

(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2004-512019

(P2004-512019A)

(43) 公表日 平成16年4月22日(2004.4.22)

(51) Int. Cl. <sup>7</sup>	F I	テーマコード (参考)
<b>C 1 2 N 15/09</b>	C 1 2 N 15/00	Z N A A 2 G O 4 5
<b>A 6 1 K 38/00</b>	A 6 1 K 39/395	D 4 B O 2 4
<b>A 6 1 K 39/395</b>	A 6 1 K 39/395	P 4 B O 5 0
<b>A 6 1 P 9/00</b>	A 6 1 P 9/00	4 B O 6 3
<b>A 6 1 P 25/00</b>	A 6 1 P 25/00	4 B O 6 4
	審査請求 未請求 予備審査請求 有	(全 197 頁) 最終頁に続く

(21) 出願番号	特願2002-504620 (P2002-504620)	(71) 出願人	301005050 インサイト・ゲノミックス・インコーポレイテッド アメリカ合衆国カリフォルニア州94304・パロアルト・ポータードライブ 3160
(86) (22) 出願日	平成13年6月21日 (2001.6.21)	(74) 代理人	100089266 弁理士 大島 陽一
(85) 翻訳文提出日	平成14年12月18日 (2002.12.18)	(72) 発明者	ソーントン、マイケル アメリカ合衆国カリフォルニア州94062-2612・ウッドサイド・メッドウェイロード 9
(86) 国際出願番号	PCT/US2001/020140		
(87) 国際公開番号	W02001/098471		
(87) 国際公開日	平成13年12月27日 (2001.12.27)		
(31) 優先権主張番号	60/213, 741		
(32) 優先日	平成12年6月22日 (2000.6.22)		
(33) 優先権主張国	米国 (US)		
(31) 優先権主張番号	60/218, 234		
(32) 優先日	平成12年7月14日 (2000.7.14)		
(33) 優先権主張国	米国 (US)		
(31) 優先権主張番号	60/241, 100		
(32) 優先日	平成12年10月16日 (2000.10.16)		
(33) 優先権主張国	米国 (US)		

最終頁に続く

(54) 【発明の名称】 ホスホジエステラーゼ

## (57) 【要約】

本発明はヒトのホスホジエステラーゼ (HPDE) およびHPDEを同定し、コードするポリヌクレオチドを提供する。本発明はまた、発現ベクター、宿主細胞、抗体、アゴニストおよびアンタゴニストをも提供する。本発明はまた、HPDEの異常発現に関連する疾患を診断、治療または予防する方法をも提供する。

## 【特許請求の範囲】

## 【請求項 1】

以下の (a) 乃至 (d) を有する群から選択した実質上単離されたポリペプチド。

(a) SEQ ID NO: 1 - 4 (配列番号 1 乃至 4) を有する群から選択したアミノ酸配列を含むポリペプチド

(b) SEQ ID NO: 1 - 4 を有する群から選択したアミノ酸配列と少なくとも 90% が同一であるようなアミノ酸配列を有する天然のポリペプチド

(c) SEQ ID NO: 1 - 4 を有する群から選択したアミノ酸配列を有するポリペプチドの生物学的活性断片

(d) SEQ ID NO: 1 - 4 を有する群から選択したアミノ酸配列を有するポリペプチドの免疫抗原性断片 10

## 【請求項 2】

SEQ ID NO: 1 - 4 を有する群から選択した請求項 1 に記載の単離されたポリペプチド。

## 【請求項 3】

請求項 1 のポリペプチドをコードする単離されたポリヌクレオチド。

## 【請求項 4】

請求項 2 のポリペプチドをコードする単離されたポリヌクレオチド。

## 【請求項 5】

SEQ ID NO: 5 - 8 (配列番号 5 乃至 8) を有する群から選択した請求項 4 に記載の単離されたポリヌクレオチド。 20

## 【請求項 6】

請求項 3 に記載のポリヌクレオチドに機能的にリンクしたプロモーター配列を含む組換えポリヌクレオチド。

## 【請求項 7】

請求項 6 に記載の組換えポリヌクレオチドを用いて形質転換した細胞。

## 【請求項 8】

請求項 6 に記載の組換えポリヌクレオチドを含む遺伝形質転換体。

## 【請求項 9】

請求項 1 のポリペプチドを生産する方法であって、 30

(a) 前記ポリペプチドの発現に好適な条件下で、請求項 1 のポリペプチドをコードするポリヌクレオチドに機能的にリンクされたプロモーター配列を含む組換えポリヌクレオチドで形質転換された細胞を培養するステップと、

(b) そのように発現した前記ポリペプチドを受容する過程とからなり、前記組換えポリヌクレオチドが、請求項 1 に記載の前記ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドに機能的に結合したプロモーター配列を有することを特徴とする方法。

## 【請求項 10】

請求項 1 に記載のポリペプチドと特異結合するような単離された抗体。

## 【請求項 11】

以下の (a) 乃至 (d) を有する群から選択した実質上単離されたポリヌクレオチド。 40

(a) SEQ ID NO: 5 - 8 を有する群から選択したポリヌクレオチド配列を有するポリヌクレオチド

(b) SEQ ID NO: 5 - 8 を有する群から選択したポリヌクレオチド配列と少なくとも 90% が同一であるような天然のポリヌクレオチド

(c) (a) のポリヌクレオチドに相補的なポリヌクレオチド

(d) (b) のポリヌクレオチドに相補的なポリヌクレオチド

(e) (a) ~ (d) の RNA 等価物

## 【請求項 12】

請求項 11 に記載のポリヌクレオチドの少なくとも 60 の連続したヌクレオチドを含む単離されたポリヌクレオチド。

## 【請求項 13】

請求項 11 に記載のポリヌクレオチドの配列を有する標的ポリヌクレオチドをサンプル中から検出する方法であって、

(a) 前記サンプル中の前記標的ポリヌクレオチドに相補的な配列を有する少なくとも 20 の連続したヌクレオチドを含むプローブを用いて前記サンプルをハイブリダイズする過程と、

(b) 前記ハイブリダイゼーション複合体の存在・不存在を検出し、該複合体が存在する場合にはオプションでその量を検出する過程からなり、前記プローブと前記標的ポリヌクレオチドの間でハイブリダイゼーション複合体が形成されるような条件下で、前記プローブが前記標的ポリヌクレオチドに特異的にハイブリダイズすることを特徴とする方法。

10

## 【請求項 14】

前記プローブが少なくとも 60 の連続したヌクレオチドを含むことを特徴とする請求項 13 に記載の方法。

## 【請求項 15】

請求項 11 に記載のポリヌクレオチドの配列を有する標的ポリヌクレオチドをサンプル中から検出する方法であって、

(a) ポリメラーゼ連鎖反応増幅を用いて前記標的ポリヌクレオチドまたはその断片を増幅する過程と、

(b) 前記標的ポリヌクレオチドまたはその断片の存在・不存在を検出し、該標的ポリヌクレオチドまたはその断片が存在する場合にはオプションでその量を検出する過程を含むことを特徴とする方法。

20

## 【請求項 16】

有効量の請求項 1 のポリペプチドと、薬剤として許容できる賦形剤とを有することを特徴とする成分。

## 【請求項 17】

前記ポリペプチドが、SEQ ID NO: 1 - 4 を有する群から選択したアミノ酸配列を含むことを特徴とする請求項 16 に記載の成分。

## 【請求項 18】

機能的な HPDE の発現の低下に関連する疾患や病態の治療方法であって、そのような治療が必要な患者に請求項 16 の組成物を投与することを含むことを特徴とする治療方法。

30

## 【請求項 19】

請求項 1 に記載のポリペプチドのアゴニストとして有効性を確認するために化合物をスクリーニングする方法であって、

(a) 請求項 1 のポリペプチドを含むサンプルを化合物に曝すステップと、

(b) 前記サンプルにおいてアゴニスト活性を検出するステップとを含むことを特徴とするスクリーニング方法。

## 【請求項 20】

請求項 19 に記載の方法によって同定したアゴニスト化合物と、薬剤として許容できる賦形剤とを含むことを特徴とする成分。

## 【請求項 21】

機能的な HPDE の発現の低下に関連する疾患や病態の治療方法であって、そのような治療が必要な患者に請求項 20 の組成物を投与することを含むことを特徴とする治療方法。

40

## 【請求項 22】

請求項 1 に記載のポリペプチドのアンタゴニストとして有効性を確認するために化合物をスクリーニングする方法であって、

(a) 請求項 1 のポリペプチドを含むサンプルを化合物に曝すステップと、

(b) 前記サンプルにおいてアンタゴニスト活性を検出するステップとを含むことを特徴とするスクリーニング方法。

## 【請求項 23】

請求項 22 に記載の方法によって同定したアンタゴニスト化合物と、薬剤として許容でき

50

る賦形剤とを含むことを特徴とする成分。

【請求項 24】

機能的な H P D E の過剰な発現に関連する疾患や病態の治療方法であって、そのような治療が必要な患者に請求項 23 の組成物を投与することを含むことを特徴とする治療方法。

【請求項 25】

請求項 1 に記載のポリペプチドに特異結合する化合物をスクリーニングする方法であって、

( a ) 適切な条件下で請求項 1 に記載のポリペプチドを少なくとも 1 つの試験化合物に結合させる過程と、

( b ) 請求項 1 に記載のポリペプチドの試験化合物との結合を検出し、それによって請求項 1 に記載のポリペプチドに特異結合する化合物を同定する過程とを含むことを特徴とする方法。 10

【請求項 26】

請求項 1 に記載のポリペプチドの活性を調節する化合物をスクリーニングする方法であって、

( a ) 請求項 1 に記載のポリペプチドの活性が許容される条件下で、請求項 1 に記載のポリペプチドを少なくとも 1 つの試験化合物に結合させる過程と、

( b ) 請求項 1 に記載のポリペプチドの活性を試験化合物の存在下で算定する過程と、

( c ) 試験化合物の存在下での請求項 1 に記載のポリペプチドの活性を、試験化合物の不存在下での請求項 1 に記載のポリペプチドの活性と比較する過程とを含み、試験化合物の存在下での請求項 1 に記載のポリペプチドの活性の変化が、請求項 1 に記載のポリペプチドの活性を調節する化合物を標示することを特徴とする方法。 20

【請求項 27】

請求項 5 の配列を含む標的ポリヌクレオチドの発現を変化させるのに効果的な化合物をスクリーニングする方法であって、

( a ) 前記標的ポリヌクレオチドの発現に好適な条件下で、前記標的ポリヌクレオチドを含むサンプルを化合物に曝露するステップと、

( b ) 前記標的ポリヌクレオチドの変異発現を検出する過程と、

( c ) 可変量の前記化合物の存在下と前記化合物の不存在下で、前記標的ポリヌクレオチドの発現を比較する過程とを含むことを特徴とする方法。 30

【請求項 28】

試験化合物の毒性を算定する方法であって、

( a ) 核酸を含む生物学的サンプルを前記試験化合物で処理する過程と、

( b ) 処理した前記生体サンプルの核酸と、請求項 11 のポリヌクレオチドの少なくとも 20 の連続するヌクレオチドを含むプローブをハイブリダイズさせるステップであって、このハイブリダイゼーションゼーションが、前記プローブと前記生体サンプルの標的ポリヌクレオチドとの間で特異的なハイブリダイゼーション複合体が形成される条件下で行われ、前記標的ポリヌクレオチドが、請求項 11 のポリヌクレオチドのポリヌクレオチド配列またはその断片を含むポリヌクレオチドである、前記ステップと、

( c ) ハイブリダイゼーション複合体の収量を定量するステップと、 40

( d ) 前記処理された生物学的サンプル中の前記ハイブリタイゼーション複合体の量を、処理されていない生物学的サンプル中の前記ハイブリタイゼーション複合体の量と比較する過程とを含み、前記処理された生物学的サンプル中の前記ハイブリタイゼーション複合体の量の差が、前記試験化合物の毒性を標示することを特徴とする方法。

【請求項 29】

生物学的サンプル中の H P D E の発現に関連する症状または疾患に対する診断試験法であって、

( a ) 前記抗体が前記ポリペプチドに結合し、抗体とポリペプチドとの複合体が形成されるのに適した条件下で、前記生物学的サンプルを請求項 10 に記載の抗体と結合する過程と、

(b) 前記複合体を検出する過程とを含み、前記複合体の存在が、前記生物学的サンプル中の前記ポリペプチドの存在と相関することを特徴とする方法。

【請求項 30】

前記抗体が、

(a) キメラ抗体

(b) 単鎖抗体

(c) Fab 断片

(d) F(ab')<sub>2</sub> 断片

(e) ヒト化抗体 のいずれかであることを特徴とする請求項 10 に記載の抗体。

【請求項 31】

請求項 10 に記載の抗体と、許容できる賦形剤とを含む化合物。

【請求項 32】

被検者の HPDE の発現に関連する病状又は疾患の診断方法であって、請求項 31 に記載の化合物の有効量を前記被検者に投与する過程を含むことを特徴とする方法。

【請求項 33】

前記抗体が標識されることを特徴とする請求項 31 に記載の化合物。

【請求項 34】

被検者の HPDE の発現に関連する病状又は疾患の診断方法であって、請求項 33 に記載の化合物の有効量を前記被検者に投与する過程を含むことを特徴とする方法。

【請求項 35】

請求項 10 に記載の抗体の特異性を有するポリクローナル抗体を調製する方法であって、(a) 抗体反応を誘発する条件下で、SEQ ID NO: 1 - 4 を有する群から選択したアミノ酸配列含むポリペプチドまたはその免疫抗原性断片を用いて動物を免疫化する過程と、

(b) 前記動物から抗体を単離する過程と、

(c) 前記単離された抗体をポリペプチドでスクリーニングし、それによって、SEQ ID NO: 1 - 4 を有する群から選択したアミノ酸配列を有するポリペプチドに特異結合するようなポリクローナル抗体を同定する過程とを含むことを特徴とする方法。

【請求項 36】

請求項 35 に記載の方法で産出した抗体。

【請求項 37】

請求項 36 に記載の抗体及び適切なキャリアを含む化合物。

【請求項 38】

請求項 10 に記載の抗体の特異性を有する抗体を用いてモノクローナル抗体を製造する方法であって、

(a) 抗体反応を誘発する条件下で、SEQ ID NO: 1 - 4 を有する群から選択したアミノ酸配列含むポリペプチドまたはその免疫抗原性断片を用いて動物を免疫化する過程と、

(b) 前記動物から抗体産出細胞を単離する過程と、

(c) 不死化の細胞を用いて前記抗体産出細胞を融合して、モノクローナル抗体を産出するハイブリドーマ細胞を形成する過程と、

(d) 前記ハイブリドーマ細胞を培養する過程と、

(e) SEQ ID NO: 1 - 4 を有する群から選択したアミノ酸配列を有するポリペプチドに特異結合するような前記培養モノクローナル抗体から単離する過程とを含むことを特徴とする方法。

【請求項 39】

請求項 38 に記載の方法で産出したモノクローナル抗体。

【請求項 40】

請求項 39 に記載の抗体及び適切なキャリアを含む化合物。

【請求項 41】

10

20

30

40

50

F a b 発現ライブラリのスクリーニングにより前記抗体を産出することを特徴とする請求項 10 に記載の抗体。

【請求項 42】

組換え免疫グロブリンライブラリのスクリーニングにより前記抗体を産出することを特徴とする請求項 10 に記載の抗体。

【請求項 43】

S E Q I D N O : 1 - 4 を有する群から選択したアミノ酸配列を有するポリペプチドを検出する方法であって、

( a ) 前記抗体と前記ポリペプチドの特異結合を許容する条件下で、サンプルを用いて請求項 10 に記載の抗体をインキュベートする過程と、

( b ) 特異結合を検出する過程とを含み、該特異結合が、S E Q I D N O : 1 - 4 を有する群から選択したアミノ酸配列を有するポリペプチドがサンプル中に存在することを示唆することを特徴とする方法。

10

【請求項 44】

S E Q I D N O : 1 - 4 を有する群から選択したアミノ酸配列を有するポリペプチドを精製する方法であって、

( a ) 前記抗体と前記ポリペプチドの特異結合を許容する条件下で、サンプルを用いて請求項 10 に記載の抗体をインキュベートする過程と、

( b ) 前記サンプルから前記抗体を分離し、S E Q I D N O : 1 - 4 を有する群から選択したアミノ酸配列を有する精製ポリペプチドを得る過程とを含むことを特徴とする方法。

20

【請求項 45】

S E Q I D N O : 1 のアミノ酸配列を有する請求項 1 に記載のポリペプチド。

【請求項 46】

S E Q I D N O : 2 のアミノ酸配列を有する請求項 1 に記載のポリペプチド。

【請求項 47】

S E Q I D N O : 3 のアミノ酸配列を有する請求項 1 に記載のポリペプチド。

【請求項 48】

S E Q I D N O : 4 のアミノ酸配列を有する請求項 1 に記載のポリペプチド。

【請求項 49】

S E Q I D N O : 5 のポリヌクレオチド配列を有する請求項 11 に記載のポリヌクレオチド。

30

【請求項 50】

S E Q I D N O : 6 のポリヌクレオチド配列を有する請求項 11 に記載のポリヌクレオチド。

【請求項 51】

S E Q I D N O : 7 のポリヌクレオチド配列を有する請求項 11 に記載のポリヌクレオチド。

【請求項 52】

S E Q I D N O : 8 のポリヌクレオチド配列を有する請求項 11 に記載のポリヌクレオチド。

40

【発明の詳細な説明】

【0001】

(技術分野)

