

(19) 日本国特許庁(JP)

(12) 公表特許公報(A)

(11) 特許出願公表番号

特表2004-512046

(P2004-512046A)

(43) 公表日 平成16年4月22日(2004.4.22)

(51) Int.Cl. ⁷	F I	テーマコード (参考)
C 1 2 N 15/09	C 1 2 N 15/00	Z N A A 2 G O 4 5
C 0 7 K 14/47	C O 7 K 14/47	4 B O 2 4
C 0 7 K 16/18	C O 7 K 16/18	4 B O 6 3
C 0 7 K 19/00	C O 7 K 19/00	4 B O 6 4
C 1 2 N 1/15	C 1 2 N 1/15	4 B O 6 5
審査請求 未請求 予備審査請求 有 (全 69 頁) 最終頁に続く		

(21) 出願番号	特願2002-537881 (P2002-537881)	(71) 出願人	591032596
(86) (22) 出願日	平成13年9月20日 (2001.9.20)		メルク パテント ゲゼルシャフト ミッ
(85) 翻訳文提出日	平成15年4月17日 (2003.4.17)		ト ベシュレンクテル ハフツング
(86) 国際出願番号	PCT/EP2001/010882		Merck Patent Gesell
(87) 国際公開番号	W02002/034911		schaft mit beschræ
(87) 国際公開日	平成14年5月2日 (2002.5.2)		nkter Haftung
(31) 優先権主張番号	00122857.6		ドイツ連邦共和国 デー-64293 ダ
(32) 優先日	平成12年10月20日 (2000.10.20)		ルムシュタット フランクフルター シュ
(33) 優先権主張国	欧州特許庁 (EP)		トラーセ 250
			Frankfurter Str. 25
			O, D-64293 Darmstadt
			, Federal Republic o
			f Germany
		(74) 代理人	100123788
			弁理士 宮崎 昭夫
			最終頁に続く

(54) 【発明の名称】 MFQ-114、ヒト・アジュバ様タンパク質

(57) 【要約】

MFQ-114のポリペプチドおよびポリヌクレオチド、ならびにかかるポリペプチドを組換え技術によって製造するための方法が開示される。また、診断アッセイにおいて、該MFQ-114のポリペプチドおよびポリヌクレオチドを使用する方法も開示される。

【特許請求の範囲】

【請求項 1】

- (a) 配列番号：1 の配列を含んでなるポリヌクレオチドによってコードされるポリペプチド；
- (b) 配列番号：2 のポリペプチド配列に対して、少なくとも 95 % の同一性を有するポリペプチド配列を含んでなるポリペプチド；
- (c) 配列番号：2 のポリペプチド配列に対して、少なくとも 95 % の同一性を有するポリペプチド；
- (d) 配列番号：2 のポリペプチド配列、および
- (e) (a) ~ (d) に記載のかかるポリペプチドのフラグメントおよび変異体
からなる群から選択されるポリペプチド。

10

【請求項 2】

配列番号：2 のポリペプチド配列を含んでなる、請求項 1 に記載のポリペプチド。

【請求項 3】

配列番号：2 のポリペプチド配列である、請求項 1 に記載のポリペプチド。

【請求項 4】

- (a) 配列番号：1 のポリヌクレオチド配列に対して、少なくとも 95 % の同一性を有するポリヌクレオチド配列を含んでなるポリヌクレオチド；
- (b) 配列番号：1 のポリヌクレオチドに対して、少なくとも 95 % の同一性を有するポリヌクレオチド；
- (c) 配列番号：2 のポリペプチド配列に対して、少なくとも 95 % の同一性を有するポリペプチド配列をコードするポリヌクレオチド配列を含んでなるポリヌクレオチド；
- (d) 配列番号：2 のポリペプチド配列に対して、少なくとも 95 % の同一性を有するポリペプチド配列をコードするポリヌクレオチド配列を有するポリヌクレオチド、
- (e) 配列番号：1 の配列または少なくとも 15 塩基長を有するそのフラグメントを有する、標識されたプローブを用いて、厳格なハイブリダイゼーション条件下でライブラリーをスクリーニングすることによって得られる、少なくとも 100 塩基長の塩基配列を有するポリヌクレオチド；
- (f) (a) ~ (e) のポリヌクレオチドの RNA 等価体であるポリヌクレオチド；
- (g) (a) ~ (f) のいずれか 1 つの前記ポリヌクレオチドに対して相補的なポリヌクレオチド配列、および
- (h) (a) ~ (g) のいずれか 1 つのポリヌクレオチドの変異体またはフラグメントであるか、あるいは前記のポリヌクレオチドに対して、その全長にわたって相補的であるポリヌクレオチド
からなる群から選択されるポリヌクレオチド。

20

30

【請求項 5】

- (a) 配列番号：1 のポリヌクレオチドを含んでなるポリヌクレオチド；
- (b) 配列番号：1 のポリヌクレオチド；
- (c) 配列番号：2 のポリペプチドをコードするポリヌクレオチド配列を含んでなるポリヌクレオチド、および
- (d) 配列番号：2 のポリペプチドをコードするポリヌクレオチド
からなる群から選択される、請求項 4 に記載のポリヌクレオチド。

40

【請求項 6】

該発現ベクターが適合性宿主細胞に存在する際、請求項 1 ~ 3 のいずれか一項に記載されるポリペプチドの生産が可能なポリヌクレオチドを含んでなる発現システム。

【請求項 7】

請求項 1 ~ 3 のいずれか一項に記載されるポリペプチドを発現している、請求項 6 に記載される発現ベクターを含んでなる組換え宿主細胞またはその膜。

【請求項 8】

請求項 1 ~ 3 のいずれか一項に記載されるポリペプチドを製造するための方法であって、

50

請求項 7 に記載される宿主細胞を前記ポリペプチドの産生に十分な条件下で培養して、該培養培地から該ポリペプチドを回収する工程を含んでなる方法。

【請求項 9】

免疫グロブリンの F c 領域と請求項 1 ~ 3 のいずれか一項に記載されるポリペプチドとからなる融合タンパク質。

【請求項 10】

請求項 1 ~ 3 のいずれか一項に記載されるポリペプチドに対して免疫特異的な抗体。

【請求項 11】

請求項 1 ~ 3 のいずれか一項に記載されるポリペプチドの機能または濃度を刺激または阻害する化合物を同定するためのスクリーニング方法であって、

10

(a) 該ポリペプチド (または該ポリペプチドを発現している細胞もしくは膜) あるいはその融合タンパク質に対する、候補化合物の結合を、該候補化合物に直接的または間接的に結合している標識によって、定量的または定性的に測定または検出すること ;

(b) 標識された競合剤の存在下で、該ポリペプチド (または該ポリペプチドを発現している細胞あるいは膜) あるいはその融合タンパク質に対する、候補化合物の結合の競合を測定すること ;

(c) 該ポリペプチドの活性化または阻害により発生するシグナルを、該候補化合物がもたらすか否かを、該ポリペプチドを発現している細胞または細胞膜に適合している検出システムを使用して試験すること ;

(d) 候補化合物を、請求項 1 ~ 3 のいずれか一項に記載されるポリペプチドを含有する溶液に混合して、混合物を作製し、該混合物中の該ポリペプチドの活性を測定し、そして、何らの候補化合物をも含有しないコントロールの混合物に対して、該混合物の活性を比較すること、または

20

(e) 細胞中における前記ポリペプチドをコードする m R N A または前記ポリペプチドの産生に対する候補化合物の作用を、例えば、E L I S A アッセイを使用して検出すること

、からなる群から選択される方法と、

(f) 生物工学的または化学的な標準的な手法に従って、前記化合物を製造することとを含んでなる方法。

【発明の詳細な説明】

30

【0001】

(発明の分野)

本発明は、以降、時に、「新規ヒト・アジュバ (A j u b a) 様タンパク質 (M F Q - 1 1 4) 」と称する、新たに同定されたポリペプチド、およびかかるポリペプチドをコードするポリヌクレオチド、診断ならびに、治療において潜在的に有用なアゴニスト、アンタゴニストとなりえる化合物の同定におけるそれらの使用、ならびに、かかるポリヌクレオチドの製造に関する。

【0002】

(発明の背景)

医薬探索プロセスは、現在、「機能的ゲノミクス」、すなわち、ハイ・スループットな、ゲノムまたは遺伝子に基づく生物学を取り込むことで、根本的な革新を経験しつつある。治療の標的として、遺伝子および遺伝子産物を同定する手段として、この方法は、急速に、「ポジショナル・クローニング」に基づく従前の方法に取って代わりつつある。表現型、すなわち、生物学的機能または遺伝子的疾患を同定し、その後、その遺伝子地図の位置に基づいて、その原因となる遺伝子の探知がなされる。

40

【0003】

機能的ゲノミクスは、ハイ・スループットな D N A 配列決定技術、および現に利用可能な多くの分子生物学データベースから、潜在的な重要性を有する遺伝子配列を同定するためのバイオ・インフォマティクスの様々なツールに、大きく頼っている。医薬探索の標的として、さらなる遺伝子およびその関連するポリペプチド / タンパク質を同定し、その特定

50

を行うことが引き続き求められている。

【0004】

(発明の概要)

本発明は、MFQ-114、特に、MFQ-114ポリペプチドおよびMFQ-114ポリヌクレオチド、組換え体およびその製造方法に関する。かかるポリペプチドおよびポリヌクレオチドは、それらに限定されないものの、乳ガン、前立腺ガン、卵巣ガンおよび膵臓ガン、それらに限定されないものの、他の腫瘍性疾患、神経変性の疾患、脳卒中、心疾患、血管の疾患、血管新生を含む、特定の疾患（以降、「本発明の疾患」と称する）を治療する方法に関連して、注目されている。さらなる形態において、本発明は、本発明により提供される材料を使用して、アゴニストおよびアンタゴニスト（例えば、阻害剤）を同定するための方法、ならびにその同定された化合物を用いて、MFQ-114の不均衡に関連する症状を治療するための方法に関する。さらに他の形態において、本発明は、不適当なMFQ-114の活性および濃度に付随する疾患を検出するための診断アッセイにも関する。

10

【0005】

(発明の説明)

第1の形態において、本発明はMFQ-114ポリペプチドに関する。かかるポリペプチドには、

(a) 配列番号：1の配列を含んでなるポリヌクレオチドによってコードされる単離されたポリペプチド；

20

(b) 配列番号：2のポリペプチド配列に対して、少なくとも95%、96%、97%、98%または99%の同一性を有するポリペプチド配列を含んでなる単離されたポリペプチド；

(c) 配列番号：2のポリペプチド配列を含んでなる単離されたポリペプチド；

(d) 配列番号：2のポリペプチド配列に対して、少なくとも95%、96%、97%、98%または99%の同一性を有する単離されたポリペプチド；

(e) 配列番号：2のポリペプチド配列；ならびに

(f) 配列番号：2のポリペプチド配列と比較して、0.95、0.96、0.97、0.98または0.99の同一性指標を有するポリペプチド配列を有するか、または含んでなる単離されたポリペプチド；

30

(g) (a)～(f)に記載のかかるポリペプチドのフラグメントおよび変異体が含まれる。

【0006】

本発明のポリペプチドは、3LIMドメインファミリーのポリペプチドの一員であると考えられる。従って、それらは、腫瘍抑制因子p16^{INK4a/CDCN2}を形質移入したNP-18（ヒト膵臓腺ガン）のアポトーシスモデルからのディファレンシャル・ディスプレイ遺伝子発現技術を用いて、過剰発現しヒト第14染色体に位置するヒト・ゲノミック・クローン（AL132780）との高い相同性を示す430bp部分cDNAクローンを同定したために、興味をもたれている。

【0007】

MFQ-114という名称の、ディファレンシャル・ディスプレイ・バンド1033と相同性のある、推定上の新規ヒトタンパク質は、既に知られているAjubaマウスタンパク質（U79776）との高い相同性を示す。該新規タンパク質は、PFam(Nucleic Acids Res., 1999, 27:260-262)のようなタンパク質ドメインデータベースを用いて、C末端部位（図1参照）における3つの直列に並べられたLIMドメインを示す。

40

【0008】

LIMドメイン含有タンパク質はLIMドメインおよび該タンパク質の全体的な構造のなかで配列相同性に従って分類される(Dawid, I. B., J. J. Green, R. Toyama, Trends Genet, 1998, 14:156-162)。グル

50

ープ3からのタンパク質は、C末端において別々のN末端ドメインと共同して、3から4の並列なLIMドメインを含む。このグループのメンバーには、とりわけzyxin (Beckerle, M. C. BioEssays, 1997, 19: 949-957)、enigma (Wu, R. Y. および G. N. Gill, J. Biol. Chem., 1994, 271: 25085-25090)を含む。このモチーフは、細胞の同一性、分化および成長の制御に関連するタンパク質のクラスにおいて発見された単一の二重-亜鉛フィンガー構造を定義し (Sanchez-Garcia, I. および T. H. Rabbits, Cancer Biol, 1993, 4: 349-358)、さらに、腫瘍形成のような病理学的機能のためにも定義する。該LIMドメイン: CX₂CX₁₆₋₂₃HX₂CX₂CX₂C-X₁₆₋₂₁CX₂(D, H)は、上記の過程を決定的に伴うタンパク質-タンパク質相互作用のモチーフを示す (Freyd, G. 他、Nature, 1990, 344: 867-879; Karlsson, O., 他、Nature, 1990, 344: 879-882; Way, J. C., M. Chalfie, Cell, 1988, 54: 5-16)。LIMドメインはタンパク質において共通して高く保存されている。MFQ-114において、LIMドメインはPfam予測により定義されており、アミノ酸配列の338-396位、403-460位および463-529位に対応する。それらは万能タンパク質モデルとして機能すると考えられており、多様な細胞の状況および多種の細胞中の区画において活動を行うことができる。多くは直接にタンパク質-タンパク質相互作用において活動することが見られ、さらに、それらはDNAに直接結合する能力を有する (Beckerle, M. C. BioEssays, 1997, 19: 949-957; Gill, G. N. Structure, 1995, 3: 1285-1289; Shmeichel, K. L. および M. C. Beckerle Mol. Biol. Cell, 1997, 8: 219-230)。

【0009】

グループ3タンパク質は多数のN末端の非-LIMもしくはプレ-LIMドメインを有しており、それらは全く異なっている。グリシン (Glycine) およびプロリン残基は、アミノ末端プレ-LIMドメインにおいて大量に富んでいる。それらはプレ-LIMドメインにおいて2つの潜在的なSH3認識モチーフを有する。

【0010】

マウスタンパク質・アジュバは、近年、新規グループ3LIMタンパク質として表現されている (Goyal 他、「アジュバ、新規LIMタンパク質、Grb2との相互作用、繊維芽細胞におけるマイトジェン活性化タンパク質キナーゼ活性の増大、およびGrb2-およびRas-依存性方法におけるアフリカツメガエル (Xenopus) 卵母細胞の減数分裂による成熟の促進」、Mol. and Cell. Biol, 1999, 19: 4379-4389)。アジュバは、イン・ピボおよびイン・ピトロにおいてGrb2と結合する。この相互作用は、アジュバのプレ-LIMドメインおよびGrb2のSH3ドメインによって媒介された。

【0011】

一般的にSH3相互作用は、タンパク質の複合体を組織化し、細胞内にタンパク質を局在化し、酵素基質相互作用を備し、酵素活性を調整する (Pawson, T. および J. D. Scott, Science, 1997, 278: 2075-2080)。

【0012】

Grb2がMAPキナーゼの活性化の情報伝達と結合することによる主要な経路はRasの活性化に対して依存しているという事実は、アジュバ媒介の減数分裂の進行はGrb2およびRasに対して依存しているということを示唆する (Goyal 他、Mol. and Cell. Biol, 1999, 19: 4379-4389)。

【0013】

MFQ114はさらに、LIMドメインが細胞核に蓄積することを導く推定上の核外移行シグナル (NES) を示す。これは、アジュバは核と細胞質の間を行き来し、それらの2つの細胞の区画の間でシグナルを連絡する役目を果たす (Durick, K. 他、J. B

iol. Chem.、1996.271:12691-12694; Wu, R.-Y. 他、J. Biol. Chem.、1996.271:15934-15941; Weng, Z. 他、J. Biol. Chem.、1993.268:14956-14963)。

【0014】

Ras/Raf/MAPKにより活性化された増殖/分化の経路の掛け合いおよびp53、p16およびRbを含む腫瘍抑制タンパク質の成長抑止機能の証拠がある(Aless, D.R.、Cruenda, A.、J. Biol. Chem.、1995.270、27489-27498; Hollstein, M.、Sidransky, D.、Science、1991.253、49-53)。さらに、徐放性のRasまたはRafシグナルは、成長抑止を導くp16と同様にp53および/またはp21を活性化することが報告されている(Lin, A.W.およびSerrano, M.、Genes Dev、1998.12、3008-3019; Zhu, J.、Woods, D.、Genes Dev、1998.12、2997-3007)。これらの研究により、これらのシグナル経路の相反的な相互接続は、永久の成長抑止がp53もしくはMAPK経路のいずれの十分なアップ・レギュレーションにより増加するポジティブ・フィードバック・ループを意味する、ことを示す。

10

【0015】

LIMタンパク質のメンバーとしての、該推定上のタンパク質MFQ114は、タンパク質-タンパク質相互作用に供し、さらに成長因子シグナル経路において重要な役割を果たすと期待されている。おそらくGrb2との相互作用はRasに依存性的方法において、活性化MAPK経路に導くと発明者は仮定する。この経路を調節することにより、ガンのような変性疾患、神経変性の疾患、および脳および心臓の虚血に影響を有する。

20

【0016】

該MFQ-114の生物学的性質を、以降、「MFQ-114の生物学的活性」、または「MFQ-114活性」と称する。好ましくは、本発明のポリペプチドは、少なくとも1つのMFQ-114の生物学的活性を示す。

【0017】

本発明のポリペプチドには、全ての対立遺伝子形およびスプライス変異体を含む、上記ポリペプチドの変異体もまた含まれる。かかるポリペプチドは、挿入、欠失、ならびに保守的または非保守的であってもよい置換、あるいはそれらの任意の組合せによって、基準のポリペプチドから変異している。特に好ましい変異体は、幾つかの、例えば、50~30、30~20、20~10、10~5、5~3、3~2、2~1、または1個のアミノ酸が、任意の組合せで、挿入、置換または欠失されているものである。

30

【0018】

本発明のポリペプチドの好ましいフラグメントには、配列番号：2のアミノ酸配列に由来する、少なくとも30、50または100個の連続したアミノ酸を有するアミノ酸配列を含んでなるポリペプチド、あるいは配列番号：2のアミノ酸配列から、少なくとも30、50または100の連続したアミノ酸が末端から除去または欠失しているアミノ酸配列を含んでなるポリペプチドが含まれる。好ましいフラグメントは、MFQ-114の生物学的活性をもたらす、生物学的に活性なフラグメントであり、類似する活性または改善された活性を有するか、あるいは望ましくない活性の低下したものも含まれる。また、動物、特に、ヒトにおいて抗原性または免疫原性である、それらのフラグメントも好ましい。

40

【0019】

本発明のポリペプチドのフラグメントは、対応する完全長型ポリペプチドをペプチド合成によって製造するために用いることができ;従って、これらの変異体は、本発明の完全長型ポリペプチドを製造するための中間体として用いることができる。本発明のポリペプチドは、「成熟型」タンパク質の形態であってもよく、あるいは、前駆体または融合タンパク質などの、より大きなタンパク質の一部であってもよい。分泌またはリーダー配列、プロ配列、精製に役立つ配列、例えば、反復するヒスチジン残基、あるいは組換え生産の間

50

の安定性に利する付加配列が含まれる、付加的なアミノ酸配列を含むことは、しばしば、有益である。

【0020】

本発明のポリペプチドは、何れかの好適な方法、例えば、天然に存在する提供源や、発現システム（下記参照）を含んでなる遺伝子操作された宿主細胞からの単離、または、例えば、自動化されたペプチド合成機を使用した化学合成によって、あるいは、かかる方法の組合せによって、調製することができる。かかるポリペプチドを調製するための手段は、当該分野では十分に理解されている。

【0021】

さらなる形態において、本発明は、MFQ-114ポリヌクレオチドに関する。かかるポリヌクレオチドには、

(a) 配列番号：1のポリヌクレオチド配列に対して、少なくとも95%、96%、97%、98%または99%の同一性を有するポリヌクレオチド配列を含んでなるポリヌクレオチド；

(b) 配列番号：1のポリヌクレオチドを含んでなるポリヌクレオチド；

(c) 配列番号：1のポリヌクレオチドに対して、少なくとも95%、96%、97%、98%または99%の同一性を有するポリヌクレオチド；

(d) 配列番号：1のポリヌクレオチド；

(e) 配列番号：2のポリペプチド配列に対して、少なくとも95%、96%、97%、98%または99%の同一性を有するポリペプチド配列をコードするポリヌクレオチド配列を含んでなるポリヌクレオチド；

(f) 配列番号：2のポリペプチドをコードするポリヌクレオチド配列を含んでなるポリヌクレオチド；

(g) 配列番号：2のポリペプチド配列に対して、少なくとも95%、96%、97%、98%または99%の同一性を有するポリペプチド配列をコードするポリヌクレオチド配列を有するポリヌクレオチド；

