



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA

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

⑮ 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

⑯ Número de solicitud europea: **04010432 .5**

⑯ Fecha de presentación : **20.11.1998**

⑯ Número de publicación de la solicitud: **1481989**

⑯ Fecha de publicación de la solicitud: **01.12.2004**

⑭ Título: **Antígenos tipo A-33 y sus utilizaciones farmacológicas.**

⑯ Prioridad: **21.11.1997 US 66364 P
20.03.1998 US 78936 P
17.09.1998 WO PCT/US98/19437**

⑬ Titular/es: **GENENTECH, Inc.
1 DNA Way
South San Francisco, California 94080-4990, US**

⑮ Fecha de publicación de la mención BOPI:
01.11.2008

⑯ Inventor/es: **Ashkenazi, Avi;
Fong, Sherman;
Goddard, Audrey;
Gurney, Austin L.;
Napier, Mary A.;
Tumas, Daniel y
Wood, William I.**

⑯ Fecha de la publicación del folleto de la patente:
01.11.2008

⑭ 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 polipeptídicos 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 10 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 15 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, 20 las cuales median en el movimiento de los leucocitos a través del endotelio. Las moléculas de señalización adicionales actúan como quimioatractores, provocando que los leucocitos unidos avancen lentamente hacia la fuente del atractor. 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 25 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, 30 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 35 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 40 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 45 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 crecimiento 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 55 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 transmigración de monocitos espontánea e inducida por quimioquinas a través de una capa 60 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, 65 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 metastásicos, 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 inhibidoras 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

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 anormalidad en relación con la respuesta inflamatoria.

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

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

un recipiente;

15 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.

20 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 interaccionen. 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.

25 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), tiroditis (enfermedad de Graves, tiroditis de Hashimoto, tiroditis limfocítica juvenil, tiroditis 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 hepatobiliarias 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 30 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 35 trasplantes incluido el rechazo del injerto y la enfermedad de injerto contra huésped.

40 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 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.

45 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).

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

ES 2 305 608 T3

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:

10 un recipiente;

una etiqueta en el recipiente; y

15 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.

20 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.

30 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.

40 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.

50 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.

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

65 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 glicosoaminoglicano 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”.

La figuras 6A y B muestran una secuencia de nucleótidos DNA45416 (SEC ID NO. 7) que es un ADNc de PR0362 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 PR0362 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), OL12163 (35936.pl) (SEC ID NO. 13), OL12164 (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.

5 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).

10 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).

15 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).

20 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).

25 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).

30 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.

35 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

40 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 aislararse 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.

50 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.

55 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 linfoquinas, etc. e incluso los efectos asociados con las células B, si las células B se estimulan, por ejemplo, mediante linfoquinas secretadas por las células T.

Entre los ejemplos de enfermedades de tipo inmune e inflamatorias, algunas de las cuales están mediadas por 60 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 Sjögren, vasculitis sistémica, sarcoidosis, anemia hemolítica autoinmune (pancitopenia inmune, hemoglobinuria paroxismal nocturna), trombocitopenia autoinmune (púrpura trombocitopénica idiopática, trombocitopenia mediada por el sistema inmune), 65 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 hepatobiliarias 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 eosinóflicas, 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-cancerosas.

10 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.

20 “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 antinflamatorios, quimioterapéuticos, etc.

30 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 neutróflicas, eosinóflicas, 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 (neutróficas, eosinóficas, monocíticas, linfocíticas) en los espacios celulares, etc.

40 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.

45 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 I¹³¹, I¹²⁵, Y⁹⁰ y Re¹⁸⁶), agentes quimioterapéuticos, y toxinas tales como las toxinas activadas enzimáticamente de origen bacteriano, micótico, vegetal o animal o fragmentos de las mismas.

50 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 taxoídes, por ejemplo el paclitaxel (Taxol®). Bristol-Myers Squibb Oncology, Princeton. N.J.) y el doxetaxel (Taxotere®, Rhône-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 (Loucristina), la vinorrelbina, 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 homónimos que actúan para regular o inhibir la acción hormonal en tumores, tales como el tamoxifeno y la onapristona.

60 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 tiroideas (TSH), y hormona luteíntica (LH); factor de crecimiento hepático; factor de crecimiento de fibroblastos; prolactina; lactógeno placentario; factor α y β 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- β ; factor de crecimiento plaquetario; factores de crecimiento transformante (TGFs), tales como TGF- α y TGF- β , factor de crecimiento I y II de tipo insulina; eritropoyetina (EPO); factores osteoinductivos; interferones, tales como interferón- α , β , y γ ; 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 α , 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- α o TNF- β , 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 ayuste 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

ES 2 305 608 T3

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 5 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, 10 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 15 (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 20 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 proteináceos o no proteináceos. 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 25 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 30 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 35 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 40 codificante unida operativamente en un organismo huésped particular. Las secuencias de control que son adecuadas para procariotas 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 45 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 50 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 55 monoclonales anti-PRO363 individuales (incluyendo agonista, antagonista, y anticuerpos neutralizantes) y composiciones de anticuerpo anti-PRO362 con especificidad polipeptídica. 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.

65 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).

5 "Condiciones astringentes" o "condiciones de astringencia elevada", tal y como se definen en la presente invención, se pueden identificar por aquéllas 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 sonicado (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.

10 20 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.

25 30 El término "epítopo 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 epítopo 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 epítópos. 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).

35 40 "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.

45 50 "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 linfoquinas por las células. Otra actividad preferida es el aumento de la permeabilidad vascular o la inhibición de la misma.

55 60 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.

60 65 "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 polyclonales, 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. Están concentradas 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')₂, y Fv; diacuerpos; 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')₂ 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')₂ 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 (κ) y lambda (λ), 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, IgA1 e IgA2. Los dominios constantes de cadena pesada que corresponden a las diferentes clases de inmunoglobulinas se denominan α , δ , ϵ , γ , y μ , 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 antígenico único. Además, a diferencia de preparaciones de anticuerpos convencionales (policlonales) que incluyen habitualmen-

te diferentes anticuerpos dirigidos contra determinantes (epítopos) 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

- 5 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 híbrido 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 10 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 15 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 "químéricos" 15 (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. 20 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 químéricas, 25 cadenas de inmunoglobulinas o fragmentos de las mismas (tales como Fv, Fab, Fab', F(ab')₂ 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, 30 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 35 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 40 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_H y V_L del anticuerpo, 45 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_H y V_L 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, Rosenburg y Moore eds., Springer-Verlag, Nueva York, pp. 269-315 (1994).

- 50 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_H) conectado a un dominio variable de cadena ligera (V_L) en la misma cadena de polipéptido (V_H - V_L). 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 55 medio natural. Los componentes contaminantes de su medio natural son materiales que interferirían con las utilizaciones de diagnóstico y terapéuticas del anticuerpo, y pueden incluir enzimas, hormonas, y otros solutos proteináceos y no proteináceos. 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 delecciones pueden estar opcionalmente en el intervalo de aproximadamente 1 a 5 aminoácidos. La variación permitida se puede determinar realizando de forma sistemática inserciones, delecciones 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.

5 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 mutágenesis 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.

10 15 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 una 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.

20 3. Modificaciones de PRO362

25 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, 30 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.

35 40 Otras modificaciones incluyen la desamidación de residuos glutaminilo y asparaginilo a los correspondientes residuos glutamilo y aspartilo, respectivamente, la hidroxilación de prolina y lisina, fosforilación de grupos hidroxilo de residuos de serilo o treonilo, metilación de los grupos α -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.

45 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.

50 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.

55 60 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).

65 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 desglicosilación 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).

ES 2 305 608 T3

Otro tipo de modificación covalente de PRO362 comprende la unión del polipéptido PRO301, PR362 o PRO245 a uno de un conjunto de polímeros no proteináceos, 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.

5 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 epítopo al que se puede unir selectivamente un anticuerpo anti-etiqueta. El epítopo-etiqueta se sitúa generalmente en el extremo terminal amino o carboxilo del PRO362. La presencia de dichas formas etiquetadas con epítopo del PRO362 se pueden detectar utilizando un anticuerpo contra el polipéptido etiqueta. Además, la disposición del epítopo-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 epítopo-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.

20 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 gliproteína 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: 1204-25 1210 (1988)]; el péptido epítopo KT3 [Martin *et al.*, *Science*, 255: 192-194 (1992)]; un péptido epítopo de α -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

30 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 35 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.

40 a. Aislamiento del ADN que codifica PRO362

45 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.

50 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 55 Laboratory Press, 1995)].

60 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 P, biotinilación o marcaje enzimático. Las condiciones de hibridación, incluyendo la astringencia moderada y la astringencia elevada, se proporcionan en Sambrook *et al.*, *supra*.

65 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 5 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 transcripto de forma inversa en el ADNc.

10 **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 nutriente convencionales modificados para que sean adecuados para inducir promotores, seleccionar transformantes, o amplificar los genes que codifican las 15 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*.

20 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, 25 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 30 para introducir ADN en células, tales como mediante microinyección nuclear, electroporación, fusión de protoplasto bacteriano con células intactas, o policaciones, 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).

35 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 40 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.

45 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 50 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 55 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 60 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.
- 5 La secuencia señal puede ser una secuencia señal procariota seleccionada, por ejemplo, del grupo de las secuencias líderes de fosfatasa alcalina, penicilinasa, 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 α 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.
- 10 15 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 2μ 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.
- 20 25 30 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, ampicillina, 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*.
- 35 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)].
- 40 45 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 β -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.
- 50 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.
- 55 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 degradativas 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.
- 60 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.
- 65 70 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 potenciadoras de genes de mamíferos (globina, elastasa, albúmina, α -fetoproteína e in-

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 polioma 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.

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.

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

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.

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 epítopo de anticuerpo específico.

e. Purificación de polipéptido

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 PRO326 se pueden romper mediante diversos medios físicos o químicos, tales como el ciclo congelación-descongelación, sonicación, destrucción mecánica, o agentes para lisar células.

Se puede desechar 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 sefarosa para eliminar contaminantes, tales como IgG, y columnas quelantes de metales para unir formas etiquetadas con epítopo 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

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 inhibidoras 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.

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,

- 5 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 10 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 epítopo de anticuerpo específico. A continuación, se proporcionan técnicas generales para generar anticuerpos y protocolos especiales para la transferencia Northern e hibridación *in situ*.

15 **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 20 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).

- 25 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, 30 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.

- 35 Los ensayos sándwich implican la utilización de dos anticuerpos, cada uno capaz de unirse a una parte inmunogénica diferente, o epítopo, 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 40 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.

45 **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.

- 50 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 transfecan 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 transfecar con el gen deseado y se monitoriza la actividad de la función inmune. Dichas líneas celulares transfecadas 55 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 transfecadas 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.

- 60 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]).

- 65 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 tritiatada. Este ensayo es una medida general de la reactividad de células T. Dado que la mayoría de células responde a y produce 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 singeneicos 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): 5 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 transplantes 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*, 2^a 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 transplante que se pueden utilizar para ensayar los compuestos de la presente invención son los modelos de transplante alógeneico 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 de 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 diseñar 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).

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

20 En los animales se pueden examinar además los signos de patología de enfermedad inmune, por ejemplo, mediante 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 25 bloqueo que se unen al polipéptido de la presente invención, preparado tal y como se ha descrito anteriormente, y se determina el efecto en la función inmune.

30 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 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, *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 embriones químéricos 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

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

65 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.

5 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 recessivos, 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]).

10 15 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.

20 25 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^{HER3}, 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]).

30 35 40 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. Hacia* 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 Herceptin7) ha sido clínicamente activo en pacientes con cánceres de mama metastásicos que sobreexpresan ErbB2 que habían recibido terapia anticancerígeno previa a la extensión. (Baselga *et al.*, *J. Clin. Oncol.* 14: 737-744 [1996]).

7. Ensayos de cribado para fármacos candidatos

45 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 quimioteclas, siendo particularmente adecuados para identificar fármacos candidatos de molécula pequeña. Entre las 50 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 policloniales 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 55 ensayos de unión proteína-proteína, ensayos de cribado bioquímico, inmunoensayos y ensayos basados en células, que están bien caracterizados en la técnica.

60 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 interaccionen.

65 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 5 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.*, 10 *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 15 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 20 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 25 sustrato cromatogénico para β -galactosidasa. En Clontech se encuentra disponible comercialmente un equipo completo (MATCHMAKERTM) 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 30 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, 35 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.

40 *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 45 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 50 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 55 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 60 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*.

65 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, bienes específicos 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, diconomicolato 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 antigenico 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 inmortalizada 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 inmortalizadas 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 inmortalizadas 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 inmortalizadas preferidas son aquéllas 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 inmortalizadas 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, eletroforesis en gel, diálisis, o cromatografía de afinidad.

5 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 ligera y pesada de anticuerpos murinos). Las células de hibridoma de la presente invención 10 sirven como una fuente de dicho ADN. Una vez aislado, el ADN se puede colocar en vectores de expresión, que a continuación se transfecan 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, 15 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 20 de antígeno de un anticuerpo de la presente invención para crear un anticuerpo químérico bivalente.

20 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 25 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.

30 *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 químéricas, 35 cadenas de inmunoglobulinas o fragmentos de las mismas (tales como Fv, Fab, Fab', F(ab')₂ 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 40 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 45 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)].

50 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); 55 Verhoeyen *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 químéricos (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 60 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. Inmunol.*, 147(1): 86-95 (1991); patente USA No. 5.750.373]. De forma similar, 65 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).

10 d. *Anticuerpos biespecíficos*

15 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.

20 15 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 25 hibridomas (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.

30 25 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 35 fusiones de cadena pesada de inmunoglobulina y, si se desea, la cadena ligera de inmunoglobulina, se insertan en vectores de expresión separados, y se cotransfieren 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).

35 e. *Anticuerpos heteroconjugados*

40 35 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 45 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-mercaptopbutirimidato y los descritos, por ejemplo, en la Patente de Estados Unidos No. 4.676.980.

45 f. *Diseño de la función efectora*

50 45 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 55 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 Shope, *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).

60 g. *Inmunoconjungados*

65 60 La presente invención también se refiere a inmunoconjungados 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 radioconjungado).

65 65 Los agentes quimioterapéuticos útiles para la generación de dichos inmunoconjungados 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 radioconjungados. 5 Algunos ejemplos son ^{212}Bi , ^{131}I , ^{131}In , ^{90}Y y ^{186}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-piridiiditol)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-azidobenzoil)hexanodiamina), derivados de bis-diazonio (tales como bis-(p-diazoniobenzoil)-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-metildietilen triaminopentaacético (MX-DTPA) marcado con carbono 14 es un ejemplo de 10 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 15 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. 20 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.

30 Se pueden generar liposomas particularmente útiles mediante el procedimiento de evaporación de fase inversa con una composición lipídica que comprende fosfatidicolina, 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 35 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

40 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.

45 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* 16^a 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 50 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™, PLURONICS™ o polietilenglicol (PEG).

60 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.

65 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 5 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 10 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* 16^a Edición, Osol, A. Ed. (1980).

Las formulaciones a utilizar para la administración *in vivo* deben ser estériles. Esto se consigue fácilmente mediante 15 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 20 de matrices de liberación controlada se incluyen poliésteres, hidrogeles (por ejemplo, polí(2-hidroxietil-metacrilato) o poli(vinilalcohol)), poliláctidos (Patente de Estados Unidos No. 3.773.919), copolímeros de ácido L-glutámico y γ etil-L-glutamato, copolímeros de etileno-acetato de vinilo no degradables, copolímeros de ácido láctico-ácido glicólico degradables, tales como el LUPRON DEPOTTM (microesferas inyectables compuestas de copolímero de ácido láctico-ácido glicólico y acetato de leuprolide) y ácido poli-D-(-)-3-hidroxibutírico. Mientras que polímeros, tales como 25 etileno-acetato de vinilo y ácido láctico-ácido glicólico, permiten la liberación de moléculas durante 100 días, ciertos hidrogeles liberan proteínas durante períodos 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 30 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 35 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 35 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 40 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 indican 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 45 está implicada en el reclutamiento de monocitos en respuesta a MCP-1, MCP-3 y LPS *in vivo*. Los anticuerpos para JAM bloquean la transmigración de monocitos *in vivo*. La JAM se localiza en el epitelio y endotelio murino como una molécula de adhesión de unión para la transmigración 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 50 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, 55 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 limfocítica juvenil, tiroiditis atrófica), diabetes mellitus, enfermedad renal mediada por el sistema inmune (glomerulonefritis, nefritis tubulointersiticial), enfermedades desmielinizantes de los sistemas nerviosos central y periférico, tales como la esclerosis múltiple, 60 polineuropatía desmielinizante idiopática o síndrome de Guillain-Barre y polineuropatía desmielinizante inflamatoria crónica, enfermedades hepatobiliarias 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 65

ES 2 305 608 T3

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, 5 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 10 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.

15 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 reumatoideos, 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 reumatoideos 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, 20 arteritis coronaria, neumonitis intersticial con fibrosis pulmonar, queratoconjuntivitis seca y nódulos reumatoideos.