本発明は、ホスホジエステラーゼの核酸配列及びアミノ酸配列に関する。本発明はまた、これらの配列を利用した眼の疾患、神経の疾患、心血管疾患、細胞増殖異常、および自己免疫/炎症性の疾患の診断・治療・予防に関する。本発明はさらに、ホスホジエステラーゼの核酸配列及びアミノ酸配列の発現における外来性化合物の効果についての評価に関する。

【0002】

50

## (発明の背景)

ホスホジエステラーゼは、ホスホジエステル化合物の2つのエステル結合の一方の加水分解を触媒する酵素のクラスを構成する。従って、ホスホジエステラーゼは様々な細胞プロセスにとって重要である。ホスホジエステラーゼには、細胞増殖および複製に必須であるDNAおよびRNAのエンドヌクレアーゼおよびエクソヌクレアーゼや、DNAのトポロジ再編成中の核酸鎖の分解および再結合をするトポイソメラーゼが含まれる。Tyrosine-DNAホスホジエステラーゼは、トポイソメラーゼI型およびDNAとの間に形成されたデッドエンド共有結合中間体を加水分解することによって、DNA修復での機能を果たす (Pouliot, J. J. 他 (1999) Science 286: 552-555; Yang, S.-W. (1996) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 93: 11534-11539)。

10

## 【0003】

酸性スフィンゴミエリナーゼは、膜リン脂質スフィンゴミエリンを加水分解してセラミドおよびホスホリルコリンを生成するホスホジエステラーゼである。ホスホリルコリンは、様々な細胞内シグナル伝達経路に關与するホスファチジルコリンの合成に用いられ、一方のセラミドは神経組織に高濃度で見られる膜脂質であるガングリオシドの生成のための必須前駆体である。酸性スフィンゴミエリナーゼが欠損すると、リソソームにおいてスフィンゴイリ分子が蓄積され、それによってニーマン-ピック病が引き起こされる (Schuchman, E. H. および S. R. Miranda (1997) Genet. Test. 1: 13-19)。

20

## 【0004】

グリセロホスホリルジエステルホスホジエステラーゼ (glycerophosphoryl diester phosphodiesterase) (グリセロホスホジエステルホスホジエステラーゼとも呼ばれる) は、ジアセチル化リン脂質グリセロホスホジエステル (deacetylated phospholipid glycerophosphodiesters) を加水分解してsn-グリセロール-3-リン酸およびアルコールを生成するホスホジエステラーゼである。グリセロホスホコリン、グリセロホスホエタノールアミン、グリセロホスホグリセロール、およびグリセロホスホイノシトールは、グリセロホスホリルジエステルホスホジエステラーゼの基質の例である。大腸菌由来のグリセロホスホリルジエステルホスホジエステラーゼは、グリセロホスホジエステル基質に対して広範な特異性を有する (Larson, T. J. 他 (1983) J. Biol. Chem. 248: 5428-5432)。

30

## 【0005】

サイクリックヌクレオチドホスホジエステラーゼ (PDE) は、サイクリックヌクレオチドcAMPおよびcGMPの調節に極めて重要な酵素である。cAMPおよびcGMPは、ホルモン、光、および神経伝達物質を含む様々な細胞外シグナルを伝達する細胞内セカンドメッセンジャーとして機能する。PDEはサイクリックヌクレオチドをそれらの対応するーリン酸に分解し、それによってサイクリックヌクレオチドの細胞内濃度およびシグナル伝達におけるそれらの効果を調節する。それらの役割がシグナル伝達の制御因子であることから、PDEは化学療法の標的として大規模に研究された (Perry, M. J. および G. A. Higgs (1998) Curr. Opin. Chem. Biol. 2: 472-481; Torphy, J. T. (1998) Am. J. Resp. Crit. Care Med. 157: 351-370)。

40

## 【0006】

サイクリックヌクレオチドホスホジエステラーゼファミリー

哺乳動物PDEのファミリーは、それらの基質特異性および親和性、補助因子に対する感受性、および阻害剤に対する感受性に基づいて分類される (Beavo, J. A. (1995) Physiol. Rev. 75: 725-748; Conti, M. 他 (1995) Endocrine Rev. 16: 370-389)。これらのファミリーのいくつかは、固有の遺伝子を含み、その多くは様々な組織でスプライシング変異体

50

として発現される。PDEファミリーの中には、多数のイソ酵素およびこれらのイソ酵素の多数のスプライシング変異体が存在する (Conti, M. および S. - L. C. Jin (1999) Prog. Nucleic Acid Res. Mol. Biol. 63: 1 - 38)。多数のPDEファミリー、イソ酵素、およびスプライシング変異体の存在は、サイクリックヌクレオチドを伴う調節経路の多様性および複雑性を示すものである (Houslay, M. D. および G. Milligan (1997) Trends Biochem. Sci. 22: 217 - 224)。

#### 【0007】

PDE 1型 (PDE 1) は  $Ca^{2+}$  / カルモジュリン依存性であって、それぞれが少なくとも2つの異なるスプライシング変異体を有する少なくとも3つの異なる遺伝子によってコードされると思われる (Kakkar, R. 他. (1999) Cell Mol. Life Sci. 55: 1164 - 1186)。PDE 1は、肺、心臓、および脳で見出された。ある種のPDE 1イソ酵素は、in vitroでリン酸化/脱リン酸化によって調節される。これらのPDE 1イソ酵素のリン酸化すると、カルモジュリンに対するこの酵素の親和性が低下し、PDE活性が低下し、cAMPのレベルの定常状態レベルが増加する (Kakkar, 前出)。PDE 1は、サイクリックヌクレオチドおよびカルシウムのシグナル伝達の両方に関与するため、中枢神経系および心血管、免疫系の疾患のために有用な治療標的を提供し得る (Perry, M. J. および G. A. Higgins (1998) Curr. Opin. Chem. Biol. 2: 472 - 481)。

10

20

#### 【0008】

PDE 2は、小脳、新皮質、心臓、腎臓、肺、肺動脈、および骨格筋に見られる、cGMPによって刺激されるPDEである (Sadhv, K. 他 (1999) J. Histochem. Cytochem. 47: 895 - 906)。PDE 2は、カテコールアミン分泌におけるcAMPの効果を仲介し、アルドステロンの調節に関与し (Beavo, 前出)、更に嗅覚シグナル伝達においても役割を果たしていると思われる (Julifs, D. M. 他 (1997) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 94: 3388 - 3395)。

#### 【0009】

PDE 3はcGMPおよびcAMPの両方に対して高い親和性を有するため、これらのサイクリックヌクレオチドがPDE 3の競合的基質として作用する。PDE 3は、心筋の収縮の刺激、血小板凝集の抑制、血管および気道の平滑筋の弛緩、Tリンパ球および血管平滑筋培養細胞の増殖抑制、脂肪組織からのカテコールアミン誘導性遊離脂肪酸放出の調節で役割を果たす。ホスホジエステラーゼのPDE 3ファミリーは、cilostamide、enoximone、およびlixazinoneなどの特定のインヒビターに対する感受性を有する。PDE 3のイソ酵素は、cAMP依存性プロテインキナーゼまたはインスリン依存性キナーゼによって調節され得る (Degerman, E. 他 (1997) J. Biol. Chem. 272: 6823 - 6826)。

30

#### 【0010】

PDE 4はcAMPに特異的であって、気道平滑筋、血管上皮、および全ての炎症細胞に局在化し、cAMP依存性リン酸化によって活性化され得る。cAMPのレベルの上昇によって、炎症細胞の活性が抑制され気管平滑筋が弛緩し得るため、PDE 4は、喘息治療の発見に重点をおいて、新規の抗炎症剤の可能性のある標的として非常に良く研究された。PDE 4インヒビターは、現在、喘息、慢性塞栓性肺疾患、およびアトピー性湿疹の治療薬として臨床試験が行われている。PDE 4の既知の4つ全てのイソ酵素は、マウスの行動記憶を改善することが分かっている化合物であるインヒビターロリプラムに対して感受性が高い (Barad, M. 他 (1998) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 95: 15020 - 15025)。PDE 4インヒビターもまた、急性肺傷害、内毒素血症、リウマチ様関節炎、多発性硬化症、および様々な神経や胃腸の疾患に対する可能性のある治療薬として研究された (Doherty, A. M. (1999

40

50

) *Curr. Opin. Chem. Biol.* 3:466-473)。

【0011】

PDE5は、基質としてのcGMPに対して高い選択性を有し(Turko, I. V. 他(1998) *Biochemistry* 37:4200-4205)、2つのアロステリックcGMP特異的結合部位を有する(McAllister-Lucas, L. M. 他.(1995) *J. Biol. Chem.* 270:30671-30679)。cGMPのこれらのアロステリック結合部位への結合は、触媒活性の直接的な調節よりもcGMP依存性プロテインキナーゼによるPDE5のリン酸化にとって重要であると思われる。高いレベルのPDE5が、血管平滑筋、血小板、肺、および腎臓に見られる。インヒビターザプリナストはPDE5およびPDE1に対して効果がある。PDE5に対する特異性を得るためにザプリナストを改良して結果、sildenafil(VIAGRA; Pfizer, Inc., New York NY)が得られた。このsildenafilは男性勃起不全の治療薬である(Terrett, N. 他.(1996) *Bioorg. Med. Chem. Lett.* 6:1819-1824)。PDE5のインヒビターは、心血管治療薬として現在研究されている(Perry, M. J. およびG. A. Higgs(1998) *Curr. Opin. Chem. Biol.* 2:472-481)。

10

【0012】

光受容体サイクリックヌクレオチドホスホジエステラーゼであるPDE6は、光伝達カスケードの重要な要素である。PDE6はGタンパク質トランスデュクションと結合すると、cGMPを加水分解して光受容体膜におけるcGMP依存性カチオンチャネルを調節する。前記のcGMP結合活性部位に加えて、PDE6はまた、PDE6の機能における調節的な役割を果たすと考えられる2つの高親和性cGMP結合部位を有する(Artemyev, N. O. 他(1998) *Methods* 14:93-104)。PDE6での欠陥は網膜の疾患に関係する。rdマウスの網膜変性症(Yan, W. 他(1998) *Invest. Ophthalmol. Vis. Sci.* 39:2529-2536)、ヒトの常染色体性劣性色素性網膜炎(Danciger, M. 他(1995) *Genomics* 30:1-7)、およびアイリッシュセッター犬の杆状体/錐状体異形成1型(Suber, M. L. 他(1993) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 90:3968-3972)は、PDE6B遺伝子における突然変異が原因である。

20

30

【0013】

PDEのPDE7ファミリーは、唯一の既知のメンバーから成り、その唯一のメンバーは複数のスプライシング変異体を有する(Bloom, T. J. およびJ. A. Beavo(1996) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 93:14188-14192)。PDE7はcAMP特異的であるが、その他の生理的機能については殆ど知られていない。PDE7をコードするmRNAが骨格筋、心臓、脳、肺、腎臓、および膵臓で見られるが、PDE7タンパク質の発現は特定の組織型に限定される(Han, P. 他(1997) *J. Biol. Chem.* 272:16152-16157; Perry, M. J. およびG. A. Higgs(1998) *Curr. Opin. Chem. Biol.* 2:472-481)。PDE7はPDE4ファミリーに密接に関連するが、PDE4の特異的なインヒビターであるロリプラムによって阻害されない(Beavo, 前出)。

40

【0014】

PDE8はcAMP特異的であり、PDE4ファミリーに密接に関連する。PDE8は、甲状腺、精巣、眼、肺、骨格筋、心臓、腎臓、卵巣、および脳において発現される。PDE8のcAMP加水分解活性は、PDEのインヒビターであるロリプラム、ピンボセチン、ミルリノン、IBMX(3-イソブチル-1-メチルキサンチン)、またはザプリナストによって抑制されないが、PDE8はジピリダモールによって抑制される(Fisher, D. A. 他(1998) *Biochem. Biophys. Res. Comm*

50

un. 246:570-577; Hayashi, M. 他(1998) Biochem. Biophys. Res. Commun. 250:751-756; Soderling, S. H. 他(1998) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 95:8991-8996)。

【0015】

PDE9はcAMP特異的であって、PDEのPDE8ファミリーに最も類似している。PDE9は腎臓、肺、肝臓、脳、脾臓、および小腸で発現される。PDE9はsildenafil(VIAGRA; Pfizer, Inc., New York NY)、ロリプラム、ビンボセチン、ジピリダモール、またはIBMX(3-イソブチル-1-メチルキサンチン)によって抑制されないが、PDE5インヒビターであるザプリナストに対して感受性を有する(Fisher, D. A. 他(1998) J. Biol. Chem. 273:15559-15564; Soderling, S. H. 他(1998) J. Biol. Chem. 273:15553-15558)。

10

【0016】

PDE10は二重基質のPDEであって、cAMPおよびcGMPの両方を加水分解する。PDE10は、脳、甲状腺、及び精巣に発現する(Solderling, S. H. 他(1999) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 96:7071-7076; Fujishige, K. 他(1999) J. Biol. Chem. 274:18438-18445; Loughney, K. 他(1999) Gene 234:109-117)。

20

【0017】

サイクリックヌクレオチドホスホジエステラーゼ構造

PDEは、約270-300のアミノ酸の触媒ドメイン、および補助因子の結合に必要なN末端調節ドメインを含み、場合によっては機能が未知の親水性C末端ドメインを含む(Conti, M. およびS.-L. C. Jin(1999) Prog. Nucleic Acid Res. Mol. Biol. 63:1-38)。保存された推定上の亜鉛結合モチーフであるHDXXHXGXXNが、全てのPDEの触媒ドメインにおいて同定された。N末端調節ドメインは、PDE2、PDE5、およびPDE6における非触媒cGMP結合ドメイン、PDE1におけるカルモジュリン結合ドメイン、およびPDE3およびPDE4におけるリン酸化部位を含むドメインを有する。PDE5では、N末端cGMP結合ドメインが約380のアミノ酸残基にまたがり、保存された配列モチーフN(R/K)XnFX<sub>3</sub>DEのタンデムリピートを含む(McAllister-Lucas, L. M. 他(1993) J. Biol. Chem. 268:22863-22873)。このモチーフは、突然変異生成によってcGMP結合のために重要であることが示されている(Turko, I. V. 他(1996) J. Biol. Chem. 271:22240-22244)。PDEファミリーは、触媒ドメイン内において約30%のアミノ酸同一性を有するが、同じファミリー内のイソ酵素は通常約85から95%のこの領域における同一性を示す(例えばPDE4AとPDE4B)。更に、あるファミリー内の触媒ドメイン外の類似性は高いが(60%を超える)、ファミリー間のこのドメイン外の配列類似性は殆ど存在しない。

30

40

【0018】

疾病におけるサイクリックヌクレオチドホスホジエステラーゼ

免疫反応および炎症反応を構成する作用の多くは、細胞内のcAMPのレベルを上昇させる薬剤によって阻害される(Verghese, M. W. 他(1995) Mol. Pharmacol. 47:1164-1171)。様々な疾患がPDE活性の上昇が原因で起こり、サイクリックヌクレオチドのレベルの低下に関係する。例えば、マウスにおける尿崩症の或る型はPDE4活性の上昇に関係し、低いK<sub>m</sub>をもつcAMP PDE活性の上昇がアトピー患者の白血球に見られ、PDE3が心疾患に関連する。

【0019】

PDEの多くのインヒビターが同定され、臨床試験が行われている(Perry, M.