(h) 配列番号：2のポリペプチドをコードするポリヌクレオチド；

(i) 配列番号：1のポリヌクレオチド配列と比較して、0.95、0.96、0.97、0.98または0.99の同一性指標を有するポリヌクレオチド配列を有するか、または含んでなるポリヌクレオチド；

(j) 配列番号：2のポリペプチド配列と比較して、0.95、0.96、0.97、0.98または0.99の同一性指標を有するポリペプチド配列をコードするポリヌクレオチド配列を有するか、または含んでなるポリヌクレオチド；ならびに

上記のポリヌクレオチドのフラグメントおよび変異体である、またはその全長にわたって、上記のポリヌクレオチドに対して相補的であるポリヌクレオチドが含まれる。

【0022】

本発明のポリヌクレオチドの好ましいフラグメントには、配列番号：1の配列に由来する、少なくとも15、30、50または100の連続した塩基を有する塩基配列を含んでなるポリヌクレオチド、あるいは配列番号：1の配列から、少なくとも30、50または100個の連続した塩基が末端から削除または欠失している配列を含んでなるポリヌクレオチドが含まれる。

【0023】

本発明のポリヌクレオチドの好ましい変異体には、スプライス変異体、対立遺伝子変異体、および1つまたは複数の単一塩基多型(SNP)を有するポリヌクレオチドを含む多型体が含まれる。

【0024】

本発明のポリヌクレオチドには、配列番号：2のアミノ酸配列を含んでなり、かつ幾つかの、例えば、50~30、30~20、20~10、10~5、5~3、3~2、2~1、または1個のアミノ酸残基が、任意の組合せで置換、欠失または付加されているポリペプチド変異体をコードするポリヌクレオチドもまた含まれる。

【0025】

さらなる形態において、本発明は、本発明のDNA配列のRNA転写物であるポリヌクレオチドを提供する。従って、

(a) 配列番号：2のポリペプチドをコードするDNA配列のRNA転写物を含んでなる；

(b) 配列番号：2のポリペプチドをコードするDNA配列のRNA転写物である；

(c) 配列番号：1のDNA配列のRNA転写物を含んでなる；あるいは

(d) 配列番号：1のDNA配列のRNA転写物であるRNAポリヌクレオチド；
ならびにそれらに対して相補的であるRNAポリヌクレオチド

が提供される。

10

【0026】

配列番号：1のポリヌクレオチド配列は、アジュバ・mRNA、完全なコード（マウス）であるU79776との相同性を示す。配列番号：1のポリヌクレオチド配列は、配列番号：2のポリペプチドをコードするcDNA配列である。配列番号：2のポリペプチドをコードするポリヌクレオチド配列は、配列番号：1の配列をコードするポリペプチドと同一であってもよく、あるいは遺伝子暗号の縮退（縮重性）の結果によって、同じく配列番号：2のポリペプチドをコードする、配列番号：1以外の配列であってもよい。配列番号：2のポリペプチドは、アジュバ（マウス）、AAB38287.1との相同性および／または構造的類似性を有する、3LIM・ドメイン・タンパク質・ファミリーの他のタンパク質と類縁している。

20

【0027】

本発明の好ましいポリペプチドおよびポリヌクレオチドは、特に、それらの相同的なポリペプチドおよびポリヌクレオチドと類似する生物学的な機能／性質を有することが期待される。さらに、本発明の好ましいポリペプチドおよびポリヌクレオチドは、少なくとも1つのMFQ-114活性を有する。

【0028】

本発明のポリヌクレオチドは、ヒト、マウス、ショウジョウバエまたはNP18・ヒトすい臓ガン細胞株の細胞中のmRNAに由来するcDNAライブラリーから標準的なクローニング技術およびスクリーニング技術を使用して取得することができる（例えば、Sambrook 他、Molecular Cloning: A Laboratory Manual、第2版、Cold Spring Harbor Laboratory Press、Cold Spring Harbor、N.Y.（1989）参照）。本発明のポリヌクレオチドはまた、ゲノムDNAライブラリーなどの天然の供給源から取得することもでき、あるいは、周知の、市販の手法を使用して合成することもできる。

30

【0029】

本発明のポリヌクレオチドを、本発明のポリペプチドの組換え製造に使用する際には、該ポリヌクレオチドは、成熟型ポリペプチドのコード配列、それ自体、あるいはリーダーまたは分泌配列、プレ-、もしくはプロ-またはプレプロ-タンパク質配列、あるいは、他の融合ペプチド部分をコードするコード配列などの、他のコード配列と読み枠を合わせた成熟型ポリペプチドのコード配列を含むことができる。例えば、融合ポリペプチドの精製を容易にする、マーカー配列がコードされていてもよい。本発明のこの形態の幾つかの好ましい実施態様において、該マーカー配列は、pQEベクター（Qiagen, Inc.）中に提供され、そしてGentz et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, (1989) 86: 821~824に記載されている、ヘキサ・ヒスチジン・ペプチド、あるいはHAタグである。該ポリヌクレオチドはまた、転写される非翻訳の配列、スプライシングならびにポリアダニレーション・シグナル、リボソーム結合部位、ならびにmRNAを安定化させる配列などの、非コードの5'ならびに3'配列を含んでもよい。

40

【0030】

配列番号：1のポリヌクレオチド配列に対して、同一であるか、または十分な同一性を有

50

するポリヌクレオチドは、cDNAおよびゲノムDNAに対するハイブリダイゼーション・プローブとして、あるいは核酸増幅反応（例えば、PCR）用のプライマーとして、利用することができる。かかるプローブおよびプライマーは、本発明のポリペプチドをコードする完全長型cDNAおよびゲノム・クローンを単離するために、ならびに、配列番号：1に対して、高い配列類似性、典型的には、少なくとも95%の同一性を有する他の遺伝子（ヒトの供給源に由来するパラログ、ならびにヒト、マウス、ショウジョウバエ以外の種に由来するオルソログおよびパラログをコードする遺伝子を含む）のcDNAおよびゲノム・クローンを単離するために使用してもよい。好ましいプローブおよびプライマーは、一般に、少なくとも15塩基、好ましくは少なくとも30塩基を含み、そして少なくとも100塩基ではなくとも、少なくとも50塩基を有してもよい。特に好ましいプローブは、30～50塩基を有するであろう。特に好ましいプライマーは、20～25塩基を有するであろう。

10

【0031】

ヒト、マウス、ショウジョウバエ以外の種に由来するホモログをも含む、本発明のポリペプチドをコードするポリヌクレオチドは、配列番号：1の配列、またはそのフラグメントを有する、好ましくは少なくとも15塩基の標識されたプローブを用いて、厳格なハイブリダイゼーション条件下で、ライブラリーをスクリーニングする過程；および前記ポリヌクレオチド配列を含有する完全長型cDNAクローンおよびゲノム・クローンを単離する過程を含んでなる工程によって取得してもよい。かかるハイブリダイゼーション技術は、当業者には周知である。好ましい厳格なハイブリダイゼーション条件は、50%ホルムアミド、5×SSC（150mMのNaCl、15mMのクエン酸三ナトリウム）、50mMのリン酸ナトリウム（pH7.6）、5×デンハルト溶液、10%のデキストラン硫酸および20マイクログラム/mlの変性させた剪断サケ精子DNAを含んでなる溶液中で、42℃で一晩インキュベーションし、その後、0.1×SSC中で、約65℃にてフィルターを洗浄することが含まれる。従って、本発明にはまた、配列番号：1の配列、またはそのフラグメントを有する、好ましくは少なくとも15塩基の標識されたプローブを用いて、厳格なハイブリダイゼーション条件下で、ライブラリーをスクリーニングすることによって取得される、単離されたポリヌクレオチド、好ましくは少なくとも100塩基の塩基配列を有する単離されたポリヌクレオチドも含まれる。

20

【0032】

当業者は、多くの場合において、該ポリペプチドをコードする領域は、5'末端に至るまで完全には伸長していない点で、単離されたcDNA配列は不完全であることもあることを理解している。これは、第1鎖のcDNA合成の際に、mRNAテンプレートのDNAコピーを完成させることができない、逆転写酵素、すなわち、本来、低い「プロセシング能」（ポリメリゼーション反応の間、テンプレートに結合した状態を維持する酵素の能力の指標）を有する酵素の結果である。

30

【0033】

完全長型cDNAを取得する、あるいは短いcDNAを伸長させるために利用でき、かつ当業者に周知の方法がいくつかあり、例えば、cDNA端の迅速な増幅（RACE）方法に基づく方法がある（例えば、Frohman et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 85, 8998~9002, 1988参照）。例えば、Marathon（商標）法（Clontech Laboratories Inc.）で例示される、この技術の最近の改良は、より長いcDNAの探索を著しく簡単としている。Marathon（商標）法では、選択された組織から抽出されたmRNAと、その両端に連結された「アダプター」配列とから、cDNAが調製される。その後、遺伝子特異的なならびにアダプター特異的なオリゴヌクレオチドプライマーの組合せを使用して、cDNAの「失われている」5'端を増幅するために、核酸増幅（PCR）を実施する。その後、「ネスティッド（入れこ型）」プライマー、すなわち、増幅産物の内部にアニーリングするように設計されたプライマー（典型的には、アダプター配列においてさらに3'側にアニーリングするアダプター特異的なプライマー、および既知の遺伝子配列においてさ

40

50

らに5'側にアニーリングする遺伝子特異的なプライマー)を使用して、PCR反応を繰り返す。そして、この反応の生成物をDNA配列決定によって分析することができ、また、完全な配列を与えるように、既存のcDNAに該生成物を直接結合させる、あるいは、5'プライマーの設計のために新しい配列情報を利用して、別途に完全長のPCRを実施することのいずれかによって、完全長型のcDNAを構築することができる。

【0034】

本発明の組換えポリペプチドは、発現システムを含んでなる遺伝子操作された宿主細胞から、当該分野で周知の製法によって調製することができる。従って、さらなる形態において、本発明は、本発明のポリヌクレオチドの1つまたは複数を含んでなる発現システム、かかる発現システムで遺伝子操作されている宿主細胞、ならびに、組換え技術による本発明のポリペプチドの製造に関する。無細胞翻訳システムもまた、本発明のDNA構築物に由来するRNAを使用して、かかるタンパク質を製造するために使用することができる。

10

【0035】

組換え製造のために、宿主細胞は、本発明のポリヌクレオチドに対する発現システムまたはその一部を取り込むように、遺伝子操作することができる。ポリヌクレオチドは、Davis et al., Basic Methods in Molecular Biology (1986) および Sambrook et al. (前述) などの、多くの標準的な実験室マニュアルに記載されている方法によって宿主細胞中に導入することができる。ポリヌクレオチドを宿主細胞中に導入する好ましい方法には、例えば、リン酸カルシウム・トランスフェクション、DEAE-デキストラン媒介トランスフェクション、トランスフェクション、マイクロインジェクション、カチオン性脂質媒介トランスフェクション、エレクトロポレーション、トランスダクション、スクレイプ負荷、バリスティック導入または感染が含まれる。

20

【0036】

適当な宿主の代表的な例には、ストレプトコッカス属、スタフィロコッカス属、大腸菌、ストレプトミセス属ならびに枯草菌細胞などの細菌細胞；酵母細胞やアスペルギルス属細胞などの真菌細胞；ショウジョウバエ(Drosophila) S2細胞やSpodoptera Sf9細胞などの昆虫細胞；CHO、COS、HeLa、C127、3T3、BHK、HEK293ならびにBowesメラノーマ細胞などの動物細胞；および植物細胞が含まれる。

30

【0037】

非常に多様な発現システムを使用することができ、例えば、染色体、エピソームおよびウイルスに由来するシステム、例えば、細菌プラスミド、バクテリオファージ、トランスポゾン、酵母エピソーム、挿入エレメント、酵母染色体エレメント、バキュロウイルス、パポウイルス(SV40など)、ワクシニアウイルス、アデノウイルス、鶏痘ウイルス、偽狂犬病ウイルスやレトロウイルスなどのウイルスに由来するベクター、ならびに、コスミドやファージミドなどの、プラスミドおよびバクテリオファージの遺伝子エレメントから誘導されたものなどの、それらの組合せに由来するベクターを使用することができる。該発現システムは、発現を生じさせるとともに、調節をする制御領域を含有してもよい。一般に、宿主内において、ポリペプチドを生産するためのポリヌクレオチドを維持、増殖、または発現させることが可能である、システムまたはベクターはいずれも使用することができる。適切なポリヌクレオチド配列は、例えば、Sambrook et al. (前述) 中に示されているものなどの、周知で慣用の手法種々のいずれかによって発現システムに挿入することができる。適当な分泌シグナルを、小胞体の内腔、ペリプラズム腔または細胞外環境への翻訳タンパク質の分泌を可能にするために、所望するポリヌクレオチドに組み込むことができる。これらのシグナルは、該ポリペプチドに対して内因性であってもよく、あるいは異種のシグナルであってもよい。

40

【0038】

スクリーニング・アッセイにおいて使用するために、本発明のポリペプチドを発現させる際には、該ポリペプチドは細胞の表面で産生されることが、一般に好ましい。この場合、

50

スクリーニング・アッセイにおいて使用するに先立ち、細胞を集菌してもよい。該ポリペプチドが培地内に分泌される場合には、該ポリペプチドの回収および精製を行うため、培地を回収することができる。細胞内で産生される場合には、ポリペプチドを回収する前に、細胞を予め溶解しなければならない。

【0039】

本発明のポリペプチドは、硫酸アンモニウムまたはエタノール沈澱、酸抽出、アニオンまたはカチオン交換クロマトグラフィ、ホスホセルロース・クロマトグラフィ、疎水性相互作用クロマトグラフィ、アフィニティー・クロマトグラフィ、ヒドロキシルアパタイト・クロマトグラフィおよびレクチン・クロマトグラフィを含む、周知の方法によって組換え細胞培養物から回収および精製することができる。最も好ましくは、ハイ・パフォーマンス・液体クロマトグラフィが精製のために使用される。該ポリペプチドが、細胞内合成、単離および/または精製の間に変性する際には、周知のタンパク質のリフォールディング方法を、活性な立体配座を再生させるために使用することができる。

10

【0040】

本発明のポリヌクレオチドは、関連する遺伝子における変異の検出を通して、診断試薬として使用することができる。cDNA配列またはゲノム配列において、配列番号：1のポリヌクレオチドによって特定され、また、機能不全に関連している、変異体型遺伝子の検出は、その遺伝子の過少な発現、過剰発現、あるいは変更された空間的または時間的な発現に起因する、疾患または疾患に対する感受性の診断に付加、あるいは、確定させることができる診断ツールを提供する。遺伝子に変異を有する個体は、当該分野で周知な様々な手法によって、DNAレベルで検出することができる。

20

【0041】

診断に供する核酸は、対象の細胞、例えば、血液、尿、唾液、組織生検または剖検試料などから得ることができる。ゲノムDNAを、直接、検出のために使用してもよく、あるいは、分析に先立ち、PCR、好ましくはRT-PCR、または他の増幅技術を使用して、酵素的に増幅してもよい。RNAまたはcDNAもまた、同様な手順で使用することができる。欠失および挿入は、正常な遺伝子型と比較して、増幅産物のサイズにおける変化によって検出することができる。点変異は、増幅されたDNAを、標識されたMFQ-114の塩基配列に対して、ハイブリダイゼーションさせることによって同定することができる。完全に一致する配列は、ミスマッチした二重鎖と、RNAse消化、あるいは融解温度における差によって、弁別することができる。DNA配列の相違はまた、変性剤の存在下または非存在下での、ゲルにおけるDNAフラグメントの電気泳動移動度の変化によって、あるいは、直接的なDNA配列決定によって検出してもよい(例えば、Myers et al., Science, (1985) 230:1242参照)。特定の位置における配列の変化もまた、RNAseならびにS1保護などの、ヌクレアーゼ保護アッセイ、あるいは化学的な切断方法によって、明らかにすることもできる(Cotton et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, (1985) 85:4397~4401参照)。

30

【0042】

MFQ-114のポリヌクレオチド配列またはそのフラグメントを含んでなるオリゴヌクレオチド・プローブのアレイを、例えば、遺伝子変異の効率的なスクリーニングを行うために構築することができる。かかるアレイは、好ましくは、高密度のアレイまたは格子状である。アレイ化技術の方法は、周知であり、一般的な適用性を有しており、また、遺伝子発現、遺伝子連鎖および遺伝子変動性を含む、分子遺伝学における様々な問題を解明するために使用することができ、例えば、M. Chee et al., Science, 274, 610~613(1996)およびそれに引用されている他の参考文献を参照する。

40

【0043】

異常に、低下または増大しているポリペプチドまたはmRNAの発現レベルの検出もまた、本発明の疾患に対する、被験体の感受性を診断または検出するために使用することがで

50

きる。低下、または増大した発現は、例えば、核酸増幅、例えば、PCR、RT-PCR、RNAse保護、ノーザン・ブロットおよび他のハイブリダイゼーション法などの、当該分野で周知の、ポリヌクレオチドの定量方法のいずれかを使用して、RNAレベルで測定することができる。宿主に由来するサンプルにおける、本発明のポリペプチドなどのタンパク質レベルを決定するために使用することができるアッセイ手法は、当業者には周知である。かかるアッセイ方法には、放射免疫アッセイ、競合的結合アッセイ、ウエスタン・ブロット分析およびELISAアッセイが含まれる。

【0044】

したがって、別の形態において、本発明は、

(a) 本発明のポリヌクレオチド、好ましくは、配列番号：1のヌクレオチド配列またはそのフラグメントもしくはそのRNA転写物； 10

(b) (a)の配列に対して相補的なヌクレオチド配列；

(c) 本発明のポリペプチド、好ましくは、配列番号：2のポリペプチドまたはそのフラグメント；あるいは

(d) 本発明のポリペプチド、好ましくは配列番号：2のポリペプチドに対する抗体を含んでなる診断キットに関する。

【0045】

かかるキットの何れにおいても、(a)、(b)、(c)または(d)は、実質的な成分を構成することできることは理解される。かかるキットは、疾患または疾患に対する感受性、中でも、特に本発明の疾患を診断する際に有用である。 20

【0046】

本発明のポリヌクレオチド配列は、染色体局在化の研究に有益である。該配列は、個々のヒト染色体上の特定位置に対して、特異的に標的化されており、そして、ハイブリダイゼーションすることができる。本発明に従って、関連する配列を染色体にマッピングすることは、それらの配列を遺伝子関連疾患と関連させる上での、重要な最初の過程である。一度、配列を正確な染色体位置にマッピングされると、染色体上における該配列の物理的な位置を、遺伝地図データと関連させることができる。かかるデータは、例えば、V. McKusick、ヒトにおけるメンデル遺伝(Johns Hopkins大学 Welch Medical Libraryを通してオンラインで利用可能である)中で、見出される。同じ染色体領域にマッピングされている、遺伝子と疾患との間の関係は、その後、連鎖解析(物理的に隣り合う遺伝子の同時遺伝)を通して、同定される。ゲノム配列(遺伝子フラグメントなど)に関する、正確なヒト染色体上の局在化は、放射ハイブリッド(RH)マッピングを使用して決定することができる(Walter, M., Spillet, D., Thomas, P., Weissenbach, J. および Goodfellow, P., (1994)、ゲノム全体の放射ハイブリッド・マップを構築するための方法、Nature Genetics、7、22~28)。多数のRHパネルを、Research Genetics(Huntsville, AL、米国)から、例えば、GeneBridge4 RHパネル(Hum. Mol. Genet., 1996, Mar; 5(3): 339~46、ヒトゲノムの放射ハイブリッド・マップ。Gyapay G., Schmitt K., Fizames C., Jones H., Vega-Czarny N., Spillet D., Musellet D., Prud'Homme J.F., Dib C., Auffray C., Morissette J., Weissenbach, J. および Goodfellow, P.N.)を入手可能である。このパネルを使用して遺伝子の染色体上の位置を決定するためには、RH DNA上の関心のある遺伝子から設計されたプライマーを使用して、93回のPCRが行われる。これらのDNAのそれぞれは、ハムスターのバックグラウンド(ヒト/ハムスターのハイブリッド細胞株)中に維持された、ランダムなヒト・ゲノム・フラグメントを含んでいる。このようなPCRは、目的とする遺伝子のPCR産物の存在または非存在を示す、93のスコアをもたらす。これらのスコアは、既知の位置のゲノム配列に由来するPCR産物を使用して作製されたスコアと比較される。この比較は、http://www.ge 30 40 50

nome.wi.mit.edu/において行われる。本発明の遺伝子は、ヒト第14染色体にマッピングされる。

【0047】

本発明のポリヌクレオチド配列はまた、組織発現の研究に対する有益なツールである。かかる研究は、それらをコードするmRNAを検出することによって、コードされたポリペプチドの組織内の発現パターンに関する指標を与える、本発明のポリヌクレオチドの発現パターンの決定を可能とする。使用される技術は、当該分野では周知であり、また、cDNAマイクロアレイ・ハイブリダイゼーション(Schene et al., Science, 270, 467~470, 1995およびShalon et al., Genome Res., 6, 639~645, 1996)などの、格子上に配列されたクローンに対する系内・ハイブリダイゼーション技術、ならびにPCRなどの塩基増幅技術を含む。好ましい方法は、Perkin Elmerから入手可能なTAQMAN(商標)法を使用する。これらの研究による結果は、生物におけるポリペプチドの正常な機能の指標を提供する。加えて、mRNAの正常な発現パターンと、同じ遺伝子の別の形態(例えば、潜在的または調節的な変異をコードするポリペプチドにおける変化を有するもの)によってコードされるmRNAの発現パターンとの比較研究は、本発明のポリペプチドの役割、または疾患におけるその不適切な発現の役割に対する有益な見識を提供することができる。かかる不適切な発現は、時間的、空間的または単に量的な性質のものであってもよい。