25

La artritis crónica juvenil es una enfermedad inflamatoria idiopática crónica que empieza frecuentemente con como mínimo 16 años. Su fenotipo tiene algunas similaridades con la RA; algunos pacientes que presentan un resultado 30 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.

40 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: esponilitis anquilosante, síndrome de Reiter (artritis reactiva), artritis asociada con la enfermedad del intestino inflamatorio, espondilitis asociada con psoriasis, espondiloartropatía de inicio juvenil y espondiloartropatía no diferenciada. Las características diferenciables incluyen la sacroleitis con o sin espondilitis; artritis inflamatoria asimétrica; asociación con HLA-B27 (un alelo 45 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 1 como si fuera un péptido exógeno expresado por moléculas MHC de clase 1. Se ha realizado la hipótesis de que un epítopo de HLA-B27 puede mimetizar un epítopo 50 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 55 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 60 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.

65 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

- 5 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.

10 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 15 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, angiitis alérgica y granulomatosis, poliangiitis; granulomatosis de Wegener; 20 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.

25 La sarcoidosis es una enfermedad de etiología desconocida que se caracteriza por la presencia de granulomas epiteloides 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 30 células.

30 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.

35 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.

40 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 tiroidal. Los 45 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).

50 La diabetes mellitus tipo I o diabetes dependiente de insulina es la destrucción autoinmune de células β 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 pueden producir el fenotipo de la no respuesta a insulina.

55 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 60 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 humorales y celulares pueden estar implicados en la patogénesis de las lesiones.

65 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-

ES 2 305 608 T3

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 eosinofílico, 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 bulliosa, 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 un enfermedad inflamatoria mediada por linfocitos T. Las lesiones contienen infiltrados de linfocitos T, macrófagos y células que procesan抗ígenos y algunos neutrófilos.

Las enfermedades alérgicas, incluyendo asma; rinitis alérgica, dermatitis atópica; hipersensibilidad a la comida; 20 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.

Las enfermedades asociadas a trasplantes, incluyendo el rechazo de injerto y la enfermedad de injerto contra huésped (GHVD) 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 inmuno 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 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.

35 Se ha demostrado que algunos pacientes de cáncer humanos desarrollan una respuesta de anticuerpo y/o linfocitos T a抗ígenos 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 inhibidoras (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.

En la terapia con inmunoadyuvants, 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 60 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 65 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.

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, 5 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 10 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 15 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 20 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 µg/kg a 15 mg/kg (por 25 ejemplo, 0,1-20 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 µg/kg a 100 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 30 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 35 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 40 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, 45 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 50 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 55 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 60 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 genético 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*.

ES 2 305 608 T3

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 20 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 25 *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 30 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 35 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 40 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 45 *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 45 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 50 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 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 pRK8 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.

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 55 DNA40628 se ha depositado con la ATCC y se le asignó el depósito de ATCC no. 209432.

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 60 (30%) y con la proteína receptora de virus cocksackie y adenovirus (29%).

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 TGATCGCGATGGGGACAAAGGCGCAAGCTCGAGAGGAAACTGTTGTGCCT

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.

60

Se sintetizaron cebadores de PCR (directos e inversos)

65 Cebador de PCR directo 1 (42257.f1) 5'-TATCCTCCAATTGAGCACCCTGG-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)

5 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:

10 Sonda de hibridación (42257.p1)

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

15 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.

20 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 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 25 SfiI; véase Holmes *et al.*, *Science* 253: 1278-1280 (1991)) en los sitios únicos XhoI y NotI.

30 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)].

35 La secuencia de nucleótidos completa de UNQ317 (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. 40 El clon UNQ317 (DNA45416-1251) se ha depositado con la ATCC de no. de depósito 209620.

Ejemplo 3

45 (Antecedentes)

Aislamiento de clones de ADNc que codifican PRO245 humano

50 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).

60 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'-ACCTGCGATATCCAACAGAACATTG-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 15 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 20 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 35 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 NoI.

40 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)

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

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 μ L 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 mcL. 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 μ L, 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 mcL 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_{405} nm. (1) en relación con las células sin estimulación, y (2) en relación a la inhibición por TGF- β 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.

10

TABLA 1

	Compuesto de prueba	Concentración	% Proliferación en relación al control
15	Proteína de DNA40628 (SEC ID No: 1)	7,0 nM	1,02
20	Proteína de DNA40628 (SEC ID No: 1)	70,0 nM	0,88
25	Proteína de DNA40628 (SEC ID No: 1)	700,0 nM	0,44
30	Proteína de DNA40628 (SEC ID No: 1)	0,01%	0,92
35	Proteína de DNA40628 (SEC ID No: 1)	0,1%	0,85
40	Proteína de DNA35638 (SEC ID No: 9)	1,0%	0,68
45	Proteína de DNA35638 (SEC ID No: 9)	0,01%	0,76
50	Proteína de DNA35638 (SEC ID No: 9)	0,1%	0,35
55	Proteína de DNA35638 (SEC ID No: 9)	1,0%	0,11
60	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

65

Ejemplo 5

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

5 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 10 puede tomar la forma de antagonistas del polipéptido de la presente invención, por ejemplo, anticuerpos químéricos 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.

15 Más específicamente, en una variante del ensayo, se aíslan células mononucleares de sangre periférica (PBMC) de individuos mamíferos, por ejemplo, un voluntario humano, mediante leuocéfresis (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 20 en medios de ensayo (37°C, 5% de CO₂) y a continuación se pueden lavar y resuspender hasta 3 x 10⁶ 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).

25 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 CO₂ durante 4 días. En el día 5, cada pocillo se pulsa con timidina tritiada (1,0 mC/pocillo; Amersham). 30 Despues de varias horas las células se lavan 3 veces y a continuación se evalúa la captación de marcador.

35 En otra variante de este ensayo, se aíslan las PBMC de los bazos de ratones Balb/c y ratones C57B6. Las células se laminan de bazos 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), 40 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 10⁷ 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.

45 (Tabla pasa a página siguiente)

50

55

60

65

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
20	Proteína de DNA40628 (SEC ID No: 1)	1,0%	204,1
25	Proteína de DNA45416 (SEC ID No: 2)	0,1%	87,4
30	Proteína de DNA45416 (SEC ID No: 2)	1,0%	180,2
35	Proteína de DNA35638 (SEC ID No: 9)	0,1%	189,7
40	Proteína de DNA35639 (SEC ID No: 9)	0,1%	193,7
45	Proteína de DNA35638 (SEC ID No: 9)	1,0%	212,5
	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 químéricos 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 μ 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.

ES 2 305 608 T3

TABLA 3

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

20 Ejemplo 7

(Antecedentes)

25 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.

30 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.

35 Se resuspendieron los PMN en un tubo de microcentrifuga en PBS a una densidad de 2×10^6 células equivalentes por condición. Las células se lavaron dos veces con PBS enfriado en hielo y se sedimentaron a 400 x g entre lavados. Las células de PMN se bloquearon con BSA al 0,5% en PBS (reactivo de bloqueo) a 4°C durante 1 hora. Después de la incubación, las células se lavaron adicionalmente dos veces más con reactivo de bloqueo. Los PMN se sedimentaron 40 después del lavado final y se resuspendieron en 1 ml de tampón de bloqueo a 0,1 μ g/ml en la proteína DNA40626 y el anticuerpo de control. La incubación se llevó a cabo durante 2 horas a 4°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°C y sedimentando a 400 x 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 45 tampón de bloqueo. Las células de PMN se incubaron durante 1 hora a 4°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 alicuotas equivalentes de 100 μ l sobre una placa de microtitulación. El desarrollo del color se leyó a D.O. 405. Los resultados se muestran en la figura 21.

45 Ejemplo 8

(Antecedentes)

Hibridación de tejido por transferencia de puntos

50 Una transferencia (“blot”) madre de ARN humano (Clontech) se hibridó durante toda la noche a 65°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 55 (Kodak). Un análisis de hibridación de ADNc de tejidos humanos muestra que el ARNm de DNA40628 se expresa en muchos tejidos a excepción del cerebro 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.

60 Ejemplo 9

Sobreexpresión de productos génicos

65 Este ejemplo muestra que los genes que codifican varias proteínas indicadas en la figura 20 se sobreexpresan en el colon colítico 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.

ES 2 305 608 T3

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- α 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, TaqManTM) y en PCR cuantitativa a tiempo real (por ejemplo, ABI Prism 7700 Sequence Detection SystemTM (Perkin-Elmer, Applied Biosystems Division. 10 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 TaqManTM 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 15 de ácidos nucleicos únicas y que menos probablemente han ayustado ("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'-exonucleasa de la enzima Taq ADN polimerasa para monitorizar la amplificación a tiempo real. Se utilizan dos cebadores 20 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 25 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.

30 El procedimiento de la 5'-nucleasa se realiza en un dispositivo de PCR cuantitativa a tiempo real, tal como el ABI Prism 7700TM 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 35 los 96 pocillos y se detecta en el CCD. El sistema incluye un software para hacer funcionar los dispositivos y para analizar los datos.

40 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 45 de ácidos nucleicos.

45 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.

50 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.

55 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

60 (Antecedente)

Inducción de apoptosis de células endoteliales

65 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 2×10^4 células por pocillo en un volumen total de 100 μ 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.

10

TABLA 4

15	Compuesto de prueba	Concentración	% sobre la fluorescencia base
20	Proteína de DNA40628 (SEC ID No: 1)	0,11%	115,8
25	Proteína de DNA40628 (SEC ID No: 1)	0,33%	199,3
30	Proteína de DNA40628 (SEC ID No: 1)	1,0%	335,6
35	Proteína de DNA35638 (SEC ID No: 9)	0,11%	77,6
40	Proteína de DNA35638 (SEC ID No: 9)	0,33%	143,7
45	Proteína de DNA35638 (SEC ID No: 9)	1,0%	146,0
50	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

55 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 transmigración 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.

60

Ejemplo 11

Ensayo antitumoral *in vitro*

65 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

ES 2 305 608 T3

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 μ 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 μ 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 CO₂ 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 inhibidor 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	HCC-2998
			Melanoma	M14
Proteína de DNA40628 (SEC ID No: 1)	700 nM	6	Melanoma	M14
Proteína de DNA40628 (SEC ID No: 1)	152 nM	6	Colon	SR
			Melanoma	LOX IMVI
Proteína de DNA40628 (SEC	15,2 nM	6	Melanoma	LOX IMVI

60

65

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 Ovárico	HOP92 OVCAR-4
Proteína de DNA35638 (SEC	0,35 nM	2	Leucemia	SR

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

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 enterokinasa), 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.

5 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.

10 10 Despues 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.

15 20 25 30 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 enterokinasa. 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(laclq)). 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 $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$, 0,71 g de citrato sódico- $2\text{H}_2\text{O}$, 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_4 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.

35 40 45 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 sulfato 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^{2+} -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.

50 55 60 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 cromatógrafió 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_{280} 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.

65 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 diálsis o mediante filtración en gel con resinas Superfine G25 (Pharmacia) equilibradas en el tampón de formulación y filtrada de forma estéril.

ES 2 305 608 T3

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.

10 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.

15 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 μ g de ADN de pRK5-PRO362 con aproximadamente 1 μ g de ADN que codifica el gen del ARN de VA [Thimmappaya *et. al.*, *Cell*, 31:543 (1982)] y se disuelve en 500 μ l de 1 mM de Tris-HCl, 0,1 mM de EDTA, 0,227 M de CaCl₂. A esta mezcla se le añade, gota a gota, 500 μ l de 50 mM de HEPES (pH 7,35), 280 mM de NaCl, 1,5 mM de NaPO₄, 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.

20 25 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 μ Ci/ml de ³⁵S-cisteína y 200 μ Ci/ml ³⁵S- 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.

30 35 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.*, 78: 1575 (1981). Las células 293 se desarrollan hasta la máxima densidad en un frasco giratorio y se añaden 700 μ 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 μ g/ml de insulina bovina y 0,1 μ g/ml de transferrina bovina. Despues 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 diálsis y/o cromatografía en columna.

40 45 En otra realización, PRO362 puede expresarse en células CHO. El pRK5-PRO362 puede transfectarse en células CHO utilizando reactivos conocidos, tales como CaPO₄ 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 ³⁵S-metionina. Despues 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.

50 55 El PRO362 etiquetado con epítopo 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 epítopo 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-Ni²⁺.

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

65 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 10 congelan 3×10^7 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 15 centrifugación. El contenido se pipeteó en un tubo de centrífuga 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 μm con un 5% de suero bovino fetal dialfiltrado a 0,2 μm). 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 3×10^5 células/ml. El medio celular 20 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 25 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 30 viabilidad cayera por debajo del 70%, el cultivo celular se recogió mediante centrifugación y se filtró a través de un filtro de 0,22 μm . 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 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 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 35 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 inmunoadhesinas (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 μL de tampón de Tris 45 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 poliacrilamida 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 60 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 65 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.

ES 2 305 608 T3

El PRO362 recombinante puede aislarlo 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.

5

Ejemplo 16

Expresión de PRO362 en células de insectos infectadas de Baculovirus

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

15 El PRO362 se fusiona en dirección 5' a una etiqueta epítopo contenida en un vector de expresión de baculovirus. Dichas etiquetas epítopo 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 20 subclona en el vector de expresión.

25 El baculovirus recombinante se genera mediante la cotransfección del plásmido anterior y el ADN del virus BaculoGoldTM (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 30 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'Reilly *et. al.*, *Baculovirus expresion vectors: A Laboratory Manual*, Oxford: Oxford University Press (1994).

35 A continuación, el PRO362 etiquetado con poli-His expresado puede purificarse, por ejemplo, mediante cromatografía de afinidad de Ni²⁺-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 MgCl₂; 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 Ni²⁺-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 A₂₈₀ 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 A₂₈₀ 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 Ni²⁺-NTA-conjugado a fosfatasa alcalina (Qiagen). Las fracciones que contienen PRO362 etiquetado con His₁₀ eluído se agrupan y se dializan contra el tampón de carga.

45

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.

50 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.

55 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 frugiperdo* ("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 60 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 (Pharmacia) 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.

ES 2 305 608 T3

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 CO₂, 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 ie1 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 ie1 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 ie1 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.

45

Ejemplo 17

Preparación de anticuerpos que se unen a PRO362

50

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

5 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.

10 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.

15 10 Las células de hibridoma positivas se pueden inyectar intraperitonealmente en ratones singeneicos 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

20 20 Los siguientes materiales se han depositado con la American Type Culture Collection, 12301 Parklawn Drive, Rockville, MS, USA (ATCC):

	Material	ATCC Dep.	Fecha del depósito
		No.	
25	plásmido DNA40628-1216	209432	7 de noviembre de
30	basado en pRK5		1997
	DNA45416-1251	209620	5 de febrero de
35			1998
	DNA35638-1141	209265	16 de septiembre
			de 1997

40 40 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).

45 55 55 El cessionario de la presente solicitud ha acordado que si un cultivo de los materiales en el depósito mueriera 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.