50

J. および G. A. Higgs (1998) *Curr. Opin. Chem. Biol.* 2: 472 - 481; Torphy, T. J. (1998) *Am. J. Respir. Crit. Care Med.* 157: 351 - 370)。PDE3 インヒビターは、血小板凝集阻止薬、血圧降下薬、および鬱血性心不全の治療に有用な強心薬として開発された。PDE4 インヒビターであるロリプラムは、抑鬱症の治療に用いられ、PDE4 のその他のインヒビターは抗炎症薬としての評価が行われている。ロリプラムはまた、*in vitro* で HIV-1 の複製を促すことが認められたリポ多糖 (LPS) 誘導性 TNF- $\alpha$  を阻害することが分かった。従って、ロリプラムは HIV-1 の複製を阻害すると考えられる (Angel, J. B. 他 (1995) *AIDS* 9: 1137 - 1144)。更に、ロリプラムの TNF- $\alpha$ 、TNF- $\beta$ 、およびインターフェロン  $\gamma$  などのサイトカインの生成を抑制する能力に基づいて、ロリプラムが脳髄膜炎の治療に有効であることが示された。ロリプラムはまた、遅発性ジスキネジアに有効であると考えられ、実験動物モデルにおける多発性硬化症の治療に効果があった (Sommer, N. 他 (1995) *Nat. Med.* 1: 244 - 248; Sasaki, H. 他 (1995) *Eur. J. Pharmacol.* 282: 71 - 76)。

10

#### 【0020】

テオフィリンは、気管支喘息およびその他の呼吸器疾患の治療に用いられる非特異的 PDE インヒビターである。テオフィリンは、気道平滑筋の機能に作用し、呼吸器疾患の治療における抗炎症能力即ち免疫調節能力があると考えられる (Banner, K. H. および C. P. Page (1995) *Eur. Respir. J.* 8: 996 - 1000)。ペントキシフィリンは、間欠性跛行症および糖尿病性末梢血管疾患の治療に用いられる別の非特異的 PDE インヒビターである。ペントキシフィリンはまた、TNF- $\alpha$  の生成を阻止し、HIV-1 の複製を阻害し得る (Angel 他, 前出)。

20

#### 【0021】

PDE は、様々な細胞タイプの細胞増殖に影響を与え (Conti 他 (1995) *Endocrine Rev.* 16: 370 - 389)、様々な癌に関係すると考えられている。前立腺癌細胞株 DU145 および LNCaP の成長は、cAMP 誘導体および PDE インヒビターの送達によって抑制された (Bang, Y. J. 他 (1994) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 91: 5330 - 5334)。これらの細胞はまた、上皮からニューロン形態への表現型における永久的な変換を示した。また、PDE インヒビターがメサングウム細胞の増殖を調節する可能性があり (Matousovics, K. 他 (1995) *J. Clin. Invest.* 96: 401 - 410)、またリンパ球の増殖を調節する可能性もある (Joulain, C. 他 (1995) *J. Lipid Mediat. Cell Signal.* 11: 63 - 79) ことが示唆された。PDE を腫瘍の特定の細胞区画に送達して細胞死を導く、ある癌治療が報告されている (Deonarain, M. P. および A. A. Epenetos (1994) *Br. J. Cancer* 70: 786 - 794)。

30

#### 【0022】

新規のホスホジエステラーゼ及びそれらをエンコードするポリヌクレオチドの発見により、新規の組成物を提供することで当分野の需要に応えることができる。この新規の組成物は、眼の疾患、神経系疾患、心血管疾患、細胞増殖異常、および自己免疫/炎症性の疾患の診断・予防・治療において有用であり、また、ホスホジエステラーゼの核酸配列及びアミノ酸配列の発現における外来性化合物の効果についての評価にも有用である。

40

#### 【0023】

(発明の概要)

本発明は、総称して「HPDE」、個別にはそれぞれ「HPDE-1」、「HPDE-2」、「HPDE-3」、および「HPDE-4」と呼ぶホスホジエステラーゼである精製されたポリペプチドを提供する。或る実施態様において本発明は、(a) SEQ ID NO: 1 - 4 を有する群から選択したアミノ酸配列からなるポリペプチド、(b) SEQ ID NO: 1 - 4 を有する群から選択したアミノ酸配列と少なくとも90%が同一であ

50

るアミノ酸配列を有する天然のポリペプチド、(c) SEQ ID NO: 1-4を有する群から選択したアミノ酸配列を有するポリペプチドの生物学的活性断片、または(d) SEQ ID NO: 1-4を有する群から選択したアミノ酸配列を有するポリペプチドの免疫抗原性断片を含む群から選択した実質上単離されたポリペプチドを提供する。一実施態様では、SEQ ID NO: 1-4のアミノ酸配列を含む実質上単離されたポリペプチドを提供する。

【0024】

また、本発明は(a) SEQ ID NO: 1-4を有する群から選択したアミノ酸配列、(b) SEQ ID NO: 1-4を有する群から選択したアミノ酸配列と少なくとも90%の相同性を有する天然のアミノ酸配列、(c) SEQ ID NO: 1-4を有する群から選択したアミノ酸配列の生物学的活性断片、または(d) SEQ ID NO: 1-4を有する群から選択したアミノ酸配列の免疫抗原性断片を含むポリペプチドをコードするような実質上単離されたポリヌクレオチドを提供する。一実施態様では、ポリヌクレオチドはSEQ ID NO: 1-4を有する群から選択したポリペプチドをコードする。別の実施態様では、ポリヌクレオチドはSEQ ID NO: 5-8を有する群から選択される。

10

【0025】

本発明は更に、(a) SEQ ID NO: 1-4を有する群から選択したアミノ酸配列からなるポリペプチド、(b) SEQ ID NO: 1-4を有する群から選択したアミノ酸配列と少なくとも90%の相同性を有するアミノ酸配列からなる天然のポリペプチド、(c) SEQ ID NO: 1-4を有する群から選択したアミノ酸配列を有するポリペプチドの生物学的活性断片、または(d) SEQ ID NO: 1-4を有する群から選択したアミノ酸配列を有するポリペプチドの免疫抗原性断片から構成される群から選択されたポリペプチドをコードするポリヌクレオチドと機能的にリンクしたプロモーター配列を有する組換えポリヌクレオチドを提供する。一実施態様では、本発明は組換えポリヌクレオチドを用いて形質転換した細胞を提供する。別の実施態様では、本発明は組換えポリヌクレオチドを含む遺伝形質転換体を提供する。

20

【0026】

また、本発明は(a) SEQ ID NO: 1-4を有する群から選択したアミノ酸配列、(b) SEQ ID NO: 1-4を有する群から選択したアミノ酸配列と少なくとも90%の相同性を有する天然のアミノ酸配列、(c) SEQ ID NO: 1-4を有する群から選択したアミノ酸配列の生物学的活性断片、または(d) SEQ ID NO: 1-4を有する群から選択したアミノ酸配列の免疫抗原性断片を含む実質上単離されたポリペプチドを製造する方法を提供する。製造方法は、(a)組換えポリヌクレオチドを用いて形質転換した細胞をポリペプチドの発現に適した条件下で培養する過程と、(b)そのように発現したポリペプチドを受容する過程とを有し、組換えポリヌクレオチドはポリペプチドをコードするポリヌクレオチドに機能的にリンクしたプロモーター配列を有する。

30

【0027】

本発明は更に、(a) SEQ ID NO: 1-4を有する群から選択したアミノ酸配列を有するポリペプチド、(b) SEQ ID NO: 1-4を有する群から選択したアミノ酸配列と少なくとも90%同一であるアミノ酸配列を有する天然のポリペプチド、(c) SEQ ID NO: 1-4を有する群から選択したアミノ酸配列を有するポリペプチドの生物学的活性断片、または(d) SEQ ID NO: 1-4を有する群から選択したアミノ酸配列を有するポリペプチドの免疫抗原性断片から構成される群から選択されたポリペプチドに特異結合するような実質上単離された抗体を提供する。

40

【0028】

本発明は更に、(a) SEQ ID NO: 5-8からなる群から選択したポリヌクレオチド配列を含むポリヌクレオチド、(b) SEQ ID NO: 7-8からなる群から選択したポリヌクレオチド配列と少なくとも90%の相同性を有するポリヌクレオチド配列を含む天然のポリヌクレオチド、(c) (a)のポリヌクレオチドに相補的なポリヌクレオチド、(d) (b)のポリヌクレオチドに相補的なポリヌクレオチド配列、および(e) (

50

a) ~ (d) の RNA 等価物からなる群から選択された実質上単離されたポリヌクレオチドを提供する。一実施態様では、ポリヌクレオチドは少なくとも60の連続したヌクレオチドを有する。

【0029】

本発明は更に、サンプル中の標的ポリヌクレオチドを検出する方法を提供する。ここで、標的ポリヌクレオチドは (a) SEQ ID NO: 5 - 8 からなる群から選択したポリヌクレオチド配列を含むポリヌクレオチド、(b) SEQ ID NO: 7 - 8 からなる群から選択したポリヌクレオチド配列と少なくとも90%の相同性を有するポリヌクレオチド配列を含む天然のポリヌクレオチド、(c) (a) に相補的なポリヌクレオチド、(d) (b) に相補的なポリヌクレオチド配列、および (e) (a) ~ (d) の RNA 等価物からなる群から選択されたポリヌクレオチド配列を含む。検出方法は、(a) サンプル中の標的ポリヌクレオチドに相補的な配列を含む少なくとも20の連続したヌクレオチドを含むプローブを用いて該サンプルをハイブリダイズする過程と、(b) ハイブリダイゼーション複合体の存在・不存在を検出し、複合体が存在する場合にはオプションでその量を検出する過程からなり、プローブと標的ポリヌクレオチドあるいはその断片の間でハイブリダイゼーション複合体が形成されるような条件下で、プローブは標的ポリヌクレオチドに特異的にハイブリダイズする。一実施態様では、プローブは少なくとも60の連続したヌクレオチドを含む。

10

【0030】

本発明はまた、サンプル中の標的ポリヌクレオチドを検出する方法を提供する。ここで、標的ポリヌクレオチドは、(a) SEQ ID NO: 5 - 8 からなる群から選択したポリヌクレオチド配列を含むポリヌクレオチド、(b) SEQ ID NO: 7 - 8 からなる群から選択したポリヌクレオチド配列と少なくとも90%の相同性を有するポリヌクレオチド配列を含む天然のポリヌクレオチド、(c) (a) のポリヌクレオチドに相補的なポリヌクレオチド、(d) (b) のポリヌクレオチドに相補的なポリヌクレオチド、および (e) (a) ~ (d) の RNA 等価物からなる群から選択された配列のポリヌクレオチドを有する。検出方法は、(a) ポリメラーゼ連鎖反応増幅を用いて標的ポリヌクレオチドまたはその断片を増幅する過程と、(b) 標的ポリヌクレオチドまたはその断片の存在・不存在を検出し、該標的ポリヌクレオチドまたはその断片が存在する場合にはオプションでその量を検出する過程を含む。

20

30

【0031】

本発明は更に、有効量のポリペプチドと薬剤として許容できる賦形剤とを含む成分を提供し、有効量のポリペプチドは、(a) SEQ ID NO: 1 - 4 を有する群から選択したアミノ酸配列、(b) SEQ ID NO: 1 - 4 を有する群から選択したアミノ酸配列と少なくとも90%の相同性を有する天然のアミノ酸配列、(c) SEQ ID NO: 1 - 4 を有する群から選択したアミノ酸配列の生物学的活性断片、または (d) SEQ ID NO: 1 - 4 を有する群から選択したアミノ酸配列の免疫抗原性断片を含む。一実施例では、SEQ ID NO: 1 - 4 からなる一群から選択されたアミノ酸配列を含む組成物を提供する。更に、本発明は、患者にこの組成物を投与することを含む、機能的HPDEの発現の低下に関連した疾患やその症状の治療方法を提供する。

40

【0032】

本発明はまた、(a) SEQ ID NO: 1 - 4 を有する群から選択したアミノ酸配列、(b) SEQ ID NO: 1 - 4 を有する群から選択したアミノ酸配列と少なくとも90%の相同性を有する天然のアミノ酸配列、(c) SEQ ID NO: 1 - 4 を有する群から選択したアミノ酸配列の生物学的活性断片、または (d) SEQ ID NO: 1 - 4 を有する群から選択したアミノ酸配列の免疫抗原性断片を含むポリペプチドのアゴニストとしての有効性を確認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。スクリーニング方法は、(a) ポリペプチドを有するサンプルを化合物に曝す過程と、(b) サンプル中のアゴニスト活性を検出する過程とを含む。別法では、本発明は、この方法によって同定されたアゴニスト化合物と好適な医薬用賦形剤とを含む組成物を提供する。更なる別

50

法では、本発明は、この組成物の患者への投与を含む、機能的H P D Eの発現の低下に関連した疾患やその症状の治療方法を提供する。

【0033】

本発明は更に、(a)SEQ ID NO: 1-4を有する群から選択したアミノ酸配列、(b)SEQ ID NO: 1-4を有する群から選択したアミノ酸配列と少なくとも90%の同一性を有する天然のアミノ酸配列、(c)SEQ ID NO: 1-4を有する群から選択したアミノ酸配列の生物学的活性断片、または(d)SEQ ID NO: 1-4を有する群から選択したアミノ酸配列の免疫抗原性断片を含むポリペプチドのアンタゴニストとしての有効性を確認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。スクリーニング方法は、(a)ポリペプチドを含むサンプルを化合物に曝す過程と、(b)サンプル中のアンタゴニスト活性を検出する過程とを含む。一実施態様で本発明は、この方法によって同定したアンタゴニスト化合物と薬剤として許容できる賦形剤とを含む成分を提供する。更なる別法では、本発明は、この組成物の患者への投与を含む、機能的H P D Eの過剰な発現に関連した疾患やその症状の治療方法を提供する。

10

【0034】

本発明は更に、(a)SEQ ID NO: 1-4を有する群から選択したアミノ酸配列、(b)SEQ ID NO: 1-4を有する群から選択したアミノ酸配列と少なくとも90%の同一性を有する天然のアミノ酸配列、(c)SEQ ID NO: 1-4を有する群から選択したアミノ酸配列の生物学的活性断片、または(d)SEQ ID NO: 1-4を有する群から選択したアミノ酸配列の免疫抗原性断片を含むポリペプチドに特異結合する化合物をスクリーニングする方法を提供する。スクリーニング方法は、(a)ポリペプチドを適切な条件下で少なくとも1つの試験化合物に結合させる過程と、(b)試験化合物とのポリペプチドの結合を検出し、それによってポリペプチドに特異結合する化合物を同定する過程とを含む。

20

【0035】

本発明は更に、(a)SEQ ID NO: 1-4を有する群から選択したアミノ酸配列、(b)SEQ ID NO: 1-4を有する群から選択したアミノ酸配列と少なくとも90%の同一性を有する天然のアミノ酸配列、(c)SEQ ID NO: 1-4を有する群から選択したアミノ酸配列の生物学的活性断片、または(d)SEQ ID NO: 1-4を有する群から選択したアミノ酸配列の免疫抗原性断片を含むポリペプチドの活性を調節する化合物をスクリーニングする方法を提供する。スクリーニング方法は、(a)ポリペプチドの活性が許容された条件下で、ポリペプチドを少なくとも1つの試験化合物と混合させる過程と、(b)ポリペプチドの活性を試験化合物の存在下で算定する過程と、(c)試験化合物の存在下でのポリペプチドの活性を試験化合物の不存在下でのポリペプチドの活性と比較する過程とを含み、試験化合物の存在下でのポリペプチドの活性の変化は、ポリペプチドの活性を調節する化合物であることを意味する。

30

【0036】

本発明は更に、標的ポリヌクレオチドの変異発現の有効性を確認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。標的ポリヌクレオチドは、SEQ ID NO: 5-8を有する群から選択した配列を含む。スクリーニング方法は、(a)標的ポリヌクレオチドを含むサンプルを化合物に曝す過程と、(b)標的ポリヌクレオチドの変異発現を検出する過程とを含む。

40

【0037】

本発明は更に、(a)核酸を含む生物学的サンプルを試験化合物で処理する過程と、(b)(i)SEQ ID NO: 5-8からなる群から選択したポリヌクレオチド配列を含むポリヌクレオチド、(ii)SEQ ID NO: 5-8からなる群から選択したポリヌクレオチド配列と少なくとも90%の同一性を有するポリヌクレオチド配列を含む天然のポリヌクレオチド、(iii)(i)に相補的な配列を有するポリヌクレオチド、(iv)(ii)のポリヌクレオチドに相補的なポリヌクレオチド、および(v)(i)~(iv)のRNA等価物からなる群から選択したポリヌクレオチドの少なくとも20の連続した

50

ヌクレオチドから構成されるプローブを用いて、処理した生物学的サンプルの核酸をハイブリダイズする過程とを含む試験化合物の毒性の算定方法を提供する。ハイブリダイゼーションは、上記プローブと生物学的サンプル中の標的ポリヌクレオチドの間に特定のハイブリダイゼーション複合体が形成されるような条件下で発生し、上記標的ポリヌクレオチドは、(i) SEQ ID NO: 5 - 8 からなる群から選択したポリヌクレオチド配列を含むポリヌクレオチド、(ii) SEQ ID NO: 5 - 8 をからなる群から選択したポリヌクレオチド配列と少なくとも90%の相同性を有するポリヌクレオチド配列を含む天然のポリヌクレオチド、(iii) (i) のポリヌクレオチドに相補的な配列を有するポリヌクレオチド、(iv) (ii) のポリヌクレオチドに相補的なポリヌクレオチド、および(v) (i) ~ (iv) のRNA等価物からなる群から選択する。或いは、標的ポリヌクレオチドは、上記(i) ~ (v) からなる群から選択したポリヌクレオチド配列の断片と、(c) ハイブリダイゼーション複合体の量を定量する過程と、(d) 処理した生物学的サンプルのハイブリダイゼーション複合体の量を、非処理の生物学的サンプルのハイブリダイゼーション複合体の量と比較する過程を含み、処理した生物学的サンプルのハイブリダイゼーション複合体の量の差は、試験化合物の毒性を示す。

10

20

30

40

50

**【0038】**

(本発明の記載について)

本発明のタンパク質、ヌクレオチド配列及び方法について説明するが、その前に、説明した特定の装置、材料及び方法に本発明が限定されるものではなく、改変し得ることを理解されたい。また、ここで使用する専門用語は特定の実施例を説明する目的で用いたものに過ぎず、特許請求の範囲にのみ限定される本発明の範囲を限定することを意図したのではないことも併せて理解されたい。

**【0039】**

請求の範囲及び明細書中で用いている単数形の「或る」及び「その(この)」の表記は、文脈から明らかにそうでないとされる場合を除いて複数ものを指す場合もあることに注意しなければならない。従って、例えば「或る宿主細胞」と記されている場合にはそのような宿主細胞が複数あることもあり、「或る抗体」と記されている場合には単数または複数の抗体、及び、当業者に公知の抗体の等価物等についても言及しているのである。

**【0040】**

本明細書中で用いる全ての専門用語及び科学用語は、特に定義されている場合を除き、当業者に一般に理解されている意味と同じ意味を有する。本明細書で説明するものと類似あるいは同等の任意の装置、材料及び方法を用いて本発明の実施または試験を行うことができるが、ここでは好適な装置、材料、方法について説明する。本発明で言及する全ての刊行物は、刊行物中で報告されていて且つ本発明に関係があるであろう細胞、プロトコル、試薬及びベクターについて説明及び開示する目的で引用しているものである。本明細書のいかなる開示内容も、本発明が先行技術の効力によってこのような開示に対して先行する権利を与えられていないことを認めるものではない。

**【0041】**

(定義)

用語「HPDE」は、天然、合成、半合成或いは組換え体など全ての種(特にウシ、ヒツジ、ブタ、マウス、ウマ及びヒトを含む哺乳動物)から得られる実質的に精製されたHPDEのアミノ酸配列を指す。