10

【0048】

本発明のポリペプチドは、腎臓、胎盤、肺、肝臓、脾臓、心臓、胎児心臓、前立腺、卵巣および小腸、筋、乳癌、前立腺ガン、卵巣ガン、直腸ガン、およびすい臓ガン内において発現される。

20

【0049】

本発明のさらなる形態は、抗体に関する。本発明のポリペプチドまたはそのフラグメント、あるいはそれらを発現している細胞は、本発明のポリペプチドに対して免疫特異的である抗体を作製するための免疫原として、使用することができる。「免疫特異的」の用語は、抗体が、先行技術における他の関連するポリペプチドに対するそれらの親和性よりも、本発明のポリペプチドに対して、実質的により大きな親和性を有することを意味する。

【0050】

本発明のポリペプチドに対して生成される抗体は、慣用的なプロトコルを使用して、該ポリペプチドまたはエピトープ保持したフラグメント、あるいは細胞を、動物、好ましくは、非ヒト動物に、投与することによって取得することができる。モノクローナル抗体の調製には、継代的な細胞株培養物によって産生される抗体を提供する技術のいずれをも、使用することができる。例には、ハイブリドーマ技術(Kohler, G.およびMilstein, C., Nature(1975), 256:495~497)、トリオーマ技術、ヒトB細胞ハイブリドーマ技術(Kozbor et al., Immunology Today(1983), 4:73)、およびEBV-ハイブリドーマ技術(Cole et al., Monoclonal Antibodies and Cancer Therapy, 77~96, Alan R. Liss, Inc., 1985)が含まれる。

30

40

【0051】

米国特許第4,946,778号に記載されているものなどの、一本鎖抗体を製造するための技術もまた、本発明のポリペプチドに対する一本鎖抗体を製造する上で応用することができる。また、トランスジェニック・マウス、あるいは、他の哺乳動物を含む他の生物を、ヒト化抗体を発現させるために使用してもよい。

【0052】

上記抗体は、該ポリペプチドを発現するクローンを単離または同定するために、あるいはアフィニティー・クロマトグラフィによって該ポリペプチドを精製するために使用してもよい。本発明のポリペプチドに対する抗体は、また、中でも、本発明の疾患を治療するた

50

めに使用することができる。

【0053】

本発明のポリペプチドおよびポリヌクレオチドはまた、ワクチンとして使用することができる。従って、さらなる形態において、本発明は、その疾患が個体において既に慢性化しているか否かに関わらず、前記動物を疾患から保護するために、抗体および/またはT細胞免疫応答（例えば、サイトカイン産生T細胞または細胞傷害性T細胞を含む）を生じさせるに適する、本発明のポリペプチドを哺乳動物に接種することを含んでなる、哺乳動物における免疫学的応答を誘導するための方法に関する。哺乳動物における免疫学的応答はまた、本発明にかかる疾患から前記動物を保護するための抗体を産生するような、かかる免疫学的応答を誘導するために、*in vivo*で、該ポリヌクレオチドの発現を支配し、かつ該ポリペプチドをコードしているベクターによって、本発明のポリペプチドを送達することを含んでなる方法によって誘導してもよい。該ベクターを投与する1つの方法は、粒子またはそれ以外のものの上へのコーティング物として、所望する細胞中へのそれを促進することによる。かかる核酸ベクターは、DNA、RNA、修飾型核酸またはDNA/RNAハイブリッドを含むことができる。用途によって、ワクチン、ポリペプチドまたは核酸ベクターは、通常、ワクチン配合物（組成物）として提供される。該配合物はさらに、適合するキャリアを含むことができる。ポリペプチドは胃において分解されることもあるため、それは、好ましくは非経口的に投与される（例えば、皮下、筋肉内、静脈内、あるいは皮内注射）。非経口投与に好適な配合物には、抗酸化剤、緩衝剤、静菌剤、ならびに配合物を接種者の血液と等張性にする溶質を含んでもよい、水性および非水性の無菌注射液；ならびに懸濁剤または増粘剤を含んでもよい、水性および非水性の無菌懸濁剤が含まれる。該配合物は、単位用量または多回用量容器、例えば、密封されたアンプルならびにバイアルに入れて提供することができ、また、使用直前に無菌の液体キャリアを添加するだけでよい、凍結乾燥状態で保存することができる。該ワクチン配合物はまた、水中油型システムや当該分野で既知のその他のシステムなどの、配合物の免疫原性を増強するためのアジュバント・システムを含むことができる。投与量は、該ワクチンの比活性に依存し、型どおりの実験によって容易に決定することができる。

10

20

【0054】

本発明のポリペプチドは、1つまたはそれ以上の疾患状態、特に、既に記載した本発明の疾患に関連している、1つまたはそれ以上の生物学的機能を有する。従って、該ポリペプチドの機能または濃度を刺激または阻害する化合物を同定することは有用である。従って、さらなる形態において、本発明は、該ポリペプチドの機能または濃度を刺激または阻害する化合物を同定するために、化合物をスクリーニングする方法を提供する。かかる方法は、上記のような本発明の疾患に対する治療および予防目的のために使用することができる、アゴニストまたはアンタゴニストを同定する。化合物は、様々な供給源、例えば、細胞、無細胞調製物、化学的ライブラリー、化学化合物のコレクション、および天然産物混合物から同定することができる。このように同定される、かかるアゴニストまたはアンタゴニストは、場合によっては、ポリペプチド自体の、天然または修飾された基質、リガンド、受容体、酵素など；その構造的または機能的な模倣体（*Coligand et al.*、*Current Protocols in Immunology*、1（2）：5章（1991）参照）あるいは小分子であってもよい。

30

40

【0055】

該スクリーニング方法は、候補化合物に直接的または間接的に連結されている標識を利用して、該ポリペプチド、あるいは該ポリペプチドまたはその融合タンパク質を表出している細胞または膜に対する候補化合物の結合を単に測定することでもよい。代わりに、該スクリーニング方法は、標識された競合剤（例えば、アゴニストまたはアンタゴニスト）に対して、候補化合物のポリペプチドに対する競合的な結合の（定性的または定量的に）測定または検出を含んでもよい。さらに、これらのスクリーニング方法では、該ポリペプチドを表出している細胞に適する検出システムを使用して、候補化合物がポリペプチドの活性化または阻害によって誘起されるシグナルをもたらすか否かを調べることもよい。活

50

性化の阻害剤は、一般には既知のアゴニストの存在下でアッセイされ、そして、候補化合物の存在による、アゴニストによる活性化に対する作用を観測する。さらに、該スクリーニング方法は、候補化合物を、本発明のポリペプチドを含有する溶液と混合して、混合体を形成させる工程、混合物におけるMFQ-114活性を測定する工程、および混合物のMFQ-114を、候補化合物を含有しないコントロール混合物と比較する工程を単に含んでなることでもよい。

【0056】

本発明のポリペプチドは、従来の低い容量のスクリーニング方法、そして、また、ハイ・スループットなスクリーニング(HTS)形態においても、使用することができる。かかるHTS形態には、十分に確立された、96-、また、最近では、384-ウエル・マイクロ・タイター・プレートの使用のみでなく、Schullek et al., Anal. Biochem., 246, 20~29 (1997)に記載されている、ナノウエル法などの開発途上の方法もまた含まれる。

10

【0057】

既に記載したような、Fc部分およびMFQ-114ポリペプチドから作製されるものの、融合タンパク質もまた、本発明のポリペプチドに対するアンタゴニストを同定するための、ハイ・スループットなスクリーニング・アッセイのために使用することができる(D. Bennett et al., J. Mol. Recognition, 8:52~58 (1995); ならびにK. Johanson et al., J. Biol. Chem., 270(16):9459~9471 (1995)参照)。

20

【0058】

スクリーニング技術

本発明のポリヌクレオチド、ポリペプチド、および該ポリペプチドに対する抗体はまた、細胞内におけるmRNAおよびポリペプチドの産生に対する、添加された化合物の影響を検出するためのスクリーニング方法を形成するために使用することができる。例えば、当該分野で公知の標準的な方法によって、モノクローナルおよびポリクローナル抗体を使用して、ポリペプチドの分泌または細胞結合している濃度を測定するために、ELISAアッセイを構築することができる。これは、適当に操作された細胞または組織からのポリペプチドの産生を阻害または増強することができる薬剤(また、それぞれアンタゴニストまたはアゴニストとも呼ばれる)を発見するために使用することができる。

30

【0059】

本発明のポリペプチドは、当該分野で公知の標準的な受容体結合手法を通して、存在する場合には、膜結合型または可溶性の受容体を同定するために使用することができる。これらには、それに限定されないものの、ポリペプチドを、放射性同位体(例えば、¹²⁵I)で標識、化学修飾(例えば、ピオチン化され)、あるいは検出または精製に好適なペプチド配列と融合して、そして推定される受容体の供給源(細胞、細胞膜、細胞上清、組織抽出物、体液)とインキュベーションする、リガンド結合ならびにクロスリンク・アッセイが含まれる。他の方法には、表面プラズモン共鳴および分光測定法などの、生物物理学的技術が含まれる。これらのスクリーニング方法はまた、存在する場合には、ポリペプチドのその受容体に対する結合と競合する、該ポリペプチドのアゴニストおよびアンタゴニストを同定するために使用することができる。かかるアッセイを行うための標準的な方法は、当該分野では十分に理解されている。

40

【0060】

本発明のポリペプチドのアンタゴニストの例には、抗体、あるいは、ある場合には、該ポリペプチド自体のリガンド、基質、受容体、酵素などに密接に関連するオリゴヌクレオチドまたはタンパク質、場合により、例えば、該リガンド、基質、受容体、酵素などのフラグメント;あるいは本発明のポリペプチドに結合するものの、応答を誘発せず、その結果、ポリペプチドの活性が妨げられる、小分子が含まれる。

【0061】

スクリーニング方法はまた、トランスジェニック技術およびMFQ-114遺伝子の使用

50

を含んでもよい。トランスジェニック動物を構築する手法は、十分に確立されている。例えば、受精した卵母細胞の雌性前核へのマイクロインジェクション、移植前または移植後の胚へのレトロウイルス移入、エレクトロポレーションなどによって、遺伝子操作された胚性幹細胞の宿主胚盤胞への注入を通して、M F Q - 1 1 4 遺伝子を導入することができる。特に有用なトランスジェニック動物は、その動物のゲノム内において、動物の遺伝子がヒトの等価体によって置き換えられている、所謂「ノック・イン」動物である。ノック・イン・トランスジェニック動物は、医薬探索のプロセスにおいて、化合物はヒトの標的に対して特異的であるという、標的の妥当性検証用に有用である。他の有用なトランスジェニック動物は、内因性DNA配列によってコードされている、本発明のポリペプチドに対する動物オルソログの発現が細胞内で部分的または完全に無効とされている、所謂「ノック・アウト」動物である。遺伝子のノック・アウトは、技術の限界の結果として、特異的な細胞または組織を対象とする、特定の細胞または組織においてのみ起きていてもよく、あるいは、動物内の全て、または実質的に全ての細胞において生じててもよい。トランスジェニック動物の手法はまた、導入された遺伝子が、本発明のポリペプチドを大量に供するために発現させられる動物全体の発現 - クローニング・システムを提供する。

10

【0062】

上記方法において使用されるスクリーニング・キットは、本発明のさらなる形態をなす。

かかるスクリーニング・キットは、

(a) 本発明のポリペプチド；

(b) 本発明のポリペプチドを発現している組換え細胞；

20

(c) 本発明のポリペプチドを発現している細胞膜；または

(d) 本発明のポリペプチドに対する抗体；

を含んでなり、好ましくは、前記のポリペプチドは、配列番号：2のものである。

【0063】

かかるキット何れの中においても、(a)、(b)、(c)または(d)は、実質的な構成要素を構成することは理解される。

【0064】

(用語集)

下記の定義は、本明細書中で既に頻繁に使用されているいくつかの用語の理解を容易にするために提供される。

30

【0065】

本明細書中に用いられる「抗体」は、ポリクローナルおよびモノクローナル抗体、キメラ、一本鎖、ならびにヒト化抗体、同様に、Fabフラグメントをも包含し、Fabまたは他の免疫グロブリンの発現ライブラリー生成物をも包含する。

【0066】

「単離(された)」は、その天然の状態から、「ヒトの手によって」変化していること、すなわち、自然界に存在する場合、その本来の環境から変化、または移動されているか、あるいは、その両方であることを意味する。例えば、生きた生物中に天然に存在するポリヌクレオチドまたはポリペプチドは、「単離」されてはいないが、その天然状態の共存物質から分離された、同じポリヌクレオチドまたはポリペプチドは、この用語の本明細書中の用法に従うと、「単離」されている。さらに、形質転換、遺伝子操作、または何らかの他の組換え方法によって、生物中に導入されているポリヌクレオチドまたはポリペプチドは、その生物が生存または非生存かのいずれでも、前記生物中に依然として存在している場合でさえ、「単離」されている。

40

【0067】

「ポリヌクレオチド」は、一般には、非改変型または改変型のRNAあるいはDNAであってもよい、任意のポリリボヌクレオチド(RNA)またはポリデオキシリボヌクレオチド(DNA)を指す。「ポリヌクレオチド」には、限定ではないものの、一本鎖および二本鎖のDNA、一本鎖と二本鎖の領域の混合物であるDNA、一本鎖および二本鎖のRNA、ならびに一本鎖と二本鎖の領域の混合物であるRNA、一本鎖、または、より典型的

50

には、二本鎖の、あるいは、一本鎖と二本鎖の領域の混合物であってもよい、DNAおよびRNAを含んでなるハイブリッド分子が含まれる。加えて、「ポリヌクレオチド」は、RNAまたはDNA、あるいはRNAとDNAとの両方を含んでなる三重鎖領域をもいう。用語「ポリヌクレオチド」はまた、1つまたは複数の修飾された塩基を含有するDNAまたはRNA、および安定性または他の理由のために修飾された骨格を有するDNAまたはRNAを含む。「修飾(された)」塩基には、例えば、トリチル化された塩基、ならびに、イノシンなどの非通常型の塩基が含まれる。様々な修飾をDNAおよびRNAに対して行うことができ、従って、「ポリヌクレオチド」は、ウイルスおよび細胞に特徴的なDNAおよびRNAの化学的形態と同様に、自然界に典型的に見出されるような、ポリヌクレオチドの化学的、酵素的または代謝的に修飾された形態をも包含する。「ポリヌクレオチド」はまた、しばしばオリゴヌクレオチドと称される、比較的短いポリヌクレオチドをも包含する。

10

【0068】

「ポリペプチド」は、ペプチド結合または修飾されたペプチド結合(すなわち、ペプチド等配電子体)によって互いに連結された2つ以上のアミノ酸を含んでなるポリペプチドのいずれをも指す。「ポリペプチド」は、ペプチド、オリゴペプチドまたはオリゴマーと広く呼ばれる短い鎖、ならびに、一般にはタンパク質と呼ばれる、より長い鎖の双方ともをいう。ポリペプチドは、遺伝子によってコードされる20種のアミノ酸とは異なるアミノ酸を含有することができる。「ポリペプチド」には、翻訳後プロセッシングなどの天然のプロセス、あるいは当該分野で周知の化学的な修飾方法のいずれかによって、修飾がなされたアミノ酸配列が含まれる。かかる修飾は、基本的な教本、およびより詳細な専門書、ならびに数多くの研究文献中に、広く記載されている。修飾は、ペプチド骨格、アミノ酸側鎖およびアミノ末端またはカルボキシル末端を含む、ポリペプチド内のいずれの位置に生じさせることもできる。同じタイプの修飾が、所与ポリペプチド内のいくつかの部位に同じ程度または異なる程度で存在してもよいことが理解される。また、所与のポリペプチドは、多くのタイプの修飾を含んでもよい。ポリペプチドは、ユビキチン化の結果として分枝がなされてもよく、また、分枝を有する、または有していない、環状であってもよい。環状、分枝状および分枝した環状のポリペプチドは、翻訳に続く天然のプロセスに起因しても、あるいは合成的方法によって作製されてもよい。修飾には、アセチル化、アシル化、ADP-リボシル化、アミド化、ピオチン化、フラビンの共有結合、ヘム成分の共有結合、ヌクレオチドまたはヌクレオチド誘導体の共有結合、脂質または脂質誘導体の共有結合、ホスホチジルイノシトールの共有結合、クロス・リンク形成、環化、ジスルフィド結合の形成、脱メチル化、共有結合架橋の形成、システインの形成、ピログルタミン酸の形成、ホルミル化、 γ -カルボキシル化、グリコシル化、GPI・アンカー形成、ヒドロキシ化、ヨウ素化、メチル化、ミリストイル化、酸化、タンパク質分解プロセッシング、リン酸化、プレニル化、ラセミ化、セレノイル化、硫酸化、アルギニル化などのアミノ酸のタンパク質へのトランスファー・RNA媒介付加、ならびユビキチン化が含まれる(例えば、Proteins - Structures and Molecular Properties、第2版、T. E. Creighton, W. H. Freeman and Company, New York, 1993; Wold, F., 翻訳後のタンパク質修飾: 全体像および展望、1~12、Post-translational Covalent Modification of Proteins、B. C. Johnson編、Academic Press, New York, 1983; Seiffter et al., 「タンパク質修飾および非タンパク質補助因子の分析」、Meth. Enzymol., 182, 626~646, 1990; Rattan et al., 「タンパク質合成: 翻訳後修飾およびエーシング」、Ann. NY Acad. Sci., 663, 48~62, 1992参照)。

20

30

40

【0069】

ポリペプチド配列の「フラグメント」は、基準の配列よりも短いものの、基準となるポリペプチドと同一の生物学的な機能または活性を本質的に保持しているポリペプチド配列を

50

いう。ポリヌクレオチド配列の「フラグメント」は、配列番号：1の基準配列よりも短いポリヌクレオチド配列をいう。

【0070】

「変異体」は、基準となるポリヌクレオチドまたはポリペプチドとは異なるものの、その本質的な性質を保持しているポリヌクレオチドまたはポリペプチドをいう。ポリヌクレオチドの典型的な変異体は、基準となるポリヌクレオチドに対して、塩基配列に相違がある。変異体の塩基配列における変異は、基準となるポリヌクレオチドによってコードされるポリペプチドのアミノ酸配列を変化させても、させなくてもよい。ヌクレオチドの変化は、下記に説明するように、基準の配列によってコードされるポリペプチド中における、アミノ酸の置換、付加、欠失、融合および末端の短縮化を引き起こしてもよい。ポリペプチドの典型的な変異体は、基準となるポリペプチドに対して、アミノ酸配列に相違がある。一般に、改変は、基準となるポリペプチドおよび変異体の配列が全体的には非常に類似し、そして多くの領域において同一となるように制限される。変異体ならびに基準となるポリペプチドは、アミノ酸配列において、1つまたは複数の置換、挿入、欠失の任意の組合せによって相違してもよい。置換または挿入されるアミノ酸残基は、遺伝子コードによってコードされるアミノ酸残基であっても、なくてもよい。典型的な、保存的置換には、Gly、Ala； Val、Ile、Leu； Asp、Glu； Asn、Gln； Ser、Thr； Lys、Arg； ならびにPheおよびTyrが含まれる。ポリヌクレオチドまたはポリペプチドの変異体は、対立遺伝子などの天然に存在するものであってもよく、あるいは天然では存在することが知られていない変異体であってもよい。ポリヌクレオチドおよびポリペプチドの天然には存在しない変異体は、変異誘発方法によって、あるいは直接合成によって作製することもできる。また、1つまたは複数の翻訳後の修飾、例えば、グリコシル化、リン酸化、メチル化、ADP-リボシル化などを有するポリペプチドも、また変異体には含まれる。実施態様には、N末端アミノ酸のメチル化、セリンおよびトレオニンのリン酸化、ならびにC末端グリシンの修飾が含まれる。

10

20

【0071】

「対立遺伝子」は、ゲノム中の所与の遺伝子座に存在する遺伝子の、2つまたはそれ以上の選択的な形態の1つをいう。

【0072】

「多型」は、集団内における、ゲノムにおける所与の位置における塩基配列（仮に関連する場合には、コードされるポリペプチド配列）の変動をいう。

30

【0073】

「単一塩基多型」(SNP)は、集団内においてゲノム内の1つの塩基位置における、塩基変動の発生をいう。SNPは、遺伝子内で、あるいはゲノムの遺伝子間領域内で起こってもよい。SNPは、対立遺伝子特異的増幅(ASA)を使用してアッセイすることができ。該プロセスには、少なくとも3つのプライマーが必要とされる。共通プライマーが、アッセイされる多型に対して、逆方向に相補となるように使用される。この共通プライマーは、多型な塩基から50bpから1500bpの間で隔たったものとできる。それ以外の2つ（またはそれ以上）のプライマーは、最後の3'塩基が、多型を構成する2つ（またはそれ以上）の対立遺伝子の1つと一致するように変化している点を除いて、互いに同一である。そして、それぞれ、共通プライマーおよび1つの対立遺伝子特異的プライマーを使用して、2つ（またはそれ以上）のPCR反応を、サンプルDNAについて行う。