60 60 65 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]

- EP 117060 A [0128]
- EP 117058 A [0128]
- 5 • US 4376110 A [0139]
- US 4873191 A [0157]
- 10 • US 4736866 A [0157]
- WO 9733551 A [0175] [0176]
- 15 • US 5750373 A [0191]
- US 5545807 A [0191]
- US 5545806 A [0191]
- 20 • US 5569825 A [0191]
- 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]
- 40 • US 4485045 A [0201]
- 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]
- 10 • **ZAPATA** *et al.* *Protein Eng.*, 1995, vol. 8 (10), 1057-1062 [0076]
- 15 • **KOHLER** *et al.* *Nature*, 1975, vol. 256, 495 [0082]
- 20 • **CLACKSON**. *Nature*, 1991, vol. 352, 624-628 [0082]
- 25 • **MARKS** *et al.* *J. Mol. Biol.*, 1991, vol. 222, 581-597 [0082]
- 30 • **MORRISON** *et al.* *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 1984, vol. 81 (685), 1-6855 [0083]
- 35 • **JONES** *et al.* *Nature*, 1986, vol. 321, 522-525 [0084] [0189] [0190]
- 40 • **REICHMANN** *et al.* *Nature*, 1988, vol. 332, 323-329 [0084]
- 45 • **PRESTA**. *Curr. Op. Struct. Biol.*, 1992, vol. 2, 593.596 [0084]
- 50 • **PLUCKTHUN**. The Pharmacology of Monoclonal Antibodies. Springer-Verlag, 1994, vol. 113, 269-315 [0085]
- 55 • **HOLLINGER** *et al.* *Proc. Natl Acad Sci. USA*, 1993, vol. 90, 6444-6448 [0086]
- 60 • **CARTER** *et al.* *Nucl. Acids Res.*, 1986, vol. 13, 4331 [0095]
- 65 • **ZOLLER** *et al.* *Nucl. Acids Res.*, 1987, vol. 10, 6487 [0095]
- 70 • **WELLS** *et al.* *Gene*, 1985, vol. 34, 315 [0095]
- 75 • **WELLS** *et al.* *Philos. Trans. R. Soc.*, 1986, vol. 317, 415 [0095]
- 80 • **CREIGHTON**. *The Proteins*. W.H. Freeman & Co., 1976, vol. 150, 1 [0096]
- 85 • **CHOTHIA**. *J. Mol. Biol.*, 1976, vol. 150, 1 [0096]
- 90 • **T.E. CREIGHTON**. Proteins: Structure and Molecular Properties. W.H. Freeman & Co, 1983, 79-86 [0098]
- 95 • **APLIN; WRISTON**. CRC Crit. Rev. Biochem., 1981, 259-306 [0101]
- 100 • **HAKIMUDDIN**. *Arch. Biochem. Biophys.*, 1987, vol. 259, 52 [0102]
- 105 • **EDGE** *et al.* *Anal. Biochem.*, 1981, vol. 118, 131 [0102]
- 110 • **THOTAKURA** *et al.* *Meth. Enzymol.*, 1987, vol. 138, 350 [0102]
- 115 • **FIELD** *et al.* *Mol. Cell. Biol.*, 1988, vol. 8, 2159-2163 [0105]
- 120 • **EVAN** *et al.* *Molecular and Cellular Biology*, 1985, vol. 5, 3610-3616 [0105]
- 125 • **PABORSKY** *et al.* *Protein Engineering*, 1990, vol. 3 (6), 547-553 [0105]
- 130 • **HOPP**. *BioTechnology*, 1988, vol. 6, 1204-1210 [0105]
- 135 • **MARTIN** *et al.* *Science*, 1992, vol. 255, 192-194 [0105]
- 140 • **SKINNER** *et al.* *J. Biol. Chem.*, 1991, vol. 266, 15163-15166 [0105]
- 145 • **LUTZ-FREYERMUTH** *et al.* *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 1990, vol. 87, 6393-6397 [0105]
- 150 • **STEWART** *et al.* Solid-Phase Peptide Synthesis. W.H. Freeman Co, 1969 [0106]
- 155 • **MERRIFIELD**. *J. Am. Chem. Soc.*, 1963, vol. 85, 2149-2154 [0106]
- 160 • **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]
- 15 • **MANSOUR** *et al.* *Nature*, 1988, vol. 336, 348-352 [0113]
- **GRAHAM** *et al.* *J. Gen Virol.*, 1977, vol. 36, 59 [0116]
- 20 • **URLAUB**; **CHASIN**. *Proc. Natl. Acad Sci. USA.*, 1980, vol. 77, 4216 [0116]
- **MATHER**. *Biol. Reprod.*, 1980, vol. 23, 243-251 [0116]
- 25 • **URLAUB** *et al.* *Proc. Natl. Acad Sci. USA*, 1980, vol. 77, 4216 [0121]
- **STINCHCOMB** *et al.* *Nature*, 1979, vol. 282, 39 [0121]
- 30 • **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]
- 35 • **CHANG** *et al.* *Nature*, 1978, vol. 275, 615 [0122]
- **GOEDDEL** *et al.* *Nature*, 1979, vol. 281, 544 [0122]
- **GOEDDEL**. *Nucleic Acids Res.*, 1980, vol. 8, 4057 [0122]
- 40 • **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]
- **HESS** *et al.* *J. Adv. Enzyme Reg.*, 1968, vol. 7, 149 [0123]
- 45 • **HOLLAND**. *Biochemistry*, 1978, vol. 17, 4900 [0123]
- **GETHING** *et al.* *Nature*, 1981, vol. 293, 620-625 [0128]
- **MANTEI** *et al.* *Nature*, 1979, vol. 281, 40-46 [0128]
- 50 • **THOMAS**. *Proc. Natl. Acad Sci. USA.*, 1980, vol. 77, 5201-5205 [0129]
- **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]
- **SCHWARTZ**, R. H. *Cell*, 1992, vol. 71, 1065 [0145]
- 65 • **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]
- 10 • **HELLSTROM, I.; HELLSTROM,** K. E. *Crit. Rev. Immunol.*, 1998, vol. 18, 1 [0146]
· *Current Protocols in Immunology*. John Wiley & Sons. Inc, 1994 [0149]
- 15 • **GRABBE,** S.; **SCHWARZ.** T. *Immun. Today*, 1998, vol. 19 (1), 37-44 [0149]
- **AUCHINCLOSS.** H. JR.; **SACHS.** D. H. *Fundamental Immunology*. Raven Press, 1989, 889-992 [0151]
- 20 • **TANABE,** M. *et al. Transplantation*, 1994, vol. 58, 23 [0151]
- **TINUBU.** S. A. *et al. J. Immunol.*, 1994, 4330-4338 [0151]
- 25 • **BOLTON.** C. *Multiple Sclerosis*, 1995, vol. 1, 143 [0153]
- **DUNCAN.** I. D. *et al. Molec. Med Today*, 1997, 554-561 [0153]
- **ISSEKUTZ,** A. C. *et al. Immunology*, 1996, vol. 88, 569 [0154]
- 30 • **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]
- 35 • **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]
- **THOMPSON** *et al. Cell*, 1989, vol. 56, 313-321 [0157]
- 40 • **LO.** *Mol. Cel.. Biol.*, 1983, vol. 3, 1803-1814 [0157]
- **LAVITRANO** *et al. Cell*, 1989, vol. 57, 717.73 [0157]
- **LASKO** *et al. Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 1992, vol. 89, 623-636 [0158]
- 45 • **THOMAS; CAPECCHI.** *Cell*, 1987, vol. 51, 503 [0161]
- **LI** *et al. Cell*, 1992, vol. 69, 915 [0161]
- **BRADLEY.** Teratocarcinomas and Embryonic Stem Cells: A Practical Approach. IRL, 1987, 113-152 [0161]
- 50 • **DESMET.** C. *et al. Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 1996, vol. 93, 7149 [0162]
- **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]
- **SLAMON** *et al. Science*, 1987, vol. 235, 177-182 [0166]
- 65 • **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]
- 10 • **FIELDS; SONG**. *Nature*, 1989, vol. 340, 245-246 [0171]
- **CHIEN** *et al.* *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 1991, vol. 88, 9578-9582 [0171]
- 15 • **CHEVRAY; NATHANS**. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 1991, vol. 89, 5789-5793 [0171]
- **ROSSI**. *Current Biology*, 1994, vol. 4, 469-471 [0175]
- 20 • **KOHLER; MILSTEIN**. *Nature*, 1975, vol. 256, 495 [0180]
- **GODING**. *Monoclonal Antibodies: Principles and Practice*, 1986, 59-103 [0181]
- 25 • **KOZBOR**. *J. Immunol.*, 1984, vol. 133, 3001 [0182]
- **BRODEUR** *et al.* *Monoclonal Antibody Production Techniques and Applications*. Marcel Dekker. Inc, 1987, 51-63 [0182]
- 30 • **MUNSON; POLLARD**. *Anal. Biochem.*, 1980, vol. 107, 220 [0183]
- **RIECHMANN** *et al.* *Nature*, 1988, vol. 332, 323-329 [0189]
- 35 • **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]
- 40 • **HOOGENBOOM; WINTER**. *J. Mol. Biol.*, 1991, vol. 227, 381 [0191]
- **MARKS** *et al.* *J. Mol. Biol.*, 1991, vol. 222, 581 [0191]
- **COLE** *et al.* *Monoclonal Antibodies and Cancer Therapy*. Alan R. Liss, 1985, 77 [0191]
- 45 • **BOEMER** *et al.* *J. Immunol.*, 1991, vol. 147 (1), 86-95 [0191]
- **MARKS** *et al.* *Bio/Technology*, 1992, vol. 10, 779-783 [0191]
- **LONBERG** *et al.* *Nature*, 1994, vol. 368, 856-859 [0191]
- 50 • **MORRISON**. *Nature*, 1994, vol. 368, 812-13 [0191]
- **FISHWILD** *et al.* *Nature Biotechnology*, 1996, vol. 14, 845-51 [0191]
- **NEUBERGER**. *Nature Biotechnology*, 1996, vol. 14, 826 [0191]
- 55 • **LONBERG; HUSZAR**. *Intern. Rev. Immunol.*, 1995, vol. 13, 65-93 [0191]
- **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. 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]
- 10 • **GABIZON** *et al. J. National Cancer Inst.*, 1989, vol. 81 (19), 1484 [0202]
- *Remington's Pharmaceutical Sciences*. 1980 [0204] [0208]
- 15 • **MARASCO** *et al. Proc. Natl. Acad Sci. USA*, 1993, vol. 90, 7889-7893 [0206]
- **MARTIN-PADURA** *et al. J. Cell Biol.*, 1998, vol. 142 (1), 117-27 [0213]
- 20 • *Chemotherapy Service*. Williams & Wilkins, 1992 [0239]
- **ALTSCHUL** *et al. Methods in Enzymology*, 1996, vol. 266, 460-480 [0249]
- 25 • **HOLMES** *et al. Science*, 1991, vol. 253, 1278-1280 [0253] [0262] [0270]
- **ALTSHUL** *et al. Methods in Enzymology*, 1996, vol. 266, 460-480 [0257]
- 30 • **ALTSHUL** *et al. Methods In Enzymology*, 1996, vol. 266, 460-480 [0265]
- *Current Protocol in Immunology*. John Wiley & Sons. Inc, [0276]
- 35 • **SCAN**. J. CLIN. LAB INVEST. Scan. *J. Clin. Lab Invest.*, 1968, vol. 97, 51-76 [0283]
- **SPENCER** *et al. J. Exp. Med.*, 1998, vol. 187, 571-578 [0287]
- 40 • **SKEHAN** *et al. J. Natl. Cancer Inst.*, 1990, vol. 82, 1107-1112 [0297]
- **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]
- 45 • **BOLIVAR** *et al. Gene*, 1977, vol. 2, 95 [0306]
- **THIMMAPPAYA** *et al. Cell*, 1982, vol. 31, 543 [0316]
- **SOMPARYRAC** *et al. Proc. Natl. Acad. Sci.*, 1981, vol. 12, 7575 [0318]
- 50 • **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
- 55 • **RUPERT** *et al. Nature*, 1993, vol. 362, 175-179 [0336]
- **CARTIER**. J.L. *et al. J. Virol.*, 1994, vol. 68, 7728-7737 [0343]

55

60

65

REIVINDICACIONES

1. Ácido nucleico aislado que:

- 5 (i) codifica un polipéptido que comprende la secuencia de aminoácidos mostrada en la figura 3 (SEC ID No. 2);
 - 10 (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*;
 - 15 (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*;
 - 20 (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);
 - 25 (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*;
 - 30 (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);
 - 35 (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;
 - 40 (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*;
 - 45 (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
 - 50 (xiii) se híbrida 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.

55 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.

60 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%.

65 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.
- 5 8. Célula huésped según la reivindicación 7, que es una célula CHO.
9. Célula huésped según la reivindicación 7, que es *E. coli*.
- 10 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.
- 15 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*;
 - 25 (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*;
 - 30 (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
 - 35 (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.
- 45 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%.
- 50 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%.
- 55 18. Molécula químérica que comprende un polipéptido según cualquiera de las reivindicaciones 12 a 17, fusionado a una secuencia de aminoácidos heteróloga.
19. Molécula químérica según la reivindicación 18, en la que dicha secuencia de aminoácidos heteróloga es una secuencia de epítopo etiqueta.
- 60 20. Molécula químérica 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.
- 65 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.
- 5 25. Anticuerpo según la reivindicación 24 que está marcado.
26. Anticuerpo según la reivindicación 25 que está inmovilizado sobre un soporte sólido.
- 10 27. Anticuerpo según cualquiera de las reivindicaciones 21 a 24 que es un anticuerpo de cadena única o un fragmento de anticuerpo.
- 15 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 químérica según cualquiera de las reivindicaciones 18 a 20, para su uso en un método de tratamiento.
- 15 30. Polipéptido o molécula químérica según la reivindicación 29, para su uso en el tratamiento del cáncer.
- 20 31. Uso de un polipéptido según cualquiera de las reivindicaciones 12 a 17, o molécula químérica según cualquiera de las reivindicaciones 18 a 20, en la preparación de un medicamento para el tratamiento del cáncer.
- 25 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.
- 30 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.

35

40

45

50

55

60

65

FIGURA 1A

SEQ ID NO: 6	A33	1 W G K W W P Y [WT] C A V A V I T [DA] S V E T P Q D V I L R A S [G K S V T I L P C T Y H I S T S
SEQ ID NO: 1	40528	1 W G T K A O V E R K [L C F I L A I L C S] L A L G S Y T Y H S S E P E Y A I P E
SEQ ID NO: 2	45416	1 . . . W G I L [G L L L G H L T Y D T Y G R P I L E Y P E S V T G P W K G D V H L P C T Y O P L
SEQ ID NO: 9	35638	1 W A R R S R H R [L L L L R Y Y A L G Y H K A Y G F S A P K D O Q V Y T A V E
SEQ ID NO: 10	JAM	1 . W G T E G K A G R K L L F T S W I L G S L V Q G K S V Y T A Q S D Y Q Y P E
A33	51 S R E G L I Q W D K L L L I T E R V V I W P F S M K H Y I H G E L Y K H A Y S I S H N H A E Q S D A	52 [D] R E G L I Q W D K L L L I T E R V V I W P F S M K H Y I H G E L Y K H A Y S I S H N H A E Q S D A
40528	43 K H P V K [s C A Y S G F S S P R V E W K F D O G O T T R A L Y C Y N N K I T A S Y E D [D] R V T F L P T	44 K H P V K [s C A Y S G F S S P R V E W K F D O G O T T R A L Y C Y N N K I T A S Y E D [D] R V T F L P T
45416	47 Q G Y T Q V L Y K W L V Q R G S O P V T I F L R D S S G D H I Q Q A K Y Q G R L H Y S H K V P G O V	48 Q G Y T Q V L Y K W L V Q R G S O P V T I F L R D S S G D H I Q Q A K Y Q G R L H Y S H K V P G O V
35638	43 Y Q E A I C A C K I P K K T V S S R L E W K K L [G R S V S F Y Y Y Q O T T L O G D F K H R A E M I D F	49 Y Q E A I C A C K I P K K T V S S R L E W K K L [G R S V S F Y Y Y Q O T T L O G D F K H R A E M I D F
JAM	42 H E S I K L I C I Y S G F S S P R V E W K F V Q G S T T A L Y C Y N S Q I T A P Y A D R V T F S S S	50 H E S I K L I C I Y S G F S S P R V E W K F V Q G S T T A L Y C Y N S Q I T A P Y A D R V T F S S S
A33	101 S I T I D O L I T H A D H G T Y E C S V S L S O L E G N T K S R Y R E L L V Y P P S K	102 S I T I D O L I T H A D H G T Y E C S V S L S O L E G N T K S R Y R E L L V Y P P S K
40528	93 G I T F K S V T R E O T G Y T C H V S E E G G N S Y G E Y K Y K L I V L V Y P P S K	94 G I T F K S V T R E O T G Y T C H V S E E G G N S Y G E Y K Y K L I V L V Y P P S K
45416	97 S L Q L S T L E W D D R S H Y T C E Y T W Q T P D G N Q V V A D K I T E L R V O K L S V S K P I V T	98 S L Q L S T L E W D D R S H Y T C E Y T W Q T P D G N Q V V A D K I T E L R V O K L S V S K P I V T
35638	93 H I R I K H Y T R A S D A G K Y R A C E Y S A P S E G G O N L E E O T Y T L E V I Y A P A V	99 H I R I K H Y T R A S D A G K Y R A C E Y S A P S E G G O N L E E O T Y T L E V I Y A P A V
JAM	92 G I T F S S V T A R K O N G E Y T C H V S E E G G Q A Y G E V S I H L T V L V Y P P S K	100 G I T F S S V T A R K O N G E Y T C H V S E E G G Q A Y G E V S I H L T V L V Y P P S K
A33	144 P E C G I E G E T I I G H N I Q L T C O S K E G S P T I P O Y S W K R A Y M I L N Q E Q	101 P E C G I E G E T I I G H N I Q L T C O S K E G S P T I P O Y S W K R A Y M I L N Q E Q
40528	135 P T V N I P S S A T I G H R A Y L T C S E Q Q G S P P S E Y I W F K D G I V M P I H . P K S T R A F	102 P T V N I P S S A T I G H R A Y L T C S E Q Q G S P P S E Y I W F K D G I V M P I H . P K S T R A F
45416	147 T G S G Y G F T V P O G H R I S L O C G A R . G S P P I S Y I W Y K Q O T N N Q E P	103 T G S G Y G F T V P O G H R I S L O C G A R . G S P P I S Y I W Y K Q O T N N Q E P
35638	137 P S C E V P S S A S I L S G T V V E L R A C O K E G N P A P E Y I W F K D G I A L L E N . P R I G S Q S	104 P S C E V P S S A S I L S G T V V E L R A C O K E G N P A P E Y I W F K D G I A L L E N . P R I G S Q S
JAM	134 P T I S V P S S V T I G H R A Y L T C S E H D G S P P S E Y S W F K D G I S W L T A D A K K T R A F	105 P T I S V P S S V T I G H R A Y L T C S E H D G S P P S E Y S W F K D G I S W L T A D A K K T R A F

FIG.- 1A

FIGURA 1B

SEQ ID NO: 6	A33	186	PLAQOPASGGOPVSLKHNISTDTSGYIICISSSHEEG.....TQFCNITY
SEQ ID NO: 1	40628	184	SHSSYVILNPTTIGELVFDPLSAISOTGEYSCEARNGYG.....IPWTSNAV
SEQ ID NO: 2	45416	188	IKVATLSTTLLFKPAVIADSGSYFCTAKGAVGSEOHSDIVKFVVKD
SEQ ID NO: 9	35638	186	TNSSYTWTNTKIGTLOFNTVSKLDIGEYSCEARNSYG.....YRRCPGKRA
SEQ ID NO: 10	JAM	184	WNSSFTIDPKSGOLIFDPTAFDSCGEYYCQAGNGYG.....IAWSEAA
A33	227	AVRSPSWNVAYGIAVGVVAAVYVLLGILVFGIWFAYSRGHFDRTKKGTIDKEADA..	
40628	228	RWAEVERINYGVIYAVVYVLLGILVFGIWFAYSRGHFDRTKKGTIS...	
45416	233	SSSKLLKTKTEAPTTMITYPLKATSTVQSWWTTDGYLGETISAGPGKSL	
35638	230	WQYDOLNISGIIIAAVVVALVIVSVCGLGVCYAORKGYFSKETSFQKS..	
JAM	228	WWDAYELNVGGIVAVVYVLLGILFGVWFLAYSGYFETIKKGTRAP..	
A33	275	RPNREREAYEEPPPEQLRELSSREREEDDYRQEEQRSTGRESPDHLDQ	
40628	275	SKKVIYSQPSARSEGEFKOTSSFLY.....	
45416	283	PVFAILLISLCMIVFTWAVIHLCKRTSQEHWYEAAR.....	
35638	277	WSSSKATTW.SENVQWLTIPVIPALWKAAGGSRGQEF.....	
JAM	276	GKKVIYSQPSARSEGEFKOTSSFLY.....	