**【0042】**

用語「アゴニスト」は、HPDEの生物学的活性を強めたり、模倣する分子を指す。このアゴニストは、HPDEに直接相互作用するか、或いはHPDEが関与する生物学的経路の成分と作用して、HPDEの活性を調節するタンパク質、核酸、糖質、小分子、任意の他の化合物や組成物を含み得る。

**【0043】**

用語「対立遺伝子変異配列」は、HPDEをコードする遺伝子の別の形を指す。対立遺伝子変異体は、核酸配列における少なくとも1の突然変異から作製し得る。また、変異RN

A またはポリペプチドからも作製し得る。ポリペプチドの構造または機能は、変異することもしないこともある。遺伝子は、天然の対立遺伝子変異体を全く有しないか、1個若しくは数個の天然の対立遺伝子変異体を有し得る。一般に対立遺伝子変異体を生じさせる通常の突然変異性変化は、ヌクレオチドの自然欠失、付加または置換に帰するものである。これら各変化は、単独或いは他の変化と共に、所定の配列内で1回若しくは数回生じ得る。

【0044】

HPDEをコードする「変異」核酸配列は、様々なヌクレオチドの欠失、挿入、或いは置換が起こっても、HPDEと同じポリペプチド或いはHPDEの機能特性の少なくとも1つを備えるポリペプチドを指す。この定義には、HPDEをコードするポリヌクレオチド配列の正常な染色体の遺伝子座ではない位置での対立遺伝子変異配列との不相当或いは予期しないハイブリダイゼーション、並びにHPDEをコードするポリヌクレオチドの特定のオリゴヌクレオチドプローブを用いて容易に検出可能な或いは検出困難な多形性を含む。コードされたタンパク質も「変異」し得るものであり、サイレント変化を生ぜしめて結果的に機能的に等価なHPDEとなるようなアミノ酸残基の欠失、挿入または置換を含み得る。意図的なアミノ酸置換は、生物学的或いは免疫学的にHPDEの活性が保持される範囲で、残基の極性、電荷、溶解度、疎水性、親水性、及び/または両親媒性についての類似性に基づいて成され得る。例えば、負に帯電したアミノ酸にはアスパラギン酸及びグルタミン酸があり、正に帯電したアミノ酸にはリジン及びアルギニンがある。親水性値が近似している非荷電極性側鎖を有するアミノ酸には、アスパラギンとグルタミン、セリンとトレオニンがある。親水性値が近似している非荷電側鎖を有するアミノ酸には、ロイシンとイソロイシンとバリン、グリシンとアラニン、フェニルアラニンとチロシンがある。

10

20

【0045】

用語「アミノ酸」及び「アミノ酸配列」は、オリゴペプチド、ペプチド、ポリペプチド、タンパク質配列、或いはそれらの任意の断片を指し、天然の分子及び合成分子を含む。「アミノ酸配列」が天然のタンパク質分子の配列を指す場合、「アミノ酸配列」及び類似の用語は、アミノ酸配列を記載したタンパク質分子に関連する完全で元のままのアミノ酸配列に限定するものではない。

【0046】

用語「増幅」は、核酸配列の複製物を作製することに関連する。増幅は通常、当業者によく知られたポリメラーゼ連鎖反応(PCR)技術を用いて行う。

30

【0047】

用語「アンタゴニスト」は、HPDEの生物学的活性を阻害或いは減弱する分子である。アンタゴニストは、HPDEに直接相互作用するか、或いはHPDEが関与する生物学的経路の成分と作用して、HPDEの活性を調節する抗体、核酸、糖質、小分子、任意の他の化合物や組成物などのタンパク質を含み得る。

【0048】

用語「抗体」は、エピトープの決定基と結合することができる、無損傷免疫グロブリンやその断片、例えばF<sub>a</sub>、F<sub>(ab')</sub><sub>2</sub>及びF<sub>v</sub>断片を指す。HPDEポリペプチドと結合する抗体は、免疫抗原として、そのままのポリペプチド、または関心のある小ペプチドを含む断片を用いて作製可能である。動物(マウス、ラット、ウサギ等)を免疫化するために用いるポリペプチドまたはオリゴペプチドは、RNAの翻訳、または化学合成によって得られるポリペプチドまたはオリゴペプチドに由来し得るもので、好みに応じて担体タンパク質に抱合することも可能である。通常用いられる担体であってペプチドと化学結合するものは、ウシ血清アルブミン、サイログロブリン及びスカシガイヘモシアニン(KLH)等がある。その結合ペプチドは、動物を免疫化するために用いる。

40

【0049】

用語「抗原決定基」は、特定の抗体と接触する分子の領域(即ちエピトープ)を指す。タンパク質またはタンパク質断片を用いて宿主動物を免疫化する場合、タンパク質の多数の領域が、抗原決定基(タンパク質の特定の領域または3次元構造)に特異結合する抗体の

50

産生を誘導し得る。抗原決定基は、抗体に結合するための無損傷抗原（即ち免疫応答を誘導するために用いられる免疫原）と競合し得る。

【0050】

本明細書において「アンチセンス」は、特定の核酸配列のセンス（コーディング）鎖と塩基対を形成し得る任意の組成物を指す。アンチセンス成分には、DNAや、RNAや、ペプチド核酸（PNA）や、ホスホロチオ酸、メチルホスホン酸またはベンジルホスホン酸等の修飾されたバックボーン連鎖を有するオリゴヌクレオチドや、2'-メトキシエチル糖または2'-メトキシエトキシ糖等の修飾された糖類を有するオリゴヌクレオチドや、或いは5-メチルシトシン、2-デオキシウラシルまたは7-デアザ-2'-デオキシグアノシン等の修飾された塩基を有するオリゴヌクレオチドがある。アンチセンス分子は、化学合成または転写を含む任意の方法で製造することができる。相補的アンチセンス分子は、ひとたび細胞に導入されたら、細胞が形成した天然の核酸配列と塩基対を形成し、転写または翻訳を妨害する二重鎖を形成する。「負」または「マイナス」という表現は、ある参考DNA分子のアンチセンス鎖を意味し、「正」または「プラス」という表現は同センス鎖を意味する。

10

【0051】

用語「生物学的に活性」は、天然分子の構造的、調節的、或いは生化学的な機能を有するタンパク質を指す。同様に、用語「免疫学的に活性」または「免疫原性」は、天然或いは組換え体のHPDE、合成のHPDEまたはそれらの任意のオリゴペプチドが、適当な動物或いは細胞の特定の免疫応答を誘発して特定の抗体と結合する能力を指す。

20

【0052】

用語「相補的」は、塩基対合によってアニールする2つの一本鎖核酸配列間の関係を指す。例えば、配列「5' A - G - T 3'」は、相補配列「3' T - C - A 5'」と対を形成する。

【0053】

「所定のポリヌクレオチド配列を含む組成物」または「所定のアミノ酸配列を含む組成物」は広い意味で、所定のポリヌクレオチド配列若しくはアミノ酸配列を含む任意の組成物を指す。この成分には、乾燥製剤または水溶液が含まれ得る。HPDE若しくはHPDEの断片をコードするポリヌクレオチド配列を含む組成物は、ハイブリダイゼーションプローブとして使用され得る。このプローブは、凍結乾燥状態で保存可能であり、糖質などの安定化剤と結合させることが可能である。ハイブリダイゼーションにおいては、塩（例えばNaCl）、界面活性剤（例えばドデシル硫酸ナトリウム；SDS）及びその他の構成成分（例えばデンハート液、脱脂粉乳、サケの精子のDNA等）を含む水溶液中にプローブを分散させることができる。

30

【0054】

「コンセンサス配列」は、不要な塩基を分離するためにDNA配列の解析を繰り返し行い、XL-PCRキット（PE Biosystems, Foster City CA）を用いて5'及び/または3'の方向に伸長され、再度シーケンシングされた核酸配列、またはGELVIEW断片構築システム（GCG, Madison, WI）またはPhrap（University of Washington, Seattle WA）等の断片構築用のコンピュータプログラムを用いて1つ或いはそれ以上の重複するcDNAやEST、またはゲノムDNA断片から構築された核酸配列を指す。伸長及び構築の両方を行ってコンセンサス配列を決定する配列もある。

40

【0055】

用語「保存的なアミノ酸置換」は、元のタンパク質の特性を殆ど変えない置換を指す。即ち、置換によってそのタンパク質の構造や機能が大きくは変わらず、そのタンパク質の構造、特にその機能が保存される。下表は、タンパク質中で元のアミノ酸と置換され得るアミノ酸と、保存アミノ酸置換と認められるアミノ酸を示している。

【0056】

元の残基	保存的な置換	
Ala	Gly, Ser	
Arg	His, Lys	
Asn	Asp, Gln, His	
Asp	Asn, Glu	
Cys	Ala, Ser	
Gln	Asn, Glu, His	
Glu	Asp, Gln, His	
Gly	Ala	
His	Asn, Arg, Gln, Glu	10
Ile	Leu, Val	
Leu	Ile, Val	
Lys	Arg, Gln, Glu	
Met	Leu, Ile	
Phe	His, Met, Leu, Trp, Tyr	
Ser	Cys, Thr	
Thr	Ser, Val	
Trp	Phe, Tyr	
Tyr	His, Phe, Trp	20
Val	Ile, Leu, Thr	

## 【0057】

保存アミノ酸置換では通常、(a)置換領域におけるポリペプチドのバックボーン構造、例えば シートや 螺旋構造、(b)置換部位における分子の電荷または疎水性、及び/または(c)側鎖の大部分を保持する。

## 【0058】

用語「欠失」は、1個以上のアミノ酸残基が欠如するアミノ酸配列の変化、或いは1個以上のヌクレオチドが欠如する核酸配列の変化を指す。 30

## 【0059】

用語「誘導体」は、化学修飾されたポリヌクレオチドまたはポリペプチドを指す。例えば、アルキル基、アシル基、ヒドロキシル基またはアミノ基による水素の置換は、ポリヌクレオチド配列の化学修飾に含まれ得る。ポリヌクレオチド誘導体は、天然分子の生物学的または免疫学的機能を少なくとも1つは保持しているポリペプチドをコードする。ポリペプチド誘導体は、グリコシル化、ポリエチレングリコール化(pegylation)、或いは任意の同様なプロセスであって、誘導起源のポリペプチドの少なくとも1つの生物学的若しくは免疫学的機能を保持するプロセスによって、修飾されたポリペプチドである。 40

## 【0060】

「検出可能な標識」は、測定可能な信号を発生し得る、ポリヌクレオチドやポリペプチドに共有結合或いは非共有結合するレポーター分子や酵素を指す。

## 【0061】

「示差発現」は少なくとも2つの異なったサンプルを比較することによって決められる、増加(上方調節)、あるいは減少(下方調節)、または欠損遺伝子またはタンパク発現の欠損を指す。このような比較は例えば、治療後サンプルと未治療のサンプルまたは病態のサンプルと正常サンプルの間で行われ得る。

## 【0062】

用語「断片」は、HPDEまたはHPDEをコードするポリヌクレオチドの固有の部分で 50

あって、その親配列 (parent sequence) と同一であるがその配列より長さが短いものを指す。断片は、定義された配列の全長から1つのヌクレオチド、または1つのアミノ酸残基を差し引いた長さよりも短い長さを有し得る。例えば或る断片は、5 ~ 1000の連続したヌクレオチドまたはアミノ酸残基を有し得る。プローブ、プライマー、抗原、治療用分子として、或いはその他の目的のために用いられる断片は、少なくとも5、10、15、20、25、30、40、50、60、75、100、150、250若しくは500の連続したヌクレオチド或いはアミノ酸残基長さであり得る。断片は、分子の特定領域から選択的に選択し得る。例えば、ポリペプチド断片は、ある定義された配列に示すような最初の250または500アミノ酸(またはポリペプチドの最初の25%または50%)から選択された或る長さの連続したアミノ酸を有し得る。これらの長さは明らかに例として挙げているものであり、本発明の実施例では、配列表、表及び図面を含む明細書に裏付けされた任意の長さであってよい。

#### 【0063】

SEQ ID NO: 5 - 8の断片は、例えば、この断片を得たゲノム内の他の配列とは異なる、SEQ ID NO: 5 - 8を明確に同定する固有のポリヌクレオチド配列の領域を含む。SEQ ID NO: 5 - 8のある断片は、例えば、ハイブリダイゼーションや増幅技術、またはSEQ ID NO: 5 - 8を関連ポリヌクレオチド配列から区別する類似の方法に有用である。SEQ ID NO: 5 - 8の断片の正確な長さ及び断片に対応するSEQ ID NO: 5 - 8の領域は、断片に対する意図した目的に基づき当業者が慣例的に決定することが可能である。

#### 【0064】

SEQ ID NO: 1 - 4のある断片は、SEQ ID NO: 5 - 8の断片によってコードされる。SEQ ID NO: 1 - 4のある断片は、SEQ ID NO: 1 - 4を特異的に同定する固有のアミノ酸配列の領域を含む。例えば、SEQ ID NO: 1 - 4のある断片は、SEQ ID NO: 1 - 4を特異的に認識する抗体の開発における免疫原性ペプチドとして有用である。SEQ ID NO: 1 - 4のある断片の正確な長さとその断片に対応するSEQ ID NO: 1 - 4での領域は、その断片の目的に基づいて当分野で一般的な技術によって日常的に決定できる。

#### 【0065】

「完全長」ポリヌクレオチド配列とは、少なくとも1つの翻訳開始コドン(例えばメチオニン)、オープンリーディングフレーム及び翻訳終止コドンを有する配列である。「完全長」ポリヌクレオチド配列は、「完全長」ポリペプチド配列をコードする。

#### 【0066】

「相同性」の語は、2つ以上のポリヌクレオチド配列または2つ以上のポリペプチド配列の配列類似性、または互換的に配列同一性を意味する。

#### 【0067】

ポリヌクレオチド配列についての用語「一致率」または「一致性%」とは、標準化されたアルゴリズムを用いてアラインメントされる、2つ以上のポリヌクレオチド配列間の一致する残基の百分率のことである。このようなアルゴリズムは、2配列間のアラインメントを最適化するために比較する配列において、標準化された再現性のある方法でギャップを挿入するので、2つの配列をより有意に比較できる。

#### 【0068】

ポリヌクレオチド配列間の一致率は、MEGALIGN version 3.12e配列アラインメントプログラムに組込まれているようなCLUSTAL Vアルゴリズムのデフォルトパラメータを用いて決定できる。このプログラムはLASERGENEソフトウェアパッケージの一部であり、一式の分子生物学分析プログラム(DNA STAR, Madison WI)である。CLUSTAL Vについては、Higgins, D.G. およびP.M. Sharp (1989) CABIOS 5: 151 - 153及びHiggins, D.G. 他 (1992) CABIOS 8: 189 - 191の文献に記載されている。ポリヌクレオチド配列の対をなすアラインメントの場合、デフォルトパラメ

ータは、`K t u p l e = 2`、`g a p p e n a l t y = 5`、`w i n d o w = 4`、「`d i a g o n a l s s a v e d`」= 4と設定する。デフォルトとして「重みづけされた」残基の重みづけ表を選択する。一致率は、アラインメントされたポリヌクレオチド配列間の「類似性パーセント」として`C L U S T A L V`によって報告される。

【0069】

或いは、一般的に用いられ且つ自由に入手できる配列比較アルゴリズム一式が、国立バイオテクノロジー情報センター(NCBI) Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) から提供されており (Altschul, S. F. 他 (1990) J. Mol. Biol. 215: 403-410)、これはメリーランド州ベセスダにあるNCBI及びインターネット (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/>) を含む幾つかの情報源から入手可能である。このBLASTソフトウェア一式には、既知のポリヌクレオチド配列と様々なデータベースの別のポリヌクレオチド配列とのアラインメントに用いられる「`blastn`」を含む、様々な配列分析プログラムが含まれる。「BLAST 2 Sequences」と呼ばれるツールが入手可能であり、2つのヌクレオチド配列の対を直接比較するために用いられる。「BLAST 2 Sequences」は、<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gorf/b12.html> にアクセスして、対話形式で利用できる。「BLAST 2 Sequences」ツールは、`blastn` 及び `blastp` (以下に記載) の両方に用いることができる。BLASTプログラムは、一般的には、ギャップ及びデフォルト設定に設定された他のパラメータと共に用いる。例えば、2つのヌクレオチド配列を比較する場合、ある者は、デフォルトパラメータに設定された「BLAST 2 Sequences」ツール Version 2.0.12 (April - 21 - 2000) で `blastn` を使用するであろう。デフォルトパラメータの設定例を以下に示す。

【0070】

Matrix: BLOSUM62  
 Reward for match: 1  
 Penalty for mismatch: -2  
 Open Gap: 5 及び Extension Gap: 2 penalties  
 Gap x drop-off: 50  
 Expect: 10  
 Word Size: 11  
 Filter: on

【0071】

一致率は、ある定義された配列の全長(例えば特定のSEQ IDナンバーで定義された配列)で測定し得る。或いは、より短い長さ、例えば、定義された、より大きな配列から得られた断片(例えば少なくとも20、30、40、50、70、100または200の連続したヌクレオチドの断片)の長さと比較して一致率を測定してもよい。ここに挙げた長さは単なる例示的なものに過ぎず、表、図及び配列リストを含めた本明細書に記載された配列に裏付けられた任意の配列長さの断片を用いて、一致率を測定し得る長さを説明し得ることを理解されたい。