40

【0074】

本明細書中で使用されている「スプライス変異体」は、同じゲノムDNA配列から一旦転写され、ただし、択一的なRNAスプライシングを受けている、RNA分子から作製されたcDNA分子をいう。択一的なRNAスプライシングは、一般には、イントロンを除くために、一次RNA転写物がスプライシングを受ける際に生じ、それぞれ、異なるアミノ酸配列をコードしてもよい、1つ以上のmRNA分子の産生を引き起こす。スプライス変異体の用語はまた、上記のcDNA分子によってコードされるタンパク質をもいう。

【0075】

50

「同一性」は、その配列を比較することによって決定される、2つ以上のポリペプチド配列または2つ以上のポリヌクレオチド配列の間における相互関係を反映している。一般に、同一性は、対比がなされている配列の長さによって、2つのポリヌクレオチド配列、あるいは2つのポリペプチド配列の、それぞれ塩基毎またはアミノ酸毎の厳密な一致をいう。

【0076】

「%同一性」 - 正確な一致が存在しない配列については、「%同一性」を決定することができる。一般に、対比すべき2つの配列を、配列間で最大の相関を与えるようにアラインメントされる。これには、アラインメントの程度を高めるために、「ギャップ」をいずれか一方の配列または両方の配列に挿入することを含んでもよい。%同一性は、比較されている配列のそれぞれの全長にわたって、決定してもよく（所謂、全体的なアラインメント）、同じ長さまたは非常に類似する長さの配列に対して、特に適している；あるいは、より短い、限定された長さによって、決定してもよく（所謂、局所的なアラインメント）、不ぞろいな長さの配列において、より好適である。

10

【0077】

「類似性」は、2つのポリペプチド配列の間における関係に対する、より精巧な、さらなる尺度である。一般に、「類似性」は、残基毎に基づき、（同一性に関してと、同様に）比較されている配列それぞれからの、相互に対をなす残基間における正確な一致だけでなく、正確な一致が存在しない場合にも、進化的な基準に基づいて、1つの残基は、他方に対する適当な置換であるかどうかをも考慮する、2つのポリペプチド鎖のアミノ酸間での比較を意味する。この蓋然性は、付随した「スコア」を有し、2つの配列の「%類似性」は、それに基づき決定することができる。

20

【0078】

2つ以上の配列の同一性および類似性を比較するための方法は、当該分野では周知となっている。従って、例えば、ウイスコンシン配列分析パッケージ バージョン 9.1 (Devereux J. et al., Nucleic Acids Res., 12, 387~395, 1984; Genetic Computer Group, Madison, Wisconsin, 米国) 中の利用可能なプログラム、例えば、BESTFIT およびGAP プログラムを、2つのポリヌクレオチド間の%同一性、ならびに2つのポリペプチド配列間の%同一性および%類似性を決定するために使用してもよい。BESTFITは、SmithおよびWatermanの「局所的相同性」アルゴリズム (J. Mol. Biol., 147, 195~197, 1981, Advances in Applied Mathematics, 2, 482~489, 1981) を使用して、2つの配列間における、類似性の最も良い1つの領域を見出す。BESTFITは、長さが類似していない2つのポリヌクレオチド配列または2つのポリペプチド配列の比較に対してより適しており、該プログラムは、より短い配列は、より長いものの一部を表すことを仮定している。一方、GAPは、NeddllemanおよびWunschのアルゴリズム (J. Mol. Biol., 48, 443~453, 1970) に従って、「最大の類似性」を見出しつつ、2つの配列をアラインメントする。GAPは、ほぼ同じの長さであり、また、アラインメントが長さ全体にわたって期待される配列の比較に対してより適している。好ましくは、比較されるものを、最適にアラインメントするための、各プログラムにおいて使用される「ギャップ加重」および「長さ加重」のパラメーターは、それぞれ、ポリヌクレオチド配列に対しては、50および3であり、ポリペプチド配列に対しては、12および4である。好ましくは、比較されている2つの配列を最適にアラインメントした上で、%同一性および類似性を決定する。

30

40

【0079】

配列間の同一性および/または類似性を決定するための他のプログラムもまた、当該分野では知られており、例えば、BLASTファミリーのプログラム (Altschul S. F. et al., J. Mol. Biol., 215, 403~410, 1990; Altschul S. F. et al., Nucleic Acids Res.

50

、25:389~3402、1997; National Center for Biotechnology Information (NCBI) (Bethesda, Maryland、米国)から入手することができ、またwww.ncbi.nlm.nih.govのNCBIのホームページからアクセス可能である)、およびFASTA (Pearson WR、Methods in Enzymology、183、63~99、1990; Pearson W.R.およびLipman D.J.、Proc. Nat. Acad. Sci. USA. 85、2444~2448、1988; ウィスコンシン配列分析パッケージの一部として入手可能である)。

【0080】

好ましくは、BLOSUM62 アミノ酸置換行列 (Henikoff S and Henikoff J.G、Proc. Nat. Acad. Sci. USA、89、10915~10919、1992)を、比較の前に、ヌクレオチド配列をアミノ酸配列に予め翻訳する場合をも含み、ポリペプチド配列の比較において使用する。

【0081】

好ましくは、プログラム BESTFITが、基準とするポリヌクレオチドまたはポリペプチド配列に関して、検討するポリヌクレオチドまたはポリペプチド配列の%同一性を決定するために使用され、前記のように、検討と基準とする配列とは、最適にアラインメントされ、また、プログラムのパラメーターは、暫定の値に設定されている。

【0082】

「同一性指標」は、候補配列 (ポリヌクレオチドまたはポリペプチド) と基準の配列とを比較するために使用することができる、配列関連性の尺度である。すなわち、例えば、基準とするポリヌクレオチド配列と比較して、例えば0.95の同一性指標を有する候補ポリヌクレオチド配列は、該候補ポリヌクレオチド配列は、基準の配列の各100塩基あたり平均して5個までの相違を含んでもよい点を除いて、基準の配列と同一である。かかる相違は、少なくとも1つの塩基欠失、トランジションおよびトランスバージョンを含む置換、または挿入からなる群から選択される。これらの相違は、基準となるポリヌクレオチド配列の5'または3'末端部位に、あるいはこれら末端部位の間の任意な位置で、基準配列内の塩基間に個々に、あるいは基準配列内において1つまたは複数の連続した群中で点在して、起こってもよい。換言すると、基準となるポリヌクレオチド配列と比較した際、0.95の同一性指標を有するポリヌクレオチド配列を得るためには、既に記載したように、基準配列内の塩基100個毎に、平均して5個までが、任意の組合せで、欠失、置換または挿入されていてもよい。同じことが、同一性指標の他の値、例えば、0.96、0.97、0.98および0.99についても、必要に応じて変更して適用される。

【0083】

同様に、ポリペプチドの場合には、基準のポリペプチド配列と比較したときに、例えば、0.95の同一性指標を有する候補ポリペプチド配列は、基準の配列の各100アミノ酸あたり、平均して5個までの違いを該ポリペプチド配列が含んでもよいことを除いて、基準の配列と同一である。かかる相違は、少なくとも1つのアミノ酸の欠失、保存的ならびに非保存的な置換を含む置換、または挿入からなる群から選択される。これらの相違は、基準となるポリペプチド配列のアミノ末端またはカルボキシ末端部位に、あるいはこれら末端部位間の任意の位置に、基準配列内のアミノ酸間に個々に、あるいは基準配列内において1つまたは複数の連続した群中に点在して、起こってもよい。換言すると、基準のポリペプチド配列と比較した際、0.95の同一性指標を有するポリペプチド配列を得るためには、既に記載したように、基準配列内のアミノ酸の100個毎に、平均して5個まで、任意の組合せで、欠失、置換または挿入がなされてもよい。同じことが、同一性指標の他の値、例えば、0.96、0.97、0.98および0.99についても、必要に応じて変更して適用される。

【0084】

塩基またはアミノ酸の相違数と同一性指標との関係は、下記の式で表記でき、

$$n_a = x_a - (x_a \cdot I)$$

式中、

n_a は、塩基またはアミノ酸の相違数であり、

x_a は、配列番号：1 あるいは配列番号：2 における塩基またはアミノ酸のそれぞれの総数であり、

I は、同一性指標であり、

$\cdot$ は、乗算演算子に対する記号であり、

その際、 x_a と I との非整数の積は、 x_a から減ずるに先立ち、最も近い整数に切り捨てられる。

【0085】

「ホモログ」は、基準の配列に対して、高度の配列関連性を有するポリヌクレオチド配列またはポリペプチド配列を示すために、当該分野で使用されている一般的な用語である。かかる関連性は、既に定義されているように、2つの配列間の同一性および/または類似性の程度を決定することによって、定量化することもできる。この総称的な用語には、「オルソログ」および「パラログ」の用語が含まれる。「オルソログ」は、別の種中における、該ポリヌクレオチドまたはポリペプチドの機能的等価体であるポリヌクレオチドまたはポリペプチドをいう。「パラログ」は、機能的に類似している、同じ種内にあるポリヌクレオチドまたはポリペプチドをいう。

【0086】

「融合タンパク質」は、2つの、関連しない、融合された遺伝子またはそのフラグメントによってコードされるタンパク質をいう。その例が、米国特許第5541087号、米国特許第5726044号に開示されている。Fc-MFQ-114の場合、融合タンパク質の一部として、免疫グロブリンのFc領域の使用は、治療に使用する際のかかる融合タンパク質の薬物動態学的性質を改善するため、ならびに、二量体型のMFQ-114を形成させるために、Fc-MFQ-114または該MFQ-114の断片の機能的発現を行う上で好都合である。Fc-MFQ-114のDNA構築物は、5'から3'の方向に、分泌カセット、すなわち、哺乳動物細胞からの細胞外への輸送を誘起するシグナル配列、融合パートナーとして、免疫グロブリンのFc領域フラグメントをコードするDNA、およびMFQ-114をコードするDNAまたはその断片を含んでなる。ある用途では、融合タンパク質の残部には手を触れることなく、機能的なFc側を変異させ、その固有的な機能的性質（補体結合、Fc受容体結合）を変える、あるいは発現後にFc部分を完全に除くことを可能とすることが望ましい。

【0087】

特許および特許出願に限らず、これらを含む、本明細書中で引用されている刊行物および参考文献の全ては、十分に述べているように、個々の刊行物または参考文献を、参照して組み込むために、明示的かつ個別的に示唆されているように、その全部を、参照することで、本明細書中に組み込まれる。本出願が優先権を主張する特許出願はいずれも、先に刊行物および参考文献に関して記載したと同様に、その全部を、参照することで、本明細書中に組み込まれる。

【0088】

図の凡例

図1：新規ヒト・タンパク質はC末端位に3つの縦に並んだLIMドメインを含有する。

【0089】

図2：腫瘍抑制p16INK4a/CDCN2とトランスフェクトされた、ヒト膵臓腺ガンのNP18によるディファレンシャル・遺伝子・ディスプレイ。

特異的なバンドであるT120pA3.9/2は、下流領域のポリ(T)12プライマーと組み合わせて上流領域のプライマーOpA3(AGTCAGCCAC)を用いてcDNA増幅を行った後に得られた。特異的なバンドは、サンプル2にはっきりと見られる。該増幅は複製のもとに行われた。

【0090】

第1列：コントロール・アデノウイルス(AdC)を用いたNP18のトランスフェクシ

10

20

30

40

50

ヨンの後、24時間のcDNAの増幅

第2列：p16を含有するアデノウイルス（AdP16）を用いたNP18のトランスフェクションの後、24時間のcDNAの増幅

第3列：コントロール・アデノウイルス（AdC）を用いたNP18のトランスフェクションの後、48時間のcDNAの増幅

第4列：p16を含有するアデノウイルス（AdP16）を用いたNP18のトランスフェクションの後、48時間のcDNAの増幅。

【0091】

図3：MFQ-114は、脳、脾臓、直腸および末梢血白血球においては発現しない。該発現は、胸腺および小腸では非常に弱い。MFQ-114は、腎臓および膵臓において高く発現する。 10

【0092】

図3において用いられているゲル列のラベリング

1	k b ラダー	11	胸腺
2	心臓	12	前立腺
3	脳（全脳）	13	精巣
4	胎盤	14	卵巣
5	肺	15	小腸
6	肝臓	16	直腸
7	骨格筋	17	末梢血白血球
8	腎臓	18	100bp ラダー
9	膵臓	19	NP-18からMFQ-114ポジティブコントロール増幅。
10	脾臓		

【0093】

図4：MFQ-114は、乳房、前立腺、卵巣および膵臓のガンにおいて発現する。肺腫瘍においても弱く発現する。

図4において用いられているゲル列のラベリング

1	1 k b ラダー	7	ヒト直腸線ガン
2	ヒト乳房腫瘍	8	ヒト卵巣ガン
3	ヒト肺腫瘍	9	ヒト膵臓ガン
4	ヒト直腸線ガン	10	NP-18からMFQ-114ポジティブコントロール増幅
5	ヒト肺ガン		
6	ヒト前立腺ガン	11	100bp ラダー。

【0094】

さらなる実施例

NP18細胞にトランスフェクトされたMFQ-114の発現

ヒトMFQ-114の配列は、ディファンレンシャル・ディスプレイ・バンド（T120pA3.9/2）との相同性から推定される。図2では、p16とトランスフェクションを行い24時間後のバンドを示す。 40

【0095】

ヒト・アジュバ相同体のPCR増幅

MFQ-114配列を確認するために、1対の特異的PCRプライマーが、配列番号：1に示される推定上の配列をもとにした配列番号：3および4を基に設計され、開示されている。

【0096】

期待される663pb断片は、NP-18と呼ばれているヒト膵臓腺ガンの細胞株をコントロールとして用いて増幅した。Invitrogen社のPCRIIベクターにおける正確なサイズのPCRバンドをクローンした後に、該配列は確認された。

【0097】

PCR条件を以下に示す：95 で9分、さらに95 で30秒、65 で30秒および 50

72 で60秒のサイクルを35回、最後の伸長ステップとしてPerkin Elmer社から購入したTaq Gold・ポリメラーゼを用いて72 で2分。

【0098】

組織分布

上記のMFQ - 114設計されたプライマーを用いて、同じPCR条件下において663bp特異的PCRバンドがヒトcDNAの1組を用いて増幅される(Clontech製のヒトMTCパネルI、K1420 - 1参照およびClontech製のヒトMTCパネルII、K1421 - 1参照)。MFQ - 114は、脳、骨格筋、精巣、直腸および末梢血白血球においては発現されない。該発現レベルは、胸腺および小腸においては非常に弱い。MFQ - 114は、図3に示すように、腎臓および膵臓において高い発現を示す。

10

【0099】

ヒト腫瘍における発現

同様のPCR方法を用いて、いくつかのノーマライズされたヒト腫瘍組織の中で興味のある遺伝子の発現のレベルを、Clontech社(K1422 - 1参照)のヒト組織多組織cDNAパネルを用いて測定した。MFQ - 114は乳房、前立腺、卵巣および膵臓のガンにおいて発現する。さらに、図4に示すように、肺ガンにおいても弱い発現がある。

【図面の簡単な説明】

【図1】

新規ヒト・タンパク質はC末端位に3つの縦に並んだLIMドメインを含有することを示す図。

20

【図2】

腫瘍抑制p16INK4a/CDCN2とトランスフェクトされた、ヒト膵臓腺ガンのNP18によるディファレンシャル・遺伝子・ディスプレイ。

【図3】

MFQ - 114は、脳、脾臓、直腸および末梢血白血球においては発現しない。

【図4】

MFQ - 114は、乳房、前立腺、卵巣および膵臓のガンにおいて発現する。

【国際公開パンフレット】

(12) INTERNATIONAL APPLICATION PUBLISHED UNDER THE PATENT COOPERATION TREATY (PCT)

(19) World Intellectual Property Organization
International Bureau(43) International Publication Date
2 May 2002 (02.05.2002)

PCT

(10) International Publication Number
WO 02/34911 A1(51) International Patent Classification: C12N 15/12,
C07K 14/47, C12N 5/10, 15/62, C07K 16/18, G01N 33/50(74) Common Representative: MERCK PATENT GMBH,
Frankfurter Strasse 250, 64293 Darmstadt (DE).

(21) International Application Number: PCT/EP01/10882

(81) Designated States (national): AE, AG, AL, AM, AT, AU,
AZ, BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU,
CZ, DE, DK, DM, DZ, EC, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH,
GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC,
LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW,
MX, MY, NZ, PA, PE, PG, PH, PL, PT, RO, RU, SD, SG, SI,
SK, SL, TJ, TM, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VN, YU,
ZA, ZW.(22) International Filing Date:
20 September 2001 (20.09.2001)

(25) Filing Language: English

(26) Publication Language: English

(30) Priority Data:
00/22857.6 20 October 2000 (20.10.2000) EP(84) Designated States (regional): ARIPO patent (GH, GM,
KE, LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, UG, ZW); Eurasian
patent (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM); European
patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE,
IT, LI, MC, NL, PT, SE, TR); OAPI patent (BF, BI, CF,
CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD,
TG).(71) Applicant (for all designated States except US): MERCK
PATENT GMBH [DE/DE], Frankfurter Strasse 250,
64293 Darmstadt (DE).

(72) Inventors: and

(75) Inventors/Applicants (for US only): SOLER RIERA,
Marta [ES/ES], Enric Granados, 43, Francesc 2a, E-08008
Barcelona (ES); MANA ALVAREZ, Mire [ES/ES], Josep
Miret 21, 2^a 2^a, E-08020 Barcelona (ES); HERNANDEZ
MIGUEZ, Jose Luis [ES/ES], Isaac Albarrin, 14, barcelo-
na, Sant Boi Del Llobregat, E-08830 Barcelona (ES); PU-
LATS XANCO, Jaume [ES/ES], Miquel Quinti Mallofà,
2, 6a 1a, E-08030 Barcelona (ES); ROSELLI VIVES, Elis-
abet [ES/ES], Enric Granados, 43 3er, E-08008 Barcelona
(ES).

Published:

with international search report
— before the expiration of the time limit for amending the
claims and to be republished in the event of receipt of
amendment.For two-letter codes and other abbreviations, refer to the "Guid-
ance Notes on Codes and Abbreviations" appearing at the begin-
ning of each regular issue of the PCT Gazette.

WO 02/34911 A1

(54) Title: MFQ-114, A HUMAN AJUBA LIKE PROTEIN

(57) Abstract: MFQ 114 polypeptides and polynucleotides and methods for producing such polypeptides by recombinant tech-
niques are disclosed. Also disclosed are methods for utilizing MFQ 114 polypeptides and polynucleotides in diagnostic assays.

WO 02/34911

PCT/EP01/10882

MFQ-114, A HUMAN AJUBA LIKE PROTEIN

Field of the Invention

This invention relates to newly identified polypeptides and polynucleotides encoding such polypeptides sometimes hereinafter referred to as "novel human Ajuba like protein (MFQ-114)", to their use in diagnosis and in identifying compounds that may be agonists, antagonists that are potentially useful in therapy, and to production of such polypeptides and polynucleotides.

Background of the Invention

The drug discovery process is currently undergoing a fundamental revolution as it embraces "functional genomics", that is, high throughput genome- or gene-based biology. This approach as a means to identify genes and gene products as therapeutic targets is rapidly superseding earlier approaches based on "positional cloning". A phenotype, that is a biological function or genetic disease, would be identified and this would then be tracked back to the responsible gene, based on its genetic map position.

Functional genomics relies heavily on high-throughput DNA sequencing technologies and the various tools of bioinformatics to identify gene sequences of potential interest from the many molecular biology databases now available. There is a continuing need to identify and characterise further genes and their related polypeptides/proteins, as targets for drug discovery.

Summary of the Invention

The present invention relates to MFQ-114, in particular MFQ-114 polypeptides and MFQ-114 polynucleotides, recombinant materials and methods for their production. Such polypeptides and polynucleotides are of interest in relation to methods of treatment of certain diseases, including, but not limited to, breast, prostatic, ovarian and pancreatic cancer, but not limited to other neoplastic disorders; neurodegenerative disease, brain stroke; cardiac and vascular disease, angiogenesis, hereinafter referred to as "diseases of the invention". In a further aspect, the invention relates to methods for identifying agonists and antagonists (e.g., inhibitors) using the materials provided by the invention, and treating conditions associated with MFQ-114 imbalance with the identified compounds. In a still further aspect, the invention relates to diagnostic assays for detecting diseases associated with inappropriate MFQ-114 activity or levels.

Description of the Invention

In a first aspect, the present invention relates to MFQ-114 polypeptides. Such polypeptides include:

- (a) a polypeptide encoded by a polynucleotide comprising the sequence of SEQ ID NO:1;
- (b) a polypeptide comprising a polypeptide sequence having at least 95%, 96%, 97%, 98%, or 99% identity to the polypeptide sequence of SEQ ID NO:2;
- (c) a polypeptide comprising the polypeptide sequence of SEQ ID NO:2;
- (d) a polypeptide having at least 95%, 96%, 97%, 98%, or 99% identity to the polypeptide sequence of SEQ ID NO:2;
- (e) the polypeptide sequence of SEQ ID NO:2; and
- (f) a polypeptide having or comprising a polypeptide sequence that has an Identity Index of 0.95, 0.96, 0.97, 0.98, or 0.99 compared to the polypeptide sequence of SEQ ID NO:2;
- (g) fragments and variants of such polypeptides in (a) to (f).