FIG.- 1B

SEQ ID NO:1	Met Gly Thr Lys Ala Gln Val Glu Arg Lys Leu Leu Cys Ser Leu Ala Ile Leu Cys Ser Leu Ala Leu Cys 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 Asp Thr Gly Glu Tyr	185 190 195 200 205 210
Ser Cys Glu Ala Arg Asn Gly Tyr 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 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

FIGURA 2

SEQ ID NO:2
1 MCILIGLILLL GHLTVDTYGR PILEVPESTV GPWKGDVNLPP CTYDPLQCYT QVLVXWLVQR CSDPVTIFLR DSSGDIHQQA KYQGRLAIVSH KVPGDVSLSQL

101 STLEMDDRSH YTCEVTVQTP DGNQVVRDKI TELRVQKLSV SKRPTVTTGSC YCFTPQCMR ISLQCCQARGC PPISYIMWYKQ QTMNQEPIKV ATLSLJLFKP
 Glycosaminoglycan attachment site

201 AVIADSGSYF CTAKGQVGSE QHSDIVKFWV KOSSKLUKTK TEAPTTMTP LKATSTVKQS WDTTMDGY LGETSAGPCK SLPVFAIIIL ISUCCMVFT

301 MAYIMLCKRT SQQEVYEAAR

FIGURA 3

OLI2162 (35936.f1)
 SEQ ID NO:12
 TCGGGGAGCTGTTCTGTTCCC

OLI2163 (35936.p1)
 SEQ ID NO:13
 TGATCGGGATGGGACAAAGGGCAAGCTCGAGAGGAAACTGTTGTGCCT

OLI2164 (35936.f2)
 SEQ ID NO:14
 ACACCTGTTCAAAGATGGG

OLI2165 (35936.r1)
 SEQ ID NO:15
 TAGGAAGAGTTGCTGAAGGCACGG

FIGURA 8

ES 2 305 608 T3

DNA35936 SEQ ID NO:3

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

FIGURA 4A

consen01 SEQ ID NO:4

TCTCAGTCCC CTCGCTGTAG TCGCGGAGCT GTGTTCTGTT TCCCAGGGAGT 50
CCTTCGGCGG CTGTTGTGCT CAGGTGCGCC TGATCGCGAT GGGGACAAAG 100
GCGCAAGCTC GAGAGGAAAC TGTTGTGCCT CTTCATATTG GCGATCCTGT 150
TGTGCTCCCT GGCATTGGGC AGTGTACAG TTGCACTCTT CTGAACCTGA 200
AGTCAGAATT CCTGAGAATA ATCCTGTGAA GTTGTCTGT GCCTACTCGG 250
GCTTTCTTC TCCCCGTGTG GAGTGGAAAGT TTGACCAAGG AGACACCACC 300
AGACTCGTTT GCTATAATAA CAAGATCACA GCTTCCTATG AGGACCGGGT 350
GACCTTCTTG CCAACTGGTA TCACCTCAA GTCCGTGACA CGGGAAAGACA 400
CTGGGACATA CACTTGTATG GTCTCTGAGG AAGGGCGCAA CAGCTATGGG 450
GAGGTCAAGG TCAAGCTCAT CGTGCTTGTG CCTCCATCCA AGCCTACAGT 500
TAACATCCCC TCCTCTGCCA CCATTGGGAA CCGGGCAGTG CTGACATGCT 550
CAGAACAAAGA TGGTTCCCCA CCTTCTGAAT ACACCTGGTT CAAAGATGGG 600
ATAGTGATGC CTACGAATCC CAAAAGCACC CGTGCCTTCA GCAACTCTTC 650
CTATGTCTTG AATCCACAA CAGGAGAGCT GGTCTTTGAT CCCCTGTCAG 700
CCTCTGATAAC TGGAGAATAC AGCTGT 726

FIGURA 4B

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 CAGGGAAACCC ATCAAAGTAG CAACCTAAG 350
 TACCTTACTC TTCAAGCCTG CGGTGATAGC CGACTCAGGC TCCTATTTCT 400
 GCAC TGCCAA 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 CTTGCCATC ATCCTCATCA TCTCCTTGTG 650
 CTGTATGGTG GTTTTACCA TGGCCTATAT CATGCTCTGT CGGAAGACAT 700
 CCCAACAAAGA GCATGTCTAC GAAGCAGCCA GGGCACATGC CAGAGAGGCC 750
 AACGACTCTG GAGAAACCAT GAGGGTGGCC ATCTTCGCAA GTGGCTGCTC 800
 CAGTGATGAG CCAACTTCCC AGAATCTGGG GCAACAACTA CTCTGATGAG 850
 CCCTGCATAG GACAGGAGTA CCAGATCATE GCCCAGATCA ATGGCAACTA 900
 CGCCCGCCTG CTGGACACAG TTCCCTCTGGA TTATGAGTTT CTGGCCACTG 950
 AGGGCAAAAG TGTCTGTTAA AAATGCCCA TTAGGCCAGG ATCTGCTGAC 1000
 ATAATTGCCT AGTCAGTCCT TGCCTCTGC ATGGCCTTCT TCCCTGCTAC 1050
 CTCTCTTCCT GGATAGCCCA AAGTGTCCGC CTACCAACAC TGGAGCCGCT 1100
 GGGAGTCACT GGCTTGCCC TGGAAATTGC CAGATGCATC TCAAGTAAGC 1150
 CAGCTGCTGG ATTTGGCTCT GGGCCCTTCT AGTATCTCTG CCGGGGGCTT 1200
 CTGGTACTCC TCTCTAAATA CCAGAGGGAA GATGCCATA GCACTAGGAC 1250
 TTGGTCATCA TGCCCTACAGA CACTATTCAA CTGGCCTAC TTGCCACCAG 1300
 AAGACCCGAG GGGAGGCTCA GCTCTGCCAG CTCAGAGGAC CAGCTATATC 1350
 CAGGATCATT TCTCTTCTT CAGGGCCAGA CAGCTTTAA TTGAAATTGT 1400
 TATTCACAG GCCAGGGTTC AGTTCTGCTC CTCCACTATA AGTCTAATGT 1450
 TCTGACTCTC TCCTGGTGCT CAATAAATAT CTAATCATAA CAGCAAAAAA 1500
 AAA 1503

FIGURA 4C

GGAGCTCTT CGGCCCTGT TTGTCTAGTG GCCTGATCGC AAGGGGACA AAGGGGAAAG TCGAGGGAA ACTGTCTCC CTCCTCATAT 100
 TGGGATCTT GTTGTCTCC CTCGGATTCG CGAAGTCTAC ACTGCTCTT TCTGAACTCT AAGTCAGAT TTCTTGAAT ATTCCTGAA AGTTGTCTG 200
 TGCCTACTCC GGCTTCTT CTCCCCCTGT GGAGTCTAGG TTTGACCAAG GAGCACCCAC CAGACTGTT TGCTTAAATA AGCTTCTCTAT 300
 GAGGACGGG TCTACCTCTT GCCAACCTGT ATCACCTCA AGTTCGGAGC ACGGGAAGAC ACTGGGAGAC AGTTCGGAGC ACAGATCTAC AGCTTCTCT 400
 ACAGCTATGG CGAGCTCAG GTCAAGCTCA TCGTCTCTGT GCCTCTCTCC AAGGCTACAG TTAACATCCC CTCCCTGCC ACCATTGGAA ACCGGGAGT 500
 GCTGACATGC TCTAGACAG ATGGTCCCC ACCTTCTGAA TACACTCTGT TCAAGATGG GATAGTGTG CCTAGQAATC CCAAGAAC CCGTGCCTC 600
 AGCAACTCTT CCTATGTCTT GAATCCACA ACAGGAGGC TGGTCTCTGA TCCCTCTGCA CCCTCTGATA CTGGAAATA CAGCTCTGAG GCACGGATG 700
 GGTATGGAC ACCCTGACT TCAATGTCTG TGGGATCTGAA ACCTCTGGAG CGGAATGTGG GGCTCATCTGT GGCAACCGTC CTGTAACCC TGATTCTCT 800
 GGGAAATCTG GTTGTGGCA TCTGGTTGC CTATAGCCGA GGCCTACTTGC ACAGAACAA GAAGGGACT TCGAGTAAGA AGTGTGTTA CAGCCAGGCT 900
 AGTGGCCGAA GTGAAAGGAA ATTCAAACAG ACTCTGTCAT TCTCTGTTG AGCTCTGTTG GCTCACCGCC TATCTCTGC ATTGCTCTTA CTCAGGTGCT 1000
 ACCGGACTCT GGGCCCTGTAT GTCTGTAGTT TCACAGGATG CCTTATTCTT CTCTCTACCC CCACAGGGCC CCCTACTCTT TCGGATGTCTT TTAAATAAT 1100
 GTCAGCTATG TCCCCCTCC TCCTTCATGC CCTCCCTCC TTCTCTACCA CTGCTCTG GCCTGGAACT TGTAAAGT GTTAAAGT GTTAAAGT CATTCTCTG 1200
 AGGGATCAGG AGGAATCTT GGATATGCCA TTGACTTCCC TTCTAAGTAG ACACCAAAA TGGGGGGGT CGCAGGAATC TGCACTAAC TGCCCACCTG 1300
 CCTGGAGGG ATCTTGTAT AGTATCTG AGCTTGTTT TGGCTCTT CCTCTCTAC TGACGACCAAG GGCAGGCTGT TCTAGAGGG GAATTAGAGG 1400
 CTAGAGGGC TGAATGTCTT GTTGTCTAT GCACTGGGG TCCTTCTATC TCTGGGGCC ACCCTCTCTT GTCTTCCAT GGAAAGTGCC ACTGGGATCC 1500
 CTCTCCCTG TCCCTCTGA TACAGCTGA CTGACATTGA CTGTCTGT GGAAATCTG AGCTCTGT GTCTGAAAGCA TAGTAATT TCAGGAACT 1600
 TGAAGCCAA AGGATTAAAC CGCTGCTCTA AAAGGAAAG ACCGCTGCTC TAAGAAAG AAAACTGAG GCTGGCTAGG CCTGTAATCC CAGGGCTGA GGCAGGGAA 1700
 TCACCTGAGG TCGGGAGTTC GGGATCAGCC TGACCAACAT GGAAACCC TACTGAAAT ACAGGTTAG CCAGGATGG TGTTGCATGC CTGTAAGTCCC 1800
 AGCTGCTCAG GAGCCCTGAA ACAGGCTGAA AACTCCAGCT CA 1842

FIGURA 5

SEQ ID NO:7

1 CCCACCCCTC CCCACCCCTC TCCCCCTC CCCCCCCCCC CGCTCCCCCA CGCTCCCCCTC TTTCCCCCTC TTTCCTAGCA CGAGGCTGCA AGAGGCA
CCCTCCCCCTC CGCTCCCCCTC AGCCCCCTC CGCTCCCCCTC CGCTCCCCCTC AGCCCCCTC AGCCCCCTC CGCTCCCCCTC CGCTCCCCCTC AGAGGCA
CACATTCTCC TCGAACCTT CCCCTACACT TAGAACCCAC CTCGCTACTC CGGGACCTC CGATCTCCGT CCTCACCCAC TTCAACCCAC ATCTCCAC
101 GAACTGCTC TGCCTCTCT GCACTATTA A TGCCTCTCTC TACCTCTCTC GCACTATTA GTCGACACTT ATCCCCCTC CTCGCTGCA CGCCAGAGA
CTTCATCGAG ACCGACATA CCCCTAGAT GACCCGACCC ATCGGACCC GTCGCTCTT GTCGACTCTT GTCGACTCTT GTCGACTCTT
1 SEQ ID NO:2 M C I L D G L L L G L L L G L L L G L L L G L L L G L L L G L L L G L L L G L L L G L L L G
29 V T G P W K C D V N L P C T Y D P L Q C Y T Q V L V K W L V Q R G
301 CTCAAGCTT CTCAACCTT TTCAACCTA CTTCCTCTCA GCACTATTC GCACTATTC ACCAGGCAA GTCACAGGCC CCCCTCCATC TCAGCCACCA CCTTCCAGGA
CAGCTCGGA CAGCTCTCA AGATCTCA GAGAGACCT CTCTCTATGG TCGTCCTCTT CATCGCTCCC GCGCACGTTAC ATCTGGCTTT CCTAACGTCCT
62 S D P V T I F L R D S S C D H I Q Q A K Y Q C R L H V S H K V P C
401 GAGCTATCCC TCCATTTCG CACCTCTGAC ATGGATGACCA CGAGCCCACTA CACGCTGAA GTCACCTCCC AGACTCTCA TCCGAACCA CTCCTCACAG
CTACATAGCC AGCTTAACTC GTCGGACCTC TACCTCTCC CCTCCACACTT CACTCAACCC TCTCAGGACT ACCGGTCTTT CACCACTCTC
95 D V S L Q L S T L E H D R S H Y T C E V T W Q T P D G N Q V V R D
501 ATAGATTAAC TCACTCTCTG GTCCAGAAC TCTCTCTC CAAGCCACAA GTGACAACTC GCAGCGGTTA TGCCTTCAG GTCGCCAGG GATGAGGAT
TATTCTTAAC ACTCAGGCA CAGCTCTTC AGAGACAGAG GTCGGCTGT CACTCTGAC CCTCCACCAAT ACCGAAGTCC CTTACTCTCA
129 K I T E L R V Q K L S V S K P T V T T G S C Y C F T V P Q G H R I
601 TAGCCTCA TCCAGGCTC GGGGTTCTC TCCCATCTCTC TCCCATCTCTC GACTAATAC GACTAATAC CAGGACCCA TCAAGTACCC AGCCCTACT
ATCCGAATCTT ACCGCTCTG CGCTCCAG AGCTCTACAG AGCTCTACAG GTCATATTG TATTCGTTCT GTCATATTG TCTACTCTCA TTGGGATTCA
162 S L Q C Q A R C 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

