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1995)].

Los siguientes Ejemplos describen técnicas para cribar una biblioteca de ADNc. Las secuencias de oligonucleótidos seleccionadas como sondas deberían ser de longitud suficiente y suficientemente inequívoca para que se minimicen los falsos positivos. El oligonucleótido está preferiblemente marcado de manera que se puede detectar tras la hibridación a ADN en la biblioteca que se criba. Los procedimientos de marcado son bien conocidos en la técnica, e incluyen la utilización de radiomarcadores como ATP marcado con  $^{32}\text{P}$ , biotilación o marcaje enzimático. Las condiciones de hibridación, incluyendo la astringencia moderada y la astringencia elevada, se proporcionan en Sambrook *et al.*, *supra*.

Las secuencias identificadas en dichos procedimientos de cribado de bibliotecas se pueden comparar y alinear a otras secuencias conocidas depositadas y disponibles en los bancos de datos públicos, tales como el Banco de Genes u otros bancos de datos de secuencias. La identidad de secuencia (a nivel de aminoácido o nucleótido) en las regiones definidas de la molécula o a lo largo de la secuencia de longitud completa se puede determinar a través de



la alineación de secuencias utilizando programas de software informático, tales como BLAST, BLAST-2, ALIGN, DNASTar e INHERIT que utilizan varios algoritmos para medir la homología.

El ácido nucleico que tiene la secuencia de codificación de la proteína se puede obtener mediante el cribado del ADNc seleccionado o las bibliotecas genómicas utilizando la secuencia de aminoácidos deducida descrita en la presente invención por primera vez, y, si es necesario, utilizando procedimientos convencionales de extensión con cebadores tal y como se describe en Sambrook *et al.*, *supra*, para detectar precursores e intermedios de procesamiento de ARNm que no se han transcrito de forma inversa en el ADNc.

#### b. Selección y transformación de células huésped

Las células huésped se transfectan o transforman con vectores de expresión o clonación descritos en la presente para la producción de PRO301, PRO362 o PRO245 y se cultivan en medios nutrientes convencionales modificados para que sean adecuados para inducir promotores, seleccionar transformantes, o amplificar los genes que codifican las secuencias deseadas. Las condiciones de cultivo, tales como el medio, la temperatura, el pH y similares, se pueden seleccionar por un técnico en la materia sin una experimentación excesiva. En general, los principios, protocolos y técnicas prácticas para maximizar la productividad de cultivos celulares se pueden encontrar en *Mammalian Cell Biotechnology: a Practical Approach*, M. Butler, ed. (IRL Press, 1991) y Sambrook *et al.*, *supra*.

Los procedimientos de transfección son conocidos por el técnico en la materia, por ejemplo, CaPo y electroporación. Dependiendo de la célula huésped utilizada, la transformación se realiza utilizando técnicas estándar adecuadas a dichas células. El tratamiento de calcio que utiliza cloruro cálcico, tal y como se describe en Sambrook *et al.*, *supra*, o la electroporación se utilizan generalmente para procariotas u otras células que contienen barreras célula-pared sustanciales. La infección con *Agrobacterium tumefaciens* se utiliza para la transformación de ciertas células vegetales, tal como describe Shaw *et al.*, *Gene*, 23:315 (1983) y WO 89/05859 publicada el 29 de junio de 1989. Para las células de mamíferos sin dichas paredes celulares, se puede utilizar el procedimiento de precipitación con fosfato cálcico de Graham y van der Eb, *Virology*, 52: 456-457 (1978). En la Patente de Estados Unidos No. 4.399.216 se han descrito aspectos generales de transformaciones de sistemas de células huésped de mamíferos. Las transformaciones en la levadura se llevan a cabo habitualmente según el procedimiento de Van Solingen *et al.*, *J. Bact.*, 130: 946 (1977) y Hsiao *et al.*, *Proc. Natl. Acad. Sci. (USA)*, 76: 3829 (1979). Sin embargo, también se pueden utilizar otros procedimientos para introducir ADN en células, tales como mediante microinyección nuclear, electroporación, fusión de protoplasto bacteriano con células intactas, o policones, por ejemplo, polibreno, poliornitina. Para varias técnicas para transformar células de mamífero, ver Keown *et al.*, *Methods in enzymology*, 185:527-537 (1990) y Manssur *et al.*, *Nature*, 336: 348-352 (1988).

Entre las células huésped adecuadas para la clonación o expresión del ADN en los vectores de la presente invención se incluyen células procariotas, de levadura, o eucariotas superiores. Entre las procariotas adecuadas se incluyen, pero no se limitan a, eubacterias, tales como organismos Gram-negativo o Gram-positivo, por ejemplo, Enterobacteriaceae, tal como *E. coli*. Varias cepas de *E. coli* están disponibles públicamente, tales como la cepa de *E. coli* K12 MM294 (ATCC 31.446); *E. coli* X1776 (ATCC 31.537); cepa de *E. coli* W3110 (ATCC 27.325) y K5772 (ATCC 53.635).

Además de los procariotas, los microbios eucariotas, tales como hongos o levaduras filamentosos, son huéspedes de clonación o expresión adecuados para vectores que codifican PRO362. El *Saccharomyces cerevisiae* es un microorganismo huésped eucariótico inferior utilizado habitualmente.

Las células huésped adecuadas para la expresión de PRO362 glicosilado se derivan de organismos multicelulares. Entre los ejemplos de células de invertebrados se incluyen células de insectos, tales como *Drosophila* S2 y *Spodoptera* Sf9, así como células vegetales. Entre los ejemplos de líneas celulares huésped de mamíferos útiles se incluyen células de ovario de hámster chino (CHO) y células COS. Algunos ejemplos más específicos incluyen la línea CV1 de riñón de mono transformada por SV40 (COS-7, ATCC CRL 1651); línea de riñón de embrión humano (células 293 o 293 subclonadas para el crecimiento en cultivo de suspensión, Graham *et al.*, *J. Gen Virol.*, 36:59 (1977)); células de ovario de hámster chino/-DHFR (CHO. Urlaub and Chasin, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 77:4216 (1980)); células de sertoli de ratón (TM4, Mather, *Biol. Reprod.*, 23:243-251 (1980)); células de pulmón humano (W138, ATCC CCL 75); células de hígado humano (Hep G2, HB 8065); y tumor mamario de ratón (MMT 060562, ATCC CCL51). La selección de la célula huésped apropiada se estima que está dentro de la técnica.

#### c. Selección y utilización de un vector replicable

El ácido nucleico (por ejemplo, ADNc o ADN genómico), que codifica PRO362 se puede insertar en un vector replicable para la clonación (amplificación del ADN) o para la expresión. Existen varios vectores disponibles públicamente. El vector puede estar, por ejemplo, en forma de plásmido, cósmido, partícula viral, o fago. La secuencia de ácidos nucleicos apropiada se puede insertar en el vector mediante una serie de procedimientos. En general, el ADN se inserta en un sitio o sitios de endonucleasa de restricción apropiados utilizando técnicas conocidas en la técnica. Los componentes de los vectores incluyen generalmente, pero no se limitan a, una o más secuencias señal, un origen de replicación, uno o más genes marcadores, un elemento potenciador, un promotor y una secuencia de terminación de la transcripción. La construcción de vectores adecuados que contienen uno o más de estos componentes utiliza técnicas de unión estándar que son conocidas por un técnico en la materia.

El PRO301, PRO362 o PRO245 se pueden producir recombinantemente no sólo directamente, sino también como un polipéptido de fusión con un polipéptido heterólogo, que puede ser una secuencia señal u otro polipéptido que tiene un sitio de división específica en el extremo N-terminal de la proteína o polipéptido maduro. En general, la secuencia señal puede ser un componente del vector, o puede ser una parte del ADN de PRO362 que se inserta en el vector.

La secuencia señal puede ser una secuencia señal procariota seleccionada, por ejemplo, del grupo de las secuencias líderes de fosfatasa alcalina, penicilinas, Ipp o enterotoxina II estable térmicamente. Para la secreción en levaduras, la secuencia señal puede ser, por ejemplo, la secuencia líder de invertasa de levadura, la secuencia líder del factor alfa (incluyendo secuencias líderes de factor  $\alpha$  de *Saccharomyces* y *Kluyveromyces*, el último descrito en la Patente de Estados Unidos No. 5.010.182), o secuencia líder de fosfatasa ácida, la secuencia líder de *C. Albicans* glucoamilasa (EP 362.179 publicada el 4 de abril de 1990) o la señal descrita en WO 90/13646, publicada el 15 de noviembre de 1990. En la expresión de células de mamíferos, las secuencias señal de mamíferos se pueden utilizar para dirigir la secreción de la proteína, tales como secuencias señal de polipéptidos secretados de la misma especie o especies relacionadas, así como líderes virales secretores.

Ambos vectores de expresión y clonación contienen una secuencia de ácidos nucleicos que permite la replicación del vector en una o más células huésped seleccionadas. Dichas secuencias son conocidas para un conjunto de bacterias, levadura, y virus. El origen de la replicación del plásmido pBR322 es adecuado para la mayoría de bacterias Gram-negativas, el origen del plásmido  $2\mu$  es adecuado para la levadura, y varios orígenes virales (SV40, polioma, adenovirus, VSV o BPV) son útiles para vectores de clonación en células de mamíferos.

Los vectores de clonación y expresión contendrán habitualmente un gen de selección, también denominado como marcador seleccionable. Los genes de selección habituales codifican proteínas que (a) confieren resistencia a antibióticos u otras toxinas, por ejemplo, ampicilina, neomicina, metotrexato o tetraciclina, (b) complementan las deficiencias auxotróficas, o (c) suministran nutrientes críticos no disponibles del medio complejo, por ejemplo, el gen que codifica D-alanina racemasa para *Bacilli*.

Un ejemplo de marcadores seleccionables adecuados para células de mamíferos son aquéllos que permiten la identificación de células competentes para captar el ácido nucleico de PRO362, tal como DHFR o timidina quinasa. Una célula huésped apropiada cuando se utiliza DHFR de tipo natural es la línea de células CHO deficiente en actividad de DHFR, preparada y propagada tal y como se describe por Urlaub *et al.*, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 77:4216 (1980). Un gen de selección adecuado para su utilización en la levadura es el gen *trp1* presente en el plásmido de la levadura YRp7 [Stinchcomb *et al.*, *Nature*, 282:39 (1979); Kingsman *et al.*, *Gene*, 7:141 (1979); Tschemper *et al.*, *Gene*, 10:157 (1980)]. El gen *trp1* proporciona un marcador de selección para una cepa mutante de levadura que carece de la capacidad de crecer en triptófano, por ejemplo, ATCC No. 44076 o PEP4-1 [Jones, *Genetics*, 85:12 (1977)].

Los vectores de clonación y expresión contienen habitualmente un promotor unido operativamente a la secuencia de ácidos nucleicos de PRO362 para dirigir la síntesis de ARNm. Los promotores reconocidos por un conjunto de células huésped potenciales son conocidos. Entre los promotores adecuados para utilizar con huéspedes procariotas se incluyen los sistemas de promotores de  $\beta$ -lactamasa y lactosa [Chang *et al.*, *Nature*, 275:615 (1978); Goeddel *et al.*, *Nature*, 281:544 (1979)], fosfatasa alcalina, un sistema de promotor de triptófano (*trp*) [Goeddel, *Nucleic Acids Res.*, 8:4057 (1980); EP 36.776], y promotores híbridos, tales como el promotor *tac* [deBoer *et al.*, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 80:21-25 (1983)]. Los promotores para utilizar en sistemas bacterianos también contendrán una secuencia de Shine-Dalgarno (S.D.) unida operativamente al ADN que codifica PRO362.

Entre los ejemplos de secuencias promotoras adecuadas para su utilización con huéspedes de levadura se incluyen promotores para 3-fosfoglicerato quinasa [Hitzeman *et al.*, *J. Biol. Chem.*, 255:2073 (1980)] u otras enzimas glucolíticas [Hess *et al.*, *J. Adv. Enzyme Reg.*, 7:149 (1968); holland, *Biochemistry*, 17:4900 (1978)], tales como enolasa, gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa, hexoquinasa, piruvato descarboxilasa, fosfofructoquinasa, glucosa-6-fosfato isomerasa, 3-fosfoglicerato mutasa, piruvato quinasa, triosafosfato isomerasa, fosfoglucosa isomerasa y glucoquinasa.

Otros promotores de levaduras, que son promotores inducibles que tienen la ventaja adicional de una transcripción controlada mediante condiciones de crecimiento, son las regiones promotoras para alcohol deshidrogenasa 2, isocitocromo C, fosfatasa ácida, enzimas degradativos asociados con el metabolismo del nitrógeno, metalotioneína, gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa, y enzimas responsables de la utilización de maltosa y galactosa. Los vectores y promotores adecuados para la utilización en la expresión en levaduras se describen adicionalmente en EP 73.657.

La transcripción de PRO362 desde vectores en células huésped de mamíferos está controlada, por ejemplo, mediante promotores obtenidos de los genomas de virus, tales como virus del polioma, virus de la viruela aviar (Patente UK 2.211.504 publicada el 5 de julio de 1989), adenovirus (tal como el Adenovirus 2), el virus de papiloma bovino, virus del sarcoma aviar, citomegalovirus, un retrovirus, virus de la hepatitis-B y virus de simio 40 (SV40), de promotores de mamíferos heterólogos, por ejemplo, el promotor de actina o un promotor de inmunoglobulina, y de promotores de choque térmico, siempre y cuando dichos promotores sean compatibles con los sistemas de células huésped.

Se puede incrementar la transcripción de un ADN que codifica el PRO362 por eucariotas superiores mediante la inserción de una secuencia potenciadora en el vector. Los potenciadores son elementos que actúan en cis de ADN, habitualmente aproximadamente de 10 a 300 pb, que actúan en un promotor para aumentar su transcripción. Actualmente se conocen muchas secuencias potenciadores de genes de mamíferos (globina, elastasa, albúmina,  $\alpha$ -fetoproteína e in-

5 sulina). Habitualmente, sin embargo, se utilizará un potenciador de un virus de célula eucariota. Entre los ejemplos se incluyen el potenciador de SV40 en la cara tardía del origen de replicación (pb 100-270), el potenciador de promotor temprano de citomegalovirus, el potenciador de poliovirus en la cara tardía del origen de replicación, y potenciadores de adenovirus. El potenciador se puede cortar y empalmar ("splice") en el vector en una posición 5' ó 3' con respecto a la secuencia codificante de PRO362, pero se sitúa preferiblemente en un sitio 5' del promotor.

10 Los vectores de expresión utilizados en células huéspedes eucariotas (levadura, hongos, insectos, plantas, animales, humanos, o células nucleadas de otros organismos multicelulares) también contendrán secuencias necesarias para la terminación de la transcripción y para la estabilización del ARNm. Dichas secuencias están disponibles habitualmente de las regiones no traducidas 5' y, ocasionalmente 3', de ADNs o ADNcs eucariotas o virales. Estas regiones contienen segmentos de nucleótidos transcritos como fragmentos poliadenilados en la parte no traducida del ARNm que codifica PRO362.

15 En Gething *et al.*, *Nature*, 293:620-625 (1981); Mantei *et al.*, *Nature*, 281:40-46 (1979); EP 117.060 y EP 117.058 se describen adicionalmente otros procedimientos, vectores, y células huésped adecuados para la adaptación a la síntesis de PRO362 en cultivos de células de vertebrados recombinantes.

#### d. Detección de la amplificación/expresión de los genes

20 La amplificación y/o expresión de los genes se puede medir en una muestra directamente, por ejemplo, mediante transferencia Southern convencional, transferencia Northern convencional para cuantificar la transcripción de ARNm [Thomas, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 77:5201-5205 (1980)], transferencia de puntos (análisis de ADN), o hibridación *in situ*, utilizando una sonda marcada apropiadamente, basada en las secuencias proporcionadas en la presente invención. Alternativamente, se pueden utilizar anticuerpos que pueden reconocer cadenas dobles específicas, incluyendo cadenas dobles de ADN, cadenas dobles de ARN, cadenas dobles de híbridos de ADN-ARN o cadenas dobles de ADN-proteína. Los anticuerpos a su vez se pueden marcar y el ensayo se puede llevar a cabo cuando la doble cadena está unida a una superficie, de manera que tras la formación de cadenas dobles en la superficie, se puede detectar la presencia de anticuerpos unidos a la cadena doble.

30 La expresión génica se puede medir, alternativamente, mediante procedimientos inmunológicos, tales como tinción inmunohistoquímica de células o secciones de tejido y ensayo de cultivo de células o fluidos del organismo, para cuantificar directamente la expresión del producto génico. Los anticuerpos útiles para la tinción inmunohistoquímica y/o ensayo de fluidos de ejemplo pueden ser monoclonales o policlonales, y se pueden preparar en cualquier mamífero. Convenientemente, los anticuerpos se pueden preparar contra un polipéptido PRO362 de secuencia nativa o contra un péptido sintético basado en las secuencias de ADN proporcionadas en la presente invención o contra una secuencia exógena fusionada a ADN de PRO362 y que codifica un epítipo de anticuerpo específico.

#### e. Purificación de polipéptido

40 Las formas de PRO362 se pueden recuperar del medio de cultivo o de los lisatos de células huésped. Si está unido a membrana, se puede liberar de la membrana utilizando una solución de detergente adecuada (por ejemplo, Tritón X-100) o mediante división enzimática. Las células utilizadas en la expresión de PRO362 se pueden romper mediante diversos medios físicos o químicos, tales como el ciclo congelación-descongelación, sonicación, destrucción mecánica, o agentes para lisar células.

45 Se puede desear purificar PRO362 de proteínas o polipéptidos de células recombinantes. Los siguientes procedimientos son ejemplos de procedimientos de purificación adecuados: mediante fraccionamiento en una columna de intercambio iónico; precipitación con etanol; HPLC de fase inversa; cromatografía sobre sílice o una resina de intercambio catiónico, tal como DEAE; "cromatofocusing"; SDS-PAGE; precipitación con sulfato amónico; filtración en gel utilizando, por ejemplo, Sephadex G-75; columnas de proteína A sefrosa para eliminar contaminantes, tales como IgG, y columnas quelantes de metales para unir formas etiquetadas con epítipo del PRO362. Se pueden utilizar varios procedimientos de purificación de proteínas y dichos procedimientos son conocidos en la técnica y se describen, por ejemplo, en Deutscher, *Methods in Enzymology*, 182 (1990); Scopes, *Protein Purification: Principles and Practice*, Springer-Verlag, Nueva York (1982). La etapa o etapas de purificación seleccionadas dependerán, por ejemplo, de la naturaleza del procedimiento de producción utilizado y el PRO362 concreto producido.

#### 2. Distribución del tejido

60 La localización de tejidos que expresan los polipéptidos de la presente invención se pueden identificar mediante la determinación de la expresión del ARNm en varios tejidos humanos. La localización de dichos genes proporciona información sobre qué tejidos está probablemente afectados por las actividades estimuladoras e inhibitoras de los polipéptidos de la presente invención. La localización de un gen en un tejido específico también proporciona un tejido de muestra para los ensayos de bloqueo de actividad descritos a continuación.

65 La expresión génica en varios tejidos se puede medir mediante transferencia Southern convencional, transferencia Northern para cuantificar la transcripción de ARNm (Thomas, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 77:5201-5205), transferencia de puntos (análisis de ADN), o hibridación *in situ*, utilizando una sonda marcada apropiadamente, basada en las secuencias proporcionadas en la presente invención. Alternativamente, se pueden utilizar anticuerpos que pueden

reconocer cadenas dobles específicas, incluyendo cadenas dobles de ADN, cadenas dobles de ARN y cadenas dobles de híbridos de ADN-ARN o cadenas dobles de ADN-proteína.

Alternativamente, la expresión génica en varios tejidos se puede medir mediante procedimientos inmunológicos, tales como tinción inmunohistoquímica de secciones de tejido y el ensayo de cultivos celulares o fluidos corporales, para cuantificar directamente la expresión del producto génico. Los anticuerpos útiles para la tinción inmunohistoquímica y/o el ensayo de fluidos de muestra pueden ser monoclonales o bien policlonales, y se pueden preparar en cualquier mamífero. Convenientemente, los anticuerpos se pueden preparar contra una secuencia nativa de un polipéptido de la presente invención o contra un péptido sintético basado en la secuencia de ADN que codifican el polipéptido de la presente invención o contra una secuencia exógena fusionada a un ADN que codifica un polipéptido de la presente invención y que codifica un epítipo de anticuerpo específico. A continuación, se proporcionan técnicas generales para generar anticuerpos y protocolos especiales para la transferencia Northern e hibridación *in situ*.

## 3. Estudios de unión a anticuerpo

La actividad de los polipéptidos de la presente invención se puede verificar adicionalmente mediante estudios de unión a anticuerpo, en los que se prueba la capacidad de los anticuerpos anti-PRO362 para inhibir el efecto de los polipéptidos PRO362 en las células de los tejidos. Entre los ejemplos de anticuerpos se incluyen anticuerpos policlonales, monoclonales, humanizados, biespecíficos y heteroconjugados, la preparación de los cuales se describirá posteriormente en la presente invención.

Los estudios de unión a anticuerpo se pueden llevar a cabo en cualquier de los procedimientos de ensayo conocidos, tales como ensayos de unión competitiva, ensayos de sándwich directos e indirectos y ensayos de inmunoprecipitación. Zola, *Monoclonal Antibodies: A Manual of Techniques* páginas 147-158 (CRC Press Inc. 1987).

Los ensayos de unión competitiva dependen de la capacidad de un patrón marcado para competir con el analito muestra de prueba por la unión con una cantidad limitada de anticuerpo. La cantidad de proteína diana en la muestra de prueba es inversamente proporcional a la cantidad de patrón que se une a los anticuerpos. Para facilitar la determinación de la cantidad de patrón que se une, los anticuerpos se insolubilizan preferiblemente antes o después de la competición, de manera que el patrón y el analito que se unen a los anticuerpos se pueden separar convenientemente del patrón y el analito que permanece sin unir.

Los ensayos sándwich implican la utilización de dos anticuerpos, cada uno capaz de unirse a una parte inmunogénica diferente, o epítipo, de la proteína a detectar. En un ensayo sándwich, el analito muestra de prueba se une mediante un primer anticuerpo que está inmovilizado sobre un soporte sólido y, a continuación, un segundo anticuerpo se une al analito, formando de esta manera un complejo de tres partes insoluble. Ver, por ejemplo, la Patente USA No. 4.376.110. El segundo anticuerpo puede marcarse a sí mismo con un grupo detectable (ensayos de sándwich directos) o se puede medir utilizando un anticuerpo anti-inmunoglobulina que está marcado con un grupo detectable (ensayo de sándwich indirecto). Por ejemplo, un tipo de ensayo sándwich es un ensayo ELISA, en cuyo caso el grupo detectable es una enzima.

Para la inmunohistoquímica, la muestra de tejido puede ser nueva o congelada o puede estar incrustada en parafina y fijada con un conservante, tal como formalina, por ejemplo.

## 4. Ensayos basados en células

Los ensayos basados en células y modelos animales para enfermedades relacionadas con el sistema inmune se pueden utilizar para entender con mayor detalle la relación entre los genes y los polipéptidos identificados en la presente invención y el desarrollo y patogénesis de la enfermedad relacionada con el sistema inmune.

En un enfoque diferente, las células de un tipo conocido de células que estarán implicadas en una enfermedad concreta relacionada con el sistema inmune se transfectan con los ADNcs descritos en la presente invención, y se analiza la capacidad de estos ADNcs para estimular o inhibir la función inmune. Las células adecuadas se pueden transfectar con el gen deseado y se monitoriza la actividad de la función inmune. Dichas líneas celulares transfectadas se pueden utilizar entonces para probar la capacidad de los anticuerpos poli- o monoclonales o composiciones de anticuerpos para inhibir o estimular la función inmune, por ejemplo, para modular la proliferación de células T o la infiltración de células inflamatorias. Las células transfectadas con las secuencias codificantes de los genes identificados en la presente invención se pueden utilizar adicionalmente para identificar candidatos de fármacos para el tratamiento de enfermedades relacionadas con el sistema inmune.

Además, se pueden utilizar cultivos primarios derivados de animales transgénicos (tal y como se ha descrito a continuación) en los ensayos basados en células de la presente invención, aunque se prefieren líneas celulares estables. Las técnicas para derivar las líneas celulares continuas a partir de animales transgénicos son conocidas en la técnica (ver, por ejemplo, Small *et al.*, *Mol. Cell. Biol.* 5, 642-648 [1985]).

Un ensayo basado en células adecuado es la reacción de linfocitos mezclados (MLR). *Current Protocols in Immunology*, unidad 3.12; editada por J E Coligan, A M Kruisbeek, D H Marglies, E M Shevach, W Strober. National Institutes of Health, publicada por John Wiley and Sons, Inc. En este ensayo, se ensaya la capacidad de un compuesto

de prueba para estimular la proliferación de células T activadas. Se cultiva una suspensión de células T de respuesta con células estimuladoras alogénicas y se mide la proliferación de células T mediante la captación de timidina tritioada. Este ensayo es una medida general de la reactividad de células T. Dado que la mayoría de células responde a y producen IL-2 después de la activación, las diferencias de respuesta en este ensayo refleja en parte las diferencias en la producción de IL-2 por las células de respuesta. Los resultados de MLR pueden verificarse mediante un ensayo de detección de linfoquinas (IL-2) estándar. *Current Protocols in Immunology*, supra 3.15, 6.3.

Una respuesta proliferativa de células T en un ensayo MLR puede ser debida a una respuesta mitogénica o puede ser debida a una respuesta estimuladora por las células T. La verificación adicional de la actividad estimuladora de células T de los polipéptidos de la presente invención se puede obtener mediante un ensayo de estimulación. La activación de células T requiere una señal específica de antígeno mediada a través del complejo mayor de histocompatibilidad (MHC) y una señal coestimuladora mediada a través de una segunda interacción de unión a ligando, por ejemplo, la interacción de unión a B7(CDBO.CD86)/CD28. El entrecruzamiento con Cd28 aumenta la secreción de linfoquinas por células T activadas. La activación de células T tiene controles tanto negativos como positivos a través de la unión de ligandos que tienen un efecto negativo o positivo. CD28 y CTLA-4 son glicoproteínas relacionadas en la superfamilia de Ig que se unen a B7. La unión de CD28 a B7 tiene un efecto de coestimulación positiva de la activación de células T; en cambio, la unión de CTLA-4 a B7 tiene un efecto de desactivación de células T negativo. Chambers, C. A. y Allison, J. P., *Curr. Opin. Immunol.* (1997) 9:396. Schwartz, R. H., *Cell* (1992) 71:1065; Linsey, P.S. y Ledbetter, J.A., *Annu. Rev. Immunol.*, (1993) 11:191; June, C.H. et al., *Immunol. Today* (1994) 15:321; Jenkins, M.K., *Immunity* (1994) 1:405. En un ensayo de coestimulación, se ensayan los polipéptidos de la presente invención por la actividad coestimuladora o inhibidora de las células T.

Los polipéptidos de la presente invención, así como otros compuestos de la presente invención, que son estimuladores (coestimuladores) de la proliferación de células T, tal como se ha determinado mediante MLR y ensayos de coestimulación, por ejemplo, son útiles en el tratamiento de enfermedades relacionadas con el sistema inmune caracterizadas por una función inmune escasa, subóptima o inadecuada. Estas enfermedades se tratan mediante la estimulación de la proliferación y activación de células T (e inmunidad mediada por células T) y la potenciación de la respuesta inmune en un mamífero a través de la administración de un compuesto estimulador, tal como los polipéptidos estimulantes de la presente invención. El polipéptido estimulante puede ser un polipéptido PRO362 o un anticuerpo agonista para el mismo. La terapia inmunoadyuvante para el tratamiento de tumores, descrita con más detalle a continuación, es un ejemplo de esta utilización de los compuestos estimulantes de la presente invención. Los anticuerpos que se unen a polipéptidos inhibidores actúan para potenciar la respuesta inmune mediante la eliminación del efecto inhibidor de los polipéptidos inhibidores. Este efecto se observa en experimentos que utilizan anticuerpos anti-CTLA-4 que aumentan la proliferación de células T, supuestamente mediante la eliminación de la señal inhibidora provocada por la unión a CTLA-4. Walunas, T.L. et al., *Immunity* (1994) 1:405. Esta utilización también se confirma en experimentos con glicoproteínas 4-1BB, un miembro de la familia de receptores del factor de necrosis tumoral que se une a un ligando (4-1BBL) expresado en células T cebadas y señala la activación y crecimiento de células T. Alderson, M. E. et al., *J. Immunol.* (1994) 24:2219. La inhibición de la unión a 4-1BB mediante el tratamiento con un anticuerpo anti-41BB aumenta la gravedad de la enfermedad injerto contra huésped y se puede utilizar para erradicar tumores. Hellstrom, I. y Hellstrom, H.E. *Crit. Rev. Immunol.* (1998) 18:1.

Por otro lado, los polipéptidos de la presente invención, así como otros compuestos de la presente invención, que son inhibidores de la proliferación/activación de células T y/o la secreción de linfoquinas, se pueden utilizar directamente para suprimir la respuesta inmune. Estos compuestos son útiles para reducir el grado de la respuesta inmune y para tratar las enfermedades relacionadas con el sistema inmune caracterizadas por una respuesta hiperactiva, superóptima o autoinmune. Alternativamente, los anticuerpos que se unen a los polipéptidos estimulantes de la presente invención y bloquean el efecto estimulante de estas moléculas se pueden utilizar para suprimir la respuesta inmune mediada por células T mediante la inhibición de la proliferación/activación de células T y/o la secreción de linfoquinas. El bloqueo del efecto estimulante de los polipéptidos suprime la respuesta inmune del mamífero.

##### 5. Modelos de animales

Los resultados de los ensayos *in vitro* basados en células se pueden verificar adicionalmente utilizando modelos de animales *in vivo* y ensayos de la función de las células T. Se puede utilizar una serie de modelos de animales bien conocidos para entender adicionalmente el papel de los genes identificados en la presente invención en el desarrollo y la patogénesis de enfermedades relacionadas con el sistema inmune, y para ensayar la eficacia de agentes terapéuticos candidatos, incluyendo anticuerpos, y otros antagonistas de los polipéptidos nativos, incluyendo antagonistas de moléculas pequeñas. La naturaleza *in vivo* de dichos modelos los hace particularmente predictivos de las respuestas en pacientes humanos. Entre los modelos de animales de enfermedades relacionadas con el sistema inmune se incluyen animales no recombinantes y recombinantes (transgénicos). Entre los modelos de animales no recombinantes se incluyen, por ejemplo, roedores, por ejemplo, modelos de murinos. Dichos modelos se pueden generar mediante la introducción de células en ratones singéneos utilizando técnicas estándar, por ejemplo, inyección subcutánea, inyección en vena de cola, implante de bazo, implante intraperitoneal, implante bajo la cápsula renal, etc.

La hipersensibilidad por contacto es un ensayo *in vivo* simple de la función inmune mediada por células. En este procedimiento, las células epidérmicas se exponen a haptenos exógenos que ocasionan a una reacción de hipersensibilidad de tipo retrasado que se mide y se cuantifica. La sensibilidad por contacto implica una fase de sensibilización inicial seguido de una fase de estimulación. La fase de estimulación aparece cuando las células epidérmicas encuentran

un antígeno con el que previamente han tenido contacto. Tiene lugar un hinchamiento e inflamación, haciendo que éste sea un excelente modelo de dermatitis de contacto alérgica humana. En *Current Protocols in Immunology*, Eds., J. E. Cologan, A. M. Kruisbeek, D. H. Margulies, E. M. Shevach y W. Strober, John Wiley & Sons, Inc., 1994, unidad 4.2 se describe con detalle un procedimiento adecuado. Ver también, Grabbe, S. y Schwarz, T. *Immun. Today* 19(1): 37-44 (1998).

La enfermedad injerto contra huésped aparece cuando células inmunocompetentes se trasplantan en pacientes inmunosupresores o tolerantes. Las células donantes reconocen y responden a antígenos huésped. La respuesta puede variar desde inflamación aguda amenazadora de la vida hasta casos suaves de diarrea y pérdida de peso. Los modelos de enfermedad injerto contra huésped proporcionan un medio de valoración de la reactividad de células T contra antígenos de MHC y antígenos de trasplantes menores. En *Current Protocols in Immunology*, *supra*, unidad 4.3 se describe con detalle un procedimiento adecuado.

Un modelo de animal para rechazo de aloinjerto de piel es un medio de valorar la capacidad de las células T para mediar en la destrucción de tejido *in vivo* que es indicativo de y una medida de su papel en la inmunidad antiviral y de tumores. Los modelos más comunes y aceptados utilizan injertos de cola-piel murinos. Los experimentos repetidos han demostrado que el rechazo de aloinjerto de piel está mediado por células T, células T ayudantes y células T efectoras agresoras, y no anticuerpos. Auchincloss, H. Jr. Y Sachs, D. H., *Fundamental Immunology*, 2ª Edición, W. E. Paul, ed., Raven Press, NY, 1989, 889-992. En *Current Protocols in Immunology*, *supra*, unidad 4.4 se describe con detalle un procedimiento adecuado. Otros modelos de rechazo del trasplante que se pueden utilizar para ensayar los compuestos de la presente invención son los modelos de trasplante alogeneico de corazón descritos por Tanabe, M *et al. Transplantation* (1994) 58:23 y Tinubu, S.A. *et al. J. Immunol.* (1994) 4330-4338.

Los modelos de animales para la hipersensibilidad de tipo retrasado proporciona un ensayo de función inmune mediada por células también. Las reacciones de hipersensibilidad de tipo retrasado son una respuesta inmune *in vivo* mediada por células T caracterizada por la inflamación que no alcanza un máximo hasta después de que haya pasado un periodo de tiempo después de la estimulación con un antígeno. Estas reacciones también aparecen en enfermedades autoinmunes específicas de tejido, tales como esclerosis múltiple (MS) y encefalomielitis autoinmune experimental (EAE, un modelo para MS). En *Current Protocols in Immunology*, *supra*, unidad 4.5 se describe con detalle un procedimiento adecuado.

EAE es una enfermedad autoinmune mediada por células T caracterizada por la inflamación de células T y células mononucleares y la posterior desmielinización de axones en el sistema nervioso central. EAE se considera generalmente un modelo animal relevante para MS en humanos. Bolton, C., *Multiple Sclerosis* (1995) 1:143. Se han desarrollado modelos agudos y de recaída-remisión. Se puede ensayar la actividad estimuladora o inhibidora de las células T contra la enfermedad desmielinizante mediante por el sistema inmune para los compuestos de la presente invención utilizando el protocolo descrito en *Current Protocols in Immunology*, anterior, unidades 15.1 y 15.2. Ver también los modelos para la enfermedad de mielina en la que oligodendrocitos o células de Schwann se injertan en el sistema nervioso central tal como se ha descrito en Duncan I. D. *et al., Molec. Med Today* (1997) 554-561.

Un modelo animal para artritis es la artritis inducida por colágeno. Este modelo comparte características clínicas, histológicas e inmunológicas de la artritis reumatoide autoinmune humana y es un modelo aceptable para la artritis autoinmune humana. Los modelos de ratón y rata se caracterizan por sinovitis, erosión del cartílago y hueso subcondrial. Se puede ensayar la actividad contra la artritis autoinmune para los compuestos de la presente invención utilizando los protocolos descritos en *Current Protocols in Immunology*, anterior, unidades 15.5. Ver también el modelo que utiliza un anticuerpo monoclonal para las integrinas CD18 y VLA-4 descritas en Issekutz, A. C. *et al., Immunology* (1996) 88:569.

Se ha descrito un modelo de asma en el que se inducen una hiperreactividad de las vías respiratorias inducida por antígeno, eosinofilia e inflamación pulmonar mediante la sensibilización de un animal con ovoalbúmina y a continuación la estimulación del animal con la misma proteína suministrada mediante un aerosol. Varios modelos de animales (cobaya, rata, primate no humano) muestran síntomas similares al asma atópica en humanos tras el estímulo con antígenos del aerosol. Los modelos murinos tienen muchas de las características del asma humana. En Wolyniec, W. W. *et al., Am. J. Respir. Cell Mol. Biol.* (1998) 18: 777 y las referencias citadas en la misma se describen procedimientos adecuados para ensayar la actividad y la efectividad en el tratamiento del asma para los compuestos de la presente invención.

Adicionalmente, se puede ensayar en modelos de animales la psoriasis como enfermedad para los compuestos de la presente invención. La evidencia sugiere una patogénesis de las células T para la psoriasis. Los compuestos de la presente invención se pueden ensayar en el modelo de ratón scid/scid descrito por Schon, M. P. *et al., Nat. Med.* (1997) 3:183, en el que los ratones demuestran lesiones histopatológicas en la piel que se parece a la psoriasis. Otro modelo adecuado es la quimera de piel humana/ratón scid preparada tal como se ha descrito por Nickoloff, B. J. *et al., Am. J. Path.* (1995) 146:580.

Los modelos de animales recombinantes (transgénicos) se pueden diselar mediante la introducción de la parte codificante de los genes identificados en la presente invención en el genoma de los animales de interés, utilizando técnicas estándar para la producción de animales transgénicos. Entre los animales que pueden servir como diana para la manipulación transgénica se incluyen, sin limitación, babuinos, chimpanzés y monos. Entre las técnicas conocidas

en el sector para introducir un transgén en dichos animales se incluyen microinyección pronucleica (Hoppe y Wanger, Patente USA No. 4.873.191); transferencia de genes mediada por retrovirus en líneas germinales (por ejemplo, Van der Putten *et al. Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 82, 6148-615 [1985]); marcaje de genes en células madre embrionarias (Thompson *et al. Cell* 56, 313-321 [1989]); electroporación de embriones (Lo. *Mol. Cel., Biol.* 3, 1803-1814 [1983]);

5 transferencia de genes mediada por esperma (Lavitrano *et al. Cell.* 57, 717-73 [1989]). Para una revisión, ver, por ejemplo, la Patente USA No. 4.736.866.

Para el objetivo de la presente invención, entre los animales transgénicos se incluyen aquellos que portan el transgén sólo en parte de sus células ("animales mosaicos"). El transgén se puede integrar como un transgén individual o en

10 concatámeros, por ejemplo, los tándems cabeza con cabeza o cabeza con cola. La introducción selectiva de un transgén en un tipo de célula concreta también es posible siguiendo, por ejemplo, la técnica de Lasko *et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 89, 623-636 (1992).

La expresión del transgén en animales transgénicos se puede monitorizar mediante técnicas estándar. Por ejemplo,

15 el análisis con transferencia Southern o la amplificación por PCR se pueden utilizar para verificar la integración del transgén. A continuación, se puede analizar el nivel de expresión de ARNm utilizando técnicas, tales como la hibridación *in situ*, análisis con transferencia Northern, PCR o inmunocitoquímica.

En los animales se pueden examinar además los signos de patología de enfermedad inmune, por ejemplo, mediante

20 un examen histológico para determinar la infiltración de células inmunes en tejidos específicos. También se pueden llevar a cabo experimentos de bloqueo en los que los animales transgénicos son tratados con los compuestos de la presente invención para determinar la extensión de la estimulación o inhibición de la proliferación de las células T por parte de los compuestos de la presente invención. En estos experimentos, se administran al animal los anticuerpos de bloqueo que se unen al polipéptido de la presente invención, preparado tal y como se ha descrito anteriormente, y se

25 determina el efecto en la función inmune.

Alternativamente, se pueden construir animales "knock out" que tienen un gen defectuoso o alterado que codifica un polipéptido identificado en la presente invención, como resultado de la recombinación homóloga entre el gen endógeno que codifica el polipéptido y el ADN genómico alterado que codifica el mismo polipéptido introducido en

30 una célula embrionaria del animal. Por ejemplo, el ADNc que codifica un polipéptido concreto se puede utilizar para clonar el ADN genómico que codifica ese polipéptido según las técnicas establecidas. Una parte del ADN genómico que codifica un polipéptido concreto se puede eliminar o reemplazar por otro gen, tal como un gen que codifica un marcador seleccionable que se puede utilizar para monitorizar la integración. Habitualmente, varias kilobases de ADN flanqueante inalterado (en los extremos 5' y 3') están incluidos en el vector [ver, por ejemplo, Thomas y Capecchi,

35 *Cell.* 51:503 (1987) para una descripción de vectores de recombinación homólogos]. El vector se introduce en una línea de células madre embrionarias (por ejemplo, mediante electroporación) y se seleccionan las células en las que el ADN introducido se ha recombinado de manera homóloga con el ADN endógeno [ver, por ejemplo, Li *et al., Cell*, 69: 915 (1992)]. A continuación, las células seleccionadas se inyectan en un blastocito de un animal (por ejemplo, un ratón o una rata) para formar quimera de agregación [ver, por ejemplo, Bradley, en *Teratocarcinomas and Embryonic Stem Cells: A Practical Approach*, E. J. Robertson ed. (IRL, Oxford, 1987), páginas 113-152]. A continuación, los

40 embriones quiméricos se pueden implantar en un animal criado hembra pseudoembarazada y el embrión se lleva a término para crear un animal "knock out". La progenie que alberga el ADN recombinado de forma homóloga en sus células germinales se puede identificar mediante técnicas estándar y se utiliza para criar animales en los que todas las células del animal contienen el ADN recombinado de forma homóloga. Los animales knockout se pueden

45 caracterizar, por ejemplo, por su capacidad de defenderse contra ciertas condiciones patológicas y por su desarrollo de las condiciones patológicas debido a la ausencia del polipéptido.

#### 6. Terapia con inmunoadyuvantes

En una realización, los compuestos de la presente invención que tienen un efecto inmunoestimulador se pueden

50 utilizar en terapia con inmunoadyuvantes para el tratamiento de tumores (cáncer). Actualmente se sabe bien que las células T reconocen antígenos específicos de tumores humanos. Un grupo de antígenos de tumores, codificados por las familias de genes MAGE, BAGE y GAGE son silenciosos en todos los tejidos normales adultos, pero se expresan en cantidades significativas en tumores, tales como melanomas, tumores de pulmón, tumores de cabeza y cuello, y

55 carcinomas de la vejiga. DeSmet C. *et al.* (1996) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 93:7149. Se ha observado que la coestimulación de células T induce la regresión tumoral y una respuesta antitumoral tanto *in vitro* como *in vivo*. Melero, I. *et al. Nature Medicine* (1997) 3: 682; Kwon E. D. *et al. Proc. Natl. Acad. Sci. USA* (1997) 94: 8099; Lynch D. H. *et al. Nature Medicine* (1997) 3:625; Finn. O. J. y Lotze M. T. *J. Immunol.* (1998) 21:114. Los compuestos estimuladores de la presente invención se pueden administrar como adyuvantes, solos o junto con un agente regulador del crecimiento,

60 un agente citotóxico o un agente quimioterapéutico, para estimular la proliferación/activación de células T y una respuesta antitumoral a antígenos de tumores. El agente regulador del crecimiento, citotóxico o quimioterapéutico se puede administrar en cantidades convencionales utilizando pautas de administración conocidos. La activación inmunoestimuladora por los compuestos de la presente invención permite cantidades reducidas del agente regulador del crecimiento, citotóxico o quimioterapéutico, disminuyendo potencialmente de este modo la toxicidad al paciente.