Polypeptides of the present invention are believed to be members of the Three LIM domain family of polypeptides. They are therefore of interest because using the differential display gene expression technique from our apoptosis model of NP-18 (human pancreas adenocarcinoma) transfected with the tumor suppressor *p16^{INK4a/CDCN2}*, we identified a 430 bp partial cDNA clone that is overexpressed and shows a high homology with a human genomic clone located in chromosome 14 (AL132780).

The putative new human protein, named MFQ-114, homologous to the differential display band 1033 presents a high homology to an already known Ajuba murine protein (U79776). The new MFQ-114 gene reveals, using a protein domains database such as Pfam (Nucleic Acids Res., 1999, 27:260-262), three tandemly arranged LIM domains in the C-terminal region (see Figure 1)

LIM domain-containing proteins have been classified according to sequence homologies among the LIM domains and the overall structure of the protein

WO 02/34911

3

PCT/EP01/10882

(David, I. B., J.J. Green, and R. Toyama. Trends Genet, 1998.14:156-162). Proteins from group 3 contain three to four tandem LIM domains at the C-terminus in association with distinct N-terminal domains. Members of this group include zyxin (Beckerle, M. C. BioEssays, 1997. 19: 949-957), enigma (Wu, R.Y., and G. N. Gill. J. Biol.Chem, 1994. 271:25085-25090), among others. This motif defines an unique double-zinc finger structure found in a class of proteins involved in cell identity, differentiation, and growth control (Sanchez-Garcia, I., and T. H. Rabbits. Cancer Biol, 1993. 4: 349-358), but also for pathological functions such as oncogenesis. The LIM domain: CX₂CX₁₆₋₂₃HX₂CX₂C-X₁₆₋₂₁CX₂(D,H), has been shown to be a protein-protein interaction motif that is critically involved in the above mentioned processes (Freyd, G., et al. Nature, 1990.344:867-879; Karlsson, O., et al. Nature, 1990. 344:879-882; Way, J. C., M. Chalfie. Cell, 1988. 54:5-16). LIM domains are highly conserved among proteins. In MFQ-114 the LIM domains have been identified by Pfam prediction and correspond to the amino acid sequences position 338-396, position 403-460 and position 463-529. They are thought to function as versatile protein modules, capable of acting within diverse cellular contexts and multiple subcellular compartments. Many have been shown to participate in direct protein-protein interactions, and they may also have the capacity to bind DNA directly (Beckerle, M. C. BioEssays, 1997. 19: 949-957; Gill, G. N. Structure, 1995.3:1285-1289; Shmeichef, K. L., and M.C. Beckerle Mol. Biol. Cell, 1997. 8:219-230).

Group three proteins contain extensive N-terminal non-LIM, or pre-LIM domains that are quite divergent. Glycine and proline residues are highly abundant in the amino-terminal pre-LIM domain. There are two potential SH3 recognition motifs within the pre-LIM domain.

The murine protein Ajuba has been described recently (Goyal et al. "Ajuba, a Novel LIM Protein, Interacts with Grb2, Augments Mitogen-Activated Protein Kinase Activity in Fibroblasts, and Promotes Meiotic Maturation of *Xenopus* Oocytes in a Grb2- and Ras-Dependent Manner". Mol. and Cell. Biol, 1999. 19:4379-4389) as a new group 3 LIM protein. Ajuba associates with Grb2 *in vitro* and *in vivo*. This interaction was mediated by the pre-LIM domain of Ajuba and the SH3 domains of Grb2.

In general, SH3 interactions organize protein complexes, localize proteins within the cell, facilitates enzyme-substrate interactions, and regulate enzyme activity (Pawson, T. and J.D. Scott., Science, 1997. 278:2075-2080).

WO 02/34911

4

PCT/EP01/10882

The fact that a major pathway by which Grb2 couples signaling to the activation of MAP Kinase is dependent on the activation of Ras (Egan, S. E., et al. *Nature*, 1993. 363:45-51; Kim, F. J., *Mol. Cell. Biol.*, 1996.16:5147-5155) suggests that Ajuba-mediated meiotic progression is Grb2 and Ras dependent. (Goyal et al. *Mol. and Cell. Biol.*, 1999. 19:4379-4389).

MFQ114 additionally presents a putative nuclear export signal (NES) which led to an accumulation of the LIM domain to the cell nucleus. This means that Ajuba may shuttle between the nucleus and cytoplasm and thus serve to communicate signal between these two cellular compartments. (Durick, K., et al. *J. Biol. Chem.*, 1996. 271:12691-12694; Wu, R.-Y., et al. *J. Biol. Chem.*, 1996. 271:15934-15941; Weng, Z., et al. *J. Biol. Chem.*, 1993. 268: 14956-14963).

There is evidence for cross talk between the proliferation/differentiation pathways activated by Ras/Raf/MAPK and growth arrest functions of tumor suppressor proteins including p53, p16, and Rb (Alessi, D.R., Cruenda, A., *J. Biol. Chem.*, 1995. 270, 27489-27498; Hollstein, M., Sidransky, D., *Science*, 1991. 253, 49-53.). Also, sustained Ras or Raf signaling has been reported to activate p53 and/or p21 as well as p16 expression leading to growth arrest (Lin, A. W., and Serrano, M., *Genes Dev.*, 1998.12, 3008-3019; Zhu, J., Woods, D., *Genes Dev.*, 1998. 12, 2997-3007). These studies show the reciprocal interconnection of these signaling pathways may imply a positive feedback loop in which permanent growth arrest could be increased by sufficient up-regulation of either p53 or MAPK pathways (Sam W. Lee, Li Fang, Makoto Igarachi, *PNAS*, 2000.97: 15; 8302-8305).

This putative protein MFQ114 as member of LIM-proteins, is expected to participate in protein-protein interactions and to play an important role in growth factor signaling pathways. We hypothesize that could be the interaction with Grb2 leads to the activation MAPK pathway in a Ras dependent manner. Regulation of this pathway may have implication in degeneration diseases, as cancer, neurodegenerative diseases, and brain and heart ischemia.

The biological properties of the MFQ-114 are hereinafter referred to as "biological activity of MFQ-114" or "MFQ-114 activity". Preferably, a polypeptide of the present invention exhibits at least one biological activity of MFQ-114.

WO 02/34911

5

PCT/EP01/10882

Polypeptides of the present invention also includes variants of the aforementioned polypeptides, including all allelic forms and splice variants. Such polypeptides vary from the reference polypeptide by insertions, deletions, and substitutions that may be conservative or non-conservative, or any combination thereof. Particularly

5 preferred variants are those in which several, for instance from 50 to 30, from 30 to 20, from 20 to 10, from 10 to 5, from 5 to 3, from 3 to 2, from 2 to 1 or 1 amino acids are inserted, substituted, or deleted, in any combination.

Preferred fragments of polypeptides of the present invention include a polypeptide comprising an amino acid sequence having at least 30, 50 or 100 contiguous

0 amino acids from the amino acid sequence of SEQ ID NO: 2, or a polypeptide comprising an amino acid sequence having at least 30, 50 or 100 contiguous amino acids truncated or deleted from the amino acid sequence of SEQ ID NO: 2. Preferred fragments are biologically active fragments that mediate the biological activity of MFQ-114 including those with a similar activity or an

15 improved activity, or with a decreased undesirable activity. Also preferred are those fragments that are antigenic or immunogenic in an animal, especially in a human.

Fragments of the polypeptides of the invention may be employed for producing the corresponding full-length polypeptide by peptide synthesis; therefore, these

20 variants may be employed as intermediates for producing the full-length polypeptides of the invention. The polypeptides of the present invention may be in the form of the "mature" protein or may be a part of a larger protein such as a precursor or a fusion protein. It is often advantageous to include an additional amino acid sequence that contains secretory or leader sequences, pro-

25 sequences, sequences that aid in purification, for instance multiple histidine residues, or an additional sequence for stability during recombinant production.

Polypeptides of the present invention can be prepared in any suitable manner, for instance by isolation from naturally occurring sources, from genetically engineered

30 host cells comprising expression systems (*vide infra*) or by chemical synthesis, using for instance automated peptide synthesizers, or a combination of such methods. Means for preparing such polypeptides are well understood in the art.

In a further aspect, the present invention relates to MFQ-114 polynucleotides. Such polynucleotides include:

WO 02/34911

6

PCT/EP01/10882

(a) a polynucleotide comprising a polynucleotide sequence having at least 95%, 96%, 97%, 98%, or 99% identity to the polynucleotide sequence of SEQ ID NO:1;

(b) a polynucleotide comprising the polynucleotide of SEQ ID NO:1;

5 (c) a polynucleotide having at least 95%, 96%, 97%, 98%, or 99% identity to the polynucleotide of SEQ ID NO:1;

(d) the polynucleotide of SEQ ID NO:1;

10 (e) a polynucleotide comprising a polynucleotide sequence encoding a polypeptide sequence having at least 95%, 96%, 97%, 98%, or 99% identity to the polypeptide sequence of SEQ ID NO:2;

(f) a polynucleotide comprising a polynucleotide sequence encoding the polypeptide of SEQ ID NO:2;

15 (g) a polynucleotide having a polynucleotide sequence encoding a polypeptide sequence having at least 95%, 96%, 97%, 98%, or 99% identity to the polypeptide sequence of SEQ ID NO:2;

(h) a polynucleotide encoding the polypeptide of SEQ ID NO:2;

(i) a polynucleotide having or comprising a polynucleotide sequence that has an Identity Index of 0.95, 0.96, 0.97, 0.98, or 0.99 compared to the polynucleotide sequence of SEQ ID NO:1;

20 (j) a polynucleotide having or comprising a polynucleotide sequence encoding a polypeptide sequence that has an Identity Index of 0.95, 0.96, 0.97, 0.98, or 0.99 compared to the polypeptide sequence of SEQ ID NO:2; and

25 polynucleotides that are fragments and variants of the above mentioned polynucleotides or that are complementary to above mentioned polynucleotides, over the entire length thereof.

30 Preferred fragments of polynucleotides of the present invention include a polynucleotide comprising a nucleotide sequence having at least 15, 30, 50 or 100 contiguous nucleotides from the sequence of SEQ ID NO: 1, or a polynucleotide comprising a sequence having at least 30, 50 or 100 contiguous nucleotides truncated or deleted from the sequence of SEQ ID NO: 1.

WO 02/34911

7

PCT/EP01/10882

Preferred variants of polynucleotides of the present invention include splice variants, allelic variants, and polymorphisms, including polynucleotides having one or more single nucleotide polymorphisms (SNPs).

5 Polynucleotides of the present invention also include polynucleotides encoding polypeptide variants that comprise the amino acid sequence of SEQ ID NO:2 and in which several, for instance from 50 to 30, from 30 to 20, from 20 to 10, from 10 to 5, from 5 to 3, from 3 to 2, from 2 to 1 or 1 amino acid residues are substituted, deleted or added, in any combination.

0 In a further aspect, the present invention provides polynucleotides that are RNA transcripts of the DNA sequences of the present invention. Accordingly, there is provided an RNA polynucleotide that:

- (a) comprises an RNA transcript of the DNA sequence encoding the polypeptide of SEQ ID NO:2;
 - 15 (b) is the RNA transcript of the DNA sequence encoding the polypeptide of SEQ ID NO:2;
 - (c) comprises an RNA transcript of the DNA sequence of SEQ ID NO:1; or
 - (d) is the RNA transcript of the DNA sequence of SEQ ID NO:1;
- and RNA polynucleotides that are complementary thereto.

20 The polynucleotide sequence of SEQ ID NO:1 shows homology with Ajuba mRNA, complete cds. (Mus musculus), U79776. The polynucleotide sequence of SEQ ID NO:1 is a cDNA sequence that encodes the polypeptide of SEQ ID NO:2. The polynucleotide sequence encoding the polypeptide of SEQ ID NO:2 may be identical to the polypeptide encoding sequence of SEQ ID NO:1 or it may be a

25 sequence other than SEQ ID NO:1, which, as a result of the redundancy (degeneracy) of the genetic code, also encodes the polypeptide of SEQ ID NO:2. The polypeptide of the SEQ ID NO:2 is related to other proteins of the Three LIM domain family, having homology and/or structural similarity with Ajuba (Mus musculus), AAB38287.1.

30 Preferred polypeptides and polynucleotides of the present invention are expected to have, *inter alia*, similar biological functions/properties to their homologous

WO 02/34911

PCT/EP01/10882

8

polypeptides and polynucleotides. Furthermore, preferred polypeptides and polynucleotides of the present invention have at least one MFQ-114 activity.

Polynucleotides of the present invention may be obtained using standard cloning and screening techniques from a cDNA library derived from mRNA in cells of human, mouse, drosophila or NP18 human pancreas cancer cell line, (see for instance, Sambrook *et al.*, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 2nd Ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, N.Y. (1989)). Polynucleotides of the invention can also be obtained from natural sources such as genomic DNA libraries or can be synthesized using well known and commercially available techniques.

When polynucleotides of the present invention are used for the recombinant production of polypeptides of the present invention, the polynucleotide may include the coding sequence for the mature polypeptide, by itself, or the coding sequence for the mature polypeptide in reading frame with other coding sequences, such as those encoding a leader or secretory sequence, a pre-, or pro- or prepro- protein sequence, or other fusion peptide portions. For example, a marker sequence that facilitates purification of the fused polypeptide can be encoded. In certain preferred embodiments of this aspect of the invention, the marker sequence is a hexa-histidine peptide, as provided in the pQE vector (Qiagen, Inc.) and described in Gentz *et al.*, Proc Natl Acad Sci USA (1989) 86:821-824, or is an HA tag. The polynucleotide may also contain non-coding 5' and 3' sequences, such as transcribed, non-translated sequences, splicing and polyadenylation signals, ribosome binding sites and sequences that stabilize mRNA.

Polynucleotides that are identical, or have sufficient identity to a polynucleotide sequence of SEQ ID NO:1, may be used as hybridization probes for cDNA and genomic DNA or as primers for a nucleic acid amplification reaction (for instance, PCR). Such probes and primers may be used to isolate full-length cDNAs and genomic clones encoding polypeptides of the present invention and to isolate cDNA and genomic clones of other genes (including genes encoding paralogs from human sources and orthologs and paralogs from species other than human, mouse, drosophila) that have a high sequence similarity to SEQ ID NO:1, typically at least 95% identity. Preferred probes and primers will generally comprise at least 15 nucleotides, preferably, at least 30 nucleotides and may have at least 50, if not at least 100 nucleotides. Particularly preferred probes will have

between 30 and 50 nucleotides. Particularly preferred primers will have between 20 and 25 nucleotides.

A polynucleotide encoding a polypeptide of the present invention, including homologs from species other than human, mouse, drosophila, may be obtained by a process comprising the steps of screening a library under stringent hybridization conditions with a labeled probe having the sequence of SEQ ID NO: 1 or a fragment thereof, preferably of at least 15 nucleotides; and isolating full-length cDNA and genomic clones containing said polynucleotide sequence. Such hybridization techniques are well known to the skilled artisan. Preferred stringent hybridization conditions include overnight incubation at 42°C in a solution comprising: 50% formamide, 5xSSC (150mM NaCl, 15mM trisodium citrate), 50 mM sodium phosphate (pH7.6), 5x Denhardt's solution, 10 % dextran sulfate, and 20 microgram/ml denatured, sheared salmon sperm DNA; followed by washing the filters in 0.1x SSC at about 65°C. Thus the present invention also includes isolated polynucleotides, preferably with a nucleotide sequence of at least 100, obtained by screening a library under stringent hybridization conditions with a labeled probe having the sequence of SEQ ID NO:1 or a fragment thereof, preferably of at least 15 nucleotides.

The skilled artisan will appreciate that, in many cases, an isolated cDNA sequence will be incomplete, in that the region coding for the polypeptide does not extend all the way through to the 5' terminus. This is a consequence of reverse transcriptase, an enzyme with inherently low "processivity" (a measure of the ability of the enzyme to remain attached to the template during the polymerisation reaction), failing to complete a DNA copy of the mRNA template during first strand cDNA synthesis.

There are several methods available and well known to those skilled in the art to obtain full-length cDNAs, or extend short cDNAs, for example those based on the method of Rapid Amplification of cDNA ends (RACE) (see, for example, Frohman et al., Proc Nat Acad Sci USA 85, 8998-9002, 1988). Recent modifications of the technique, exemplified by the Marathon (trade mark) technology (Clontech Laboratories Inc.) for example, have significantly simplified the search for longer cDNAs. In the Marathon (trade mark) technology, cDNAs have been prepared from mRNA extracted from a chosen tissue and an 'adaptor' sequence ligated onto each end. Nucleic acid amplification (PCR) is then carried out to amplify the "missing" 5' end of the cDNA using a combination of gene specific and adaptor specific oligonucleotide primers. The PCR reaction is then repeated using 'nested' primers, that is,

WO 02/34911

10

PCT/EP01/10882

primers designed to anneal within the amplified product (typically an adaptor specific primer that anneals further 3' in the adaptor sequence and a gene specific primer that anneals further 5' in the known gene sequence). The products of this reaction can then be analysed by DNA sequencing and a full-length cDNA constructed either by joining the product directly to the existing cDNA to give a complete sequence, or carrying out a separate full-length PCR using the new sequence information for the design of the 5' primer.

Recombinant polypeptides of the present invention may be prepared by processes well known in the art from genetically engineered host cells comprising expression systems. Accordingly, in a further aspect, the present invention relates to expression systems comprising a polynucleotide or polynucleotides of the present invention, to host cells which are genetically engineered with such expression systems and to the production of polypeptides of the invention by recombinant techniques. Cell-free translation systems can also be employed to produce such proteins using RNAs derived from the DNA constructs of the present invention.

For recombinant production, host cells can be genetically engineered to incorporate expression systems or portions thereof for polynucleotides of the present invention. Polynucleotides may be introduced into host cells by methods described in many standard laboratory manuals, such as Davis *et al.*, *Basic Methods in Molecular Biology* (1986) and Sambrook *et al. (ibid)*. Preferred methods of introducing polynucleotides into host cells include, for instance, calcium phosphate transfection, DEAE-dextran mediated transfection, transfection, microinjection, cationic lipid-mediated transfection, electroporation, transduction, scrape loading, ballistic introduction or infection.

Representative examples of appropriate hosts include bacterial cells, such as *Streptococci*, *Staphylococci*, *E. coli*, *Streptomyces* and *Bacillus subtilis* cells; fungal cells, such as yeast cells and *Aspergillus* cells; insect cells such as *Drosophila* S2 and *Spodoptera* Sf9 cells; animal cells such as CHO, COS, HeLa, C127, 3T3, BHK, HEK 293 and Bowes melanoma cells; and plant cells.

A great variety of expression systems can be used, for instance, chromosomal, episomal and virus-derived systems, *e.g.*, vectors derived from bacterial plasmids, from bacteriophage, from transposons, from yeast episomes, from insertion elements, from yeast chromosomal elements, from viruses such as baculoviruses, papova viruses, such as SV40, vaccinia viruses, adenoviruses, fowl pox viruses,

WO 02/34911

II

PCT/EP01/10882

pseudorabies viruses and retroviruses, and vectors derived from combinations thereof, such as those derived from plasmid and bacteriophage genetic elements, such as cosmids and phagemids. The expression systems may contain control regions that regulate as well as engender expression. Generally, any system or vector that is able to maintain, propagate or express a polynucleotide to produce a polypeptide in a host may be used. The appropriate polynucleotide sequence may be inserted into an expression system by any of a variety of well-known and routine techniques, such as, for example, those set forth in Sambrook *et al.*, (*ibid*). Appropriate secretion signals may be incorporated into the desired polypeptide to allow secretion of the translated protein into the lumen of the endoplasmic reticulum, the periplasmic space or the extracellular environment. These signals may be endogenous to the polypeptide or they may be heterologous signals.

If a polypeptide of the present invention is to be expressed for use in screening assays, it is generally preferred that the polypeptide be produced at the surface of the cell. In this event, the cells may be harvested prior to use in the screening assay. If the polypeptide is secreted into the medium, the medium can be recovered in order to recover and purify the polypeptide. If produced intracellularly, the cells must first be lysed before the polypeptide is recovered.

Polypeptides of the present invention can be recovered and purified from recombinant cell cultures by well-known methods including ammonium sulfate or ethanol precipitation, acid extraction, anion or cation exchange chromatography, phosphocellulose chromatography, hydrophobic interaction chromatography, affinity chromatography, hydroxylapatite chromatography and lectin chromatography. Most preferably, high performance liquid chromatography is employed for purification. Well known techniques for refolding proteins may be employed to regenerate active conformation when the polypeptide is denatured during intracellular synthesis, isolation and/or purification.

Polynucleotides of the present invention may be used as diagnostic reagents, through detecting mutations in the associated gene. Detection of a mutated form of the gene characterised by the polynucleotide of SEQ ID NO:1 in the cDNA or genomic sequence and which is associated with a dysfunction will provide a diagnostic tool that can add to, or define, a diagnosis of a disease, or susceptibility to a disease, which results from under-expression, over-expression or altered spatial or temporal expression of the gene. Individuals carrying mutations in the gene may be detected at the DNA level by a variety of techniques well known in the art.