^MET

FIGURA 6A

ES 2 305 608 T3

SEQ ID NO:7 701 ACCTTACTCT TCAAGCCCTCC CCTGATAGCC GACTCAGCT CCTATTTCTG CACTGCCAG CCCAGGTTC CCTCTAGCA CCACAGCCAC ATTGCACT
 SEQ ID NO:2 195 T L L F K P A V I A D S C S Y F C T A K G O V C S E Q H S D I V K F
 801 TTGTCGTCAA AGACTCCCTCA AGGCTACTCA AGACCAAGAC TGAGCCACCT ACACCCATCA CATAACCCCTT GAAAGCACA TCTACAGTC ACCACTCTC
 AGGCTACTCA AGGCTACTCA AGACCAAGAC TGAGCCACCT ACACCCATCA CATAACCCCTT GAAAGCACA TCTACAGTC ACCACTCTC
 229 V V K D S S K L L K T K T E A P T H T Y P L K A T S T V K Q S W
 901 GGAAGTGGACC ACTGACATGG ATGGTACCT TGGAGAGCC ATGGTGGCC CAGAGAAGG CCTCCCTGTC TTGCTCATCA TCCTCATCT CTCCTGTC
 CCTGACCTGG TGACTCTTC TACCCGATGGA ACCCTCTTC ACCTCTTCG GTCCTTCTC GGACGGACAG AACGGTAGT AGAGTCTGT AGAGTCTGT
 262 D W T T D H D G Y L C E T S A G P C K S L P V F A I I L I I S L C
 1001 TCTATCTGG TTCTTACAT CCCTATATC ATGCTCTTC GGAAGACATC CCAACAGAG CAGTGTACG AAGGAGCCAG GTAGAAAGT CTCTCTCT
 ACATACCC AAAATGTA CCGGATATAC TACCGAGAC CCTTCTCTAG GGTGTCTCTC GTACAGATTC TTGCTGGTC CATCTTCA GAGGAGAG
 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 CCCCTCCCT CCCTCAATT TTGATTACTC CGAGGAAGT CGAGGAAGG GCGGTGTCGC ACAGACCAA TCCATACCC GAGGCCTC
 GTAAAAACT GGGCAGGA CGGGAGTAA AACTATGAC CGTCTTAC ACCTCTTC CCCCACCTG TCTCTGGTT AGATTCCTG CTCCTGGAG
 1201 AGGGTCAGGA CATACTGCC TTCCCTCTCT CAGGACCTT CTGAGCTCTT TTGGCCCTCT TGAACACAA GGATAATTAA GATCCATCTG CTTCTGCT
 TCCCTGCTT CTATGACGG AAGGGAGAGA CTCCGTCAA GACTCCAA AACCCGGAG ACTTGTGTT CCTATTAAAT CTAGTAGAC GAGAGAGAA
 1301 CCAGAATCCC TGGCTGGTAG CAGCTCTGATA ATTAAATCCC AACAAATTGAG CCAGAACCTT CGCAAGCC CGAACACCC CCTAGTCCT TCTTATGGCT
 GGCTTAGGG ACCCTACATC CTAGGACTAT TAATTACCG TTCTTAATCTC CCTCTTCCCA CCCTTTCGTC CTGGCTGG CTTCTGGGA AGATAACCA
 1401 GGCTGGCTT TGGCCATAG GGCACATCCC AGACAGGGCA ACCACTCTG ACAAAACATG TCTTCTCCGT TCCACCCGT AGAGGCTTC ACCGACGGC AGTGTGAGCC
 CCACCCGACA ACCCTACATC CCTGTAACCC TCTCTCCGT TCCACCCGT AGAGGCTTC ACCGACGGC AGTGTGAGCC TCACTACTC
 1501 CAACTTCCA GAACTGGCC AACAACTCT CCTGATAGCC CTGGATAGCA CAGAGTACCC AGATCATGCC CCAGACAT TCCAGTCTCCG CTCCTGCTGCT
 GTGAGGCTT CTTAGACCCCT TTGTTGAGA GACTACTCC GACCTACCC GACCTACCC GCTCTACTA CCAGTACTG CCCTGATTC GGGGGAGAGA

FIGURA 6B

SEQ ID NO:7

1601 GGACACACTT CCTCTGGATT ATCAGTTCTT GGGCCACTTGAG CCCAAAGTC TCTCTTAAATA ATGCCCAATT AGCCCAAGAT CTGGTACAT ATTCGCCCTAG CCTCTCTCAA CGGAGACCTAA TACTCAGAA CCCGCTCACTC CGGCTGTTAAC AGACATTTT TACGGGTTAA TCCGGTCTTA GACGACTTA TTACGGGATC

1701 TCACTCTTG CCTCTGGAT GGCTCTCTTC CCTCTTACCT CTCTCTCTGG ATAGCCCAA GTGTCGGCT ACCAACACTG GACCCCTCG GAGTCACCTG AGTCAGAAC CGAACGACTA CGAACGACTA CGGGAAAGAG GGACGATGGA GAGAAAGCC TATCCGTT CACACGGGA TGGTTCTGAC CTGGGGACC CTCACTGAC

1801 CTTTGCCCTG GAAATTGCCA GATCCATCTC AACTAGCCA CCTCTGGAT TTGGCTCTCG CCCCTCTAG TATCTCTGCC GGGGCTCTT GCTACTCTC GAAACGGAC CTAAACGGT CTACGTAGG TTCAATTGGT CGACGACCTA AACCGAGACC CGGAAGATC ATAGAGACGG CCCCCGAGA CCATGAGGAG

1901 TCTAAATACC AGACCCGAGA TCCCCTATGC ACTACGACTT GGTCACTAG CCTACAGACA CTATTCACCT TTGGCATCTT GCCACAGAA GACCCGAGGC AGATTTATGG TCTTCCCTCT ACGGGTATCG TGATCTGA CCAGTACTAC GGATGTCTGT CATAAGTTGA AACCGTAGAA CGGTGCTCTT CTGGGCTCCC

2001 AGGCTCACTT CTGCCAGCTC AGAGGACAG CTATCCAG GATCATTTT CTTCCTCTAG GGGCAGACAG CTTTTAATTC AAATTCTTAT TTCACAGGCC TCCGACTGGA GACGGTCGAG TCTCCTGGTC CTATAGCTC CTAGTAAAGA GAAAGACTC CCCGCTCTCTC GAAATTAAC TTAAACATA AGTCTCCGC

2101 AGGCTCACT TCTCTCTCTC CACTATAAGT CTATGTTCTT GACTCTCTCC TGCTCTCTCA TAAATCTTA ATCATAACAG C TCCCAACTCA AGACGAGGAG GTGATATTCAG GATTACAGACA CTGAGAGGG ACCACGAGCTT ATTCAGCTT TACTTATAGAT TACTTATCTC G

FIGURA 6C

ES 2 305 608 T3

SEQ ID NO:8

CCAGAGTCAAGGGCCCCGGGCCTCCTGCGCTCCTGCCGCCGGGACCTCGACCTCCT
CAGAGCAGCCGGCTGCCGCCGGAAAGATGGGAGGAGGCCACCGCCTCCTCCT
GCTGCTGCTGCGCTACCTGGTGGCGCCCTGGCTATCATAAGGCCTATGGGTTTCTGC
CCCAAAAGACCAACAAGTAGTCACAGCAGTAGAGTACCAAGAGGCTATTTAGCCTGCAA
AACCCCAAAGAAGACTGTTCCAGATTAGAGTGGAAAGAAACTGGGTCGGAGTGTCTC
CTTGCTACTATCAACAGACTCTCAAGGTGATTTAAAATCGAGCTGAGATGATAGA
TTCAATATCCGGATCAAAATGTGACAAGAAGTGAATCGGGAAATATCGTTGTGAAGT
TAGTCCCCATCTGAGCAAGGCCAAACCTGGAAGAGGATACTGCACTCTGGAAGTATT
AGTGGCTCCAGCAGTCCATCATGTGAAGTACCCCTCTGCTCTGAGTGGAACTGTGGT
AGAGCTACGATGTCAAGACAAAGAAGGGAATCCAGCTCCTGAATACACATGGTTAAGGA
TGGCATCCGTTGCTAGAAAATCCCAGACTGGCTCCAAAGCACCAACAGCTCATACAC
AATGAATACAAAATGGAACTCTGCAATTAACTGTTCCAAACTGGACACTGGAGA
ATATTCCGTGAAGCCGCAATTCTGTTGGATATCGCAGGTGTCCTGGAAACGAATGCA
AGTAGATGATCTCAACATAAGTGGCATCATAGCAGCCGTAGTAGTTGTGGCCTAGTGT
TTCCGTTGTCGGCTTGGTGTATGCTATGCTCAGAGGAAAGGCTACTTTCAAAAGAAAC
CTCCTCCAGAAGAGTAATTCTCATCTAAAGCCACGACAATGAGTGGAAATGTGAGTG
GCTCACGCCCTGTAATCCAGCATTGGAAAGGCCGGCGGGCGGATCACGAGGTAGGA
GTTCTAGACCAGTCTGGCAATATGGTGAACCCATCTCTACTAAAATACAAAATTAG
CTGGGCATGGTGGCATGTGCTGAGTCCAGCTGCTGGAGACAGGAGAATCACTTGA
ACCCGGGAGGCGGAGGTTGCACTGAGCTGAGATCACGCCACTGCACTCCAGCCTGGTAA
CAGAGCAAGATCCATCTAAAAAATAAAATAAAATAAAATAACTGGTTTACCTGGTAA
TGTAGAATTCTTACAATAATAGCTTGATATT

FIGURA 7

SEQ ID NO:9

MARRSRHRLLLLLRLVVALGYHKAYGFSAPKDQQVVTAVEYQEAILACKTPKKT
LEWKKLGRSVSFVYYQQTLQGDFKNRAEMIDFNIRIKNVTRSDAGKYRCEVSAPSEQQN
LEEDTVTLEVLPAPAVPSCEVPSALS GTVELRCQDKEGNPAPEYTWF
LGSQSTNSSYTMNTKTGTLQFNTVSKLDTGEYSCEARNSVGYRRCPGKRMQV
IAAVVVALVISVCGLVCYAQRKGYFSKETSFQKSNSSSKATT
KAAAGGSRGQEF

FIGURA 11

SEQ ID NO:5

1 CCAGGCAAG TACCAAGGGG CCTCCCATCT GGGCCACAG CTTCCACCG ATCTTACCC CCATTGAC ACCCTGGAGA TCGATGCCC GACCCACTAC
CCTCCCTTC ATGGTCCCCG CGGACCTACA CTGGGTCTTC CAGGGTCTC TAGATGGGA GCTTAACTCG TCGGACCTCT ACCTACTGGC CTCGGTGTG
*42257. f1 SEQ ID NO:18 *42257. p1 SEQ ID NO:22

101 ACGTGTGAG TCACCTGCCA GACTCCGTAT GGGACCCAG TCCTCAAGTA TAACATTAATC GACCTCCGTC TCCAGAAACT CTCTGTCTCC AACCCCACAG
TGCACACTTC ACTGGACCTC CTGAGGACTA CGGTTGCTC AGGACTCTCT ATTCCTATGA ATTCCTATCTC AGCTCTTGA GAGACAGGG TTGGGTGTC
201 TGACAACTGG CAGGGTAT GGCTTCACGG TCCCCAGGG AATGACGATT AGCCTTCAT CCAGGGTTC GGGGTCTCC TCCCATACT TATATTCT
ACTCTTGAAC CTCCCCATTA CGGACGTCCC AGGGGTCCC CGCTCCCTAA TCGGAGTT CGCTCCCAAG CCCNAGGG AGGCTACTA ATATAAACCA

301 ATAAACCA CACTATAC CAGGGAAACC ATCAAAGTG CAACTTAAC TACCTTAATC TTCAACCTTC CCCTGTATCC CGACTCACCC 'TCCTTATTCT
TATTGTTGT CTGATTTTC CTGGGTCTGG TAGTTCTATC CTGGGATTC ATGGATGAC AACTTGGAC GCCACTATCG CCTGAGTCCG AGGATAAGA

401 GCACTCCAA GGGCAAGCTT GGCCTCTAGC AGCAACAGCA CATTCTCAAG TTGTGGCTA AGACTCTTC AGGACTCTC AACGAAAGA CTGAGGCAAC
CGTGACGGTT CCCGGTCCAA CGGACATTC CTGCTCTGGT GAACTACTC AAACCAACT TTCTGAGGAG TTTCGATGAG TTCTGCTTCT GACTCCCTCC
*42257. r1 SEQ ID NO:20

501 TACAAACATG ACATACCCCT TGAAGGCCAC ATCTACATG AGGACTCTCT AGGACTGAC CACTGACATC GATGCTTACCC TTGAGAGAC CACTCCCTCC
ATGGTGGTAC TCTATGGGA ACTTTCGTC TAGATGTCAC TTCCCTAGGA CCCTGACCTC CTGACTCTAC CTACCATGG AACCTCTCG GTCACGACCC

601 CCACCAAGA CCCTCCCTCT ATCTCATCA TCTCCCTCTC CTGATGCTG TTGCTTACCA TGGCTTATAT CATTCTCTGT CGGAAGACAT
GGTCTTCTCT CGGACGGACA GAAACGGTAC TAGGAGTGT AGAGGAACAC GACATACAC CAAAAATGGT ACCGGATATA CTACGAGACA CCTCTCTCTA
*42257. f2 SEQ ID NO:19

701 CCCAACAAAGA CCATCTCTAC GAAACCCCA CGGACATCC CAGACGCC AACGACTCTG CAGAAACAT GACCCGGCC ATCTTCCAA GTGGCTGCTC
GGGTCTCTCT CGTACAGATC CTGCTCTGGT CCCGTGTACG CTGCTCTGGT CTCTCTGAC CTCTCTGGTA CTCCCAACGG TAGAAGCCTT CACCGACGAC

FIGURA 9A

SEQ ID NO:5

801 CAGTCATGAG CCAACTTCCC AGAATCTCGG CCAACAACTA CTCCTCATG CACACCACTA CCCTCCATAG CCCAGATCATC ECCCAGATCA ATGGCAACTA
CTCACTATC GCTTCAGCC CGTCTCTGAT GAGACTACTC CGTCTCTGAT CTCAGCTATC GGACGCTATC CTGCTCTCAT CGTCTCTCAT CGTCTCTGAT
901 CCCCCCCCTG CTGGCACACAG TTCTCTGGA TTATGACTTT CTGGCCACTG AGGGAAAG TGTCCTCTTA AAATCCCCCA TTAGGCCAGG ATCTGCTGAC
GGGGGGAC GACCTCTTC AGGGAGACCT ATATCTAAA GACCCGGTGAAC TCCCGTTTC AGAGACAATT TTACCGGCT ATTCGGCTC TAGAGGACTC
1001 ATAATGGCT AGCACTCTT TCCCTCTCC ATGCCCTTCT TCCCTGCTTC CGATAGCCCA AAGTGTCCGC CTACCAACAC TCGAGCCGCT
TATTAACGA TCACTCAGGA ACGGAAAGCC TACCCGAACA ACCGACCATG CAGACAGGA CCTATCCCT TTACACCCCC CATGCCCTC ACCTGCCGA
1101 GGGAACACT CCCCTTGCCC TCGAAATTCC CAGATCCATC TCAACTAAC CAGCTCTCG ATTGGCTCT CGTCTACCC ATTATCTCTG CGCCGCCCT
CCCTCACTGA CCCAACCGG ACCTTAACCG GTCAGCTAG AGTCATTCG GTCGACGACCC TAACCGAGA CCCGGAAAGA TCAACCGAGA GCCCCCGGAA
~42257 .r2 SEQ ID NO:21

1201 CTGGTACTCC TCTCTAAATA CCAGGGAA GATCCCCATA GCACTGGAC TCCCTACAGA TCCCTACAGA CACTATTCAA CTTGGCATC TTCCACACAG
GACCATGGG AGGAGTTAT GGCTCTCCCT CTACCGGTAT CGTCTCTG AACCAGTAGT AGCGATGCT GTGATAAGTT GAAACCTAG AGGGCTGGTC
1301 AGACCCGAG GCGAGCTCA CCTCTGGCA GAGCTATATC CAGGATCATT TCTCTTTCTT CAGGGCCAG CAGCTTTAA TGCAGATTG
TTCTGGCTC CCTCTGGCTC GAGCTCTG GTCGATATAG GTCCTAGTAAG AGACAAAGAA GTCCCCGCT GTCCAAATT AACTTAACAA
1401 TATTCAAG CCCACCTATA AGTCATAATCT TCTGACTCTC AGCTCTAATCT CAAATAATCT CAAATCTAA CAGGAAAAAA
ATAAAAGCTC CGCTCCCAAG TCAAGACAG CACCTCTATAG TCACTTAAAG AGACTAGAG AGGACACCA GTTATTATA GATTCTATT CTCTTTTTT
1501 AAA
TTT