【0072】

高度の相同性を示さない核酸配列が、それにもかかわらず遺伝子コードの縮重が原因で類似のアミノ酸配列をコードする場合がある。この縮重を利用して核酸配列内で変化を生じさせて、全ての核酸配列が実質上同一のタンパク質をコードするような多数の核酸配列を生成し得ることを理解されたい。

【0073】

ポリペプチド配列に用いられる用語「一致率」または「一致性%」とは、標準化されたア

10

20

30

40

50

ルゴリズムを用いてアラインメントされる2つ以上のポリペプチド配列間の一致する残基の百分率のことである。ポリペプチド配列アラインメントの方法は公知である。保存的アミノ酸置換を考慮するアラインメント方法もある。既に詳述したこのような保存的置換は通常、置換部位の酸性度及び疎水性を保存するので、ポリペプチドの構造を（従って機能も）保存する。

【0074】

ポリペプチド配列間の一致率は、MEGALIGN version 3.12e 配列アラインメントプログラムに組込まれているようなCLUSTAL Vアルゴリズムのデフォルトのパラメータを用いて決定できる（既に説明したのでそれを参照されたい）。CLUSTAL Vを用いて、ポリペプチド配列を2つ1組でアラインメントする際のデフォルトパラメータは、Ktuple = 1、gap penalty = 3、window = 5、「diagonals saved」= 5と設定する。デフォルトの残基重み付け表としてPAM250マトリクスを選択する。ポリヌクレオチドアラインメントと同様に、アラインメントされたポリペプチド配列の対の同一性のパーセントは、「類似性パーセント」としてCLUSTAL Vによって報告される。

10

【0075】

或いは、NCBI BLASTソフトウェア一式を用いてもよい。例えば、2つのポリペプチド配列を対で比較をする場合、ある者は、デフォルトパラメータで設定された「BLAST 2 Sequences」ツールVersion 2.0.12 (Apr - 21 - 2000)でblastpを使用するであろう。デフォルトパラメータの設定例を以下に示す。

20

【0076】

Matrix: BLOSUM62  
Open Gap: 11 及び Extension Gap: 1 penalties  
Gap x drop-off: 50  
Expect: 10  
Word Size: 3  
Filter: on

【0077】

一致率は、ある定義された配列の全長（例えば特定のSEQ IDナンバーで定義された配列）で測定し得る。或いは、より短い長さ、例えば、定義された、より大きな配列から得られた断片（例えば少なくとも15、20、30、40、50、70、または150の連続したヌクレオチドの断片）の長さと比較して一致率を測定してもよい。ここに挙げた長さは単なる例示的なものに過ぎず、表、図及び配列リストを含めた本明細書に記載された配列に裏付けられた任意の配列長さの断片を用いて、或る長さであってその長さに対して一致率を測定し得る長さを説明し得ることを理解されたい。

30

【0078】

「ヒト人工染色体（HAC）」は、約6 kb（キロベース）～10 MbのサイズのDNA配列を含み得る、安定した染色体複製の分離及び維持に必要な全てのエレメントを含む直鎖状の小染色体である。

40

【0079】

用語「ヒト化抗体」は、もとの結合能力を保持しつつよりヒトの抗体に似せるために、非抗原結合領域のアミノ酸配列が変えられた抗体分子を指す。

【0080】

「ハイブリダイゼーション」とは、所定のハイブリダイゼーション条件下で、ある一本鎖ポリヌクレオチドがある相補的な一本鎖と塩基対を形成するアニーリングのプロセスである。特異的ハイブリダイゼーションは、2つの核酸配列が高い相同性を共有することを示すものである。アニーリングが許容される条件下で、特異的なハイブリダイゼーション複合体が形成され、「洗浄」過程の後もハイブリダイズしたままである。洗浄ステップは、

50

ハイブリダイゼーションプロセスのストリンジェンシーを決定する際に特に重要であり、更にストリンジェントな条件では、非特異結合（即ち完全には一致しない核酸鎖間の対の結合）が減少する。核酸配列のアニールングに対する許容条件は、本技術分野における当業者が慣例的に決定できる。許容条件はハイブリダイゼーション実験の間は一定でよいが、洗浄条件は所望のストリンジェンシーを得るように、従ってハイブリダイゼーション特異性も得るように実験中に変更することができる。アニールングが許容される条件は、例えば、温度が68℃で、約6×SSC、約1%（w/v）のSDS、並びに約100μg/mlのせん断して変性したサケ精子DNAが含まれる。

#### 【0081】

一般に、ハイブリダイゼーションのストリンジェンシーは或る程度、洗浄ステップを実行する温度を基準にして表すことができる。このような洗浄温度は通常、所定のイオン強度及びpHにおける特異配列の融点（ $T_m$ ）より約5～20℃低くなるように選択する。この $T_m$ は、所定のイオン強度及びpHの条件下で、完全に一致するプローブに標的配列の50%がハイブリダイズする温度である。 $T_m$ を計算する式及び核酸のハイブリダイゼーション条件はよく知られており、Sambrook他（1989）Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 第2版, 1-3巻, Cold Spring Harbor Press, Plainview NYに記載されており、特に2巻の9章を参照されたい。

#### 【0082】

本発明のポリヌクレオチド間の高いストリンジェンシーのハイブリダイゼーションでは、約0.2×SSC及び約0.1%のSDSの存在の下、約68℃で1時間の洗浄過程を含む。別法では、65℃、60℃、55℃、または42℃の温度で行う。SSC濃度は、約0.1%のSDS存在下で、約0.1～2×SSCの範囲で変化し得る。通常は、ブロッキング剤を用いて非特異的ハイブリダイゼーションを阻止する。このようなブロッキング剤には、例えば、約100～200μg/mlの変性サケ精子DNAがある。例えばRNAとDNAのハイブリダイゼーションのような特定条件下では、有機溶剤、例えば約35～50%v/vの濃度のホルムアミドを用いることもできる。洗浄条件の有用なバリエーションは、当業者には自明であろう。ハイブリダイゼーションは、特に高ストリンジェント条件下では、ヌクレオチド間の進化的な類似性を示唆し得る。このような類似性は、ヌクレオチド及びヌクレオチドにコードされるポリペプチドに対する類似の役割を強く示唆している。

#### 【0083】

用語「ハイブリダイゼーション複合体」は、相補的な塩基間の水素結合によって、形成された2つの核酸配列の複合体を指す。ハイブリダイゼーション複合体は、溶解状態で形成し得る（C<sub>0</sub>tまたはR<sub>0</sub>t解析等）。或いは、一方の核酸配列が溶解状態で存在し、もう一方の核酸配列が固体支持体（例えば紙、膜、フィルタ、チップ、ピンまたはガラススライド、或いは他の適切な基質であって細胞若しくはその核酸が固定される基質）に固定されているような2つの核酸配列間に形成され得る。

#### 【0084】

用語「挿入」或いは「付加」は、1個以上のアミノ酸残基或いはヌクレオチドがそれぞれ追加されるアミノ酸配列或いは核酸配列の変化を指す。

#### 【0085】

「免疫応答」は、炎症、外傷、免疫異常症、伝染性疾患または遺伝性疾患に関連する症状を指し得る。これらの症状は、細胞及び全身の防御系に作用し得る種々の因子、例えばサイトカイン、ケモカイン、その他のシグナル伝達分子の発現によって特徴づけることができる。

#### 【0086】

用語「免疫原性断片」は、例えば哺乳動物などの生きている動物に導入すると、免疫反応を引き起こすHPDEのポリペプチド断片またはオリゴペプチド断片を指す。用語「免疫原性断片」はまた、本明細書で開示するまたは当分野で周知のあらゆる抗体生産方法に有

用なHPDEのポリペプチド断片またはオリゴペプチド断片を含む。

【0087】

用語「マイクロアレイ」は、基質上の複数のポリヌクレオチド、ポリペプチドまたはその他の化合物の構成を指す。

【0088】

用語「エレメント」または「アレイエレメント」は、マイクロアレイ上に固有の指定された位置を有する、ポリヌクレオチド、ポリペプチドまたはその他の化合物を指す。

【0089】

用語「調節」は、HPDEの活性の変化を指す。例えば、調節によって、HPDEのタンパク質活性、或いは結合特性、またはその他の生物学的特性、機能的特性或いは免疫学的特性の変化が起こる。

10

【0090】

「核酸」及び「核酸配列」の語は、ヌクレオチド、オリゴヌクレオチド、ポリヌクレオチドまたはこれらの断片を指す。「核酸」及び「核酸配列」の語は、ゲノム起源または合成起源のDNAまたはRNAであって一本鎖または二本鎖であるか或いはセンス鎖またはアンチセンス鎖を表し得るようなDNAまたはRNAや、ペプチド核酸(PNA)や、任意のDNA様またはRNA様物質を指すこともある。

【0091】

「機能的にリンクした」は、第1の核酸配列と第2の核酸配列が機能的な関係にある状態を指す。例えば、プロモーターがコード配列の転写または発現に影響を及ぼす場合には、そのプロモーターはそのコード配列に機能的にリンクしている。機能的にリンクしたDNA配列は非常に近接するか、或いは連続し得る。そして、2つのタンパク質コード領域を結合する必要がある場合は、同一のリーディングフレーム内にある。

20

【0092】

「ペプチド核酸」(PNA)は、アンチセンス分子または抗遺伝子物質であって、リジンを末端とするアミノ酸残基のペプチドバックボーンに結合した、少なくとも約5ヌクレオチドの長さのオリゴヌクレオチドからなるものを指す。末端のリジンは、成分に溶解性を与える。PNAは、相補的一本鎖DNAまたはRNAに優先的に結合して転写の拡張を停止するものであり、ポリエチレングリコール化して細胞におけるPNAの寿命を延長し得る。

30

【0093】

HPDEの「翻訳後修飾」には、脂質化、グリコシル化、リン酸化、アセチル化、ラセミ化、蛋白分解性切断及びその他の当分野で既知の修飾を含まれ得る。これらのプロセスは、化学合成的に、或いは生化学的に生じ得る。生化学的修飾は、HPDEの酵素環境に依存し、細胞の種類によって異なり得る。

【0094】

「プローブ」とは、同一の核酸配列、対立遺伝子核酸配列、または関連する核酸配列の検出に用いる、HPDEやそれらの相補配列、またはそれらの断片をコードする核酸配列のことである。プローブは、単離されたオリゴヌクレオチドまたはポリヌクレオチドであって、検出可能な標識またはレポーター分子に結合したものである。典型的な標識には、放射性アイソトープ、リガンド、化学発光試薬及び酵素がある。「プライマー」とは、相補的な塩基対を形成して標的のポリヌクレオチドにアニーリング可能な、通常はDNAオリゴヌクレオチドである短い核酸である。プライマーは次に、DNAポリメラーゼ酵素によって標的DNA鎖に沿って伸長し得る。プライマー対は、例えばポリメラーゼ連鎖反応(PCR)による核酸配列の増幅(及び同定)に用い得る。

40

【0095】

本発明に用いるようなプローブ及びプライマーは通常、既知の配列の少なくとも15の連続したヌクレオチドを含んでいる。特異性を高めるために長めのプローブ及びプライマー、例えば開示した核酸配列の少なくとも20、25、30、40、50、60、70、80、90、100または150の連続したヌクレオチドからなるようなプローブ及びプラ

50

イマーを用いてもよい。これよりもかなり長いプローブ及びプライマーもある。表、図面及び配列リストを含む本明細書に裏付けされた任意の長さのヌクレオチドを用いることができるものと理解されたい。

【0096】

プローブ及びプライマーの調製及び使用方法については、Sambrook, J. ら (1989) Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 第2版, 1-3巻, Cold Spring Harbor Press, Plainview NY、Ausubel, F.M. ら, (1987) Current Protocols in Molecular Biology, Greene Publi. Assoc. & Wiley-Intersciences, New York NY、Innisら (1990) PCR Protocols, A Guide to Methods and Applications Academic Press, San Diego CA等を参照されたい。PCRプライマー対は、その目的のためのコンピュータプログラム、例えばPrimer (Version 0.5, 1991, Whitehead Institute for Biomedical Research, Cambridge MA)を用いるなどして既知の配列から得ることができる。

10

【0097】

プライマーとして用いるオリゴヌクレオチドの選択は、そのような目的のために本技術分野でよく知られているソフトウェアを用いて行う。例えばOLIGO 4.06ソフトウェアは、各100ヌクレオチドまでのPCRプライマー対の選択に有用であり、オリゴヌクレオチド及び最大5,000までの大きめのポリヌクレオチドであって32キロベースまでのインプットポリヌクレオチド配列から得たものを分析するのにも有用である。類似のプライマー選択プログラムには、拡張能力のための追加機能が組込まれている。例えば、PrimOUプライマー選択プログラム(テキサス州ダラスにあるテキサス大学南西部医療センターのゲノムセンターから一般向けに入手可能)は、メガベース配列から特定のプライマーを選択することが可能であり、従ってゲノム全体の範囲でプライマーを設計するのに有用である。Primer3プライマー選択プログラム(マサチューセッツ州ケンブリッジのWhitehead Institute/MITゲノム研究センターから一般向けに入手可能)ではユーザーが「ミスプライミング・ライブラリ」をインプットすることができ、ここでプライマー結合部位として避けたい配列はユーザーが指定する。また、Primer3は、特にマイクロアレイのオリゴヌクレオチドの選択に有用である(後の方の2つのプライマー選択プログラムのソースコードは、それぞれのソースから得ることができ、ユーザーのニーズを満たすように変更することもできる)。PrimerGenプログラム(英国ケンブリッジの英国ヒトゲノムマッピングプロジェクト-リソースセンターから一般向けに入手可能)は、多数の配列アラインメントに基づいてプライマーを設計し、それによって、アラインメントされた核酸配列の最大保存領域または最小保存領域の何れかとハイブリダイズするようなプライマーの選択を可能にする。従って、このプログラムは、固有な、および保存されたオリゴヌクレオチド及びポリヌクレオチドの断片の同定に有用である。上記選択方法のいずれかによって同定したオリゴヌクレオチド及びポリヌクレオチドの断片は、ハイブリダイゼーション技術において、例えばPCRまたはシーケンシングプライマーとして、マイクロアレイエレメントとして、或いは核酸のサンプルにおいて完全または部分的相補的ポリヌクレオチドを同定する特異プローブとして有用である。オリゴヌクレオチドの選択方法は、上記の方法に限定されるものではない。

20

30

40

【0098】

「組換え核酸」は天然配列ではない配列であるか或いは人為的に組み合わせなければ離隔しているような配列の2以上のセグメントを人為的に組み合わせで産出した配列を有する配列である。この人為的組合せは、しばしば化学合成によって達成するが、より一般的には核酸の単離セグメントの人為的操作によって(例えばのSambrookらの文献(前出)に記載されているような遺伝子工学的的手法によって)達成する。組換え核酸の語は、単に核酸の一部を付加、置換または欠失した変異核酸も含む。しばしば組換え核酸には、

50

プロモーター配列に機能的にリンクした核酸配列が含まれる。このような組換え核酸は、例えばある細胞を形質転換するために使用されるベクターの一部とすることが可能である。

【0099】

或いはこのような組換え核酸は、ウイルスベクターの一部であって、例えばワクシニアウイルスに基づくものであり得る。そのようなワクシニアウイルスは哺乳動物に接種され、その組換え核酸が発現されて、その哺乳動物ないで防御免疫応答を誘導するように使用することができる。

【0100】

「調節エレメント」は、通常は遺伝子の非翻訳領域に由来する核酸配列であり、エンハンサー、プロモーター、イントロン及び5'及び3'の非翻訳領域(UTR)を含む。調節エレメントは、転写、翻訳またはRNA安定性を調節する宿主タンパク質またはウイルスタンパク質と相互作用する。

10

【0101】

「レポーター分子」は、核酸、アミノ酸または抗体の標識に用いられる化学的または生化学的部分である。レポーター分子には、放射性核種、酵素、蛍光剤、化学発光剤、発色剤、基質、補助因子、阻害因子、磁気粒子及びその他の当分野で既知の成分がある。

【0102】

本明細書において、DNA配列に対する「RNA等価物」とは、基準となるDNA配列と同じ直鎖の核酸配列から構成されるが、窒素性塩基のチミンがウラシルに置換され、糖鎖のバックボーンがデオキシリボースではなくリボースからなる。

20

【0103】

用語「サンプル」は、その最も広い意味で用いられている。HPDE、HPDEをコードする核酸、またはその断片を含むと推定されるサンプルは、体液と、細胞からの抽出物や細胞から単離された染色体や細胞内小器官、膜と、細胞と、溶液中に存在するまたは基板に固定されたゲノムDNA、RNA、cDNAと、組織と、組織プリント等を含み得る。

【0104】

用語「特異的結合」及び「特異的に結合する」は、タンパク質若しくはペプチドと、アゴニスト、抗体、アンタゴニスト、小分子、若しくは任意の天然若しくは合成の結合組成物との間の相互作用を指す。この相互作用は、タンパク質の特定の構造(例えば抗原決定基即ちエピトープ)であって結合分子が認識するものが存在するか否かに依存していることを意味している。例えば、抗体がエピトープ「A」に対して特異的である場合、結合していない標識した「A」及び抗体を含む反応液に、エピトープAを含むポリペプチド或いは結合していない無標識の「A」が存在すると、抗体と結合する標識Aの量が減少する。

30

【0105】

用語「実質的に精製された」は、自然の環境から取り除かれてから、単離或いは分離された核酸配列或いはアミノ酸配列であって、自然に結合している組成物が少なくとも約60%除去されたものであり、好ましくは約75%以上の除去、最も好ましくは90%以上除去されたものを指す。