Nucleic acids for diagnosis may be obtained from a subject's cells, such as from blood, urine, saliva, tissue biopsy or autopsy material. The genomic DNA may be used directly for detection or it may be amplified enzymatically by using PCR, preferably RT-PCR, or other amplification techniques prior to analysis. RNA or cDNA may also be used in similar fashion. Deletions and insertions can be detected by a change in size of the amplified product in comparison to the normal genotype. Point mutations can be identified by hybridizing amplified DNA to labeled MFQ-114 nucleotide sequences. Perfectly matched sequences can be distinguished from mismatched duplexes by RNase digestion or by differences in melting temperatures. DNA sequence difference may also be detected by alterations in the electrophoretic mobility of DNA fragments in gels, with or without denaturing agents, or by direct DNA sequencing (see, for instance, Myers *et al.*, Science (1985) 230:1242). Sequence changes at specific locations may also be revealed by nuclease protection assays, such as RNase and S1 protection or the chemical cleavage method (see Cotton *et al.*, Proc Natl Acad Sci USA (1985) 85: 4397-4401).

An array of oligonucleotide probes comprising MFQ-114 polynucleotide sequence or fragments thereof can be constructed to conduct efficient screening of e.g., genetic mutations. Such arrays are preferably high density arrays or grids. Array technology methods are well known and have general applicability and can be used to address a variety of questions in molecular genetics including gene expression, genetic linkage, and genetic variability, see, for example, M.Chee *et al.*, Science, 274, 610-613 (1996) and other references cited therein.

Detection of abnormally decreased or increased levels of polypeptide or mRNA expression may also be used for diagnosing or determining susceptibility of a subject to a disease of the invention. Decreased or increased expression can be measured at the RNA level using any of the methods well known in the art for the quantitation of polynucleotides, such as, for example, nucleic acid amplification, for instance PCR, RT-PCR, RNase protection, Northern blotting and other hybridization methods. Assay techniques that can be used to determine levels of a protein, such as a polypeptide of the present invention, in a sample derived from a host are well-known to those of skill in the art. Such assay methods include radioimmunoassays, competitive-binding assays, Western Blot analysis and ELISA assays.

Thus in another aspect, the present invention relates to a diagnostic kit comprising:

WO 02/34911

13

PCT/EP01/10882

(a) a polynucleotide of the present invention, preferably the nucleotide sequence of SEQ ID NO: 1, or a fragment or an RNA transcript thereof;

(b) a nucleotide sequence complementary to that of (a);

(c) a polypeptide of the present invention, preferably the polypeptide of SEQ ID NO:2 or a fragment thereof; or

(d) an antibody to a polypeptide of the present invention, preferably to the polypeptide of SEQ ID NO:2.

It will be appreciated that in any such kit, (a), (b), (c) or (d) may comprise a substantial component. Such a kit will be of use in diagnosing a disease or susceptibility to a disease, particularly diseases of the invention, amongst others.

The polynucleotide sequences of the present invention are valuable for chromosome localisation studies. The sequence is specifically targeted to, and can hybridize with, a particular location on an individual human chromosome. The mapping of relevant sequences to chromosomes according to the present invention is an important first step in correlating those sequences with gene associated disease. Once a sequence has been mapped to a precise chromosomal location, the physical position of the sequence on the chromosome can be correlated with genetic map data. Such data are found in, for example, V. McKusick, Mendelian Inheritance in Man (available on-line through Johns Hopkins University Welch Medical Library). The relationship between genes and diseases that have been mapped to the same chromosomal region are then identified through linkage analysis (co-inheritance of physically adjacent genes). Precise human chromosomal localisations for a genomic sequence (gene fragment etc.) can be determined using Radiation Hybrid (RH) Mapping (Walter, M. Spilleit, D., Thomas, P., Weissenbach, J., and Goodfellow, P., (1994) A method for constructing radiation hybrid maps of whole genomes, *Nature Genetics* 7, 22-28). A number of RH panels are available from Research Genetics (Huntsville, AL, USA) e.g. the GeneBridge4 RH panel (*Hum Mol Genet* 1996 Mar;5(3):339-46). A radiation hybrid map of the human genome. Gyapay G, Schmitt K, Fizames C, Jones H, Vega-Czarny N, Spilleit D, Muselet D, Prud'Homme JF, Dib C, Auffray C, Morissette J, Weissenbach J, Goodfellow PN). To determine the chromosomal location of a gene using this panel, 93 PCRs are performed using primers designed from the gene of interest on RH DNAs. Each of these DNAs contains random human genomic fragments maintained in a hamster background (human / hamster hybrid cell lines). These PCRs result in 93

WO 02/34911

14

PCT/EP01/10882

5 scores indicating the presence or absence of the PCR product of the gene of interest. These scores are compared with scores created using PCR products from genomic sequences of known location. This comparison is conducted at <http://www.genome.wi.mit.edu/>. The gene of the present invention maps to human chromosome 14.

10 The polynucleotide sequences of the present invention are also valuable tools for tissue expression studies. Such studies allow the determination of expression patterns of polynucleotides of the present invention which may give an indication as to the expression patterns of the encoded polypeptides in tissues, by detecting the mRNAs that encode them. The techniques used are well known in the art and include in situ hybridisation techniques to clones arrayed on a grid, such as cDNA microarray hybridisation (Scherena *et al*, Science, 270, 467-470, 1995 and Shalon *et al*, Genome Res, 6, 639-645, 1996) and nucleotide amplification techniques such as PCR. A preferred method uses the TAQMAN (Trade mark) technology available from Perkin Elmer. Results from these studies can provide an indication of the normal function of the polypeptide in the organism. In addition, comparative studies of the normal expression pattern of mRNAs with that of mRNAs encoded by an alternative form of the same gene (for example, one having an alteration in polypeptide coding potential or a regulatory mutation) can provide valuable insights into the role of the polypeptides of the present invention, or that of inappropriate expression thereof in disease. Such inappropriate expression may be of a temporal, spatial or simply quantitative nature.

25 The polypeptides of the present invention are expressed in kidney, placenta, lung, liver, pancreas, heart and fetal heart, prostate, ovary and small intestine, muscle; breast carcinoma, prostatic adenocarcinoma, ovarian carcinoma, colon and pancreatic cancer.

30 A further aspect of the present invention relates to antibodies. The polypeptides of the invention or their fragments, or cells expressing them, can be used as immunogens to produce antibodies that are immunospecific for polypeptides of the present invention. The term "immunospecific" means that the antibodies have substantially greater affinity for the polypeptides of the invention than their affinity for other related polypeptides in the prior art.

35 Antibodies generated against polypeptides of the present invention may be obtained by administering the polypeptides or epitope-bearing fragments, or cells to an animal, preferably a non-human animal, using routine protocols. For preparation of monoclonal antibodies, any technique which provides antibodies

produced by continuous cell line cultures can be used. Examples include the hybridoma technique (Kohler, G. and Milstein, C., *Nature* (1975) 256:495-497), the trioma technique, the human B-cell hybridoma technique (Kozbor *et al.*, *Immunology Today* (1983) 4:72) and the EBV-hybridoma technique (Cole *et al.*, *Monoclonal Antibodies and Cancer Therapy*, 77-96, Alan R. Liss, Inc., 1985).

Techniques for the production of single chain antibodies, such as those described in U.S. Patent No. 4,946,778, can also be adapted to produce single chain antibodies to polypeptides of this invention. Also, transgenic mice, or other organisms, including other mammals, may be used to express humanized antibodies.

The above-described antibodies may be employed to isolate or to identify clones expressing the polypeptide or to purify the polypeptides by affinity chromatography. Antibodies against polypeptides of the present invention may also be employed to treat diseases of the invention, amongst others.

Polypeptides and polynucleotides of the present invention may also be used as vaccines. Accordingly, in a further aspect, the present invention relates to a method for inducing an immunological response in a mammal that comprises inoculating the mammal with a polypeptide of the present invention, adequate to produce antibody and/or T cell immune response, including, for example, cytokine-producing T cells or cytotoxic T cells, to protect said animal from disease, whether that disease is already established within the individual or not. An immunological response in a mammal may also be induced by a method comprising delivering a polypeptide of the present invention via a vector directing expression of the polynucleotide and coding for the polypeptide *in vivo* in order to induce such an immunological response to produce antibody to protect said animal from diseases of the invention. One way of administering the vector is by accelerating it into the desired cells as a coating on particles or otherwise. Such nucleic acid vector may comprise DNA, RNA, a modified nucleic acid, or a DNA/RNA hybrid. For use as a vaccine, a polypeptide or a nucleic acid vector will be normally provided as a vaccine formulation (composition). The formulation may further comprise a suitable carrier. Since a polypeptide may be broken down in the stomach, it is preferably administered parenterally (for instance, subcutaneous, intramuscular, intravenous, or intradermal injection). Formulations suitable for parenteral administration include aqueous and non-aqueous sterile injection solutions that may contain anti-oxidants, buffers, bacteriostats and solutes that render the formulation isotonic with the blood of the recipient; and aqueous and non-aqueous sterile

suspensions that may include suspending agents or thickening agents. The formulations may be presented in unit-dose or multi-dose containers, for example, sealed ampoules and vials and may be stored in a freeze-dried condition requiring only the addition of the sterile liquid carrier immediately prior to use. The vaccine formulation may also include adjuvant systems for enhancing the immunogenicity of the formulation, such as oil-in water systems and other systems known in the art. The dosage will depend on the specific activity of the vaccine and can be readily determined by routine experimentation.

Polypeptides of the present invention have one or more biological functions that are of relevance in one or more disease states, in particular the diseases of the invention hereinbefore mentioned. It is therefore useful to identify compounds that stimulate or inhibit the function or level of the polypeptide. Accordingly, in a further aspect, the present invention provides for a method of screening compounds to identify those that stimulate or inhibit the function or level of the polypeptide. Such methods identify agonists or antagonists that may be employed for therapeutic and prophylactic purposes for such diseases of the invention as hereinbefore mentioned. Compounds may be identified from a variety of sources, for example, cells, cell-free preparations, chemical libraries, collections of chemical compounds, and natural product mixtures. Such agonists or antagonists so-identified may be natural or modified substrates, ligands, receptors, enzymes, etc., as the case may be, of the polypeptide; a structural or functional mimetic thereof (see Coligan *et al.*, Current Protocols in Immunology 1(2):Chapter 5 (1991)) or a small molecule.

The screening method may simply measure the binding of a candidate compound to the polypeptide, or to cells or membranes bearing the polypeptide, or a fusion protein thereof, by means of a label directly or indirectly associated with the candidate compound. Alternatively, the screening method may involve measuring or detecting (qualitatively or quantitatively) the competitive binding of a candidate compound to the polypeptide against a labeled competitor (e.g. agonist or antagonist). Further, these screening methods may test whether the candidate compound results in a signal generated by activation or inhibition of the polypeptide, using detection systems appropriate to the cells bearing the polypeptide. Inhibitors of activation are generally assayed in the presence of a known agonist and the effect on activation by the agonist by the presence of the candidate compound is observed. Further, the screening methods may simply comprise the steps of mixing a candidate compound with a solution containing a polypeptide of the present invention, to form a mixture, measuring a MFQ-114

activity in the mixture, and comparing the MFQ-114 activity of the mixture to a control mixture which contains no candidate compound.

Polypeptides of the present invention may be employed in conventional low capacity screening methods and also in high-throughput screening (HTS) formats. Such HTS formats include not only the well-established use of 96- and, more recently, 384-well microtiter plates but also emerging methods such as the nanowell method described by Schülek et al, *Anal Biochem.*, 246, 20-29, (1997).

Fusion proteins, such as those made from Fc portion and MFQ-114 polypeptide, as hereinbefore described, can also be used for high-throughput screening assays to identify antagonists for the polypeptide of the present invention (see D. Bennett *et al.*, *J Mol Recognition*, 8:52-58 (1995); and K. Johanson *et al.*, *J Biol Chem*, 270(16):9459-9471 (1995)).

Screening techniques

The polynucleotides, polypeptides and antibodies to the polypeptide of the present invention may also be used to configure screening methods for detecting the effect of added compounds on the production of mRNA and polypeptide in cells. For example, an ELISA assay may be constructed for measuring secreted or cell associated levels of polypeptide using monoclonal and polyclonal antibodies by standard methods known in the art. This can be used to discover agents that may inhibit or enhance the production of polypeptide (also called antagonist or agonist, respectively) from suitably manipulated cells or tissues.

A polypeptide of the present invention may be used to identify membrane bound or soluble receptors, if any, through standard receptor binding techniques known in the art. These include, but are not limited to, ligand binding and crosslinking assays in which the polypeptide is labeled with a radioactive isotope (for instance, ^{125}I), chemically modified (for instance, biotinylated), or fused to a peptide sequence suitable for detection or purification, and incubated with a source of the putative receptor (cells, cell membranes, cell supernatants, tissue extracts, bodily fluids). Other methods include biophysical techniques such as surface plasmon resonance and spectroscopy. These screening methods may also be used to identify agonists and antagonists of the polypeptide that

compete with the binding of the polypeptide to its receptors, if any. Standard methods for conducting such assays are well understood in the art.

Examples of antagonists of polypeptides of the present invention include antibodies or, in some cases, oligonucleotides or proteins that are closely related to the ligands, substrates, receptors, enzymes, etc., as the case may be, of the polypeptide, e.g., a fragment of the ligands, substrates, receptors, enzymes, etc.; or a small molecule that bind to the polypeptide of the present invention but do not elicit a response, so that the activity of the polypeptide is prevented.

Screening methods may also involve the use of transgenic technology and MFQ-114 gene. The art of constructing transgenic animals is well established. For example, the MFQ-114 gene may be introduced through microinjection into the male pronucleus of fertilized oocytes, retroviral transfer into pre- or post-implantation embryos, or injection of genetically modified, such as by electroporation, embryonic stem cells into host blastocysts. Particularly useful transgenic animals are so-called "knock-in" animals in which an animal gene is replaced by the human equivalent within the genome of that animal. Knock-in transgenic animals are useful in the drug discovery process, for target validation, where the compound is specific for the human target. Other useful transgenic animals are so-called "knock-out" animals in which the expression of the animal ortholog of a polypeptide of the present invention and encoded by an endogenous DNA sequence in a cell is partially or completely annulled. The gene knock-out may be targeted to specific cells or tissues, may occur only in certain cells or tissues as a consequence of the limitations of the technology, or may occur in all, or substantially all, cells in the animal. Transgenic animal technology also offers a whole animal expression-cloning system in which introduced genes are expressed to give large amounts of polypeptides of the present invention

Screening kits for use in the above described methods form a further aspect of the present invention. Such screening kits comprise:

- (a) a polypeptide of the present invention;
- (b) a recombinant cell expressing a polypeptide of the present invention;
- (c) a cell membrane expressing a polypeptide of the present invention; or
- (d) an antibody to a polypeptide of the present invention;

which polypeptide is preferably that of SEQ ID NO:2.

It will be appreciated that in any such kit, (a), (b), (c) or (d) may comprise a substantial component.

Glossary

5 The following definitions are provided to facilitate understanding of certain terms used frequently hereinbefore.

"Antibodies" as used herein includes polyclonal and monoclonal antibodies, chimeric, single chain, and humanized antibodies, as well as Fab fragments, including the products of an

10 Fab or other immunoglobulin expression library.

"Isolated" means altered "by the hand of man" from its natural state, i.e., if it occurs in nature, it has been changed or removed from its original environment, or both. For example, a polynucleotide or a polypeptide naturally present in a living organism is not "isolated," but the same polynucleotide or polypeptide separated from the coexisting materials of its natural state is "isolated", as the term is employed herein. Moreover, a polynucleotide or polypeptide that is introduced into an organism by transformation, genetic manipulation or by any other recombinant method is "isolated" even if it is still present in said organism, which organism may be living or non-living.

20 "Polynucleotide" generally refers to any polyribonucleotide (RNA) or polydeoxribonucleotide (DNA), which may be unmodified or modified RNA or DNA. "Polynucleotides" include, without limitation, single- and double-stranded DNA, DNA that is a mixture of single- and double-stranded regions, single- and double-stranded RNA, and RNA that is mixture of single- and double-stranded regions, hybrid molecules comprising DNA and RNA that may be single-stranded or, more typically, double-stranded or a mixture of single- and double-stranded regions. In addition, "polynucleotide" refers to triple-stranded regions comprising RNA or DNA or both RNA and DNA. The term "polynucleotide" also includes DNAs or RNAs containing one or more modified bases and DNAs or
25 RNAs with backbones modified for stability or for other reasons. "Modified" bases include, for example, tritylated bases and unusual bases such as inosine. A variety of modifications may be made to DNA and RNA; thus, "polynucleotide" embraces chemically, enzymatically or metabolically modified forms of polynucleotides as typically found in nature, as well as the chemical forms of
30

DNA and RNA characteristic of viruses and cells. "Polynucleotide" also embraces relatively short polynucleotides, often referred to as oligonucleotides.

"Polypeptide" refers to any polypeptide comprising two or more amino acids joined to each other by peptide bonds or modified peptide bonds, i.e., peptide isosteres. "Polypeptide" refers to both short chains, commonly referred to as peptides, oligopeptides or oligomers, and to longer chains, generally referred to as proteins. Polypeptides may contain amino acids other than the 20 gene-encoded amino acids. "Polypeptides" include amino acid sequences modified either by natural processes, such as post-translational processing, or by chemical modification techniques that are well known in the art. Such modifications are well described in basic texts and in more detailed monographs, as well as in a voluminous research literature. Modifications may occur anywhere in a polypeptide, including the peptide backbone, the amino acid side-chains and the amino or carboxyl termini. It will be appreciated that the same type of modification may be present to the same or varying degrees at several sites in a given polypeptide. Also, a given polypeptide may contain many types of modifications. Polypeptides may be branched as a result of ubiquitination, and they may be cyclic, with or without branching. Cyclic, branched and branched cyclic polypeptides may result from post-translation natural processes or may be made by synthetic methods. Modifications include acetylation, acylation, ADP-ribosylation, amidation, biotinylation, covalent attachment of flavin, covalent attachment of a heme moiety, covalent attachment of a nucleotide or nucleotide derivative, covalent attachment of a lipid or lipid derivative, covalent attachment of phosphatidylinositol, cross-linking, cyclization, disulfide bond formation, demethylation, formation of covalent cross-links, formation of cystine, formation of pyroglutamate, formylation, gamma-carboxylation, glycosylation, GPI anchor formation, hydroxylation, iodination, methylation, myristoylation, oxidation, proteolytic processing, phosphorylation, prenylation, racemization, selenoylation, sulfation, transfer-RNA mediated addition of amino acids to proteins such as arginylation, and ubiquitination (see, for instance, *Proteins - Structure and Molecular Properties*, 2nd Ed., T. E. Creighton, W. H. Freeman and Company, New York, 1993; Wold, F., *Post-translational Protein Modifications: Perspectives and Prospects*, 1-12, in *Post-translational Covalent Modification of Proteins*, B. C. Johnson, Ed., Academic Press, New York, 1983; Seifter *et al.*, "Analysis for protein modifications and nonprotein cofactors", *Math Enzymol*, 182, 626-646, 1980, and Rattan *et al.*, "Protein Synthesis: Post-translational Modifications and Aging", *Ann NY Acad Sci*, 663, 48-62, 1992).

WO 02/34911

21

PCT/EP01/10882

"Fragment" of a polypeptide sequence refers to a polypeptide sequence that is shorter than the reference sequence but that retains essentially the same biological function or activity as the reference polypeptide. "Fragment" of a polynucleotide sequence refers to a polynucleotide sequence that is shorter than the reference sequence of SEQ ID NO:1..

"Variant" refers to a polynucleotide or polypeptide that differs from a reference polynucleotide or polypeptide, but retains the essential properties thereof. A typical variant of a polynucleotide differs in nucleotide sequence from the reference polynucleotide. Changes in the nucleotide sequence of the variant may or may not alter the amino acid sequence of a polypeptide encoded by the reference polynucleotide. Nucleotide changes may result in amino acid substitutions, additions, deletions, fusions and truncations in the polypeptide encoded by the reference sequence, as discussed below. A typical variant of a polypeptide differs in amino acid sequence from the reference polypeptide. Generally, alterations are limited so that the sequences of the reference polypeptide and the variant are closely similar overall and, in many regions, identical. A variant and reference polypeptide may differ in amino acid sequence by one or more substitutions, insertions, deletions in any combination. A substituted or inserted amino acid residue may or may not be one encoded by the genetic code. Typical conservative substitutions include Gly, Ala; Val, Ile, Leu; Asp, Glu; Asn, Gln; Ser, Thr; Lys, Arg; and Phe and Tyr. A variant of a polynucleotide or polypeptide may be naturally occurring such as an allele, or it may be a variant that is not known to occur naturally. Non-naturally occurring variants of polynucleotides and polypeptides may be made by mutagenesis techniques or by direct synthesis. Also included as variants are polypeptides having one or more post-translational modifications, for instance glycosylation, phosphorylation, methylation, ADP ribosylation and the like. Embodiments include methylation of the N-terminal amino acid, phosphorylations of serines and threonines and modification of C-terminal glycines.

"Allele" refers to one of two or more alternative forms of a gene occurring at a given locus in the genome.

"Polymorphism" refers to a variation in nucleotide sequence (and encoded polypeptide sequence, if relevant) at a given position in the genome within a population.