		FRAME	SCORE	MATCH	PCT
		+1	246	81	30
A33_HUMAN	A33 ANTIGEN PRECURSOR - HOMO SAPIENS				
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	LAQSVTVHSSEPEVRIPENNPKLSCAYSGFSSPR---	VEW-KFDQGDTTRLVC--YNN		
SEQ ID NO:23		*****	*****	*****	*****
A33_human	17	VTVD AISVETPQDVLRASQGKSVTLPCTYHTSTSSREGLIQWDKLLTHTERVVIMPFSN			
SEQ ID NO:24		*****	*****	*****	*****
DNA40628	283	K---ITAS-YEDRVTFL-----PTGITFKSVTREDTGYTCMVS--EEGGNSYGEVKVK			
SEQ ID NO:25		*****	*****	*****	*****
A33_human	77	KNYIHGELYKRNVRVSISSNNAEQSDASITIDQLTWADNGTYECSVSLMSDLEGNT--KSRVR			
DNA40628	427	LIVLVPPSKPTVNISSATIGNRAVLTCSQDGSPPEYTWFKDGIVMPTNPKSTRAFSN			
SEQ ID NO:26		*****	*****	*****	*****
A33_human	135	LLVLVPPSKPECGIEGETIIGNNIQLTCQSKEGSPTPQYSWKRYNINLQEQP-----			
DNA40628	607	SSYVLNPTTIGELV-FDPLSASDTGEYSCEARNGYGTPTMSNAVREAVRNGV---IVAV			
SEQ ID NO:27		*****	*****	*****	*****
A33_human	187	--LAQPASQQPVSLKNISTDTSGYICTSSNEEGTQFCNITVAVRSPSMNVALYVGIAV			
DNA40628	775	AVLVTLLILLGILVFGIWFAYSRGHFDRT--KKGTSSKKVIVSQP			
SEQ ID NO:28		*****	*****	*****	*****
A33_human	244	GWVAALIIGIIY--CCCRGKDDNTEDKEDARPNEAYEEP			

FIGURA 10A

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

DNAA40628	112	LCSL--ALGSVTVHSEPEVIRIPENNPKLSCAYSGFSSPR---VW-KFDQGDDTRLVC
SEQ ID NO:25		*****
A33 human	12	LCAVRVTVDASIVETQDVIRASQGKSVTLPCTYHTSTSREGLIQWDKLLTHTERVVI
SEQ ID NO:26		*****

DN40628	274	--YNNK--ITAS-YEDRVTFL-----PTGITEFKSVTREDTGTYTCMVSEEGNNSYGEVK
A33_human	72	WPFNSNKNYIHGELYKNRVSISNNAEQSDASITIDQLTMADNGTYECVSLSMS-DEGNTK

DNAA0628 595 AFSNSSYVLNPTTGELV - FDPLSASDTGEYSCEARPNGYGTPTMSNAVRMEAVERNGV--
A33_human 187 -----LAQPASGQPVSLSKN1STDTSGYYICTSSNEEGTQFCNITVAVRSPSMNVALYV

DNA40628 766 -IVAAVLVTLILLGILVFGIWFAYSRGHFKDRT--KKGTSSKKVIVSQP
 A33_Human 240 GIAVGWVAALIIGIY---CCCCRGKDDNTEDKEDARPNEAYEEP

SEQ ID NO: 6	A33_hum	1	W V G K W W P V L W T L C A V R V T V D A I S V E T P O O V L R A S O C K S V I L
SEQ ID NO: 1	40628	1	W G T K A Q V E R K L L C L F I L A I L C S . .	L A L G S V T Y H S S E P E V R I P E N N P V K L
A33_hum	42	P C T Y H T S T S	S R E G L I O W D K 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 A V S I	
40628	49	S C A Y S G F S S P R . .	V E W . K F D O G D I T R A L V C . . Y N N K . . I T A S . Y E D A V T F	
A33_hum	92	S N H A E Q S D A S S I T	I D O L T W A O N G T Y E C S V S L W S D O L E G N T K S A V Y A R L L V P P	
40628	90 L P T G I T F K S V T R E D I G T Y T C H V S E E G G . H S Y G S V X Y K L I V L V P P		
A33_hum	142	S K P E C C I E G E T I	I G N N I Q U T C A S K E G S P I P O Y S W K A R Y N H I L N O E Q P	
40628	133	S K P T V 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 K D G I V M P T N P K S T R A		
A33_hum	187 L A Q P A S G Q 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 Q F C N I T Y A V A R S		
40628	183	F S N 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 I P M T S A V R H E A		
A33_hum	231	P S W N V A L Y V G I A V G V V A A L I I G I I I Y C C . C C R A G K D O N T E D K E D A R P H R E		
40628	232	V E A N V G V I V A A Y L V T I I I G I I V F G I W F A Y S A R G H F D R T K K G I S S K K V		
A33_hum	280	A Y E E P P E Q L R E R E E D D Y A Q E E Q R S T G R E S P O H I D Q		
40628	279	I Y S Q P S A R S E G E F K Q T S S F L V		

FIGURA 12

SEQ ID NO: 6	A33_hum	1	WYCKWWPV[WTLCAYRVTVDAISVETPQDVLRAASQGKSVTLPCTYHTSTS
SEQ ID NO: 2	45416	1	WCILLGLLGLLGLLGLLGLLGLLGLLGLLGLLGLLGLLGLLGLLGLLGLLGL
			[GPWKG-DYMLPCTYOPLOG
A33_hum	51	SAEGGIQWDX[LLTTHTEAVVYW.PFSNKNYIHGELYKNAVSISNNAEOSD	
45416	49	YTQVLVXW.[LVQRGSDPYTIFLADSSGDH]QOAKYQGALHVSHKV.PGD	
A33_hum	100	ASITIDOLTHADNGTYECYS.LHSOLEGNTKSAY.....ALLVLVPPS	
45416	96	VSLQSLSTLEMDOORSHYTCEYTWTQTPDGNQVVRDOKITELRVOKLSVSKPTV	
A33_hum	143	KPECGIEGETIIGNNIQ[ICASKEGSPPTPOYSWKRYNILNOEOPLAOPAS	
45416	146	TTGSCTGGFTTVPOG[NGNARISLLOCARA.GSPPISYI.W.YKQQTNNQEPIKVAT	
A33_hum	193	GQPVSIK[NISTOTSGYYCTSSNEEGT.OFCN].[TVAVARSPSWNVALLYVG	
45416	193	LSTLFLFKPAVIADSGSYFCTAKGQVGS[EQNSDIVKFVVKDSKLLKTKTE	
A33_hum	241	IAVGVVAA[IIIGIIYCCCCAGKODNTEDKE[DARPNR[AEYEEPPPEOLAE	
45416	243	APTTWITP[KA[STYKOSWOWTIDWDCYLGETSAGPGKSLPVFA[LLIS	
A33_hum	291	LSREAEEDDYRQEEFORSTGRESPDHLDO	
45416	293	LCCKMVVFTWAY[WLCKRTSQOEHVYEAA[

FIGURA 13

SEQ ID NO: 6	A33_hum	1	...WYGGKWWPPV[WI]CAVRYIYD...AISVETPQDYLRAASOGKSVT[PC]
SEQ ID NO: 9	35638	1	WARRSAHRLLL[LL]RAYLYVALGYHKAYGFSAPKDDQAYVTAYEYQEA[LLAC]
A33_hum	44	TYH[STSSREGLIQWDKLILLTHTERVYIWFPSNKNYIINGELYKRNAYSI	
35638	51	..KTPKKTVSSRLEMKKL...GASVSVYYQQT.LQGD.FKNA... .	
A33_hum	94	NAEQSDASITIDQLTWADNGTYECVSLSMSOLEGN.TKSAYVALLVLYPPS	
35638	87	·AE[NDFN]IRIKNVIRSDAGKYRACEVSAPEY[WTWFKDGIRLLENPRLGSQS]	
A33_hum	143	KPECGIEGETIIGNNIQ[TCQSKEGSP[POYSWKRYN]ILNOEQPLAQ[PS	
35638	136	VPSCEVPSALSCTVVELRACQDKEGNP[PAPEY[WTWFKDGIRLLENPRLGSQS]	
A33_hum	193	GQPVSLK[NI]STOSGYYICTSSENECT[FCN]ITVAY...ASPSMNVALYV	
35638	186	THSSSYTMNTK[IC]LOFHT.VSKLDTG[ES]CCEARNSYGYA[RC]PCKR[AMQVDO	
A33_hum	240	GIAVGYVAA[LIIGI[YYCC...CCAGCKODNTEDKEOARPHREAYEEPP	
35638	235	LHISGIIA[VYVVALV[SVCGLGVCYAQAKGYFSKE[TSFQKSNSSSSKATT	
A33_hum	287	QLRAELSA.EREEEDDYRQEEQR[STGAE[SPDHLDO	
35638	285	WSENVQWLTPVIPALWKAAGGSRGQEF	

FIGURA 14

ES 2 305 608 T3

SEQ ID NO: 10	jam	1	W G T E G K A G A X L L F I F T . S M I L G S I V O G K G S V Y T A Q S D V O Y P E N E S I K L I C
SEQ ID NO: 1	40628	1	W G T K A Q V E R K I L L C F I L A I I L C S I A L G S V T Y H S S E P E V R I P E N N P V K L S C
		50	T Y S G F S S P R A V E W X F V O G S T T A I V C Y N S O I T A P Y A D R V T F S S G I T F S S V T
		51	A Y S G F S S P R A V E W K F D O G O T T A R L V C Y N N K I T A S Y E D R V T F S S G I T F K S V T
	40628	100	A K D N G E Y T C M Y S E E G G O N Y G E V S I H L I 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	A E D T G T Y T C M Y 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 I V N I P S S A T I G N R A V
	40628	150	L T C S E H D G S P P S E Y S W F K D O G I S H U L T A D A K K T R A F H N S S F T I O P K S G D L I F
	40628	151	L T C S E D G S P P S E Y T W F K D O G I . V M P T N P K S T R A F S N S S Y V L N P I T G E L V E
	40628	200	D P Y T A F O S G E Y Y C O A O N G Y G T A H R S E A A H M O A Y E L N Y G C 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 W I S N A V R M E A V E R N Y G V I V A A V L V T L I L
	40628	250	L G I L I F G V W F A Y S R G Y F E T I K K G I T A P G C K V I Y S O P S T A 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 O R I K K G I . S S K V I Y S O P S A A S E G E F K Q T S S F L
	jam	300	Y
	40628	299	Y

FIGURA 15

SEQ ID NO: 10	jam	1	W G T E G K A G A K L L F	R T S M I L G S L	Y Q C K G	S V V T A Q S D Y Q V P E N E S I K L	
SEQ ID NO: 2	45416	1	W G I I I G	L G I I I G H L T Y D T Y G A P I L E V P E S Y T G P W K G D V N L P	
	jam	49	C T Y S	...	G F S S P R A Y E W K F V Q G S T A L V	...	C Y N S C I
	45416	41	C T Y D P L Q G	Y T Q V L Y K W L V O R G S O P V T I F L R O S S G O H I Q Q A K Y Q Q G R L H V S H			TA P Y A O R V T F S
	jam	90	...	S S G I T F S	S V T A X D N G E Y T C H V	...	S E E G G O N Y G E V S I H C T Y L
	45416	91	K V P G D O Y S L O S	I S T I E M O D A S H Y T C E V T W Q T P O G H Q	V V R O K I T E L A Y Q K L S V		Y P P
	jam	132	S X P T	I S V P S	...	S V T I G N R A V E T C S E H D G S P P S	T S W F K
	45416	141	S X P T	V T T G S C Y G F T	V P O G H R I S L O C A 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 H N S S F T	I D P X S G D L	F D P V T A F D S C E Y Y C O A O N G Y C I A M R S E A A		
	45416	188	I K V A T L	S T I L L E K P A V I A D S G S Y F C T A K G O V G S E Q H S O I V
	jam	228	H	...	W D A V E I N V G G I V A A V L	...	V W F A Y S A G Y F E T T K K
	45416	227	K f V V K D	S K L K I K T E A P T T W I Y P L K A T S T V K A S W D W	W T D M O 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 A S E G E F K O T S S F L V			
	45416	277	G P G K S I P	V F A I I I I S L C C H V V F I W A Y I N L C A K T S Q Q E H V Y E 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 H I L G S L	V O G K G S V Y T A	A O S D Y Q Y	.. P E N E S I K L
SEQ ID NO: 9	35638	1	.. W A R R S R H A L L	L L L L A R Y L V V A L	G Y H K A Y G F S A	P X Q Q Q V V T A Y E Y Q E A I L	
	jam	48	T C.	T Y S G F S S	P R Y E W K F V Q G S	T T A L Y C Y H S Q I T A P Y A D	R Y T F S S S S G I T F S
	35638	49	A C K T	P K K T V S S A L E W K K L	. G R A Y S F V Y Y Q A Q T L O G D F K N R A E M I D F N I R I K		
	jam	97	S	W T R K D N G E Y T C M V S	.. E E G G A N Y G E V S I H C T V I V P P S K	P T I S V P S S V T I	
	35638	98	W T R S D	A G K Y R C E V S A P S E Q Q N L E E D T V T L E Y L V A P A V	W F K D G I S N L	T A D A K K T R A F W N S S F T I D P K 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 N L	T A D A K K T R A F W N S S F T I D P K S		
	35638	148	G T V V E L	R C Q D K E G H P A P E Y T W F K D G I R L L	.. E N P A L G S Q S T N S Y T W N T K T		
	jam	195	G D C I F D P V	T A F D S G E Y Y C O A Q O N G Y G I A M R S E A A H	H D A V E L N V G G I V A A V L		
	35638	197	G T L Q F N T Y	S K L O T G E Y Y S C E A R N S V G	Y R A C P G K R A N Q 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 K G T A P G K K V I Y S Q P S T R S E G E F K Q				
	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 Q K S N S S S S K A T T W 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 G G S A R G Q E F				

SEQ ID NO: 6	A33_hum	1 M V G K N W P V [REDACTED] . L C A V R V T V D A I S V E [REDACTED] P Q D V L R A S Q C K S V T [REDACTED] P C T
SEQ ID NO: 10	jam	1	W G T E G K A G A K L L F [REDACTED] F I S W I L G S L V O G K G S V Y [REDACTED] I A Q S D V Q V P E N E S I K [REDACTED] T C T
A33_hum	45	Y H T S T S S A E G L I Q W D K L L T H T E R V V I W P F S M K N Y [REDACTED] H G E L Y K N R V S I S H N	
jam	51	Y S G F S S P R . . . Y E W . X F V O G S I T A L Y C . . Y N S Q . . I T A P . Y A D R V T F S S .	
A33_hum	95	A E Q S O A S I T I D Q L T W A N G T Y E C S V S L W S D O L E G N T K S A V R L V L V P P S K P	
jam	91 S G I T F S S V T A K D N G E Y I C H V S E E G G . O H Y G E V S I H L V L V P P S K P	
A33_hum	145	E C G I E G E T I I I G N N I O L T C O S K E G S P I P Q Y S H K A Y N I L N O E Q P L A Q P A S G Q	
jam	135	T I S V P S S V T I G N R A V L T C S E H D G S P S E Y S W F K O G I S M L T A D A K K T R A F M	
A33_hum	195	P V S I L K N I S T D I S G Y 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	
jam	185	N S S F T I D P K S G O L I F O P V T A F D S G E Y Y C Q A Q H G Y G T A M A S E A A H M D A Y E L	
A33_hum	238	Y V . G I A V G V V A A L I I G I I I Y C . . . C C C R G K D O N T E D K E D A R P N R E A Y E E	
jam	235	W V G G I V A A V V T L I I G I I I F G V W F A Y S R G Y F E . T I K K G T A P G K K V I Y S Q	
A33_hum	284	P P E Q L R E L S R E R E E E D D Y R Q E E Q A S T G R E S P O H L D O	
jam	284	P S T A S E G E F K Q T S S F L V	