El cáncer se caracteriza por el incremento en el número de células anormales, o neoplásicas, derivadas de un tejido normal que proliferan para formar una masa tumoral, la invasión de tejidos adyacentes por estas células tumorales neoplásicas, y la generación de células malignas que finalmente se extienden a través de la sangre o el sistema linfático

hasta nódulos linfáticos regionales y hasta sitios distantes (metástasis). En un estado canceroso, una célula prolifera bajo condiciones en las que células normales no crecerían. El cáncer manifiesta por sí mismo en una gran variedad de formas, caracterizadas por diferentes grados de invasión y agresividad.

La alteración de la expresión génica está íntimamente relacionada con el crecimiento incontrolado de células y la desdiferenciación, las cuales son una característica común a todos los cánceres. Se ha observado que los genomas de ciertos tumores bien estudiados muestran una menor expresión de genes recesivos, a los que habitualmente se hace referencia como genes supresores de tumores, que funcionarían normalmente para evitar el crecimiento de células malignas, y/o la sobreexpresión de ciertos genes de dominio, tales como oncogenes, que actúan para inducir el crecimiento maligno. Cada uno de estos cambios genéticos parece ser responsable de la importación de algunos de los rasgos que, agregados, representan el fenotipo neoplásico completo (Hunter, *Cell* 64, 1129 [1991]; Bishop, *Cell* 64, 235-248 [1991]).

Un mecanismo bien conocido de sobreexpresión de genes (por ejemplo, encogen) en células cancerígenas es la amplificación génica. Este es un procedimiento en el que en el cromosoma de células ancestrales se producen múltiples copias de un gen particular. El procedimiento implica la replicación no programada de la región del cromosoma que comprende el gen, seguido por la recombinación de los segmentos replicados de nuevo en el cromosoma (Alitalo *et al.*, *Adv. Cancer Res.* 47, 235-281 [1986]). Se cree que la sobreexpresión del gen va en paralelo con la ampliación génica, es decir, es proporcional al número de copias realizadas.

Se ha identificado que los proto-oncogenes que codifican factores de crecimiento y receptores de factores de crecimiento juegan papeles importantes en la patogénesis de varios tumores humanos, incluyendo cáncer de mama. Por ejemplo, se ha observado que el gen de ErbB2 humano (*erbB2*, también conocido como *her2* o *c-erbB-2*), que codifica un receptor de glicoproteína transmembrana de 185 kD (p185<sup>HER3</sup>, HER2) relacionado con el receptor del factor de crecimiento epidérmico (EGFR), se sobreexpresa en aproximadamente de un 25% a un 30% del cáncer de mama humano (Slamon *et al.*, *Science* 235: 177-182 [1987]; Slamon *et al.*, *Science* 244: 707-712 [1989]).

Se ha descrito que la amplificación génica de un protooncogén en un suceso implicado habitualmente en las formas más malignas de cáncer, y podría actuar como factor de pronóstico del resultado clínico (Schwab *et al.*, *Genes Chromosomes Cancer* 1, 181-193 [1990]; Alitalo *et al.*, *supra*). De este modo, la sobreexpresión de *erbB2* se considera habitualmente como un factor de pronóstico de una prognosis pobre, especialmente en pacientes con enfermedad primaria que implica nódulos linfáticos auxiliares (Slamon *et al.*, [1987] y [1989], *supra*; Ravdin y Chamness, *Gene* 159: 19-27 [1995]; y Hynes y Stem, *Biochim. Biophys. Acta* 1198: 165-184 [1994]) y se ha relacionado con la sensibilidad y/o resistencia a la terapia con hormonas y pautas quimioterapéuticas, incluyendo CMF (ciclofosfamida, metotrexato y fluorouracilo) y antraciclinas (Baselga *et al.*, *Oncology* 11 (3 Suppl 1): 43-48 [1997]). Sin embargo, a pesar de la asociación de la sobreexpresión de *erbB2* con una prognosis pobre, las probabilidades de pacientes con respuesta positiva a HER2 que respondían clínicamente al tratamiento con taxanos eran superiores que tres veces aquellos pacientes con respuesta negativa a HER2 (*Ibid*). Un anticuerpo monoclonal recombinante anti-ErbB2 humanizado (anti-HER2) (una versión humanizada del anticuerpo anti-ErbB2 4D5, al que se hace referencia como rhuMAb HER2 o Herceptin<sup>®</sup>) ha sido clínicamente activo en pacientes con cánceres de mama metastáticos que sobreexpresan ErbB2 que habían recibido terapia anticancerígena previa a la extensión. (Baselga *et al.*, *J. Clin. Oncol.* 14: 737-744 [1996]).

#### 7. Ensayos de cribado para fármacos candidatos

Los ensayos de cribado para fármacos candidatos se diseñan para identificar compuestos que se unen o forman complejos con los polipéptidos codificados por los genes identificados en la presente invención, o un fragmento biológicamente activo de los mismos, o en cualquier caso interfieren con la interacción de los polipéptidos codificados con otras proteínas celulares. Dichos ensayos de cribado incluirán ensayos susceptibles de cribado de alto rendimiento de quimiotecas, siendo particularmente adecuados para identificar fármacos candidatos de molécula pequeña. Entre las moléculas pequeñas contempladas se incluyen compuestos orgánicos o inorgánicos sintéticos, incluyendo péptidos, preferiblemente péptidos solubles, fusiones (poli)péptido-inmunoglobulina y, en particular, anticuerpos que incluyen, sin limitación, anticuerpos policlonales y monoclonales y fragmentos de anticuerpo, anticuerpos de cadena única, anticuerpos anti-idiotípicos, y versiones químicas o humanizadas de dichos anticuerpos o fragmentos, así como anticuerpos humanos y fragmentos de anticuerpos. Los ensayos se pueden realizar en una serie de formatos, incluyendo ensayos de unión proteína-proteína, ensayos de cribado bioquímico, inmunoensayos y ensayos basados en células, que están bien caracterizados en la técnica.

Todos los ensayos tienen en común que exigen el contacto de los fármacos candidatos con un polipéptido codificado por un ácido nucleico identificado en la presente invención en condiciones y durante un tiempo suficiente para permitir que estos dos compuestos interactúen.

En ensayos de unión, la interacción es la unión y el complejo formado se puede aislar o detectar en la mezcla de reacción. En una realización particular, el polipéptido codificado por el gen identificado en la presente invención o el fármaco candidato se inmoviliza sobre una fase sólida, por ejemplo, una placa de microtítulos, mediante enlaces covalentes o no covalentes. La unión no covalente se realiza generalmente mediante el recubrimiento de la superficie sólida con una solución del polipéptido y el secado. Alternativamente, se puede utilizar un anticuerpo inmovilizado, por ejemplo, un anticuerpo monoclonal, específico para el polipéptido a inmovilizar, para anclarlo a la superficie sólida. El ensayo se realiza mediante la adición del componente no inmovilizado, que se puede marcar mediante un



marcador detectable, al componente inmovilizado, por ejemplo, la superficie recubierta que contiene el componente anclado. Cuando se completa la reacción, se extraen los componentes no reaccionados, por ejemplo, mediante lavado, y se detectan los complejos anclados a la superficie sólida. Cuando el componente originalmente no inmovilizado transporta un marcador detectable, la detección del marcador inmovilizado en la superficie indica que tuvo lugar la formación del complejo. Cuando el componente originalmente no inmovilizado no transporta un marcador, se puede detectar la formación de complejo, por ejemplo, utilizando un anticuerpo marcado que se une específicamente al complejo inmovilizado.

Si el compuesto candidato interacciona con, pero no sin unirse, a una proteína concreta codificada por un gen identificado en la presente invención, su interacción con esa proteína se puede ensayar mediante procedimientos conocidos para detectar interacciones proteína-proteína. Dichos ensayos incluyen enfoques tradicionales, tales como, por ejemplo, reticulación, coimmunoprecipitación y copurificación a través de gradientes o columnas cromatográficas. Además, las interacciones proteína-proteína se pueden monitorizar mediante la utilización de sistemas genéticos basados en levaduras descritos por [Fields y colaboradores (Fields y Song, *Nature (London)*, 340:245-246 (1989); Chien *et al.*, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 88: 9578-9582 (1991)] tal como se describe por Chevray y Nathans [*Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 89: 5789-5793 (1991)]. Muchos activadores transcripcionales, tales como GAL4 de levadura, consisten en dos dominios modulares físicamente discretos, uno actuando como el dominio de unión a ADN, mientras que el otro actúa como el dominio de activación de la transcripción. El sistema de expresión en las levaduras descrito en las publicaciones anteriores (referido generalmente como "el sistema de dos híbridos") saca ventaja de esta propiedad y utiliza dos proteínas híbridas, una en la que la proteína diana se fusiona al dominio de unión a ADN de GAL4, y otra, en la que las proteínas activadoras candidatas se fusionan al dominio de activación. La expresión de un gen informador GAL1-*lacZ* bajo el control de un promotor activado por GAL4 depende de la reconstitución de la actividad de GAL4 a través de la interacción de proteína-proteína. Las colonias que contienen polipéptidos que interaccionan se detectan con un sustrato cromatogénico para  $\beta$ -galactosidasa. En Clontech se encuentra disponible comercialmente un equipo completo (MATCHMAKER™) para identificar interacciones proteína-proteína entre dos proteínas específicas utilizando la técnica de dos híbridos. Este sistema también se puede extender para mapear dominios de proteínas implicados en las interacciones de proteínas específicas así como para precisar los residuos de aminoácidos que son cruciales para estas interacciones.

Con el fin de hallar compuestos que interfieran con la interacción de un gen identificado en la presente invención y otros componentes intra o extracelulares, se prepara habitualmente una mezcla de reacción que contiene el producto del gen y el componente intra o extracelular en condiciones y durante un tiempo que permite la interacción y unión de los dos productos. Para ensayar la capacidad de un compuesto de prueba para inhibir la unión, la reacción se realiza en ausencia y presencia del compuesto de prueba. Además, se puede añadir un placebo a una tercera mezcla de reacción, para utilizar como control positivo. La unión (formación de complejo) entre el compuesto de prueba y el componente intra o extracelular presente en la mezcla se monitoriza tal como se ha descrito anteriormente. La formación de un complejo en la reacción o reacciones de control, pero no en la mezcla de reacción que contiene el compuesto de prueba, indica que el compuesto de prueba interfiere con la interacción del compuesto de prueba y su compañero de reacción.

#### 8. Composiciones y Procedimientos para el Tratamiento de Enfermedades Relacionados con el Sistema Inmune

Las composiciones útiles en el tratamiento de enfermedades relacionadas con el sistema inmune incluyen, sin limitación, anticuerpos, moléculas orgánicas e inorgánicas pequeñas, péptidos, fosfopéptidos, moléculas antisentido y ribozimas, moléculas de triple hélice, etc. que inhiben o estimulan la función inmune, por ejemplo, proliferación/activación de células T, liberación de linfoquinas, o infiltración de células inmunes.

Por ejemplo, las moléculas de ADN y ARN antisentido actúan para bloquear directamente la traducción de ARNm hibridándose a ARNm marcado y evitando la traducción de proteínas. Cuando se utiliza ADN antisentido, se prefieren oligodesoxirribonucleótidos derivados del sitio de iniciación de la traducción, por ejemplo, entre aproximadamente las posiciones -10 y +10 de la secuencia de nucleótidos del gen diana.

Los ribocimas son moléculas de ARN enzimáticas capaces de catalizar la división específica del ARN. Los ribocimas actúan mediante la hibridación específica de secuencia con el ARN diana complementario seguido por la división endonucleolítica. Los sitios de división específicos de las ribocimas en un ARN diana potencial se pueden identificar mediante técnicas conocidas. Para más detalles, ver, por ejemplo, Rossi. *Current Biology* 4, 469-471 (1994) y la publicación de PCT No. WO 97/33551 (publicada el 18 de septiembre de 1997).

Las moléculas de ácido nucleico en la formación de triple hélice utilizadas para inhibir la transcripción deberían ser de cadena única y compuestas de desoxinucleótidos. La composición base de estos oligonucleótidos se diseñan de manera que inducen la formación de la triple hélice a través de las reglas de emparejamiento de bases de Hoogsteen, que generalmente requieren de tramos considerables de purinas o pirimidinas en una de las cadenas de la doble cadena. Para más detalles, ver, por ejemplo, publicación de PCT No. WO 97/33551, *supra*.

Estas moléculas se pueden identificar mediante cualquier combinación de los ensayos de cribado descritos anteriormente y/o mediante cualquier otra técnica conocida por los expertos en la materia.

## 9. Anticuerpos

Entre los fármacos candidatos más prometedores según la presente invención están anticuerpos y fragmentos de anticuerpo que pueden inhibir (antagonistas) o estimular (agonistas) la proliferación de células T, infiltración de leucocitos, etc. Entre los anticuerpos de ejemplo se incluyen anticuerpos policlonales, monoclonales, humanizados, biespecíficos y heteroconjugados.

## a. Anticuerpos policlonales

Los procedimientos de preparación de anticuerpos policlonales son conocidos para el experto en la materia. Los anticuerpos policlonales se pueden desarrollar en un mamífero, por ejemplo, mediante una o más inyecciones de un agente inmunizante y, si se desea, un adyuvante. Habitualmente, el agente inmunizante y/o adyuvante se inyectarán en el mamífero mediante inyecciones múltiples subcutáneas o intraperitoneales. El agente inmunizante puede incluir el polipéptido PRO362 de la presente invención o una proteína de fusión de los mismos. Puede ser útil conjugar el agente inmunizante a una proteína conocida para que sea inmunogénica en el mamífero que se inmuniza. Entre los ejemplos de dichas proteínas inmunogénicas se incluyen, pero no se limitan a hemocianina de la lapa californiana, albúmina de suero, tiroglobulina bovina, e inhibidor de tripsina de soja. Entre los ejemplos de adyuvantes que se pueden utilizar se incluyen el adyuvante completo de Freund y el adyuvante MPL-TDM (monofosforil Lípido A, dicorinomicolato de trehalosa sintético). El protocolo de inmunización se puede seleccionar por un experto en la materia sin una gran experimentación.

## b. Anticuerpos monoclonales

Los anticuerpos que reconocen y se unen a polipéptidos de la presente invención o que actúan como antagonistas para los mismos pueden ser, alternativamente, anticuerpos monoclonales. Los anticuerpos monoclonales se pueden preparar utilizando procedimientos de hibridoma, tales como los descritos por Kohler y Milstein, *Nature*, 256: 495 (1975). En un procedimiento de hibridoma, se inmuniza habitualmente un ratón, un hámster u otro animal huésped apropiado con un agente inmunizante para obtener linfocitos que producen o son capaces de producir anticuerpos que se unirán específicamente al agente inmunizante. Alternativamente, los linfocitos se pueden inmunizar *in vitro*.

El agente inmunizante incluirá habitualmente el polipéptido PRO362 de la presente invención, un fragmento antigénico o una proteína de fusión de la misma. Generalmente, se utilizan linfocitos de sangre periférica ("PLBs") si se desean células de origen humano, o células de bazo o células de nódulos linfáticos si se desean fuentes de mamíferos no humanos. A continuación, los linfocitos se fusionan con una línea celular immortalizada utilizando un agente de fusión adecuado, tal como polietilenglicol, para formar una célula de hibridoma [Goding, *Monoclonal Antibodies: Principles and Practice*, Academia Press, (1986), páginas 59-103]. Las líneas celulares immortalizadas son habitualmente células de mamífero transformadas, particularmente células de mieloma de origen roedor, bovino y humano. Habitualmente, se utilizan líneas celulares de mieloma de rata o ratón. Las células de hibridoma se pueden cultivar en un medio de cultivo adecuado que preferiblemente contiene una o más sustancias que inhiben el crecimiento o la supervivencia de las células immortalizadas no fusionadas. Por ejemplo, si las células parentales carecen de la enzima hipoxantina guanina fosforribosiltransferasa (HGPRT o HPRT), el medio de cultivo para los hibridomas incluirá habitualmente hipoxantina, aminopterina y timidina ("medio HAT"), cuyas sustancias evitan el crecimiento de células deficientes en HGPRT.

Las líneas celulares immortalizadas preferidas son aquellas que se fusionan de manera eficaz, soportan un nivel de expresión elevado estable del anticuerpo por las células productoras de anticuerpos seleccionados, y son sensibles a un medio tal como medio HAT. Las líneas celulares immortalizadas más preferidas son líneas de mieloma murino, que se pueden obtener, por ejemplo, del Salk Institute Cell Distribution Center, San Diego, California y la American Type Culture Collection, Rockville, Maryland. Las líneas celulares de mieloma humano y heteromieloma de ratón-humano se han descrito también para la producción de anticuerpos monoclonales humanos [Kozbor, *J. Immunol.*, 133:3001 (1984); Brodeur *et al.*, *Monoclonal Antibody Production Techniques and Applications*, Marcel Dekker, Inc., Nueva York, (1987) páginas, 51-63].

A continuación, el medio de cultivo en el que las células de hibridoma se cultivan se pueden ensayar para la presencia de anticuerpos monoclonales dirigidos contra el polipéptido de la presente invención o que tienen actividad similar que el polipéptido de la presente invención. Preferiblemente, la especificidad de unión de anticuerpos monoclonales producidos por las células de hibridoma se determina mediante inmunoprecipitación o mediante un ensayo de unión *in vitro*, tal como radioinmunoensayo (RIA) o ensayo inmunoabsorbente unido a enzima (ELISA). Dichas técnicas y ensayos se conocen en la técnica. La afinidad de unión del anticuerpo monoclonal se puede determinar, por ejemplo, mediante el análisis Scatchard de Munson y Pollard, *Anal. Biochem.*, 107: 220 (1980).

Después de identificar las células de hibridoma deseadas, los clones se pueden subclonar limitando los procedimientos de dilución y se pueden desarrollar mediante procedimientos estándar [Goding, *supra*]. Entre los medios de cultivo adecuados para este objetivo se incluyen, por ejemplo, medio de Eagle modificado por Dulbecco y medio RPMI-1640. Alternativamente, las células de hibridoma se pueden desarrollar *in vivo* como ascitis en un mamífero.

Los anticuerpos monoclonales secretados por los subclones se pueden aislar o purificar del medio de cultivo o fluido de ascitis mediante procedimientos de purificación de inmunoglobulinas convencionales, tales como, por ejemplo, proteína A-sefarosa, cromatografía en hidroxilapatito, electroforesis en gel, diálisis, o cromatografía de afinidad.

Los anticuerpos monoclonales también se pueden fabricar mediante procedimientos de ADN recombinante, tales como los descritos en la Patente de Estados Unidos No. 4.816.567. El ADN que codifica los anticuerpos monoclonales de la presente invención se pueden aislar fácilmente y secuenciar utilizando procedimientos convencionales (por ejemplo, mediante la utilización de sondas de oligonucleótidos que son capaces de unirse específicamente a genes que codifican las cadenas ligeras y pesadas de anticuerpos murinos). Las células de hibridoma de la presente invención sirven como una fuente de dicho ADN. Una vez aislado, el ADN se puede colocar en vectores de expresión, que a continuación se transfectan en células huésped, tales como células COS de simio, células de ovario de hámster chino (CHO) o células de mieloma que no producen de ningún modo proteína de inmunoglobulina, para obtener la síntesis de anticuerpos monoclonales en las células huésped recombinantes. El ADN también se puede modificar, por ejemplo, sustituyendo la secuencia codificante para los dominios constantes de cadena pesada y ligera humanos en lugar de las secuencias homólogas murinas [Patente de Estados Unidos No. 4.816.567; Morrison *et al.*, *supra*] o uniendo covalentemente a la secuencia codificante de inmunoglobulina toda o parte de la secuencia codificante para un polipéptido que no es inmunoglobulina. Dicho polipéptido que no es inmunoglobulina se puede sustituir por los dominios constantes de un anticuerpo de la presente invención, o se pueden sustituir por los dominios variables de un sitio de combinación de antígeno de un anticuerpo de la presente invención para crear un anticuerpo quimérico bivalente.

Los anticuerpos son preferiblemente anticuerpos monovalentes. Los procedimientos para preparar anticuerpos monovalentes son conocidos en la técnica. Por ejemplo, un procedimiento implica la expresión recombinante de la cadena ligera y la cadena pesada modificada de la inmunoglobulina. La cadena pesada se trunca generalmente en cualquier punto en la región Fc para evitar la reticulación de la cadena pesada. Alternativamente, los residuos de cisteína pertinentes se sustituyen por otro residuo de aminoácido o se eliminan para evitar la reticulación.

Los procedimientos *in vitro* también son adecuados para preparar anticuerpos monovalentes. La digestión de anticuerpos para producir fragmentos de los mismos, particularmente, fragmentos Fab, se puede realizar utilizando técnicas rutinarias conocidas en la técnica.

#### c. Anticuerpos humanos y humanizados

Los anticuerpos de la presente invención pueden comprender además anticuerpos humanizados o anticuerpos humanos. Las formas humanizadas de anticuerpos no humanos (por ejemplo, murinos) son inmunoglobulinas quiméricas, cadenas de inmunoglobulinas o fragmentos de las mismas (tales como Fv, Fab, Fab', F(ab')<sub>2</sub> u otras subsecuencias de unión a antígeno de los anticuerpos) que contienen una secuencia mínima derivada de inmunoglobulina no humana. Entre los anticuerpos humanizados se incluyen inmunoglobulinas humanas (anticuerpo receptor) en las que los residuos de una región determinante de complementariedad (CDR) del receptor se sustituye por residuos de una CDR de una especie no humana (anticuerpo dador), tal como ratón, rata o conejo que tiene la especificidad, afinidad y capacidad deseadas. En algunos casos, los residuos de la estructura de Fv de la inmunoglobulina humana se sustituyen por los residuos no humanos correspondientes. Los anticuerpos humanizados también pueden comprender residuos que no se encuentran ni en el anticuerpo receptor ni en las secuencias de la CDR o la estructura importadas. En general, el anticuerpo humanizado comprenderá sustancialmente todos de por lo menos uno, y habitualmente dos, dominios variables, en los que todas o sustancialmente todas las regiones CDR corresponden a las de una inmunoglobulina no humana y todas o sustancialmente todas las regiones de FR son las de una secuencia de consenso de inmunoglobulina humana. El anticuerpo humanizado de forma óptima también comprenderá por lo menos una parte de una región constante de inmunoglobulina (Fc), habitualmente la de una inmunoglobulina humana [Jones *et al.*, *Nature*, 321: 522-525 (1986); Riechmann *et al.*, *Nature*, 332: 323-329 (1988); y Presta, *Curr. Op. Struct. Biol.*, 2: 593-596 (1992)].

Los procedimientos para humanizar anticuerpos no humanos son conocidos en la técnica. Generalmente, un anticuerpo humanizado tiene uno o más residuos de aminoácidos introducidos en el mismo de un origen no humano. Estos residuos de aminoácidos no humanos se indican frecuentemente como residuos "importados", que se adquieren de un dominio variable "importado". La humanización se puede realizar esencialmente siguiendo el procedimiento de Winter y colaboradores [Jones *et al.*, *Nature*, 321: 522-525 (1986); Riechmann *et al.*, *Nature*, 332: 323-327 (1988); Verhoeven *et al.*, *Science*, 239: 1534-1536 (1988)], mediante la sustitución de CDRs o secuencias de CDR de roedor por las correspondientes secuencias de un anticuerpo humano. Por consiguiente, dichos anticuerpos "humanizados" son anticuerpos quiméricos (Patente de Estados Unidos No. 4.816.567), en los que sustancialmente menos de un dominio variable intacto humano ha sido sustituido por la secuencia correspondiente de una especie no humana. En la práctica, los anticuerpos humanizados son habitualmente anticuerpos humanos en los que algunos residuos de CDR y posiblemente algunos residuos de FR se sustituyen por residuos de sitios análogos en anticuerpos de roedores.

Los anticuerpos humanos también se pueden producir utilizando varias técnicas conocidas en la técnica, incluyendo las bibliotecas de expresión de fagos [Hoogenboom y Winter, *J. Mol. Biol.*, 227: 381 (1991); Marks *et al.*, *J. Mol. Biol.*, 222: 581 (1991)]. Las técnicas de Cole *et al.* y Boerner *et al.* están también disponibles para la preparación de anticuerpos monoclonales humanos (Cole *et al.*, *Monoclonal Antibodies and Cancer Therapy*, Alan R. Liss, página 77 (1985); Boerner *et al.*, *J. Immunol.*, 147(1): 86-95 (1991); patente USA No. 5.750.373]. De forma similar, los anticuerpos humanos se pueden fabricar mediante la introducción de loci de inmunoglobulina humana en animales transgénicos, por ejemplo, ratones en los que los genes de inmunoglobulina endógena han sido parcial o completamen-

te inactivados. Tras la estimulación, se observa la producción de anticuerpos humanos, que se parecen estrechamente a los observados en humanos en todos los aspectos, incluyendo el reajuste de genes, el ensamblaje, y el repertorio de anticuerpos. Este enfoque se describe, por ejemplo, en las Patentes de Estados Unidos Nos. 5.545.807; 5.545.806; 5.569.825; 5.625.126; 5.633.425; 5.661.016, y en las siguientes publicaciones científicas: Marks *et al.*, *BioTechnology* 10, 779-783 (1992); Lonberg *et al.*, *Nature* 368, 856-859 (1994); Morrison, *Nature* 368, 812-13 (1994); Fishwild *et al.*, *Nature Biotechnology* 14, 845-51, (1996); Neuberger, *Nature Biotechnology* 14, 826 (1996); Lonberg y Huszar, *Intern. Rev. Immunol.* 13 65-93 (1995).

#### d. Anticuerpos biespecíficos

Los anticuerpos biespecíficos son monoclonales, preferiblemente humanos o humanizados, que tienen especificidades de unión con por lo menos dos antígenos diferentes. En el presente caso, una de las especificidades de unión puede ser por polipéptido de la presente invención, la otra es por cualquier otro antígeno, y preferiblemente por una proteína o receptor o subunidad del receptor de la superficie celular.

Los procedimientos para fabricar anticuerpos biespecíficos son conocidos en la técnica. Habitualmente, la producción recombinante de anticuerpos biespecíficos se basa en la coexpresión de dos parejas de cadena pesada/cadena ligera de inmunoglobulina, en las que las dos cadenas pesadas tienen especificidades diferentes [Millstein y Cuello, *Nature*, 305: 537-539 (1983)]. Debido a la variedad aleatoria de cadenas pesadas y ligeras de inmunoglobulina, estos híbridos (cuadromas) producen una mezcla potencial de diez moléculas diferentes de anticuerpos, de las cuales sólo una tiene la estructura biespecífica correcta. La purificación de la molécula correcta se realiza habitualmente mediante etapas de cromatografía de afinidad. En WO 93/08829, publicada el 13 de mayo de 1993, y en Traunecker *et al.*, *EMBO J.*, 10: 3655-3659 (1991) se describen procedimientos similares.

Los dominios variables de anticuerpo con las especificidades de unión deseadas (sitios de combinación anticuerpo-antígeno) se pueden fusionar a secuencias de dominios constantes de inmunoglobulinas. La fusión preferiblemente es con un dominio constante de cadena pesada de inmunoglobulina, que comprende por lo menos parte de la bisagra, CH2, y regiones CH3. Se prefiere tener la primera región constante de cadena pesada (CH1) que contiene el sitio necesario para la unión a cadena ligera presente en por lo menos una de las fusiones. Los ADNs que codifican las fusiones de cadena pesada de inmunoglobulina y, si se desea, la cadena ligera de inmunoglobulina, se insertan en vectores de expresión separados, y se cotransfectan en un organismo huésped adecuado. Para mayores detalles sobre la generación de anticuerpos biespecíficos, véase, por ejemplo, Suresh *et al.*, *Methods in Enzymology*, 121: 210 (1986).

#### e. Anticuerpos heteroconjugados

Los anticuerpos heteroconjugados están compuestos de dos anticuerpos unidos covalentemente. Dichos anticuerpos se han propuesto, por ejemplo, para dirigir células del sistema inmune a células no deseadas [Patente de Estados Unidos No. 4.676.980] y para el tratamiento de la infección por VIH [WO 91/00360; WO 92/200373; EP 03089]. Se considera que los anticuerpos se pueden preparar *in vitro* utilizando procedimientos conocidos en la química sintética de proteínas, incluyendo los que implican agentes de reticulación. Por ejemplo, las inmunotoxinas se pueden construir utilizando una reacción de intercambio de disulfuro o mediante la formación de un enlace tioéter. Entre los ejemplos de reactivos adecuados para este objetivo se incluyen el iminotiolato y metil-4-mercaptobutirimidato y los descritos, por ejemplo, en la Patente de Estados Unidos No. 4.676.980.

#### f. Diseño de la función efectora

Se puede desear modificar el anticuerpo de la presente invención con respecto a la función efectora con el fin de aumentar, por ejemplo, la eficacia del anticuerpo en el tratamiento de una enfermedad relacionada con el sistema inmune. Por ejemplo, el residuo o residuos de cisteínas se pueden introducir en la región Fc, permitiendo de esta manera la formación de enlaces disulfuro entre cadenas en esta región. El anticuerpo homodimérico generado de esta manera puede mejorar la capacidad de internalización y/o incrementar la citólisis mediada por el complemento y la citotoxicidad celular dependiente del anticuerpo (ADCC). Véase Caron *et al.*, *J. Exp. Med.*, 176: 1191-1195 (1992) y Shopes, *J. Immunol.*, 148: 2918-2922 (1992). Los anticuerpos homodiméricos con una actividad anti-tumoral aumentada también se pueden preparar utilizando reticuladores heterobifuncionales tal y como se describe en Wolf *et al.* *Cancer Research*, 53: 2560-2565 (1993). Alternativamente, un anticuerpo se puede diseñar para que tenga regiones Fc duales y, de esta manera, pueda aumentar la lisis complementaria y las capacidades de ADCC. Véase, Stevenson *et al.*, *Anti-Cancer Drug Design*, 3:219-230 (1989).

#### g. Inmunoconjugados

La presente invención también se refiere a inmunoconjugados que comprenden un anticuerpo conjugado a un agente citotóxico, tal como un agente quimioterapéutico, toxina (por ejemplo, una toxina enzimáticamente activa de origen bacteriano, fúngico, vegetal o animal, o fragmentos de la misma), o un isótopo radioactivo (es decir, un radioconjugado).

Los agentes quimioterapéuticos útiles para la generación de dichos inmunoconjugados se han descrito anteriormente. Entre las toxinas enzimáticamente activas y fragmentos de las mismas que se pueden utilizar se incluyen la cadena A de difteria, fragmentos activos no enlazantes de toxina de difteria, cadena A de exotoxina (de *Pseudomonas*

*aeruginosa*), cadena A de ricina, cadena A de abrina, cadena A de modeccina, alfa-sarcina, proteínas de *Aleurites fordii*, proteínas de diantina, proteínas de *Phytolaca americana* (PAPI, PAPII, y PAPS), inhibidor de momordica charantia, curcina, crotina, inhibidor de sapaonaria officinalis, gelonina, mitogelina, restrictocina, fenomicina, enomicina, y los tricotecenos. Hay un conjunto de radionúcleos disponibles para la producción de anticuerpos radioconjugados. Algunos ejemplos son  $^{212}\text{Bi}$ ,  $^{131}\text{I}$ ,  $^{131}\text{In}$ ,  $^{90}\text{Y}$  y  $^{186}\text{Re}$ .

Los conjugados del anticuerpo y el agente citotóxico se fabrican utilizando un conjunto de agentes bifuncionales acopladores de proteínas, tales como N-succinimidil-3-(2-piridiliditiol)propionato (SPDP), iminotiolano (IT), derivados bifuncionales de imidoésteres (tales como dimetil adipimidato HCl), ésteres activos (tales como disuccinimidil suberato), aldehídos (tales como glutaraldehído), compuestos bis-azido (tales como bis(p-azidobenzoyl)hexanodiamina), derivados de bis-diazonio (tales como bis-(p-diazoniobenzoyl)-etilendiamina), diisocianatos (tales como toluen 2,6-diisocianato) y compuesto de flúor bis-activos (tales como 1,5-difluoro-2,4-dinitrobenceno). Por ejemplo, una inmunotoxina de ricina se puede preparar tal y como se describe en Vitetta *et al.*, *Science*, **238**: 1098 (1987). El ácido 1-isotiocianatobencil-3-metildietil triaminopentaacético (MX-DTPA) marcado con carbono 14 es un ejemplo de agente quelante para la conjugación de radionúcleos al anticuerpo. Ver WO94/11026.

En otra realización, el anticuerpo se puede conjugar a un “receptor” (tal como estreptavidina) para la utilización en el premarcado de tumores en los que el conjugado anticuerpo-receptor se administra al paciente, seguido de la eliminación de conjugado no enlazado de la circulación utilizando un agente clarificador y, a continuación, la administración de un “ligando” (por ejemplo, avidina) que se conjuga a un agente citotóxico (por ejemplo, un radionúcleo).

#### h. Inmunoliposomas

Las proteínas, anticuerpos, etc. descritos en la presente invención también se pueden formular como inmunoliposomas. Los liposomas que contienen el anticuerpo se preparan mediante procedimientos conocidos en la técnica, tales como los descritos en Epstein *et al.*, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **82**: 3688 (1985); Hwang *et al.*, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **77**: 4030 (1980); y las Patentes de Estados Unidos Nos. 4.485.045 y 4.544.545. Los liposomas con un mayor tiempo de circulación se describen en la Patente de Estados Unidos No. 5.013.556.

Se pueden generar liposomas particularmente útiles mediante el procedimiento de evaporación de fase inversa con una composición lipídica que comprende fosfatidilcolina, colesterol, y fosfatidiletanolamina derivada de PEG (PEG-PE). Los liposomas se extruyen a través de filtros de tamaño de poro definido para obtener liposomas con el diámetro deseado. Los fragmentos Fab' del anticuerpo de la presente invención se pueden conjugar a los liposomas tal y como se describen en Martin *et al.*, *J. Biol. Chem.*, **257**: 286-288 (1982) mediante la reacción de intercambio de enlaces disulfuro. Opcionalmente, el liposoma contiene un agente quimioterapéutico (tal como Doxorubicina). Véase Gabizon *et al.*, *J. Nacional Cancer Inst.*, **81**(19): 1484 (1989).

#### 10. Composiciones farmacéuticas

Las moléculas activas de la presente invención, polipéptidos y anticuerpos, así como otras moléculas identificadas mediante los ensayos de cribado descritos anteriormente, se pueden administrar para el tratamiento de enfermedades inflamatorias en forma de composiciones farmacéuticas.

Las formulaciones terapéuticas de la molécula activa, preferiblemente un polipéptido o un anticuerpo de PRO362 de la presente invención, se preparan para su almacenamiento mediante la mezcla de la molécula activa que tiene el grado deseado de pureza con portadores, excipientes o estabilizantes opcionales farmacéuticamente aceptables (*Remington's Pharmaceutical Sciences* 16ª Edición, Osol, A. Ed. (1980)), en forma de formulaciones liofilizadas o soluciones acuosas. Los portadores, excipientes o estabilizantes aceptables son no tóxicos para los receptores en las dosis y concentraciones utilizadas, e incluyen tampones, tales como fosfato, citrato y otros ácidos orgánicos; antioxidantes que incluyen ácido ascórbico y metionina; conservantes (tales como, cloruro de octadecildimetilbencil amonio; cloruro de hexametonio; cloruro de benzalconio, cloruro de benzetonio; fenol, alcohol butílico o bencílico; alquil parabens, tales como metil o propil paraben; catecol; resorcinol; ciclohexanol; 3-pentanol; y m-cresol); polipéptidos de peso molecular bajo (inferior a aproximadamente 10 residuos); proteínas, tales como albúmina de suero, gelatina, o inmunoglobulinas; polímeros hidrofílicos, tales como polivinilpirrolidona; aminoácidos, tales como glicina, glutamina, asparagina, histidina o lisina; monosacáridos, disacáridos y otros carbohidratos que incluyen glucosa, manosa o dextrinas; agentes quelantes, tales como EDTA; azúcares, tales como sacarosa, manitol, trehalosa o sorbitol; contraiones formadores de sales, tales como sodio; complejos de metales (por ejemplo, complejos de Zn-proteína); y/o tensoactivos no iónicos, tales como TWEEN<sup>TM</sup>, PLURONICS<sup>TM</sup> o polietilenglicol (PEG).

Los compuestos identificados mediante los ensayos de cribado de la presente invención se pueden formular de forma análoga, utilizando técnicas estándar bien conocidas en el sector.

Las lipofecciones o liposomas también se pueden utilizar para liberar el polipéptido, anticuerpo o un fragmento de anticuerpo, en las células. Cuando se utilizan fragmentos de anticuerpos, se prefiere el fragmento inhibidor más pequeño que se une específicamente al dominio de unión de la proteína diana. Por ejemplo, en base a las secuencias de región variable de un anticuerpo, se pueden diseñar moléculas de péptido que mantienen la capacidad de unirse a la secuencia de la proteína diana. Dichos péptidos se pueden sintetizar químicamente y/o producirse mediante tecnología de ADN recombinante (ver, por ejemplo, Marasco *et al.*, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **90**, 7889-7893 [1993]).

La formulación de la presente invención también puede contener más de un compuesto activo según sea necesario para la enfermedad concreta a tratar, preferiblemente aquéllos con actividades complementarias que no se afectan de forma adversa entre sí. Alternativamente, o adicionalmente, la composición puede comprender un agente citotóxico, una citoquina o un agente inhibidor del crecimiento. Dichas moléculas están presentes de forma adecuada combinadas en cantidades que son eficaces para el objetivo deseado.

Las moléculas activas también pueden estar contenidas en microcápsulas preparadas, por ejemplo, mediante técnicas de coacervación o mediante polimerización interfacial, por ejemplo, microcápsulas de hidroximetilcelulosa o gelatina y microcápsulas de poli(metilmetacrilato), respectivamente, en sistemas de liberación de fármacos coloidales (por ejemplo, liposomas, microesferas de albúmina, microemulsiones, nanopartículas y nanocápsulas) o en macroemulsiones. Dichas técnicas se describen en *Remington's Pharmaceutical Sciences* 16ª Edición, Osol, A. Ed. (1980).

Las formulaciones a utilizar para la administración *in vivo* deben ser estériles. Esto se consigue fácilmente mediante filtración a través de membranas de filtración estériles.

Se pueden preparar preparaciones de liberación controlada. Entre los ejemplos adecuados de preparaciones de liberación controlada se incluyen matrices semipermeables de polímeros hidrofóbicos sólidos que contienen el anticuerpo, cuyas matrices están en forma de artículos conformados, por ejemplo, películas o microcápsulas. Entre los ejemplos de matrices de liberación controlada se incluyen poliésteres, hidrogeles (por ejemplo, poli(2-hidroxietil-metacrilato) o poli(vinilalcohol)), poliláctidos (Patente de Estados Unidos No. 3.773.919), copolímeros de ácido L-glutámico y  $\gamma$  etil-L-glutamato, copolímeros de etileno-acetato de vinilo no degradables, copolímeros de ácido láctico-ácido glicólico degradables, tales como el LUPRON DEPOT™ (microesferas inyectables compuestas de copolímero de ácido láctico-ácido glicólico y acetato de leuprolide) y ácido poli-D-(-)-3-hidroxi-butírico. Mientras que polímeros, tales como etileno-acetato de vinilo y ácido láctico-ácido glicólico, permiten la liberación de moléculas durante 100 días, ciertos hidrogeles liberan proteínas durante periodos más cortos de tiempo. Cuando los anticuerpos encapsulados permanecen en el cuerpo durante un periodo largo de tiempo, se desnaturalizan o agregan como resultado de la exposición a una humedad de 37°C, dando lugar a una pérdida de actividad biológica y posibles cambios en la inmunogenicidad. Se pueden idear varias estrategias racionales para la estabilización dependiendo del mecanismo implicado. Por ejemplo, si el mecanismo de agregación se descubre que es la formación de enlaces S-S intermoleculares a través del intercambio de tio-disulfuros, se puede conseguir la estabilización mediante la modificación de residuos sulfhidrilos, la liofilización a partir de soluciones ácidas, el control del contenido de humedad, la utilización de aditivos adecuados y el desarrollo de composiciones específicas de matriz de polímeros.

#### 11. Procedimientos de tratamiento

Se considera que los polipéptidos, anticuerpos, y otros compuestos activos de la presente invención se pueden utilizar para tratar varias enfermedades y condiciones inflamatorias, tales como enfermedades mediadas por células T, incluyendo aquellas caracterizadas por la infiltración de células leucocitos en un tejido, estimulación de la proliferación de células T, inhibición de la proliferación de células T, aumento o descenso de la permeabilidad vascular o la inhibición de la misma.

Los compuestos descritos en la presente invención y en WO99/27098 (por ejemplo, PRO301, PRO362, PRO245) codifican nuevos miembros de una familia de proteínas caracterizadas por la homología con el antígeno A33. La naturaleza proinflamatoria de los compuestos de la presente invención es indicada en los ensayos *in vitro* siguientes.

Las proteínas codificadas por los compuestos DNA40628, DNA45416, y DNA35638 descritos en la presente invención [(SEC ID No: 1, SEC ID No: 2 y SEC ID No: 9), respectivamente], comparten homología con la identidad con la molécula de adhesión de unión (JAM), Martin-Padura *et al.*, *J. Cell. Biol.* 1998 142(1): 117-127. La identidad más sustancial está compartida por la proteína PRO301 codificada por DNA40628 (SEC ID No. 1) en un 67%. La JAM está implicada en el reclutamiento de monocitos en respuesta a MCP-1, MCP-3 y LPS *in vivo*. Los anticuerpos para JAM bloquean la trans migración de monocitos *in vivo*. La JAM se localiza en el epitelio y endotelio murino como una molécula de adhesión de unión para la trans migración de monocitos. Otros leucocitos también pueden utilizar JAM, pero no existe ninguna información que apoye esta idea. La JAM está elevada en el colon de ratones con colitis y probablemente juega un papel de reclutamiento de monocitos o leucocitos en la lesión colónica.

