



(19)  
Bundesrepublik Deutschland  
Deutsches Patent- und Markenamt

(10) **DE 01 914 732 T1** 2004.04.15

(12)

## Veröffentlichung der Patentansprüche

der europäischen Patentanmeldung mit der  
(97) Veröffentlichungsnummer: **1 309 606**  
in deutscher Übersetzung (Art. II § 2 Abs. 1 IntPatÜG)  
(86) PCT-Aktenzeichen: **PCT/US01/07265**  
(96) Europäisches Aktenzeichen: **01 914 732.1**  
(86) PCT-Anmeldetag: **07.03.2001**  
(97) Veröffentlichungstag  
der europäischen Anmeldung: **14.05.2003**  
(46) Veröffentlichungstag der Patentansprüche  
in deutscher Übersetzung: **15.04.2004**

(51) Int Cl.<sup>7</sup>: **C07K 1/00**  
**C07H 21/04, C12P 21/06, G01N 33/566**

(30) Unionspriorität:

<b>187546 P</b>	<b>07.03.2000</b>	<b>US</b>
<b>195536 P</b>	<b>07.04.2000</b>	<b>US</b>
<b>209840 P</b>	<b>06.06.2000</b>	<b>US</b>
<b>214213 P</b>	<b>23.06.2000</b>	<b>US</b>
<b>226448 P</b>	<b>17.08.2000</b>	<b>US</b>
<b>259227 P</b>	<b>03.01.2001</b>	<b>US</b>

(71) Anmelder:

**Senomyx Inc., La Jolla, Calif., US**

(72) Erfinder:

**ADLER, Elliot, Jon, San Diego, US; ZOZULYA, Sergey, San Diego, US; O'CONNELL, M., Shawn, Encinitas, US; LI, Xiacong, 3435 Waco Street, San Diego, CA 92117, US; STASZEWSKI, Lena, San Diego, US**

**Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen**

(54) Bezeichnung: **T1R-GESCHMACKSREZEPTOREN UND IHRE KODIERENDEN GENE**

(57) Hauptanspruch: Isolierte Nucleinsäure, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus:

(i) einer genomischen DNA-Sequenz, welche im Wesentlichen aus einer Nucleinsäuresequenz besteht, die für ein bei der Geschmacksanzeige aktives G-Protein-gekoppeltes T1R-Säugetier-Rezeptor-Polypeptid codiert, wobei die Nucleinsäuresequenz im Wesentlichen aus einer Nucleinsäuresequenz besteht, die ausgewählt ist aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 15 und 20;

(ii) einer genomischen DNA-Sequenz, welche im Wesentlichen aus einer Nucleinsäuresequenz besteht, die für ein G-Protein-gekoppeltes T1R-Säugetier-Rezeptor-Polypeptid codiert, das eine Aminosäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 4, 14 und 17, aufweist;

(iii) einer genomischen DNA-Sequenz mit zumindest etwa 50%iger Übereinstimmung mit einer Nucleinsäuresequenz, welche für ein G-Protein-gekoppeltes T1R-Säugetier-Rezeptor-Polypeptid codiert, wobei die Nucleinsäuresequenz im Wesentlichen aus einer Nucleinsäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 15 und 20; einer Nucleinsäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 15 und 20, besteht;

(iv) einer genomischen DNA-Sequenz, welche im Wesentlichen...

## Patentansprüche

1. Isolierte Nucleinsäure, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus:

(i) einer genomischen DNA-Sequenz, welche im Wesentlichen aus einer Nucleinsäuresequenz besteht, die für ein bei der Geschmacksanzeige aktives G-Protein-gekoppeltes T1R-Säugetier-Rezeptor-Polypeptid codiert, wobei die Nucleinsäuresequenz im Wesentlichen aus einer Nucleinsäuresequenz besteht, die ausgewählt ist aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 15 und 20;

(ii) einer genomischen DNA-Sequenz, welche im Wesentlichen aus einer Nucleinsäuresequenz besteht, die für ein G-Protein-gekoppeltes T1R-Säugetier-Rezeptor-Polypeptid codiert, das eine Aminosäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 4, 14 und 17, aufweist;

(iii) einer genomischen DNA-Sequenz mit zumindest etwa 50%iger Übereinstimmung mit einer Nucleinsäuresequenz, welche für ein G-Protein-gekoppeltes T1R-Säugetier-Rezeptor-Polypeptid codiert, wobei die Nucleinsäuresequenz im Wesentlichen aus einer Nucleinsäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 15 und 20; einer Nucleinsäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 15 und 20, besteht;

(iv) einer genomischen DNA-Sequenz, welche im Wesentlichen aus einer Nucleinsäuresequenz besteht, die für ein G-Protein-gekoppeltes T1R-Säugetier-Rezeptor-Polypeptid codiert, das eine Aminosäuresequenz aufweist, welche zu zumindest etwa 40% mit der Aminosäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 4, 14 und 17, identisch ist;

(v) einer genomischen DNA-Sequenz, welche im Wesentlichen aus einer Sequenz besteht, die für ein G-Protein-gekoppeltes T1R-Säugetier-Rezeptor-Polypeptid codiert, das eine Consensus-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 18 und 19, und Sequenzen mit zumindest etwa 75%iger Übereinstimmung mit SEQ ID NO 18 oder 19 umfasst;

(vi) einer cDNA-Sequenz mit derselben Nucleinsäuresequenz wie der ein G-Protein-gekoppeltes T1R-Säugetier-Rezeptor-Polypeptid codierende Bereich in der genomischen DNA-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 15 und 20;

(vii) einer cDNA-Sequenz, welche für ein G-Protein-gekoppeltes T1R-Säugetier-Rezeptor-Polypeptid codiert, das eine Aminosäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 4, 14 und 17, aufweist;

(viii) einer cDNA-Sequenz, welche für ein G-Protein-gekoppeltes T1R-Säugetier-Rezeptor-Polypeptid codiert, das eine Consensus-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 18 und 19, und Sequenzen mit zumindest etwa 75%iger Übereinstimmung mit SEQ ID NO 18 oder 19 um-

fasst;

(ix) einer cDNA-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 3, 13 und 16;

(x) einer cDNA-Sequenz mit zumindest etwa 50%iger Sequenzübereinstimmung mit dem ein G-Protein-gekoppeltes T1R-Rezeptor-Polypeptid codierenden Bereich in der genomischen DNA-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 15 und 20;

(xi) einer cDNA-Sequenz mit zumindest etwa 50%iger Sequenzübereinstimmung mit einer Sequenz, welche ein G-Protein-gekoppeltes T1R-Säugetier-Rezeptor-Polypeptid codiert, das eine Aminosäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 4, 14 und 17, aufweist;

(xii) einer cDNA-Sequenz mit zumindest etwa 50%iger Übereinstimmung mit einer Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 3, 13 und 16;

(xiii) einer Variante einer Nucleotidsequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 3, 13, 15, 16 und 20, welche zumindest eine konservative Substitution in einem Bereich enthält, welcher für ein bei der Geschmacksanzeige aktives G-Protein-gekoppeltes T1R-Rezeptor-Polypeptid codiert;

(xiv) einer Variante einer Nucleotidsequenz, welche ein G-Protein-gekoppeltes T1R-Rezeptor-Polypeptid codiert, das eine Aminosäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 4, 14 und 17 aufweist, welche zumindest eine konservative Substitution in einem ein G-Protein-gekoppeltes T1R-Säugetier-Rezeptor-Polypeptid codierenden Bereich enthält; und

(xv) einer Variante einer cDNA-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 3, 13 und 16, welche zumindest eine konservative Substitution enthält.