"Single Nucleotide Polymorphism" (SNP) refers to the occurrence of nucleotide variability at a single nucleotide position in the genome, within a population. An SNP may occur within a gene or within intergenic regions of the genome. SNPs can be assayed using Allele Specific Amplification (ASA). For the process at least 3 primers are required. A common primer is used in reverse complement to the polymorphism being assayed. This common primer can be between 50 and 1500 bps from the polymorphic base. The other two (or more) primers are identical to each other except that the final 3' base wobbles to match one of the two (or more) alleles that make up the polymorphism. Two (or more) PCR reactions are then conducted on sample DNA, each using the common primer and one of the Allele Specific Primers.

"Splice Variant" as used herein refers to cDNA molecules produced from RNA molecules initially transcribed from the same genomic DNA sequence but which have undergone alternative RNA splicing. Alternative RNA splicing occurs when a primary RNA transcript undergoes splicing, generally for the removal of introns, which results in the production of more than one mRNA molecule each of that may encode different amino acid sequences. The term splice variant also refers to the proteins encoded by the above cDNA molecules.

"Identity" reflects a relationship between two or more polypeptide sequences or two or more polynucleotide sequences, determined by comparing the sequences. In general, identity refers to an exact nucleotide to nucleotide or amino acid to amino acid correspondence of the two polynucleotide or two polypeptide sequences, respectively, over the length of the sequences being compared.

"% Identity" - For sequences where there is not an exact correspondence, a "% identity" may be determined. In general, the two sequences to be compared are aligned to give a maximum correlation between the sequences. This may include inserting "gaps" in either one or both sequences, to enhance the degree of alignment. A % identity may be determined over the whole length of each of the sequences being compared (so-called global alignment), that is particularly suitable for sequences of the same or very similar length, or over shorter, defined lengths (so-called local alignment), that is more suitable for sequences of unequal length.

"Similarity" is a further, more sophisticated measure of the relationship between two polypeptide sequences. In general, "similarity" means a comparison between the amino acids of two polypeptide chains, on a residue by residue

basis, taking into account not only exact correspondences between a between
pairs of residues, one from each of the sequences being compared (as for
identity) but also, where there is not an exact correspondence, whether, on an
evolutionary basis, one residue is a likely substitute for the other. This
likelihood has an associated "score" from which the "% similarity" of the two
sequences can then be determined.

Methods for comparing the identity and similarity of two or more sequences are
well known in the art. Thus for instance, programs available in the Wisconsin
Sequence Analysis Package, version 9.1 (Devereux J et al, Nucleic Acids Res,
12, 387-395, 1984, available from Genetics Computer Group, Madison,
Wisconsin, USA), for example the programs BESTFIT and GAP, may be used
to determine the % identity between two polynucleotides and the % identity and
the % similarity between two polypeptide sequences. BESTFIT uses the "local
homology" algorithm of Smith and Waterman (J Mol Biol, 147,195-197, 1981,
Advances in Applied Mathematics, 2, 482-489, 1981) and finds the best single
region of similarity between two sequences. BESTFIT is more suited to
comparing two polynucleotide or two polypeptide sequences that are dissimilar
in length, the program assuming that the shorter sequence represents a portion
of the longer. In comparison, GAP aligns two sequences, finding a "maximum
similarity", according to the algorithm of Needleman and Wunsch (J Mol Biol,
48, 443-453, 1970). GAP is more suited to comparing sequences that are
approximately the same length and an alignment is expected over the entire
length. Preferably, the parameters "Gap Weight" and "Length Weight" used in
each program are 50 and 3, for polynucleotide sequences and 12 and 4 for
polypeptide sequences, respectively. Preferably, % identities and similarities
are determined when the two sequences being compared are optimally aligned.

Other programs for determining identity and/or similarity between sequences
are also known in the art, for instance the BLAST family of programs (Altschul S
F et al, J Mol Biol, 215, 403-410, 1990, Altschul S F et al, Nucleic Acids Res.,
25,389-3402, 1997, available from the National Center for Biotechnology
Information (NCBI), Bethesda, Maryland, USA and accessible through the home
page of the NCBI at www.ncbi.nlm.nih.gov) and FASTA (Pearson W R,
Methods in Enzymology, 183, 63-99, 1990; Pearson W R and Lipman D J, Proc
Nat Acad Sci USA, 85, 2444-2448,1988, available as part of the Wisconsin
Sequence Analysis Package).

Preferably, the BLOSUM62 amino acid substitution matrix (Henikoff S and
Henikoff J G, Proc. Nat. Acad Sci. USA, 89, 10915-10919, 1992) is used in

polypeptide sequence comparisons including where nucleotide sequences are first translated into amino acid sequences before comparison.

Preferably, the program BESTFIT is used to determine the % identity of a query polynucleotide or a polypeptide sequence with respect to a reference polynucleotide or a polypeptide sequence, the query and the reference sequence being optimally aligned and the parameters of the program set at the default value, as hereinbefore described.

"Identity Index" is a measure of sequence relatedness which may be used to compare a candidate sequence (polynucleotide or polypeptide) and a reference sequence. Thus, for instance, a candidate polynucleotide sequence having, for example, an Identity Index of 0.95 compared to a reference polynucleotide sequence is identical to the reference sequence except that the candidate polynucleotide sequence may include on average up to five differences per each 100 nucleotides of the reference sequence. Such differences are selected from the group consisting of at least one nucleotide deletion, substitution, including transition and transversion, or insertion. These differences may occur at the 5' or 3' terminal positions of the reference polynucleotide sequence or anywhere between these terminal positions, interspersed either individually among the nucleotides in the reference sequence or in one or more contiguous groups within the reference sequence. In other words, to obtain a polynucleotide sequence having an Identity Index of 0.95 compared to a reference polynucleotide sequence, an average of up to 5 in every 100 of the nucleotides of the in the reference sequence may be deleted, substituted or inserted, or any combination thereof, as hereinbefore described. The same applies *mutatis mutandis* for other values of the Identity Index, for instance 0.96, 0.97, 0.98 and 0.99.

Similarly, for a polypeptide, a candidate polypeptide sequence having, for example, an Identity Index of 0.95 compared to a reference polypeptide sequence is identical to the reference sequence except that the polypeptide sequence may include an average of up to five differences per each 100 amino acids of the reference sequence. Such differences are selected from the group consisting of at least one amino acid deletion, substitution, including conservative and non-conservative substitution, or insertion. These differences may occur at the amino- or carboxy-terminal positions of the reference polypeptide sequence or anywhere between these terminal positions, interspersed either individually among the amino acids in the reference sequence or in one or more contiguous groups within the reference sequence.

WO 02/34911

25

PCT/EP01/10882

In other words, to obtain a polypeptide sequence having an Identity Index of 0.95 compared to a reference polypeptide sequence, an average of up to 5 in every 100 of the amino acids in the reference sequence may be deleted, substituted or inserted, or any combination thereof, as hereinbefore described. The same applies *mutatis mutandis* for other values of the Identity Index, for instance 0.96, 0.97, 0.98 and 0.99.

The relationship between the number of nucleotide or amino acid differences and the Identity Index may be expressed in the following equation:

$$n_a \leq x_a - (x_a \cdot I),$$

in which:

n_a is the number of nucleotide or amino acid differences,

x_a is the total number of nucleotides or amino acids in SEQ ID NO:1 or SEQ ID NO:2, respectively,

I is the Identity Index,

$\cdot$ is the symbol for the multiplication operator, and

in which any non-integer product of x_a and I is rounded down to the nearest integer prior to subtracting it from x_a .

"Homolog" is a generic term used in the art to indicate a polynucleotide or polypeptide sequence possessing a high degree of sequence relatedness to a reference sequence. Such relatedness may be quantified by determining the degree of identity and/or similarity between the two sequences as hereinbefore defined. Falling within this generic term are the terms "ortholog", and "paralog". "Ortholog" refers to a polynucleotide or polypeptide that is the functional equivalent of the polynucleotide or polypeptide in another species. "Paralog" refers to a polynucleotide or polypeptide that within the same species which is functionally similar.

"Fusion protein" refers to a protein encoded by two, unrelated, fused genes or fragments thereof. Examples have been disclosed in US 5541087, 5726044. In the case of Fc-MFQ-114, employing an immunoglobulin Fc region as a part of a fusion protein is advantageous for performing the functional expression of Fc-MFQ-114 or fragments of -MFQ-114, to improve pharmacokinetic properties of such a fusion protein when used for therapy and to generate a dimeric MFQ-

WO 02/34911

26

PCT/EP01/10882

114. The Fc-MFQ-114 DNA construct comprises in 5' to 3' direction, a secretion cassette, i.e. a signal sequence that triggers export from a mammalian cell, DNA encoding an immunoglobulin Fc region fragment, as a fusion partner, and a DNA encoding MFQ-114 or fragments thereof. In some uses it would be desirable to be able to alter the intrinsic functional properties (complement binding, Fc-Receptor binding) by mutating the functional Fc sides while leaving the rest of the fusion protein untouched or delete the Fc part completely after expression.

All publications and references, including but not limited to patents and patent applications, cited in this specification are herein incorporated by reference in their entirety as if each individual publication or reference were specifically and individually indicated to be incorporated by reference herein as being fully set forth. Any patent application to which this application claims priority is also incorporated by reference herein in its entirety in the manner described above for publications and references.

WO 02/34911

27

PCT/EP01/10882

Figure legends

Figure 1: New human protein contains three tandemly arranged LIM domains in the C-terminal region.

Figure 2: Differential gene display with NP18, a human pancreas adenocarcinoma cell line, transfected with the tumor suppressor p16INK4a/CDCN2

The specific band T12OpaA3.9/2 was obtained after cDNA amplification using the upstream primer OpA3 (AGTCAGCCAC) in combination with a downstream poly (T)12 primer. A specific band is clearly displayed in sample 2.

The amplifications were run in duplicate.

Lane 1: amplification of cDNA 24 h after transfection of NP18 with a control adenovirus (AdC)

Lane 2: amplification of cDNA 24 h after transfection of NP18 with an adenovirus containing the p16 (AdP16)

Lane 3: amplification of cDNA 48 h after transfection of NP18 with a control adenovirus (AdC)

Lane 4: amplification of cDNA 48 h after transfection of NP18 with an adenovirus containing the p16 (AdP16)

Figure 3: MFQ-114 is not expressed in brain, spleen, colon and peripheral blood leucocytes. The expression level is very weak in thymus and small intestine. MFQ-114 has an high expression in kidney and pancreas.

Labeling of gel lanes used in Figure 3

- | | |
|--------------------|--------------------------------|
| 1- 1 Kb ladder | 11- thymus |
| 2- heart | 12- prostate |
| 3- brain (whole) | 13- testis |
| 4- placenta | 14- ovary |
| 5- lung | 15- small intestine |
| 6- liver | 16- colon |
| 7- skeletal muscle | 17- peripheral blood leukocyte |
| 8- kidney | 18- 100bp ladder |

WO 02/34911

28

PCT/EP01/10882

- | | |
|-------------|---|
| 9- pancreas | 19- positive control amplification MFQ-114 from NP-18 |
| 10- spleen | |

Figure 4: MFQ-114 is expressed in breast, prostatic, ovarian and pancreatic cancer. It's also expressed weakly in lung carcinoma.

Labeling of gel lanes used in Figure 4

- | | |
|-----------------------------------|---|
| 1- 1 Kb ladder | 7- human colon adenocarcinoma |
| 2- human breast carcinoma | 8- human ovarian carcinoma |
| 3- human lung carcinoma | 9- human pancreatic adenocarcinoma |
| 4- human colon adenocarcinoma | 10- positive control amplification MFQ-114 from NP-18 |
| 5- human lung carcinoma | 11- 100 bp ladder |
| 6- human prostatic adenocarcinoma | |

Further examples

5 Expression of MFQ-114 in transfected NP18 cells

The sequence of human MFQ-114 is deduced from the homology with a differential display band (T12OpA3.9/2). In the Figure 2 is show the band that is up regulated after 24 h post transfection with p16.

PCR amplification of human Ajuba homologue

10 In order to confirm the MFQ-114 sequence a pair of specific PCR primers were designed based and have been disclosed in SEQ ID No. 3 and 4 based on the putative sequence given in SEQ ID No. 1.

15 The expected 663 pb fragment was amplified using a pancreatic human adenocarcinoma cell line called NP-18 as a control. The sequence was confirmed after cloning the correct size PCR band in a pCRII vector from Invitrogen.

WO 02/34911

29

PCT/EP01/10882

The PCR conditions were : 9 min at 95 °C; 30 sec at 95°C, 30 sec at 65 °C, 80 sec at 72°C for 35 cycles and a final elongation step at 72°C for 2 min using the Taq Gold polymerase purchased from Perkin Elmer.

5 Tissue distribution

0 With the MFQ-114 designed primers mentioned aboved, and the same PCR conditions a 663 bp specific PCR band is amplified using a set of human cDNA (Human MTC panel I from Clontech, Ref K1420-1 and Human MTC panel II from Clontech, Ref K1421-1). MFQ-114 is not expressed in brain, skeletal muscle, testis, colon and peripheral blood leucocytes. The expression level is very weak in thymus and small intestine. MFQ-114 has an high expression in kidney and pancreas as shown in Figure3.

Expression in Human Tumors

15 The same PCR strategy is used to determine the level of expression of the gene of interest in several normalized human tumoral tissues using the human tumor multiple tissue cDNA panel from Clontech (Ref K1422-1). MFQ-114 is expressed in breast, prostatic, ovarian and pancreatic cancer. It's also expressed weakly in lung carcinoma as shown in Figure 4.

WO 02/34911

30

PCT/EP01/10882

Claims

1. A polypeptide selected from the group consisting of:

(a) a polypeptide encoded by a polynucleotide comprising the sequence of SEQ ID NO:1;

5 (b) a polypeptide comprising a polypeptide sequence having at least 95% identity to the polypeptide sequence of SEQ ID NO:2;

(c) a polypeptide having at least 95% identity to the polypeptide sequence of SEQ ID NO:2;

(d) the polypeptide sequence of SEQ ID NO:2 and

10 (e) fragments and variants of such polypeptides in (a) to (d).

2. The polypeptide of claim 1 comprising the polypeptide sequence of SEQ ID NO:2.

15 3. The polypeptide of claim 1 which is the polypeptide sequence of SEQ ID NO:2.

4. A polynucleotide selected from the group consisting of:

20 (a) a polynucleotide comprising a polynucleotide sequence having at least 95% identity to the polynucleotide sequence of SEQ ID NO:1;

(b) a polynucleotide having at least 95% identity to the polynucleotide of SEQ ID NO:1;

25 (c) a polynucleotide comprising a polynucleotide sequence encoding a polypeptide sequence having at least 95% identity to the polypeptide sequence of SEQ ID NO:2;

(d) a polynucleotide having a polynucleotide sequence encoding a polypeptide sequence having at least 95% identity to the polypeptide sequence of SEQ ID NO:2;

WO 02/34911

- 31 -

PCT/EP01/10882

- (e) a polynucleotide with a nucleotide sequence of at least 100 nucleotides obtained by screening a library under stringent hybridization conditions with a labeled probe having the sequence of SEQ ID NO: 1 or a fragment thereof having at least 15 nucleotides;
- 5 (f) a polynucleotide which is the RNA equivalent of a polynucleotide of (a) to (e);
- (g) a polynucleotide sequence complementary to said polynucleotide of any one of (a) to (f), and
- (h) polynucleotides that are variants or fragments of the polynucleotides of any one of (a) to (g) or that are complementary to above mentioned polynucleotides, over the entire length thereof.
- 10
5. A polynucleotide of claim 4 selected from the group consisting of:
- (a) a polynucleotide comprising the polynucleotide of SEQ ID NO:1;
- (b) the polynucleotide of SEQ ID NO:1;
- 15 (c) an polynucleotide comprising a polynucleotide sequence encoding the polypeptide of SEQ ID NO:2; and
- (d) an polynucleotide encoding the polypeptide of SEQ ID NO:2.
- 20
6. An expression system comprising a polynucleotide capable of producing a polypeptide of any one of claim 1-3 when said expression vector is present in a compatible host cell.
7. A recombinant host cell comprising the expression vector of claim 6 or a membrane thereof expressing the polypeptide of any one of claim 1-3.
- 25
8. A process for producing a polypeptide of any one of claim 1-3 comprising the step of culturing a host cell as defined in claim 7 under conditions sufficient for the production of said polypeptide and recovering the polypeptide from the culture medium.

9. A fusion protein consisting of the immunoglobulin Fc-region and a polypeptide any one of claims 1-3.

5 10. An antibody immunospecific for the polypeptide of any one of claims 1 to 3.

11. A method for screening to identify compounds that stimulate or inhibit the function or level of the polypeptide of any one of claim 1-3 comprising a method selected from the group consisting of:

10 (a) measuring or, detecting, quantitatively or qualitatively, the binding of a candidate compound to the polypeptide (or to the cells or membranes expressing the polypeptide) or a fusion protein thereof by means of a label directly or indirectly associated with the candidate compound;

15 (b) measuring the competition of binding of a candidate compound to the polypeptide (or to the cells or membranes expressing the polypeptide) or a fusion protein thereof in the presence of a labeled competitor;

(c) testing whether the candidate compound results in a signal generated by activation or inhibition of the polypeptide, using detection systems appropriate to the cells or cell membranes expressing the polypeptide;

20 (d) mixing a candidate compound with a solution containing a polypeptide of any one of claims 1-3, to form a mixture, measuring activity of the polypeptide in the mixture, and comparing the activity of the mixture to a control mixture which contains no candidate compound; or

25 (e) detecting the effect of a candidate compound on the production of mRNA encoding said polypeptide or said polypeptide in cells, using for instance, an ELISA assay, and

(f) producing said compound according to biotechnological or chemical standard techniques.

WO 02/34911

1/4

PCT/EP01/10882

Figure 1



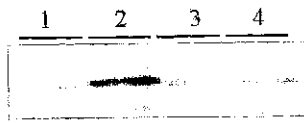
WO 02/34911

2/4

PCT/EP01/10882

Figure 2

(44)

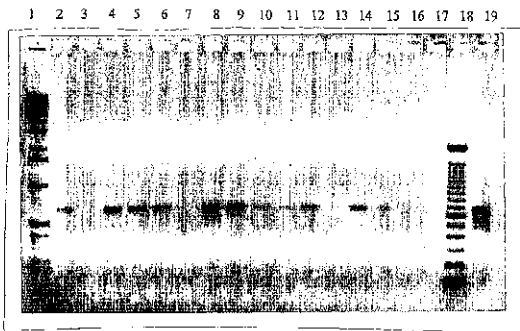


WO 02/34911

3/4

PCT/EP01/10882

Figure 3

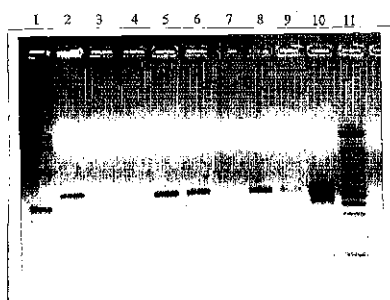


WO 02/34911

4/4

PCT/EP01/10882

Figure 4



WO 02/34911

1/5

PCT/EP01/10882

SEQUENCE LISTING

<110> Merck Patent GmbH

5 <120> A novel human Ajuba like protein

<130> M2Q114ERER

<140>

10 <141>

<160> 4

<170> PatentIn Ver. 2.1

15 <210> 1

<211> 1617

<212> DNA

<213> Homo sapiens

20 <220>

<221> CDS

<222> (1)..(1617)