Entre las enfermedades o trastornos a tratar con los polipéptidos, anticuerpos y otros compuestos de la presente invención de ejemplo se incluyen, pero no se limitan a enfermedad inflamatoria del intestino (es decir, colitis ulcerosa, enfermedad de Crohn), lupus eritematoso sistémico, artritis reumatoide, artritis crónica juvenil, espondiloartropatías, esclerosis sistémica (escleroderma), miopatías inflamatorias idiopáticas (dermatomiositis, polimiositis), síndrome de Sjögren, vasculitis sistémica, sarcoidosis, anemia hemolítica autoinmune (pancitopenia inmune, hemoglobinuria paroxismal nocturna), trombocitopenia autoinmune (púrpura trombocitopénica idiopática, trombocitopenia mediada por el sistema inmune), tiroiditis (enfermedad de Graves, tiroiditis de Hashimoto, tiroiditis linfocítica juvenil, tiroiditis atrófica), diabetes mellitus, enfermedad renal mediada por el sistema inmune (glomerulonefritis, nefritis tubulointersticial), enfermedades desmielinizantes de los sistemas nerviosos central y periférico, tales como la esclerosis múltiple, polineuropatía desmielinizante idiopática o síndrome de Guillain-Barre y polineuropatía desmielinizante inflamatoria crónica, enfermedades hepatobiliares tales como las hepatitis infecciosas (hepatitis A, B, C, D, E y otros virus no hepatotrópicos), hepatitis crónica activa autoinmune, cirrosis biliar primaria, hepatitis granulomatosa, y conlangitis esclerosante, enfermedades inflamatorias y fibróticas del pulmón, tales como fibrosis quística, enteropatía sensible al

gluten, y enfermedad de Whipple, enfermedades de la piel autoinmunes o mediadas por el sistema inmune incluyendo las enfermedades de piel bullosa, eritema multiforme y dermatitis de contacto, psoriasis, enfermedades alérgicas, tales como asma, rinitis alérgica, dermatitis atópica, hipersensibilidad a la comida y urticaria, enfermedades inmunológicas del pulmón, tales como neumonía eosinofílica, fibrosis pulmonar idiopática y neumonitis por hipersensibilidad, enfermedades asociadas a trasplantes incluidas el rechazo del injerto y la enfermedad de injerto contra huésped.

En el lupus eritematoso sistémico, el mediador central de la enfermedad es la producción de anticuerpos auto-reactivos para propias proteínas/tejidos y la posterior generación de la inflamación mediada por el sistema inmune. Los anticuerpos median directa e indirectamente la lesión en el tejido. Aunque no se ha observado que los linfocitos T estén directamente implicados en el daño tisular, los linfocitos T son necesarios para el desarrollo de anticuerpos auto-reactivos. La génesis de la enfermedad es de este modo dependiente de los linfocitos. Los órganos y sistemas múltiples están afectados clínicamente incluyendo el riñón, el pulmón, el sistema musculoesquelético, el sistema mucocutáneo, ojo, sistema nervioso central, sistema cardiovascular, tracto gastrointestinal, médula espinal y sangre.

La artritis reumatoide (RA) es una enfermedad inflamatoria autoinmune sistémica crónica que implica principalmente a la membrana sinovial de múltiples articulaciones con la lesión resultante en el cartílago articular. La patogénesis es dependiente de los linfocitos T y está asociada con la producción de factores reumatoides, auto-anticuerpos dirigidos contra las propias IgG, con la formación resultante de complejos inmunes que alcanzan niveles elevados en fluidos de la articulación y sangre. Estos complejos en la articulación pueden inducir el infiltrado marcado de linfocitos y monocitos en el sinovio y los posteriores cambios sinoviales marcados: el espacio/fluido de las articulaciones se infiltra mediante células similares con la adición de numerosos neutrófilos. Los tejidos afectados son principalmente las articulaciones, frecuentemente en patrón simétrico. Sin embargo, también aparece en dos formas importantes. Una forma es el desarrollo de lesiones extra-articulares con la enfermedad articular progresiva presente y las lesiones típicas de la fibrosis pulmonar, vaculitis y úlceras cutáneas. La segunda forma de la enfermedad extra-articular es el denominado síndrome de Felty que aparece de forma tardía en la evolución de la enfermedad de RA, algunas veces después de que la enfermedad articular haya quedado inactiva, e implica la presencia de neutropenia, trombocitopenia y esplenomegalia. Esto puede estar acompañado por vaculitis en múltiples órganos con formaciones de infartos, úlceras en la piel y gangrena. Los pacientes también desarrollan frecuentemente nódulos reumatoides en el tejido subcutáneo que recubre las articulaciones afectadas; la etapa tardía de los nódulos tienen centros necróticos rodeados por un infiltrado de células inflamatorias mezcladas. Otras manifestaciones que pueden aparecer en RA incluyen: pericarditis, pleuritis, arteritis coronaria, neumonitis intersticial con fibrosis pulmonar, queratoconjuntivitis seca y nódulos reumatoides.

La artritis crónica juvenil es una enfermedad inflamatoria idiopática crónica que empieza frecuentemente con como mínimo 16 años. Su fenotipo tiene algunas similitudes con la RA; algunos pacientes que presentan un resultado positivo en el factor reumatoide se clasifican como artritis reumatoide juvenil. La enfermedad se subclasifica en tres categorías principales: pauciarticular, poliarticular y sistémica. La artritis puede ser aguda y es habitualmente destructivo y conduce a la anquilosis de la articulación y el crecimiento retardado. Otras manifestaciones pueden incluir uveitis anterior crónica y amiloidosis sistémica.

Las espondiloartropatías son un grupo de trastornos con algunas características clínicas comunes y la asociación común con la expresión del producto génico HLA-B27. Entre los trastornos se incluyen: espondilitis anquilosante, síndrome de Reiter (artritis reactiva), artritis asociada con la enfermedad del intestino inflamatoria, espondilitis asociada con psoriasis, espondiloartropatía de inicio juvenil y espondiloartropatía no diferenciada. Las características diferenciables incluyen la sacroileitis con o sin espondilitis; artritis inflamatoria asimétrica; asociación con HLA-B27 (un alelo definido serológicamente del locus HLA-B de MHC de clase I); inflamación ocular, y ausencia de autoanticuerpos asociados con otra enfermedad reumatoide. La célula más implicada como clave de la inducción de la enfermedad es el linfocito T CD8+, una célula que dirige un antígeno presentado por células T CD8+ de moléculas MHC de clase I puede reaccionar contra el alelo HLA-B27 de MHC de clase I como si fuera un péptido exógeno expresado por moléculas MHC de clase I. Se ha realizado la hipótesis de que un epítipo de HLA-B27 puede mimetizar un epítipo antigénico bacteriano o microbiano y de este modo inducen una respuesta de células T CD8+.

La esclerosis sistémica (escleroderma) tiene una etiología desconocida. Una característica de la enfermedad es el endurecimiento de la piel; probablemente inducido por un procedimiento inflamatorio activo. El escleroderma puede ser localizado o sistémico; las lesiones vasculares son habituales y la lesión de las células endoteliales en la microvasculatura en un suceso inicial e importante en el desarrollo de esclerosis sistémica; la lesión vascular puede estar mediada por el sistema inmune. Se supone una base inmunológica por la presencia de infiltrados de células mononucleares en las lesiones cutáneas y la presencia de anticuerpos antinucleares en muchos pacientes. La ICAM-1 frecuentemente favorece la expresión en la superficie celular de los fibroblastos en lesiones de piel que sugieren que la interacción de las células T con estas células puede tener un papel en la patogénesis de la enfermedad. Entre otros órganos implicados se incluyen: el tracto gastrointestinal: la atrofia del músculo liso y la fibrosis que da lugar a una peristalsis/motilidad anormal; riñón: la proliferación concéntrica de íntima subendotelial que afecta las arterias arqueadas pequeñas e interlobulares con un flujo sanguíneo cortical renal resultante reducido, da lugar a proteinuria, azotemia e hipertensión; músculo esquelético: atrofia, fibrosis intersticial; inflamación; pulmón: neumonitis intersticial y fibrosis intersticial; y corazón: necrosis en banda de contracción, cicatrización/fibrosis.

Las miopatías inflamatorias idiopáticas incluyendo la dermatomiositis, polimiositis y otros son trastornos de la inflamación muscular crónica de etiología desconocida que dan lugar a una debilidad del músculo. La lesión/inflamación muscular es frecuentemente simétrica y progresiva. Los autoanticuerpos se asocian con la mayoría de las formas. Estos

autoanticuerpos específicos de la miosilis están dirigidos contra e inhiben la función de los componentes, proteínas y ARNm implicados en la síntesis de proteínas.

El síndrome de Sjögren es debido a una inflamación mediada por el sistema inmune y la posterior destrucción funcional de las glándulas lacrimales y las glándulas salivares. La enfermedad puede estar asociada con o acompañada por enfermedades del tejido conectivo inflamatorio. La enfermedad está asociada con la producción de autoanticuerpos contra los antígenos Ro y La, los cuales son complejos ARN-proteína pequeños. Las lesiones dan lugar queratoconjuntivitis seca, xerostomía, con otras manifestaciones o asociaciones que incluyen cirrosis biliar, neuropatía periférica o sensorial y púrpura palpable.

La vasculitis sistémica son enfermedades en las que la lesión primaria es la inflamación y en algunos casos existe un daño posterior en los vasos sanguíneos que da lugar a una isquemia/necrosis/degeneración en tejidos a los que llegan los vasos sanguíneos afectados y la posible disfunción final del órgano. La vasculitis también puede aparecer como una lesión secundaria o secuela de otras enfermedades mediadas por el sistema inmune-inmunitario, tales como artritis reumatoide, esclerosis sistémica, etc., particularmente en enfermedades también asociadas con la formación de complejos inmunes. Entre las enfermedades del grupo de vasculitis sistémica primaria se incluyen: vasculitis necrotizante sistémica, poliarteritis nodosa, angitis alérgica y granulomatosis, poliangiitis; granulomatosis de Wegener; granulomatosis linfomatoide; y arteritis de células gigantes. Entre las vasculitis diversas se incluyen: síndrome del nódulo linfático mucocutáneo (MLNS o enfermedad de Kawasaki), vasculitis del SNC aislada, enfermedad de Behet, tromboangiitis obliterante (enfermedad de Buerger) y venulitis necrotizante cutánea. El mecanismo patogénico de la mayoría de los tipos de vasculitis enumeradas se cree que son principalmente debidas a la deposición de complejos de inmunoglobulinas en la pared del vaso sanguíneo y la posterior inducción de una respuesta inflamatoria vía ADCC, complejo de activación o ambos.

La sarcoidosis es una enfermedad de etiología desconocida que se caracteriza por la presencia de granulomas epitelioides en casi cualquier tejido del cuerpo; la implicación del pulmón es lo más habitual. La patogénesis implica la persistencia de macrófagos activados y células linfoides en sitios de la enfermedad con las posteriores secuelas crónicas resultantes de la liberación de productos local y sistémicamente activos liberados por estos tipos de células.

La anemia hemolítica autoinmune que incluye la anemia hemolítica autoinmune, la pancitopenia inmune, y la hemoglobinuria paroxismal nocturna es un resultado de la producción de anticuerpos que reaccionan con antígenos expresados en la superficie de los glóbulos rojos (y en algunos casos otras células sanguíneas incluyendo plaquetas también) y es un reflejo de la eliminación de estas células recubiertas de anticuerpo a través de la lisis mediada por complemento y/o mecanismos mediados por receptor ADCC/Fc.

En la trombocitopenia autoinmune que incluye púrpura trombocitopénica y trombocitopenia mediada por el sistema inmune en otros escenarios clínicos, la destrucción/eliminación de plaquetas aparece como resultado de la unión de anticuerpos o complementos a plaquetas y la posterior eliminación mediante lisis de complemento, mecanismos mediados por receptor ADCC/Fc.

La tiroiditis que incluye la enfermedad de Grave, la tiroiditis de Hashimoto, la tiroiditis linfocítica juvenil, y la tiroiditis atrófica son el resultado de una respuesta autoinmune contra los antígenos de la tiroides con la producción de anticuerpos que reaccionan con proteínas presentes en y frecuentemente específicas para la glándula tiroidea. Los modelos experimentales existentes incluyen modelos espontáneos: ratas (ratas BUF y BB) y pollos (cepa de pollos obesos); modelos inducibles: inmunización de animales con tiroglobulina, antígeno microsómico de tiroides (tiroide peroxidasa).

La diabetes mellitus tipo I o diabetes dependiente de insulina es la destrucción autoinmune de células  $\beta$  de las isletas pancreáticas: esta destrucción está mediada por auto-anticuerpos y células T autorreactivas. Los anticuerpos para insulina o el receptor de insulina también puede producir el fenotipo de la no respuesta a insulina.

Las enfermedades renales mediadas por el sistema inmune, incluyendo glomerulonefritis y nefritis tubulointersticial, son el resultado de la lesión mediada por anticuerpos o linfocitos T en el tejido renal directamente como resultado de la producción de anticuerpos autorreactivos o células T contra antígenos renales, o bien, indirectamente como resultado de la deposición de anticuerpos y/o complejos inmunes en el riñón que son reactivos contra otros antígenos no renales. De este modo, otras enfermedades mediadas por el sistema inmune que dan lugar a la formación de complejos inmunes también pueden inducir enfermedades renales mediadas por el sistema inmune como una secuela indirecta. Ambos mecanismos inmunes directo e indirecto dan lugar a una respuesta inflamatoria que produce/induce el desarrollo de lesiones en los tejidos renales con una alteración funcional orgánica resultante y en algunos casos la progresión para la insuficiencia renal. Ambos mecanismos inmunes humores y celulares pueden estar implicados en la patogénesis de las lesiones.

Las enfermedades desmielinizantes de los sistemas nerviosos central y periférico, incluyendo Esclerosis Múltiple; polineuropatía desmielinizante idiopática o síndrome de Guillain-Barre; y polineuropatía desmielinizante inflamatoria crónica, se cree que tienen una base autoinmune y dan lugar a una desmielinización nerviosa como resultado del daño causado a los oligodendrocitos o a la mielina directamente. En la MS existen evidencias para sugerir que la inducción y progresión de la enfermedad son dependientes de los linfocitos T. La Esclerosis Múltiple es una enfermedad desmie-



linizante que es dependiente de los linfocitos T y tiene una evolución de recaída-remisión o una evolución progresiva crónica. La etiología es desconocida; sin embargo, las infecciones virales, la predisposición genética, el medio, y la autoinmunidad contribuyen. Las lesiones contienen infiltrados de predominantemente células microgliales mediadas por linfocitos T y macrófagos de infiltración; linfocitos T CD4+ son el tipo de células predominantes en las lesiones.

5 El mecanismo de la muerte celular por oligodendrocitos y la posterior desmielinización no son conocidos pero es probable que estén dirigidos por linfocitos T.

La enfermedad de pulmón inflamatoria y fibrótica, incluyendo la neumonía eosinofílica, fibrosis pulmonar idiopática y neumonitis por hipersensibilidad, puede implicar una respuesta inmuno-inflamatoria desregulada. La inhibición

10 de esa respuesta tendría efecto terapéutico.

La enfermedad de la piel autoinmune o mediada por el sistema inmune incluyendo enfermedades de la piel bullosa, eritema multiforme y dermatitis por contacto están mediadas por auto-anticuerpos, la génesis de los cuales es dependiente de los linfocitos T.

15

La psoriasis es una enfermedad inflamatoria mediada por linfocitos T. Las lesiones contienen infiltrados de linfocitos T, macrófagos y células que procesan antígenos y algunos neutrófilos.

Las enfermedades alérgicas, incluyendo asma; rinitis alérgica, dermatitis atópica; hipersensibilidad a la comida; y la urticaria son dependientes de los linfocitos T. Estas enfermedades están mediadas predominantemente por la inflamación inducida por linfocitos T, la inflamación mediada por IgE o una combinación de ambas.

20

Las enfermedades asociadas a trasplantes, incluyendo el rechazo de injerto y la enfermedad de injerto contra huésped (GVHD) son dependientes de los linfocitos T; la inhibición de la función de los linfocitos T es mejorable.

25

Otras enfermedades en las que la intervención de la respuesta inmune y/o inflamatoria tiene ventajas son las enfermedades infecciosas incluyendo, pero sin limitarse a, la infección viral (incluyendo, pero sin limitarse a, AIDS, hepatitis A, B, C, D, E), infección bacteriana, infecciones micóticas, e infecciones por protozoos y parásitos (moléculas (o derivados/agonistas) que estimulan la MLR se pueden utilizar terapéuticamente para aumentar la respuesta

30 inmune en agentes infecciosos), enfermedades de inmunodeficiencia (moléculas/derivados/agonistas) que estimulan la MLR se pueden utilizar terapéuticamente para aumentar la respuesta inmune para enfermedades de inmunodeficiencia heredada, adquirida, inducida infecciosa (como en la infección por VIH) o latrogénica (es decir, proveniente de la quimioterapia) y la neoplasia.

Se ha demostrado que algunos pacientes de cáncer humano desarrollan una respuesta de anticuerpo y/o linfocitos T a antígenos en células neoplásicas. También se ha observado en modelos de animales de neoplasia que el aumento de la respuesta inmune en la MLR tiene utilidad *in vivo* en el aumento de la respuesta inmune contra la neoplasia. Las moléculas que aumentan la respuesta proliferativa de los linfocitos T en la MLR (o agonistas de moléculas pequeñas o anticuerpos que afectaban al mismo receptor de un modo agonístico) se pueden utilizar terapéuticamente para tratar

40 el cáncer. Las moléculas que inhiben la respuesta de los linfocitos en la MLR también funcionan *in vivo* durante la neoplasia para suprimir la respuesta inmune a un neoplasma; dichas moléculas se pueden expresar mediante las propias células neoplásicas o su expresión se puede inducir por el neoplasma en otras células. El antagonismo de dichas moléculas inhibitorias (o con anticuerpo, antagonistas de moléculas pequeñas u otros medios) aumenta el rechazo al tumor mediado por el sistema inmune.

45

Adicionalmente, la inhibición de moléculas con propiedades inflamatorias pueden tener una ventaja terapéutica en la lesión por reperfusión; apoplejía; infarto de miocardio; aterosclerosis; lesión pulmonar aguda; choque hemorrágico; quemaduras; choque sepsis/séptico; necrosis tubular aguda; endometriosis; enfermedad de las articulaciones degenerativa y pancreatitis.

50

Los compuestos PRO362 de la presente invención, por ejemplo, polipéptidos o anticuerpos, se administran a un mamífero, preferiblemente un humano, según los procedimientos conocidos, tales como administración intravenosa como bolo o mediante infusión continua durante un periodo de tiempo, mediante las rutas intramuscular, intraperitoneal, intracerebroespinal, subcutánea, intraarticular, intrasinovial, intratecal, oral, tópica o por inhalación (intranasal, intrapulmonar). Se prefiere la administración intravenosa o por inhalación de los polipéptidos y anticuerpos.

55

En la terapia con inmunoadyuvantes, se pueden combinar otras pautas terapéuticas, tales como la administración de un agente anticancerígeno, con la administración de las proteínas, anticuerpos o compuestos de la presente invención. Por ejemplo, el paciente a tratar con los inmunoadyuvantes de la presente invención también pueden recibir un agente anticancerígeno (agente quimioterapéutico) o terapia con radiación. La preparación y los programas de dosificación para dichos agentes quimioterapéuticos se pueden utilizar según las instrucciones del fabricante o según se determina empíricamente por el profesional. La preparación y los programas de dosificación para dicha quimioterapia también se describen en *Chemotherapy Service* Ed., M.C. Perry, Williams & Wilkins, Baltimore, MD (1992). El agente quimioterapéutico puede preceder o seguir a la administración del inmunoadyuvante o se puede administrar simultáneamente

60 con el mismo. Adicionalmente, un compuesto anti-oestrógeno, tal como tamoxifeno, o una anti-progesterona, tal como onapristona (ver, EP 616812) se pueden administrar en dosis conocidas para dichas moléculas.

65

Se puede desear también administrar anticuerpos contra otros antígenos asociadas a una enfermedad inmune o asociados a un tumor, tales como anticuerpos que se unen a CD20, CD11a, CD18, ErbB2, EGFR, ErbB3, ErbB4 o factor endotelial vascular (VEGF). Alternativamente, o además, se pueden coadministrar al paciente dos o más anticuerpos que se unen al mismo o dos o más antígenos diferentes descritos en la presente invención. Algunas veces, puede ser beneficioso administrar también una o más citoquinas al paciente. En una realización, los polipéptidos de la presente invención se coadministran con un agente inhibidor del crecimiento. Por ejemplo, el agente inhibidor del crecimiento se puede administrar en primer lugar, seguido de un polipéptido de la presente invención. Sin embargo, también se contempla la administración simultánea o la administración en primer lugar. Las dosis adecuadas para el agente inhibidor del crecimiento son aquellas que se utilizan actualmente y pueden disminuirse debido a la acción combinada (sinergia) del agente inhibidor del crecimiento y el polipéptido de la presente invención.

Para el tratamiento o la reducción de la gravedad de la enfermedad relacionada con el sistema inmune, la dosis apropiada de un compuesto de la presente invención dependerá del tipo de enfermedad a tratar, tal como se ha definido anteriormente, la gravedad y la evolución de la enfermedad, si el agente se administra con objetivos de prevención o terapéuticos, terapia previa, el historial clínico del paciente y la respuesta al compuesto, y la discreción del profesional que atiende al paciente. El compuesto se administra adecuadamente al paciente en una vez o durante una serie de tratamientos. Preferiblemente, es deseable determinar la curva dosis-respuesta y la composición farmacéutica de la presente invención primero *in vitro* y a continuación en modelos de animales útiles antes de ensayar en humanos.

Por ejemplo, dependiendo del tipo y la gravedad de la enfermedad, aproximadamente de 1  $\mu\text{g/kg}$  a 15  $\text{mg/kg}$  (por ejemplo, 0,1-20  $\text{mg/kg}$ ) de polipéptido o anticuerpo es una dosis candidata inicial para la administración al paciente, ya sea, por ejemplo, mediante una o más administraciones separadas, o mediante infusión continua. Una dosis diaria habitual podría variar entre aproximadamente 1  $\mu\text{g/kg}$  a 100  $\text{mg/kg}$  o más, dependiendo de los factores mencionados anteriormente. Para administraciones repetidas durante varios días o a más tiempo, dependiendo de la enfermedad, el tratamiento se mantiene hasta que tenga lugar la supresión deseada de los síntomas de la enfermedad. Sin embargo, pueden ser útiles otras pautas de dosificación. El progreso de esta terapia se monitoriza fácilmente mediante técnicas y ensayos convencionales.

## 12. Artículos de fabricación

En otra realización del a presente invención, se proporciona un artículo de fabricación que contiene materiales útiles para el diagnóstico o tratamiento de los trastornos descritos anteriormente. El artículo de fabricación comprende un recipiente y un marcador. Entre los recipientes adecuados se incluyen, por ejemplo, botellas, viales, jeringas y tubos de ensayo. Los recipientes pueden estar formados de una variedad de materiales, tales como vidrio o plástico. El recipiente contiene una composición que es eficaz para el diagnóstico o el tratamiento de la enfermedad y puede tener un puerto de acceso estéril (por ejemplo, el recipiente puede ser una bolsa o un vial de solución intravenosa que tiene un tapón penetrable por una aguja de inyección hipodérmica). El agente activo en la composición es habitualmente un polipéptido o un anticuerpo de la presente invención. El marcador en el recipiente o asociado con el mismo indica que la composición se utiliza para el diagnóstico o el tratamiento de la enfermedad de elección. El artículo de fabricación puede comprender además un segundo recipiente que comprende un tampón farmacéuticamente aceptable, tal como una solución salina tamponada con fosfato, solución de Ringer y solución de dextrosa. Pueden incluir también otros materiales deseables desde un punto de vista comercial y del usuario, incluyendo otros tampones, diluyentes, filtros, agujas, jeringas y prospectos con instrucciones para su uso.

## 13. Diagnóstico y pronóstico de enfermedades relacionadas con el sistema inmune

Las proteínas de la superficie celular, tales como proteínas que se sobreexpresan en ciertas enfermedades relacionadas con el sistema inmune, son excelentes dianas para los fármacos candidatos o el tratamiento de la enfermedad. Las mismas proteínas junto con proteínas secretadas codificadas por los genes amplificados en los estados de la enfermedad relacionada con el sistema inmune son útiles adicionalmente en el diagnóstico y pronóstico de estas enfermedades. Por ejemplo, los anticuerpos dirigidos contra las proteínas producto de los genes amplificados en la esclerosis múltiple, artritis reumatoide u otra enfermedad relacionada con el sistema inmune se pueden utilizar como diagnóstico o pronóstico.

Por ejemplo, los anticuerpos, incluyendo fragmentos de anticuerpos, se pueden utilizar para detectar cualitativamente o cuantitativamente la expresión de proteínas codificadas por los genes amplificados o sobreexpresados ("productos génicos marcadores"). El anticuerpo está preferiblemente equipado con un marcador detectable, por ejemplo fluorescente, y la unión se puede monitorizar mediante microscopía de luz, citometría de flujo, fluorimetría, u otras técnicas conocidas en el sector. Estas técnicas son particularmente adecuadas, si el gen sobreexpresado codifica una proteína de la superficie celular. Dichos ensayos de unión se realizan esencialmente tal y como se ha descrito anteriormente.

La detección *in situ* de la unión del anticuerpo a los productos génicos marcadores se puede realizar, por ejemplo, mediante inmunofluorescencia o microscopía inmunoelectrónica. Con este objetivo, se extrae una muestra histológica del paciente, y se aplica un anticuerpo marcado a la misma, preferiblemente mediante el recubrimiento del anticuerpo sobre la muestra biológica. Este procedimiento también permite la determinación de la distribución del producto génico marcador en el tejido examinado. Será evidente para los expertos en la materia que existen una gran variedad de procedimientos histológicos fácilmente disponibles para la detección *in situ*.

Los siguientes ejemplos se ofrecen sólo con objetivos ilustrativos, y no pretenden limitar de ningún modo el alcance de la presente invención.

## 5 Ejemplos

Los reactivos disponibles comercialmente a los que se hace referencia en los ejemplos se utilizaron de acuerdo con las instrucciones del fabricante a menos de que se indique lo contrario. El origen de las células identificadas en los siguientes ejemplos, y a lo largo del documento, por los números de acceso de la ATCC pertenecen a la American  
10 Type Culture Collection, Rockville, Maryland.

### Ejemplo 1

#### 15 *Aislamiento de clones de ADNc que codifican PRO301 humano*

Se utilizaron secuencias del dominio extracelular (ECD) (incluyendo la señal de secreción, si existe) de aproximadamente 950 proteínas secretadas conocidas de la base de datos de proteínas pública Swiss-Prot para buscar bases de datos de marcadores de secuencia expresada (EST). Las bases de datos de EST incluían bases de datos públicas de EST (por ejemplo, GenBank) y una base de datos de ADN de EST privada (LIFESEQ\*, Incyte Pharmaceuticals, Palo Alto, CA). La búsqueda se realizó utilizando el programa informático BLAST o BLAST-2 (por ejemplo, Altshul  
20 *et al. Methods in Enzymology* 266: 460-480 (1996)) como comparación de las secuencias de ECD de proteínas con una traducción de 6 marcos de la secuencia de EST. Aquellas comparaciones que daban lugar a un resultado BLAST de 70 (o en algunos casos de 90) o superior que no codificaban proteínas conocidas se agruparon y ensamblaron en las secuencias de ADN de consenso con el programa "phrap" (Phil Green, Universidad de Washington, Seattle, Washington).

Se ensambló una secuencia de ADN de consenso que codifica DNA35936 utilizando phrap. En algunos casos, la secuencia de ADN de consenso se extendió utilizando ciclos de blast y phrap para extender la secuencia de consenso  
30 tanto como fuera posible utilizando las tres fuentes de secuencias EST indicadas anteriormente.

En base a esta secuencia, se sintetizaron oligonucleótidos: 1) para identificar mediante PCR una biblioteca de ADNc que contenía la secuencia de interés y 2) para utilizar como sondas para aislar un clon de la secuencia de codificación de longitud completa. Los cebadores de PCR directos e inversos (indicados como \*.f y \*.r, respectivamente)  
35 pueden variar de 20 a 30 nucleótidos (habitualmente aproximadamente 24) y se diseñan para producir un producto de PCR de 100-1000 pb de longitud. Las secuencias de sondas (indicadas como \*.p) tienen habitualmente de 40-55 pb (habitualmente aproximadamente 50) de longitud. En algunos casos, se sintetizan oligonucleótidos adicionales cuando la secuencia de consenso es mayor de 1-1,5 kbp. Con el fin de cribar diversas bibliotecas para una fuente de un clon de longitud completa, se cribó el ADN de las bibliotecas mediante una amplificación por PCR, como en Ausubel  
40 *et al., Current Protocols in Molecular Biology*, con la pareja de cebadores de PCR. A continuación, se utilizó una biblioteca positiva para aislar los clones que codificaban el gen de interés mediante el procedimiento de clonación *in vivo* utilizando el oligonucleótido de sonda y uno de los cebadores de PCR.

Con el fin de cribar diversas bibliotecas para una fuente de un clon de longitud completa, se cribó el ADN de las bibliotecas mediante una amplificación por PCR con la pareja de cebadores de PCR identificados anteriormente. A continuación, se utilizó una biblioteca positiva para aislar los clones que codificaban el gen de PRO301 utilizando el oligonucleótido de sonda y uno de los cebadores de PCR.

El ARN para la construcción de las bibliotecas de ADNc se aisló de riñón fetal humano. Las bibliotecas de ADNc utilizadas para aislar los clones de ADNc se construyeron mediante procedimientos estándar utilizando reactivos comercialmente disponibles (por ejemplo, Invitrogen, San Diego, CA; Clontech, etc.). El ADNc se cebó con oligo dT que contenía un sitio notI, unido por extremo 3' a adaptadores con hemoquinas Sall, se dividió con NotI, se separó por tamaño adecuadamente mediante electroforesis de gel, y se clonó en una orientación definida en un vector de clonación adecuado (tal como pRKB o pRKD; pRK5B es un precursor de pRK5D que no contiene el sitio SfiI; véase Holmes *et al., Science* 253: 1278-1280 (1991)) en los sitios únicos XhoI y NotI.  
55

Se secuenció un clon de ADNc en su totalidad. La secuencia de nucleótidos de longitud completa de DNA40628 de secuencia nativa se muestra en la figura 5. El clon DNA40628 contiene un único marco de lectura abierto con un sitio de iniciación de traducción claro en las posiciones de nucleótidos 52-54 (figura 5). El precursor del polipéptido estimado tiene 299 aminoácidos de longitud con un peso molecular estimado de 32583 daltons y un pI de 8,29. El clon DNA40628 se ha depositado con la ATCC y se le asignó el depósito de ATCC no. 209432.  
60

En base al análisis de alineación de secuencias BLAST y FastA de la secuencia de longitud completa, el PRO301 codificado por DNA40628 muestra una identidad en la secuencia de aminoácidos con el precursor del antígeno 33 (30%) y con la proteína receptora de virus cocksackie y adenovirus (29%).  
65

## ES 2 305 608 T3

Las secuencias de nucleótidos utilizados en el procedimiento anterior fueron los siguientes:

OL12162 (359396.f1) (SEC ID No. 12)

5 TCGCGGAGCTGTGTTCTGTTCCC

OL12163 (35936.p1) (SEC ID No. 13)

10 TGATCGCGATGGGGACAAAGGCGCAAGCTCGAGAGGAACTGTTGTGCCT

OL12164 (35936.f2) (SEC ID No. 14)

15 ACACCTGGTTCAAAGATGGG

OL12165 (35936.r1) (SEC ID No. 15)

20 TAGGAAGAGTTGCTGAAGGCACGG

OL12166 (35936.f3) (SEC ID No. 16)

25 TTGCCTTACTCAGGTGCTAC

OL12167 (35936.r2) (SEC ID No. 17)

30 ACTCAGCAGTGGTAGGAAAG

### Ejemplo 2

35 *Aislamiento de clones de ADNc que codifican PRO362 humano*

Se utilizaron secuencias del dominio extracelular (ECD) (incluyendo la señal de secreción, si existe) de aproximadamente 950 proteínas secretadas conocidas de la base de datos de proteínas pública Swiss-Prot para buscar bases de datos de marcadores de secuencia expresada (EST). Las bases de datos de EST incluían bases de datos públicas de EST (por ejemplo, GenBank) y una base de datos de ADN de EST privada (LIFESEQ\*, Incyte Pharmaceuticals, Palo Alto, CA). La búsqueda se realizó utilizando el programa informático BLAST o BLAST-3 (por ejemplo, Altshul *et al. Methods in Enzymology* 266: 460-480 (1996)) como comparación de las secuencias de ECD de proteínas con una traducción de 6 marcos de la secuencia de EST. Aquellas comparaciones que daban lugar a un resultado BLAST de 70 (o en algunos casos de 90) o superior que no codificaban proteínas conocidas se agruparon y ensamblaron en las secuencias de ADN de consenso con el programa “phrap” (Phil Green, Universidad de Washington, Seattle, Washington).

Se ensambló una secuencia de ADN de consenso en comparación con otras secuencias EST utilizando phrap. Esta secuencia de consenso se designa en la presente invención como DNA42257 (SEC ID No: 5) (véase la figura 4C). En base a la secuencia de consenso DNA42257 (SEC ID No: 5) mostrada en la figura 4C, se sintetizaron oligonucleótidos: 1) para identificar mediante PCR una biblioteca de ADNc que contenía la secuencia de interés y 2) para utilizar como sondas para aislar un clon de la secuencia de codificación de longitud completa para PRO362. Los cebadores de PCR directos e inversos varían generalmente de 20 a 30 nucleótidos y se diseñan frecuentemente para producir un producto de PCR de 100-1000 pb de longitud. Las secuencias de sondas tienen habitualmente de 40-55 pb de longitud. En algunos casos, se sintetizan oligonucleótidos adicionales cuando la secuencia de consenso es mayor de 1-1,5 kbp. Con el fin de cribar diversas bibliotecas para un clon de longitud completa, se cribó el ADN de las bibliotecas mediante una amplificación por PCR, como en Ausubel *et al.*, *Current Protocols in Molecular Biology*, con la pareja de cebadores de PCR. A continuación, se utilizó una biblioteca positiva para aislar los clones que codificaban el gen de interés utilizando el oligonucleótido de sonda y uno de los cebadores de PCR.

Se sintetizaron cebadores de PCR (directos e inversos)

65 Cebador de PCR directo 1 (42257.f1) 5'-TATCCTCCAATTGAGCACCCCTGG-3' (SEC ID No. 18)

Cebador de PCR directo 2 (42257.f2) 5'-GTCGGAAGACATCCCAACAAG-3' (SEC ID No. 19)

## ES 2 305 608 T3

Cebador de PCR inverso 1 (42257.r1) 5'-CTTCACAATGTCGCTGTGCTGCTC-3' (SEC ID No. 20)

Cebador de PCR inverso 2 (42257.r2) 5'-AGCCAAATCCAGCAGCTGGCTTAC-3' (SEC ID No. 21)

Adicionalmente, se construyó una sonda de hibridación sintética de oligonucleótidos a partir de la secuencia de consenso DNA42257 que tenía la siguiente secuencia de nucleótidos:

Sonda de hibridación (42257.p1)

5'-TGGATGACCGGAGCCACTACACGTGTGAAGTCACCTGGCAGACTCCTGAT-3' (SEC ID No. 22)

Con el fin de cribar diversas bibliotecas para una fuente de un clon de longitud completa, se cribó el ADN de las bibliotecas mediante una amplificación por PCR con la pareja de cebadores de PCR identificados anteriormente. A continuación, se utilizó una biblioteca positiva para aislar los clones que codificaban el gen de PRO362 utilizando el oligonucleótido de sonda y uno de los cebadores de PCR.

El ARN para la construcción de las bibliotecas de ADNc se aisló de tejido de cerebro fetal humano (LIB 153). Las bibliotecas de ADNc utilizadas para aislar los clones de ADNc se construyeron mediante procedimientos estándar utilizando reactivos comercialmente disponibles, tales como los de Invitrogen, San Diego, CA. El ADNc se cebó con oligo dT que contenía un sitio *NotI*, unido por extremo romo a adaptadores con hemoquinas *Sall*, se dividió con *NotI*, se separó por tamaño adecuadamente mediante electroforesis de gel, y se clonó en una orientación definida en un vector de clonación adecuado (tal como pRKB o pRKD; pRK5B es un precursor de pRK5D que no contiene el sitio *SfiI*; véase Holmes *et al.*, *Science* 253: 1278-1280 (1991)) en los sitios únicos *XhoI* y *NotI*.

La secuenciación del ADN de los clones aislados tal como se ha descrito produjo la secuencia de ADN de longitud completa para un PRO362 aislado [designado en la presente invención como UNQ317 (DNA45416-1251) (SEC ID No. 7)].

La secuencia de nucleótidos completa de UNQ137 (DNA45416-1251) se muestra en la figura 6 (SEC ID No. 7). El clon UNQ367 (DNA45416-1251) (SEC ID No. 7) contiene un único marco de lectura abierto con un sitio de iniciación de traducción claro en las posiciones de nucleótidos 1082-1084 (figura 6, SEC ID No. 7). El precursor del polipéptido estimado tiene 321 aminoácidos de longitud (figura 3, SEC ID No. 2). La proteína PRO362 de longitud completa mostrada en la figura 3 tiene un peso molecular estimado de 35.544 daltons y un pI de 8,51. El análisis del polipéptido PRO362 de longitud completa tal como se muestra en la figura 3 (SEC ID No. 2) pone de manifiesto la presencia de un sitio de unión a glucosaminoglicano en aproximadamente el aminoácido 149 a aproximadamente el aminoácido 152 y un dominio transmembrana desde aproximadamente el aminoácido 276 a aproximadamente el aminoácido 306. El clon UNQ317 (DNA45416-1251) se ha depositado con la ATCC de no. de depósito 209620.

### Ejemplo 3

(Antecedentes)

#### *Aislamiento de clones de ADNc que codifican PRO245 humano*

Se utilizaron secuencias del dominio extracelular (ECD) (incluyendo la señal de secreción, si existe) de aproximadamente 950 proteínas secretadas conocidas de la base de datos de proteínas pública Swiss-Prot para buscar bases de datos de marcadores de secuencia expresada (EST). Las bases de datos de EST incluían bases de datos públicas de EST (por ejemplo, GenBank) y una base de datos de ADN de EST privada (LIFESEQ\*, Incyte Pharmaceuticals, Palo Alto, CA). La búsqueda se realizó utilizando el programa informático BLAST o BLAST-2 (por ejemplo, Altshul *et al. Methods in Enzymology* 266: 460-480 (1996)) como comparación de las secuencias de ECD de proteínas con una traducción de 6 marcos de la secuencia de EST. Aquellas comparaciones que daban lugar a un resultado BLAST de 70 (o en algunos casos de 90) o superior que no codificaban proteínas conocidas se agruparon y ensamblaron en las secuencias de ADN de consenso con el programa "phrap" (Phil Green, Universidad de Washington, Seattle, Washington).

Una secuencia de consenso de ADN se ensambló en comparación a otras secuencias EST, en las que la secuencia de consenso se designa en la presente invención como DNA30954 (SEC ID No: 27). En base a la secuencia de consenso DNA30954, se sintetizaron oligonucleótidos para identificar mediante PCR una biblioteca de ADNc que contenía la secuencia de interés y para utilizar como sondas para aislar un clon de la secuencia de codificación de longitud completa para PRO245.

## ES 2 305 608 T3

Se sintetizó una pareja de cebadores de PCR (directos e inversos):

cebador de PCR directo:

5 5'-ATCGTTGTGAAGTTAGTGCCCC-3' (SEC. ID. No: 28)

cebador de PCR inverso:

10 5'-ACCTGCGATATCCAACAGAATTG-3' (SEC. ID. No: 29)

Los cebadores directos e inversos de PCR varían generalmente de 20 a 30 nucleótidos y se diseñan frecuentemente para producir un producto de PCR de aproximadamente 100-1000 pb de longitud. Las secuencias sonda tienen habitualmente 40-55 pb de longitud. En algunos casos, se sintetizan oligonucleótidos adicionales cuando la secuencia de consenso es superior a aproximadamente 1-1,5 kbp. Con el fin de cribar varias bibliotecas para un clon de longitud completa, se cribó el ADN de las bibliotecas mediante amplificación por PCR, tal como se describe en *Ausubel et al., Current Protocols in Molecular Biology*, con la pareja de cebadores de PCR.

Adicionalmente, se construyó una sonda de hibridación sintética de oligonucleótidos a partir de la secuencia de consenso DNA30954 que tenía la siguiente secuencia de nucleótidos:

sonda de hibridación:

25 5'-GGAAGAGGATACAGTCACTCTGGAAGTATTAGTGGCTCCAGCAGTTCC-3' (SEC ID No. 30)

Con el fin de cribar diversas bibliotecas para una fuente de un clon de longitud completa, se cribó el ADN de las bibliotecas mediante una amplificación por PCR con la pareja de cebadores de PCR identificados anteriormente. A continuación, se utilizó una biblioteca positiva para aislar los clones que codificaban el gen de PRO245 utilizando el oligonucleótido de sonda y uno de los cebadores de PCR.

30 El ARN para la construcción de las bibliotecas de ADNc se aisló de tejido de hígado fetal humano. Las bibliotecas de ADNc utilizadas para aislar los clones de ADNc se construyeron mediante procedimientos estándar utilizando reactivos comercialmente disponibles, tales como los de Invitrogen, San Diego, CA. El ADNc se cebó con oligo cT que contenía un sitio notI, unido por extremo romo a adaptadores con hemoquinasa Sall, se dividió con NotI, se separó por tamaño adecuadamente mediante electroforesis de gel, y se clonó en una orientación definida en un vector de clonación adecuado (tal como pRKB o pRKD; pRK5B es un precursor de pRK5D que no contiene el sitio SfiI; ver Holmes *et al., Science* 253: 1278-1280 (1991)) en los sitios únicos XhoI y NsiI.

35 La secuenciación del ADN de los clones aislados tal y como se ha descrito anteriormente produjo la secuencia de ADN de longitud completa para un PRO245 de secuencia nativa (designada en la presente invención como UNQ219 (DNA35638) (SEC ID No: 8)] y la secuencia de proteína derivada (SEC ID No: 9).