2. isoliertes genomisches DNA-Molekül, welches im Wesentlichen aus einer Nucleinsäuresequenz besteht, die für ein G-Protein-gekoppeltes Säugetier-Rezeptor-Polypeptid codiert, wobei die Nucleinsäuresequenz im Wesentlichen aus SEQ ID NO 15 oder 20 besteht.

3. Isoliertes RNA-Molekül, transkribiert aus dem isolierten DNA-Molekül des Anspruchs 2.

4. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches unter stringenten Hybridisierungsbedingungen mit dem DNA-Molekül des Anspruchs 2 hybridisiert.

5. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches unter moderaten Hybridisierungsbedingungen mit dem DNA-Molekül des Anspruchs 2 hybridisiert.

6. Isoliertes Fragment des genomischen DNA-Moleküls des Anspruchs 2, welches zumindest etwa 20 bis 30 Nucleotidbasen lang ist.

7. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül, wobei das chimäre oder fusionierte Nucleinsäuremolekül zumindest einen Teil der im DNA-Molekül des Anspruchs 2 enthaltenen codierenden Sequenz und zumindest einen Teil einer heterologen codierenden Sequenz umfasst, wobei die Transcription des chimären oder fusionierten Nucleinsäuremoleküls zu einem einzigen chimären Nucleinsäure-Transcript führt.

8. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 7, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einer einen anderen G-Protein-gekoppelten Rezeptor codierenden Sequenz stammt.

9. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 7, wobei die heterologe codierende Sequenz eine Sequenz ist, welche die Expression des G-Protein-gekoppelten Säugetier-Rezeptor-Polypeptids an der Oberfläche einer Zelle ermöglicht.

10. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 9, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einem Säugetier-Rhodopsin stammt.

11. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 7, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einem ein grün fluoreszierendes Protein codierenden Gen oder einem anderen detektierbaren Markergen stammt.

12. Isoliertes genomisches DNA-Molekül, welches im Wesentlichen aus einer Nucleinsäuresequenz besteht, die für einen G-Protein-gekoppelten Säugetier-Rezeptor codiert, der eine Aminosäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ I NOs 4, 14 und 17, aufweist.

13. Isoliertes RNA-Molekül, transkribiert aus dem isolierten LINA-Molekül des Anspruchs 12.

14. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches unter stringenten Hybridisierungsbedingungen mit dem DNA-Molekül des Anspruchs 12 hybridisiert.

15. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches unter moderaten Hybridisierungsbedingungen mit dem DNA-Molekül des Anspruchs 12 hybridisiert.

16. Isoliertes Fragment des genomischen DNA-Moleküls des Anspruchs 12, welches zumindest etwa 20 bis 30 Nucleotidbasen lang ist.

17. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül, wobei das chimäre oder fusionierte Nucleinsäuremolekül zumindest einen Teil der im DNA-Molekül des Anspruchs 12 enthaltenen codierenden Sequenz und zumindest einen Teil einer heterologen codierenden Sequenz umfasst, wobei die Transcription

des chimären oder fusionierten Nucleinsäuremoleküls zu einem einzigen chimären Nucleinsäure-Transcript führt.

18. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 17, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einer einen anderen G-Protein-gekoppelten Rezeptor codierenden Sequenz stammt.

19. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 17, wobei die heterologe codierende Sequenz eine Sequenz ist, welche die Expression des G-Protein-gekoppelten Säugetier-Rezeptor-Polypeptids an der Oberfläche einer Zelle ermöglicht.

20. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 19, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einem Säugetier-Rhodopsin stammt.

21. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 17, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einem ein grün fluoreszierendes Protein codierenden Gen oder einem anderen detektierbaren Markergen stammt.

22. Isoliertes genomisches DNA-Molekül, welches im Wesentlichen aus einer Nucleinsäuresequenz mit zumindest etwa 50%iger Übereinstimmung mit einer Nucleinsäuresequenz besteht, die für ein G-Protein-gekoppeltes Säugetier-Rezeptor-Polypeptid codiert, wobei die Nucleinsäuresequenz im Wesentlichen aus einer Nucleinsäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 15 und 20, besteht.

23. Isoliertes RNA-Molekül, transkribiert aus dem isolierten DNA-Molekül des Anspruchs 22.

24. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches unter stringenten Hybridisierungsbedingungen mit dem DNA-Molekül des Anspruchs 22 hybridisiert.

25. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches unter moderaten Hybridisierungsbedingungen mit dem DNA-Molekül des Anspruchs 22 hybridisiert.

26. Isoliertes Fragment des genomischen DNA-Moleküls des Anspruchs 22, welches zumindest etwa 20 bis 30 Nucleotidbasen lang ist.

27. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül, wobei das chimäre oder fusionierte Nucleinsäuremolekül zumindest einen Teil der im DNA-Molekül des Anspruchs 22 enthaltenen codierenden Sequenz und zumindest einen Teil einer heterologen codierenden Sequenz umfasst, wobei die Transcription des chimären oder fusionierten Nucleinsäuremole-

küls zu einem einzigen chimären Nucleinsäure-Transcript führt.

28. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 27, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einer einen anderen G-Protein-gekoppelten Rezeptor codierenden Sequenz stammt.

29. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 27, wobei die heterologe codierende Sequenz eine Sequenz ist, welche die Expression des G-Protein-gekoppelten Säugetier-Rezeptor-Polypeptids an der Oberfläche einer Zelle ermöglicht.

30. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 29, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einem Säugetier-Rhodopsin stammt.

31. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 27, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einem ein grün fluoreszierendes Protein codierenden Gen oder einem anderen detektierbaren Markergen stammt.

32. Isoliertes genomisches DNA-Molekül, welches im Wesentlichen aus einer Nucleinsäuresequenz besteht, die für einen G-Protein-gekoppelten Säugetier-Rezeptor codiert, welcher eine Aminosäuresequenz aufweist, die zu zumindest etwa 44% mit der Aminosäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NO: 4, 14 und 17, identisch ist.

33. Isoliertes RNA-Molekül, transkribiert aus dem isolierten DNA-Molekül des Anspruchs 32.

34. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches unter stringenten Hybridisierungsbedingungen mit dem DNA-Molekül des Anspruchs 32 hybridisiert.

35. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches unter moderaten Hybridisierungsbedingungen mit dem DNA-Molekül des Anspruchs 32 hybridisiert.

36. Isoliertes Fragment des genomischen DNA-Moleküls des Anspruchs 32, welches zumindest etwa 20 bis 30 Nucleotidbasen lang ist.

37. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül, wobei das chimäre oder fusionierte Nucleinsäuremolekül zumindest einen Teil der im DNA-Molekül des Anspruchs 32 enthaltenen codierenden Sequenz und zumindest einen Teil einer heterologen codierenden Sequenz umfasst, wobei die Transcription des chimären oder fusionierten Nucleinsäuremoleküls zu einem einzigen chimären Nucleinsäure-Transcript führt.

38. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 37, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einer einen anderen G-Protein-gekoppelten Rezeptor codierenden Sequenz stammt.

39. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 37, wobei die heterologe codierende Sequenz eine Sequenz ist, welche die Expression des G-Protein-gekoppelten Säugetier-Rezeptor-Polypeptids an der Oberfläche einer Zelle ermöglicht.

40. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 39, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einem Säugetier-Rhodopsin stammt.

41. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 37, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einem ein grün fluoreszierendes Protein codierenden Gen oder einem anderen detektierbaren Markergen stammt.

42. Isoliertes cDNA-Molekül, umfassend eine Nucleinsäuresequenz mit derselben Sequenz wie der ein G-Protein-gekoppeltes Säugetier-Rezeptor-Polypeptid codierende Bereich, welcher in einer genomischen DNA-Sequenz enthalten ist, die im Wesentlichen aus einer Nucleinsäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 15 und 20, besteht.