FIGURA 18

FIGURA 19

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

ES 2 305 608 T3

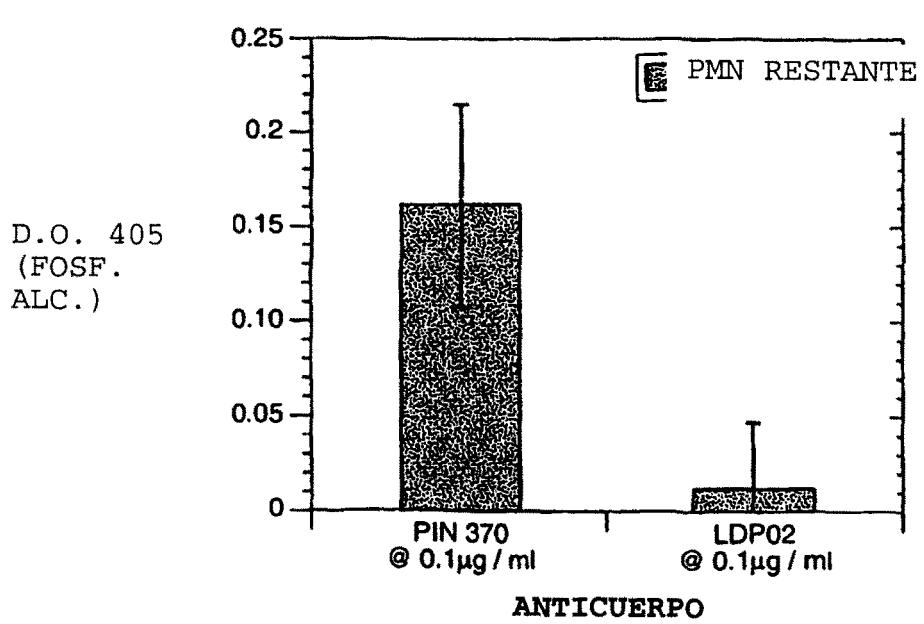
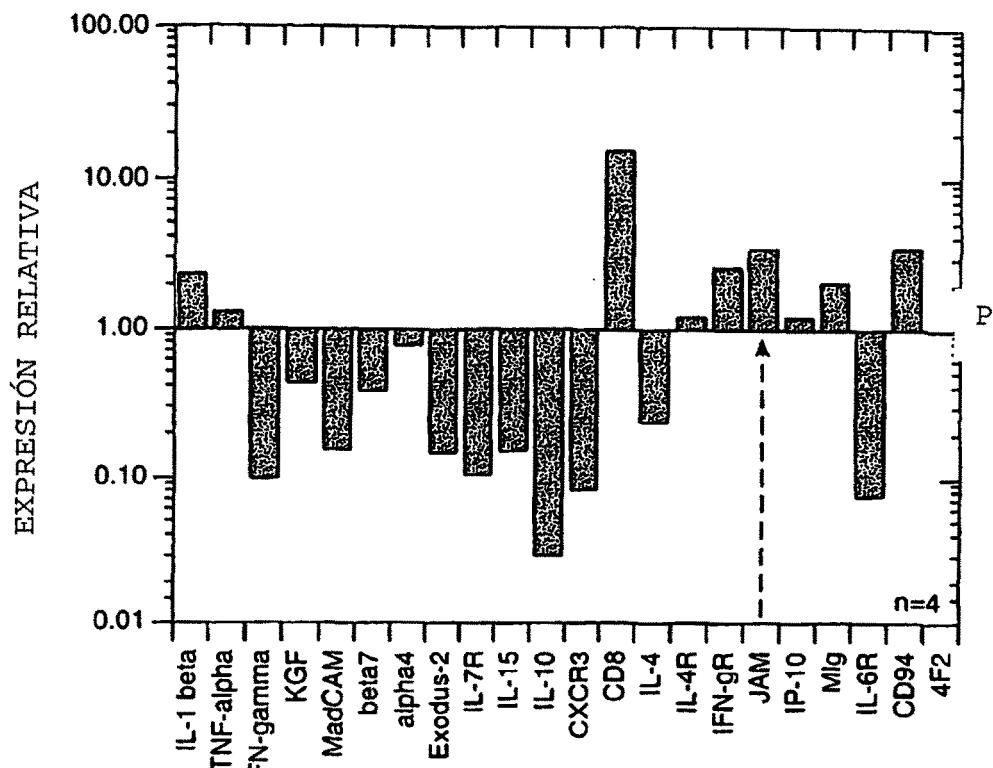


FIGURA 20

ES 2 305 608 T3

LISTA DE SECUENCIAS

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

15 <120> COMPUESTOS, COMPOSICIONES Y PROCEDIMIENTOS PARA EL TRATAMIENTO DE ENFERMEDADES CARACTERIZADAS POR ANTÍGENOS DE TIPO A33.

15 <130> P1216R1PCT

20 <141> 1998-11-20

25 <150> US 60/066.364
<151> 1997-11-21

30 <150> US 60/078.936
<151> 1998-03-20

35 <150> PCT/US98/19437
<151> 1998-09-17

40 <160> 30

45 <210> 1
<211> 299
<212> PRT
<213> *Homo sapiens*

50 <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	
50	Val His Ser Ser Glu Pro Glu Val Arg Ile Pro Glu Asn Asn Pro	35	40	45	
	Val Lys Leu Ser Cys Ala Tyr Ser Gly Phe Ser Ser Pro Arg Val	50	55	60	
55	Glu Trp Lys Phe Asp Gln Gly Asp Thr Thr Arg Leu Val Cys Tyr	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	
10	Trp	Phe	Lys	Asp	Gly	Ile	Val	Met	Pro	Thr	Asn	Pro	Lys	Ser	Thr	
															170	
															175	
															180	
15	Arg	Ala	Phe	Ser	Asn	Ser	Ser	Tyr	Val	Leu	Asn	Pro	Thr	Thr	Gly	
															185	
															190	
															195	
20	Glu	Leu	Val	Phe	Asp	Pro	Leu	Ser	Ala	Ser	Asp	Thr	Gly	Glu	Tyr	
															200	
															205	
															210	
25	Ser	Cys	Glu	Ala	Arg	Asn	Gly	Tyr	Gly	Thr	Pro	Met	Thr	Ser	Asn	
															215	
															220	
															225	
30	Ala	Val	Arg	Met	Glu	Ala	Val	Glu	Arg	Asn	Val	Gly	Val	Ile	Val	
															230	
															235	
															240	
35	Ala	Ala	Val	Leu	Val	Thr	Leu	Ile	Leu	Leu	Gly	Ile	Leu	Val	Phe	
															245	
															250	
															255	
40	Gly	Ile	Trp	Phe	Ala	Tyr	Ser	Arg	Gly	His	Phe	Asp	Arg	Thr	Lys	
															260	
															265	
															270	
45	Lys	Gly	Thr	Ser	Ser	Lys	Lys	Val	Ile	Tyr	Ser	Gln	Pro	Ser	Ala	
															275	
															280	
															285	
50	Arg	Ser	Glu	Gly	Glu	Phe	Lys	Gln	Thr	Ser	Ser	Phe	Leu	Val		
															290	
															295	
															299	
55	<210>	2	<211>	321	<212>	PRT	<213>	Homo sapiens								
60	<400>	2														
65	Met	Gly	Ile	Leu	Leu	Gly	Leu	Leu	Leu	Leu	Gly	His	Leu	Thr	Val	
															1	
															5	
															10	
															15	
70	Asp	Thr	Tyr	Gly	Arg	Pro	Ile	Leu	Glu	Val	Pro	Glu	Ser	Val	Thr	
															20	
															25	
															30	
75	Gly	Pro	Trp	Lys	Gly	Asp	Val	Asn	Leu	Pro	Cys	Thr	Tyr	Asp	Pro	
															35	
															40	
															45	
80	Leu	Gln	Gly	Tyr	Thr	Gln	Val	Leu	Val	Lys	Trp	Leu	Val	Gln	Arg	
															50	
															55	
85	Gly	Ser	Asp	Pro	Val	Thr	Ile	Phe	Leu	Arg	Asp	Ser	Ser	Gly	Asp	
															65	
															70	
															75	
90	His	Ile	Gln	Gln	Ala	Lys	Tyr	Gln	Gly	Arg	Leu	His	Val	Ser	His	
															80	
															85	
															90	
95	Lys	Val	Pro	Gly	Asp	Val	Ser	Leu	Gln	Leu	Ser	Thr	Leu	Glu	Met	
															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	Leu	Leu	Phe	Lys	Pro	Ala	Val	Ile	Ala	Asp	Ser	Gly	Ser	Tyr	Phe
					200					205					210
30	Cys	Thr	Ala	Lys	Gly	Gln	Val	Gly	Ser	Glu	Gln	His	Ser	Asp	Ile
					215					220					225
35	Val	Lys	Phe	Val	Val	Lys	Asp	Ser	Ser	Lys	Leu	Leu	Lys	Thr	Lys
					230					235					240
40	Thr	Glu	Ala	Pro	Thr	Thr	Met	Thr	Tyr	Pro	Leu	Lys	Ala	Thr	Ser
					245					250					255
45	Leu	Gly	Glu	Thr	Ser	Ala	Gly	Pro	Gly	Lys	Ser	Leu	Pro	Val	Phe
					275					280					285
50	Ala	Ile	Ile	Leu	Ile	Ile	Ser	Leu	Cys	Cys	Met	Val	Val	Phe	Thr
					290					295					300
55	Met	Ala	Tyr	Ile	Met	Leu	Cys	Arg	Lys	Thr	Ser	Gln	Gln	Glu	His
					305					310					315
60	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 ccttcaagtc cgtgacacgg gaagacactg 50**

ggacatacac **ttgtatggtc tctgaggaag gcggcaacag ctatgggag 100**

10 **gtcaaggtca agctcatcgt gcttgtgcct ccatccaagc ctacagttaa 150**

15 **catccccctcc tctgccacca ttgggaacctg ggcagtgctg acatgctcag 200**

aacaagatgg **ttccccacct tctgaataca cctggttcaa agatgggata 250**

20 **gtgatgccta cgaatcccaa aagcacccgt gccttcagca actcttccta 300**

tgtcctgaat cccacaacag gagagctggt ctttgcatccc ctgtcagcct 350

25 **ctgatactgg agaatacagc tgtgagggcac ggaatggta 390**

<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 **tctcagtccc ctcgctgttag tcgcggagct gtgttctgtt tcccaggagt** 50
ccttcggcgg ctgttgtgct caggtgcgcc tgatcgcgat ggggacaaag 100
10 **gcgcaagctc gagagggaaac tgggtgtgcct cttcatattg gcgatcctgt** 150
tgtgctccct ggcattggc agtgttacag ttgcaactctt ctgaacctga 200
15 **agtcagaatt cctgagaata atcctgtgaa gttgtcctgt gcctactcg** 250
gctttcttc tccccgtgtg gagtggaagt ttgaccaagg agacaccacc 300
20 **agactcgtt gctataataa caagatcaca gcttcctatg aggaccgggt** 350
gaccttcttgc caaactggta tcaccttcaa gtccgtgaca cgggaagaca 400
25 **ctgggacata cacttgtatg gtctctgagg aaggcggcaa cagctatggg** 450
gaggtcaagg tcaagctcat cgtgcttgc cctccatcca agcctacagt 500
taacatcccc tcctctgcca ccattggaa ccgggcagtg ctgacatgct 550
30 **cagaacaaga tggttccccca cttctgaat acacctggtt caaagatggg** 600
atagtatgc ctacgaatcc caaaagcacc cgtgccttca gcaactttc 650
35 **ctatgtcctg aatcccacaa caggagagct ggtctttgat cccctgtcag** 700
cctctgatac tggagaatac agctgt 726

40

<210> 5

<211> 1503

<212> ADN

45 <213> artificial

<220>

50 <221> secuencia artificial

<222> 1-1503

<223> secuencia artificial

55

60

65

ES 2 305 608 T3

<400> 5

gcaggcaaag taccagggcc gcctgcgtt gagccacaag gttccaggag 50
5 atgtatccct ccaattgagc accctggaga tggatgacccg gagccactac 100
acgtgtgaag tcacctggca gactcctgtt ggcaaccaag tcgtgagaga 150
10 taagattact gagctccgtt tccagaaaact ctctgtctcc aagcccacag 200
tgacaactgg cagcggttat ggcttcacgg tgccccaggg aatgaggatt 250
15 agccttcaat gccagggttc ggggttctcc tcccatcagt tatatttgtt 300
ataagcaaca gactaataac cagggAACCC atcaaagttag caaccctaag 350
20 taccttactc ttcaagcctg cggtgatagc cgactcaggc tcctattct 400
gcactgccaa gggccaggtt ggctctgagc agcacagcga cattgtgaag 450
tttgtggtca aagactcctc aaagctactc aagaccaaga ctgaggcacc 500
25 tacaaccatg acataaccctt tgaaagcaac atctacagtg aagcagtcct 550
gggactggac cactgacatg gatggctacc ttggagagac cagtgctggg 600
ccagggaaaga gcctgcctgt ctttgcctac atcctcatca tctccttgtt 650
30 ctgtatggtg gttttacca tggcctatcatgatgtt cggaaagacat 700
cccaacaaga gcatgtctac gaagcagcca gggcacatgc cagagaggcc 750
35 aacgactctg gagaaaccat gagggtggcc atttcgcaa gtggctgctc 800
cagtgtatggc ccaacttccc agaatctggg gcaacaacta ctctgtatgg 850
ccctgcatacg gacaggagta ccagatcattt gcccagatca atggcaacta 900
40 cgccccgcctg ctggacacag ttcctcttggaa ttatgatgtt ctggccactg 950
aggggaaaag tgcgtttaa aaatgccccca ttagggccagg atctgctgac 1000
ataattgcct agtcaatccct tgccttctgc atggccttct tccctgtac 1050
45 ctctcttcctt ggatagccca aagtgtccgc ctaccaacac tggagccgct 1100
gggagtcact ggcttgcctt tggaaatttgc cagatgcattt tcaagtaagc 1150
50 cagctgctgg atttggctctt gggcccttctt agtatactctg ccgggggctt 1200
ctggtaatccctt tctctaaata ccagaggaa gatgcccata gcactaggac 1250
ttggtaatca tgcctacaga cactattcaa ctttggcattt ttggccaccag 1300
55 aagacccgag gggaggctca gctctgccag ctcagaggac cagctataatc 1350
caggatcatt tctctttctt cagggccaga cagttttaa ttgaaatttgtt 1400
60 tatttcacatggc cccagggttc agttctgctc ctccactata agtctaattgtt 1450
tctgactctc tccctgggtctt caataaatat ctaatcataa cagcaaaaaaa 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	15
	1 5 10	15
15	Arg Val Thr Val Asp Ala Ile Ser Val Glu Thr Pro Gln Asp Val	30
	20 25 30	
20	Leu Arg Ala Ser Gln Gly Lys Ser Val Thr Leu Pro Cys Thr Tyr	45
	35 40 45	
25	His Thr Ser Thr Ser Ser Arg Glu Gly Leu Ile Gln Trp Asp Lys	60
	50 55 60	
30	Leu Leu Leu Thr His Thr Glu Arg Val Val Ile Trp Pro Phe Ser	75
	65 70 75	
35	Asn Lys Asn Tyr Ile His Gly Glu Leu Tyr Lys Asn Arg Val Ser	90
	80 85 90	
40	Ile Ser Asn Asn Ala Glu Gln Ser Asp Ala Ser Ile Thr Ile Asp	105
	95 100 105	
45	Gln Leu Thr Met Ala Asp Asn Gly Thr Tyr Glu Cys Ser Val Ser	120
	110 115 120	
50	Leu Met Ser Asp Leu Glu Gly Asn Thr Lys Ser Arg Val Arg Leu	135
	125 130 135	
55	Leu Val Leu Val Pro Pro Ser Lys Pro Glu Cys Gly Ile Glu Gly	150
	140 145 150	
60	Glu Thr Ile Ile Gly Asn Asn Ile Gln Leu Thr Cys Gln Ser Lys	165
	155 160 165	
65	Glu Gly Ser Pro Thr Pro Gln Tyr Ser Trp Lys Arg Tyr Asn Ile	180
	170 175 180	
70	Leu Asn Gln Glu Gln Pro Leu Ala Gln Pro Ala Ser Gly Gln Pro	195
	185 190 195	
75	Val Ser Leu Lys Asn Ile Ser Thr Asp Thr Ser Gly Tyr Tyr Ile	210
	200 205 210	
80	Cys Thr Ser Ser Asn Glu Glu Gly Thr Gln Phe Cys Asn Ile Thr	225
	215 220 225	
85	Val Ala Val Arg Ser Pro Ser Met Asn Val Ala Leu Tyr Val Gly	240
	230 235 240	
90	Ile Ala Val Gly Val Val Ala Ala Leu Ile Ile Ile Gly Ile Ile	255
	245 250 255	
95	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		
5	275	280	285
	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		
25	ccccacgcgtc cgccccacgcg tccgcccacg ggtccgcaca cgcgtccggg 50		
	ccaccagaag tttgagcctc tttggtagca ggaggctgga agaaaggaca 100		
	gaagtagctc tggctgtat gggatctta ctgggcctgc tactcctggg 150		
30	gcacctaaca gtggacactt atggccgtcc catcctggaa gtgccagaga 200		
	gtgtaacagg accttggaaa gggatgtga atcttccctg cacctatgac 250		
35	cccctgcaag gctacaccca agtcttggtg aagtggctgg tacaacgtgg 300		
	ctcagaccct gtcaccatct ttctacgtga ctcttctgga gaccatatcc 350		
	agcaggcaaa gtaccaggcgc cgccctgcatg tgagccacaa gttccagga 400		
40	gatgtatccc tccaaattgag caccctggag atggatgacc ggagccacta 450		
	cacgtgtgaa gtcacctggc agactcctga tggcaaccaa gtcgtgagag 500		
45	ataagattac tgagctccgt gtccagaaac tctctgtctc caagcccaca 550		
	gtgacaactg gcagcggtta tggcttcacg gtgcggcagg gaatgaggat 600		
50	tagccttcaa tgccaggctc ggggttctcc tcccatcagt tatatttgg 650		
	ataagcaaca gactaataac caggaaccca tcaaagttagc aaccctaagt 700		
55	accttactct tcaagcctgc ggtgatagcc gactcaggct cctatttctg 750		
	cactgccaag ggccagggttg gctctgagca gcacagcgac attgtgaagt 800		
	ttgtggtcaa agactcctca aagctactca agaccaagac tgagggcacct 850		
60	acaaccatga cataccctt gaaagcaaca tctacagtga agcagtccctg 900		
	ggactggacc actgacatgg atggctacct tggagagacc agtgctggc 950		
65	cagggaaagag cctgcctgtc tttgccatca tcctcatcat ctccttgc 1000		
	tgtatgggg ttttaccat ggcctatatac atgcctgtc ggaagacatc 1050		