45 La secuencia de nucleótidos completa de UNQ219 (DNA35638) se muestra en la Figura 7 (SEC. ID. No: 8). El clon UNQ219 (DNA35638) (SEC ID No: 8) contiene un único marco de lectura abierto con un sitio de iniciación de traducción claro en las posiciones de nucleótidos 89-91 [Kozak *et al., supra*] y un extremo final en el codón de finalización en las posiciones de nucleótidos 1025-1027 (figura 7, SEC ID No: 8) El precursor del polipéptido estimado tiene 312 aminoácidos de longitud (figura 11) (SEC ID No: 9). El clon UNQ219 (DNA35638) se ha depositado con la ATCC el 17 de septiembre de 1997 y se asignó el depósito de ATCC no. 209265.

50 Ejemplo 4

(Antecedente)

*Inhibición de la proliferación estimulada por VEGF del crecimiento de células endoteliales*

55 Se pusieron en placas células endoteliales capilares corticales adrenales bovinas (ACE) (de un cultivo primario, máximo 12-14 surcos) en placas de microtitulado de 96 pocillos (Amersham Life Science) a una densidad de 500 células/pocillo por 100 µL en DMEM bajo en glucosa, suero de ternero al 10%, 2mM de glutamina, 1x de pen/estrept y fungizona, complementado con 3 ng/mL de VEGF. Los controles se pusieron en placas del mismo modo pero algunos no incluían VEGF. Se añadió una muestra de prueba de los polipéptidos PRO301 y PRO245 en un volumen de 100 l para obtener un volumen final de 200 mL. Se incubaron las células durante 6-7 días a 37°C. Se aspiró el medio y se lavaron las células 1 x con PBS. Se añadió una mezcla de reacción de fosfatasa ácida (100 µL, 0,1M de acetato de sodio, pH 5,5, 0,1% de Triton-100, 10 mM de fosfato de p-nitrofenilo). Tras una incubación de 2 horas a 37°C, se detuvo la reacción mediante la adición de 10 mL de NaOH 1 N. Se midió la DO en el lector de placas de microtitulado a 405 nm. Los controles eran sin células, con sólo células, células + FGF (5ng/mL), células + VEGF (3 ng/mL), células + VEGF (3 ng/ml) + TGF-β (1 ng/ml), y células + VEGF (3 ng/mL) + LIF (5 ng/mL). (Se sabe que TGF-β a una concentración de 1 ng/ml bloquea un 70-90% de la proliferación de células estimulada por VEGF.)

## ES 2 305 608 T3

Se evaluaron los resultados mediante el cálculo del porcentaje de inhibición de la proliferación de células estimuladas por VEGF (3 ng/mL), determinado mediante la medición de la actividad de la fosfatasa ácida a DO<sub>405</sub> nm. (1) en relación con las células sin estimulación, y (2) en relación a la inhibición por TGF- $\beta$  de referencia de la actividad estimulada por VEGF. Los resultados, mostrados en la tabla 1, son indicativos de la utilidad de los polipéptidos PRO301 y PRO245 en la inhibición del crecimiento celular, especialmente en la terapia del cáncer y específicamente en la inhibición de la angiogénesis tumoral.

TABLA 1

Compuesto de prueba	Concentración	% Proliferación en relación al control
Proteína de DNA40628 (SEC ID No: 1)	7,0 nM	1,02
Proteína de DNA40628 (SEC ID No: 1)	70,0 nM	0,88
Proteína de DNA40628 (SEC ID No: 1)	700,0 nM	0,44
Proteína de DNA40628 (SEC ID No: 1)	0,01%	0,92
Proteína de DNA40628 (SEC ID No: 1)	0,1%	0,85
Proteína de DNA40628 (SEC ID No: 1)	1,0%	0,68
Proteína de DNA35638 (SEC ID No: 9)	0,01%	0,76
Proteína de DNA35638 (SEC ID No: 9)	0,1%	0,35
Proteína de DNA35638 (SEC ID No: 9)	1,0%	0,11
Proteína de DNA35638 (SEC ID No: 9)	0,48 nM	1,03
Proteína de DNA35638 (SEC ID No: 9)	4,8 nM	0,95
Proteína de DNA35638 (SEC ID No: 9)	48,0 nM	0,49

## Ejemplo 5

*Actividad estimuladora en el ensayo de la Reacción Linfocitaria Mixta (MLR)*

Este ejemplo muestra que los polipéptidos de la presente invención son activos como estimulador de la proliferación de linfocitos T estimulados. Los compuestos que estimulan la proliferación de linfocitos son terapéuticamente útiles cuando el aumento de la respuesta inflamatoria es ventajoso. Los compuestos que inhiben la proliferación de linfocitos son terapéuticamente útiles cuando la supresión de la respuesta inflamatoria es ventajosa. Un agente terapéutico puede tomar la forma de antagonistas del polipéptido de la presente invención, por ejemplo, anticuerpos quiméricos murino-humano, humanizados o humanos contra el polipéptido.

El protocolo básico para este ensayo se describe en *Current Protocol in Immunology*, Unidad 3.12, J.E. Coligan A.M. Kruisbeek, DH Marglies, EM Shevach y W Strober, Eds. National Institute of Health. Publicada por John Wiley & Sons.

Más específicamente, en una variante del ensayo, se aíslan células mononucleares de sangre periférica (PBMC) de individuos mamíferos, por ejemplo, un voluntario humano, mediante leucoféresis (un donante suministrará las PBMCs estimulantes, el otro donante suministrará las PBMCs de respuesta). Si se desea, las células se congelan en suero bovino fetal y DMSO tras el aislamiento. Las células congeladas pueden descongelarse durante toda una noche en medios de ensayo (37°C, 5% de CO<sub>2</sub>) y a continuación se pueden lavar y resuspender hasta 3 x 10<sup>6</sup> células/ml de medios de ensayo (RPMI; un 10% de suero bovino fetal, un 1% de penicilina-estreptomicina, un 1% de glutamina, un 1% de HEPES, un 1% de aminoácidos no esenciales, un 1% de piruvato).

El estimulador de las PBMCs se prepara mediante la irradiación de las células (aproximadamente 3000 Rads). El ensayo se prepara mediante la colocación en placas en pocillos por triplicado de una mezcla de: 100 µl de muestra de prueba diluida al 1% de 0,1%; 50 µl de células de estimulador irradiadas y 50 µl de células PBMC de respuesta. Como control se utilizan 100 µl de medios de cultivo celular o 100 ml de CD4-IgG. Los pocillos se incuban a continuación a 37°C, un 5% de CO<sub>2</sub> durante 4 días. En el día 5, cada pocillo se pulsa con timidina tritiada (1,0 mCi/pocillo; Amersham). Después de varias horas las células se lavan 3 veces y a continuación se evalúa la captación de marcador.

En otra variante de este ensayo, se aíslan las PBMC de los bazo de ratones Balb/c y ratones C57B6. Las células se laminan de bazo obtenidos recientemente en medios de ensayo (RPMI; un 10% de suero bovino fetal, un 1% de penicilina-estreptomicina, un 1% de glutamina, un 1% de HEPES, un 1% de aminoácidos no esenciales, un 1% de piruvato) y se aíslan las PBMCs mediante el revestimiento de estas células sobre Linfocito M (Organon Teknika), centrifugando a 2000 rpm durante 20 minutos, recogiendo y lavando la capa de células mononucleares en medios de ensayo y resuspendiendo las células a 1 x 10<sup>7</sup> células/ml de medios de ensayo. A continuación, el ensayo se lleva a cabo tal y como se ha descrito anteriormente. Los resultados de este ensayo para el compuesto de la presente invención se muestran a continuación en la Tabla 2. Los incrementos positivos sobre el control se consideran positivos, siendo preferidos incrementos mayores o iguales al 180%. Sin embargo, cualquier valor superior al control indica un efecto estimulante para la proteína de prueba.

(Tabla pasa a página siguiente)



## ES 2 305 608 T3

TABLA 2

	Compuesto	Concentración	Porcentaje de aumento sobre el Control
5	Proteína de DNA40628		
	(SEC ID No: 1)	0,1%	181,7
10	Proteína de DNA40628		
	(SEC ID No: 1)	1,0%	187,3
15	Proteína de DNA40628		
	(SEC ID No: 1)	0,1%	193,4
	Proteína de DNA40628		
20	(SEC ID No: 1)	1,0%	204,1
	Proteína de DNA45416		
	(SEC ID No: 2)	0,1%	87,4
25	Proteína de DNA45416		
	(SEC ID No: 2)	1,0%	180,2
	Proteína de DNA35638		
30	(SEC ID No: 9)	0,1%	189,7
	Proteína de DNA35639		
	(SEC ID No: 9)	0,1%	193,7
35	Proteína de DNA35638		
	(SEC ID No: 9)	1,0%	212,5
40	Proteína de DNA35638		
	(SEC ID No: 9)	1,0%	300,5

### Ejemplo 6

#### *Infiltrados de células inflamatorias en la piel de cobayas*

El siguiente ejemplo muestra que los polipéptidos de la presente invención son proinflamatorios en que estimulan infiltrados de células inflamatorias (es decir neutrofílicos, eosinofílicos, monolíticos o linfocíticos) en piel de cobaya. El ensayo descrito en la presente invención monitoriza la capacidad de cada proteína de inducir un infiltrado de células inflamatorias en la piel de una cobaya. Los compuestos que estimulan la infiltración estimuladora son terapéuticamente útiles cuando el aumento de la respuesta inflamatoria es ventajoso. Los compuestos que inhiben la proliferación de linfocitos son terapéuticamente útiles cuando la supresión de la respuesta inflamatoria es ventajosa. Un agente terapéutico puede tomar la forma de antagonistas de los polipéptidos de la presente invención, por ejemplo, anticuerpos quiméricos murino-humano, humanizados o humanos contra el polipéptido.

Se anestesian intramuscularmente con quetamina (75-80 mg/kg de peso corporal) y Xilacina (5 mg/kg de peso corporal) cobayas sin pelo (Charles River Labs) que pesan 350 gramos o más. Las muestras de proteína se inyectan intradérmicamente en las espaldas de cada animal a un volumen de 100  $\mu$ l por punto de inyección. Existen aproximadamente 16-24 puntos de inyección por animal. Se inyecta intracardialmente un ml de colorante azul de Evans (1% en solución salina fisiológica tamponada). Los animales se sacrifican después de 6 horas. Se realiza la biopsia en cada sitio de inyección en la piel y se fijan en formalina. Las pieles se preparan para una evaluación histopatológica. De cada sitio se evalúa la infiltración de células inflamatorias en la piel. Los sitios con células inflamatorias visibles se marcaron como positivas. Las muestras que inducen un infiltrado de células inflamatorias se marcan como sustancias proinflamatorias.

TABLA 3

	Compuesto	Actividad proinflamatoria
5	Proteína de DNA40628 (SEC ID No: 1)	+
10	Proteína de DNA45461 (SEC ID No: 2)	+
15	Proteína de DNA35638 (SEC ID No: 9)	+
	Control negativo	-

## Ejemplo 7

(Antecedentes)

El siguiente ejemplo muestra la capacidad de los polipéptidos de la presente invención de unirse a neutrófilos humanos, una molécula asociada con la inflamación y la respuesta inflamatoria.

Se incubaron neutrófilos aislados de la sangre de donantes humanos (PMN), tal como se describe en Scan. J. Clin. Invest. Suppl. 97: 51-76 (1968), con una proteína de fusión Ig codificada por DNA40628 (preparada tal como se describe en los siguientes ejemplos) o un anticuerpo humanizado de control negativo.

Se resuspendieron los PMN en un tubo de microcentrífuga en PBS a una densidad de  $2 \times 10^6$  células equivalentes por condición. Las células se lavaron dos veces con PBS enfriado en hielo y se sedimentaron a  $400 \times g$  entre lavados. Las células de PMN se bloquearon con BSA al 0,5% en PBS (reactivo de bloqueo) a  $4^\circ\text{C}$  durante 1 hora. Después de la incubación, las células se lavaron adicionalmente dos veces más con reactivo de bloqueo. Los PMN se sedimentaron después del lavado final y se resuspendieron en 1 ml de tampón de bloqueo a  $0,1 \mu\text{g/ml}$  en la proteína DNA40626 y el anticuerpo de control. La incubación se llevó a cabo durante 2 horas a  $4^\circ\text{C}$ . Las células de PMN se resuspendieron suavemente cada 15 minutos en hielo, a continuación se lavaron y se sedimentaron 5 veces en tampón de bloqueo, durando cada lavado 5 minutos a  $4^\circ\text{C}$  y sedimentando a  $400 \times g$ . A continuación se aplicó a las células de PMN una dilución 1:1000 de Fc de IgG de cabra y anti-humano específico de la conjugación con fosfatasa alcalina en el tampón de bloqueo. Las células de PMN se incubaron durante 1 hora a  $4^\circ\text{C}$  con un mezclado suave cada 15 minutos sobre hielo. A continuación, las células de PMN se lavaron 5 veces con tampón de bloqueo, se resuspendieron en el sustrato apropiado para fosfatasa alcalina y se distribuyeron en 4 alícuotas equivalentes de  $100 \mu\text{l}$  sobre una placa de microtitulación. El desarrollo del color se leyó a D.O. 405. Los resultados se muestran en la figura 21.

## Ejemplo 8

(Antecedentes)

*Hibridación de tejido por transferencia de puntos*

Una transferencia ("blot") madre de ARN humano (Clontech) se hibridó durante toda la noche a  $65^\circ\text{C}$  en tampón Expresshyb® (Clontech) según las instrucciones del fabricante con 100 nM de sonda de ADNc de DNA40628 (SEC ID No. 7) marcada con psoralen-biotina. Se utilizó estreptavidina-fosfatasa alcalina para detectar la sonda biotinilada. La transferencia se desarrolló con sustrato CDP-star (Ambion) y se expuso durante varios tiempos sobre película Biomax (Kodak). Un análisis de hibridación de ADNc de tejidos humanos muestra que el ARNm de DNA40628 se expresa en muchos tejidos a excepción del cerebelo y la médula espinal (figura 19). El ARNm de DNA40628 se expresa de manera elevada en el colon, próstata, estómago, ovario, glándula salivar, riñón, pulmón, tráquea y placenta.

## Ejemplo 9

*Sobreexpresión de productos génicos*

Este ejemplo muestra que los genes que codifican varias proteínas indicadas en la figura 20 se sobreexpresan en el colon cólico de ratones CRF2-4/- "knock out". Los agentes terapéuticos pueden tomar la forma de antagonistas de los productos génicos indicados, por ejemplo, anticuerpos quiméricos murino-humano, humanizados o humanos contra los mismos.

Los ratones CRF2-4/- (Spencer *et al.*, *J. Exp. Med.* 187, 571-578 (1998)) son animales que tienen una subunidad del gen que codifica el receptor IL-10 eliminado. Los ratones son insensibles a las funciones de reducción de la expresión de IL-10 para la activación de macrófagos, y no pueden reducir la expresión de la respuesta de liposacáridos desencadenantes de la secreción de TNF- $\alpha$  por macrófagos. Desarrollan una colitis crónica que puede conducir a un adenocarcinoma colónico.

Las sondas para las proteínas indicadas en la figura 20 se crearon a partir de plantillas de ARNm para los productos génicos indicados y se utilizaron en el ensayo de 5'-nucleasa (por ejemplo, TaqMan™) y en PCR cuantitativa a tiempo real (por ejemplo, ABI Prism 7700 Sequence Detection System™ (Perkin-Elmer, Applied Biosystems Division, Foster City, CA). Los resultados se expresan en unidades delta CT. Una unidad corresponde a un ciclo de PCR o aproximadamente una amplificación de dos veces en relación a lo normal, dos unidades corresponden a cuatro veces, 3 unidades a 8 veces, etc. La cuantificación se obtuvo utilizando cebadores y un ARNm etiquetado con fluorescente TaqMan™ derivado de los productos génicos de ensayo relacionados con el sistema inflamatorio indicados en la figura 20. Se prefieren las regiones de los productos génicos indicados que más probablemente contienen secuencias de ácidos nucleicos únicas y que menos probablemente han ajustado ("spliced out") intrones, para la derivación del cebador, por ejemplo, la región 3'-no traducida.

La reacción del ensayo de 5'-nucleasa es una técnica fluorescente basada en PCR que utiliza la actividad 5'-exo-nucleasa de la enzima Taq ADN polimerasa para monitorizar la amplificación a tiempo real. Se utilizan dos cebadores oligonucleótidos para generar un amplicón típico de una reacción de PCR. Un tercer oligonucleótido, o sonda, se diseña para detectar la secuencia de nucleótidos localizada entre los dos cebadores de PCR. La sonda no es extendible mediante la enzima Taq ADN polimerasa y está marcada con un colorante fluorescente informador y un colorante fluorescente de sofocación. Cualquier emisión inducida por láser del colorante fluorescente se destruye por el colorante de destrucción cuando los dos colorantes están situados de manera próxima ya que están en la sonda. Durante la reacción de amplificación, la sonda se divide mediante la enzima Taq ADN polimerasa de una manera dependiente de la plantilla. Los fragmentos resultantes de la sonda se disocian en solución y la señal de la liberación del colorante informador está libre del efecto de destrucción del segundo fluoróforo. Se libera una molécula de colorante informador para cada nueva molécula sintetizada y la detección del colorante informador no destruido proporcionó la base para la interpretación cuantitativa de los datos.

El procedimiento de la 5'-nucleasa se realiza en un dispositivo de PCR cuantitativa a tiempo real, tal como el ABI Prism 7700™ Sequence Detection. El sistema consiste en un termociclador, láser, cámara del dispositivo acoplado por carga (CCD) y ordenador. El sistema amplifica muestras en un formato de 96 pocillos en un termociclador. Durante la amplificación, la señal fluorescente inducida por láser se recoge en tiempo real a través de cables de fibra óptica para los 96 pocillos y se detecta en el CCD. El sistema incluye un software para hacer funcionar los dispositivos y para analizar los datos.

Los datos del ensayo de 5'-nucleasa se expresan inicialmente como ct, o el ciclo umbral. Esto se define como el ciclo en el que la señal informadora se acumula por encima del nivel base de fluorescencia. Los valores Ct se utilizan como la medida cuantitativa del número relativo de copias de inicio de una secuencia diana concreta en una muestra de ácidos nucleicos.

Los resultados de la amplificación de ARNm se muestran en la figura 20. La expresión en animales naturales se comparó con animales CRF2.4 KO con beta-actina como patrón de referencia. Se midieron cuatro animales en cada grupo. A los cuatro animales KO se les diagnosticó colitis y, además, tres de ellos tenían adenocarcinoma de colon.

La figura 18 muestra que el ARNm de JAM aumenta 3,3 veces en el colon de ratones CRF2-4 -/- con colitis. Estos ratones son "knock outs" de receptor IL-10 que desarrollan una colitis espontánea mediada por linfocitos, monocitos y neutrófilos. IL-10 suprime la respuesta inflamatoria mediante la modulación de la expresión de ciertas citoquinas inflamatorias.

Como resultado, es probable que PRO301, PRO362 y PRO245 hubieran tenido también una expresión elevada en la enfermedad inflamatoria humana, tal como la enfermedad inflamatoria del intestino y otras enfermedades inflamatorias de las tripas.

## Ejemplo 10

(Antecedente)

### *Inducción de apoptosis de células endoteliales*

La capacidad de los polipéptidos de la presente invención para inducir la apoptosis en células endoteliales se ensayó en células endoteliales de vena umbilical venosa humana (HUVEC, Cell Systems). El primer día, se pusieron células en placas para microtítulos de 96 pocillos (Amersham Life Science, microplaca centelleante cytoStar-T. RPNQ 160, estéril, tratada con cultivo de tejidos, envuelta individualmente), en suero al 10% (medio CSG, Cell Systems), en una densidad de  $2 \times 10^4$  células por pocillo en un volumen total de 100  $\mu$ l. El segundo día, se añadieron los polipéptidos PRO301 y PRO245 codificados por DNA40628 y DNA35638, respectivamente, por triplicado en diluciones del 1%,

## ES 2 305 608 T3

0,33% y 0,11%. En el tercer día se determinó la capacidad de los polipéptidos PRO301 y PRO245 para inducir la apoptosis utilizando un kit disponible comercialmente, el Kit de Detección de Apoptosis (R&D Systems, Minnesota) en el que la anexina V., un miembro de las proteínas de unión a calcio y fosfolípidos, se utiliza para la detección de la apoptosis, siguiendo el protocolo recomendado por el fabricante. Se añadieron a las células la anexina V marcada con fluoresceína y el yoduro de propidio. Se realizó el análisis con citómetros equipados con un solo láser que emite una luz de excitación a 488 nm. En esta prueba, las células vivas no se teñirán con ningún fluorocromo, las células necróticas se teñirán con ambos fluorocromos, y las células que experimentan la apoptosis se teñirán sólo con el reactivo de la anexina V-FITC. La señal generada por la anexina V-FITC se detectó en el detector de señal de FITC. Los resultados se indican a continuación en la Tabla 4.

TABLA 4

Compuesto de prueba	Concentración	% sobre la fluorescencia base
Proteína de DNA40628 (SEC ID No: 1)	0,11%	115,8
Proteína de DNA40628 (SEC ID No: 1)	0,33%	199,3
Proteína de DNA40628 (SEC ID No: 1)	1,0%	335,6
Proteína de DNA35638 (SEC ID No: 9)	0,11%	77,6
Proteína de DNA35638 (SEC ID No: 9)	0,33%	143,7
Proteína de DNA35638 (SEC ID No: 9)	1,0%	146,0
Proteína de DNA35638 (SEC ID No: 9)	6,82 nM	67,2
Proteína de DNA35638 (SEC ID No: 9)	20,46 nM	102,6
Proteína de DNA35638 (SEC ID No: 9)	62,0 nM	118,8

La capacidad de los compuestos de las proteínas de la presente invención para inducir la apoptosis de las células epiteliales, especialmente en combinación con la interrupción en la formación de la unión celular tal y como se indica en el Ejemplo 2, es indicativo de que los compuestos juegan un papel en la adhesión y la trans migración celulares. De forma similar a la JAM murino, los compuestos son probables moléculas de unión celular en el epitelio y el endotelio, lo cual explica su extensa distribución en el tejido. La interrupción de la inducción de la apoptosis de las células endoteliales refuerza un papel en el crecimiento y la apoptosis de las células.

### Ejemplo 11

#### *Ensayo antitumoral in vitro*

La actividad antiproliferativa de los polipéptidos PRO301 y PRO362 de la presente invención se determinó en el ensayo de investigación para el descubrimiento de fármacos anticancerígenos *in vitro* orientado hacia enfermedades, del National Cancer Institute (NCI), utilizando un ensayo de unión a colorante sulforrodamina B (SRB) esencialmente

como se describe por Skehan *et al.*, *J. Natl. Cancer Inst.*, **82** 1107-1112 (1990). Las 60 líneas de células tumorales utilizadas en este estudio ("el panel NCI"), así como las condiciones para su mantenimiento y cultivo *in vitro* se han descrito por Monks *et al.*, *J. Natl. Cancer Inst.*, **83**: 757-766 (1991). El objetivo de este cribado es evaluar inicialmente la actividad citotóxica y/o citoestática de los compuestos de prueba contra diferentes tipos de tumores (Monks *et al.*, *supra.*: Boyd, *Cancer: Prine, Pract. Oncol. Update*, **3**(10): 1-12 [1989]).

Se recogieron células de aproximadamente 60 líneas de células tumorales humanas con tripsina/EDTA (Gibco), se lavaron una vez, se resuspendieron en IMEM y se determinó su viabilidad. Las suspensiones celulares se añadieron mediante pipeta (volumen de 100  $\mu$ l) en placas de microtítulos separadas de 96 pocillos. La densidad de células para la incubación de 60 días era inferior que para la incubación de 20 días para evitar el sobrecrecimiento. Los inoculados se dejaron durante un periodo de preincubación de 24 horas a 37°C para su estabilización. Se añadieron diluciones de dos veces la concentración de prueba deseada a tiempo cero en alícuotas de 100  $\mu$ l a los pocillos de placas de microtítulos (dilución 1:2). Los compuestos de prueba se evaluaron a cinco diluciones semilogarítmicas (1000 a 100.000 veces). Las incubaciones tuvieron lugar durante dos días y seis días en una atmósfera de CO<sub>2</sub> al 5% y 100% de humedad.

Después de la incubación, se extrajo el medio y las células se fijaron en 0,1 ml de ácido tricloroacético al 10% a 40°C. Las placas se enjuagaron cinco veces con agua desionizada, se secaron, se tiñeron durante 30 minutos con 0,1 ml de colorante sulforrodamina B al 0,4% (Sigma) disuelto en ácido acético al 1%, se enjuagaron cuatro veces con ácido acético al 1% para eliminar el colorante no unido, se secaron y el tinte se extrajo durante 5 minutos con 0,1 ml de base Tris [tris(hidroximetil)aminometano] 10 mM, pH 10,5. La absorbancia (DO) de sulforrodamina B a 492 nm se midió utilizando un lector de la placa de microtítulos de 96 pocillos conectado a un ordenador.

Una muestra de prueba se considera positiva si muestra por lo menos un 50% de efecto inhibitor del crecimiento en una o más concentraciones. Los resultados se muestran en las siguientes Tablas, en la que las abreviaturas son las siguientes:

NSCL = carcinoma de pulmón de células no pequeñas

SNC = sistema nervioso central

TABLA 5

Compuesto de prueba	Concentración	Longitud de ensayo	Línea celular tumoral	
			Tipo	Designación
Proteína de DNA40628 (SEC ID No: 1)	0,075 nM	6	Colon Melanoma	HCC-2998 M14
Proteína de DNA40628 (SEC ID No: 1)	700 nM	6	Melanoma	M14
Proteína de DNA40628 (SEC ID No: 1)	152 nM	6	Colon Melanoma	SR LOX IMVI
Proteína de DNA40628 (SEC ID No: 1)	15,2 nM	6	Melanoma	LOX IMVI

# ES 2 305 608 T3

Compuesto de prueba	Concentración	Longitud de ensayo	Línea celular tumoral	
			Tipo	Designación
ID No: 1)				
Proteína de DNA40628 (SEC ID No: 1)	0,85 nM	6	NSCL Ovario Próstata	HOP62 OVCAR-3 PC3
Proteína de DNA45416 (SEC ID No: 2)	15 nM	2	Ovario	SK-OV-3
Proteína de DNA45416 (SEC ID No: 2)	15 nM	6	NSCL Próstata	NCI-H323M PC-3
Proteína de DNA45416 (SEC ID No: 2)	4,7 nM	6	Melanoma	LOX IMVI
Proteína de DNA45416 (SEC ID No: 2)	47 nM	6	NSCL Colon	NCI-H322M Colo 205
Proteína de DNA45416 (SEC ID No: 2)	152 nM	2	SNC Mama	SR-295 T047D
Proteína de DNA45416 (SEC ID No: 2)	152 nM	6	Leucemia  NSCL Colon SNC Melanoma	SR, HL-60 (TB), MOLT-4, K-562 NCI-H23, EKVX HCC-2998 U251 UACC.62, UACC-257, LOX IMVI
Proteína de DNA35638 (SEC ID No: 9)	0,35 nM	2	NSCL Ovário	HOP92 OVCAR-4
Proteína de DNA35638 (SEC	0,35 nM	2	Leucemia	SR

## ES 2 305 608 T3

Compuesto de prueba	Concentración	Longitud de ensayo	Línea celular tumoral	
			Tipo	Designación
ID No: 9)				
Proteína de DNA35638 (SEC ID No: 9)	0,35 nM	6	Colon	HCC-2998
Proteína de DNA35638 (SEC ID No: 9)	3,5 nM	6	Leucemia Colon	SR SW-620
Proteína de DNA35638 (SEC ID No: 9)	6,2 nM	6	Colon	HCT-116
Proteína de DNA35638 (SEC ID No: 9)	6,2 nM	6	Leucemia	RPMI-8226

### Ejemplo 12

#### Utilización de PRO362 como sonda de hibridación

El siguiente procedimiento describe el uso de una secuencia de nucleótidos que codifica un PRO362 como sonda de hibridación.

El ADN que comprende la secuencia codificante de PRO362 de secuencia nativa (tal y como se muestra en la figura 6, SEC ID No: 7) se utiliza como sonda para cribar los ADNs homólogos (tales como aquéllos que codifican variantes naturales de PRO362) en bibliotecas de ADNc de tejido humano o bibliotecas genómicas de tejido humano.

La hibridación y el lavado de filtros que contienen cualquier ADN de biblioteca se realizan según las siguientes condiciones de astringencia elevada. La hibridación de la sonda radiomarcada derivada de PRO362 a los filtros se realiza en una solución al 50% de formamida, 5x SSC, SDS al 0,1%, pirofosfato de sodio al 0,1%, 50 mM de fosfato de sodio, pH 6,8, 2x de solución de Denhardt, y sulfato de dextrano al 10% a 42°C durante 20 horas. El lavado de los filtros se realiza en una solución acuosa de 0,1x SSC y SDS al 0,1% a 42°C.

A continuación, se pueden identificar los ADNs que tienen una identidad secuencial deseada con el ADN que codifica un PRO362 de secuencia nativa de longitud completa utilizando las técnicas estándar conocidas en el sector.

### Ejemplo 9

#### Expresión de PRO362 en *E. coli*

Este ejemplo ilustra la preparación de una forma no glicosilada de PRO362 mediante expresión recombinante en *E. coli*.

La secuencia de ADN que codifica PRO362 se amplifica inicialmente utilizando cebadores de PCR seleccionados. Los cebadores deberían contener sitios para las enzimas de restricción que se correspondan con los sitios para enzimas de restricción en el vector de expresión seleccionado. Se puede utilizar una variedad de vectores de expresión. Un ejemplo de un vector adecuado es el pBR322 (derivado del *E. coli*, véase Bolivar *et. al.*, *Gene*, 2:95 (1977)) que contiene genes para la resistencia a la ampicilina y la tetraciclina. El vector se digiere con una enzima de restricción y se desfosforila. A continuación, las secuencias amplificadas por PCR se unen en el vector. El vector preferiblemente incluirá secuencias que codifican un gen resistente a un antibiótico, un promotor trp, una secuencia poli-His líder (incluyendo los primeros seis codones STII, secuencia poli-His, y sitio de división para la enteroquinasa), la región codificante de PRO362, el finalizador transcripcional lambda, y un gen argU.

## ES 2 305 608 T3

A continuación, la mezcla de unión se utiliza para transformar una cepa seleccionada de *E. coli* utilizando los procedimientos descritos en Sambrook *et. al.*, *supra*. Los transformantes se identifican por su capacidad para crecer en placas de LB y, a continuación, se seleccionan las colonias resistentes a los antibióticos. El ADN plásmido se puede aislar y confirmar mediante el análisis de restricción y la secuenciación del ADN.

Los clones seleccionados se pueden desarrollar durante toda la noche en un medio de cultivo líquido tal como el caldo LB suplementado con antibióticos. El cultivo de toda la noche se puede utilizar posteriormente para inocular un cultivo a mayor escala. A continuación, las células se desarrollan hasta una densidad óptica deseada, durante la cual el promotor de la expresión se activa.

Después de cultivar las células durante muchas más horas, las células se pueden recoger mediante centrifugación. El residuo de células obtenido mediante la centrifugación se puede solubilizar utilizando diversos agentes conocidos en la técnica, y a continuación, las proteínas PRO301, PRO362 o PRO245 solubilizadas se pueden purificar utilizando una columna quelante de metal en condiciones que permiten la unión fuerte de la proteína.

El PRO301 se expresó en *E. coli* en forma de etiqueta de poli-His, utilizando el siguiente procedimiento. El ADN que codifica PRO301 se amplificó inicialmente utilizando cebadores de PCR seleccionados. Los cebadores contenían sitios para enzimas de restricción que correspondían con los sitios para enzimas de restricción en el vector de expresión seleccionado, y otras secuencias útiles que proporcionan un inicio de traducción eficiente y fiable, una purificación rápida en una columna de quelación de metales y una extracción proteolítica con enterocinas. Las secuencias etiquetadas con poli-His amplificadas por PCR se ligaron a continuación en un vector de expresión, que se utilizó para transformar un *E. coli* huésped basado en la cepa 52 (W3110 fuhA(tonA)lon galE rpoHts(htpRts) clpP(lacIq)). Los transformantes se desarrollaron en primer lugar en LB que contenía carbenicilina 50 mg/ml a 30°C con agitación hasta alcanzar una D.O. 600 de 3-5. Los cultivos se diluyeron entonces 50-100 veces en medio CRAP (preparado mezclando 3,57 g de (NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>, 0,71 g de citrato sódico·2H<sub>2</sub>O, 1,07 g de KCl, 5,36 g de extracto de levadura Difco, 5,36 g de Sheffield hycase SF en 500 ml de agua, así como MPOS 110 mM, pH 7,3, glucosa al 0,55% (p/v) y MgSO<sub>4</sub> 7 mM) y se desarrollaron durante aproximadamente 20-30 horas a 30°C con agitación. Se tomaron muestras para verificar la expresión mediante análisis de SDS-PAGE, y se centrifugó todo el cultivo para sedimentar las células. Los sedimentos celulares se congelaron hasta la purificación y replegamiento.

La pasta de *E. coli* de fermentaciones de 0,5-1 L (6-10 g de sedimentos) se resuspendieron en 10 volúmenes (p/v) en guanidina 7 M, Tris 20 mM, tampón pH 8. Se añadieron sulfito sódico sólido y tetrionato sódico hasta concentraciones finales de 0,1 M y 0,02 M, respectivamente, y la solución se agitó durante toda la noche a 4°C. Esta etapa dio lugar a una proteína desnaturalizada con todos los residuos de cisteína bloqueados por la sulfitolización. La solución se centrifugó a 40.000 rpm en una ultracentrífuga Beckman durante 30 min. El sobrenadante se diluyó con 3-5 volúmenes de tampón de columna quelante de metales (guanidina 6M, Tris 20 mM, pH 7,4) y se filtró a través de filtros de 0,22 micras para depurarse. El extracto depurado se cargó en una columna de quelante de metales de 5 ml de Qiagen Ni<sup>2+</sup>-NTA equilibrada en el tampón de la columna quelante de metales. La columna se lavó con tampón adicional que contenía imidazol 50 mM (Calbiochem, grado Utrol), pH 7,4. La proteína se eluyó con tampón que contenía imidazol 250 mM. Las fracciones que contenían la proteína deseada se agruparon y guardaron a 4°C. La concentración de proteínas se estimó por su absorbancia a 280 nm utilizando el coeficiente de extinción calculado según su secuencia de aminoácidos.

La proteína se replegó diluyendo la muestra lentamente en tampón de replegamiento recién preparado que consistía en: Tris 20 mM, pH 8,6; NaCl 0,3 M; urea 2,5 M; cisteína 5 mM, glicina 20 mM y EDTA 1 mM. Los volúmenes de replegamiento se eligieron para que la concentración final se encontrara entre 50 y 100 microgramos/ml. La solución de replegamiento se agitó suavemente a 4°C durante 12-36 horas. La reacción de replegamiento se desactivó mediante la adición de TFA hasta una concentración final del 0,4% (pH de aproximadamente 3). Antes de la purificación adicional de la proteína, la solución se filtró a través de un filtro de 0,22 micras y se añadió acetonitrilo hasta una concentración final del 2-10%. La proteína replegada se cromatografió en una columna de fase inversa Poros R1/H con un tampón móvil de TFA al 0,1% con elución con un gradiente de acetonitrilo del 10 al 80%. Se analizaron alícuotas de fracciones con una absorbancia A<sub>280</sub> en geles de poliacrilamida-SDS y se agruparon las fracciones que contenían la proteína replegada homogénea. Por lo general, las especies replegadas de manera adecuada de la mayoría de proteínas se eluyen a las concentraciones más bajas de acetonitrilo, ya que estas especies son las más compactas con sus interiores hidrofóbicos resguardados de la interacción con la resina de fase inversa. Las especies agregadas se eluyen generalmente a concentraciones de acetonitrilo superiores. Además de resolver las formas mal replegadas de las proteínas de la forma deseada, la etapa de fase inversa también elimina la endotoxina de las muestras.

Las fracciones que contenían la proteína PRO301 replegada deseada, respectivamente, se agruparon y se eliminó el acetonitrilo con una corriente suave de nitrógeno dirigida a la solución. Las proteínas se formularon en Hepes 20 mM, pH 6,8 con cloruro sódico 0,14 M y manitol al 4% mediante diálisis o mediante filtración en gel con resinas Superfine G25 (Pharmacia) equilibradas en el tampón de formulación y filtrada de forma estéril.



## Ejemplo 14

*Expresión de PRO362 en células de mamíferos*

- 5 Este ejemplo ilustra la preparación de una forma glicosilada de un PRO362 mediante la expresión recombinante en células de mamíferos.

El vector pRK5 (véase EP 307.247, publicada el 15 de marzo de 1989) se utiliza como vector de expresión. Opcionalmente, el ADN de PRO362 está ligado en el pRK5 con enzimas de restricción seleccionadas para permitir la inserción del ADN de PRO362 utilizando procedimientos de unión tales como los descritos en Sambrook *et. al.*, *supra*. El vector resultante se denomina pRK5-PRO362.

En una realización, las células huésped seleccionadas pueden ser células 293. Las células 293 humanas (ATCC CCL 1573) se cultivan para unirse en placas de cultivo de tejidos en un medio tal como DMEM suplementado con suero de ternera fetal y opcionalmente, componentes nutricionales y/o antibióticos. Se mezclan aproximadamente 10  $\mu$ g de ADN de pRK5-PRO362 con aproximadamente 1  $\mu$ g de ADN que codifica el gen del ARN de VA [Thimmappaya *et. al.*, *Cell*, 31:543 (1982)] y se disuelve en 500  $\mu$ l de 1 mM de Tris-HCl, 0,1 mM de EDTA, 0,227 M de  $\text{CaCl}_2$ . A esta mezcla se le añade, gota a gota, 500  $\mu$ l de 50 mM de HEPES (pH 7,35), 280 mM de NaCl, 1,5 mM de  $\text{NaPO}_4$ , y se deja formar un precipitado durante 10 minutos a 25°C. El precipitado se suspende y se añade a las células 293 y se deja reposar durante aproximadamente cuatro horas a 37°C. El medio de cultivo se aspira y se añaden 2 ml de glicerol al 20% en PBS durante 30 segundos. A continuación, las células 293 se lavan con medio sin suero, se añade medio nuevo y las células se incuban durante aproximadamente 5 días.

Aproximadamente 24 horas después de las transfecciones, el medio de cultivo se extrae y se reemplaza por medio de cultivo (solo) o medio de cultivo que contiene 200  $\mu$ Ci/ml de  $^{35}\text{S}$ -cisteína y 200  $\mu$ Ci/ml  $^{35}\text{S}$ - metionina. Tras una incubación de 12 horas, se recoge el medio acondicionado, se concentra en un filtro de giro y se carga en un gel SDS al 15%. El gel procesado puede secarse y exponerse a una película durante un período de tiempo concreto para revelar la presencia del polipéptido PRO362. Los cultivos que contienen células transfectadas pueden experimentar una incubación adicional (en medio sin suero) y el medio se examina en bioensayos concretos.

En una técnica alternativa, se puede introducir ADN de PRO362 en células 293 transitoriamente utilizando el procedimiento del sulfato de dextrano descrito por Somparyrac *et. al.*, *Proc. Natl. Acad. Sci.*, 12: 1575 (1981). Las células 293 se desarrollan hasta la máxima densidad en un frasco giratorio y se añaden 700  $\mu$ g de ADN de pRK5-PRO362. En primer lugar, las células se concentran en el frasco giratorio mediante centrifugación y se lavan con PBS. El precipitado de ADN-dextrano es incubado en el residuo celular de centrifugación durante cuatro horas. Las células se tratan con glicerol al 20% durante 90 segundos, se lavan con medio de cultivo de tejido, y se reintroducen en el frasco giratorio que contiene el medio de cultivo de tejidos, 5  $\mu$ g/ml de insulina bovina y 0,1  $\mu$ g/ml de transferrina bovina. Después de aproximadamente cuatro días, el medio acondicionado se centrifuga y se filtra para eliminar las células y los debris. La muestra que contiene el PRO362 expresado se puede concentrar a continuación y purificar mediante cualquier procedimiento seleccionado, tal como la diálisis y/o cromatografía en columna.

En otra realización, PRO362 puede expresarse en células CHO. El pRK5-PRO362 puede transfectarse en células CHO utilizando reactivos conocidos, tales como  $\text{CaPO}_4$  o DEAE-dextrano. Tal y como se ha descrito anteriormente, los cultivos celulares pueden incubarse, y el medio puede reemplazarse por medio de cultivo (solo) o medio que contiene un radiomarcador, tal como la  $^{35}\text{S}$ -metionina. Después de determinar la presencia de un polipéptido PRO362, el medio de cultivo puede remplazarse por medio sin suero. Preferiblemente, los cultivos se incuban durante aproximadamente 6 días y, a continuación, se recoge el medio acondicionado. A continuación, el medio que contiene el polipéptido PRO362 expresado puede concentrarse y purificarse mediante cualquier procedimiento seleccionado.

El PRO362 etiquetado con epítipo puede expresarse también en células CHO huésped. El PRO362 puede subclonarse fuera del vector pRK5. La inserción del subclon puede experimentar PCR para fusionarse en el marco con una etiqueta de epítipo seleccionada, tal como una etiqueta de poli-His en un vector de expresión de Baculovirus. La inserción de PRO362 etiquetado con poli-His puede subclonarse a continuación en un vector dirigido por SV40 que contiene un marcador de selección, tal como DHFR, para seleccionar clones estables. Finalmente, las células CHO pueden transfectarse (tal y como se ha descrito anteriormente) con el vector dirigido por SV40. El marcaje puede realizarse, tal y como se ha descrito anteriormente, para verificar la expresión. El medio de cultivo que contiene el PRO362 etiquetado con poli-His expresado puede a continuación concentrarse y purificarse mediante cualquier procedimiento seleccionado, tal como mediante cromatografía de afinidad de quelante- $\text{Ni}^{2+}$ .

El PRO362 puede expresarse en células CHO mediante procedimientos de expresión transitorios y estables.

La expresión estable en células CHO se realiza utilizando el siguiente procedimiento. Las proteínas se expresaron como una construcción IgG (inmunoadhesina), en la que las secuencias codificantes para las formas solubles (por ejemplo, los dominios extracelulares) de las proteínas respectivas se fusionaron a una secuencia de región constante de IgG1 que contenía la bisagra, CH2 y los dominios de CH2 y/o como una forma etiquetada de poli-His.