43. Isoliertes RNA-Molekül, transkribiert aus dem isolierten DNA-Molekül des Anspruchs 42.

44. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches unter stringenten Hybridisierungsbedingungen mit dem DNA-Molekül des Anspruchs 42 hybridisiert.

45. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches unter moderaten Hybridisierungsbedingungen mit dem DNA-Molekül des Anspruchs 42 hybridisiert.

46. Isoliertes Fragment des genomischen DNA-Moleküls des Anspruchs 42, welches zumindest etwa 20 bis 30 Nucleotidbasen lang ist.

47. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül, wobei das chimäre oder fusionierte Nucleinsäuremolekül zumindest einen Teil der im DNA-Molekül des Anspruchs 42 enthaltenen codierenden Sequenz und zumindest einen Teil einer heterologen codierenden Sequenz umfasst, wobei die Transcription des chimären oder fusionierten Nucleinsäuremoleküls zu einem einzigen chimären Nucleinsäure-Transcript führt.

48. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 47, wobei die heterologe codierende

rende Sequenz aus einer einen anderen G-Protein-gekoppelten Rezeptor codierenden Sequenz stammt.

49. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 47, wobei die heterologe codierende Sequenz eine Sequenz ist, welche die Expression des G-Protein-gekoppelten Säugetier-Rezeptor-Polypeptids an der Oberfläche einer Zelle ermöglicht.

50. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 49, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einem Säugetier-Rhodopsin stammt.

51. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 47, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einem ein grün fluoreszierendes Protein codierenden Gen oder einem anderen detektierbaren Markergen stammt.

52. Nucleinsäuremolekül, umfassend die isolierte cDNA des Anspruchs 42, betriebsfähig gebunden an einen heterologen Promotor, der entweder regulierbar oder konstitutiv ist.

53. Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 52, wobei der regulierbare Promotor unter spezifischen Umwelt- oder Entwicklungsbedingungen induzierbar ist.

54. Isoliertes eDNA-Molekül, umfassend eine Nucleinsäuresequenz, welche für ein G-Protein-gekoppeltes Rezeptor-Polypeptid codiert, das eine Aminosäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 4, 14 und 17, aufweist.

55. Isoliertes RNA-Molekül, transkribiert aus dem isolierten DNA-Molekül des Anspruchs 54.

56. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches unter stringenten Hybridisierungsbedingungen mit dem DNA-Molekül des Anspruchs 54 hybridisiert.

57. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches unter moderaten Hybridisierungsbedingungen mit dem DNA-Molekül des Anspruchs 54 hybridisiert.

58. Isoliertes Fragment des genomischen DNA-Moleküls des Anspruchs 54, welches zumindest etwa 20 bis 30 Nucleotidbasen lang ist.

59. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül, wobei das chimäre oder fusionierte Nucleinsäuremolekül zumindest einen Teil der im DNA-Molekül des Anspruchs 54 enthaltenen codierenden Sequenz und zumindest einen Teil einer heterologen codierenden Sequenz umfasst, wobei die Transcription des chimären oder fusionierten Nucleinsäuremoleküls zu einem einzigen chimären Nucleinsäure-Transcript führt.

script führt.

60. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 59, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einer einen anderen G-Protein-gekoppelten Rezeptor codierenden Sequenz stammt.

61. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 59, wobei die heterologe codierende Sequenz eine Sequenz ist, welche die Expression des G-Protein-gekoppelten Säugetier-Rezeptor-Polypeptids an der Oberfläche einer Zelle ermöglicht.

62. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 61, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einem Säugetier-Rhodopsin stammt.

63. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 59, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einem ein grün fluoreszierendes Protein codierenden Gen oder einem anderen detektierbaren Markergen stammt.

64. Nucleinsäuremolekül, umfassend die isolierte cDNA des Anspruchs 54, betriebsfähig gebunden an einen heterologen Promotor, der entweder regulierbar oder konstitutiv ist.

65. Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 64, wobei der regulierbare Promotor unter spezifischen Umwelt- oder Entwicklungsbedingungen induzierbar ist.

66. Isoliertes cDNA-Molekül, umfassend eine Nucleinsäuresequenz mit zumindest etwa 50%iger Sequenzübereinstimmung mit dem ein G-Protein-gekoppeltes Rezeptor-Polypeptid codierenden Bereich in einer genomischen DNA-Sequenz, die im Wesentlichen aus einer Nucleinsäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 15 und 20, besteht.

67. Isoliertes RNA-Molekül, transkribiert aus dem isolierten DNA-Molekül des Anspruchs 66.

68. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches unter stringenten Hybridisierungsbedingungen mit dem DNA-Molekül des Anspruchs 66 hybridisiert.

69. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches unter moderaten Hybridisierungsbedingungen mit dem DNA-Molekül des Anspruchs 66 hybridisiert.

70. Isoliertes Fragment des genomischen DNA-Moleküls des Anspruchs 66, welches zumindest etwa 20 bis 30 Nucleotidbasen lang ist.

71. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremo-

lekül, wobei das chimäre oder fusionierte Nucleinsäuremolekül zumindest einen Teil der im DNA-Molekül des Anspruchs 66 enthaltenen codierenden Sequenz und zumindest einen Teil einer heterologen codierenden Sequenz umfasst, wobei die Transcription des chimären oder fusionierten Nucleinsäuremoleküls zu einem einzigen chimären Nucleinsäure-Transcript führt.

72. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 71, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einer einen anderen G-Protein-gekoppelten Rezeptor codierenden Sequenz stammt.

73. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 71, wobei die heterologe codierende Sequenz eine Sequenz ist, welche die Expression des G-Protein-gekoppelten Säugetier-Rezeptor-Polypeptids an der Oberfläche einer Zelle ermöglicht.

74. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 73, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einem Säugetier-Rhodopsin stammt.

75. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 71, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einem ein grün fluoreszierendes Protein codierenden Gen oder einem anderen detektierbaren Markergen stammt.

76. Nucleinsäuremolekül, umfassend die isolierte cDNA des Anspruchs 66, betriebsfähig gebunden an einen heterologen Promotor, der entweder regulierbar oder konstitutiv ist.

77. Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 76, wobei der regulierbare Promotor unter spezifischen Umwelt- oder Entwicklungsbedingungen induzierbar ist.

78. Isoliertes cDNA-Molekül, umfassend eine Nucleinsäuresequenz mit zumindest etwa 40%iger Sequenzübereinstimmung mit einer Sequenz, welche ein G-Protein-gekoppeltes Säugetier-T1R-Rezeptor-Polypeptid codiert, das eine Aminosäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 4, 10, 12, 14 und 17, umfasst.

79. Isoliertes RNA-Molekül, transkribiert aus dem isolierten DNA-Molekül des Anspruchs 78.

80. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches unter stringenten Hybridisierungsbedingungen mit dem DNA-Molekül des Anspruchs 78 hybridisiert.

81. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches unter moderaten Hybridisierungsbedingungen mit dem DNA-Molekül des Anspruchs 78 hybridisiert.

82. Isoliertes Fragment des genomischen DNA-Moleküls des Anspruchs 78, welches zumindest etwa 20 bis 30 Nucleotidbasen lang ist.

83. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül, wobei das chimäre oder fusionierte Nucleinsäuremolekül zumindest einen Teil der im DNA-Molekül des Anspruchs 78 enthaltenen codierenden Sequenz und zumindest einen Teil einer heterologen codierenden Sequenz umfasst, wobei die Transcription des chimären oder fusionierten Nucleinsäuremoleküls zu einem einzigen chimären Nucleinsäure-Transcript führt.

84. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 83, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einer einen anderen G-Protein-gekoppelten Rezeptor codierenden Sequenz stammt.

85. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 83, wobei die heterologe codierende Sequenz eine Sequenz ist, welche die Expression des G-Protein-gekoppelten Säugetier-Rezeptor-Polypeptids an der Oberfläche einer Zelle ermöglicht.

86. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 85, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einem Säugetier-Rhodopsin stammt.

87. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 83, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einem ein grün fluoreszierendes Protein codierenden Gen oder einem anderen detektierbaren Markergen stammt.

88. Nucleinsäuremolekül, umfassend die isolierte cDNA des Anspruchs 78, betriebsfähig gebunden an einen heterologen Promotor, der entweder regulierbar oder konstitutiv ist.

89. Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 88, wobei der regulierbare Promotor unter spezifischen Umwelt- oder Entwicklungsbedingungen induzierbar ist.

90. Isolierte DNA-Molekül-Variante, umfassend eine Nucleotidsequenz, welche im Wesentlichen aus einer Nucleinsäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 15 und 20, besteht, welche zumindest eine konservative Substitution in einem Bereich enthält, welcher für einen bei der Geschmacksanzeige aktiven G-Protein-gekoppelten Rezeptor codiert.

91. Isoliertes RNA-Molekül, transkribiert aus dem isolierten DNA-Molekül des Anspruchs 90.

92. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches un-

ter stringenten Hybridisierungsbedingungen mit dem DNA-Molekül des Anspruchs 90 hybridisiert.

93. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches unter moderaten Hybridisierungsbedingungen mit dem DNA-Molekül des Anspruchs 90 hybridisiert.

94. Isoliertes Fragment des genomischen DNA-Moleküls des Anspruchs 90, welches zumindest etwa 20 bis 30 Nucleotidbasen lang ist.

95. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül, wobei das chimäre oder fusionierte Nucleinsäuremolekül zumindest einen Teil der im DNA-Molekül des Anspruchs 90 enthaltenen codierenden Sequenz und zumindest einen Teil einer heterologen codierenden Sequenz umfasst, wobei die Transcription des chimären oder fusionierten Nucleinsäuremoleküls zu einem einzigen chimären Nucleinsäure-Transcript führt.

96. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 95, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einer einen anderen G-Protein-gekoppelten Rezeptor codierenden Sequenz stammt.

97. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 95, wobei die heterologe codierende Sequenz eine Sequenz ist, welche die Expression des G-Protein-gekoppelten Säugetier-Rezeptor-Polypeptids an der Oberfläche einer Zelle ermöglicht.

98. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 97, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einem Säugetier-Rhodopsin-gen stammt.

99. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 95, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einem ein grün fluoreszierendes Protein codierenden Gen oder einem anderen detektierbaren Markergen stammt.

100. cDNA-Molekül mit derselben Nucleinsäuresequenz wie der codierende Bereich der DNA-Molekül-Variante des Anspruchs 90.

101. Nucleinsäuremolekül, umfassend die cDNA des Anspruchs 100, betriebsfähig gebunden an einen heterologen Promotor, der entweder regulierbar oder konstitutiv ist.

102. Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 101, wobei der regulierbare Promotor unter spezifischen Umwelt- oder Entwicklungsbedingungen induzierbar ist.

103. Isolierte Molekül-Variante, umfassend eine

Nucleotidsequenz, welche ein Polypeptid codiert, das eine Aminosäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 4, 14 und 17, aufweist, welche zumindest eine konservative Substitution in einem codierenden Bereich enthält.

104. Isoliertes RNA-Molekül, transkribiert aus dem isolierten DNA-Molekül des Anspruchs 103.

105. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches unter stringenten Hybridisierungsbedingungen mit dem DNA-Molekül des Anspruchs 103 hybridisiert.

106. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches unter moderaten Hybridisierungsbedingungen mit dem DNA-Molekül des Anspruchs 103 hybridisiert.

107. Isoliertes Fragment des genomischen DNA-Moleküls des Anspruchs 103, welches zumindest etwa 20 bis 30 Nucleotidbasen lang ist.

108. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül, wobei das chimäre oder fusionierte Nucleinsäuremolekül zumindest einen Teil der im DNA-Molekül des Anspruchs 103 enthaltenen codierenden Sequenz und zumindest einen Teil einer heterologen codierenden Sequenz umfasst, wobei die Transcription des chimären oder fusionierten Nucleinsäuremoleküls zu einem einzigen chimären Nucleinsäure-Transcript führt.

109. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 108, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einer einen anderen G-Protein-gekoppelten Rezeptor codierenden Sequenz stammt.

110. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 108, wobei die heterologe codierende Sequenz eine Sequenz ist, welche die Expression des G-Protein-gekoppelten Säugetier-Rezeptor-Polypeptids an der Oberfläche einer Zelle ermöglicht.

111. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 110, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einem Säugetier-Rhodopsin-gen stammt.

112. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 108, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einem ein grün fluoreszierendes Protein codierenden Gen oder einem anderen detektierbaren Markergen stammt.

113. cDNA-Molekül mit derselben Nucleinsäuresequenz wie der codierende Bereich der DNA-Molekül-Variante des Anspruchs 103.

114. Nucleinsäuremolekül, umfassend das cD-

NA-Molekül des Anspruchs 113, welches betriebsfähig an einen heterologen Promotor, der entweder regulierbar oder konstitutiv ist, gebunden ist.

115. Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 114, wobei der regulierbare Promotor unter spezifischen Umwelt- oder Entwicklungsbedingungen induzierbar ist.

116. Isoliertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 1, wobei die Nucleinsäure ein G-Protein-gekoppeltes Rezeptor-Polypeptid codiert, das bei der Geschmacksanzeige bei Ratte, Maus oder Mensch aktiv ist.

117. Expressionsvektor, umfassend ein isoliertes Nucleinsäuremolekül des Anspruchs 1, wobei der Vektor ausgewählt ist aus der Gruppe, bestehend aus Säugetiervektoren, Bakterienplasmiden, Bakteriophagenmiden, Säugetierviren und -retroviren, Bakteriophagen-Vektoren und linearen oder ringförmigen DNA-Molekülen, die in der Lage sind, sich in einem Wirtszellgenom zu integrieren.

118. Wirtszelle, welche mit zumindest einem der Expressionsvektoren des Anspruchs 117 transfiziert ist, wobei die Wirtszelle die codierten G-Protein-gekoppelten Rezeptor-Polypeptide an der Oberfläche der Wirtszelle exprimiert.

119. Nucleinsäurereihe, umfassend zumindest etwa 20 bis 30 Nucleotide zumindest eines der isolierten Nucleinsäuremoleküle des Anspruchs 1, wobei das zumindest eine Nucleinsäuremolekül kovalent oder nicht kovalent an einen Festphasenträger gebunden ist.

120. Verfahren zum Screenen nach Verbindungen, welche die Geschmacksanzeige aktivieren, umfassend:

- (i) das In-Kontakt-Bringen der Wirtszelle des Anspruchs 118 mit einer mutmaßlichen geschmacksaktivierenden Verbindung; und
- (ii) das Messen der Aktivität des an der Zelloberfläche exprimierten G-Protein-gekoppelten Rezeptor-Polypeptids.

121. Verfahren nach Anspruch 120, wobei die Aktivität des G-Protein-gekoppelten Rezeptor-Polypeptids durch Analysen gemessen wird, indem Veränderungen in den intrazellulären  $\text{Ca}^{2+}$ -Pegeln, bei cAMP, cGMP und IP3 oder der G-Protein-Bindung von GTPγS gemessen werden.

122. Verfahren nach Anspruch 124, wobei die Wirtszelle mit zumindest einem zusätzlichen Nucleinsäurekonstrukt transfiziert wird, welches ein Gen codiert, das an der Geschmacksanzeige beteiligt ist.