【0106】

「置換」とは、一つ以上のアミノ酸またはヌクレオチドをそれぞれ別のアミノ酸またはヌクレオチドに置き換えることである。

40

【0107】

用語「基板」は、任意の好適な固体或いは半固体の支持物を指し、膜及びフィルター、チップ、スライド、ウエハ、ファイバー、磁気または非磁気ビード、ゲル、チューブ、プレート、ポリマー、微小粒子、毛細管が含まれる。基質は、壁、溝、ピン、チャネル、孔等、様々な表面形態を有することができ、基質表面にはポリヌクレオチドやポリペプチドが結合する。

【0108】

「転写イメージ」は、所定条件下での所定時間における特定の細胞の種類または組織によ

50

る集合的遺伝子発現のパターンを指す。

【0109】

「形質転換」とは、外来DNAが受容細胞に導入されるプロセスのことである。形質転換は、本技術分野で知られている種々の方法に従って自然条件または人工条件下で生じ得るものであり、外来性の核酸配列を原核宿主細胞または真核宿主細胞に挿入する任意の既知の方法を基にし得る。形質転換の方法は、形質転換する宿主細胞の種類によって選択する。限定するものではないが形質転換方法には、ウイルス感染、電気穿孔法（エレクトロポレーション）、熱ショック、リポフェクション及び微粒子銃を用いる方法がある。「形質転換された」細胞には、導入されたDNAが自律的に複製するプラスミドとして或いは宿主染色体の一部として複製可能である安定的に形質転換された細胞が含まれる。さらに、限られた時間に一時的に導入DNA若しくは導入RNAを発現する細胞も含まれる。

10

【0110】

ここで用いる「遺伝形質転換体」とは任意の有機体であり、限定するものではないが動植物を含み、有機体の1個若しくは数個の細胞が、ヒトの関与によって、例えば本技術分野でよく知られている形質転換技術によって導入された異種核酸を有する。核酸の細胞への導入は、直接または間接的に、細胞の前駆物質に導入することによって、計画的な遺伝子操作によって、例えば微量注射法によって或いは組換えウイルスの導入によって行う。遺伝子操作の語は、古典的な交雑育種或いは *in vitro* 受精を指すものではなく、組換えDNA分子の導入を指すものである。本発明に基づいて予期される遺伝形質転換体には、バクテリア、シアノバクテリア、真菌及び動植物がある。本発明の単離されたDNAは、本技術分野で知られている方法、例えば感染、形質移入、形質転換またはトランス接合によって宿主に導入することができる。本発明のDNAをこのような有機体に移入する技術はよく知られており、前出の Sambrook 他（1989）等の参考文献に与えられている。

20

【0111】

特定の核酸配列の「変異配列」とは、デフォルトパラメータ設定の「BLAST 2 Sequences」ツール Version 2.0.9（May - 07 - 1999）を用いる *blastn* によって、ある核酸配列のある長さに対する該特定の核酸配列の同一性が、少なくとも40%と決定された核酸配列のことである。このような核酸対は、所定の長さに対して、例えば少なくとも50%、60%、70%、80%、85%、90%、91%、92%、93%、94%、95%、96%、97%、98%、99%またはそれ以上の相同性を示し得る。ある変異配列は、例えば、「対立遺伝子」変異配列（上述）または「スプライシング」変異配列、「種」変異配列、「多型」変異配列と表すことができる。スプライシング変異体は参照分子とかなりの相同性を有し得るが、mRNAプロセッシング中のエキソンの異なるスプライシングによって通常多数の或いは僅かな数のポリヌクレオチドを有することになる。対応するポリペプチドは、追加機能ドメインを有するか或いは参照分子に存在するドメインが欠落していることがある。種変異体は、種によって異なるポリヌクレオチド配列である。結果的に生じるポリペプチドは通常、相互にかなりのアミノ酸相同性を有する。多型変異体は、与えられた種の個体間で特定の遺伝子のポリヌクレオチド配列が異なる。多型変異配列はまた、ポリヌクレオチド配列の1つのヌクレオチドが異なる「1塩基多型性」（SNP）も含み得る。SNPの存在は、例えば特定の個体群、病状または病状性向を示し得る。

30

40

【0112】

特定のポリペプチド配列の「変異体」とは、デフォルトパラメータ設定の「BLAST 2 Sequences」ツール Version 2.0.9（May - 07 - 1999）を用いる *blastp* によって、ある核酸配列のある長さに対する該特定のポリペプチド配列の同一性が、少なくとも40%と決定されたポリペプチド配列のことである。このようなポリペプチド対は、所定の長さに対して、例えば少なくとも50%、60%、70%、80%、90%、91%、92%、93%、94%、95%、96%、97%、98%、99%またはそれ以上の配列同一性を示し得る。

50

## 【0113】

(発明)

本発明は、新規のヒトのホスホジエステラーゼ (HPDE) 及びHPDEをコードするポリヌクレオチドの発見に基づき、これらの組成物を利用した眼の疾患、神経系疾患、心血管疾患、細胞増殖異常、および自己免疫/炎症性の疾患の診断、治療、及び予防に関する。

## 【0114】

表1は、本発明の完全長ポリヌクレオチド配列及びポリペプチド配列の命名の概略である。各ポリヌクレオチド及びその対応するポリペプチドは、1つのIncyteプロジェクト識別番号 (IncyteプロジェクトID) と相関する。各ポリペプチド配列は、ポリペプチド配列識別番号 (ポリペプチドSEQ ID NO) とIncyteポリペプチド配列番号 (IncyteポリペプチドID) によって表示した。各ポリヌクレオチド配列は、ポリヌクレオチド配列識別番号 (ポリヌクレオチドSEQ ID NO) とIncyteポリヌクレオチドコンセンサス配列番号 (IncyteポリヌクレオチドID) によって表示した。

10

## 【0115】

表2は、GenBankタンパク質 (genpept) データベースに対するBLAST分析によって同定されたような、本発明のポリペプチドとの相同性を有する配列を示している。列1および列2はそれぞれ、本発明の各ポリペプチドに対するポリペプチド配列識別番号 (Polypeptide SEQ ID NO: ) およびそれに対応するIncyteポリペプチド配列番号 (Incyte Polypeptide ID) を示す。列3は、GenBankの最も近い相同体のGenBankの識別番号 (Genbank ID NO: ) を示す。列4は、各ポリペプチドとそのGenBank相同体との間の一致を表す確率スコアを示す。列5は、GwnBank相同体のアノテーションを示す。

20

## 【0116】

表3は、本発明の各ポリペプチドの様々な構造的特徴を示す。列1および列2はそれぞれ、本発明の各ポリペプチドのポリペプチド配列識別番号 (SEQ ID NO: ) およびそれに対応するインサイトポリペプチド配列番号 (Incyte Polypeptide ID) を示す。列3は、各ポリペプチドのアミノ酸残基数を示す。列4および列5はそれぞれ、GCG配列分析ソフトウェアパッケージのMOTIFSプログラム (Genetics Computer Group, Madison WI) によって決定された、リン酸化およびグリコシル化の可能性のある部位を示す。列6は、シグネチャ配列、ドメイン、およびモチーフを含むアミノ酸残基を示す。列7は、タンパク質の構造/機能の分析のための分析方法を示し、該当箇所にはさらに分析方法に利用した検索可能なデータベースを示す。

30

## 【0117】

表2及び3は共に、本発明の各々のポリペプチドの特性を要約しており、それら特性が請求の範囲に記載されたポリペプチドがホスホジエステラーゼであることを確立している。例えば、SEQ ID NO: 1は、マウスPDE7B (GenBank ID g6694239) と92%の同一性を有することがBasic Local Alignment Search Tool (BLAST) によって示された (表2参照)。BLAST確率スコアは  $9.0e-213$  であり、これは観測されたポリペプチド配列アラインメントが偶然に得られる確率を示している。SEQ ID NO: 1はまた、3', 5'-サイクリックヌクレオチドホスホジエステラーゼのドメインを有するが、これは、隠れマルコフモデル (HMM) を基にした保存されたタンパク質ファミリードメインのPFAMデータベースにおいて、統計的に有意な一致を検索して決定された (表3参照)。PROFILESCAN及びBLIMPSの解析よりのデータは、SEQ ID NO: 1が3', 5'-サイクリックヌクレオチドホスホジエステラーゼであることをさらに確証する証拠を提供する。別の例において、SEQ ID NO: 2が、マウスPDE8 (GenBank ID g3347863) と65%の同一性を有することがBasic Local Al

40

50

ignment Search Tool (BLAST)によって示された(表2参照)。BLAST確率スコアは $5.3 \times 10^{-284}$ であり、これは保存されたポリペプチド配列アラインメントが偶然に得られる確率を示している。SEQ ID NO: 2はまた、3', 5'-サイクリックヌクレオチドホスホジエステラーゼのドメインを有するが、これは、隠れマルコフモデル(HMM)を基にした保存されたタンパク質ファミリドメインのPFAMデータベースにおいて、統計的に有意な一致を検索して決定された(表3参照)。PROFILESCAN、MOTIFS、及びBLIMPSの解析よりのデータは、SEQ ID NO: 2が3', 5'-サイクリックヌクレオチドホスホジエステラーゼであることをさらに確証する証拠を提供する。

別の例において、SEQ ID NO: 3はBasic Local Alignment Search Tool (BLAST)によって決定されるように、放射線耐性細菌(*Deinococcus radiodurans*)のグリセロホスホリルジエステルホスホジエステラーゼ(GenBank ID g6459876)に35%同一である(表2参照)。BLAST確率スコアは $2.3 \times 10^{-12}$ であり、これは観測されたポリペプチド配列アラインメントが偶然に得られる確率を示している。BLIMPSおよびBLASTの解析よりのデータは、SEQ ID NO: 3がグリセロホスホリルジエステルホスホジエステラーゼである、さらに確証的な証拠を提供する。グリセロホスホリルジエステルホスホジエステラーゼは、ジアセチル化リン脂質グリセロホスホジエステルを加水分解してsn-グリセロール-3-リン酸およびアルコールを生成する(表3参照)。

#### 【0118】

別の例において、Basic Local Alignment Search Tool (BLAST)によって決定されるようにSEQ ID NO: 4はシロイヌナズナのヌクレオチドピロホスファターゼ様たんぱく質(GenBank ID g5123564)に33%同一である(表2参照)。BLAST確率スコアは $4.7 \times 10^{-50}$ であり、これは観測されたポリペプチド配列アラインメントが偶然に得られる確率を示している。SEQ ID NO: 4はまた、タイプIホスホジエステラーゼドメインを有するが、これは、隠れマルコフモデル(HMM)を基にした保存されたタンパク質ファミリドメインのPFAMデータベースにおいて、統計的に有意な一致を検索して決定された(表3参照)。PRODOMデータベースに対するBLAST解析よりのデータは、SEQ ID NO: 4がヌクレオチドホスホジエステラーゼであることをさらに確証する証拠を提供する。SEQ ID NO: 1-4の解析のためのアルゴリズム及びパラメータが表7で記述されている。

#### 【0119】

表4に示すように、本発明の完全長ポリヌクレオチド配列は、cDNA配列またはゲノムDNA由来のコード(エキソン)配列を用いて、或いはこれら2種類の配列を任意に組み合わせて構築した。列1および列2はそれぞれ、本発明の各ポリヌクレオチドのポリヌクレオチド配列識別番号(Polynucleotide SEQ ID NO: )およびそれに対応するIncyteポリヌクレオチドコンセンサス配列番号(Incyte Polynucleotide ID)を示す。列3は、塩基対における各ポリヌクレオチド配列の長さを示す。列4は、例えば、SEQ ID NO: 5-8を同定するため、或いはSEQ ID NO: 5-8と関連するポリヌクレオチド配列とを区別するためのハイブリダイゼーションまたは増幅技術に有用なポリヌクレオチド配列の断片を示す。列5はcDNA配列、ゲノムDNAから予想されたコード配列(エキソン)及び/またはcDNA及びゲノムDNAを共に有する配列集合に対応する識別番号を示している。これらの配列は、本発明の完全長ポリヌクレオチド配列を構築するのに用いた。表4の列6および列7はそれぞれ、列5の配列に対応するcDNA配列およびゲノム配列の開始ヌクレオチド(5')位置および終了ヌクレオチド(3')位置を示す。

#### 【0120】

表4の列5の識別番号は、特に例えばIncyte cDNAとそれに対応するcDNAライブラリを指す場合もある。例えば、1384207H1はIncyte cDNA配列

の識別番号であり、BRAITUT08はそれが由来するcDNAライブラリの識別番号である。cDNAライブラリが示されていないIncyte cDNAは、プールされているcDNAライブラリ(例えば、71123761V1)に由来する。或いは列5の識別番号は、完全長ポリヌクレオチド配列のアセンブリに寄与するGenBank cDNAまたはESTを指す場合もある。或いは列5の識別番号は、ゲノムDNAのGenscan分析により予想されるコード領域を指す場合もある。このGenscan推定コード配列は、配列を構築する前に編集されている場合がある(実施例4を参照)。または列5の識別番号は、「エキソンスティック(exon-stitching)」アルゴリズムにより結び合わせたcDNA及びGenscan予想エキソンの両方からなる群を意味する場合がある(実施例5を参照)。または、列5の識別番号は、「エキソンストレッチング」アルゴリズムによってcDNAおよびGenscan推定エキソンの両方からなる群の場合もある(実施例5を参照)。場合によっては、列5に示されている配列の範囲と重複するIncyte cDNAの範囲が得られ、最終的なコンセンサス配列が決定されるが、それに相当するIncyte cDNAの識別番号は示されていない。

10

20

30

40

50

#### 【0121】

表5は、Incyte cDNA配列を用いて構築された完全長ポリヌクレオチド配列のための代表的なcDNAライブラリを示している。代表的なcDNAライブラリは、上記のポリヌクレオチド配列を構築及び確認するために用いられるIncyte cDNA配列によって、最も頻繁に代表されるIncyte cDNAライブラリである。cDNAライブラリを作製するために用いた組織及びベクターを表5に示し、表6で説明している。

#### 【0122】

本発明はまた、HPDEの変異体も含む。好適なHPDEの変異体は、HPDEの機能的或いは構造的特徴の少なくともどちらか一方を有し、かつHPDEアミノ酸配列に対して少なくとも約80%のアミノ酸配列同一性、或いは少なくとも約90%のアミノ酸配列同一性、更には少なくとも約95%のアミノ酸配列同一性を有する。

#### 【0123】

本発明はまた、HPDEをコードするポリヌクレオチドを提供する。特定の実施例において、本発明は、HPDEをコードするSEQ ID NO: 5-8からなる一群から選択された配列を含むポリヌクレオチド配列を提供する。配列表に示したSEQ ID NO: 5-8のポリヌクレオチド配列は、窒素系塩基のチミンがウラシルに置換され、糖鎖のバックボーンがデオキシリボースではなくリボースからなる等価RNA配列を含む。

#### 【0124】

本発明はまた、HPDEをコードするポリヌクレオチド配列の変異配列を含む。詳細には、このようなポリヌクレオチド配列の変異配列は、HPDEをコードするポリヌクレオチド配列と少なくとも約70%のポリヌクレオチド配列同一性、或いは少なくとも約85%のポリヌクレオチド配列同一性、更には少なくとも約95%ものポリヌクレオチド配列同一性を有する。本発明の或る実施態様では、SEQ ID NO: 5-8からなる群から選択されたアミノ酸配列と少なくとも約70%、或いは少なくとも約85%、または少なくとも約95%もの一致率を有するようなSEQ ID NO: 5-8からなる群から選択された配列を有するポリヌクレオチド配列の変異配列を含む。上記の任意のポリヌクレオチドの変異体は、HPDEの機能的若しくは構造的特徴を少なくとも1つ有するアミノ酸配列をコードし得る。

#### 【0125】

遺伝暗号の縮重により作り出され得るHPDEをコードする種々のポリヌクレオチド配列には、既知の自然発生する任意の遺伝子のポリヌクレオチド配列と最小の類似性しか有しないものも含まれることを、当業者は理解するであろう。したがって本発明には、可能コドン選択に基づく組合せの選択によって産出し得るようなありとあらゆる可能性のあるポリヌクレオチド配列変異体を網羅し得る。これらの組み合わせは、天然のHPDEのポリヌクレオチド配列に適用される標準的なトリプレット遺伝暗号を基に作られ、全ての変異

が明確に開示されているとみなす。

【0126】

HDP Eをコードするヌクレオチド配列及びその変異配列は一般に、好適に選択されたストリンジェントな条件下で、天然のHDP Eのヌクレオチド配列とハイブリダイズ可能であるが、非天然のコドンを含めるなどの実質的に異なった使い方のコドンを有するNHRE C或いはその誘導体をコードするヌクレオチド配列を作るとは有利となり得る。宿主が特定のコドンを利用する頻度に基づいて、特定の真核宿主又は原核宿主に発生するペプチドの発現率を高めるようにコドンを選択することが可能である。コードされたアミノ酸配列を変えないで、HPDE及びその誘導体をコードするヌクレオチド配列を実質的に変更する別の理由は、天然の配列から作られる転写物より例えば長い半減期など好ましい特性を備えるRNA転写物を作ることにある。

10

【0127】

本発明はまた、HPDE及びその誘導体をコードするDNA配列またはそれらの断片を完全に合成化学によって作り出すことも含む。作製後、当分野でよく知られている試薬を用いて、この合成配列を任意の様々な入手可能な発現ベクター及び細胞系中に挿入し得る。更に、合成化学を用いてHPDEまたはその任意の断片をコードする配列に突然変異を誘導し得る。