Tras la amplificación por PCR, los ADNs respectivos se subclonaron en un vector de expresión de CHO utilizando técnicas estándar descritas en Ausubel *et. al.*, *Current Protocols of Molecular Biology*, Unidad 3.16, John Wiley

and Sons (1997). Los vectores de expresión de CHO se construyen para que tengan sitios de restricción 5' y 3' compatibles del ADN de interés para permitir el traslado adecuado de los de ADNc. El vector utilizado en la expresión en las células CHO es tal y como se describe en Lucas *et. al.*, *Nucl. Acid Res.* 24:9 (1774-1779 (1996), y utiliza el promotor/potenciador temprano de SV40 para dirigir la expresión del ADNc de interés y la dihidrofolato reductasa (DHFR). La expresión de DHFR permite la selección para el mantenimiento estable del plásmido tras la transfección.

Se introdujeron doce microgramos del ADN plásmido deseado en aproximadamente 10 millones de células CHO utilizando reactivos de transfección Superfect® (Qiagen), Dosper® o Fugene® (Boehringer Mannheim) disponibles comercialmente. Las células se desarrollaron tal y como se describe en Lucas *et. al.*, *supra*. Aproximadamente se congelan  $3 \times 10^{-7}$  células en una ampolla para un crecimiento y producción posteriores tal y como se describe a continuación.

Las ampollas que contenían el ADN plásmido se descongelaron mediante un baño de agua y se mezclaron mediante centrifugación. El contenido se pipeteó en un tubo de centrifuga que contenía 10 ml de medio y se centrifugó a 1000 rpm durante 5 minutos. El sobrenadante se aspiró y las células se resuspendieron en 10 ml de medio selectivo (PS20 filtrado a  $0,2 \mu\text{m}$  con un 5% de suero bovino fetal dialfiltrado a  $0,2 \mu\text{m}$ ). A continuación, las células se fraccionaron en un centrifugador de 100 ml que contenía 90 ml del medio selectivo. Después de 1-2 días, las células se transfirieron a un centrifugador de 250 ml lleno con 150 ml de medio de cultivo selectivo y se incubaron a 37°C. Después de otros 2-3 días, se sembraron centrifugadores de 250 ml, 500 ml y 2000 ml con  $3 \times 10^5$  células/ml. El medio celular se cambió por medio nuevo mediante centrifugación y resuspensión en el medio de producción. Aunque se puede utilizar cualquier medio de CHO adecuado, en realidad se utilizó un medio de producción descrito en la Patente de Estados Unidos No. 5.122.469, concedida el 16 de junio de 1992. Un centrifugador de 3 L de producción se siembra a  $1,2 \times 10^6$  células/ml. En el día 0, se determinaron el pH y el número de células. En el día 1, se tomaron muestras en el centrifugador y se inició el burbujeo con aire filtrado. En el día 2, se tomaron muestras en el centrifugador, la temperatura se varió hasta 33°C, y se tomaron 30 ml de glucosa a 500g/l y 0,6 ml de antiespuma al 10% (por ejemplo, emulsión de polidimetilsiloxano al 35%, Dow Coming 365 Medical Grade Emulsion). Durante toda la producción, el pH se ajustó según la necesidad manteniéndose en valores alrededor de 7,2. Después de 10 días, o hasta que la viabilidad cayera por debajo del 70%, el cultivo celular se recogió mediante centrifugación y se filtró a través de un flitro de  $0,22 \mu\text{m}$ . El filtrado se guardó a 4°C o se cargó inmediatamente en columnas para la purificación.

Para las construcciones etiquetadas de poli-His, las proteínas se purificaron utilizando una columna de  $\text{Ni}^{2+}$ -NTA (Qiagen). Antes de la purificación, se añadió imidazol al medio acondicionado hasta una concentración de 5 mM. El medio acondicionado se bombeó en una columna de 6 ml de  $\text{Ni}^{2+}$ -NTA equilibrada en 20 mM Hepes, pH 7,4, tampón que contenía 0,3 M de NaCl y 5 mM de imidazol a una velocidad de flujo de 4-5 ml/min. a 4°C. Tras cargarse, la columna se lavó con un tampón de equilibrio adicional y la proteína se eluyó con el tampón de equilibrio que contenía 0,25 M de imidazol. La proteína altamente purificada se desaló posteriormente en un tampón de almacenamiento que contenía 10 mM Hepes, 0,14 M de NaCl y manitol al 4%, pH 6,8, con una columna G25 Superfine (Pharmacia) de 25 ml y se guardó a -80°C.

Las construcciones de inmuno adhesinas (que contienen Fc) se purificaron a partir del medio acondicionado tal y como se indica a continuación. El medio acondicionado se bombeó a una columna de Proteína A (Pharmacia) de 5 ml que había sido equilibrada en un tampón de 20 mM de fosfato sódico, pH 6,8. Después de cargarse, la columna se lavó ampliamente con tampón de equilibrio antes de la elución con 100 mM de ácido cítrico, pH 3,5. La proteína eluida se neutralizó inmediatamente recogiendo fracciones de 1 ml en tubos que contenían 275  $\mu\text{L}$  de tampón de Tris 1 M, pH 9. La proteína altamente purificada se desaló posteriormente en un tampón de almacenamiento, tal como se ha descrito anteriormente para las proteínas etiquetadas con poli-His. La homogeneidad se calculó mediante geles de poli acrilamida SDS y mediante la secuenciación de los aminoácidos N-terminales por degradación Edman.

El PRO362 también se produjo mediante la expresión transitoria en células COS.

## Ejemplo 15

### Expresión de PRO362 en levadura

El siguiente procedimiento describe la expresión recombinante de PRO362 en levadura.

En primer lugar, los vectores de expresión de levadura se construyen para la producción o secreción intracelular de PRO362 a partir del promotor ADH2/GAPDH. El ADN que codifica PRO362, un péptido señal seleccionado y el promotor se insertan en los sitios para enzimas de restricción adecuados en el plásmido seleccionado para dirigir la expresión intracelular de PRO362. Para la secreción, el ADN que codifica PRO362 puede clonarse en el plásmido seleccionado, junto con el ADN que codifica el promotor ADH2/GAPDH, la secuencia señal/líder secretora del factor alfa de la levadura, y secuencias enlazadoras (si se necesitan) para la expresión de PRO362.

Las células de levadura, tales como la cepa AB110 de la levadura, pueden a continuación transformarse con los plásmidos de expresión descritos anteriormente y cultivarse en medios de fermentación seleccionados. Los sobrenadantes de levadura transformados pueden analizarse mediante precipitación con ácido tricloroacético al 10% y una separación mediante SDS-PAGE, seguido de la tinción de los geles con azul de Coomassie.

El PRO362 recombinante puede aislarse posteriormente y purificarse mediante la extracción de las células de levadura del medio de fermentación por centrifugación y, a continuación, concentrando el medio utilizando filtros de cartucho específicos. El concentrado que contiene PRO362 puede purificarse adicionalmente utilizando resinas de cromatografía en columna seleccionadas.

#### Ejemplo 16

##### *Expresión de PRO362 en células de insectos infectadas de Baculovirus*

El siguiente procedimiento describe la expresión recombinante de PRO362 en células de insectos infectadas de Baculovirus.

El PRO362 se fusiona en dirección 5' a una etiqueta epítipo contenida en un vector de expresión de baculovirus. Dichas etiquetas epítipo incluyen etiquetas de poli-His y etiquetas de inmunoglobulina (como las regiones Fc de IgG). Pueden utilizarse una variedad de plásmidos, incluyendo plásmidos derivados de los plásmidos disponibles comercialmente, tales como pVL1393 (Novagen). Brevemente, el PRO362 o la parte deseada del PRO362 (tal como la secuencia que codifica el dominio extracelular de una proteína transmembrana) se amplifica mediante PCR con cebadores complementarios a las regiones 5' y 3'. El cebador 5' puede incorporar sitios para enzimas de restricción flanqueantes (seleccionados). El producto se digiere a continuación con las enzimas de restricción seleccionadas y se subclona en el vector de expresión.

El baculovirus recombinante se genera mediante la cotransfección del plásmido anterior y el ADN del virus BaculoGold™ (Pharmingen) en células de *Spodoptera frugiperda* ("Sf9") (ATCC CRL 1711) utilizando lipofectina (disponible comercialmente de GIBCO-BRL). Después de 4-5 días de incubación a 28°C, los virus liberados se recogen y se utilizan para amplificaciones adicionales. La infección viral y la expresión de la proteína se realizan tal y como se describe en O'Reilley *et. al.*, *Baculovirus expresion vectors: A Laboratory Manual*, Oxford: Oxford University Press (1994).

A continuación, el PRO362 etiquetado con poli-His expresado puede purificarse, por ejemplo, mediante cromatografía de afinidad de Ni<sup>2+</sup>-quelato tal y como se indica a continuación. Los extractos se preparan a partir de las células recombinantes Sf9 infectadas del virus tal y como se ha descrito por Rupert *et. al.*, *Nature*, 362: 175-179 (1993). Brevemente, las células Sf9 se lavan, se resuspenden en el tampón de sonicación (25 ml Hepes, pH 7,9; 12,5 mM de MgCl<sub>2</sub>; 0,1 mM de EDTA; glicerol al 10%; NP-40 al 0,1%; 0,4 M de KCl), y se sonicán dos veces durante 20 segundos en hielo. Los sonicados se depuran por centrifugación, y el sobrenadante se diluye 50 veces en el tampón de carga (50 mM de fosfato, 300 mM de NaCl, glicerol al 10%, pH 7,8) y se filtra a través de un filtro de 0,45 µm. Se prepara una columna de agarosa Ni<sup>2+</sup>-NTA (comercialmente disponible de Qiagen) con un volumen de lecho de 5 ml, se lava con 25 ml de agua y se equilibra con 25 ml del tampón de carga. El extracto celular filtrado se carga en la columna a 0,5 ml por minuto. La columna se lava hasta la línea base a A<sub>280</sub> con el tampón de carga, en cuyo punto se inicia la recogida de la fracción. A continuación, la columna se lava con un tampón de lavado secundario (50 mM fosfato: 300 mM de NaCl, glicerol al 10%, pH 6,0), que eluye las proteínas unidas no específicamente. Después de alcanzar la línea base a A<sub>280</sub> de nuevo, la columna se desarrolla con un gradiente de 0 a 500 mM de imidazol en el tampón de lavado secundario. Se recogen fracciones de un ml y se analizan mediante SDS-PAGE y tinción con plata o transferencia Western con Ni<sup>2+</sup>-NTA-conjugado a fosfatasa alcalina (Qiagen). Las fracciones que contienen PRO362 etiquetado con His<sub>10</sub> eluido se agrupan y se dializan contra el tampón de carga.

Alternativamente, la purificación del PRO362 etiquetado con IgG (o con Fc) puede realizarse usando técnicas de cromatografía conocidas, incluyendo, por ejemplo, cromatografía en columna con Proteína A o proteína G.

El PRO362 se expresó en células de insectos Sf9 infectadas de baculovirus. Aunque la expresión se realizó en realidad en una escala de 0,5-2 L, se puede aumentar fácilmente la escala para preparaciones más grandes (por ejemplo, 8 L). Las proteínas se expresaron como una construcción de IgG (inmunoadhesina), en la que la región extracelular de las proteínas se fusionó a una secuencia de región constante de IgG1 que contenía la bisagra, dominios CH2 y CH3 y/o formas etiquetadas con poli-His.

Tras la amplificación por PCR, las secuencias codificantes respectivas se subclonaron en un vector de expresión de baculovirus (pb.PH.IgG para fusiones de IgG y pb.PH.His.c para proteínas etiquetadas con poli-His) y el vector y el ADN de baculovirus Baculogold® (Pharmingen) se cotransfectaron en células *Spodoptera frugiperda* ("Sf9") 105 (ATCC CRL 1711), utilizando Lipofectina (Gibco BRL). pb.PH.IgG y pb.PH.His son modificaciones del vector de expresión de baculovirus disponible comercialmente pVL1393 (Phanningen), con regiones polienlazadoras modificadas que incluyen las secuencias etiqueta His o Fc. Las células se desarrollaron en medio TNM-FH de Hink suplementado con FBS al 10% (Hyclone). Las células se incubaron durante 5 días a 28°C. El sobrenadante se recogió y posteriormente se utilizó para la primera amplificación viral mediante la infección de células Sf9 en medio TNM-FH de Hink suplementado con FBS al 10% en una multiplicidad de infección aproximada (MOI) de 10. Las células se incubaron durante 3 días a 28°C. El sobrenadante se recogió y la expresión de las construcciones en el vector de expresión de baculovirus se determinó mediante la unión por lotes de 1 ml de sobrenadante con 25 ml de gránulos de Ni-NTA (Qiagen) para proteínas etiquetadas con histidina o gránulos de Proteína-A Sefarosa CL-4B (Farmacia) para proteínas etiquetadas con IgG seguido de análisis SDS-PAGE en comparación con una concentración conocida de patrón de proteína mediante tinción con azul de Coomassie.

El sobrenadante de la primer amplificación viral se utilizó para infectar una cultivo celular con agitación (500 ml) de células Sf9 desarrolladas en medio ESF-921 (Expression Systems LLC) con una MOI aproximada de 0,1. Las células se incubaron durante 3 días a 28°C. El sobrenadante se recogió y se filtró. Se repitieron la unión por lotes del cultivo celular con agitación y el análisis SDS-PAGE, según sea necesario, hasta que se confirmó la expresión del cultivo celular con agitación.

El medio acondicionado de las células transfectadas (0,5 a 3 L) se recogió mediante centrifugación para extraer las células y se filtró mediante filtros de 0,22 micras. Para las construcciones etiquetadas con poli-His, las construcciones de proteínas se purificaron utilizando una columna Ni-NTA (Qiagen). Antes de la purificación, se añadió imidazol al medio acondicionado hasta una concentración de 5 mM. El medio acondicionado se bombeó en una columna de Ni-NTA de 6 ml equilibrada en 20 mM de Hepes, pH 7,4, tampón que contenía 0,3 M de NaCl y 5 mM de imidazol a una velocidad de flujo de 4-5 ml/min a 4°C. Después de la carga, la columna se lavó con tampón de equilibrio adicional y la proteína se eluyó con tampón de equilibrio que contenía 0,25 M de imidazol. La proteína altamente purificada se desaló posteriormente en un tampón de almacenamiento que contenía 10 mM de Hepes, 0,14 M de NaCl y manitol al 4%, pH 6,8, con una columna G25 Superfine (Pharmacia) de 25 ml y se almacenó a -80°C.

Las construcciones de proteínas con inmunoadhesina (que contenían Fc) se purificaron del medio acondicionado tal y como se indica a continuación. El medio acondicionado se bombeó en una columna de Proteína A de 5 ml (Pharmacia) que se había equilibrado en 20 mM de tampón fosfato sódico, pH 6,8. Después de la carga, la columna se lavó extensamente con tampón de equilibrio antes de la elución con ácido cítrico 100 mM, pH 3,5. La proteína eluida se neutralizó inmediatamente mediante la recolección de fracciones de 1 ml en tubos que contenían 275 ml de tampón Tris 1 M, pH 9. La proteína altamente purificada se desaló posteriormente en un tampón de almacenamiento tal y como se ha descrito anteriormente para las proteínas etiquetadas con poli-His. La homogeneidad de las proteínas se verificó mediante electroforesis en gel de poliacrilamida (PEG) SDS y la secuenciación de aminoácidos N-terminales mediante la degradación de Edman.

El PRO362 también se expresó en células High-5 infectadas de baculovirus utilizando un procedimiento análogo. Las células High-5 se desarrollaron hasta una confluencia del 50% a 27°C, sin CO<sub>2</sub>, sin penicilina ni estreptomicina. Para cada placa de 150 mm, se mezclaron 30 µg de vector basado en pIE que contenía PRO362 con 1 ml de medio Ex-Cell (Medio: Ex-Cell 401, 1/100 L-Glu JRH Biosciences, # 14401-78P, nota: el medio es sensible a la luz), y en un tubo separado, 100 µl de sectina Cell (GibcoBRL # 10362-010) se mezclaron con 1 ml de medio Ec-Cell. Los vectores pIE1-1 y pIE1-2 se diseñan para la expresión constitutiva de proteínas recombinantes del promotor iel del baculovirus en las células de insectos transformadas de forma estable (Cartier J. L., *et al*, *J. Virol.* 68, 7728-7737) (1994). Los plásmidos sólo difieren en la orientación de los múltiples sitios de clonación y contienen todas las secuencias de promotor que se sabe que son importantes para la expresión génica mediada por iel en células de insectos no infectadas, así como el elemento potenciador hr5, pIE1-1 y pIE1-2 incluyen el sitio de iniciación de la traducción iel y se pueden utilizar para producir proteínas de fusión.

Las dos soluciones se combinaron y se dejaron incubar a temperatura ambiente durante 15 minutos. Se añadieron 8 ml de medio Ex-Cell a los 2 ml de la mezcla ADN/Cellfectina y se puso en capas sobre las células High-5 lavadas previamente con medio Ex-Cell. La placa se incubó en la oscuridad durante 1 hora a temperatura ambiente. La mezcla ADN/Cellfectina se aspiró y las células se lavaron una vez con Ex-Cell para eliminar el exceso de Cellfectina. Se añadió medio nuevo Ex-Cell (30 ml) y las células se incubaron durante 3 días a 28°C. El sobrenadante se recogió y se determinó la expresión de PRO362 mediante unión por lotes de forma similar a la descrita para las células Sf9.

## Ejemplo 17

### *Preparación de anticuerpos que se unen a PRO362*

Este ejemplo ilustra la preparación de anticuerpos monoclonales que pueden unirse específicamente a PRO362.

Las técnicas para producir los anticuerpos monoclonales son conocidas en el sector y están descritas, por ejemplo, en Goding, *supra*. Entre los inmunógenos que se pueden utilizar se incluyen proteínas de fusión PRO362 purificadas que contienen PRO362, y células que expresan PRO362 recombinante en la superficie celular. La selección del inmunógeno puede realizarse por el técnico en la materia sin una gran experimentación.

Los ratones, tales como Balb/c, se inmunizan con el inmunógeno de PRO362 emulsionado en adyuvante completo de Freund y se inyecta subcutáneamente o intraperitonealmente en una cantidad de 1-100 microgramos. Alternativamente, el inmunógeno se emulsiona en el adyuvante MPL-TDM (Ribi Immunochemical Research, Hamilton, MT) y se inyecta en las almohadillas de las patas traseras del animal. A continuación, los ratones inmunizados se estimulan 10 a 12 días después con inmunógeno adicional emulsionado en el adyuvante seleccionado. A continuación, durante varias semanas, los ratones también se pueden estimular con inyecciones de inmunización adicionales. Las muestras de suero se pueden obtener periódicamente de los ratones mediante muestras de sangre retro-orbitales para ser analizadas en ensayos ELISA para detectar anticuerpos de PRO362.

Después de detectar un título de anticuerpo adecuado, a los animales "positivos" para anticuerpos se les puede inyectar una inyección intravenosa final de PRO362. De tres a cuatro días más tarde, los ratones se sacrifican y se

## ES 2 305 608 T3

recogen las células del bazo. A continuación, las células del bazo se fusionan (usando polietilenglicol al 35%) a una línea celular de mieloma murino seleccionado, tal como la P3X63AgU.1, disponible de ATCC, No. CRL 1597. Las fusiones generan células de hibridoma que se pueden colocar a continuación en placas de cultivo de tejido de 96 pocillos que contienen un medio HAT (hipoxantina, aminopterina y timidina) para inhibir la proliferación de células no fusionadas, híbridos de mieloma e híbridos de células de bazo.

Las células de hibridomas se cribarán en un ELISA para la reactividad contra PRO362. La determinación de células de hibridoma "positivas" que secretan los anticuerpos monoclonales deseados contra PRO362 está dentro de la técnica.

Las células de hibridoma positivas se pueden inyectar intraperitonealmente en ratones singéneos Balb/c para producir ascitis que contienen los anticuerpos monoclonales anti-PRO362. Alternativamente, las células de hibridoma pueden desarrollarse en matraces o botellas en rodillo de cultivos de tejidos. La purificación de los anticuerpos monoclonales producidos en la ascitis se puede realizar usando precipitación con sulfato de amonio, seguido por cromatografía de exclusión en gel. Alternativamente, puede usarse la cromatografía por afinidad basada en la unión del anticuerpo a la proteína A o la proteína G.

### *Depósito de material*

Los siguientes materiales se han depositado con la American Type Culture Collection, 12301 Parklawn Drive, Rockville, MS, USA (ATCC):

Material	ATCC Dep. No.	Fecha del depósito
plásmido DNA40628-1216 basado en pRK5	209432	7 de noviembre de 1997
DNA45416-1251	209620	5 de febrero de 1998
DNA35638-1141	209265	16 de septiembre de 1997

Estos depósitos se realizaron según lo estipulado en el Tratado de Budapest sobre el Reconocimiento Internacional del Depósito de Microorganismos a los fines del Procedimiento en Materia de Patentes y el Reglamento bajo el mismo (Tratado de Budapest). Esto asegura el mantenimiento de un cultivo viable del depósito durante 30 años a partir de la fecha de depósito. Los depósitos estarán disponibles mediante la ATCC según los términos del Tratado de Budapest, y están sujetos a un acuerdo entre Genentech, Inc. y ATCC, que asegura la disponibilidad permanente y sin restricción de la progenie del cultivo del depósito al uso público tras la publicación de la respectiva patente estadounidense o tras ponerse abierta a la inspección pública de cualquier solicitud de patente estadounidense o extranjera, la que sea primera, y asegura la disponibilidad de la progenie para alguien determinado por la U.S. Commissioner of Patents and Trademarks para tener el derecho a la misma de acuerdo con 35 USC § 122 y las normas de la Commissioner según las mismas (incluyendo 37 CFR § 1.14 con referencia concreta a 886 OG 638).

El cesionario de la presente solicitud ha acordado que si un cultivo de los materiales en el depósito muriera o se perdiera o se destruyera cuando se cultiva en las condiciones adecuadas, los materiales serán inmediatamente reemplazados en una notificación por otros iguales. La disponibilidad del material depositado no se interpreta como una licencia para realizar la invención contraviniendo los derechos concedidos bajo la autoridad de cualquier gobierno de acuerdo con sus leyes de patente.

La memoria escrita anterior se considera que es suficiente para permitir a un experto en la materia realizar la invención. La presente invención no se limita en su alcance por la construcción depositada, ya que la realización depositada pretende ser una ilustración individual de ciertos aspectos de la presente invención y otras construcciones que son funcionalmente equivalentes están dentro del alcance de la presente invención tal y como se define en las reivindicaciones. El depósito del material de la presente invención no constituye una admisión de que la descripción escrita contenida en la presente invención sea inadecuada para permitir la práctica de cualquier aspecto de la invención, incluyendo el modo óptimo de la misma, ni se interpreta como limitante del alcance de las reivindicaciones a las ilustraciones específicas que representa. De hecho, las diversas modificaciones además de las mostradas y descritas en la presente invención serán evidentes para los expertos en la materia a partir de la descripción anterior y caen dentro del alcance de las reivindicaciones adjuntas.

## Referencias citadas en la descripción

Esta lista de referencias citadas por el solicitante se muestra únicamente para conveniencia del lector. No forma parte del documento de Patente Europea. Aunque se ha tenido una gran precaución a la hora de recopilar las referencias, no se pueden excluir errores u omisiones y la Oficina Europea de Patentes declina cualquier responsabilidad al respecto.

## Documentos de patente citados en la descripción

- 10      • US 4579827 A [0011]
- US 424991 A [0011]
- EP 199141 A [0011]
- 15      • US 4675187 A [0049]
- US 4816567 A [0082] [0083] [0186] [0186] [0190]
- 20      • US 5658570 A [0084]
- US 5693780 A [0084]
- US 5681722 A [0084]
- 25      • US 5750105 A [0084]
- US 5756096 A [0084]
- 30      • EP 404097 A [0086]
- WO 9311161 A [0086]
- US 4275149 A [0089]
- 35      • US 5364934 A [0094]
- WO 8705330 A [0101]
- 40      • US 4640835 A [0103]
- US 4496689 A [0103]
- US 4301144 A [0103]
- 45      • US 4670417 A [0103]
- US 4791192 A [0103]
- 50      • US 4179337 A [0103]
- WO 8905859 A [0113]
- US 4399216 A [0113]
- 55      • US 7638291979 A [0113]
- US 5010182 A [0118]
- 60      • EP 362179 A [0118]
- WO 9013646 A [0118]
- EP 36776 A [0122]
- 65      • EP 73657 A [0124]
- GB 2211504 A [0125]

## ES 2 305 608 T3

- EP 117060 A [0128]
- EP 117058 A [0128]
- 5 • US 4376110 A [0139]
- US 4873191 A [0157]
- US 4736866 A [0157]
- 10 • WO 9733551 A [0175] [0176]
- US 5750373 A [0191]
- 15 • US 5545807 A [0191]
- US 5545806 A [0191]
- US 5569825 A [0191]
- 20 • US 5625126 A [0191]
- US 5633425 A [0191]
- 25 • US 5661016 A [0191]
- WO 9308829 A [0193]
- US 4676980 A [0195] [0195]
- 30 • WO 9100360 A [0195]
- WO 92200373 A [0195]
- 35 • EP 03089 A [0195]
- WO 9411026 A [0199]
- US 4485045 A [0201]
- 40 • US 4544545 A [0201]
- US 5013556 A [0201]
- 45 • US 3773919 A [0210]
- EP 616812 A [0239]
- EP 307247 A [0315]
- 50 • US 5122469 A [0325]
- US 60066364 B [0355]
- 55 • US 60078936 B [0355]
- US 9819437 W [0355]

### Documentos que no son patentes citados en la descripción

- 60 • Current Protocols in Immunology. John Wiley and Sons. Inc, 1994 [0004]
- **MANIN-PADURA**. I. *et al. J. Cell Biol.*, 1998, vol. 142 (1), 117-27 [0007]
- 65 • **WELL** *et al. J. Clin. Oncol.*, 1990, vol. 8, 1894-1906 [0011]
- **WELT** *et al. J. Clin. Oncol.*, 1994, vol. 12, 1561-1571 [0011]

## ES 2 305 608 T3

- **AUSUBEL** *et al.* Current Protocols in Molecular Biology. Wiley Interscience Publishers, 1995 [0065]
- **SAMBROOK** *et al.* Molecular Cloning: A Laboratory Manual. Cold Spring Harbor Press, 1989 [0067]
- 5 • **KABAT** *et al.* *NIH Publ.* No. 91-3242, 1991, vol. 1, 647-669 [0075]
- **ZAPATA** *et al.* *Protein Eng.*, 1995, vol. 8 (10), 1057-1062 [0076]
- 10 • **KOHLER** *et al.* *Nature*, 1975, vol. 256, 495 [0082]
- **CLACKSON**. *Nature*, 1991, vol. 352, 624-628 [0082]
- **MARKS** *et al.* *J. Mol. Biol.*, 1991, vol. 222, 581-597 [0082]
- 15 • **MORRISON** *et al.* *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 1984, vol. 81 (685), 1-6855 [0083]
- **JONES** *et al.* *Nature*, 1986, vol. 321, 522-525 [0084] [0189] [0190]
- 20 • **REICHMANN** *et al.* *Nature*, 1988, vol. 332, 323-329 [0084]
- **PRESTA**. *Curr. Op. Struct. Biol.*, 1992, vol. 2, 593-596 [0084]
- **PLUCKTHUN**. The Pharmacology of Monoclonal Antibodies. Springer-Verlag, 1994, vol. 113, 269-315 [0085]
- 25 • **HOLLINGER** *et al.* *Proc. Natl Acad Sci. USA*, 1993, vol. 90, 6444-6448 [0086]
- **CARTER** *et al.* *Nucl. Acids Res*, 1986, vol. 13, 4331 [0095]
- 30 • **ZOLLER** *et al.* *Nucl. Acids Res.*, 1987, vol. 10, 6487 [0095]
- **WELLS** *et al.* *Gene*, 1985, vol. 34, 315 [0095]
- **WELLS** *et al.* *Philos. Trans. R. Soc.*, 1986, vol. 317, 415 [0095]
- 35 • **CREIGHTON**. *The Proteins*. W.H. Freeman & Co., 1976, vol. 150, 1 [0096]
- **CHOTHIA**. *J. Mol. Biol.*, 1976, vol. 150, 1 [0096]
- 40 • **T.E. CREIGHTON**. *Proteins: Structure and Molecular Properties*. W.H. Freeman & Co, 1983, 79-86 [0098]
- **APLIN; WRISTON**. *CRC Crit. Rev. Biochem.*, 1981, 259-306 [0101]
- **HAKIMUDDIN**. *Arch. Biochem. Biophys.*, 1987, vol. 259, 52 [0102]
- 45 • **EDGE** *et al.* *Anal. Biochem*, 1981, vol. 118, 131 [0102]
- **THOTAKURA** *et al.* *Meth. Enzymol*, 1987, vol. 138, 350 [0102]
- **FIELD** *et al.* *Mol. Cell. Biol.*, 1988, vol. 8, 2159-2163 [0105]
- 50 • **EVAN** *et al.* *Molecular and Cellular Biology*, 1985, vol. 5, 3610-3616 [0105]
- **PABORSKY** *et al.* *Protein Engineering*, 1990, vol. 3 (6), 547-553 [0105]
- 55 • **HOPP**. *BioTechnology*, 1988, vol. 6, 1204-1210 [0105]
- **MARTIN** *et al.* *Science*, 1992, vol. 255, 192-194 [0105]
- 60 • **SKINNER** *et al.* *J. Biol. Chem.*, 1991, vol. 266, 15163-15166 [0105]
- **LUTZ-FREYERMUTH** *et al.* *Proc. Natl. Acad Sci. USA*, 1990, vol. 87, 6393-6397 [0105]
- **STEWART** *et al.* *Solid-Phase Peptide Synthesis*. W.H. Freeman Co, 1969 [0106]
- 65 • **MERRIFIELD**. *J. Am. Chem. Soc.*, 1963, vol. 85, 2149-2154 [0106]
- **SAMBROOK** *et al.* *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989 [0108]



## ES 2 305 608 T3

- **DIEFFENBACH** *et al.* PCR Primer: A Laboratory Manual. Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1995 [0108]
- Mammalian Cell Biotechnology: A Practical Approach. IRL Press, 1991 [0112]
- 5 • **SHAW** *et al.* *Gene*, 1983, vol. 23, 315 [0113]
- **GRAHAM**; **VAN DER EB**. *Virology*, 1978, vol. 52, 456-457 [0113]
- 10 • **VAN SOLINGEN** *et al.* *J. Bact.*, 1977, vol. 130, 946 [0113]
- **KEOWN** *et al.* *Methods in Enzymology*, 1990, vol. 185, 527-537 [0113]
- **MANSOUR** *et al.* *Nature*, 1988, vol. 336, 348-352 [0113]
- 15 • **GRAHAM** *et al.* *J. Gen Virol.*, 1977, vol. 36, 59 [0116]
- **URLAUB**; **CHASIN**. *Proc. Natl. Acad Sci. USA.*, 1980, vol. 77, 4216 [0116]
- **MATHER**. *Biol. Reprod*, 1980, vol. 23, 243-251 [0116]
- 20 • **URLAUB** *et al.* *Proc. Natl. Acad Sci. USA*, 1980, vol. 77, 4216 [0121]
- **STINCHCOMB** *et al.* *Nature*, 1979, vol. 282, 39 [0121]
- 25 • **KINGSMAN** *et al.* *Gene*, 1979, vol. 7, 141 [0121]
- **TSCHEMPER** *et al.* *Gene*, 1980, vol. 10, 157 [0121]
- **JONES**. *Genetics*, 1977, vol. 85, 12 [0121]
- 30 • **CHANG** *et al.* *Nature*, 1978, vol. 275, 615 [0122]
- **GOEDDEL** *et al.* *Nature*, 1979, vol. 281, 544 [0122]
- 35 • **GOEDDEL**. *Nucleic Acids Res.*, 1980, vol. 8, 4057 [0122]
- **DEBOER** *et al.* *Proc. Natl. Acad Sci. USA*, 1983, vol. 80, 21-25 [0122]
- **HITZEMAN** *et al.* *J. Biol. Chem.*, 1980, vol. 255, 2073 [0123]
- 40 • **HESS** *et al.* *J. Adv. Enzyme Reg.*, 1968, vol. 7, 149 [0123]
- **HOLLAND**. *Biochemistry*, 1978, vol. 17, 4900 [0123]
- 45 • **GETHING** *et al.* *Nature*, 1981, vol. 293, 620-625 [0128]
- **MANTEI** *et al.* *Nature*, 1979, vol. 281, 40-46 [0128]
- **THOMAS**. *Proc. Natl. Acad Sci. USA.*, 1980, vol. 77, 5201-5205 [0129]
- 50 • **DEUTSCHER**. *Methods in Enzymology*, 1990, vol. 182 [0132]
- **SCOPES**. Protein Purification: Principles and Practice. Springer-Verlag, 1982 [0132]
- 55 • **THOMAS**. *Proc. Natl. Acad Sci. USA*, 1980, vol. 77, 5201-5205 [0134]
- **ZOLA**. Monoclonal Antibodies: A Manual of Techniques. CRC Press. Inc, 1987, 147-158 [0137]
- **SMALL** *et al.* *Mol. Cell. Biol.*, 1985, vol. 5, 642-648 [0143]
- 60 • *Current Protocols in Immunology*. John Wiley & Sons. Inc [0144]
- **CHAMBERS**, C. A.; **ALLISON**, J. P. *Curr. Opin. Immunol.*, 1997, vol. 9, 396 [0145]
- 65 • **SCHWARTZ**, R. H. *Cell*, 1992, vol. 71, 1065 [0145]
- **LINSEY**, P. S.; **LEDBETTER**, J. A. *Annu. Rev. Immunol.*, 1993, vol. 11, 191 [0145]

## ES 2 305 608 T3

- **JUNE.** C. H. *et al. Immunol. Today*, 1994, vol. 15, 321 [0145]
- **JENKINS**, M. K. *Immunity*, 1994, vol. 1, 405 [0145]
- 5 • **WALUNAS.** T.L. *et al. Immunity*, 1994, vol. 1, 405 [0146]
- **ALDERSON.** M. E. *et al. J. Immunol.*, 1994, vol. 24, 2219 [0146]
- **HELLSTROM**, I.; **HELLSTROM**, K. E. *Crit. Rev. Immunol.*, 1998, vol. 18, 1 [0146]
- 10 •Current *Protocols in Immunology*. John Wiley & Sons. Inc, 1994 [0149]
- **GRABBE**, S.; **SCHWARZ**. T. *Immun. Today*, 1998, vol. 19 (1), 37-44 [0149]
- 15 • **AUCHINCLOSS.** H. JR.; **SACHS.** D. H. *Fundamental Immunology*. Raven Press, 1989, 889-992 [0151]
- **TANABE**, M. *et al. Transplantation*, 1994, vol. 58, 23 [0151]
- **TINUBU.** S. A. *et al. J. Immunol.*, 1994, 4330-4338 [0151]
- 20 • **BOLTON.** C. *Multiple Sclerosis*, 1995, vol. 1, 143 [0153]
- **DUNCAN.** I. D. *et al. Molec. Med Today*, 1997, 554-561 [0153]
- 25 • **ISSEKUTZ**, A. C. *et al. Immunology*, 1996, vol. 88, 569 [0154]
- **WOLYNIEC**, W. W. *et al. Am. J. Respir. Cell Mol. Biol.*, 1998, vol. 18, 777 [0155]
- **SCHON**, M. P. *et al. Nat. Med.*, 1997, vol. 3, 183 [0156]
- 30 • **NICKOLOFF**, B. J. *et al. Am. J. Path.*, 1995, vol. 146, 580 [0156]
- **VAN DER PUTTEN** *et al. Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 1985, vol. 82, 6148-615 [0157]
- 35 • **THOMPSON** *et al. Cell*, 1989, vol. 56, 313-321 [0157]
- **LO.** *Mol. Cel. Biol.*, 1983, vol. 3, 1803-1814 [0157]
- **LAVITRANO** *et al. Cell*, 1989, vol. 57, 717.73 [0157]
- 40 • **LASKO** *et al. Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 1992, vol. 89, 623-636 [0158]
- **THOMAS; CAPECCHI.** *Cell*, 1987, vol. 51, 503 [0161]
- 45 • **LI** *et al. Cell*, 1992, vol. 69, 915 [0161]
- **BRADLEY.** Teratocarcinomas and Embryonic Stem Cells: A Practical Approach. IRL, 1987, 113-152 [0161]
- **DESMET.** C. *et al. Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 1996, vol. 93, 7149 [0162]
- 50 • **MELERO**, I. *et al. Nature Medicine*, 1997, vol. 3, 682 [0162]
- **KWON.** E. D. *et al. Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 1997, vol. 94, 8099 [0162]
- 55 • **LYNCH.** D. H. *et al. Nature Medicine*, 1997, vol. 3, 625 [0162]
- **FINN.** O. J.; **LOTZE.** M. T. *J. Immunol.*, 1998, vol. 21, 114 [0162]
- **HUNTER.** *Cell*, 1991, vol. 64, 1129 [0164]
- 60 • **BISHOP.** *Cell*, 1991, vol. 64, 235-248 [0164]
- **ALITALO** *et al. Adv. Cancer Res.*, 1986, vol. 47, 235-281 [0165]
- 65 • **SLAMON** *et al. Science*, 1987, vol. 235, 177-182 [0166]
- **SLAMON** *et al. Science*, 1989, vol. 244, 707-712 [0166]

## ES 2 305 608 T3

- **SCHWAB** *et al.* *Genes Chromosomes Cancer*, 1990, vol. 1, 181-193 [0167]
- **RAVDIN; CHAMNESS.** *Gene*, 1995, vol. 159, 19-37 [0167]
- 5 • **HYNES; STEM.** *Biochim Biophys Acta*, 1994, vol. 1198, 165-184 [0167]
- **BASELGA** *et al.* *J. Clin. Oncol.*, 1996, vol. 14, 737-744 [0167]
- **FIELDS; SONG.** *Nature*, 1989, vol. 340, 245-246 [0171]
- 10 • **CHIEN** *et al.* *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 1991, vol. 88, 9578-9582 [0171]
- **CHEVRAY; NATHANS.** *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 1991, vol. 89, 5789-5793 [0171]
- 15 • **ROSSI.** *Current Biology*, 1994, vol. 4, 469-471 [0175]
- **KOHLER; MILSTEIN.** *Nature*, 1975, vol. 256, 495 [0180]
- **GODING.** *Monoclonal Antibodies: Principles and Practice*, 1986, 59-103 [0181]
- 20 • **KOZBOR.** *J. Immunol.*, 1984, vol. 133, 3001 [0182]
- **BRODEUR** *et al.* *Monoclonal Antibody Production Techniques and Applications.* Marcel Dekker. Inc, 1987, 51-63 [0182]
- 25 • **MUNSON; POLLARD.** *Anal. Biochem.*, 1980, vol. 107, 220 [0183]
- **RIECHMANN** *et al.* *Nature*, 1988, vol. 332, 323-329 [0189]
- 30 • **PRESTA.** *Curr. Op. Struct. Biol.*, 1992, vol. 2, 593-596 [0189]
- **RIECHMANN** *et al.* *Nature*, 1988, vol. 332, 323-327 [0190]
- **VERHOEYEN** *et al.* *Science*, 1988, vol. 239, 1534-1536 [0190]
- 35 • **HOOGENBOOM; WINTER.** *J. Mol. Biol*, 1991, vol. 227, 381 [0191]
- **MARKS** *et al.* *J. Mol. Biol*, 1991, vol. 222, 581 [0191]
- 40 • **COLE** *et al.* *Monoclonal Antibodies and Cancer Therapy.* Alan R. Liss, 1985, 77 [0191]
- **BOEMER** *et al.* *J. Immunol.*, 1991, vol. 147 (1), 86-95 [0191]
- **MARKS** *et al.* *Bio/Technology*, 1992, vol. 10, 779-783 [0191]
- 45 • **LONBERG** *et al.* *Nature*, 1994, vol. 368, 856-859 [0191]
- **MORRISON.** *Nature*, 1994, vol. 368, 812-13 [0191]
- 50 • **FISHWILD** *et al.* *Nature Biotechnology*, 1996, vol. 14, 845-51 [0191]
- **NEUBERGER.** *Nature Biorechnology*, 1996, vol. 14, 826 [0191]
- **LONBERG; HUSZAR.** *Intern. Rev. Immunol.*, 1995, vol. 13, 65-93 [0191]
- 55 • **MILSTEIN; CUELLO.** *Nature*, 1983, vol. 305, 537-539 [0193]
- **TRAUNECKER** *et al.* *EMBO J.*, 1991, vol. 10, 3655-3659 [0193]
- 60 • **SURESH** *et al.* *Methods in Enzymology*, 1986, vol. 121, 210 [0194]
- **CARON** *et al.* *J. Exp Med.*, 1992, vol. 176, 1191-1195 [0196]
- **SHOPES, B. J.** *J. Immunol.*, 1992, vol. 148, 2918-2922 [0196]
- 65 • **WOLFF** *et al.* *Cancer Research*, 1993, vol. 53, 2560-2565 [0196]
- **STEVENSON** *et al.* *Anti-Cancer Drug Design*, 1989, vol. 3, 219-230 [0196]

## ES 2 305 608 T3

- **VITETTA** *et al. Science*, 1987, vol. 238, 1098 [0199]
- **EPSTEIN** *et al. Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 1985, vol. 82, 3688 [0201]
- 5 • **HWANG** *et al. Proc. Natl Acad. Sci. USA*, 1980, vol. 77, 4030 [0201]
- **MARTIN** *et al. J. Biol. Chem.*, 1982, vol. 257, 286-288 [0202]
- **GABIZON** *et al. J. National Cancer Inst.*, 1989, vol. 81 (19), 1484 [0202]
- 10 • *Remington's Pharmaceutical Sciences*. 1980 [0204] [0208]
- **MARASCO** *et al. Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 1993, vol. 90, 7889-7893 [0206]
- 15 • **MARTIN-PADURA** *et al. J. Cell Biol.*, 1998, vol. 142 (1), 117-27 [0213]
- *Chemotherapy Service*. Williams & Wilkins, 1992 [0239]
- **ALTSCHUL** *et al. Methods in Enzymology*, 1996, vol. 266, 460-480 [0249]
- 20 • **HOLMES** *et al. Science*, 1991, vol. 253, 1278-1280 [0253] [0262] [0270]
- **ALTSHUL** *et al. Methods in Enzymology*, 1996, vol. 266, 460-480 [0257]
- 25 • **ALTSHUL** *et al. Methods In Enzymology*, 1996, vol. 266, 460-480 [0265]
- *Current Protocol in Immunology*. John Wiley & Sons. Inc, [0276]
- **SCAN. J. CLIN. LAB INVEST.** *Scan. J. Clin. Lab Invest.*, 1968, vol. 97, 51-76 [0283]
- 30 • **SPENCER** *et al. J. Exp. Med.*, 1998, vol. 187, 571-578 [0287]
- **SKEHAN** *et al. J. Natl. Cancer Inst.*, 1990, vol. 82, 1107-1112 [0297]
- 35 • **MONKS** *et al. J. Natl. Cancer Inst.*, 1991, vol. 83, 757-766 [0297]
- **MONKS** *et al. Boyd. Cancer: Princ. Pract. Oncol.* Update, 1989, vol. 3 (10), 1-12 [0297]
- **BOLIVAR** *et al. Gene*, 1977, vol. 2, 95 [0306]
- 40 • **THIMMAPPAYA** *et al. Cell*, 1982, vol. 31, 543 [0316]
- **SOMPARYRAC** *et al. Proc. Natl, Acad. Sci.*, 1981, vol. 12, 7575 [0318]
- 45 • **AUSUBEL** *et al. Current Protocols of Molecular Biology*. John Wiley and Sons, 1997 [0323]
- **LUCAS** *et al. Nucl. Acids Res.*, 1996, vol. 24 (9), 1774-1779 [0323]
- **O'REILLEY** *et al. Baculovirus expression vectors: A laboratory Manual*. Oxford University Press, 1994
- 50 • **RUPERT** *et al. Nature*, 1993, vol. 362, 175-179 [0336]
- **CARTIER. J.L.** *et al. J. Virol.*, 1994, vol. 68, 7728-7737 [0343]

# REIVINDICACIONES

1. Ácido nucleico aislado que:

(i) codifica un polipéptido que comprende la secuencia de aminoácidos mostrada en la figura 3 (SEC ID No. 2);

(ii) codifica una forma natural truncada o secretada del polipéptido cuya secuencia de aminoácidos se muestra en la figura 3 (SEC ID No. 2), en el que dicha forma truncada o secretada es capaz de estimular la proliferación de linfocitos T estimulados y/o capaz de estimular infiltrados de células inflamatorias en la piel de cobayas y/o tiene actividad antitumoral *in vitro*;

(iii) codifica una forma natural empalmada de forma alternativa del polipéptido cuya secuencia de aminoácidos se muestra en la figura 3 (SEC ID No. 2), en el que dicha forma empalmada de forma alternativa es capaz de estimular la proliferación de linfocitos T estimulados y/o capaz de estimular infiltrados de células inflamatorias en la piel de cobayas y/o tiene actividad antitumoral *in vitro*;

(iv) codifica el dominio extracelular del polipéptido que tiene la secuencia de aminoácidos mostrada en la figura 3 (SEC ID No. 2), en el que dicho dominio extracelular es capaz de estimular la proliferación de linfocitos T estimulados y/o capaz de estimular infiltrados de células inflamatorias en la piel de cobayas y/o tiene actividad antitumoral *in vitro*;

(v) codifica un polipéptido que comprende los residuos 1 a 229 mostrados en la figura 3 (SEC ID No. 2);

(vi) codifica un polipéptido que tiene por lo menos un 80% de identidad en la secuencia de aminoácidos con el polipéptido de (i), en el que el polipéptido es capaz de estimular la proliferación de linfocitos T estimulados y/o capaz de estimular infiltrados de células inflamatorias en la piel de cobayas y/o tiene actividad antitumoral *in vitro*;

(vii) tiene la secuencia de ácidos nucleicos mostrada en la figura 6 (SEC ID No. 7);

(viii) tiene la secuencia de ácidos nucleicos de nucleótidos 119-1081 de la secuencia de ácidos nucleicos mostrada en la figura 6 (SEC ID No. 7);

(ix) tiene la secuencia de la inserción de ADNc contenida en el vector DNA45416-1251, depositada como ATCC 209320;

(x) codifica el mismo polipéptido maduro codificado por la inserción de ADNc contenida en el vector DNA45416-1251, depositada como ATCC 209320;

(xi) tiene por lo menos un 80% de identidad en la secuencia de ácidos nucleicos con el ácido nucleico de (vii) u (viii) y codifica un polipéptido que es capaz de estimular la proliferación de linfocitos T estimulados y/o capaz de estimular infiltrados de células inflamatorias en la piel de cobayas y/o tiene actividad antitumoral *in vitro*;

(xii) tiene por lo menos un 80% de identidad en la secuencia de ácidos nucleicos con la parte de la secuencia de ácidos nucleicos de la figura 6 (SEC ID No. 7) que codifica la secuencia de residuos de aminoácidos 1 a X de la figura 3 (SEC ID No. 2), donde X es cualquier residuo de aminoácido de 271 a 280, y codifica un polipéptido que es capaz de estimular la proliferación de linfocitos T estimulados y/o capaz de estimular infiltrados de células inflamatorias en la piel de cobayas y/o tiene actividad antitumoral *in vitro*; o

(xiii) se hibrida en condiciones de hibridación y lavado astringentes al complemento de la secuencia de ácidos nucleicos mostrada en la figura 6 (SEC ID No. 7) y codifica un polipéptido que es capaz de estimular la proliferación de linfocitos T estimulados y/o capaz de estimular infiltrados de células inflamatorias en la piel de cobayas y/o tiene actividad antitumoral *in vitro*,

en el que la identidad en la secuencia se determina sobre la longitud completa de la secuencia de referencia.