123. Verfahren nach Anspruch 122, wobei das

zumindest eine zusätzliche Gen ein G-Protein codiert, das an der Transduktion des Geschmackssignals beteiligt ist.

124. Verfahren nach Anspruch 123, wobei das G-Protein ein promiskuitives G-Protein ist.

125. Verfahren zum Screenen nach Verbindungen, welche die Transduktion der Geschmacksanzeige modulieren, umfassend:

- (i) das In-Kontakt-Bringen einer Wirtszelle gemäß Anspruch 118 mit einer bekannten geschmacksaktivierenden Verbindung und einer Verbindung, die mutmaßlich an der Modulation einer Geschmackstransduktion beteiligt ist;
- (ii) das In-Kontakt-Bringen einer Wirtszelle gemäß Anspruch 118 nur mit einer bekannten geschmacksaktivierenden Verbindung; und
- (iii) das Vergleichen der Aktivität des an der Zelloberfläche der Wirtszelle exprimierten G-Protein-gekoppelten Rezeptor-Polypeptids des Schritts (i) mit der Aktivität des an der Zelloberfläche der Wirtszelle exprimierten G-Protein-gekoppelten Rezeptor-Polypeptids des Schritts (ii), um die Modulatoren einer Geschmackstransduktion zu identifizieren.

126. Verfahren nach Anspruch 125, wobei die modulierenden Verbindungen ausgewählt sind aus der Gruppe, bestehend aus Aktivatoren, Inhibitoren, Stimulatoren, Verstärkern, Agonisten und Antagonisten.

127. Verfahren nach Anspruch 125, wobei die Aktivität des G-Protein-gekoppelten Rezeptor-Polypeptids durch Analysen gemessen wird, indem Veränderungen in den intrazellulären  $\text{Ca}^{2+}$ -Pegeln, bei cAMP, cGMP und IP3 oder der G-Protein-Bindung von GTPγS gemessen werden.

128. Verfahren nach Anspruch 125, wobei die Wirtszelle mit zumindest einem zusätzlichen Nucleinsäurekonstrukt transfiziert wird, welches ein Gen codiert, das an der Geschmacksanzeige beteiligt ist.

129. Verfahren nach Anspruch 128, wobei das zumindest eine zusätzliche Gen ein G-Protein codiert, das an der Transduktion des Geschmackssignals beteiligt ist.

130. Verfahren nach Anspruch 129, wobei das G-Protein ein promiskuitives G-Protein ist.

131. Verfahren zum Detektieren der Expression eines G-Protein-gekoppelten Rezeptor-Polypeptidgens in einer Zelle, umfassend:

- (i) das In-Kontakt-Bringen der Zelle mit einem Nucleinsäuremolekül, welches unter stringenten Bedingungen mit dem isolierten Nucleinsäuremolekül des Anspruchs 1 hybridisiert; und
- (ii) das Detektieren einer Hybridisierung, um die Ex-



pression des G-Protein-gekoppelten Rezeptor-Polypeptidgens zu detektieren.

132. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches ein bei der Geschmacksanzeige aktives G-Protein-gekoppeltes Rezeptor-Polypeptid mit der Nucleotidsequenz SEQ ID NO: 1 codiert.

133. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches ein bei der Geschmacksanzeige aktives G-Protein-gekoppeltes Rezeptor-Polypeptid mit der Nucleotidsequenz SEQ ID NO: 2 codiert.

134. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches ein bei der Geschmacksanzeige aktives G-Protein-gekoppeltes Rezeptor-Polypeptid mit der Nucleotidsequenz SEQ ID NO: 9 codiert.

135. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches ein bei der Geschmacksanzeige aktives G-Protein-gekoppeltes Rezeptor-Polypeptid mit der Nucleotidsequenz SEQ ID NO: 11 codiert.

136. Isoliertes Nucleinsäuremolekül mit der Nucleotidsequenz SEQ ID NO: 3.

137. Isoliertes Nucleinsäuremolekül mit der Nucleotidsequenz SEQ ID NO: 13.

138. Isoliertes Nucleinsäuremolekül mit der Nucleotidsequenz SEQ ID NO: 15.

139. Isoliertes Nucleinsäuremolekül mit der Nucleotidsequenz SEQ ID NO: 16.

140. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches das Polypeptid mit der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 4 codiert.

141. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches das bei der Geschmacksanzeige aktive G-Protein-gekoppelte Rezeptor-Polypeptid mit der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 10 codiert.

142. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches das bei der Geschmacksanzeige aktive G-Protein-gekoppelte Rezeptor-Polypeptid mit der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 12 codiert.

143. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches das Polypeptid mit der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 14 codiert.

144. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches das Polypeptid mit der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 17 codiert.

145. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches ein bei der Geschmacksanzeige aktives G-Protein-gekoppeltes Rezeptor-Polypeptid codiert, das die Con-

sensus-Sequenz SEQ ID NO: 18 oder eine Consensus-Sequenz mit zumindest 75%iger Übereinstimmung mit der Sequenz SEQ ID NO: 18 umfasst.

146. Isolierte Nucleinsäure, welche ein bei der Geschmacksanzeige aktives G-Protein-gekoppeltes Rezeptor-Polypeptid codiert, das die Consensus-Sequenz SEQ ID NO: 19 oder eine Consensus-Sequenz mit zumindest 75%iger Übereinstimmung mit der Sequenz SEQ ID NO 19: umfasst.

147. Genomische DNA, welche durch eine PCR-Reaktion mit zumindest einem degenerierten Primer amplifiziert wurde, welcher eine Nucleinsäuresequenz SEQ ID NO 5 oder 6 aufweist oder im Wesentlichen aus einer eine Consensus-Sequenz SEQ ID NO 18 oder 19 codierenden Nucleinsäuresequenz besteht, wobei die amplifizierte DNA eine codierende Sequenz für ein bei der Geschmacksanzeige aktives G-Protein-gekoppeltes Rezeptor-Polypeptid umfasst.

148. Verfahren zum Isolieren einer genomischen Sequenz, welche eine codierende Sequenz für ein bei der Geschmacksanzeige aktives G-Protein-gekoppeltes Rezeptor-Polypeptid umfasst, wobei das Verfahren das In-Kontakt-Bringen eines Säugetiergenoms mit zumindest einem degenerierten Primer umfasst, welcher eine Nucleinsäuresequenz SEQ ID NO 5 oder 6 aufweist oder im Wesentlichen aus einer eine Consensus-Sequenz SEQ ID NO 18 oder 19 codierenden Nucleinsäuresequenz besteht, sowie das Amplifizieren der die Primersequenz umfassenden, genomischen Sequenz in Gegenwart von Polymerase, freien Nucleotiden und Cofaktoren.

149. Verfahren zum Screenen eines Säugetiergenoms nach einer codierenden Sequenz für einen bei der Geschmacksanzeige aktiven G-Protein-gekoppelten Rezeptor, umfassend:

- (i) das In-Kontakt-Bringen des Säugetiergenoms mit zumindest einem degenerierten Primer, welcher eine Nucleinsäuresequenz SEQ ID NO 5 oder 6 aufweist oder im Wesentlichen aus einer eine Consensus-Sequenz SEQ ID NO 18 oder 19 codierenden Nucleinsäuresequenz besteht;
- (ii) das Amplifizieren der die zumindest eine Primersequenz umfassenden, genomischen Sequenz in Gegenwart von Polymerase, freien Nucleotiden und Cofaktoren; und
- (iii) das Detektieren des Vorhandenseins einer ein G-Protein-gekoppeltes Rezeptor-Polypeptidgen umfassenden, amplifizierten Sequenz.