【0128】

更に本発明には、種々のストリンジェントな条件下で、請求項に記載されたポリヌクレオチド配列、特に、SEQ ID NO: 5 - 8及びそれらの断片とハイブリダイズ可能なポリヌクレオチド配列が含まれる(例えば、Wahl, G. M. 及びS. L. Berger (1987) *Methods Enzymol.* 152: 399 - 407、Kimmel, A. R. (1987) *Methods Enzymol.* 152: 507 - 511を参照)。アニーリング及び洗浄条件を含むハイブリダイゼーションの条件は、「定義」に記載されている。

20

【0129】

DNAシーケンシングの方法は当分野では公知であり、本発明のいずれの実施例もDNAシーケンシング方法を用いて実施可能である。DNAシーケンシング方法には酵素を用いることができ、例えばDNAポリメラーゼIのクレノウ断片、SEQUENASE (US Biochemical, Cleveland OH)、Taqポリメラーゼ (Applied Biosystems)、熱安定性T7ポリメラーゼ (Amersham, Pharmacia Biotech, Piscataway NJ)を用いることができる。或いは、例えばELONGASE増幅システム (Life Technologies, Gaithersburg MD)において見られるように、ポリメラーゼと校正エキソヌクレアーゼを併用することができる。好適には、MICROLAB 2200液体転移システム (Hamilton, Reno, NV)、PTC 200サーマルサイクラー (MJ Research, Watertown MA)及びABI CATALYST 800サーマルサイクラー (Applied Biosystems)等の装置を用いて配列の準備を自動化する。次に、ABI 373 或いは 377 DNAシーケンシングシステム (Applied Biosystems)、MEGABACE 1000 DNAシーケンシングシステム (Molecular Dynamics, Sunnyvale CA)または当分野でよく知られている他の方法を用いてシーケンシングを行う。結果として得られた配列を当分野でよく知られている種々のアルゴリズムを用いて分析する (Ausubel, F. M. (1997) Short Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, New York NY, unit 7.7、Meyers, R. A. (1995) Molecular Biology and Biotechnology, Wiley VCH, New York NY, 856 - 853ページ.等を参照)。

30

40

【0130】

当分野で周知のPCR法をベースにした種々の方法で、部分的なヌクレオチド配列を利用

50

して、HPDEをコードする核酸配列を伸長し、プロモーターや調節エレメントなどの上流にある配列を検出する。例えば、使用し得る方法の1つである制限部位PCR法は、ユニバーサルプライマー及びネステッドプライマーを用いてクローニングベクター内のゲノムDNAから未知の配列を増幅する方法である(Sarkar, G. (1993) PCR Methods Applic 2: 318-322等を参照)。別の方法に逆PCR法があり、これは広範な方向に伸長させたプライマーを用いて環状化した鋳型から未知の配列を増幅する方法である。鋳型は、既知のゲノム遺伝子座及びその周辺の配列からなる制限酵素断片から得る(Triglia, T. 他(1988) Nucleic Acids Res 16: 8186等を参照)。第3の方法としてキャプチャPCR法があり、これはヒト及び酵母菌人工染色体DNAの既知の配列に隣接するDNA断片をPCR増幅する方法に關与している(Lagerstrom, M. 他(1991) PCR Methods Applic 1: 111-119等を参照)。この方法では、PCRを行う前に複数の制限酵素の消化及びライゲーション反応を用いて未知の配列領域内に組換え二本鎖配列を挿入することが可能である。また、未知の配列を検索するために用い得る別の方法については当分野で知られている(Parker, J. D. 他(1991) Nucleic Acids Res. 19: 3055-3060等を参照)。更に、PCR、ネステッドプライマー及びPromoter Finder(商標)ライブラリ(Clonotech, Palo Alto CA)を用いてゲノムDNAをウォーキングすることができる。この手順は、ライブラリをスクリーニングする必要がなく、イントロン/エキソン接合部を見付けるのに有用である。全てのPCRベースの方法に対して、市販されているソフトウェア、例えばOLIGO 4.06プライマー分析ソフトウェア(National Biosciences, Plymouth MN)或いは別の好適なプログラムを用いて、長さが約22~30ヌクレオチド、GC含有率が約50%以上、温度約68~72で鋳型に対してアニーリングするようにプライマーを設計し得る。

#### 【0131】

完全長cDNAをスクリーニングする際は、より大きなcDNAを含むようにサイズ選択されたライブラリを用いるのが好ましい。更に、ランダムプライマーのライブラリは、しばしば遺伝子の5'領域を有する配列を含み、オリゴd(T)ライブラリが完全長cDNAを作製できない状況に対して好適である。ゲノムライブラリは、5'非転写調節領域への配列の伸長に有用である。

#### 【0132】

市販のキャピラリー電気泳動システムを用いて、シーケンシングまたはPCR産物のサイズを分析し、またはそのヌクレオチド配列を確認することができる。具体的には、キャピラリーシーケンシングは、電気泳動による分離のための流動性ポリマーと、4つの異なるヌクレオチドに特異的であるような、レーザーで活性化される蛍光色素と、発光された波長の検出に利用するCCDカメラとを有し得る。出力/光の強度は、適切なソフトウェア(Applied Biosystems社のGENOTYPER、SEQUENCE NAVIGATOR等)を用いて電気信号に変換し得る。サンプルのロードからコンピュータ分析及び電子データ表示までの全プロセスがコンピュータ制御可能である。キャピラリー電気泳動法は、特定のサンプルに少量しか存在しないようなDNA小断片のシーケンシングに特に適している。

#### 【0133】

本発明の別の実施例では、HPDEをコードするポリヌクレオチド配列またはその断片を組換えDNA分子にクローニングして、適切な宿主細胞内にHPDE、その断片または機能的等価物を発現させることが可能である。遺伝暗号固有の縮重により、実質的に同じ或いは機能的に等価のアミノ酸配列をコードする別のDNA配列が作られ得り、これらの配列をHPDEのクローン化及び発現に利用可能である。

#### 【0134】

種々の目的でHPDEをコードする配列を変えるために、当分野で一般的に知られている方法を用いて、本発明のヌクレオチド配列を組換えることができる。この目的には、遺伝

子産物のクローン化、プロセッシング及び/または発現の調節が含まれるが、これらに限定されるものではない。遺伝子断片及び合成オリゴヌクレオチドのランダムなフラグメンテーション及びPCR再アセンブリによるDNAシャッフリングを用い、ヌクレオチド配列を組み換えることが可能である。例えば、オリゴヌクレオチドを介した部位特異的変異誘導を利用して、新規な制限部位の作製、グリコシル化パターンの変更、コドン優先の変更、スプライシング変異体の生成等を起こす突然変異を導入し得る。

**【0135】**

本発明のヌクレオチドを、MOLECULAR BREEDING (Maxygen Inc., Santa Clara CA; 米国特許第5,837,458号; Chang, C.-C. 他(1999) Nat. Biotechnol. 17:793-797; Christians, F.C. 他(1999) Nat. Biotechnol. 17:259-264; Cramer, A. 他(1996) Nat. Biotechnol. 14:315-319)などのDNAシャッフリング技術を用いてシャッフリングして、HPDEの生物学的または酵素的な活性、或いは他の分子や化合物と結合する能力などのHPDEの生物学的特性を変更或いは改良することができる。DNAシャッフリングは、遺伝子断片のPCRを介する組換えを用いて遺伝子変異体のライブラリを生成するプロセスである。ライブラリはその後、その遺伝子変異体を所望の特性に同定するような選択またはスクリーニングにかける。次にこれらの好適な変異体をプールし、更に反復してDNAシャッフリング及び選択/スクリーニングを行ってもよい。従って、人工的な育種及び急速な分子の進化によって多様な遺伝子が作られる。例えば、ランダムポイント突然変異を有する単一の遺伝子の断片を組み換えて、スクリーニングし、その後所望の特性が最適化されるまでシャッフリングすることができる。或いは、所定の遺伝子を同種または異種のいずれかから得た同一遺伝子ファミリーの相同遺伝子と組み換え、それによって天然に存在する複数の遺伝子の遺伝多様性を、指図された制御可能な方法で最大化させることができる。

**【0136】**

別の実施例によれば、HPDEをコードする配列は、当分野で周知の化学的方法を用いて、全体或いは一部が合成可能である(例えば、Caruthers, M.H.ら(1980) Nucl. Acids Res. Symp. Ser. 7:215-223; 及びHorn, T. 他(1980) Nucl. Acids Res. Symp. Ser. 225-232を参照)。別法として、化学的方法を用いてHPDE自体またはその断片を合成することが可能である。例えば、種々の液相または固相技術を用いてペプチド合成を行うことができる(Creighton, T. (1984) Proteins, Structures and Molecular Properties, WH Freeman, New York NY, 55-60ページ、Roberge, J.Y. 他(1995) Science 269:202-204等を参照)。自動合成はABI 431Aペプチドシンセサイザ(Perkin Elmer)を用いて達成し得る。更にHPDEのアミノ酸配列または任意のその一部は、直接的な合成の際の変更、及び/または化学的方法を用いた他のタンパク質または任意のその一部からの配列との組み合わせにより、天然のポリペプチド配列を有するポリペプチドまたは変異体ポリペプチドを作製することが可能である。

**【0137】**

ペプチドは、分離用高速液体クロマトグラフィーを用いて実質上精製可能である(Chiez, R.M. 及び F.Z. Regnier (1990) Methods Enzymol. 182:392-421等を参照)。合成ペプチドの組成は、アミノ酸分析またはシーケンシングによって確認することができる(前出のCreighton, 28-53ページ等を参照)。

**【0138】**

生物学的に活性なHPDEを発現させるために、HPDEをコードするヌクレオチド配列またはその誘導体を好適な発現ベクターに挿入する。この発現ベクターは、好適な宿主に

挿入されたコーディング配列の転写及び翻訳の調節に必要な要素を含む。これらの要素には、ベクター及びHPDEをコードするポリヌクレオチド配列におけるエンハンサー、構成型及び発現誘導型のプロモーター、5'及び3'の非翻訳領域などの調節配列が含まれる。このような要素は、長さ及び特異性が様々である。特定の開始シグナルによって、HPDEをコードする配列のより効果的な翻訳を達成することが可能である。このようなシグナルには、ATG開始コドンと、コザック配列などの近傍の配列が含まれる。HPDEをコードする配列及びその開始コドン、上流の調節配列が好適な発現ベクターに挿入された場合は、更なる転写調節シグナルや翻訳調節シグナルは必要なくなるであろう。しかしながら、コーディング配列或いはその断片のみが挿入された場合は、インプレームのATG開始コドンを含む外来性の翻訳調節シグナルが発現ベクターに含まれるようにすべきである。外来性の翻訳要素及び開始コドンは、様々な天然物及び合成物を起源とし得る。用いられる特定の宿主細胞系に好適なエンハンサーを含めることで発現の効率を高めることが可能である(例えば、Scharf, D. 他(1994) *Results Probl. Cell Differ.* 201-18-162. を参照)。

#### 【0139】

当業者に周知の方法を用いて、HPDEをコードする配列、好適な転写及び翻訳調節エレメントを含む発現ベクターを作製することが可能である。この方法には、in vitro組換えDNA技術、合成技術及びin vivo遺伝子組換え技術がある(Sambrook, J. ら(1989) *Molecular Cloning. A Laboratory Manual*, Cold Spring Harbor Press, Plainview NYの4, 8, 16-17章、Ausubel, F.M. ら(1995) *Current Protocols in Molecular Biology*, John Wiley & Sons, New York NYの9, 13, 16章等を参照)。

#### 【0140】

種々の発現ベクター/宿主系を利用して、HPDEをコードする配列の保持及び発現が可能である。限定するものではないがこのような発現ベクター/宿主系には、組換えバクテリオファージ、プラスミドまたはコスミドDNA発現ベクターで形質転換させた細菌や、酵母菌発現ベクターで形質転換させた酵母菌や、ウイルス発現ベクター(例えばバキュロウイルス)に感染した昆虫細胞系や、ウイルス発現ベクター(例えばカリフラワーモザイクウイルスCaMVまたはタバコモザイクウイルスTMV)または細菌発現ベクター(例えばTiまたはpBR322プラスミド)で形質転換させた植物細胞系、動物細胞系などの微生物等がある(前出のSambrook、前出のAusubel、Van Heek, G. 及びS.M. Schuster(1989) *J. Biol. Chem.* 264:5503-5509、Sandig, V. 他(1996) *Hum. Gene Ther.* 7:1937-1945、Takamatsu, N. (1987) *EMBO J.* 6:307-311、『マグローヒル科学技術年鑑』(The McGraw Hill Yearbook of Science and Technology)(1992) McGraw Hill New York NY, 191-196ページ、Logan, J. 及びT. Shenk(1984) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 81:3655-3659、Harrington, J.J. 他(1997) *Nat. Genet.* 15:345-355等を参照)。レトロウイルス、アデノウイルス、ヘルペスウイルスまたはワクシニアウイルス由来の発現ベクター、または種々の細菌性プラスミド由来の発現ベクターを用いて、ヌクレオチド配列を標的器官、組織または細胞集団へ輸送することができる(Di Nicola, M. 他(1998) *Cancer Gen. Ther.* 5(6):350-356、Yu, M. 他(1993) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 90(13):6340-6344、Buller, R.M. 他(1985) *Nature* 317(6040):813-815; McGregor, D.P. 他(1994) *Mol. Immunol.* 31(3):219-226、Verma, I.M. 及びN. So

*mia* (1997) *Nature* 389: 239-242等を参照)。

【0141】

本発明は使用される宿主細胞によって限定されるものではない。細菌系では、多数のクローニングベクター及び発現ベクターが、HPDEをコードするポリヌクレオチド配列の使用目的に応じて選択可能である。例えば、HPDEをコードするポリヌクレオチド配列の日常的なクローニング、サブクローニング、増殖には、PBLUESCRIPT (Stratagene, La Jolla CA) または pSPORT1 プラスミド (GIBCO BRL) などの多機能の大腸菌ベクターを用いることができる。ベクターの多数のクローニング部位にHPDEをコードする配列をライゲーションすると *lacZ* 遺伝子が破壊され、組換え分子を含む形質転換された細菌の同定のための比色スクリーニング法が可能となる。更にこれらのベクターは、クローニングされた配列における *in vitro* 転写、ジデオキシのシーケンシング、ヘルパーファージによる一本鎖のレスキュー、入れ子状態の欠失の生成にも有用であろう (Van Heeke, G. および S.M. Schuster (1989) *J. Biol. Chem.* 264: 5503-5509 等を参照)。例えば、抗体の産生のためなどに多量のHPDEが必要な場合は、HPDEの発現をハイレベルで誘導するベクターが使用できる。例えば、強力な誘導T5バクテリオファージプロモーターまたは誘導T7バクテリオファージプロモーターを含むベクターが使用できる。

10

【0142】

HPDEの発現に酵母の発現系の使用が可能である。因子、アルコールオキシダーゼ、PGHプロモーター等の構成型或いは誘導型のプロモーターを含む多数のベクターが、出芽酵母菌 (*Saccharomyces cerevisiae*) またはピキア酵母 (*Pichia pastoris*) に使用可能である。更に、このようなベクターは、発現したタンパク質の分泌か細胞内への保持のどちらかを誘導し、安定した増殖のために宿主ゲノムの中に外来配列を組み込む (例えば、Ausubel, 1995, 前出、Bitter, G.A. ら (1987) *Methods Enzymol.* 153: 516-544、及び Scorer, C.A. ら (1994) *Bio/Technology* 12: 181-184. を参照)。

20

【0143】

植物系もHPDEの発現に使用可能である。HPDEをコードする配列の転写は、ウイルスプロモーター、例えば単独或いはTMV (Takamatsu, N. (1987) *EMBO J.* 6: 307-311) 由来のオメガリーダー配列と組み合わせて用いられるようなCaMV由来の35S及び19Sプロモーターによって促進される。或いは、RUBISCOの小サブユニット等の植物プロモーターまたは熱ショックプロモーターを用いてもよい (Coruzzi, G. 他 (1984) *EMBO J.* 3: 1671-1680、Broglie, R. 他 (1984) *Science* 224: 838-843、Winter, J. 他 (1991) *Results Probl. Cell Differ.* 17: 85-105等を参照)。これらの構成物は、直接DNA形質転換または病原体を媒介とする形質移入によって、植物細胞内に導入可能である (『マグローヒル科学技術年鑑』 (*The McGraw Hill Yearbook of Science and Technology*) (1992) McGraw Hill New York NY, 191-196ページ等を参照)。

30

40

【0144】

哺乳動物細胞においては、多数のウイルスベースの発現系を利用し得る。アデノウイルスが発現ベクターとして用いられる場合、後発プロモーター及び3連リーダー配列からなるアデノウイルス転写物/翻訳複合体にHPDEをコードする配列をライゲーションし得る。ウイルスのゲノムの非必須のE1またはE3領域への挿入により、感染した宿主細胞にHPDEを発現する生ウイルスを得ることが可能である (Logan, J. 及び Shenk, T. (1984) *Proc. Natl. Acad. Sci.* 81: 3655-3659 等を参照)。更に、ラウス肉腫ウイルス (RSV) エンハンサー等の転写工

50

ンハンサーを用いて、哺乳動物宿主細胞における発現を増大させ得る。SV40またはEBVをベースにしたベクターを用いてタンパク質を高レベルで発現させることもできる。

【0145】

ヒト人工染色体(HAC)を用いて、プラスミドに含まれ且つプラスミドから発現するものより大きなDNAの断片を輸送することもできる。治療目的のために約6kb~10MbのHACを作製し、従来の送達方法(リポソーム、ポリカチオンアミノポリマー、またはベシクル)で供給する(Harrington, J. J. 他(1997) Nat Genet. 15:345-355.等を参照)。