2. Ácido nucleico según la reivindicación 1, en el que dicho dominio extracelular es de los aminoácidos 1 a X, donde X es cualquier residuo de aminoácido de 271 a 280.

3. Ácido nucleico según la reivindicación 1 o la reivindicación 2, en el que el nivel de identidad de aminoácidos es por lo menos de un 85%.

4. Ácido nucleico según la reivindicación 3, en el que el nivel de identidad de aminoácidos es por lo menos de un 90%.

5. Ácido nucleico según la reivindicación 4, en el que el nivel de identidad de aminoácidos es por lo menos de un 95%.

## ES 2 305 608 T3

6. Vector que comprende el ácido nucleico según cualquiera de las reivindicaciones anteriores.

7. Célula huésped que comprende el vector según la reivindicación 6.

8. Célula huésped según la reivindicación 7, que es una célula CHO.

9. Célula huésped según la reivindicación 7, que es *E. coli*.

10. Célula huésped según la reivindicación 7, que es una célula de levadura.

11. Procedimiento para producir un polipéptido codificado por el ácido nucleico según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 5, comprendiendo el procedimiento el cultivo de la célula huésped según cualquiera de las reivindicaciones 7 a 10, en condiciones adecuadas para la expresión de dicho polipéptido y la recuperación de dicho polipéptido del cultivo celular.

12. Polipéptido aislado que:

(i) comprende la secuencia de aminoácidos mostrada en la figura 3 (SEC ID No. 2);

(ii) es una forma natural truncada o secretada del polipéptido cuya secuencia de aminoácidos se muestra en la figura 3 (SEC ID No. 2) y es capaz de estimular la proliferación de linfocitos T estimulados y/o capaz de estimular infiltrados de células inflamatorias en la piel de cobayas y/o tiene actividad antitumoral *in vitro*;

(iii) es una forma natural empalmada de forma alternativa del polipéptido cuya secuencia de aminoácidos se muestra en la figura 3 (SEC ID No. 2) y es capaz de estimular la proliferación de linfocitos T estimulados y/o capaz de estimular infiltrados de células inflamatorias en la piel de cobayas y/o tiene actividad antitumoral *in vitro*;

(iv) comprende el dominio extracelular del polipéptido que tiene la secuencia de aminoácidos mostrada en la figura 3 (SEC ID No. 2) y es capaz de estimular la proliferación de linfocitos T estimulados y/o capaz de estimular infiltrados de células inflamatorias en la piel de cobayas y/o tiene actividad antitumoral *in vitro*;

(v) comprende los residuos 1 a 229 mostrados en la figura 3 (SEC ID No. 2);

(vi) tiene por lo menos un 80% de identidad en la secuencia de aminoácidos con el polipéptido de (i) y es capaz de estimular la proliferación de linfocitos T estimulados y/o capaz de estimular infiltrados de células inflamatorias en la piel de cobayas y/o tiene actividad antitumoral *in vitro*, en el que la identidad en la secuencia se determina sobre la longitud completa de la secuencia de referencia; o

(vii) es codificado por la inserción de ADNc contenida en el vector DNA45416-1251, depositada como ATCC 209320.

13. Polipéptido según la reivindicación 12, en el que dicho dominio extracelular es de los aminoácidos 1 a X, donde X es cualquier residuo de aminoácido de 271 a 280.

14. Polipéptido según la reivindicación 12 o la reivindicación 13, que consiste en el dominio extracelular del polipéptido que tiene la secuencia de aminoácidos mostrada en la figura 3 (SEC ID No. 2).

15. Polipéptido según la reivindicación 12, en el que el nivel de identidad es de un 85%.

16. Polipéptido según la reivindicación 15, en el que el nivel de identidad es de un 90%.

17. Polipéptido según la reivindicación 16, en el que el nivel de identidad es de un 95%.

18. Molécula quimérica que comprende un polipéptido según cualquiera de las reivindicaciones 12 a 17, fusionado a una secuencia de aminoácidos heteróloga.

19. Molécula quimérica según la reivindicación 18, en la que dicha secuencia de aminoácidos heteróloga es una secuencia de epítipo etiqueta.

20. Molécula quimérica según la reivindicación 18, en la que dicha secuencia de aminoácidos heteróloga es una región Fc de una inmunoglobulina.

21. Anticuerpo que se une específicamente a un polipéptido según cualquiera de las reivindicaciones 12 a 17.

22. Anticuerpo según la reivindicación 21, que se une específicamente a un polipéptido según la reivindicación 12, parte (i), (ii), (iii), (iv) o (v) o la reivindicación 13 o la reivindicación 14.

23. Anticuerpo según la reivindicación 21 o la reivindicación 22, que es un anticuerpo monoclonal.

## ES 2 305 608 T3

24. Anticuerpo según la reivindicación 23, que contiene residuos de la región determinante de complementariedad (CDR) no humanos y residuos de estructura (FR) humanos.

25. Anticuerpo según la reivindicación 24 que está marcado.

26. Anticuerpo según la reivindicación 25 que está inmovilizado sobre un soporte sólido.

27. Anticuerpo según cualquiera de las reivindicaciones 21 a 24 que es un anticuerpo de cadena única o un fragmento de anticuerpo.

28. Anticuerpo que es un anticuerpo anti-idiotípico dirigido al anticuerpo según la reivindicación 21 o la reivindicación 22.

29. Polipéptido según cualquiera de las reivindicaciones 12 a 17, o molécula quimérica según cualquiera de las reivindicaciones 18 a 20, para su uso en un método de tratamiento.

30. Polipéptido o molécula quimérica según la reivindicación 29, para su uso en el tratamiento del cáncer.

31. Uso de un polipéptido según cualquiera de las reivindicaciones 12 a 17, o molécula quimérica según cualquiera de las reivindicaciones 18 a 20, en la preparación de un medicamento para el tratamiento del cáncer.

32. Procedimiento *in vitro* para detectar la presencia de un polipéptido tal y como se define en cualquiera de las reivindicaciones 12 a 17, que comprende la exposición de una célula sospechosa de contener el polipéptido a un anticuerpo tal y como se define en cualquiera de las reivindicaciones 20 a 26, y la determinación de la unión del anticuerpo a la célula.

33. Composición que comprende un polipéptido según cualquiera de las reivindicaciones 12 a 17, en una mezcla con un portador o excipiente farmacéuticamente aceptable.

34. Composición según la reivindicación 33 que es estéril.

**FIG. 1A**

[illegible]



FIGURA 1B

SEQ ID NO: 6	A33	186	...	P	L	A	Q	P	A	S	G	O	P	V	S	L	K	N	I	S	T	D	T	S	G	Y	I	C	T	S	S	N	E	E	G	...	T	Q	F	C	H	I	T	V				
SEQ ID NO: 1	40628	184	S	N	S	Y	V	L	N	P	T	T	G	E	L	V	F	D	P	L	S	A	S	O	T	G	E	Y	S	C	E	A	R	N	G	Y	G	...	T	P	M	T	S	N	A	V		
SEQ ID NO: 2	45416	188	...	...	I	K	V	A	T	L	S	T	L	L	F	K	P	A	V	I	A	D	S	G	S	Y	F	C	T	A	K	G	Q	V	G	S	E	Q	H	S	D	I	V	K	F	V	V	K
SEQ ID NO: 9	35638	186	T	N	S	Y	T	M	N	T	K	T	G	T	L	O	F	N	T	V	S	K	L	O	T	G	E	Y	S	C	E	A	R	N	S	V	G	...	Y	R	R	C	P	G	K	R		
SEQ ID NO: 10	JAM	184	M	N	S	S	F	T	I	D	P	K	S	G	O	L	I	F	D	P	V	T	A	F	D	S	G	E	Y	C	O	A	Q	N	G	Y	G	...	T	A	M	R	S	E	A	A		

A33	227	A	V	R	S	P	S	M	N	V	A	L	Y	V	G	I	A	V	G	V	A	A	L	I	I	G	I	I	Y	C	C	C	R	G	K	D	O	N	T	E	O	K	E	D	A	...			
40628	228	R	M	E	A	V	E	R	N	Y	G	V	I	Y	A	A	V	L	V	T	L	I	L	G	I	L	V	F	G	I	W	F	A	Y	S	R	G	H	F	D	O	R	T	K	K	G	T	S	...
45416	233	S	S	K	L	K	T	E	A	P	T	T	M	T	Y	P	L	K	A	T	S	T	V	K	Q	S	W	O	W	T	T	O	M	D	G	Y	L	G	E	T	S	A	G	P	G	K	S	L	
35638	230	W	Q	V	D	D	L	N	I	S	G	I	I	A	A	V	V	V	A	L	V	I	S	V	C	G	L	G	V	C	Y	A	Q	R	K	G	Y	F	S	K	E	T	S	F	Q	K	S	...	
JAM	228	H	M	D	A	V	E	L	N	V	G	I	V	A	A	V	L	V	T	L	I	L	G	L	I	F	G	V	W	F	A	Y	S	R	G	Y	F	E	T	T	K	K	G	T	A	P	...		

A33	275	...	R	P	N	R	E	A	Y	E	E	P	P	E	Q	L	R	E	L	S	R	E	R	E	E	E	D	O	Y	R	Q	E	E	Q	R	S	T	G	R	E	S	P	D	H	L	O	Q
40628	275	...	...	...	...	...	S	K	K	V	I	Y	S	Q	P	S	A	R	S	E	G	E	F	K	Q	T	S	S	F	L	V	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...			
45416	283	P	V	F	A	I	L	I	S	L	C	C	M	V	V	F	T	M	A	Y	I	M	L	C	R	K	T	S	Q	O	E	H	V	Y	E	A	A	R	...	...	...	...	...	...	...		
35638	277	...	N	S	S	K	A	T	T	M	...	S	E	N	V	Q	W	L	T	P	V	I	P	A	L	W	K	A	A	G	G	S	R	G	Q	E	F	...	...	...	...	...	...	...			
JAM	276	...	...	...	...	...	G	K	K	V	I	Y	S	Q	P	S	T	R	S	E	G	E	F	K	Q	T	S	S	F	L	V	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...				

FIG. 1B

FIGURA 2

SEQ ID NO:1

```

Met Gly Thr Lys Ala Gln Val Glu Arg Lys Leu Leu Cys Leu Phe Ile Leu Ala Ile Leu Leu Cys Ser Leu Ala Leu Gly Ser Val Thr
1      5      10      15      20      25      30
Val His Ser Ser Glu Pro Glu Val Arg Ile Pro Glu Asn Asn Pro Val Lys Leu Ser Cys Ala Tyr Ser Gly Phe Ser Ser Pro Arg Val
35      40      45      50      55      60
Glu Trp Lys Phe Asp Gln Gly Asp Thr Thr Arg Leu Val Cys Tyr Asn Asn Lys Ile Thr Ala Ser Tyr Glu Asp Arg Val Thr Phe Leu
65      70      75      80      85      90
Pro Thr Gly Ile Thr Phe Lys Ser Val Thr Arg Glu Asp Thr Gly Thr Tyr Thr Cys Met Val Ser Glu Glu Gly Asn Ser Tyr Gly
95      100      105      110      115      120
Glu Val Lys Val Lys Leu Ile Val Leu Val Pro Pro Ser Lys Pro Thr Val Asn Ile Pro Ser Ser Ala Thr Ile Gly Asn Arg Ala Val
125      130      135      140      145      150
Leu Thr Cys Ser Glu Gln Asp Gly Ser Pro Pro Ser Glu Tyr Thr Trp Phe Lys Asp Gly Ile Val Met Pro Thr Asn Pro Lys Ser Thr
155      160      165      170      175      180
Arg Ala Phe Ser Asn Ser Ser Tyr Val Leu Asn Pro Thr Thr Gly Glu Leu Val Phe Asp Pro Leu Ser Ala Ser Asp Thr Gly Glu Tyr
185      190      195      200      205      210
Ser Cys Glu Ala Arg Asn Gly Tyr Gly Thr Pro Met Thr Ser Asn Ala Val Arg Met Glu Ala Val Glu Arg Asn Val Gly Val Ile Val
215      220      225      230      235      240
Ala Ala Val Leu Val Thr Leu Ile Leu Leu Gly Ile Leu Val Phe Gly Ile Trp Phe Ala Tyr Ser Arg Gly His Phe Asp Arg Thr Lys
245      250      255      260      265      270
Lys Gly Thr Ser Ser Lys Lys Val Ile Tyr Ser Gln Pro Ser Ala Arg Ser Glu Gly Glu Phe Lys Gln Thr Ser Ser Phe Leu Val
275      280      285      290      295      299

```

SEQ ID NO:2

1 MCILLGLLLL GHLTVDTYGR PILEVPESVT GPWKGDVNL P CTYDPLQCYT QVLVXHLVQR GSDPVTIFLR DSSGDHIQQA KYQGRHLVSH KVPGDVSLQL

101 STLEMDDRSH YTCEVTWQTP DGNQVVRDKI TELRVQKLSV SKPTVTTCSC YGFTVPQCMR ISLQCQARGS PPISVIWYKQ QTNQERIKV ATLSTLLFKP  
 \*Glycosaminoglycan attachment site

201 AVIADSGSYF CTAKGVGSE QHSDIVKFV KSSKLLKTK TEAPTTHTYP LKATSTVKQS WDWTTDMDCY LGETSAGPGK SLPVFAIILI ISLCCHVVF

301 MAYIMLCRKT SQEHVYEA R

Dominio transmembrana

FIGURA 3

ES 2 305 608 T3

OLI2162 (35936.f1) SEQ ID NO:12	OLI2166 (35936.f3) SEQ ID NO:16
TCGCGGAGCTGTGTTCTGTTTCCC	TTGCCTTACTCAGGTGCTAC
OLI2163 (35936.p1) SEQ ID NO:13	OLI2167 (35936.r2) SEQ ID NO:17
TGATCGCGATGGGGACAAAGGCGCAAGCTCGAGAGGAACTGTTGTGCCT	ACTCAGCAGTGTAGGAAAG
OLI2164 (35936.f2) SEQ ID NO:14	
ACACCTGGTTCAAAGATGGG	
OLI2165 (35936.r1) SEQ ID NO:15	
TAGGAAGAGTTGCTGAAGGCACGG	

FIGURA 8

# ES 2 305 608 T3

DNA35936 SEQ ID NO:3

```

CTTCTTGCCA ACTGGTATCA CCTTCAAGTC CGTGACACGG GAAGACACTG 50
GGACATACAC TTGTATGGTC TCTGAGGAAG GCGGCAACAG CTATGGGGAG 100
GTCAAGGTCA AGCTCATCGT GCTTGTGCCT CCATCCAAGC CTACAGTTAA 150
CATCCCCTCC TCTGCCACCA TTGGGAACCG GGCAGTGCTG ACATGCTCAG 200
AACAAGATGG TTCCCCACCT TCTGAATACA CCTGGTTCAA AGATGGGATA 250
GTGATGCCTA CGAATCCCAA AAGCACCCGT GCCTTCAGCA ACTCTTCCTA 300
TGTCTGAAT CCCACAACAG GAGAGCTGGT CTTTGATCCC CTGTCAGCCT 350
CTGATACTGG AGAATACAGC TGTGAGGCAC GGAATGGGTA 390

```

FIGURA 4A

consen01 SEQ ID NO:4

```

TCTCAGTCCC CTCGCTGTAG TCGCGGAGCT GTGTTCTGTT TCCCAGGAGT 50
CCTTCGGCGG CTGTTGTGCT CAGGTGCGCC TGATCGCGAT GGGGACAAAG 100
GCGCAAGCTC GAGAGGAAAC TGTTGTGCCT CTTCATATTG GCGATCCTGT 150
TGTGCTCCCT GGCATTGGGC AGTGTTACAG TTGCACTCTT CTGAACCTGA 200
AGTCAGAATT CCTGAGAATA ATCCTGTGAA GTTGTCTCTGT GCCTACTCGG 250
GCTTTTCTTC TCCCCGTGTG GAGTGGAAGT TTGACCAAGG AGACACCACC 300
AGACTCGTTT GCTATAATAA CAAGATCACA GCTTCCTATG AGGACCGGGT 350
GACCTTCTTG CCAACTGGTA TCACCTTCAA GTCCGTGACA CGGGAAGACA 400
CTGGGACATA CACTTGATATG GTCTCTGAGG AAGGCGGCAA CAGCTATGGG 450
GAGGTCAAGG TCAAGCTCAT CGTGCTTGTG CCTCCATCCA AGCCTACAGT 500
TAACATCCCC TCCTCTGCCA CCATTGGGAA CCGGGCAGTG CTGACATGCT 550
CAGAACAAGA TGGTTCCCCA CCTTCTGAAT ACACCTGGTT CAAAGATGGG 600
ATAGTGATGC CTACGAATCC CAAAAGCACC CGTGCCTTCA GCAACTCTTC 650
CTATGTCCTG AATCCCACAA CAGGAGAGCT GGTCTTTGAT CCCCTGTCAG 700
CCTCTGATAC TGGAGAATAC AGCTGT 726

```

FIGURA 4B

# ES 2 305 608 T3

consen02 SEQ ID NO:5

```

GCAGGCAAAG TACCAGGGCC GCCTGCATGT GAGCCACAAG GTTCCAGGAG 50
ATGTATCCCT CCAATTGAGC ACCCTGGAGA TGGATGACCG GAGCCACTAC 100
ACGTGTGAAG TCACCTGGCA GACTCCTGAT GGCAACCAAG TCGTGAGAGA 150
TAAGATTACT GAGCTCCGTG TCCAGAACT CTCTGTCTCC AAGCCCACAG 200
TGACAACTGG CAGCGGTTAT GGCTTCACGG TGCCCCAGGG AATGAGGATT 250
AGCCTTCAAT GCCAGGGTTC GGGGTTCTCC TCCCATCAGT TATATTTGGT 300
ATAAGCAACA GACTAATAAC CAGGGAACCC ATCAAAGTAG CAACCCTAAG 350
TACCTTACTC TTCAAGCCTG CGGTGATAGC CGACTCAGGC TCCTATTTCT 400
GCACTGCCAA GGGCCAGGTT GGCTCTGAGC AGCACAGCGA CATTGTGAAG 450
TTTGTGGTCA AAGACTCCTC AAAGCTACTC AAGACCAAGA CTGAGGCACC 500
TACAACCATG ACATACCCCT TGAAAGCAAC ATCTACAGTG AAGCAGTCCT 550
GGGACTGGAC CACTGACATG GATGGCTACC TTGGAGAGAC CAGTGCTGGG 600
CCAGGAAAGA GCCTGCCTGT CTTTGCCATC ATCCTCATCA TCTCCTTG TG 650
CTGTATGGTG GTTTTTACCA TGGCCTATAT CATGCTCTGT CGGAAGACAT 700
CCCAACAAGA GCATGTCTAC GAAGCAGCCA GGGCACATGC CAGAGAGGCC 750
AACGACTCTG GAGAAACCAT GAGGGTGGCC ATCTTCGCAA GTGGCTGCTC 800
CAGTGATGAG CCAACTTCCC AGAATCTGGG GCAACAATA CTCTGATGAG 850
CCCTGCATAG GACAGGAGTA CCAGATCATC GCCCAGATCA ATGGCAACTA 900
CGCCCGCCTG CTGGACACAG TTCCTCTGGA TTATGAGTTT CTGGCCACTG 950
AGGGCAAAAG TGTCTGTAA AAATGCCCCA TTAGGCCAGG ATCTGCTGAC 1000
ATAATTGCCT AGTCAGTCCT TGCCTTCTGC ATGGCCTTCT TCCCTGCTAC 1050
CTCTCTTCCT GGATAGCCCA AAGTGTCCGC CTACCAACAC TGGAGCCGCT 1100
GGGAGTCACT GGCTTTGCCC TGGGAATTTGC CAGATGCATC TCAAGTAAGC 1150
CAGCTGCTGG ATTTGGCTCT GGGCCCTTCT AGTATCTCTG CCGGGGGCTT 1200
CTGGTACTCC TCTCTAAATA CCAGAGGGAA GATGCCCATTA GCACTAGGAC 1250
TTGGTCATCA TGCCTACAGA CACTATTCAA CTTTGGCATC TTGCCACCAG 1300
AAGACCCGAG GGGAGGCTCA GCTCTGCCAG CTCAGAGGAC CAGCTATATC 1350
CAGGATCATT TCTCTTTCTT CAGGGCCAGA CAGCTTTTAA TTGAAATTGT 1400
TATTTACAG GCCAGGGTTC AGTTCTGCTC CTCCACTATA AGTCTAATGT 1450
TCTGACTCTC TCCTGGTGCT CAATAAATAT CTAATCATAA CAGCAAAAAA 1500
AAA 1503

```

FIGURA 4C

GGAGTCCCTT CCGCGGCTGT TGTGTCAATG GCCTGATCGC GATGGGACA AAGGCGCAAG TCGAGAGGAA ACTGTTGTGC CTCTTCATAT 100  
 TGGCGATCCT GTTGTGCTCC CTBGCATTGG GCAGTGTATC AGTGCACTCT TCTGAACCTG AAGTCAGAAAT TCTTGAGAAAT AATCTGTGA AGTGTGCTG 200  
 TGCCCTACTCG GGCCTTTCTT CTCCCGCTGT GGAGTGAAG TTTGACCAAG GAGACACAC CAGACTCGTT TGCTATAATA ACAAGATCAC AGCTTCTAT 300  
 GAGGACCGGG TGACCTTCTT GCCACTGGT ATCACTTTCA AGTCCGTGAC ACGGGAAGAC ACTGGGACAT ACACTTGTAT GGTCTCTGAG GAAGGCGGCA 400  
 ACAGCTATGG GGAGGTCAAG GTCAAGCTCA TCGTGTCTGT GCCTCCATCC AAGCTACAG TTAACATCCC CTCTCTGCC ACCATTGGGA ACCGGGCAGT 500  
 GCTGACATGC TCAGAACAG ATGTTTCCC ACCTTCTGAA TACACCTGGT TCAAGATGG GATAGTGATG CCTACGAATC CCAAAAGCAC CCGTGCCCTC 600  
 AGCAACTCTT CCTATGTCCT GAATCCACA ACAGGAGGC TGGTCTTTGA TCCCTGTCA GCTCTGTGA CAGCTGTGAG GCACGGAATG 700  
 GGTATGGAC ACCCATGACT TCAATGCTG TGGCATGGA AGCTGTGGAG CGGAATGTGG GGTGATCGT GGCAGCCGT CTTGTAAACC TGATTCTCCT 800  
 GGGAACTTG GTTTTGGCA TCTGTTTGC CTATAGCCGA GGCCACTTTG ACAGAACAA GAAAGGGACT TCGAGTAAGA AGGTGATTGA CAGCCAGCCT 900  
 AGTGCCCGAA GTGAAGGAGA ATTCAACAG ACCTCGTCAT TCCGTGTGTG AGCTGTGTG GCTCACC GCC TATCATCTGC ATTTGCCCTTA CTCAGGTGCT 1000  
 ACCGGACTCT GGCCCTGAT GTCTGTAGT TCACAGGATG CCTTATTTGT CTTCTACACC CCACAGGGCC CCCTACTTCT TCGGATGTGT TTTTAATAAT 1100  
 GTCAGCTATG TGCCCATCC TCCTTCATGC CCTCCCTCC TTTCCTACCA CTGCTGAGTG GCTGGAAT TGTTAAGT GTTTATCCC CATTTCTTG 1200  
 AGGGATCAGG AAGGAATCCT GGGTATGCCA TTGACTTCCC TTCTAAGTAG ACAGCAAAA TGGCGGGGT GGCAGGAATC TGCACCTCAAC TGCCACCTG 1300  
 GCTGGCAGG ATCTTTGAAT AGGTATCTTG AGCTTGGTTC TGGGCTCTTT TGGGCTCTT TCCTTCCATC TCTGGGGCC ACTCTCTTCT GTCTTCCAT GGAAGTGGC ACTGGGATCC 1400  
 CTAGAGCGGC TGAAATGGTT GTTTGGTGAT GACACTGGG TCCTTCCATC CTGTGCTGT GGAATATGG AGCTCTTGT GTGAGAGCA TAGTAATTT TCAGAGAACT 1500  
 CTCTGCCCTG TCCTCTGAA TACAAGCTGA CTGACATTGA CTGTGCTGT GGAATATGG AGCTCTTGT GTGAGAGCA TAGTAATTT TCAGAGAACT 1600  
 TGAAGCCAAA AGGATTTAAA ACGCTGCTC TAAAGAAAG AAAACTGGAG GCTGGCGCA GTGGCTCAG CCTGTATCC CAGAGGCTGA GGACGGCGGA 1700  
 TCACCTGAGG TCGGAGTTC GGGATCAGCC TGACCAACAT GGAGAAACC TACTGGAAAT ACAAGTTAG CCAGGCATGG TGGTGCATGC CTGTAGTCCC 1800  
 AGCTGCTCAG GAGCCTGGCA ACAAGAGCAA AACTCCAGCT CA 1842

FIGURA 5

## SEQ ID NO:7

1 CCCACCGCTC CCCCCACGG TCCGCCACG GGTCCGCCA CCGTCCGG CCACAGAG TTTAGCCTC TTGTGACCA GGAGGCTGA AGAAGGACA  
GGGTCCGAC GCGGTGCC AGCGGGTGC CACGGGGGT CCGCAGGCC GGTGCTCTT AACCTGGAG AACCATGCT CTCCGACCT TCTTCTCTGT

101 GAACTAGCTC TGCTGTGAT GGGATCTTA CTGGGCTGC TACTCTGGG GCACTAACA GTGGACACTT ATGGCGTCC CATCTGGAA GTGCCAGAGA  
CTTCATCGAG ACCGACACTA CCCCTAGAAAT GACCCGGACG ATGAGGABCC CGTGGATTCT CACTGTGAA TACCGCAGG GTAGGACCTT CACGGTCTCT

1 SEQ ID NO:2 H G I L L G L L L L G H L T V D T Y G R P I L E V P E S  
"HET

201 GTGTAAACAG ACCTTGGAA GGGATGTGA ATCTTCCCTC CACCTATGAC CCCCTGCAG GCTACACCCA AGTCTTGGT AGTGGCTGG TACNACGTGG  
CACATGTCTC TGGAACTTT CCCCTAGACT TAGAAGGAC GTGGATACTG GGGACGTTT CCACTGTGGT TCAGAACCAAC TTCACCGACC ATGTTGCACC

29 V T G P W K G D V N L P C T Y D P L Q G Y T Q V L V K W L V Q R G

301 CTCAGACCCCT CTCACCATCT TTCTACGTGA CTCTTCTGA GACCATATCC AGCAGGCATA GTACCAAGGC CGCCTGCATG TGAGCCACAA GGTTCACAGA  
GAGTCTGGA CAGTGTAGA AAGATGCACT GAGAAGACCT CTGTATAGG TCGTCCGTTT CATGTCCCG GCGGAGGTAC ACTCGGTCTT CCAAGGTCTT

62 S D P V T I F L R D S S G D H I Q Q A K Y Q G R L H V S H K V P G

401 GATGTATCCC TCCAATTGAG CACCCTGGAG ATGATGACC GGAGCCACTA CACGTGTGA GTACCTGGC AGACTCTGA TGCCAACCA GTCTCAGAG  
CTACATAGG AGGTTAACTC GTGGACCTC TACTACTCG CCTCGGTAT GTGCACACTT CAGTCGACCG TCTCAGGACT ACCGTTGGTT CAGCACCTC

95 D V S L Q L S T L E H D D R S H Y T C E V T W Q T P D G N Q V V R D

501 ATAGATTAC TGAGTCCCT GTCCAGAAAC TCTCTCTCTC CAAGCCACA GTGACAACTG GCAGCGTTA TGGCTTCAG GTCCCCCAGG GAATGAGAT  
TATTCTAATG ACTCCAGCA CAGGTCTTTG ACAGACAGAG GTTCGGGTGT CACTGTTGAC CGTCGCCAAT ACCGAGTCC CACGGGTCC CTTACTCTTA

129 K I T E L R V Q K L S V S K P T V T T G S G Y C F T V P Q G H R I

601 TAGCCTTCA TGCCAGGCTC GGGTTTCTCC TCCATCACT TATATTGGT ATATAGCACA GACTAATAAC CAGGAACCA TCMAAGTAGC AACCTAAGT  
ATCGAAGTT ACGGTCCGAG CCCCAGAGG ACGGTAGTCA ATATAACCA TATTGCTTGT CTGATTATG GTCTTGGGT AGTTTCATCG TTGGGATTCA

162 S L Q C Q A R G S P P I S Y I W Y K Q Q T N N Q E P I K V A T L S

FIGURA 6A

SEQ ID NO:7 701 ACCTTACTCT TCAAGCCTGC GGTGATAGCC GACTCAGGCT CCTATTTCTG CACTGCCAAG GGCAGGTTG GCTGTAGCA GCACAGGCAC ATTGTGAAGT  
 TGGATACAGA AGTTCCGACG CCACTATCCG CTGACTCCGA GGTATAGAC CTACCCGTTT CCGTCCAAC CGAGACTCGT CGTGTGCTG TAACACTTCA  
 SEQ ID NO:2 195 T L L F K P A V I A D S G S Y F C T A K G Q V G S E Q H S D I V K F  
 801 TTGTGCTCAA AGACTCCTCA AAGCTACTCA AGACCAAGAC TGAGGCACCT ACAACCATGA CATACCCCTT GAAAGCAACA TCTACAGTGA AGCAGTCCCTG  
 AACACCAGTT TCTGAGAGT TTGATGAGT TCTGTTCTG ACTCCGTGGA TGTTGTTACT GTATGGGAA CTTCGTTGT AGATGCACT TCGTCAGGAC  
 229 V V K D S S K L L K T K T E A P T T H T Y P L K A T S T V K Q S W  
 901 GGA CTGGACC ACTGACATGG ATGGCTACCT TGGAGAGACC AGTGTCTGGC CAGGAAGAG CTTGCTCTGC TTGCCATCA TCCTCATCAT CTCTTCTGTC  
 CCTGACCTGG TGACTGTACC TACCGATGGA ACCTCTCTGG TCACGACCCG GTCTTTCTC GGACGGACAG AACGGTAGT AGGAGTAGTA GAGGAACACG  
 262 D W T T D H D G Y L G E T S A G P G K S L P V F A I I L I I S L C  
 1001 TGATGCTGG TTTTACCAT GGCCTATATC ATGCTCTGTC GGAAGACATC CCACAAGAG CATGTCTAGG AAGCAGCCAG GTAAAGAAAGT CTCTCTCTTT  
 ACATACCACC AAAATGGTA CCGGATATAG TACGAGACAG CTTCTCTGAG GGTGTCTC GTACAGATGC TTCTGCTGTC CATTTCTTCA GAGAGGAGAA  
 295 C H V V F T H A Y I H L C R K T S Q Q E H V Y E A A R O  
 1101 CCATTTTGA CCCCCTCCCT GCCCTCAAT TTGATTACTG GCAGGAATG TCGAGGAAGG GGGTGTGTC ACAGACCCAA TCCTAAGGCC GGAGGCCCTC  
 GGTAAAACT GGGCAGGA CCGGAGTTAA AACTMATGAC GTCTCTTAC ACCTCTCTCC CCCCACACG TGTCTGGGT AGGATTCCGG CCTCCGGAAG  
 1201 AGGCTCAGGA CATAGCTGCC TTCCCTCTCT CAGGCACCTT CTGAGTTGT TTGCGCTC TGAACACAAA GGATATTTA GATCCATCTG CCTTCTGCTT  
 TCCAGTCTT GTATCGACCG AAGGAGAGA GTCCGTGGA GACTCCAACA AAACCGGAG ACTTGTGTTT CCTATTAAAT CTAGGTAGAC GGAAGACGAA  
 1301 CCAGAAATCC TGGGTGGTAG GATCTGATA ATTAAATGCC AAGNATTCAG GCAGNAGGT GGAAGACAG GACCACAGCC CCAAGTCCCT TCTTATGGGT  
 GTCTTAGGG ACCCACCATC CTAGACTAT TAATTAAACG TTCTTAACTC GTCTTTCCA CCTTTGTC CTGGTGTGG GGTTCAGGA AGAATACCCA  
 1401 GTTGGGCTCT TGGGCCATAG GGCACATGCC ACAGAGGCCA ACCACTCTGG AGAAGCATG AGGCTGCCA TCTTCGCAAG TGGCTGCTCC AGTGATGAGC  
 CCACCCGAGA ACCCGTATC CCGTGTACGG TCTCTCCGT TCTGAGACC TCTTTGTTAC TCCACCGGT AGAAGCGTTC ACCGACGAGG TCACTACTCG  
 1501 CAACTTCCA GAATCTGGC AACAACTACT CTGATGAGCC CTGCATAGGA CAGGACTACC AGATCATGCC CCAGATCAAT GGCAACTAGG CCGCCTGCT  
 GTTGAAGGT CTAGACCCG TTGTTGATGA GACTACTCGG GACGTATCCT GTCTCATGG TCTAGTAGCG GTCTAGTTA CCGTTGATCC GGGCGGACGA

FIGURA 6B



SEQ ID NO:7

1601 GGACACAGTT CCTCTGGATT ATGAGTTTCT GGCACCTGAG GGCAAAAGTG TCTGTTAATA ATGCCCCATT AGGCCAGGAT CTGCTGACAT AATTGCTTAG  
 CCTGTCTCAA GGAGACCTAA TACTCAAAGA CCGTGTACTC CCGTTTTCAC AGACAAATTT TACGGGGTAA TCCGGTCTTA GACGACTGTA TTAACGGATC  
  
 1701 TCAGTCCCTG CCTTCTGCAT GGCTTCTTC CCTGCTACCT CTGTTCTG ATAGCCCAA GTGTCCGCT ACCAACACTG GAGCCGCTGG GAGTCACTGG  
 AGTCAGGAAC GGAAGACCTA CCGGAACAAG GGACGATGGA GAGAAGGACC TATCGGTTT CACAGGGCGA TGGTTGTGAC CTGCGCGACC CTCAGTGACC  
  
 1801 CTTTGCCCTG GAATTTGCCA GATGCATCTC AACTAAGCCA GCTGCTGGAT TTGGCTCTGG GCCCTTCTAG TATCTCTGCC GGGGGCTTCT GGTACTCTCT  
 GAACGGGAC CTTAAAGGCT CTACGTAGAG TTCATTCCGT CGACGACCTA AACCGAGACC CGGGAGATC ATAGAGACGG CCCCCTGAAGA CCATGAGGAG  
  
 1901 TCTAAATAGC AGAGGGAGA TGCCCATAGC ACTAGGACTT GGTCAATCAT CCTACAGACA CTATTCAACT TTGCGATCTT GCCACCAGAA GACCCGAGGG  
 AGATTTATGG TCTCCCTTCT ACGGCTATCG TGATCTCTGA CCAGTAGTAC GGATCTCTGT GATAAGTTGA AACCTAGAA CCGTGGTCTT CTGCGCTCCC  
  
 2001 AGGCTCAGCT CTGCCAGCTC AGAGGACCAG CTATATCCAG GATCATTTCT CTTTCTTCAG GGCCAGACAG CTTTAAATG AAATGTTAT TTCACAGGCC  
 TCCGAGTCTGA GACGGTTCAG TCTCCTGGTC GATATAGGTC CTAGTAAAGA GAAAGAGTC CCGTCTCTC GAAATTAAC TTTAACAAATA AAGTGTCCGG  
  
 2101 AGGGTTCAGT TCTGCTCTCT CACTATAAGT CTAAATGTTCT GACTCTCTCC TGGTGCTCA TAAATATCTA ATCATTAACAG C  
 TCCCACTCA AGACGAGGAG GTGATATTCA GATTACMGA CTGAGAGAGG ACCACGAGTT ATTTATAGAT TAGTATTGTC G

FIGURA 6C

SEQ ID NO:8

CCCAGAAGTTCAAGGGCCCCCGGCCTCCTGCGCTCCTGCCGCCGGGACCCTCGACCTCCT  
CAGAGCAGCCGGCTGCCGCCCGGGAAGATGGCGAGGAGGAGCCGCCACCGCCTCCTCCT  
GCTGCTGCTGCGCTACCTGGTGGTCGCCCTGGGCTATCATAAGGCCTATGGGTTTTCTGC  
CCCAAAAGACCAACAAGTAGTCACAGCAGTAGAGTACCAAGAGGCTATTTTAGCCTGCAA  
AACCCCAAAGAAGACTGTTTCCTCCAGATTAGAGTGGAAGAACTGGGTCGGAGTGTCTC  
CTTTGTCTACTATCAACAGACTCTTCAAGGTGATTTTAAAAATCGAGCTGAGATGATAGA  
TTTCAATATCCGGATCAAAAATGTGACAAGAAGTGATGCGGGGAAATATCGTTGTGAAGT  
TAGTGCCCATCTGAGCAAGGCCAAAACCTGGAAGAGGATACAGTCACTCTGGAAGTATT  
AGTGGCTCCAGCAGTTCCATCATGTGAAGTACCCTCTTCTGCTCTGAGTGGAAGTGTGGT  
AGAGCTACGATGTCAAGACAAAGAAGGGAATCCAGCTCCTGAATACACATGGTTTAAGGA  
TGGCATCCGTTTGCTAGAAAATCCCAGACTTGGCTCCCAAAGCACCAACAGCTCATAAC  
AATGAATACAAAACCTGGAAGTCTGCAATTTAATACTGTTTCCAACTGGACACTGGAGA  
ATATTCCTGTGAAGCCCGCAATTCTGTTGGATATCGCAGGTGTCCTGGGAAACGAATGCA  
AGTAGATGATCTCAACATAAGTGGCATCATAGCAGCCGTAGTAGTTGTGGCCTTAGTGAT  
TTCCGTTTGTGGCCTTGGTGTATGCTATGCTCAGAGGAAAGGCTACTTTTCAAAGAAAC  
CTCCTTCCAGAAGAGTAATTCTTCATCTAAAGCCACGACAATGAGTGAAAATGTGCAGTG  
GCTCACGCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGAAGGCCGCGGGCGGCGGATCACGAGGTCAGGA  
GTTCTAGACCAGTCTGGCCAATATGGTGAAACCCCATCTCTACTAAAATACAAAATTAG  
CTGGGCATGGTGGCATGTGCCTGCAGTTCCAGCTGCTTGGGAGACAGGAGAATCACTTGA  
ACCCGGGAGGCGGAGGTTGCAGTGAGCTGAGATCACGCCACTGCAGTCCAGCCTGGGTAA  
CAGAGCAAGATTCCATCTCAAAAATAAAATAAATAAATAAATAAATACTGGTTTTTACC  
TGTAAGATTCTTACAATAAATATAGCTTGATATC