150. Plasmid SAV115, umfassend ein Maus-T1R3-Gen.

151. Plasmid SAV118, umfassend ein Ratten-T1R3-Gen.

152. Isoliertes Polypeptid, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus:

- (i) einem bei der Geschmacksanzeige aktiven G-Protein-gekoppelten Rezeptor-Polypeptid, welches von einem Nucleinsäuremolekül codiert wird, das eine Nucleinsäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 9 und 11, und im Wesentlichen aus SEQ ID NOs 1 und 2 bestehende genomische Sequenzen umfasst;
- (ii) einem G-Protein-gekoppelten Rezeptor-Polypeptid, welches von einem Nucleinsäuremolekül codiert wird, das eine Nucleinsäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 3, 13 und 16, sowie eine genomische Sequenz umfasst, die im Wesentlichen aus einer Nucleinsäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 15 und 20, besteht;
- (iii) einem bei der Geschmacksanzeige aktiven G-Protein-gekoppelten Rezeptor-Polypeptid, welches eine Aminosäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 10 und 12, umfasst;
- (iv) einem G-Protein-gekoppelten Rezeptor-Polypeptid, welches eine Aminosäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 4, 14 und 17, umfasst;
- (v) einem bei der Geschmacksanzeige aktiven G-Protein-gekoppelten Rezeptor-Polypeptid, welches von einem Nucleinsäuremolekül codiert wird, das eine Nucleinsäuresequenz mit zumindest etwa 50%iger Übereinstimmung mit einer Nucleinsäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 9 und 11, sowie genomische Sequenzen umfasst, die im Wesentlichen aus SEQ ID NOs 1 und 2 bestehen;
- (vi) einem G-Protein-gekoppelten Rezeptor-Polypeptid, welches von einem Nucleinsäuremolekül codiert wird, das eine Nucleinsäuresequenz mit zumindest etwa 50%iger Übereinstimmung mit einer Nucleinsäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 3, 13 und 16, sowie eine genomische Sequenz umfasst, die im Wesentlichen aus einer Nucleinsäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 15 und 20, besteht;
- (vii) einem bei der Geschmacksanzeige aktiven G-Protein-gekoppelten Rezeptor-Polypeptid, welches eine Aminosäuresequenz umfasst, die zu zumindest etwa 40% mit einer Aminosäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 10 und 12, identisch ist;
- (viii) einem G-Protein-gekoppelten Rezeptor-Polypeptid, welches eine Aminosäuresequenz umfasst, die zu zumindest etwa 40% mit einer Aminosäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 4, 14 und 17, identisch ist;
- (ix) einer Variante eines bei der Geschmacksanzeige aktiven G-Protein-gekoppelten Rezeptor-Polypeptids, welches von einem Nucleinsäuremolekül codiert wird, das eine Nucleinsäuresequenz, ausgewählt aus

der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 9 und 11, und im Wesentlichen aus SEQ ID NOs 1 und 2 bestehende genomische Sequenzen umfasst, wobei die Protein-Variante zumindest eine konservative Substitution bezüglich des von der Nucleotidsequenz codierten G-Protein-gekoppelten Rezeptors enthält;

- (x) einer Variante eines G-Protein-gekoppelten Rezeptor-Polypeptids, welches von einem Nucleinsäuremolekül codiert wird, das eine Nucleinsäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 3, 13 und 16, sowie eine genomische Sequenz umfasst, die im Wesentlichen aus einer Nucleinsäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 15 und 20, besteht, wobei die Protein-Variante zumindest eine konservative Substitution bezüglich des von der Nucleotidsequenz codierten G-Protein-gekoppelten Rezeptors enthält;
- (xi) einer Variante eines bei der Geschmacksanzeige aktiven G-Protein-gekoppelten Rezeptor-Polypeptids, welches eine Aminosäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 10 und 12, umfasst, welche zumindest eine konservative Substitution enthält; und
- (xii) einer Variante eines G-Protein-gekoppelten Rezeptor-Polypeptids, welches eine Aminosäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 4, 14 und 17, umfasst, welche zumindest eine konservative Substitution enthält.

153. Fragment des Polypeptids nach Anspruch 152, wobei das Fragment zumindest etwa 5 bis 7 Aminosäuren umfasst.

154. Fragment nach Anspruch 153, wobei das Fragment eine extrazelluläre Domäne eines G-Protein-gekoppelten T1R-Säugetier-Rezeptor-Polypeptids enthält.

155. Fragment nach Anspruch 154, wobei die extrazelluläre Domäne mit einer an der Geschmacksaktivierung oder -modulation beteiligten Verbindung interagiert.

156. Fragment nach Anspruch 154, wobei die extrazelluläre Domäne mit einem an der Transduktion des Geschmackssignals beteiligten Protein interagiert.

157. Fragment nach Anspruch 156, wobei das an der Transduktion des Geschmackssignals beteiligte Protein eine G-Protein-Untereinheit ist.

158. Fragment nach Anspruch 157, wobei die G-Protein-Untereinheit ein promiskuitives G-Protein ist.

159. Chimäres oder fusioniertes Polypeptid, umfassend zumindest einen Teil der Aminosäuresequenz eines Polypeptids des Anspruchs 152 und zumindest einen Teil einer heterologen Aminosäurese-

quenz.

160. Chimären oder fusioniertes Polypeptid nach Anspruch 159, wobei die heterologe Sequenz eine Sequenz aus einem anderen G-Protein-gekoppelten Rezeptor ist.

161. Chimäres oder fusioniertes Polypeptid nach Anspruch 159, wobei die heterologe Sequenz eine Sequenz aus einem grün fluoreszierenden Protein ist.

162. Verfahren zum Screenen einer oder mehrerer Verbindungen nach dem Vorhandensein einer Verbindung, welche die Geschmacksanzeige aktiviert oder moduliert, umfassend das In-Kontakt-Bringen der einen oder der mehreren Verbindungen mit einem oder mehreren Fragmenten eines oder mehrerer Polypeptide gemäß Anspruch 152, wobei das eine oder die mehreren Fragmente zumindest etwa 5 bis 7 Aminosäuren lang ist bzw. sind.

163. Verfahren zum Screenen eines oder mehrerer Proteine nach dem Vorhandensein eines Proteins, welches mit einem bei der Geschmacksanzeige aktiven G-Protein-gekoppelten Rezeptor interagiert, umfassend das In-Kontakt-Bringen des einen oder der mehreren Proteine mit einem oder mehreren Fragmenten eines oder mehrerer Polypeptide gemäß Anspruch 152, wobei das eine oder die mehreren Fragmente zumindest etwa 5 bis 7 Aminosäuren lang ist bzw. sind.

164. Polypeptidreihe, umfassend ein Segment von zumindest etwa 5 bis 7 Aminosäuren eines oder mehrerer Polypeptide gemäß Anspruch 152, wobei das eine oder die mehreren Polypeptidsegmente kovalent oder nicht kovalent an einen Festphasenträger gebunden ist bzw. sind.

165. Isolierter Antikörper oder isoliertes Antikörperfragment, welcher bzw. welches mit Spezifität an ein Polypeptid des Anspruchs 152 bindet.

166. Isoliertes Polypeptid mit der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 4.

167. Isoliertes Polypeptid mit der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 10.

168. Isoliertes Polypeptid mit der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 12.

169. Isoliertes Polypeptid mit der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 14.

170. Isoliertes Polypeptid mit der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 17.

171. Verfahren zum Darstellen der Wahrneh-

mung einer oder mehrerer Geschmacksrichtungen bei einem oder mehreren Säugetieren, umfassend folgende Schritte:

(i) das Bereitstellen von Werten  $X_1$  bis  $X_n$ , welche die quantitative Stimulierung jedes von  $n$  Geschmacksrezeptoren dieser Säugetiere darstellen; und  
(ii) das Erzeugen einer quantitativen Darstellung der Geschmackswahrnehmung aus diesen Werten, wobei zumindest einer dieser Geschmacksrezeptoren ein Geschmacksrezeptor-Polypeptid ist, welches eine Sequenz aufweist, die zu zumindest etwa 40% mit einer Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs: 4, 10, 12, 14 und 17, identisch ist.