ES 2 305 608 T3

5 ccaacaagag catgtctacg aagcagccag gtaagaaagt ctctcctctt 1100
10 ccattttga ccccgccct gccctcaatt ttgattactg gcaggaaatg 1150
15 tggaggaagg ggggtgtggc acagacccaa tcctaaggcc ggaggcctc 1200
20 agggtcagga catagctgcc ttccctctc caggcacctt ctgaggttgt 1250
25 tttggccctc tgaacacaaa ggataattta gatccatctg cttctgctt 1300
30 ccagaatccc tgggtggtag gatcctgata attaattggc aagaatttag 1350
35 gcagaagggt gggaaaccag gaccacagcc ccaagtccct tcttatgggt 1400
40 ggtggctct tggccatag ggcacatgcc agagaggcca acgactctgg 1450
45 agaaaccatg agggtggcca tcttcgcaag tggctgctcc agtgatgagc 1500
50 caactccca gaatctggc aacaactact ctgatgagcc ctgcataagga 1550
55 caggagtacc agatcatcgc ccagatcaat ggcaactacg cccgcctgct 1600
60 ggacacagtt cctctggatt atgagttct ggcactgag ggcaaaaagtg 1650
65 tctgttaaaa atgccccatt aggccaggat ctgctgacat aattgcctag 1700
70 tcagtccttg cttctgcat ggccttcttc cctgctacct ctttcctgg 1750
75 atagccaaa gtgtccgcct accaacactg gagccgctgg gagtcactgg 1800
80 ctttgccctg gaatttgcca gatgcacatc aagtaagcca gctgctggat 1850
85 ttggctctgg gcccttctag tatctctgcc gggggcttct ggtactcctc 1900
90 tctaaatacc agagggaaaga tgcccatagc actaggactt ggtcatcatg 1950
95 cctacagaca ctattcaact ttggcatctt gccaccagaa gacccgaggg 2000
100 aggctcagct ctgccagctc agaggaccag ctatatccag gatcatttct 2050
105 ctttcttcag ggccagacag ctttaattg aaattgttat ttcacaggcc 2100
110 agggttcagt tctgctcctc cactataagt ctaatgttct gactctctcc 2150
115 tggtgctcaa taaatatcta atcataacag c 2181

<210> 8

<211> 1295

<212> ADN

<213> *Homo sapiens*

ES 2 305 608 T3

<400> 8

ccccagaagtt caagggcccc cggcctcctg cgctcctgcc gccgggaccc 50
5 tcgacccct cagagcagcc ggctgccgcc ccgggaagat ggcgaggagg 100
agccgccacc gcctcctcct gctgctgctg cgctacctgg tggtcgcct 150
10 gggctatcat aaggcctatg gttttctgc cccaaaagac caacaagtag 200
tcacagcagt agagtaccaa gaggctattt tagcctgcaa aaccccaaag 250
15 aagactgtt cctccagatt agagtggaaag aaactgggtc ggagtgtctc 300
ctttgtctac tatcaacaga ctcttcaagg tgattttaaa aatcgagctg 350
20 agatgataga tttcaatatc cggatcaaaa atgtgacaag aagtgatgctg 400
gggaaatatc gttgtgaagt tagtgccccca tctgagcaag gccaaaacct 450
25 ggaagaggat acagtcactc tggaagtatt agtggctcca gcagttccat 500
catgtgaagt accctttct gctctgagtg gaactgtggt agagctacga 550
tgtcaagaca aagaaggaa tccagctct gaatacacat gtttaagga 600
30 tggcatccgt ttgctagaaa atcccagact tggctccaa agcaccaaca 650
gctcatacac aatgaataca aaaactggaa ctctgcaatt taatactgtt 700
35 tccaaactgg acactggaga atattcctgt gaagccgca attctgttgg 750
atatcgcagg tgtcctggaa aacgaatgca agtagatgat ctcaacataa 800
40 gtggcatcat agcagccgta gtagttgtgg ccttagtgat ttccgtttgt 850
ggccttggtg tatgctatgc tcagaggaaa ggctacttt caaaagaaaac 900
45 ctcctccag aagagtaatt cttcatctaa agccacgaca atgagtgaaa 950
atgtgcagtg gtcacgcct gtaatccag cactttggaa ggccgcggcg 1000
ggcggatcac gaggtcagga gttctagacc agtctggcca atatggtaa 1050
50 accccatctc tactaaaata caaaaattag ctggcatgg tggcatgtgc 1100
ctgcagttcc agctgcttgg gagacaggag aatcacttga acccgggagg 1150
55 cggaggttgc agttagctga gatcacgcca ctgcagtccttgc gcctgggtaa 1200
cagagcaaga ttccatctca aaaaataaaaa taaataaata aataaaatact 1250
60 ggttttacc tggtagaattt ttacaataaa tatacgcttgc tattc 1295

<210> 9

<211> 312

65 <212> PRT

<213> *Homo sapiens*

ES 2 305 608 T3

<400> 9

5	Met Ala Arg Arg Ser Arg His Arg Leu Leu Leu Leu Leu Arg	1	5	10	15
	Tyr Leu Val Val Ala Leu Gly Tyr His Lys Ala Tyr Gly Phe Ser	20	25	30	
10	Ala Pro Lys Asp Gln Gln Val Val Thr Ala Val Glu Tyr Gln Glu	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	
20	Gln Gln Thr Leu Gln Gly Asp Phe Lys Asn Arg Ala Glu Met Ile	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	
35	Val Glu Leu Arg Cys Gln Asp Lys Glu Gly Asn Pro Ala Pro Glu	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	
45	Thr Gly Thr Leu Gln Phe Asn Thr Val Ser Lys Leu Asp Thr Gly	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 Ala Leu Val Ile Ser Val Cys Gly	245	250	255	
55	Leu Gly Val Cys Tyr Ala Gln Arg Lys Gly Tyr Phe Ser Lys Glu	260	265	270	
	Thr Ser Phe Gln Lys Ser Asn Ser Ser Ser Lys Ala Thr Thr Met	275	280	285	
60	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	
15	Thr Ser Met Ile Leu Gly Ser Leu Val Gln Gly Lys Gly Ser Val	
	20 25 30	
20	Tyr Thr Ala Gln Ser Asp Val Gln Val Pro Glu Asn Glu Ser Ile	
	35 40 45	
25	Lys Leu Thr Cys Thr Tyr Ser Gly Phe Ser Ser Pro Arg Val Glu	
	50 55 60	
30	Trp Lys Phe Val Gln Gly Ser Thr Thr Ala Leu Val Cys Tyr Asn	
	65 70 75	
35	Ser Gln Ile Thr Ala Pro Tyr Ala Asp Arg Val Thr Phe Ser Ser	
	80 85 90	
40	Ser Gly Ile Thr Phe Ser Ser Val Thr Arg Lys Asp Asn Gly Glu	
	95 100 105	
45	Tyr Thr Cys Met Val Ser Glu Glu Gly Gly Gln Asn Tyr Gly Glu	
	110 115 120	
50	Val Ser Ile His Leu Thr Val Leu Val Pro Pro Ser Lys Pro Thr	
	125 130 135	
55	Ile Ser Val Pro Ser Ser Val Thr Ile Gly Asn Arg Ala Val Leu	
	140 145 150	
60	Thr Cys Ser Glu His Asp Gly Ser Pro Pro Ser Glu Tyr Ser Trp	
	155 160 165	
65	Phe Lys Asp Gly Ile Ser Met Leu Thr Ala Asp Ala Lys Lys Thr	
	170 175 180	
70	Arg Ala Phe Met Asn Ser Ser Phe Thr Ile Asp Pro Lys Ser Gly	
	185 190 195	
75	Asp Leu Ile Phe Asp Pro Val Thr Ala Phe Asp Ser Gly Glu Tyr	
	200 205 210	
80	Tyr Cys Gln Ala Gln Asn Gly Tyr Gly Thr Ala Met Arg Ser Glu	
	215 220 225	
85	Ala Ala His Met Asp Ala Val Glu Leu Asn Val Gly Gly Ile Val	
	230 235 240	
90	Ala Ala Val Leu Val Thr Leu Ile Leu Leu Gly Leu Leu Ile Phe	
	245 250 255	
95	Gly Val Trp Phe Ala Tyr Ser Arg Gly Tyr Phe Glu Thr Thr Lys	
	260 265 270	
100	Lys Gly Thr Ala Pro Gly Lys Lys Val Ile Tyr Ser Gln Pro Ser	
	275 280 285	
105	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	ccccacgcgtc cgcccacgcg tccgcccacg ggtccgccccca cgcgtccggg 50
	ccaccagaag tttgagcctc tttggtagca ggaggctgga agaaaggaca 100
	gaagtagctc tggctgtat gggatctta ctgggcctgc tactcctggg 150
15	gcacctaaca gtggacactt atggccgtcc catcctggaa gtgccagaga 200
	gtgtAACAGG ACCTTGGAAA GGGGATGTGA ATCTTCCCTG CACCTATGAC 250
	cccctgcaag gctacaccca agtcttggtg aagtggctgg tacaacgtgg 300
20	ctcagaccct gtcaccatct ttctacgtga ctcttctggaa gaccatatcc 350
	agcaggcaaa gtaccaggcgc cgcctgcatt tgagccacaa ggttccagga 400
25	gtatgtatccc tccaatttggag caccctggag atggatgacc ggagccacta 450
	cacgtgtgaa gtcacactggc agactccctga tggcaaccaa gtcgtgagag 500
	ataagattac tgagctccgt gtccagaaac tctctgtctc caagcccaca 550
30	gtgacaactg gcaggcggtta tggcttcacg gtggcccaagg gaatgaggat 600
	tagccttcaa tgccaggctc ggggttctcc tcccatcaat tatatttggt 650
	ataagcaaca gactaataac caggaaccca tcaaagttagc aaccctaagt 700
35	accttactct tcaaggcctgc ggtgatagcc gactcaggct cctatttctg 750
	cactgccaag ggccagggtt gctctgagca gcacagcgcac attgtgaagt 800
40	ttgtggtcaa agactcctca aagctactca agaccaagac tgaggcacct 850
	acaaccatga cataccccctt gaaagcaaca tctacagtga agcagtcctg 900
	ggactggacc actgacatgg atggctaccc tggagagacc agtgctggc 950
45	caggaaagag cctgcctgtc tttgccccatca tcctcatcat ctccctgtgc 1000
	tgtatggtgg ttttaccat ggcctatatc atgctctgtc ggaagacatc 1050
50	ccaaacaagag catgtctacg aagcagccag gtaagaaagt ctctcctctt 1100
	ccatTTTGA CCCCCTCCCT GCCCTCAATT TTGATTACTG GCAGGAAATG 1150
	tggaggaagg ggggtgtggc acagacccaa tcctaaaggcc ggaggccttc 1200
55	agggtcagga catagctgcc ttccctctct caggcacctt ctgaggttgt 1250
	tttggccctc tgaacacaaa ggataattta gatccatctg cttctgtctt 1300
	ccagaatccc tgggtggtag gatcctgata attaattggc aagaatttag 1350
60	gcagaagggt gggaaaccag gaccacagcc ccaagtccct tcttatgggt 1400
	ggtggctct tggccatag ggcacatgcc agagaggcca acgactctgg 1450
65	agaaaaccatg agggtggcca tcttcgcaag tggctgtcc agtgatgagc 1500

ES 2 305 608 T3

caacttccca gaatctgggc aacaactact ctgatgagcc ctgcatagga 1550
caggagtacc agatcatcgc ccagatcaat ggcaactacg cccgcctgct 1600
5 ggacacagtt cctctggatt atgagttct ggccactgag ggcaaaagtg 1650
tctgttaaaa atgccccatt aggccaggat ctgctgacat aattgcctag 1700
10 tcagtccttg cttctgcat ggccttcttc cctgctacct ctcttcctgg 1750
atagcccaa gtgtccgcct accaacactg gagccgctgg gagtcactgg 1800
15 ctttgcctg qaatttgcca gatgcatctc aagtaagcca gctgctggat 1850
ttggctctgg gcccttctag tatctctgcc gggggcttct ggtactcctc 1900
20 tctaaatacc agaggaaaga tgcccatagc actaggactt ggtcatcatg 1950
cctacagaca ctattcaact ttggcatctt gccaccagaa gacccgaggg 2000
25 aggctcagct ctgcccagctc agaggaccag ctatatccag gatcatttct 2050
ctttcttcag ggccagacag ctttaattg aaattgttat ttcacaggcc 2100
30 agggttcagt tctgctcctc cactataagt ctaatgttct gactctctcc 2150
tggtgctcaa taaatatcta atcataaacag c 2181

35 <210> 12
<211> 24
<212> ADN
40 <213> secuencia artificial

<220>
<221> secuencia artificial
45 <222> 1-24
<223> secuencia artificial

<400> 12

50 tcgcggagct gtgttctgtt tccc 24

55 <210> 13
<211> 50
<212> ADN
60 <213> secuencia artificial

<220>
<221> secuencia artificial
<222> 1-50
65 <223> secuencia artificial

ES 2 305 608 T3

5 tgatcgcgat ggggacaaaag gcgcaggctc gagaggaaac tgggtgtgcct 50
10 <210> 14
 <211> 20
10 <212> ADN
 <213> secuencia artificial
15 <220>
15 <221> secuencia artificial
 <222> 1-20
 <223> secuencia artificial
20 <400> 14
 acacctggtt caaagatgg 20
25 <210> 15
 <211> 24
 <212> ADN
30 <213> secuencia artificial
 <220>
 <221> secuencia artificial
35 <222> 1-24
 <223> secuencia artificial
40 <400> 15
 taggaagagt tgctgaaggc acgg 24
45 <210> 16
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> secuencia artificial
50
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 ggttaggaaag 20

<210> 18
15 <211> 24
<212> ADN
<213> secuencia artificial

20 <220>
<221> secuencia artificial
<222> 1-24
<223> secuencia artificial
25
25 <400> 18

30 tatccctcca attgaggcacc ctgg 24

<210> 19
<211> 21
35 <212> ADN
<213> secuencia artificial

<220>
40 <221> secuencia artificial
<222> 1-21
<223> secuencia artificial

45 <400> 19

50 gtcggaagac atcccaacaa g 21

<210> 20
<211> 24
<212> ADN
55 <213> secuencia artificial

<220>
<221> secuencia artificial
60 <222> 1-24
<223> secuencia artificial

<400> 20
65
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
55 20 25 30

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

<210> 24

<211> 270

<212> PRT

<213> *Homo sapiens*

ES 2 305 608 T3

<400> 24

5	Val Arg Val Thr Val Asp Ala Ile Ser Val Glu Thr Pro Gln Asp	1	5	10	15
	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	
20	Ser Asn Lys Asn Tyr Ile His Gly Glu Leu Tyr Lys Asn Arg Val	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	
35	Gly Glu Thr Ile Ile Gly Asn Asn Ile Gln Leu Thr Cys Gln Ser	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	215	220	225	
50	Gly Ile Ala Val Gly Val Val Ala Ala Leu Ile Ile Ile Gly Ile	230	235	240	
	Ile Ile Tyr Cys Cys Cys Cys Arg Gly Lys Asp Asp Asn Thr Glu	245	250	255	
55	Asp Lys Glu Asp Ala Arg Pro Asn Arg Glu Ala Tyr Glu Glu Pro	260	265	270	

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

20

catctgagca aggccaaaac ctggaagagg atacagtcac tctggaagta 100
25 **ttagtggctc cagcagttcc atcatgtgaa gtaccctctt ctgctctgag .150**
tggaaactgtg gtagagctac gatgtcaaga caaagaaggg aatccagctc 200
30 **ctgaatacac acgtgtttaag gatggcatcc gtttgctaga aaatcccaga 250**
cttggctccc aaagcaccaa cagctcatac acaatgaata caaaaactgg 300
35 **aactctgcaa tttaataactg tttccaaact ggacactgga gaatattcct 350**
gtgaagcccc caattctgtt ggatatcgca ggtgtcctgg ggaaacgaaat 400
40 **gcaagtagat gat 413**

<210> 28
45 <211> 22
<212> ADN
<213> secuencia artificial

50 <220>
<221> secuencia artificial
<222> 1-22
55 <223> secuencia artificial

<400> 28

60 **atcggttgtga agtttagtgcc 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 tccaaacagaa ttg 23

<210> 30
15 <211> 48
<212> ADN
<213> secuencia artificial

20 <220>
<221> secuencia artificial
<222> 1-48
<223> secuencia artificial
25 <400> 30

30 ggaagaggat acagtcactc tggaagtatt agtggctcca gcagttcc 48

35

40

45

50

55

60

65