25 <400> 1

atg gag cgg tta gga gag aaa gcc agt cgc ctg ctg gag aag ttc ggc 48

Met Glu Arg Leu Gly Glu Lys Ala Ser Arg Leu Leu Glu Lys Phe Gly

1 5 10 15

30 cgc aga aag ggt gaa tct agc cgg tct ggg tct gac ggg acc ccc ggg 96

Arg Arg Lys Gly Glu Ser Ser Arg Ser Gly Ser Asp Gly Thr Pro Gly

20 25 30

35 ccg ggc aag ggg cgc cta agt ggg ttg ggg gga cct agg aag tca ggg 144

Pro Gly Lys Gly Arg Leu Ser Gly Leu Gly Gly Pro Arg Lys Ser Gly

35 40 45

40 ccc cga gga gct act ggg gga cct ggg gat gag ccg ttg gag ccg gcc 192

Pro Arg Gly Ala Thr Gly Gly Pro Gly Asp Glu Pro Leu Glu Pro Ala

50 55 60

45 cgg gag caa ggt tcc ctg gac gct gag cga aat cag cgc ggc tcc ttt 240

Arg Glu Gln Gly Ser Leu Asp Ala Glu Arg Asn Gln Arg Gly Ser Phe

65 70 75 80

50 gag ggc ccg cgc tac gaa ggc tct ttt ccc ggc ggg ccg ccg ccc aac 288

Glu Ala Pro Arg Tyr Glu Gly Ser Phe Pro Ala Gly Pro Pro Pro Thr

85 90 95

55 cgg gcc ttg cct cta cct cag tgg ttg ccc ccc gat ttt cgg ctg gag 336

Arg Ala Leu Pro Leu Pro Gln Ser Leu Pro Pro Asp Phe Arg Leu Glu

100 105 110

60 ccc aag gcc ccg gcc ctg agc ccc cgc tct agc ttc gcc agt agc tcc 384

Pro Thr Ala Pro Ala Leu Ser Pro Arg Ser Ser Phe Ala Ser Ser Ser

115 120 125

gcc agc gac gcg agc aag ccg tcc agc ccc cgg ggc agc ctg ctg ctg 432

Ala Ser Asp Ala Ser Lys Pro Ser Ser Pro Arg Gly Ser Leu Leu Leu

130 135 140

gac ggg gcg ggg gct ggc gga gct gga ggt agc cgg ccc tgc agc aat 480

WO 02/34911		2/5		PCT/EP01/10882	
	Asp Gly Ala Gly Ala Gly Gly Ala Gly Gly Ser Arg Pro Cys Ser Asn				
	145	150	155	160	
5	ggc acc agc ggc atc agc atg ggc tac gac cag cgc cac ggg agc ccc				528
	Arg Thr Ser Gly Ile Ser Met Gly Tyr Asp Gln Arg His Gly Ser Pro				
	165	170	175		
0	ttg cca ggc ggg cgc tgc ctg ttt ggc cca ccc ctg gcc gga gca cgc				576
	Leu Pro Ala Gly Pro Cys Leu Phe Gly Pro Pro Leu Ala Gly Ala Pro				
	180	185	190		
5	gca ggc tat tct ccc gga ggg gta cgc tcc gcc tac cgc gag ctc cac				624
	Ala Gly Tyr Ser Pro Gly Gly Val Pro Ser Ala Tyr Pro Glu Leu His				
	195	200	205		
5	gcc gcc ctg gac cga ttg tac gct cag cgg ccc ggc ggg ttc gcc tgc				672
	Ala Ala Leu Asp Arg Leu Tyr Ala Gln Arg Pro Ala Gly Phe Gly Cys				
	210	215	220		
10	cag gaa agc cgc cac tgc tat ccc ccg gcc ctg ggc agc cct gga gct				720
	Gln Glu Ser Arg His Ser Tyr Pro Pro Ala Leu Gly Ser Pro Gly Ala				
	225	230	235		
15	cta gcc ggg gcc gga gtg gga ggc ggc ggg ccc ttg gag aga cgg ggg				768
	Leu Ala Gly Ala Gly Val Gly Ala Ala Gly Pro Leu Glu Arg Arg Gly				
	245	250	255		
30	gcg caa ccc gga cga cac tct gtg acc gcc tac ggg gac tgc gcc gtg				816
	Ala Gln Pro Gly Arg His Ser Val Thr Gly Tyr Gly Asp Cys Ala Val				
	260	265	270		
35	ggc gcc cgg tac cag gac gag cta aca gct ttg ctt cgc ctg acg gtg				864
	Gly Ala Arg Tyr Gln Asp Glu Leu Thr Ala Leu Leu Arg Leu Thr Val				
	275	280	285		
40	ggc acc ggt ggg cga gaa gcc gga gcc cgc gga gaa ccc tgg ggg att				912
	Gly Thr Gly Gly Arg Glu Ala Gly Ala Arg Gly Glu Pro Ser Gly Ile				
	290	295	300		
45	gag ccg tgg ggt ctg gag gag cca cca ggt cct ttc gtt ccg gag gcc				960
	Glu Pro Ser Gly Leu Glu Glu Pro Pro Gly Pro Phe Val Pro Glu Ala				
	305	310	315		
50	gcc cgg gcc cgg atg cgg gag cca gag gcc agg gag gac tac ttc gcc				1008
	Ala Arg Ala Arg Met Arg Glu Pro Glu Ala Arg Glu Asp Tyr Phe Gly				
	325	330	335		
55	acc tgt atc aag tgc aac aac ggc atc tat ggc cag agc aat gcc tgc				1056
	Thr Cys Ile Lys Cys Asn Lys Gly Ile Tyr Gly Gln Ser Asn Ala Cys				
	340	345	350		
60	cag gcc ctg gac agc ctc tac cag acc cag tgc ttt gtt tgc tgc tct				1104
	Gln Ala Leu Asp Ser Leu Tyr His Thr Gln Cys Phe Val Cys Cys Ser				
	355	360	365		
60	tgt ggg cga act ttg cgt tgc aag got ttc tac agt gtc aat gcc tct				1152
	Cys Gly Arg Thr Leu Arg Cys Lys Ala Phe Tyr Ser Val Asn Gly Ser				
	370	375	380		
60	gtg tac tgt gag gaa gat tat ctg ttt tca ggg ttt cag gag gca gct				1200
	Val Tyr Cys Glu Glu Asp Tyr Leu Phe Ser Gly Phe Gln Glu Ala Ala				
	385	390	395	400	

WO 02/34911 3/5 PCT/EP01/10882

gag aas tgc tgt gtc tgt ggt cac ttg att ttg gag aag atc cta caa 1248
 Glu Lys Cys Cys Val Cys Gly His Leu Ile Leu Glu Lys Ile Leu Gln
 405 410 415

5 gca atg ggg aag tcc tat cat cca ggc tgt ttc cga tgc att gtt tgc 1296
 Ala Met Gly Lys Ser Tyr His Pro Gly Cys Phe Arg Cys Ile Val Cys
 420 425 430

10 aac aag tgc ctg gat ggc atc ccc ttc ata gtg gcc ttc tcc aac caa 1344
 Asn Lys Cys Leu Asp Gly Ile Pro Phe Thr Val Asp Phe Ser Asn Gln
 435 440 445

15 gta tac tgt gtc acc gac tac cac aaa aat tat gct cct aag tgt gcc 1392
 Val Tyr Cys Val Thr Asp Tyr His Lys Asn Tyr Ala Pro Lys Cys Ala
 450 455 460

gcc tgt gcc caa ccc atc ctc ccc tct gag gcc tgt gag gac atc gtg 1440
 Ala Cys Gly Gln Pro Ile Leu Pro Ser Glu Gly Cys Glu Asp Ile Val
 465 470 475 480

20 agg gtg ata tcc atg gac ogg gat tat cac ttt gag tgc tac cac tgt 1488
 Arg Val Ile Ser Met Asp Arg Asp Tyr His Phe Glu Cys Tyr His Cys
 485 490 495

25 gag gac tgc cgg atg cag ctg agt gat gag gaa gcc tgc tgc tgt ttc 1536
 Glu Asp Cys Arg Met Gln Leu Ser Asp Glu Glu Gly Cys Cys Cys Phe
 500 505 510

30 cct ctg gat ggg cac ttg ctc tgc cat ggt tgc cac atg cag cgg ctc 1584
 Pro Leu Asp Gly His Leu Leu Cys His Gly Cys His Met Gln Arg Leu
 515 520 525

35 aat gcc cga caa ccc cct gcc aac tat atc tga 1617
 Asn Ala Arg Gln Pro Pro Ala Asn Tyr Ile
 530 535

40 <210> 2
 <211> 538
 <212> RRT
 <213> Homo sapiens

<400> 2

45 Met Glu Arg Leu Gly Glu Lys Ala Ser Arg Leu Leu Glu Lys Phe Gly
 1 5 10 15
 Arg Arg Lys Gly Glu Ser Ser Arg Ser Gly Ser Asp Gly Thr Pro Gly
 20 25 30

50 Pro Gly Lys Gly Arg Leu Ser Gly Leu Gly Gly Pro Arg Lys Ser Gly
 35 40 45
 Pro Arg Gly Ala Thr Gly Gly Pro Gly Asp Glu Pro Leu Glu Pro Ala
 50 55 60
 Arg Glu Gln Gly Ser Leu Asp Ala Glu Arg Asn Gln Arg Gly Ser Phe
 65 70 75 80

55 Glu Ala Pro Arg Tyr Glu Gly Ser Phe Pro Ala Gly Pro Pro Pro Thr
 85 90 95
 Arg Ala Leu Pro Leu Pro Gln Ser Leu Pro Pro Asp Phe Arg Leu Glu
 100 105 110

60 Pro Thr Ala Pro Ala Leu Ser Pro Arg Ser Ser Phe Ala Ser Ser Ser
 115 120 125
 Ala Ser Asp Ala Ser Lys Pro Ser Ser Pro Arg Gly Ser Leu Leu Leu
 130 135 140

WO 02/34911

4/5

PCT/EP01/10882

```

Asp Gly Ala Gly Ala Gly Gly Ala Gly Gly Ser Arg Pro Cys Ser Asn
145      150      155      160
Arg Thr Ser Gly Ile Ser Met Gly Tyr Asp Gln Arg His Gly Ser Pro
165      170      175
5  Leu Pro Ala Gly Pro Cys Leu Phe Gly Pro Pro Leu Ala Gly Ala Pro
180      185      190
Ala Gly Tyr Ser Pro Gly Gly Val Pro Ser Ala Tyr Pro Glu Leu His
195      200      205
0  Ala Ala Leu Asp Arg Leu Tyr Ala Gln Arg Pro Ala Gly Phe Gly Cys
210      215      220
Gln Glu Ser Arg His Ser Tyr Pro Pro Ala Leu Gly Ser Pro Gly Ala
225      230      235
Leu Ala Gly Ala Gly Val Gly Ala Ala Gly Pro Leu Glu Arg Arg Gly
240      245      250
5  Ala Gln Pro Gly Arg His Ser Val Thr Gly Tyr Gly Asp Cys Ala Val
255      260      265
Gly Ala Arg Tyr Gln Asp Glu Leu Thr Ala Leu Leu Arg Leu Thr Val
270      275      280
Gly Thr Gly Gly Arg Glu Ala Gly Ala Arg Gly Glu Pro Ser Gly Ile
285      290      295
10 Glu Pro Ser Gly Leu Glu Glu Pro Pro Gly Pro Phe Val Pro Gln Ala
300      305      310
Ala Arg Ala Arg Met Arg Glu Pro Glu Ala Arg Glu Asp Tyr Phe Gly
315      320      325
15 Thr Cys Ile Lys Cys Asn Lys Gly Ile Tyr Gly Gln Ser Asn Ala Cys
330      335      340
Gln Ala Leu Asp Ser Leu Tyr His Thr Gln Cys Phe Val Cys Cys Ser
345      350      355
Cys Gly Arg Thr Leu Arg Cys Lys Ala Phe Tyr Ser Val Asn Gly Ser
360      365      370
10 Val Tyr Cys Glu Glu Asp Tyr Leu Phe Ser Gly Phe Gln Glu Ala Ala
375      380      385
Glu Lys Cys Cys Val Cys Gly His Leu Ile Leu Glu Lys Ile Leu Gln
390      395      400
15 Ala Met Gly Lys Ser Tyr His Pro Gly Cys Phe Arg Cys Ile Val Cys
405      410      415
Asn Lys Cys Leu Asp Gly Ile Pro Phe Thr Val Asp Phe Ser Asn Gln
420      425      430
Val Tyr Cys Val Thr Asp Tyr His Lys Asn Tyr Ala Pro Lys Cys Ala
435      440      445
10 Ala Cys Gly Gln Pro Ile Leu Pro Ser Glu Gly Cys Glu Asp Ile Val
450      455      460
Arg Val Ile Ser Met Asp Arg Asp Tyr His Phe Glu Cys Tyr His Cys
465      470      475
45 Glu Asp Cys Arg Met Gln Leu Ser Asp Glu Glu Gly Cys Cys Cys Phe
480      485      490
Pro Leu Asp Gly His Leu Leu Cys His Gly Cys His Met Gln Arg Leu
495      500      505
Asn Ala Arg Gln Pro Pro Ala Asn Tyr Ile
510      515      520
50      525      530
535

```

```

<210> 3
55 <211> 21
    <212> DNA
    <213> Artificial Sequence

```

```

<220>
60 <223> Description of Artificial Sequence: Primer01
    <400> 3

```

	WO 02/34911	5/5	PCT/EP01/10882
	tgggcccag aaaggtgaa t		21
	<210> 4		
5	<211> 20		
	<212> DNA		
	<213> Artificial Sequence		
	<220>		
0	<223> Description of Artificial Sequence: Primer02		
	<400> 4		
	ccagggccgg gggatacga		20
15			

【国際調査報告】

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No. PCT/EP 01/10882	
A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER IPC 7 C12N15/12 C07K14/47 C12N5/10 C12N15/62 C07K16/18 G01N33/50	
According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC	
B. FIELDS SEARCHED Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols) IPC 7 C07K C12N	
Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched	
Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used) SEQUENCE SEARCH, EPO-Internal, WPI Data, PAJ, BIOSIS, MEDLINE	
C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT	
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages Relevant to claim No.
X	GOYAL R K ET AL: "Mus musculus aJuba (Ajuba) mRNA, complete cds" GENEMEL, XP002180708 EMBL accession number U79776 the whole document --- GOYAL R K ET AL: "Ajuba, a novel LIM protein, interacts with Grb2, augments mitogen-activated protein kinase activity in fibroblasts, and promotes meiotic maturation of Xenopus oocytes in a Grb2- and Ras-dependent manner" MOLECULAR AND CELLULAR BIOLOGY, (1999 JUN) 19 (6) 4379-89. , XP002193124 figure 1 --- -/-
X	1-11
X	1-11
☒ Further documents are listed in the continuation of box C.	
☒ Patent family members are listed in annex.	
* Special categories of cited documents: "A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance "E" earlier document but published on or after the international filing date "L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another claim or other special reason (as specified) "O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means "P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed "T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principles or theory underlying the invention "X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone "Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art "Z" document member of the same patent family	
Date of the actual completion of the international search	Date of mailing of the international search report
14 March 2002	05/04/2002
Name and mailing address of the ISA European Patent Office, P.O. Box 5878 Patenkamp 2 NL - 2208 HV The Hague Tel: (+31-70) 340-2040, Tx: 31 651 epo nl, Fax: (+31-70) 340-3016	Authorized officer van Heusden, M

Form PCT/ISA/210 (second sheet) (July 1993)

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Inter. Appl. No.
PC77EP 01/10882

C/(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
P, X	WO 01 52946 A (PRAYAGA SUDHIRDAS K ;VERNET CORINE A M (US); CURAGEN CORP (US); MA) 16 August 2001 (2001-08-16) PROT1, SEQ ID NOs 1 and 2 page 5, line 1 -page 6, line 15; table 1 page 8, line 3 -page 16, line 15	1-11
P, X	DATABASE EMBL STRAUSBERG R.: "Homo sapiens, similar to ajuba, clone M6C:15563" Database accession no. BC007580 XP002193126 the whole document	1-11
A	KANUNGO J ET AL: "Ajuba, a cytosolic LIM protein, shuttles into the nucleus and affects embryonal cell proliferation and fate decisions." MOLECULAR BIOLOGY OF THE CELL, (2000 OCT) 11 (10) 3299-313. , XP002193125 the whole document	1-11

From PCT/JP2001/010882 (as amended at second search) (July 1999)

INTERNATIONAL SEARCH REPORT
Information on patent family membersInternational Application No.
PCT/JP 01/10882

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
WO 0158946 A	16-08-2001	AU 5077601 A WO 0158946 A2	20-08-2001 16-08-2001

Form PCT/ISA/210 (patent family annex) (July 1999)

フロントページの続き

(51)Int.Cl. ⁷	F I	テーマコード(参考)
C 1 2 N 1/19	C 1 2 N 1/19	4 H 0 4 5
C 1 2 N 1/21	C 1 2 N 1/21	
C 1 2 N 5/10	C 1 2 P 21/02	C
C 1 2 P 21/02	C 1 2 Q 1/02	
C 1 2 Q 1/02	G 0 1 N 33/15	Z
G 0 1 N 33/15	G 0 1 N 33/50	Z
G 0 1 N 33/50	G 0 1 N 33/53	D
G 0 1 N 33/53	G 0 1 N 33/53	M
G 0 1 N 33/566	G 0 1 N 33/566	
	C 1 2 N 5/00	A

(81)指定国 AP(GH,GM,KE,LS,MW,MZ,SD,SL,SZ,TZ,UG,ZW),EA(AM,AZ,BY,KG,KZ,MD,RU,TJ,TM),EP(AT,BE,CH,CY,DE,DK,ES,FI,FR,GB,GR,IE,IT,LU,MC,NL,PT,SE,TR),OA(BF,BJ,CF,CG,CI,CM,GA,GN,GQ,GW,ML,MR,NE,SN,TD,TG),AE,AG,AL,AM,AT,AU,AZ,BA,BB,BG,BR,BY,BZ,CA,CH,CN,CO,CR,CU,CZ,DE,DK,DM,DZ,EC,EE,ES,FI,GB,GD,GE,GH,GM,HR,HU,ID,IL,IN,IS,JP,KE,KG,KP,KR,KZ,LC,LK,LR,LS,LT,LU,LV,MA,MD,MG,MK,MN,MW,MX,MZ,NO,NZ,PH,PL,PT,R O,RU,SD,SE,SG,SI,SK,SL,TJ,TM,TR,TT,TZ,UA,UG,US,UZ,VN,YU,ZA,ZW

(74)代理人 100088328

弁理士 金田 暢之

(74)代理人 100106297

弁理士 伊藤 克博

(74)代理人 100106138

弁理士 石橋 政幸

(72)発明者 ソーレル リエラ、 マルタ

スペイン国 エ - 0 8 0 0 8 バルセローナ エントレソール 2号 エンリケ グラナドス 4
3

(72)発明者 マーサ アルバーアレス、 マルク

スペイン国 エ - 0 8 0 2 0 バルセローナ ホセブミレト 2 1 2番 3号

(72)発明者 エルナンデス ミゲス、 ホセ ルイス

スペイン国 エ - 0 8 8 3 0 バルセローナ サント ボイ デル ヨブレガート イサク アル
ベニス 1 4 バイソス 2号

(72)発明者 ビウラト サンコ、 ハウメ

スペイン国 エ - 0 8 0 3 0 バルセローナ モセン クンテイ マヨフレ 2 6番 1号

(72)発明者 ロセル ビベス、 エリサベト

スペイン国 エ - 0 8 0 0 8 バルセローナ エンリケ グラナドス 4 3番 3号

F ターム(参考) 2G045 AA34 AA35 AA40 BA11 BB50 DA12 DA13 DA14 DA36 FB02

FB03

4B024 AA01 AA11 BA80 CA04 CA05 CA06 CA07 CA12 DA02 EA04

GA11 GA18 HA03 HA08 HA14

4B063 QA01 QA18 QR33 QR41 QR48 QR69 QR77 QS12 QS36 QX01

QX07

4B064 AG01 CA10 CA19 CC24 DA05 DA14

4B065 AA93X AA93Y AB01 AC14 BA02 CA24 CA44 CA46

4H045 AA10 AA11 AA20 AA30 BA10 BA41 CA40 DA76 DA86 EA28

EA51

专利名称(译)	MFQ-114 , 人类佐剂样蛋白		
公开(公告)号	JP2004512046A	公开(公告)日	2004-04-22
申请号	JP2002537881	申请日	2001-09-20
申请(专利权)人(译)	默克专利GESELLSCHAFT手套Beshurenkuteru Hafutongu		
[标]发明人	ソーレルリエラマルタ マーサアルバーアレスマルク エルナンデスミゲスホセルイス ピウラトサンコハウメ ロセルビベスエリサベト		
发明人	ソーレル リエラ、 マルタ マーサ アルバーアレス、 マルク エルナンデス ミゲス、 ホセ ルイス ピウラト サンコ、 ハウメ ロセル ビベス、 エリサベト		
IPC分类号	G01N33/50 C07K14/47 C07K16/18 C07K19/00 C12N1/15 C12N1/19 C12N1/21 C12N5/10 C12N15/09 C12N15/12 C12N15/62 C12P21/02 C12Q1/02 G01N33/15 G01N33/53 G01N33/566		
CPC分类号	C07K14/4702		
FI分类号	C12N15/00.ZNA.A C07K14/47 C07K16/18 C07K19/00 C12N1/15 C12N1/19 C12N1/21 C12P21/02.C C12Q1/02 G01N33/15.Z G01N33/50.Z G01N33/53.D G01N33/53.M G01N33/566 C12N5/00.A		
F-TERM分类号	2G045/AA34 2G045/AA35 2G045/AA40 2G045/BA11 2G045/BB50 2G045/DA12 2G045/DA13 2G045 /DA14 2G045/DA36 2G045/FB02 2G045/FB03 4B024/AA01 4B024/AA11 4B024/BA80 4B024/CA04 4B024/CA05 4B024/CA06 4B024/CA07 4B024/CA12 4B024/DA02 4B024/EA04 4B024/GA11 4B024 /GA18 4B024/HA03 4B024/HA08 4B024/HA14 4B063/QA01 4B063/QA18 4B063/QR33 4B063/QR41 4B063/QR48 4B063/QR69 4B063/QR77 4B063/QS12 4B063/QS36 4B063/QX01 4B063/QX07 4B064 /AG01 4B064/CA10 4B064/CA19 4B064/CC24 4B064/DA05 4B064/DA14 4B065/AA93X 4B065/AA93Y 4B065/AB01 4B065/AC14 4B065/BA02 4B065/CA24 4B065/CA44 4B065/CA46 4H045/AA10 4H045 /AA11 4H045/AA20 4H045/AA30 4H045/BA10 4H045/BA41 4H045/CA40 4H045/DA76 4H045/DA86 4H045/EA28 4H045/EA51		
代理人(译)	宫崎昭雄 伊藤 克博		
优先权	2000122857 2000-10-20 EP		
外部链接	Espacenet		

摘要(译)

公开了MFQ-114多肽和多核苷酸以及通过重组技术产生此类多肽的方法。还公开了在诊断测定中使用MFQ-114多肽和多核苷酸的方法。