172. Verfahren nach Anspruch 171, wobei die Darstellung einen Punkt oder ein Volumen im  $n$ -dimensionalen Raum bildet.

173. Verfahren nach Anspruch 171, wobei die Darstellung ein Diagramm oder ein Spektrum bildet.

174. Verfahren nach Anspruch 171, wobei die Darstellung eine Matrix aus quantitativen Darstellungen bildet.

175. Verfahren nach Anspruch 171, wobei dieser vorbereitende Schritt das In-Kontakt-Bringen einer Mehrzahl von rekombinatorisch hergestellten Geschmacksrezeptoren mit einer Testzusammensetzung und das quantitative Messen der Interaktion dieser Zusammensetzung mit den Rezeptoren umfasst.

176. Verfahren zum Vorhersagen der Geschmackswahrnehmung bei einem Säugetier, die hervorgerufen wird durch ein oder mehrere Moleküle oder Kombinationen von Molekülen, umfassend folgende Schritte:

(i) das Bereitstellen von Werten  $X_1$  bis  $X_n$ , welche die quantitative Stimulierung jedes von  $n$  Geschmacksrezeptoren des Säugetieres darstellen, für ein oder mehrere Moleküle oder Kombinationen von Molekülen, welche eine bekannte Geschmackswahrnehmung bei einem Säugetier hervorrufen,  
(ii) das Erzeugen einer quantitativen Darstellung der Geschmackswahrnehmung bei einem Säugetier aus diesen Werten für das eine oder mehrere Moleküle oder Kombinationen von Molekülen, welche eine bekannte Geschmackswahrnehmung bei einem Säugetier hervorrufen;  
(iii) das Bereitstellen von Werten  $X_1$  bis  $X_n$ , welche die quantitative Stimulierung jedes von  $n$  Geschmacksrezeptoren des Säugetieres darstellen, für ein oder mehrere Moleküle oder Kombinationen von Molekülen, welche eine unbekannte Geschmackswahrnehmung bei einem Säugetier hervorrufen,  
(iv) das Erzeugen einer quantitativen Darstellung der Geschmackswahrnehmung bei einem Säugetier aus diesen Werten für das eine oder mehrere Moleküle

oder Kombinationen von Molekülen, welche eine unbekannte Geschmackswahrnehmung bei einem Säugetier hervorrufen; und

(v) das Vorhersagen der Geschmackswahrnehmung bei einem Säugetier, die durch ein oder mehrere Moleküle oder Kombinationen von Molekülen erzeugt wird, welche eine unbekannte Geschmackswahrnehmung bei einem Säugetier hervorrufen, durch das Vergleichen der quantitativen Darstellung der Geschmackswahrnehmung bei einem Säugetier, die durch ein oder mehrere Moleküle oder Kombinationen von Molekülen erzeugt wird, welche eine unbekannte Geschmackswahrnehmung bei einem Säugetier hervorrufen, mit der quantitativen Darstellung der Geschmackswahrnehmung bei einem Säugetier für das eine oder mehrere Moleküle oder Kombinationen von Molekülen, welche eine bekannte Geschmackswahrnehmung bei einem Säugetier hervorrufen, wobei zumindest einer dieser Geschmacksrezeptoren ein Geschmacksrezeptor-Polypeptid ist, welches eine Sequenz aufweist, die zu zumindest etwa 40% mit einer Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs: 4, 10, 12, 14 und 17, identisch ist.

177. Genomisches DNA-Molekül, welches im Wesentlichen aus einer Nucleinsäuresequenz besteht, die für ein bei der Geschmacksanzeige aktives G-Protein-gekoppeltes Säugetier-Rezeptor-Polypeptid codiert, welches eine Consensus-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 18 und 19, und Sequenzen mit zumindest etwa 75%iger Übereinstimmung mit SEQ ID NO 18 oder 19 umfasst.

178. Isoliertes RNA-Molekül, transkribiert aus dem isolierten DNA-Molekül des Anspruchs 177.

179. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches unter stringenten Hybridisierungsbedingungen mit dem DNA-Molekül des Anspruchs 177 hybridisiert.

180. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches unter moderaten Hybridisierungsbedingungen mit dem DNA-Molekül des Anspruchs 177 hybridisiert.

181. Isoliertes Fragment des genomischen DNA-Moleküls des Anspruchs 177, welches zumindest etwa 20 bis 30 Nucleotidbasen lang ist.

182. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül, wobei das chimäre oder fusionierte Nucleinsäuremolekül zumindest einen Teil der im DNA-Molekül des Anspruchs 177 enthaltenen codierenden Sequenz und zumindest einen Teil einer heterologen codierenden Sequenz umfasst, wobei die Transcription des chimären oder fusionierten Nucleinsäuremoleküls zu einem einzigen chimären Nucleinsäure-Transcript führt.

183. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 182, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einer einen anderen G-Protein-gekoppelten Rezeptor codierenden Sequenz stammt.

184. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 182, wobei die heterologe codierende Sequenz eine Sequenz ist, welche die Expression des G-Protein-gekoppelten Säugetier-Rezeptor-Polypeptids an der Oberfläche einer Zelle ermöglicht.

185. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 184, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einem Säugetier-Rhodopsin stammt.

186. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 182, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einem ein grün fluoreszierendes Protein codierenden Gen oder einem anderen detektierbaren Markergen stammt.

187. cDNA-Sequenz, welche für ein bei der Geschmacksanzeige aktives G-Protein-gekoppeltes Säugetier-Rezeptor-Polypeptid codiert, das eine Consensus-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 18 und 19, und Sequenzen mit zumindest etwa 75%iger Übereinstimmung mit SEQ ID NO 18 oder 19 umfasst.

188. Isoliertes RNA-Molekül, transkribiert aus dem isolierten DNA-Molekül des Anspruchs 187.

189. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches unter stringenten Hybridisierungsbedingungen mit dem DNA-Molekül des Anspruchs 187 hybridisiert.

190. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches unter moderaten Hybridisierungsbedingungen mit dem DNA-Molekül des Anspruchs 187 hybridisiert.

191. Isoliertes Fragment des genomischen DNA-Moleküls des Anspruchs 187, welches zumindest etwa 20 bis 30 Nucleotidbasen lang ist.

192. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül, wobei das chimäre oder fusionierte Nucleinsäuremolekül zumindest einen Teil der im DNA-Molekül des Anspruchs 187 enthaltenen codierenden Sequenz und zumindest einen Teil einer heterologen codierenden Sequenz umfasst, wobei die Transcription des chimären oder fusionierten Nucleinsäuremoleküls zu einem einzigen chimären Nucleinsäure-Transcript führt.

193. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 192, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einer einen anderen G-Pro-

tein-gekoppelten Rezeptor codierenden Sequenz stammt.

194. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 192, wobei die heterologe codierende Sequenz eine Sequenz ist, welche die Expression des G-Protein-gekoppelten Säugetier-Rezeptor-Polypeptids an der Oberfläche einer Zelle ermöglicht.

195. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 194, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einem Säugetier-Rhodopsin stammt.

196. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 192, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einem ein grün fluoreszierendes Protein codierenden Gen oder einem anderen detektierbaren Markergen stammt.

197. Nucleinsäuremolekül, umfassend die isolierte cDNA des Anspruchs 187, betriebsfähig gebunden an einen heterologen Promotor, der entweder regulierbar oder konstitutiv ist.

198. Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 197, wobei der regulierbare Promotor unter spezifischen Umwelt- oder Entwicklungsbedingungen induzierbar ist.