FIGURA 7

SEQ ID NO:9

MARRSRHRLLLLLLRYLVVALGYHKAYGFSAPKDQQVVTAVEYQEAILACKTPKKTVSSR  
LEWKKLGRSVSFVYYQQTQGDFFNRAEMIDFNIRIKNVTRSDAGKYRCEVSAPSEQGQN  
LEEDTVTLEVLVAPAVPSCEVPSSALSGTVVELRCQDKEGNPAPEYTWFKDGIRLLENPR  
LGSQSTNSSYTMNTKTGTLQFNTVSKLDTGEYSCEARNSVGYRRCPGKRMQVDDLNISGI  
IAAVVVVALVISVCGLVGYAQRKGYFSKETSFQKSNSSSKATTMSENVQWLTPVIPALW  
KAAAGGSRGQEF

FIGURA 11

SEQ ID NO:5

1 GCAGGCAAG TACCAGGCC GCCTGCATGT GAGCCACAG GTTCCAGGAG ATGTATCCCT CCAAATTGAGC ACCCTGGAGA TGGATGACCG GAGCCACTAC  
CGTCCGTTTC ATGGTCCCG CGAGCGTACA CTCGGTGTTC CAAAGTCCTC TACATAGGA GGTAACTCG TGGGACCTCT ~42257.f1 SEQ ID NO:18  
~42257.f1 SEQ ID NO:18

101 ACGTGTGAAG TCACCTGGCA GACTCCTGAT GGCACCAAG TCCTGAGAGA TAAGATTACT GAGCTCCGTC TCCAGAAACT CTCTGTCTCC AAGCCACACAG  
TGCACACTTC AGTGGACCGT CTCAGGACTA CCGTTGGTTC AGCACTCTCT ATTCTAATGA CTCGAGGCAC AGGTCTTTGA GAGACAGAGG TTCGGGTGTC

201 TGACAACTGG CAGCGGTTAT GGCTTCACGG TGCCCCAGGG AATGAGGATT AGCCTTCMAT GCCAGGTTTC GGGGTTCTCC TCCCATCAGT TATATTTGGT  
ACTGTTGACC CTCGCCAATA CCGAAGTGCC ACGGGTCCC TTACTCCTAA TCGMAGTTA CGGTCCCAAG CCCCAAGAGG AGGCTAGTCA ATATAAACCA

301 ATAAAGCAACA GACTAATTAAC CAGGGAAACC ATCAAAAGTAG CAACCTTAAG TACTTACTC TTCAGCCCTG CCGTCATAGC CGACTCAGGC TCCTATTCTTCT  
TATTGGTTGT CTGATTATAG GTCCCTTGGG TAGTTTCATC GTTGGGATTC ATCGAATGAG AACTTCGGAC GCCACTATCG GCTGAGTCCG AGGATAAAGA

401 GCACCTCCAA GGGCCAGGTT GGCTCTGAGC AGCACAGCGA CATTGTGTAAG TTGTGTGTTA AGACTCTCTC AAAGCTACTC AAGACCAGA CTCAGGCAAC  
CGTGACGGTT CCCGGTCCAA CCGAGACTCG TGCTCTCGCT GTAACTCTC ~42257.f1 SEQ ID NO:20  
~42257.f1 SEQ ID NO:20

501 TACAACCATG ACATACCCCT TGAAGCAAC ATCTACAGTG AAGCAGTCCT GGGACTGGAC CACTGACATG GATGGCTACC TTGGAGAGAC CAGTCTCTGG  
ATGTTGGTAC TGTATGGGA ACTTTCGTTG TAGATGTCAC TTCGTGAGGA CCTGCACCTG GTGACTGTAC CTACCGATGG AACCTCTCTG CTCACGACCC

601 CCAGGAAGA GCCTGCCCTGT CTTTGCCTATC ATCTCATCA TCTCCTTGTG CTGTATGGTG GTTTTACCA TGGCCTATAT CATGCTCTGT CGGAAGACAT  
GGTCTTTCT CGGACGGACA GAAACGGTAG TAGGAGTAGT AGAGGACAC GACATACCAC CAAAAATGGT ACCGATATA GTACGAGACA GCCTTCTGTA ~42257.f2 SEQ ID NO:19  
~42257.f2 SEQ ID NO:19

701 CCCAACAGA GCATGTCTAC GAAGCAGCCA GGGCATGCG CAGAGAGGCC AAGACTCTG CAGAAACCAT GAGGTGGCC ATCTTCGCA GTGGCTCTC  
GGTGTCTTCT GGTACAGATG CTTGGTGGT CCCGTGTACG GTCTCTCGG TTGCTGAGAC CTCTTTGGTA CTCACACCG TAGAAGGTT CACCGACGAG

FIGURA 9A

SEQ ID NO:5

801 CAGTCATGAG CCAACTTCCC AGAATCTGG GCACAACTA CTCTCATGAG CCTGCTATAG GACAGAGTA CCAGATCATC GCCCAGATCA ATGGCAACTA  
GTCACTACTC GGTTCAGGG TCTTAGACCC CTTTCTTGAT GAGACTACTC GGGACGTATC CTCTCTCAT GGTCTAGTAG CCGTCTAGT TACCCCTGAT

901 CGCCCGCCTG CTGGACACAG TTCTCTGGA TTATGAGTTT CTGGCACTG AGGGCAAAAG TGCTGTGTTA AATGCCCCA TTAGGCCAGG ATCTGCTGAC  
GGGGGGGAC GACCTGTGTC AAGCAGACCT AATACTCAAA GACCGGTGAC TCCCGTTTTC ACAGACAATT TTTACGGGGT AATCCGGTCC TAGACGACTG

1001 ATAATTGCCT AGTCAGTCCT TGCCTTCTGC ATGGCCTTCT TCCCTGCTAC CTCTCTTCCCT GGTAGCCCA AGTGTCGGC CTACCAACAC TGGAGCCGCT  
TATTMACCGA TCAGTCAGGA ACGGAAGACG TACCGGAGA AGGACCGATG GAGAGAGGA CCTATCGGCT TTACACAGCG CATGCTTCTG ACCTCGGCGA

1101 GGGAGTCACT GGCCTTGCCC TGGAAATTGC CAGTGCATC TCAGTAAAGC CAGCTGCTGG ATTTGGTCT GGGCCCTTCT AGTATCTCTG CCGGGGGCTT  
CCCTCAGTGA CCGAAACGGG ACCTTAAACG GTCTACGTAG AGTTCATTGG GTCCAGGACC TAAACCGA CCGGGAGA TCATAGAGAC GGGCCCCGAA  
^42257.12 SEQ ID NO:21

1201 CTGGTACTCC TCTCTAAATA CCAGAGGGAA GATGCCCATG GCCTAGGAC TTGGTCATCA TGCCCTACAGA CACTATTCAA CTTTGGCATC TTGCCACCAG  
GACCATGAGG AGAGATTTAT GGTCTCCCTT CTACGGGTAT CGTGATCCTG AACCATGAT ACCGATGCT GTGATAGTT GAACCGTAG AACGGTGGTC

1301 AAGACCCGAG GGGAGGCTCA GCTCTGCCAG CTCAGAGGAC CAGCTATATC CAGGATCATT TCTCTTCTT CAGGGCCAGA CAGCTTTTAA TTGAAATTCT  
TTCTGGGCTC CCTCCGAGT CGAGACGGTC GAGTCTCTG GTCCATATAG GTCCATAGTA AGAGAAAGA GTCCCGGTCT GTCCAAATTT AACTTTAACA

1401 TATTTACAG GCCAGGGTTC AGTTCTGCTC CTCCTACTATA AGTCTAATGT TCTGCTCTC TCCTGGTCT CAAATAATAT CTATCATATA CAGCAAAAAA  
ATAAAGTGT CCGTCCCAAG TCAAGACGAG CAGGTGATAT TCAGATTACA AGACTGAGAG AGGACCACGA GTTATTTATA GATTAGTATT GTCGTTTTTT

1501 AAA  
TTT

FIGURA 9B

A33_HUMAN	A33 ANTIGEN PRECURSOR · HOMO SAPIENS	FRAME +1	SCORE 246	MATCH 81	PCT 30
	A33_HUMAN - A33 ANTIGEN PRECURSOR - HOMO SAPIENS (319 aa)				
	SCORE = 246 (86.6 BITS), EXPECT = 2.8e-19, P = 2.8e-19				
	IDENTITIES = 81/268 (30%), POSITIVES = 131/268 (48%), AT 121, 17, FRAME = +1				
DNA40628	121 LALGSIVTVHSSEPEVRIPENNPVKLS CAYSGFSSPR - - - VEW - KFDQD TTRLVC - - YNN				
SEQ ID NO:23	. . . . . * . . . . . * . . . . . * . . . . . * . . . . . * . . . . . *				
A33_human	17 VTVD A I S V E T P Q D V L R A S Q G K S V T L P C T Y H T S T S S R E G L I Q W D K L L L T H T E R V V I W P F S N				
SEQ ID NO:24					
DNA40628	283 K - - I T A S - Y E D R V T F L - - - - - P T G I T F K S V T R E D T G T Y T C W V S - - - E E G G N S Y G E V K V K				
A33_human	77 K N Y I H G E L Y K N R V S I S N N A E Q D A S I T I D Q L T M A D N G T Y E C S V S L M S D L E G N T - - K S R V R				
DNA40628	427 L I V L V P P S K P T W N I P S S A T I G N R A V L T C S E Q D G S P P S E Y T W F X D G I V M P T N P K S T R A F S N				
A33_human	135 L L V L V P P S K P E C G I E G E T I I G N N I Q L T C S K E G S P T P Q Y S W K R Y N I L N Q E P - - - - -				
DNA40628	607 S S Y V L N P T T G E L V - F D P L S A S D T G E Y S C E A R N G Y G T P M T S N A V R M E A V E R N V G V - - - I V A				
A33_human	187 - - - L A Q P A S G Q P V S L K N I S T D T S G Y I C T S S N E E G T Q F C N I T V A V R S P S M N V A L Y V G I A V				
DNA40628	775 A V L V T L I L L G I L V F G I N F A Y S R G H F D R T - - K K G T S S K K V I Y S Q P				
A33_human	244 G W A A L I I I G I I I Y - - - C C C C R G K D D N T E D K E D A R P N R E A Y E E P				

FIGURA 10A

SCORE = 245 (86.2 BITS), EXPECT = 3.6e-19  
IDENTITIES = 83/273 (30%), POSITIVES = 131/273 (47%), AT 112,12, FRAME = +1

```

DNA40628 112 LC SL--ALGSVTVHSSEPEVRIPENNPVKLSAYSGFSSPR---VEW-KFDQGD TTRLVC
SEQ ID NO:25
A33 human 12 LCAVRVTVD AISVETPQDVL RASQKSVTL PCTYHTSTSSRREGLIQWDKLL LTHTERVVI
SEQ ID NO:26

DNA40628 274 --YNNK--ITAS-YEDRV TFL-----PTGITFKSVTREDTGTYTCMVSEEGNSYGEVK
A33_human 72 WPF SNKVIYIHGELYK NRVSI SNNAEQSDASITIDQLTMADNGTYECSVSLMS-DLEGNTK

DNA40628 421 --VKLIVLP PPKPTVNI P SSATIGNRAVLTCSEQDGSP PSEYTWFKDGI VMPTNP KSTR
A33_human 131 SRVRL LVLP PPKPEGIEGETIIGNNIQLTCQSKEGSP TPQYSWKRYN ILNQEQP-----

DNA40628 595 AFSNSSYVLNPTTGELV-FDPLSADTGEYSCEARNGYGTPMTSNAV RMEAVERNVGV--
A33_human 187 -----LAQPASGQPVSLKNISTDTSGYYICTSSNEEGTQFCNITVAVRSPSMNVALYV

DNA40628 766 -IVA AVLVT LILLGILVFGIWFAYSRGHFDRT--KKGTS SKKVIYSQP
A33_human 240 GIAVG VVAALIIIGIIYY---CCCCRGKDDNTEDKEDARPNREAYEEP

```

FIGURA 10B

SEQ ID NO: 6	A33_hum	1 . . . . .	MV	GK	MP	VL	WT	LC	AV	RV	TV	DA	IS	VE	TP	QD	VL	RA	SG	KS	VT	IL		
SEQ ID NO: 1	40628	1	MG	TK	AO	VE	RK	LL	CL	FI	LA	IL	LC	SS	..	LA	LG	SV	TV	HS	SE	PE	VR	
	A33_hum	42	PC	TY	HT	ST	SS	RE	GL	IQ	WD	KL	LL	TH	TE	RV	VI	WP	FS	NK	NY	IM	GE	LY
	40628	49	SC	AY	SG	FS	SP	RR	..	VE	W	KK	FD	QD	TT	RL	VC	..	YN	NK	..	IT	AS	YED
	A33_hum	92	SN	AE	QD	AS	IT	IO	LT	MA	DN	GT	YE	CS	VS	LS	MS	DL	EG	NT	KS	RV	RL	VL
	40628	90	..	..	..	..	LP	TG	IT	FK	SV	TR	ED	TG	TY	TC	HV	SE	EG	..	NS	YG	EV	KL
	A33_hum	142	SK	PE	CG	IE	GE	TI	IGN	HI	QL	TC	QS	KE	GS	PT	PQ	YS	WK	RY	NI	LN	OE	QP
	40628	133	SK	PT	VN	IP	SS	AT	IGN	RA	VL	TC	SE	QD	GS	PP	SE	YT	WF	KD	GI	VM	PT	NPK
	A33_hum	187	..	..	..	..	LA	QP	AS	GQ	PV	SL	KN	IS	TD	TS	GY	VI	CT	SS	NE	EG	TQ	FC
	40628	183	FS	NS	SY	VL	NP	TT	GE	..	LV	FD	PL	SA	SD	TG	EV	SC	EA	RN	GY	GT	PM	TS
	A33_hum	231	PS	MV	AL	YV	GI	AV	GV	VV	AA	LI	IG	II	YCC	..	CC	RG	KD	NT	ED	KE	DA	RP
	40628	232	VE	RN	VG	..	..	IV	AA	VL	VT	LI	LG	IL	VFG	IV	FA	YS	RG	HF	DR	TK	KG	TS
	A33_hum	280	AY	EE	PP	PE	QL	RE	LS	RE	EE	DD	YR	QE	ER	ST	GR	ES	PD	HL	DD			
	40628	279	IS	OP	PS	AR	SE	GE	FK	QT	SS	FL	V											

FIGURA 12

SEQ ID NO: 6	A33_hum	1	M	V	G	K	M	P	V	L	W	T	L	C	A	V	R	V	T	V	D	A	I	S	V	E	T	P	O	D	V	L	R	A	S	O	G	K	S	V	T	L	P	C	T	Y	H	T	S	T	S	
SEQ ID NO: 2	45416	1	.	M	G	I	L	L	G	L	L	L	G	H	L	T	V	T	Y	G	R	P	I	L	E	V	P	E	S	V	T	G	P	W	K	G	.	D	V	N	L	P	C	T	Y	O	P	L	O	G		
A33_hum	45416	51	S	R	E	G	L	I	Q	W	D	X	L	L	L	T	H	T	E	R	V	V	I	W	.	P	F	S	N	K	N	Y	I	H	G	E	L	Y	K	N	R	V	S	I	S	N	A	E	Q	S	D	
		49	Y	T	Q	V	L	V	X	W	.	.	L	V	Q	R	G	S	D	P	V	T	I	F	L	R	D	S	S	G	D	H	I	Q	O	A	K	Y	Q	G	R	L	H	V	S	H	K	V	.	P	G	D
A33_hum	45416	100	A	S	I	T	I	D	L	T	M	A	D	N	G	T	Y	E	C	S	V	S	.	L	M	S	D	L	E	G	N	T	K	S	R	V	.	.	.	.	.	R	L	L	V	L	V	P	P	S		
		96	V	S	L	Q	L	S	T	L	E	W	O	O	R	S	H	Y	T	C	E	V	T	W	Q	T	P	O	G	N	Q	V	V	R	D	K	I	T	E	L	R	V	O	X	L	S	V	S	K	P	T	V
A33_hum	45416	143	K	P	E	G	I	E	G	E	T	I	I	G	N	I	Q	L	T	C	Q	S	K	E	G	S	P	T	P	O	Y	S	W	K	R	Y	N	I	L	N	O	E	Q	P	L	A	O	P	A	S		
		146	T	T	G	S	G	Y	G	F	T	V	P	O	G	M	R	I	S	L	O	C	O	A	R	.	G	S	P	I	S	I	W	.	.	Y	K	Q	T	N	M	O	E	P	I	K	V	A	T			
A33_hum	45416	193	G	O	P	V	S	L	K	N	I	S	T	D	T	S	G	Y	I	C	T	S	S	N	E	E	G	T	.	O	F	C	N	I	.	T	V	A	V	R	S	P	S	M	N	V	A	L	Y	V	G	
		193	L	S	T	L	L	F	K	P	A	V	I	A	O	S	G	S	Y	F	C	T	A	K	G	Q	V	G	S	E	O	H	S	D	I	V	K	F	V	V	K	D	S	S	K	L	L	K	T	K	T	E
A33_hum	45416	241	I	A	V	G	V	V	A	A	L	I	I	G	I	I	Y	C	C	C	R	G	K	D	O	N	T	E	O	K	E	D	A	R	P	N	R	E	A	Y	E	E	P	P	E	Q	L	R	E			
		243	A	P	T	T	M	T	Y	P	L	K	A	T	S	T	V	K	O	S	W	O	T	T	D	M	D	G	Y	L	G	E	T	S	A	G	P	G	X	S	L	P	V	F	A	I	L	I	S			
A33_hum	45416	291	L	S	R	E	R	E	E	E	O	O	Y	R	Q	E	E	O	R	S	T	G	R	E	S	P	D	H	L	D	Q																					
		293	L	C	M	V	V	F	T	M	A	Y	I	M	L	C	R	K	T	S	O	O	E	H	V	Y	E	A	A	R																						

FIGURA 13



SEQ ID NO: 6 A33\_hum  
 SEQ ID NO: 9 35638

1 . . . M V G K M W P V L W T L C A V R V T V D . . . . . A I S V E T P Q D V L R A S Q G K S V T L P C  
 1 M A R R S R R H R L L L L L R Y L V V A L G Y H K A Y G F S A P K D Q Q V V T A V E Y Q E A I L A C

A33\_hum  
 35638

44 T Y H T S T S S R E G L I Q W D K L L L T H T E R V V I W P F S N K N Y I H G E L Y K N R V S I S N  
 51 . . . K T P K K T V S S R L E W K K L . . . . . G R S V S F V Y Y Q Q T . L Q G D . F K N R . . . . .

A33\_hum  
 35638

94 N A E Q S D A S I T I D O L T M A D N G T Y E C S V S L W S O L E G N . T K S R V R L L V L V P P S  
 87 . A E N I D F N I R I K N V T R S D A G K Y A C E V S A P S E Q G O N L E E D T V T L E V L V A P A

A33\_hum  
 35638

143 K P E C G I E G E T I I G M N I Q L T C O S K E G S P T P O Y S W K R Y N I L N Q E Q P L A Q P A S  
 136 V P S C E V P S S A L S G T V V E L R C O D K E G N P A P E Y T T W F K D G I R L L E N P R L G S Q S

A33\_hum  
 35638

193 G O P V S L K N I S T O T S G Y Y I C T S S N E E G T O F C N I T V A V . . . . . R S P S M N V A L Y V  
 186 T N S S Y T M N T K T G T L O F N T . V S K L D T G E Y S C E A R N S V G Y R A C P G K R M Q V D D

A33\_hum  
 35638

240 G I A V G V V A A L I I G I I I Y C C . . . . . C R G K D D N T E D K E D A R P N R E A Y E E P P E  
 235 L N I S G I I A A V V V V A L V I S V C G L G V C Y A Q R K G Y F S K E T S F Q K S N S S S K A T T

A33\_hum  
 35638

287 Q L R E L S R . E R E E E D D Y R Q E E Q R S T G R E S P D H L D Q  
 285 M S E N V Q W L T P V I P A L W K A A A G G S R G Q E F

FIGURA 14

SEQ ID NO: 10 jam 1 MGT E G K A G R K L L F L F T . S M I L G S L V O G K G S V Y T A Q S D V Q V P E N E S I K L T C  
SEQ ID NO: 1 40628 1 MGT K A Q V E R K L L C L F I L A I L L C S L A L G S V T V H S S E P E V R I P E N N P V K L S C

jam 50 T Y S G F S S P R V E W K F V O G S T T A L V C Y N S O I T A P Y A D R V T F S S S G I T F S S V T  
40628 51 A Y S G F S S P R V E W K F O G G T T R L V C Y N K I T A S Y E O R V T F L P T G I T F K S V T

jam 100 R K D N G E Y T C M V S E E G G Q N Y G E V S I H L T V L V P P S K P T I S V P S S V T I G N R A V  
40628 101 R E O T G T Y T C M V S E E G G N S Y G E V K V K L I V L V P P S K P T V N I P S S A T I G N R A V

jam 150 L T C S E H D G S P P S E Y S W F K D G I S M L T A D A K K T R A F M N S S F T I D P K S G D L I F  
40628 151 L T C S E Q D G S P P S E Y T W F K D G I . V M P T N P K S T R A F S M S S Y V L N P T T T G E L V F

jam 200 D P V T A F O S G E Y Y C A Q N G Y G T A M R S E A A H M D A V E L N V G G I V A A V L V T L I L  
40628 200 D P L S A S O T G E Y S C E A R N G Y G T P M T S N A V R M E A V E R M V G V I V A A V L V T L I L

jam 250 L G L L I F G V W F A Y S R G Y F E T T K K G T A P G K K V I Y S O P S T R S E G E F K Q T S S F L  
40628 250 L G I L V F G I W F A Y S R G H F D R T K K G T . S S K K V I Y S O P S A R S E G E F K Q T S S F L

jam 300 V  
40628 299 V

FIGURA 15

SEQ ID NO: 10 jam 1 M G T E G K A G R K L L F L F T S M I L G S L V O G K G S V Y T A Q S D V Q V P E N E S I X L T  
 SEQ ID NO: 2 45416 1 . . . . . M G I L L G L L L G H L T V D T Y G R P I L E V P E S V T G P W K G D V N L P

jam 49 C T Y S . . . G F S S P R V E M K F V Q G S T T A L V . . . C Y N S Q I I T A P Y A D R V T F S .  
 45416 C T Y D P L Q G Y T Q V L V K M L V O R G S D P V T I F L R D S S G D M I I Q Q A K Y Q G R L H V S M

jam 90 . . . . . S S G I T F S S V T R K D N G E Y T C M V . . . S E E G G O N Y G E V S I H L T V L V P P  
 45416 91 K V P G D V S L Q L S T L E M D D R S H Y T C E V T W Q T P O G M Q V V R D K I T E L R V Q K L S V

jam 132 S K P T I S V P S . . . S V T I G M R A V L T C S E H D G S P P S E Y S W F K O G I S M L T A D A  
 45416 141 S K P T V T T G S G Y G F T V P O G M R I S L Q C Q A R G S P P I S Y I W Y K Q Q T N . . N Q E P

jam 178 K K T R A F M H S S F T I D P K S G D L I F D P V T A F D S G E Y Y C O A O N G Y G T A M R S E A A  
 45416 188 I K V A T L . . . . . S T L L F K P A V I A D S G S Y F C T A K G Q V G S E Q H S O I V

jam 228 H . . . M D A V E L N V G G I V A A V L V T L I L L G L L I F G . . . V W F A Y S R G Y F E T T K K  
 45416 227 K F V V K D S S K L L K T K T E A P T T M T Y P L K A T S T V K O S W D W T T D M D G Y L G E T S A

jam 272 G T A P G K K V I Y S Q P S T R S E G E F K O T S S F L V  
 45416 277 G P G K S L P V F A I I L I S L C C M V V F T M A Y I M L C R K T S Q Q E H V Y E A A R

FIGURA 16

SEQ ID NO: 10 jam 1 M G T E G K A G R K L L F L F T S M I L G S L V O G K G S V Y T A Q S D V Q V . . . P E N E S I K L  
 35638 1 . . . M A R R S R H R L L L L R Y L V V A L G Y H K A Y G F S A P X Q Q V V T A V E Y Q E A I L

jam 48 T C . T Y S G F S P R V E W K F V Q G S T T A L V C Y H S Q I T A P Y A D R V T F S S S G I T F S  
 35638 49 A C K T P X K T V S S R L E W K K L . G R S V S F V Y Y Q Q T L O G D F K N R A E M I D F N I R I K

jam 97 S V T R K D N G E Y T C M V S . . E E G G Q N Y G E V S I H L T V L V P P S K P T I S V P S S V T I  
 35638 98 N V T R S D A G K Y R C E V S A P S E O G Q N L E E D T V T L E V L V A P A V P S C E V P S S A L S

jam 145 G N R A V L T C S E H D G S P P S E Y S W F K D G I S M L T A D A K X T R A F M N S S F T I O P K S  
 35638 148 G T V V E L R C Q D K E G N P A P E Y T W F X O G I R L L . E N P R L G S Q S T N S S Y T W N T K T

jam 195 G O L I F D P V T A F D S G E Y Y C Q A Q N G Y G T A M R S E A A H W D A V E L N V G G I V A A V L  
 35638 197 G T L Q F N T V S K L O T G E Y S C E A R N S V G . Y R R C P G K R W Q V D D L N I S G I I A A V V

jam 245 V T L I L L G L L I F G V W F A Y S R G Y F E T T K X G T A P G K K V I Y S Q P S T R S E G E F K O  
 35638 246 V V A L V I S V C G L G V C Y A Q R X G Y F . . . S K E T S F O K S N S S S K A T T M S E N Y Q W L

jam 295 T S S F L V  
 35638 293 T P V I P A L W K A A A G G S R G Q E F

FIGURA 17

SEQ ID NO: 6	A33_hum	1	.....MVGKMWPVLWT.LCAVRVTVDALSVETPQDVLRASOGKSVTL	PCT
SEQ ID NO: 10	jam	1	MGTEGKAGARKLLFLFTSMILGSLVOGKGSVYTAAQSDOVQVPENESI	KL TCT
A33_hum		45	YHTSTSREGLIQWOKLLLTHTERVVWPFSSNKNYIHGEL	YKNRVSISNN
jam		51	YSGFSSPR...VEM.KFVOGSTTALVC...YNSQ...ITAP.YADRVTFSS.	
A33_hum		95	AEQSDASTIDQLTMAONGTYECSSVLSMSDLEGNTKSRVRL	LVLPSPSKP
jam		91	.....SGITFSSVTRKONGEYTCMVSEEGG.ONHYGEVSIHL	TVLPSPSKP
A33_hum		145	ECGIEGETIIGNHIQLTCOSKEGSPTPQYSWKRYMILNQEOLAPASGO	
jam		135	TISVPSSVTIGNRAVLTCSEHDGSPSEYSWFKDGI	SMLTADAKKTRAFM
A33_hum		195	PVSLKNISTDTSGYICTSSNEEGTQFCN....ITVAVRSPSMN...VAL	
jam		185	NSSFTIDPKSGOLIFDPVTAFDSEYCYCAQONGYGTAMRS	EAAHMDA VEL
A33_hum		238	YV.GIAVGVVAALLIIGI I IYC...CCCRGKQDONT	EOKEDARPNREAYEE
jam		235	NVGGIVAAVLVTLILGLLIFGVWFAYSRGYFE.TTKKGTAPGKKVI	YISO
A33_hum		284	PEOLRELSREREEDDYRQEEQQRSTGRESPOHLDO	
jam		284	PSRSEGEFKQTSSFLV	

FIGURA 18

FIGURA 19

<u>TEJIDO</u>	<u>EXPRESIÓN</u>	<u>TEJIDO</u>	<u>EXPRESIÓN</u>	<u>TEJIDO</u>	<u>EXPRESIÓN</u>
CEREBRO COMPLETO	+	CORAZÓN	++	RIÑÓN	+++
AMÍGDALA	+	AORTA	+	HÍGADO	++
NÚCLEO CAUDATO	+	MÚSCULO	+	INTESTINO DELGADO	++
CEREBELO	-	ESQUELÉTICO		BAZO	++
CORTEZA CEREBRAL	+	COLON	+++	TIMO	++
LÓBULO FRONTAL	+	VEJIGA	++		
HIPOCAMPO	+	ÚTERO	+	LEUCOCITO PERIFÉRICO	+
		PRÓSTATA	+++	NÓDULO LINFÁTICO	+
BULBO RAQUÍDEO	+	ESTÓMAGO	+++	MÉDULA ÓSEA	+
LÓBULO OCCIPITAL	+	TESTÍCULOS	++		
PUTAMEN	+	OVARIO	+++	APÉNDICE	+
SUSTANCIA NEGRA	+	PÁNCREAS	++	PULMÓN	++++
LÓBULO TEMPORAL	+	GLÁNDULA PITUITARIA	++	TRÁQUEA	++++
TÁLAMO	+	GLÁNDULA ADRENAL	++	PLACENTA	++++
NÚCLEO ACCUMBENS	+	GLÁNDULA TIROIDES	++		
MÉDULA ESPINAL	-	GLÁNDULA SALIVAR	+++	CEREBRO FETAL	+
		GLÁNDULA MAMARIA	++	CORAZÓN FETAL	+
				RIÑÓN FETAL	++
				HÍGADO FETAL	+++
				BAZO FETAL	+
				PULMÓN FETAL	++++

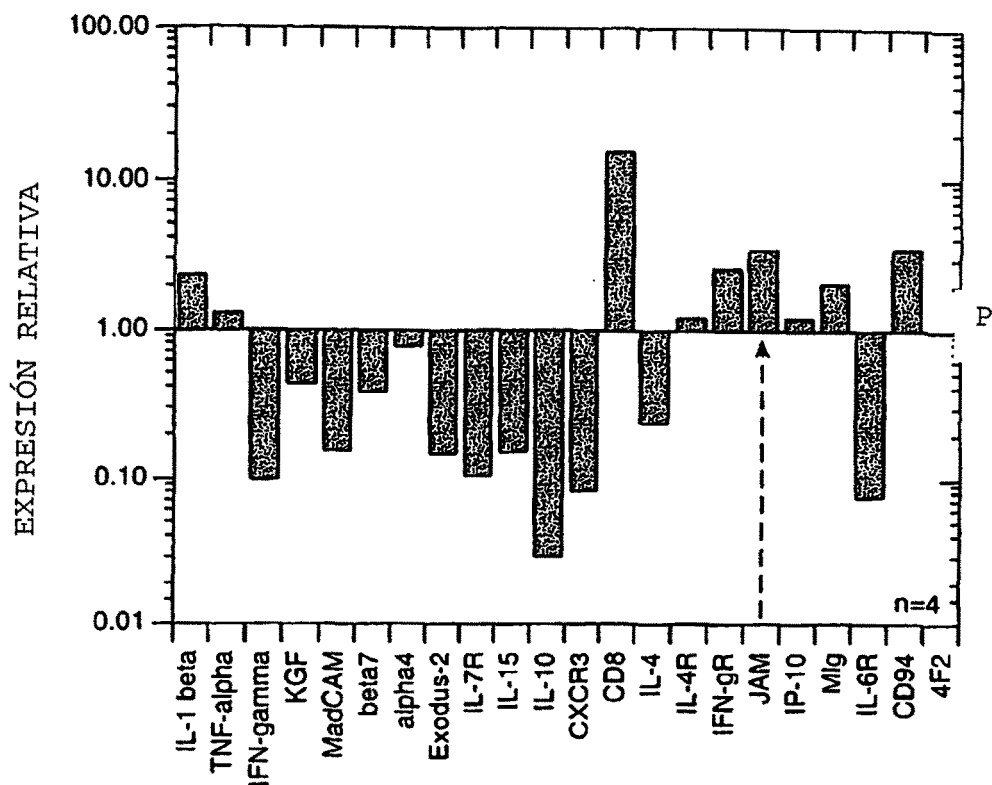


FIGURA 20

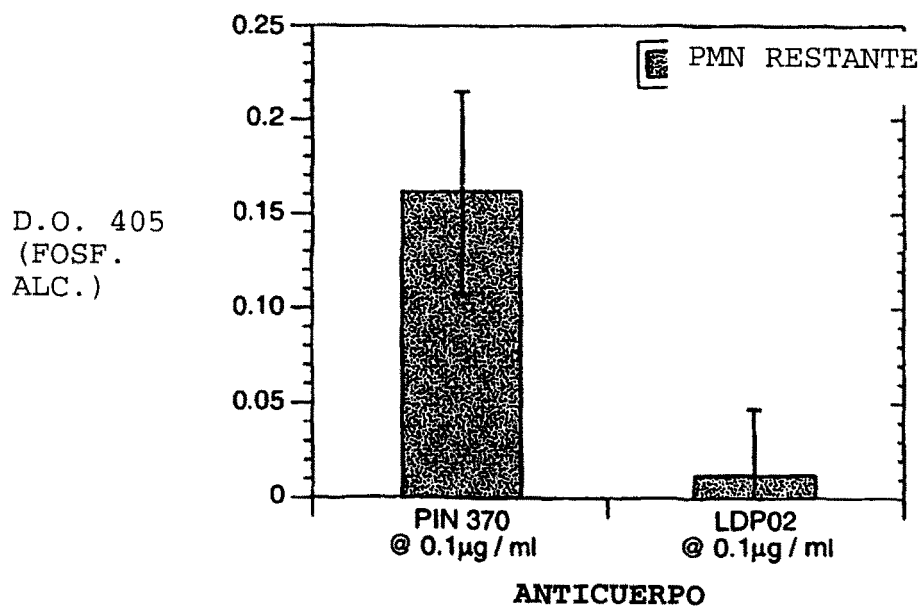


FIGURA 20

# ES 2 305 608 T3

## LISTA DE SECUENCIAS

<110> Genentech, Inc.  
 Ashkenazi, Avi J.  
 5 Fong, Sherman  
 Goddard, Audrey  
 Gurney, Austin L.  
 Napier, Mary A.  
 Tumas, Daniel  
 10 Word, William I.

<120> COMPUESTOS, COMPOSICIONES Y PROCEDIMIENTOS PARA EL TRATAMIENTO DE ENFERME-  
 DADES CARACTERIZADAS POR ANTÍGENOS DE TIPO A33.

15 <130> P1216R1PCT

<141> 1998-11-20

20 <150> US 60/066.364  
 <151> 1997-11-21

25 <150> US 60/078.936  
 <151> 1998-03-20

<150> PCT/US98/19437

30 <151> 1998-09-17

<160> 30

35 <210> 1  
 <211> 299  
 <212> PRT  
 <213> *Homo sapiens*

40 <400> 1

45	Met	Gly	Thr	Lys	Ala	Gln	Val	Glu	Arg	Lys	Leu	Leu	Cys	Leu	Phe
	1				5					10					15
	Ile	Leu	Ala	Ile	Leu	Leu	Cys	Ser	Leu	Ala	Leu	Gly	Ser	Val	Thr
					20					25					30
	Val	His	Ser	Ser	Glu	Pro	Glu	Val	Arg	Ile	Pro	Glu	Asn	Asn	Pro
50					35					40					45
	Val	Lys	Leu	Ser	Cys	Ala	Tyr	Ser	Gly	Phe	Ser	Ser	Pro	Arg	Val
					50					55					60
	Glu	Trp	Lys	Phe	Asp	Gln	Gly	Asp	Thr	Thr	Arg	Leu	Val	Cys	Tyr
55					65					70					75
	Asn	Asn	Lys	Ile	Thr	Ala	Ser	Tyr	Glu	Asp	Arg	Val	Thr	Phe	Leu
					80					85					90
60	Pro	Thr	Gly	Ile	Thr	Phe	Lys	Ser	Val	Thr	Arg	Glu	Asp	Thr	Gly
					95					100					105
	Thr	Tyr	Thr	Cys	Met	Val	Ser	Glu	Glu	Gly	Gly	Asn	Ser	Tyr	Gly
					110					115					120
65	Glu	Val	Lys	Val	Lys	Leu	Ile	Val	Leu	Val	Pro	Pro	Ser	Lys	Pro
					125					130					135



# ES 2 305 608 T3

	Thr Val Asn Ile	Pro Ser Ser Ala Thr	Ile Gly Asn Arg Ala Val
		140	145 150
5	Leu Thr Cys Ser	Glu Gln Asp Gly Ser	Pro Pro Ser Glu Tyr Thr
		155	160 165
	Trp Phe Lys Asp	Gly Ile Val Met Pro	Thr Asn Pro Lys Ser Thr
		170	175 180
10	Arg Ala Phe Ser	Asn Ser Ser Tyr Val	Leu Asn Pro Thr Thr Gly
		185	190 195
	Glu Leu Val Phe	Asp Pro Leu Ser Ala	Ser Asp Thr Gly Glu Tyr
15		200	205 210
	Ser Cys Glu Ala	Arg Asn Gly Tyr Gly	Thr Pro Met Thr Ser Asn
		215	220 225
20	Ala Val Arg Met	Glu Ala Val Glu Arg	Asn Val Gly Val Ile Val
		230	235 240
	Ala Ala Val Leu	Val Thr Leu Ile Leu	Leu Gly Ile Leu Val Phe
		245	250 255
25	Gly Ile Trp Phe	Ala Tyr Ser Arg Gly	His Phe Asp Arg Thr Lys
		260	265 270
	Lys Gly Thr Ser	Ser Lys Lys Val Ile	Tyr Ser Gln Pro Ser Ala
30		275	280 285
	Arg Ser Glu Gly	Glu Phe Lys Gln Thr	Ser Ser Phe Leu Val
		290	295 299
35	<210> 2		
	<211> 321		
	<212> PRT		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
40	<400> 2		
	Met Gly Ile Leu Leu Gly Leu Leu Leu Leu Gly His Leu Thr Val		
45	1	5	10 15
	Asp Thr Tyr Gly Arg Pro Ile Leu Glu Val Pro Glu Ser Val Thr		
		20	25 30
50	Gly Pro Trp Lys Gly Asp Val Asn Leu Pro Cys Thr Tyr Asp Pro		
		35	40 45
	Leu Gln Gly Tyr Thr Gln Val Leu Val Lys Trp Leu Val Gln Arg		
55		50	55 60
	Gly Ser Asp Pro Val Thr Ile Phe Leu Arg Asp Ser Ser Gly Asp		
		65	70 75
60	His Ile Gln Gln Ala Lys Tyr Gln Gly Arg Leu His Val Ser His		
		80	85 90
	Lys Val Pro Gly Asp Val Ser Leu Gln Leu Ser Thr Leu Glu Met		
65		95	100 105

# ES 2 305 608 T3

	Asp	Asp	Arg	Ser	His	Tyr	Thr	Cys	Glu	Val	Thr	Trp	Gln	Thr	Pro
					110					115					120
5	Asp	Gly	Asn	Gln	Val	Val	Arg	Asp	Lys	Ile	Thr	Glu	Leu	Arg	Val
					125					130					135
10	Gln	Lys	Leu	Ser	Val	Ser	Lys	Pro	Thr	Val	Thr	Thr	Gly	Ser	Gly
					140					145					150
15	Tyr	Gly	Phe	Thr	Val	Pro	Gln	Gly	Met	Arg	Ile	Ser	Leu	Gln	Cys
					155					160					165
20	Gln	Ala	Arg	Gly	Ser	Pro	Pro	Ile	Ser	Tyr	Ile	Trp	Tyr	Lys	Gln
					170					175					180
25	Gln	Thr	Asn	Asn	Gln	Glu	Pro	Ile	Lys	Val	Ala	Thr	Leu	Ser	Thr
					185					190					195
30	Leu	Leu	Phe	Lys	Pro	Ala	Val	Ile	Ala	Asp	Ser	Gly	Ser	Tyr	Phe
					200					205					210
35	Cys	Thr	Ala	Lys	Gly	Gln	Val	Gly	Ser	Glu	Gln	His	Ser	Asp	Ile
					215					220					225
40	Val	Lys	Phe	Val	Val	Lys	Asp	Ser	Ser	Lys	Leu	Leu	Lys	Thr	Lys
					230					235					240
45	Thr	Glu	Ala	Pro	Thr	Thr	Met	Thr	Tyr	Pro	Leu	Lys	Ala	Thr	Ser
					245					250					255
50	Thr	Val	Lys	Gln	Ser	Trp	Asp	Trp	Thr	Thr	Asp	Met	Asp	Gly	Tyr
					260					265					270
55	Leu	Gly	Glu	Thr	Ser	Ala	Gly	Pro	Gly	Lys	Ser	Leu	Pro	Val	Phe
					275					280					285
60	Ala	Ile	Ile	Leu	Ile	Ile	Ser	Leu	Cys	Cys	Met	Val	Val	Phe	Thr
					290					295					300
65	Met	Ala	Tyr	Ile	Met	Leu	Cys	Arg	Lys	Thr	Ser	Gln	Gln	Glu	His
					305					310					315
	Val	Tyr	Glu	Ala	Ala	Arg									
					320	321									

55 <210> 3  
 <211> 390  
 <212> ADN  
 <213> artificial  
 60  
 <220>  
 <221> secuencia artificial  
 <222> 1-390  
 65 <223> secuencia artificial

## ES 2 305 608 T3

<400> 3

5            **cttcttgcca actggtatca ctttcaagtc cgtgacacgg gaagacactg 50**  
             **ggacatacac ttgtatggtc tctgaggaag gcggcaacag ctatggggag 100**  
10           **gtcaagggtca agctcatcgt gcttgtgcct ccatccaagc ctacagttaa 150**  
  