199. cDNA-Molekül, umfassend eine Nucleinsäuresequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 3, 13 und 16.

200. Isoliertes RNA-Molekül, transkribiert aus dem isolierten DNA-Molekül des Anspruchs 199.

201. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches unter stringenten Hybridisierungsbedingungen mit dem DNA-Molekül des Anspruchs 199 hybridisiert.

202. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches unter moderaten Hybridisierungsbedingungen mit dem DNA-Molekül des Anspruchs 199 hybridisiert.

203. Isoliertes Fragment des genomischen DNA-Moleküls des Anspruchs 199, welches zumindest etwa 20 bis 30 Nucleotidbasen lang ist.

204. Chimären oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül, wobei das chimäre oder fusionierte Nucleinsäuremolekül zumindest einen Teil der im DNA-Molekül des Anspruchs 199 enthaltenen codierenden Sequenz und zumindest einen Teil einer heterologen codierenden Sequenz umfasst, wobei die Transcription des chimären oder fusionierten Nucleinsäuremoleküls zu einem einzigen chimären Nucleinsäure-Transcript führt.

205. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 204, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einer einen anderen G-Protein-gekoppelten Rezeptor codierenden Sequenz stammt.

206. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 204, wobei die heterologe codierende Sequenz eine Sequenz ist, welche die Expression des G-Protein-gekoppelten Säugetier-Rezeptor-Polypeptids an der Oberfläche einer Zelle ermöglicht.

207. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 206, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einem Säugetier-Rhodopsin stammt.

208. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 204, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einem ein grün fluoreszierendes Protein codierenden Gen oder einem anderen detektierbaren Markergen stammt.

209. Nucleinsäuremolekül, umfassend die isolierte cDNA des Anspruchs 199, betriebsfähig gebunden an einen heterologen Promotor, der entweder regulierbar oder konstitutiv ist.

210. Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 209, wobei der regulierbare Promotor unter spezifischen Umwelt- oder Entwicklungsbedingungen induzierbar ist.

211. cDNA-Molekül, umfassend eine Nucleinsäuresequenz mit zumindest etwa 50%iger Übereinstimmung mit einer Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NOs 3, 13 und 16.

212. Isoliertes RNA-Molekül, transkribiert aus dem isolierten DNA-Molekül des Anspruchs 211.

213. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches unter stringenten Hybridisierungsbedingungen mit dem DNA-Molekül des Anspruchs 211 hybridisiert.

214. Isoliertes Nucleinsäuremolekül, welches unter moderaten Hybridisierungsbedingungen mit dem DNA-Molekül des Anspruchs 211 hybridisiert.

215. Isoliertes Fragment des genomischen DNA-Moleküls des Anspruchs 211, welches zumindest etwa 20 bis 30 Nucleotidbasen lang ist.

216. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül, wobei das chimäre oder fusionierte Nucleinsäuremolekül zumindest einen Teil der im DNA-Molekül des Anspruchs 211 enthaltenen codierenden Sequenz und zumindest einen Teil einer heterologen codierenden Sequenz umfasst, wobei die Transcription

des chimären oder fusionierten Nucleinsäuremoleküls zu einem einzigen chimären Nucleinsäure-Transcript führt.

217. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 216, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einer einen anderen G-Protein-gekoppelten Rezeptor codierenden Sequenz stammt.

218. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 216, wobei die heterologe codierende Sequenz eine Sequenz ist, welche die Expression des G-Protein-gekoppelten Säugetier-Rezeptor-Polypeptids an der Oberfläche einer Zelle ermöglicht.

219. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 218, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einem Säugetier-Rhodopsin stammt.

220. Chimäres oder fusioniertes Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 216, wobei die heterologe codierende Sequenz aus einem ein grün fluoreszierendes Protein codierenden Gen oder einem anderen detektierbaren Markergen stammt.

221. Nucleinsäuremolekül, umfassend die isolierte cDNA des Anspruchs 211, betriebsfähig gebunden an einen heterologen Promotor, der entweder regulierbar oder konstitutiv ist.

222. Nucleinsäuremolekül nach Anspruch 221, wobei der regulierbare Promotor unter spezifischen Umwelt- oder Entwicklungsbedingungen induzierbar ist.

223. Fragment nach Anspruch 153, wobei das Fragment zumindest ein N-terminales Fragment eines G-Protein-gekoppelten Rezeptors umfasst.

224. Fragment nach Anspruch 223, wobei das N-terminale Fragment an der Ligand-Bindung beteiligt ist.

225. Polypeptidfragment nach Anspruch 224, wobei das Fragment zumindest etwa 100 Aminosäuren lang ist.

226. Polypeptidfragment nach Anspruch 224, wobei das Fragment zumindest etwa 600 Aminosäuren lang ist.

227. Biochemischer Assay zum Identifizieren von Tastantliganden, welche eine Bindungsspezifität hinsichtlich eines bei der Geschmacksanzeige aktiven G-Protein-gekoppelten Rezeptors aufweisen, umfassend:

(i) das In-Kontakt-Bringen eines oder mehrerer Frag-

mente gemäß Anspruch 224 mit einem oder mehreren mutmaßlichen Tastantliganden oder einer Zusammensetzung, welche einen oder mehrere mutmaßliche Tastantliganden umfasst; und  
(ii) das Detektieren der Bindung eines Tastantliganden, welcher eine Bindungsspezifität hinsichtlich des bei der Geschmacksanzeige aktiven G-Protein-gekoppelten Rezeptors aufweist.

228. Assay nach Anspruch 227, wobei die Bindung durch die Verschiebung eines radiomarkierten bekannten Bindungsliganden detektiert wird.

229. Assay nach Anspruch 228, wobei der bekannte Bindungsligand ein Antikörper oder ein Antikörperfragment ist, welcher bzw. welches eine Bindungsspezifität mit dem G-Protein-gekoppelten Rezeptor aufweist.

230. Isoliertes Nucleinsäuremolekül mit der Nucleinsäuresequenz SEQ ID NO 20.

231. Chimären oder fusioniertes Polypeptid, umfassend zumindest eine extrazelluläre Domäne zumindest eines Polypeptids gemäß Anspruch 152 und zumindest einen Teil einer heterologen Aminosäuresequenz.

232. Chimäres oder fusioniertes Polypeptid nach Anspruch 231, wobei die heterologe Aminosäuresequenz eine Sequenz aus einem anderen G-Protein-gekoppelten Rezeptor ist.

233. Chimäres oder fusioniertes Polypeptid nach Anspruch 232, wobei der andere G-Protein-gekoppelte Rezeptor ein G-Protein-gekoppelter T1R-Säugetier-Rezeptor ist und die heterologe Aminosäuresequenz zumindest eine extrazelluläre Domäne dieses G-Protein-gekoppelten T1R-Säugetier-Rezeptors umfasst.

234. Biochemischer Assay zum Identifizieren von Tastantliganden, welche eine Bindungsspezifität hinsichtlich eines bei der Geschmacksanzeige aktiven G-Protein-gekoppelten Rezeptors aufweisen, umfassend:

(i) das In-Kontakt-Bringen eines oder mehrerer Fragmente gemäß Anspruch 224 mit einer Zubereitung von G-Proteinen und GTPyS und einem oder mehreren mutmaßlichen Tastantliganden oder einer Zusammensetzung, welche einen oder mehrere mutmaßliche Tastantliganden umfasst; und  
(ii) das Detektieren der Bindung eines Tastantliganden, welcher eine Bindungsspezifität hinsichtlich des bei der Geschmacksanzeige aktiven G-Protein-gekoppelten Rezeptors aufweist, indem die Bindung von GTPyS an das G-Protein gemessen wird.

Es folgt kein Blatt Zeichnungen