             **catccccctcc tctgccacca ttgggaaccg ggcagtgctg acatgctcag 200**  
15           **aacaagatgg ttccccacct tctgaatata cctgggttcaa agatgggata 250**  
             **gtgatgccta cgaatcccaa aagcaccctg gccttcagca actcttccta 300**  
20           **tgtcctgaat cccacaacag gagagctggt ctttgatccc ctgtcagcct 350**  
             **ctgatactgg agaatacagc tgtgaggcac ggaatgggta 390**  
25

<210> 4

<211> 726

30 <212> ADN

<213> artificial

<220>

35 <221> secuencia artificial

<222> 1-726

<223> secuencia artificial

40

45

50

55

60

65

# ES 2 305 608 T3

<400> 4

5            **tctcagtcctc ctcgctgtag tcgcggagct gtgttctgtt tcccaggagt 50**  
              **ccttcggcgg ctgttggtgt caggtgcgcc tgatcgcgat ggggacaaag 100**  
 10           **gcgcaagctc gagaggaaac tggtgtgcct cttcatattg gcgacccctgt 150**  
              **tgtgctccct ggcattgggc agtggttacag ttgcactctt ctgaacctga 200**  
 15           **agtcagaatt cctgagaata atcctgtgaa gttgtcctgt gcctactcgg 250**  
              **gcttttcttc tccccgtgtg gagtggaagt ttgaccaagg agacaccacc 300**  
 20           **agactcggtt gctataataa caagatcaca gcttcctatg aggaccgggt 350**  
              **gaccttcttg ccaactggta tcaccttcaa gtccgtgaca cgggaagaca 400**  
 25           **ctgggacata cacttgatat gtctctgagg aaggcggcaa cagctatggg 450**  
              **gaggtcaagg tcaagctcat cgtgcttggt cctccatcca agcctacagt 500**  
 30           **taacatcccc tcctctgcca ccattgggaa ccgggcagtg ctgacatgct 550**  
              **cagaacaaga tgggtcccca ccttctgaat acacctgggt caaagatggg 600**  
 35           **atagtgatgc ctacgaatcc caaaagcacc cgtgccttca gcaactcttc 650**  
              **ctatgtcctg aatcccacaa caggagagct ggtctttgat cccctgtcag 700**  
              **cctctgatac tggagaatac agctgt 726**

40  
 <210> 5  
 <211> 1503  
 45 <212> ADN  
      <213> artificial  
  
 <220>  
 50 <221> secuencia artificial  
      <222> 1-1503  
      <223> secuencia artificial

55

60

65

# ES 2 305 608 T3

<400> 5

```

gcaggcaaaag taccaggggcc gcctgcatgt gagccacaag gttccaggag 50
5 atgtatccct ccaattgagc accctggaga tggatgaccg gagccactac 100
acgtgtgaag tcacctggca gactcctgat ggcaaccaag tcgtgagaga 150
10 taagattact gagctccgtg tccagaaact ctctgtctcc aagcccacag 200
tgacaactgg cagcgggttat ggcttcacgg tgccccaggg aatgaggatt 250
agccttcaat gccaggggttc ggggttctcc tcccatcagt tatatttggt 300
15 ataagcaaca gactaataac caggggaacc atcaaagtag caaccctaag 350
taccttactc ttcaagcctg cgggtgatagc cgactcaggc tcctatttct 400
20 gcactgccaa gggccaggtt ggctctgagc agcacagcga cattgtgaag 450
tttgtggtca aagactcctc aaagctactc aagaccaaga ctgaggcacc 500
tacaaccatg acatacccct tgaaagcaac atctacagt aagcagtcct 550
25 gggactggac cactgacatg gatggctacc ttggagagac cagtgtctgg 600
ccaggaaaga gcctgcctgt ctttgccatc atcctcatca tctccttgtg 650
30 ctgtatggtg gtttttacca tggcctatat catgctctgt cggaagacat 700
ccaacaaga gcatgtctac gaagcagcca gggcacatgc cagagaggcc 750
aacgactctg gagaaaccat gaggggtggc atcttcgcaa gtggctgtct 800
35 cagtgatgag ccaacttccc agaatctggg gcaacaacta ctctgatgag 850
ccctgcatag gacaggagta ccagatcatc gccagatca atggcaacta 900
40 cgcccgctg ctggacacag ttcctctgga ttatgagttt ctggccactg 950
agggcaaaaag tgtctgttaa aaatgcccc aataggccagg atctgtgtgac 1000
ataattgcct agtcagtcct tgccttctgc atggccttct tccctgtctac 1050
45 ctctcttctt ggatagccca aagtgtccgc ctaccaacac tggagccgct 1100
gggagtcact ggctttgccc tggaatttgc cagatgcac tcaagtaagc 1150
50 cagctgtctg atttggtctt gggcccttct agtatctctg ccgggggctt 1200
ctggtactcc tctctaaata ccagagggaa gatgcccata gcactaggac 1250
55 ttggtcatca tgcttacaga cactattcaa ctttggcac ttgccaccag 1300
aagacccgag gggaggctca gctctgccag ctgagaggac cagctatatc 1350
caggatcatt tctctttctt cagggccaga cagcttttaa ttgaaattgt 1400
60 tatttcacag gccaggggttc agttctgtct ctccactata agtctaattgt 1450
tctgactctc tcctggtgct caataaatat ctaatcataa cagcaaaaaa 1500
65 aaa 1503

```

# ES 2 305 608 T3

<210> 6

<211> 319

<212> PRT

5 <213> *Homo sapiens*

<400> 6

10	Met	Val	Gly	Lys	Met	Trp	Pro	Val	Leu	Trp	Thr	Leu	Cys	Ala	Val	1	5	10	15
	Arg	Val	Thr	Val	Asp	Ala	Ile	Ser	Val	Glu	Thr	Pro	Gln	Asp	Val	20	25	30	
15	Leu	Arg	Ala	Ser	Gln	Gly	Lys	Ser	Val	Thr	Leu	Pro	Cys	Thr	Tyr	35	40	45	
20	His	Thr	Ser	Thr	Ser	Ser	Arg	Glu	Gly	Leu	Ile	Gln	Trp	Asp	Lys	50	55	60	
	Leu	Leu	Leu	Thr	His	Thr	Glu	Arg	Val	Val	Ile	Trp	Pro	Phe	Ser	65	70	75	
25	Asn	Lys	Asn	Tyr	Ile	His	Gly	Glu	Leu	Tyr	Lys	Asn	Arg	Val	Ser	80	85	90	
30	Ile	Ser	Asn	Asn	Ala	Glu	Gln	Ser	Asp	Ala	Ser	Ile	Thr	Ile	Asp	95	100	105	
	Gln	Leu	Thr	Met	Ala	Asp	Asn	Gly	Thr	Tyr	Glu	Cys	Ser	Val	Ser	110	115	120	
35	Leu	Met	Ser	Asp	Leu	Glu	Gly	Asn	Thr	Lys	Ser	Arg	Val	Arg	Leu	125	130	135	
40	Leu	Val	Leu	Val	Pro	Pro	Ser	Lys	Pro	Glu	Cys	Gly	Ile	Glu	Gly	140	145	150	
	Glu	Thr	Ile	Ile	Gly	Asn	Asn	Ile	Gln	Leu	Thr	Cys	Gln	Ser	Lys	155	160	165	
45	Glu	Gly	Ser	Pro	Thr	Pro	Gln	Tyr	Ser	Trp	Lys	Arg	Tyr	Asn	Ile	170	175	180	
	Leu	Asn	Gln	Glu	Gln	Pro	Leu	Ala	Gln	Pro	Ala	Ser	Gly	Gln	Pro	185	190	195	
50	Val	Ser	Leu	Lys	Asn	Ile	Ser	Thr	Asp	Thr	Ser	Gly	Tyr	Tyr	Ile	200	205	210	
55	Cys	Thr	Ser	Ser	Asn	Glu	Glu	Gly	Thr	Gln	Phe	Cys	Asn	Ile	Thr	215	220	225	
	Val	Ala	Val	Arg	Ser	Pro	Ser	Met	Asn	Val	Ala	Leu	Tyr	Val	Gly	230	235	240	
60	Ile	Ala	Val	Gly	Val	Val	Ala	Ala	Leu	Ile	Ile	Ile	Gly	Ile	Ile	245	250	255	
65	Ile	Tyr	Cys	Cys	Cys	Cys	Arg	Gly	Lys	Asp	Asp	Asn	Thr	Glu	Asp				

# ES 2 305 608 T3

		260		265		270									
	Lys	Glu	Asp	Ala	Arg	Pro	Asn	Arg	Glu	Ala	Tyr	Glu	Glu	Pro	Pro
					275					280					285
5															
	Glu	Gln	Leu	Arg	Glu	Leu	Ser	Arg	Glu	Arg	Glu	Glu	Glu	Asp	Asp
					290					295					300
10	Tyr	Arg	Gln	Glu	Glu	Gln	Arg	Ser	Thr	Gly	Arg	Glu	Ser	Pro	Asp
					305					310					315
	His	Leu	Asp	Gln											
				319											
15	<210> 7														
	<211> 2181														
	<212> ADN														
20	<213> <i>Homo sapiens</i>														
	<400> 7														
	cccacgcgtc	cgcccacgcg	tccgcccacg	ggcgcgcca	cgcgtccggg	50									
25	ccaccagaag	tttgagcctc	tttggtagca	ggaggctgga	agaaaggaca	100									
	gaagtagctc	tggctgtgat	ggggatctta	ctgggcctgc	tactcctggg	150									
30	gcacctaaca	gtggacactt	atggccgtcc	catcctggaa	gtgccagaga	200									
	gtgtaacagg	accttggaag	ggggatgtga	atcttccttg	cacctatgac	250									
35	cccctgcaag	gctacacca	agtcttggtg	aagtggctgg	tacaacgtgg	300									
	ctcagaccct	gtcaccatct	ttctacgtga	ctcttctgga	gaccatatcc	350									
40	agcaggcaaa	gtaccagggc	cgccctgcatg	tgagccacaa	ggttccagga	400									
	gatgtatccc	tccaattgag	caccctggag	atggatgacc	ggagccacta	450									
	cacgtgtgaa	gtcacctggc	agactcctga	tggcaaccaa	gtcgtgagag	500									
45	ataagattac	tgagctccgt	gtccagaaac	tctctgtctc	caagcccaca	550									
	gtgacaactg	gcagcgggta	tggcttcacg	gtgccccagg	gaatgaggat	600									
50	tagccttcaa	tgccaggctc	ggggttctcc	tcccatcagt	tatatattgg	650									
	ataagcaaca	gactaataac	caggaacca	tcaaagtagc	aaccctaagt	700									
55	accttactct	tcaagcctgc	ggatgatagc	gactcaggct	cctatttctg	750									
	cactgccaaag	ggccagggtg	gctctgagca	gcacagcgac	attgtgaagt	800									
	ttgtgggtcaa	agactcctca	aagctactca	agaccaagac	tgaggcacct	850									
60	acaaccatga	cataccctt	gaaagcaaca	tctacagtga	agcagtcctg	900									
	ggactggacc	actgacatgg	atggetacct	tggagagacc	agtgcctggc	950									
65	caggaaagag	cctgcctgtc	tttgccatca	tctcatcat	ctccttgtgc	1000									
	tgtatgggtg	tttttaccat	ggcctatatc	atgctctgtc	ggaagacatc	1050									

# ES 2 305 608 T3

ccaacaagag catgtctacg aagcagccag gtaagaaagt ctctcctctt 1100  
 5 ccattttttga ccccgctccct gccctcaatt ttgattactg gcaggaaatg 1150  
 tggaggaagg ggggtgtggc acagacccaa tcctaaggcc ggaggccttc 1200  
 10 agggtcagga catagctgcc ttccctctct caggcacctt ctgagggttg 1250  
 tttggccctc tgaacacaaa ggataattta gatccatctg ccttctgctt 1300  
 15 ccagaatccc tgggtggtag gatcctgata attaatggc aagaattgag 1350  
 gcagaagggt gggaaaccag gaccacagcc ccaagtcctt tcttatgggt 1400  
 ggtgggctct tgggccatag ggcacatgcc agagaggcca acgactctgg 1450  
 20 agaaaccatg aggggtggcca tcttcgcaag tggctgctcc agtgatgagc 1500  
 caacttccca gaatctgggc aacaactact ctgatgagcc ctgcatagga 1550  
 25 caggagtacc agatcatcgc ccagatcaat ggcaactacg cccgcctgct 1600  
 ggacacagtt cctctggatt atgagtttct ggccactgag ggcaaaagtg 1650  
 30 tctgttaaaa atgccccatt aggccaggat ctgctgacat aattgcctag 1700  
 tcagtccttg ccttctgcat ggccttcttc cctgctacct ctcttctg 1750  
 35 atagcccaaa gtgtccgcct accaactctg gagccgctgg gagtcactgg 1800  
 ctttgccctg gaatttgcca gatgcatctc aagtaagcca gctgctggat 1850  
 40 ttggctctgg gcccttctag tatctctgcc gggggcttct ggtactcctc 1900  
 tctaaatacc agagggaaga tgcccatagc actaggactt ggtcatcatg 1950  
 45 cctacagaca ctattcaact ttggcatctt gccaccagaa gacccgaggg 2000  
 aggctcagct ctgccagctc agaggaccag ctatatccag gatcatttct 2050  
 50 ctttcttcag ggccagacag cttttaattg aaattgttat ttcacaggcc 2100  
 agggttcagt tctgctcctc cactataagt ctaatgttct gactctctcc 2150  
 55 tgggtgctcaa taaatatcta atcataacag c 2181

<210> 8

<211> 1295

<212> ADN

<213> *Homo sapiens*



# ES 2 305 608 T3

<400> 8

```

cccagaagtt caagggcccc cggcctcctg cgctcctgcc gccgggaccc 50
5  tcgacctcct cagagcagcc ggctgccgcc ccgggaagat ggcgaggagg 100
   agccgccacc gcctcctcct gctgctgctg cgctacctgg tggtcgccct 150
10  gggctatcat aaggcctatg ggttttctgc cccaaaagac caacaagtag 200
   tcacagcagt agagtaccaa gaggctattt tagcctgcaa aaccccaaag 250
15  aagactgttt cctccagatt agagtggaag aaactgggtc ggagtgtctc 300
   ctttgtctac tatcaacaga ctcttcaagg tgattttaaa aatcgagctg 350
20  agatgataga tttcaatatc cggatcaaaa atgtgacaag aagtgatgcg 400
   gggaaatatc gttgtgaagt tagtgcccca tctgagcaag gccaaaacct 450
25  ggaagaggat acagtcactc tggaagtatt agtggctcca gcagttccat 500
   catgtgaagt accctcttct gctctgagtg gaactgtggt agagctacga 550
   tgtcaagaca aagaaggga tccagctcct gaatacacat ggtttaagga 600
30  tggcatccgt ttgctagaaa atcccagact tggctcccaa agcaccaaca 650
   gctcatacac aatgaatata aaaactggaa ctctgcaatt taatactgtt 700
35  tccaaactgg aactggaga atattcctgt gaagcccgca attctgttgg 750
   atatcgcagg tgcctggga aacgaatgca agtagatgat ctcaacataa 800
40  gtggcatcat agcagccgta gtagttgtgg ccttagtgat ttccgtttgt 850
   ggccttgggtg tatgctatgc tcagaggaaa ggctactttt caaaagaaac 900
   ctcttccag aagagtaatt ctcatctaa agccacgaca atgagtgaaa 950
45  atgtgcagtg gctcacgcct gtaatccag cactttggaa ggccgcggcg 1000
   ggcggatcac gaggtcagga gttctagacc agtctggcca atatggtgaa 1050
50  accccatctc tactaaaata caaaaattag ctgggcatgg tggcatgtgc 1100
   ctgcagttcc agctgcttgg gagacaggag aatcacttga acccgggagg 1150
55  cggagggttgc agtgagctga gatcacgcca ctgcagtcca gcctgggtaa 1200
   cagagcaaga ttccatctca aaaaataaaa taataaata aataaatact 1250
60  ggtttttacc tgtagaattc ttacaataaa tatagcttga tattc 1295

```

<210> 9

<211> 312

<212> PRT

<213> *Homo sapiens*

# ES 2 305 608 T3

<400> 9

	Met	Ala	Arg	Arg	Ser	Arg	His	Arg	Leu	Leu	Leu	Leu	Leu	Leu	Arg	
	1				5					10					15	
5	Tyr	Leu	Val	Val	Ala	Leu	Gly	Tyr	His	Lys	Ala	Tyr	Gly	Phe	Ser	
					20					25					30	
	Ala	Pro	Lys	Asp	Gln	Gln	Val	Val	Thr	Ala	Val	Glu	Tyr	Gln	Glu	
10					35					40					45	
	Ala	Ile	Leu	Ala	Cys	Lys	Thr	Pro	Lys	Lys	Thr	Val	Ser	Ser	Arg	
					50					55					60	
15	Leu	Glu	Trp	Lys	Lys	Leu	Gly	Arg	Ser	Val	Ser	Phe	Val	Tyr	Tyr	
					65					70					75	
	Gln	Gln	Thr	Leu	Gln	Gly	Asp	Phe	Lys	Asn	Arg	Ala	Glu	Met	Ile	
20					80					85					90	
	Asp	Phe	Asn	Ile	Arg	Ile	Lys	Asn	Val	Thr	Arg	Ser	Asp	Ala	Gly	
					95					100					105	
25	Lys	Tyr	Arg	Cys	Glu	Val	Ser	Ala	Pro	Ser	Glu	Gln	Gly	Gln	Asn	
					110					115					120	
	Leu	Glu	Glu	Asp	Thr	Val	Thr	Leu	Glu	Val	Leu	Val	Ala	Pro	Ala	
					125					130					135	
30	Val	Pro	Ser	Cys	Glu	Val	Pro	Ser	Ser	Ala	Leu	Ser	Gly	Thr	Val	
					140					145					150	
	Val	Glu	Leu	Arg	Cys	Gln	Asp	Lys	Glu	Gly	Asn	Pro	Ala	Pro	Glu	
35					155					160					165	
	Tyr	Thr	Trp	Phe	Lys	Asp	Gly	Ile	Arg	Leu	Leu	Glu	Asn	Pro	Arg	
					170					175					180	
40	Leu	Gly	Ser	Gln	Ser	Thr	Asn	Ser	Ser	Tyr	Thr	Met	Asn	Thr	Lys	
					185					190					195	
	Thr	Gly	Thr	Leu	Gln	Phe	Asn	Thr	Val	Ser	Lys	Leu	Asp	Thr	Gly	
45					200					205					210	
	Glu	Tyr	Ser	Cys	Glu	Ala	Arg	Asn	Ser	Val	Gly	Tyr	Arg	Arg	Cys	
					215					220					225	
50	Pro	Gly	Lys	Arg	Met	Gln	Val	Asp	Asp	Leu	Asn	Ile	Ser	Gly	Ile	
					230					235					240	
	Ile	Ala	Ala	Val	Val	Val	Val	Ala	Leu	Val	Ile	Ser	Val	Cys	Gly	
55					245					250					255	
	Leu	Gly	Val	Cys	Tyr	Ala	Gln	Arg	Lys	Gly	Tyr	Phe	Ser	Lys	Glu	
					260					265					270	
60	Thr	Ser	Phe	Gln	Lys	Ser	Asn	Ser	Ser	Ser	Lys	Ala	Thr	Thr	Met	
					275					280					285	
	Ser	Glu	Asn	Val	Gln	Trp	Leu	Thr	Pro	Val	Ile	Pro	Ala	Leu	Trp	
					290					295					300	
65	Lys	Ala	Ala	Ala	Gly	Gly	Ser	Arg	Gly	Gln	Glu	Phe				
					305					310		312				

# ES 2 305 608 T3

<210> 10

<211> 300

<212> PRT

5 <213> *Mus musculus*

<400> 10

10	Met Gly Thr Glu Gly Lys Ala Gly Arg Lys Leu Leu Phe Leu Phe	1 5 10 15
	Thr Ser Met Ile Leu Gly Ser Leu Val Gln Gly Lys Gly Ser Val	20 25 30
15	Tyr Thr Ala Gln Ser Asp Val Gln Val Pro Glu Asn Glu Ser Ile	35 40 45
	Lys Leu Thr Cys Thr Tyr Ser Gly Phe Ser Ser Pro Arg Val Glu	50 55 60
20	Trp Lys Phe Val Gln Gly Ser Thr Thr Ala Leu Val Cys Tyr Asn	65 70 75
	Ser Gln Ile Thr Ala Pro Tyr Ala Asp Arg Val Thr Phe Ser Ser	80 85 90
25	Ser Gly Ile Thr Phe Ser Ser Val Thr Arg Lys Asp Asn Gly Glu	95 100 105
	Tyr Thr Cys Met Val Ser Glu Glu Gly Gly Gln Asn Tyr Gly Glu	110 115 120
30	Val Ser Ile His Leu Thr Val Leu Val Pro Pro Ser Lys Pro Thr	125 130 135
	Ile Ser Val Pro Ser Ser Val Thr Ile Gly Asn Arg Ala Val Leu	140 145 150
35	Thr Cys Ser Glu His Asp Gly Ser Pro Pro Ser Glu Tyr Ser Trp	155 160 165
	Phe Lys Asp Gly Ile Ser Met Leu Thr Ala Asp Ala Lys Lys Thr	170 175 180
40	Arg Ala Phe Met Asn Ser Ser Phe Thr Ile Asp Pro Lys Ser Gly	185 190 195
	Asp Leu Ile Phe Asp Pro Val Thr Ala Phe Asp Ser Gly Glu Tyr	200 205 210
45	Tyr Cys Gln Ala Gln Asn Gly Tyr Gly Thr Ala Met Arg Ser Glu	215 220 225
	Ala Ala His Met Asp Ala Val Glu Leu Asn Val Gly Gly Ile Val	230 235 240
50	Ala Ala Val Leu Val Thr Leu Ile Leu Leu Gly Leu Leu Ile Phe	245 250 255
	Gly Val Trp Phe Ala Tyr Ser Arg Gly Tyr Phe Glu Thr Thr Lys	260 265 270
55	Lys Gly Thr Ala Pro Gly Lys Lys Val Ile Tyr Ser Gln Pro Ser	275 280 285
60	Thr Arg Ser Glu Gly Glu Phe Lys Gln Thr Ser Ser Phe Leu Val	290 295 300

# ES 2 305 608 T3

<210> 11

<211> 2181

<212> ADN

5 <213> *Homo sapiens*

<400> 11

```

10      cccacgcgtc cgcccacgcg tccgcccacg ggtccgcca cgcgtccggg 50
      ccaccagaag tttgagcctc tttggtagca ggaggctgga agaaaggaca 100
      gaagtagctc tggctgtgat ggggatctta ctgggcctgc tactcctggg 150
15      gcacctaaca gtggacactt atggccgtcc catectggaa gtgccagaga 200
      gtgtaacagg accttggaag ggggatgtga atcttcctg cacctatgac 250
      cccctgcaag gctacacca agtcttggtg aagtggctgg tacaacgtgg 300
20      ctcagaccct gtcaccatct ttctacgtga ctcttctgga gaccatatcc 350
      agcaggcaaa gtaccagggc cgcctgcatg tgagccacaa ggtccagga 400
      gatgtatccc tccaattgag caccctggag atggatgacc ggagccacta 450
25      cacgtgtgaa gtcacctggc agactcctga tggcaaccaa gtcgtgagag 500
      ataagattac tgagctccgt gtccagaaac tctctgtctc caagcccaca 550
30      gtgacaactg gcagcgggta tggcttcacg gtgcccagg gaatgaggat 600
      tagccttcaa tgccaggctc ggggttctcc tcccatcagt tatatttggg 650
      ataagcaaca gactaataac caggaacca tcaaagtagc aaccctaagt 700
35      accttactct tcaagcctgc ggtgatagcc gactcaggct cctatttctg 750
      cactgccaag ggccagggtg gctctgagca gcacagcgac attgtgaagt 800
40      ttgtggtcaa agactcctca aagctactca agaccaagac tgaggcacct 850
      acaaccatga catacccctt gaaagcaaca tctacagtga agcagtcctg 900
      ggactggacc actgacatgg atggctacct tggagagacc agtgctgggc 950
45      caggaaagag cctgcctgtc tttgccatca tcctcatcat ctcttctgtc 1000
      tgtatgggtg tttttaccat ggcctatata atgctctgtc ggaagacatc 1050
      ccaacaagag catgtctacg aagcagccag gtaagaaagt ctctcctctt 1100
50      ccatttttga ccccgccctt gccctcaatt ttgattactg gcaggaaatg 1150
      tggaggaagg ggggtgtggc acagaccaa tcctaaggcc ggaggccttc 1200
55      agggtcagga catagctgcc ttcctctctt caggcacctt ctgaggttgt 1250
      tttggccctc tgaacacaaa ggataattta gatccatctg ccttctgctt 1300
      ccagaatccc tgggtggtag gatcctgata attaatggc aagaattgag 1350
60      gcagaagggt gggaaaccag gaccacagcc ccaagtccct tcttatgggt 1400
      ggtgggctct tgggccatag ggcacatgcc agagaggcca acgactctgg 1450
65      agaaaccatg aggggtggca tcttcgcaag tggctgctcc agtgatgagc 1500

```

# ES 2 305 608 T3

**caacttccca gaatctgggc aacaactact ctgatgagcc ctgcatagga 1550**  
**caggagtacc agatcatcgc ccagatcaat ggcaactacg cccgcctgct 1600**  
**ggacacagtt cctctggatt atgagtttct ggccactgag ggcaaaagtg 1650**  
**tctgttaaaa atgccccatt aggccaggat ctgctgacat aattgcctag 1700**  
**tcagtccttg ccttctgcat ggccttcttc cctgctacct ctcttcctgg 1750**  
**atagcccaaa gtgtccgcct accaactctg gagccgctgg gagtcaactgg 1800**  
**ctttgccctg gaatttgcca gatgcatctc aagtaagcca gctgctggat 1850**  
**ttggctctgg gcccttctag tatctctgcc gggggcttct ggtactcctc 1900**  
**tctaaatacc agaggggaaga tgcccatagc actaggactt ggtcatcatg 1950**  
**cctacagaca ctattcaact ttggcatctt gccaccagaa gacccgaggg 2000**  
**aggctcagct ctgccagctc agaggaccag ctatatccag gatcatttct 2050**  
**ctttcttcag ggccagacag cttttaattg aaattggttat ttcacaggcc 2100**  
**agggttcagt tctgctcctc cactataagt ctaatgttct gactctctcc 2150**  
**tggtgctcaa taaatatcta atcataacag c 2181**

<210> 12

<211> 24

<212> ADN

<213> secuencia artificial

<220>

<221> secuencia artificial

<222> 1-24

<223> secuencia artificial

<400> 12

tcgcggagct gtgttctggt tccc 24

<210> 13

<211> 50

<212> ADN

<213> secuencia artificial

<220>

<221> secuencia artificial

<222> 1-50

<223> secuencia artificial

## ES 2 305 608 T3

<400> 13

5           tgatcgcgat ggggacaaag gcgcaagctc gagaggaaac tgttgtgcct 50

<210> 14

<211> 20

10 <212> ADN

<213> secuencia artificial

<220>

15 <221> secuencia artificial

<222> 1-20

<223> secuencia artificial

20 <400> 14

          acacctgggtt caaagatggg 20

25 <210> 15

<211> 24

<212> ADN

30 <213> secuencia artificial

<220>

<221> secuencia artificial

35 <222> 1-24

<223> secuencia artificial

<400> 15

40

          taggaagagt tgctgaaggc acgg 24

45 <210> 16

<211> 20

<212> ADN

<213> secuencia artificial

50

<220>

<221> secuencia artificial

<222> 1-20

55 <223> secuencia artificial

<400> 16

60           ttgccttact caggtgctac 20

<210> 17

65 <211> 20

<212> ADN

<213> secuencia artificial

## ES 2 305 608 T3

<220>  
<221> secuencia artificial  
<222> 1-20  
5 <223> secuencia artificial  
  
<400> 17  
  
10       actcagcagt ggtaggaaag 20  
  
<210> 18  
<211> 24  
15 <212> ADN  
<213> secuencia artificial  
  
<220>  
20 <221> secuencia artificial  
<222> 1-24  
<223> secuencia artificial  
25 <400> 18  
  
          tatccctcca attgagcacc ctgg 24  
30  
  
<210> 19  
<211> 21  
35 <212> ADN  
<213> secuencia artificial  
  
<220>  
40 <221> secuencia artificial  
<222> 1-21  
<223> secuencia artificial  
45 <400> 19  
  
          gtcgaagac atcccaacaa g 21  
  
50  
<210> 20  
<211> 24  
<212> ADN  
55 <213> secuencia artificial  
  
<220>  
<221> secuencia artificial  
60 <222> 1-24  
<223> secuencia artificial  
  
<400> 20  
65  
  
          cttcacaatg tcgctgtgct gctc 24

ES 2 305 608 T3

<210> 21  
<211> 24  
<212> DNA  
5 <213> secuencia artificial  
  
<220>  
<221> secuencia artificial  
10 <222> 1-24  
<223> secuencia artificial  
  
<400> 21  
15  
agccaaatcc agcagctggc ttac 24  
  
20 <210> 22  
<211> 50  
<212> ADN  
<213> secuencia artificial  
25  
<220>  
<221> secuencia artificial  
<222> 1-50  
30 <223> secuencia artificial  
  
<400> 22  
35  
tggatgaccg gagccactac acgtgtgaag tcacctggca gactcctgat 50  
  
<210> 23  
40 <211> 260  
<212> PRT  
<213> *Homo sapiens*  
45  
<400> 23  
  
Leu Ala Leu Gly Ser Val Thr Val His Ser Ser Glu Pro Glu Val  
50 1 5 10 15  
  
Arg Ile Pro Glu Asn Asn Pro Val Lys Leu Ser Cys Ala Tyr Ser  
20 25 30  
55  
60  
65



# ES 2 305 608 T3

	Gly Phe Ser Ser Pro Arg Val Glu Trp Lys Phe Asp Gln Gly Asp	35	40	45
5	Thr Thr Arg Leu Val Cys Tyr Asn Asn Lys Ile Thr Ala Ser Tyr	50	55	60
10	Glu Asp Arg Val Thr Phe Leu Pro Thr Gly Ile Thr Phe Lys Ser	65	70	75
15	Val Thr Arg Glu Asp Thr Gly Thr Tyr Thr Cys Met Val Ser Glu	80	85	90
	Glu Gly Gly Asn Ser Tyr Gly Glu Val Lys Val Lys Leu Ile Val	95	100	105
20	Leu Val Pro Pro Ser Lys Pro Thr Val Asn Ile Pro Ser Ser Ala	110	115	120
25	Thr Ile Gly Asn Arg Ala Val Leu Thr Cys Ser Glu Gln Asp Gly	125	130	135
	Ser Pro Pro Ser Glu Tyr Thr Trp Phe Lys Asp Gly Ile Val Met	140	145	150
30	Pro Thr Asn Pro Lys Ser Thr Arg Ala Phe Ser Asn Ser Ser Tyr	155	160	165
35	Val Leu Asn Pro Thr Thr Gly Glu Leu Val Phe Asp Pro Leu Ser	170	175	180
	Ala Ser Asp Thr Gly Glu Tyr Ser Cys Glu Ala Arg Asn Gly Tyr	185	190	195
40	Gly Thr Pro Met Thr Ser Asn Ala Val Arg Met Glu Ala Val Glu	200	205	210
45	Arg Asn Val Gly Val Ile Val Ala Ala Val Leu Val Thr Leu Ile	215	220	225
	Leu Leu Gly Ile Leu Val Phe Gly Ile Trp Phe Ala Tyr Ser Arg	230	235	240
50	Gly His Phe Asp Arg Thr Lys Lys Gly Thr Ser Ser Lys Lys Val	245	250	255
55	Ile Tyr Ser Gln Pro	260		

<210> 24

60 <211> 270

<212> PRT

<213> *Homo sapiens*

65

# ES 2 305 608 T3

<400> 24

	Val	Arg	Val	Thr	Val	Asp	Ala	Ile	Ser	Val	Glu	Thr	Pro	Gln	Asp	
	1				5					10					15	
5	Val	Leu	Arg	Ala	Ser	Gln	Gly	Lys	Ser	Val	Thr	Leu	Pro	Cys	Thr	
					20					25					30	
10																
	Tyr	His	Thr	Ser	Thr	Ser	Ser	Arg	Glu	Gly	Leu	Ile	Gln	Trp	Asp	
					35					40					45	
15	Lys	Leu	Leu	Leu	Thr	His	Thr	Glu	Arg	Val	Val	Ile	Trp	Pro	Phe	
					50					55					60	
	Ser	Asn	Lys	Asn	Tyr	Ile	His	Gly	Glu	Leu	Tyr	Lys	Asn	Arg	Val	
20					65					70					75	
	Ser	Ile	Ser	Asn	Asn	Ala	Glu	Gln	Ser	Asp	Ala	Ser	Ile	Thr	Ile	
					80					85					90	
25	Asp	Gln	Leu	Thr	Met	Ala	Asp	Asn	Gly	Thr	Tyr	Glu	Cys	Ser	Val	
					95					100					105	
	Ser	Leu	Met	Ser	Asp	Leu	Glu	Gly	Asn	Thr	Lys	Ser	Arg	Val	Arg	
					110					115					120	
30	Leu	Leu	Val	Leu	Val	Pro	Pro	Ser	Lys	Pro	Glu	Cys	Gly	Ile	Glu	
					125					130					135	
	Gly	Glu	Thr	Ile	Ile	Gly	Asn	Asn	Ile	Gln	Leu	Thr	Cys	Gln	Ser	
35					140					145					150	
	Lys	Glu	Gly	Ser	Pro	Thr	Pro	Gln	Tyr	Ser	Trp	Lys	Arg	Tyr	Asn	
					155					160					165	
40	Ile	Leu	Asn	Gln	Glu	Gln	Pro	Leu	Ala	Gln	Pro	Ala	Ser	Gly	Gln	
					170					175					180	
	Pro	Val	Ser	Leu	Lys	Asn	Ile	Ser	Thr	Asp	Thr	Ser	Gly	Tyr	Tyr	
					185					190					195	
45	Ile	Cys	Thr	Ser	Ser	Asn	Glu	Glu	Gly	Thr	Gln	Phe	Cys	Asn	Ile	
					200					205					210	
	Thr	Val	Ala	Val	Arg	Ser	Pro	Ser	Met	Asn	Val	Ala	Leu	Tyr	Val	
50					215					220					225	
	Gly	Ile	Ala	Val	Gly	Val	Val	Ala	Ala	Leu	Ile	Ile	Ile	Gly	Ile	
					230					235					240	
55	Ile	Ile	Tyr	Cys	Cys	Cys	Cys	Arg	Gly	Lys	Asp	Asp	Asn	Thr	Glu	
					245					250					255	
	Asp	Lys	Glu	Asp	Ala	Arg	Pro	Asn	Arg	Glu	Ala	Tyr	Glu	Glu	Pro	
60					260					265					270	

<210> 25

<211> 263

<212> PRT

65 <213> *Homo sapiens*

# ES 2 305 608 T3

<400> 25

5	Leu Cys Ser Leu Ala Leu Gly Ser Val Thr Val His Ser Ser Glu	1	5	10	15
10	Pro Glu Val Arg Ile Pro Glu Asn Asn Pro Val Lys Leu Ser Cys	20	25	30	
15	Ala Tyr Ser Gly Phe Ser Ser Pro Arg Val Glu Trp Lys Phe Asp	35	40	45	
20	Gln Gly Asp Thr Thr Arg Leu Val Cys Tyr Asn Asn Lys Ile Thr	50	55	60	
25	Ala Ser Tyr Glu Asp Arg Val Thr Phe Leu Pro Thr Gly Ile Thr	65	70	75	
30	Phe Lys Ser Val Thr Arg Glu Asp Thr Gly Thr Tyr Thr Cys Met	80	85	90	
35	Val Ser Glu Glu Gly Gly Asn Ser Tyr Gly Glu Val Lys Val Lys	95	100	105	
40	Leu Ile Val Leu Val Pro Pro Ser Lys Pro Thr Val Asn Ile Pro	110	115	120	
45	Ser Ser Ala Thr Ile Gly Asn Arg Ala Val Leu Thr Cys Ser Glu	125	130	135	
50	Gln Asp Gly Ser Pro Pro Ser Glu Tyr Thr Trp Phe Lys Asp Gly	140	145	150	
55	Ile Val Met Pro Thr Asn Pro Lys Ser Thr Arg Ala Phe Ser Asn	155	160	165	
60	Ser Ser Tyr Val Leu Asn Pro Thr Thr Gly Glu Leu Val Phe Asp	170	175	180	
65	Pro Leu Ser Ala Ser Asp Thr Gly Glu Tyr Ser Cys Glu Ala Arg	185	190	195	
	Asn Gly Tyr Gly Thr Pro Met Thr Ser Asn Ala Val Arg Met Glu	200	205	210	
	Ala Val Glu Arg Asn Val Gly Val Ile Val Ala Ala Val Leu Val	215	220	225	
	Thr Leu Ile Leu Leu Gly Ile Leu Val Phe Gly Ile Trp Phe Ala	230	235	240	
	Tyr Ser Arg Gly His Phe Asp Arg Thr Lys Lys Gly Thr Ser Ser	245	250	255	
	Lys Lys Val Ile Tyr Ser Gln Pro	260	263		

# ES 2 305 608 T3

<210> 26

<211> 273

<212> PRT

5 <213> *Homo sapiens*

<400> 26

10	Leu	Cys	Ala	Val	Arg	Val	Thr	Val	Asp	Ala	Ile	Ser	Val	Glu	Thr	1	5	10	15
	Pro	Gln	Asp	Val	Leu	Arg	Ala	Ser	Gln	Gly	Lys	Ser	Val	Thr	Leu	20	25	30	
15	Pro	Cys	Thr	Tyr	His	Thr	Ser	Thr	Ser	Ser	Arg	Glu	Gly	Leu	Ile	35	40	45	
	Gln	Trp	Asp	Lys	Leu	Leu	Leu	Thr	His	Thr	Glu	Arg	Val	Val	Ile	50	55	60	
20	Trp	Pro	Phe	Ser	Asn	Lys	Asn	Tyr	Ile	His	Gly	Glu	Leu	Tyr	Lys	65	70	75	
	Asn	Arg	Val	Ser	Ile	Ser	Asn	Asn	Ala	Glu	Gln	Ser	Asp	Ala	Ser	80	85	90	
25	Ile	Thr	Ile	Asp	Gln	Leu	Thr	Met	Ala	Asp	Asn	Gly	Thr	Tyr	Glu	95	100	105	
30	Cys	Ser	Val	Ser	Leu	Met	Ser	Asp	Leu	Glu	Gly	Asn	Thr	Lys	Ser	110	115	120	
	Arg	Val	Arg	Leu	Leu	Val	Leu	Val	Pro	Pro	Ser	Lys	Pro	Glu	Cys	125	130	135	
35	Gly	Ile	Glu	Gly	Glu	Thr	Ile	Ile	Gly	Asn	Asn	Ile	Gln	Leu	Thr	140	145	150	
40	Cys	Gln	Ser	Lys	Glu	Gly	Ser	Pro	Thr	Pro	Gln	Tyr	Ser	Trp	Lys	155	160	165	
	Arg	Tyr	Asn	Ile	Leu	Asn	Gln	Glu	Gln	Pro	Leu	Ala	Gln	Pro	Ala	170	175	180	
45	Ser	Gly	Gln	Pro	Val	Ser	Leu	Lys	Asn	Ile	Ser	Thr	Asp	Thr	Ser	185	190	195	
50	Gly	Tyr	Tyr	Ile	Cys	Thr	Ser	Ser	Asn	Glu	Glu	Gly	Thr	Gln	Phe	200	205	210	
	Cys	Asn	Ile	Thr	Val	Ala	Val	Arg	Ser	Pro	Ser	Met	Asn	Val	Ala	215	220	225	
55	Leu	Tyr	Val	Gly	Ile	Ala	Val	Gly	Val	Val	Ala	Ala	Leu	Ile	Ile	230	235	240	
	Ile	Gly	Ile	Ile	Ile	Tyr	Cys	Cys	Cys	Cys	Arg	Gly	Lys	Asp	Asp	245	250	255	
60	Asn	Thr	Glu	Asp	Lys	Glu	Asp	Ala	Arg	Pro	Asn	Arg	Glu	Ala	Tyr	260	265	270	
65	Glu	Glu	Pro													273			

## ES 2 305 608 T3

<210> 27

<211> 413

<212> ADN

5 <213> secuencia artificial

<220>

<221> secuencia artificial

10 <222> 1-413

<223> secuencia artificial

<400> 27

15

**ctcgagccgc tcgagccgtg cggggaaata tcgttgtaga gttagtgc 50**

20

**catctgagca aggccaaaac ctggaagagg atacagtcac tctggaagta 100**

25

**ttagtggtc cagcagttcc atcatgtgaa gtaccctctt ctgctctgag 150**

**tggaactgtg gtagagctac gatgtcaaga caaagaagg aatccagctc 200**

30

**ctgaatacac atgggtttaag gatggcatcc gtttgctaga aaatcccaga 250**

**cttggtctcc aaagcaccaa cagctcatac acaatgaata caaaaactgg 300**

35

**aactctgcaa ttttaatactg ttcccaaact ggacactgga gaatattcct 350**

**gtgaagcccg caattctgtt ggatatcgca ggtgtcctgg ggaaacgaat 400**

40

**gcaagtagat gat 413**

<210> 28

45 <211> 22

<212> ADN

<213> secuencia artificial

50 <220>

<221> secuencia artificial

<222> 1-22

<223> secuencia artificial

55

<400> 28

60

**atcgttgtga agttagtgcc cc 22**

<210> 29

<211> 23

65 <212> ADN

<213> secuencia artificial

## ES 2 305 608 T3

<220>  
<221> secuencia artificial  
<222> 1-23  
5 <223> secuencia artificial  
  
<400> 29  
  
10       acctgcgata tccaacagaa ttg 23  
  
<210> 30  
<211> 48  
15 <212> ADN  
<213> secuencia artificial  
  
20 <220>  
<221> secuencia artificial  
<222> 1-48  
<223> secuencia artificial  
25 <400> 30  
  
          ggaagaggat acagtcactc tggaagtatt agtggctcca gcagttcc 48  
30  
  
35  
  
40  
  
45  
  
50  
  
55  
  
60  
  
65