【0146】

哺乳動物系の組換えタンパク質の長期にわたる産生のためには、株化細胞におけるHPDEの安定した発現が望ましい。例えば、発現ベクターを用いて、HPDEをコードする配列を株化細胞に形質転換することが可能である。このような発現ベクターは、ウイルス起源の複製及び/または内在性の発現要素や、同じ或いは別のベクターの上の選択マーカー遺伝子を含む。ベクターの導入後、選択培地に移す前に強化培地で約1~2日間細胞を増殖させることができる。選択可能マーカーの目的は選択培地への抵抗性を与えることであり、選択可能マーカーが存在することにより、導入された配列をうまく発現するような細胞の成長及び回収が可能となる。安定的に形質転換された細胞の耐性クローンは、その細胞型に適した組織培養技術を用いて増殖可能である。

【0147】

任意の数の選択系を用いて、形質転換細胞株を回収できる。限定するものではないがこのような選択系には、tk<sup>-</sup>細胞のために用いられるヘルペスウイルスチミジンキナーゼ遺伝子と、apr<sup>-</sup>細胞のために用いられるアデニンホスホリボシルトランスフェラーゼ遺伝子がある(Wigler, M. 他(1977) Cell 11:223-232、Lowy, I. ら(1980) Cell 22:817-823等を参照)。また、選択の基礎として代謝拮抗物質、抗生物質或いは除草剤への耐性を用いることができる。例えばdhfrはメトトレキセートに対する耐性を与え、neoはアミノグリコシッドネオマイシン及びG-418に対する耐性を与え、alsはクロルスルフロンに対する耐性を、patはホスフィノトリシンアセチルトランスフェラーゼに対する耐性を各々与える(Wigler, M. 他(1980) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 77:3567-3570、Colbere-Garapin, F. 他(1981) J. Mol. Biol. 150:1-14等を参照)。この他の選択可能な遺伝子、例えば、代謝のための細胞の必要条件を変えるtrpB及びhisDは、文献に記載されている(Hartman, S. C. 及び R. C. Mulligan(1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85:8047-8051等を参照)。可視マーカー、例えばアントシアニン、緑色蛍光タンパク質(GFP; Clontech)、グルクロニダーゼ及びその基質グルクロニド、またはルシフェラーゼ及びその基質ルシフェリン等を用いてもよい。これらのマーカーを用いて、形質転換体を同定するだけでなく、特定のベクター系に起因する一過性或いは安定したタンパク質発現を定量することも可能である(Rhodes, C. A. (1995) Methods Mol. Biol. 55:121-131等を参照)。

【0148】

マーカー遺伝子発現の存在/不存在によって目的の遺伝子の存在が示唆されても、その遺伝子の存在及び発現の確認が必要な場合もある。例えば、HPDEをコードする配列がマーカー遺伝子配列の中に挿入された場合、HPDEをコードする配列を含む形質転換された細胞は、マーカー遺伝子機能の欠落により同定可能である。または、1つのプロモーターの制御下でマーカー遺伝子がHPDEをコードする配列とタンデムに配置することも可能である。誘導または選択に応答したマーカー遺伝子の発現は通常、タンデム遺伝子の発現も示す。

【0149】

一般に、HPDEをコードする核酸配列を含み且つHPDEを発現する宿主細胞は、当業

者によく知られている種々の方法を用いて同定することが可能である。限定するものではないが当業者によく知られている方法には、DNA-DNA あるいは DNA-RNA ハイブリダイゼーション、PCR 法、核酸あるいはタンパク質の検出、定量、或いはその両方を行うための膜系、溶液ベース あるいは チップベースの技術を含むタンパク質の生物学的検定法または免疫学的検定法がある。

【0150】

特異的ポリクローナル抗体または特異的モノクローナル抗体を用いて HPDE の発現の検出及び計測を行うための免疫学的方法は、当分野で公知である。このような技術の例としては、酵素に結合した免疫吸着剤検定法 (ELISA)、ラジオイムノアッセイ (RIA)、フローサイトメーター (FACS) などが挙げられる。HPDE 上の 2 つの非干渉エピトープに反応するモノクローナル抗体を用いた、2 部位のモノクローナルベースイムノアッセイ (two-site, monoclonal-based immunoassay) が好ましいが、競合の結合アッセイも用いることもできる。これらのアッセイ及びこれ以外のアッセイは、当分野で公知である (Hampton, R. ら (1990) Serological Methods, a Laboratory Manual, APS Press, St Paul, MN, Sect. IV、Coligan, J. E. 他 (1997) Current Protocols in Immunology, Greene Pub. Associates and Wiley-Interscience, New York NY、Pound, J. D. (1998) Immunochemical Protocols, Humana Press, Totowa NJ 等を参照)。

10

20

【0151】

多岐にわたる標識方法及び抱合方法が、当業者に知られており、様々な核酸アッセイおよびアミノ酸アッセイにこれらの方法を用い得る。HPDE をコードするポリヌクレオチドに関連する配列を検出するための、標識されたハイブリダイゼーションプローブ あるいは PCR プローブを生成する方法には、オリゴ標識化、ニックトランスレーション、末端標識化、または標識されたヌクレオチドを用いる PCR 増幅が含まれる。別法として、HPDE をコードする配列、またはその任意の断片を mRNA プローブの生成のためのベクターにクローニングすることも可能である。このようなベクターは、当分野において知られており、市販もされており、T7、T3 または SP6 等の好適な RNA ポリメラーゼ及び標識されたヌクレオチドを加えて、in vitro で RNA プローブの合成に用いることができる。このような方法は、例えば Amersham Pharmacia Biotech、Promega (Madison WI)、U.S. Biochemical 等から市販されている種々のキットを用いて実行することができる。検出を容易にするために用い得る好適なレポーター分子 あるいは 標識には、基質、補助因子、インヒビター、磁気粒子のほか、放射性核種、酵素、蛍光剤、化学発光剤、発色剤等がある。

30

【0152】

HPDE をコードするヌクレオチド配列で形質転換された宿主細胞は、細胞培地でのこのタンパク質の発現及び回収に好適な条件下で培養される。形質転換細胞から製造されたタンパク質が分泌されるか細胞内に留まるかは、使用される配列、ベクター、或いはその両者に依存する。HPDE をコードするポリヌクレオチドを含む発現ベクターは、原核細胞膜及び真核細胞膜を透過する HPDE の分泌を誘導するシグナル配列を含むように設計できることは、当業者には理解されよう。

40

【0153】

更に、宿主細胞株の選択は、挿入した配列の発現を調節する能力または発現したタンパク質を所望の形に処理する能力によって行い得る。限定するものではないがこのようなポリペプチドの修飾には、アセチル化、カルボキシル化、グリコシル化、リン酸化、脂質化及びアシル化がある。タンパク質の「プレプロ」または「プロ」形を切断する翻訳後のプロセッシングを利用して、標的タンパク質、折りたたみ及び/または活性を特定することが可能である。翻訳後の活性のための固有の細胞装置及び特徴のある機構を有する種々の宿主

50

細胞（例えばCHO、HeLa、MDCK、MEK293、WI38等）は、American Type Culture Collection (ATCC, Manassas, VA) から入手可能であり、外来タンパク質の正しい修飾及び処理を確実にするように選択し得る。

#### 【0154】

本発明の別の実施例では、HPDEをコードする自然或いは変更された、または組換えの核酸配列を上記した任意の宿主系の融合タンパク質の翻訳となる異種配列にライゲーションさせる。例えば、市販の抗体によって認識できる異種部分を含むキメラHPDEタンパク質が、HPDE活性のインヒビターに対するペプチドライブラリのスクリーニングを促進し得る。また、異種タンパク質部分及び異種ペプチド部分も、市販されている親和性基質を用いて融合タンパク質の精製を促進し得る。限定されるものではないがこのような部分には、グルタチオンSトランスフェラーゼ(GST)、マルトース結合タンパク質(MBP)、チオレドキシン(Trx)、カルモジュリン結合ペプチド(CBP)、6-His、FLAG、c-myc、赤血球凝集素(HA)がある。GSTは固定化グルタチオン上で、MBPはマルトース上で、Trxはフェニルアルシンオキシド上で、CBPはカルモジュリン上で、そして6-Hisは金属キレート樹脂上で、同族の融合タンパク質の精製を可能にする。FLAG、c-myc及び赤血球凝集素(HA)は、これらのエピトープ標識を特異的に認識する市販されているモノクローナル抗体及びポリクローナル抗体を用いて、融合タンパク質の免疫親和性精製を可能にする。また、HPDEをコードする配列と異種タンパク質配列との間にあるタンパク質分解切断部位を融合タンパク質が含むように遺伝子操作すると、HPDEが精製の後に異種部分から切断され得る。融合タンパク質の発現及び精製方法は、前出のAusubel(1995)10章に記載されている。市販されている種々のキットを用いて融合タンパク質の発現及び精製を促進することもできる。

10

20

#### 【0155】

本発明の別の実施例では、TNTウサギ網状赤血球可溶化液またはコムギ胚芽抽出系(Promega)を用いて*in vitro*で放射能標識したHPDEの合成が可能である。これらの系は、T7、T3またはSP6プロモーターと機能的に結合したタンパク質コード配列の転写及び翻訳をカップルさせる。翻訳は、例えば<sup>35</sup>Sメチオニンのような放射能標識したアミノ酸前駆体の存在下で起こる。

30

#### 【0156】

本発明のHPDEまたはその断片を用いて、HPDEに特異結合する化合物をスクリーニングすることができる。少なくとも1つまたは複数の試験化合物を用いて、HPDEへの特異的な結合をスクリーニングすることが可能である。試験化合物の例には、抗体、オリゴヌクレオチド、タンパク質(例えば受容体)または小分子が挙げられる。

#### 【0157】

一実施例では、このように同定された化合物は、例えばリガンドやその断片などのHPDEの天然のリガンド、または天然の基質、構造的または機能的に擬似のパートナーまたは自然に結合するパートナーに密接に関連している(Coligan, J.E. 他(1991) Current Protocols in Immunology 1(2)の5章等を参照)。同様に、化合物は、HPDEが結合する天然受容体、或いは例えばリガンド結合部位などの少なくとも受容体のある断片に密接に関連し得る。何れの場合も、既知の技術を用いてこの化合物を合理的に設計することができる。一実施例では、このような化合物に対するスクリーニングには、分泌タンパク質或いは細胞膜上のタンパク質の何れか一方としてHPDEを発現する好適な細胞の作製が含まれる。好適な細胞には、哺乳動物、酵母、大腸菌からの細胞が含まれる。HPDEを発現する細胞またはHPDEを含む細胞膜断片を試験化合物と接触させて、HPDEまたは化合物の何れかの結合、刺激または阻害を分析する。

40

#### 【0158】

あるアッセイは、単に試験化合物をポリペプチドに実験的に結合させ、結合を、蛍光色素

50

、放射性同位体、酵素抱合体またはその他の検出可能な標識により検出することができる。例えば、このアッセイは、少なくとも1つの試験化合物を、溶液中の或いは固体支持物に固定されたHDPEと結合させるステップと、HDPEとこの化合物との結合を検出するステップを含み得る。別法では、標識された競合物の存在下での試験化合物の結合の検出及び測定を行うことができる。更にこのアッセイでは、無細胞再構成標本、化学ライブラリまたは天然の生成混合物を用いて実施することができ、試験化合物は、溶液中で遊離させるか固体支持体に固定させる。

#### 【0159】

本発明のHDPEまたはその断片を用いて、HDPEの活性を調整する化合物をスクリーニングすることが可能である。このような化合物には、アゴニスト、アンタゴニスト、或るいは部分的または逆アゴニスト等が含まれる。一実施例では、HDPEが少なくとも1つの試験化合物と結合する、HDPEの活性が許容される条件下でアッセイを実施し、試験化合物の存在下でのHDPEの活性が試験化合物不在下でのHDPEの活性と比較する。試験化合物の存在下でのHDPEの活性の変化は、HDPEの活性を調整する化合物の存在を示唆する。別法では、試験化合物をHDPEの活性に適した条件下でHDPEを含む*in vitro*または無細胞再構成系と結合させてアッセイを実施する。これらアッセイの何れかにおいて、HDPEの活性を調整する試験化合物は間接的に結合することが可能であり、試験化合物と直接接触する必要がない。少なくとも1つから複数の試験化合物をスクリーニングすることができる。

10

#### 【0160】

別の実施例では、胚性幹細胞(ES細胞)における相同組換えを用いて動物モデル系内で、HDPEまたはその哺乳動物相同体をコードするポリヌクレオチドを「ノックアウト」する。このような技術は当技術分野において周知であり、ヒト疾患動物モデルの作製に有用である(米国特許第5,175,383号及び第5,767,337号等を参照)。例えば129/SvJ細胞株等のマウスES細胞は初期のマウス胚に由来し、培地で増殖させることができる。このES細胞は、ネオマイシンホスホトランスフェラーゼ遺伝子(neo:Capecchi, M.R. (1989) Science 244:1288-1292)等のマーカー遺伝子で破壊した目的の遺伝子を含むベクターで形質転換する。このベクターは、相同組換えにより宿主ゲノムの対応する領域に組み込まれる。別法では、Cre-loxP系を用いて相同組換えを行い、組織特異的または発生段階特異的に目的遺伝子をノックアウトする(Marth, J.D. (1996) Clin. Invest. 97:1999-2002; Wagner, K.U. 他(1997) Nucleic Acids Res. 25:4323-4330)。形質転換したES細胞を同定し、例えばC57BL/6マウス系等から採取したマウス細胞胚盤胞に微量注入する。胚盤胞を偽妊娠メスに外科的に導入し、得られるキメラ子孫の遺伝形質を決め、これを交配させてヘテロ接合性系またはホモ接合性系を作製する。このようにして作製した遺伝子組換え動物は、可能性のある治療薬や毒性薬剤で検査することができる。

20

30

#### 【0161】

HDPEをコードするポリヌクレオチドを*in vitro*でヒト胚盤胞由来のES細胞において操作することが可能である。ヒトES細胞は、内胚葉、中胚葉及び外胚葉の細胞の種類を含む少なくとも8つの別々の細胞系統に分化する可能性を有する。これらの細胞系統は、例えば神経細胞、造血系統及び心筋細胞に分化する(Thomson, J.A. 他(1998) Science 282:1145-1147)。

40

#### 【0162】

HDPEをコードするポリヌクレオチドを用いて、ヒト疾患をモデルとした「ノックイン」ヒト化動物(ブタ)または遺伝子組換え動物(マウスまたはラット)を作製することが可能である。ノックイン技術を用いて、HDPEをコードするポリヌクレオチドの或る領域を動物ES細胞に注入し、注入した配列を動物細胞ゲノムに組み込ませる。形質転換細胞を胞胚に注入し、胞胚を上記のように移植する。遺伝子組換え子孫または近交系について研究し、可能性のある医薬品を用いて処理し、ヒトの疾患の治療に関する情報を得る。

50

別法では、例えばHPDEを乳汁内に分泌するなどHPDEを過剰に発現する哺乳動物近交系は、便利なタンパク質源となり得る (Janne, J. 他 (1998) *Bio-technol. Annu. Rev.* 4: 55-74)。

【0163】

(治療)

HPDEのある領域とホスホジエステラーゼのある領域との間に、例えば配列及びモチーフの内容における化学的及び構造的類似性が存在する。更に、HPDEの発現は、心臓、脳、および腫瘍組織に密接に関連する。従って、HPDEは、眼の疾患、神経系疾患、心血管疾患、細胞増殖異常、および自己免疫/炎症性の疾患においてある役割を果たすと考えられる。HPDEの発現若しくは活性の増大に関連する疾患の治療においては、HPDEの発現または活性を低下させることが望ましい。また、HPDEの発現または活性の低下に関連する疾患の治療においては、HPDEの発現または活性を増大させることが望ましい。

10

【0164】

従って、一実施例において、HPDEの発現または活性の低下に関連した疾患の治療または予防のために、患者にHPDEまたはその断片や誘導体を投与することが可能である。限定するものではないが、眼に関する疾患として、結膜炎、乾性角結膜炎、角膜炎、上強膜炎、虹彩炎、後ブドウ膜炎、緑内障、一過性黒内障、虚血性視神経障害、視神経炎、レーベル遺伝性視神経障害、中毒性視神経炎、硝子体剥離、網膜剥離、白内障、黄斑変性、中心漿膜網脈絡膜疾患 (central serous chorioretinopathy)、色素性網膜炎、脈絡膜の黒色腫 (melanoma of the choroid)、眼球後部腫瘍、視神経交差部腫瘍 (chiasmatal tumor) が含まれ、神経系疾患として、癲癇、虚血性脳血管障害、脳卒中、大脳新生物、アルツハイマー病、ピック病、ハンチントン病、痴呆、パーキンソン病その他の錐体外路障害、筋萎縮性側索硬化症その他の運動ニューロン障害、進行性神経性筋萎縮症、色素性網膜炎、遺伝性運動失調、多発性硬化症その他の脱髄疾患、細菌性及びウイルス性髄膜炎、脳膿瘍、硬膜下蓄膿症、硬膜外膿瘍、化膿性頭蓋内血栓性静脈炎、脊髄炎及び神経根炎、ウイルス性中枢神経系疾患、プリオン病 (クールー、クロイツフェルト ヤコブ病、ガストマン ストラウスラー シャインカー症候群)、致死性家族性不眠症、神経系の栄養病及び代謝病、神経線維腫症、結節硬化症、小脳網膜性血管芽腫症 (cerebellar retinal hemangioblastomatosis)、脳3叉神経血管症候群、精神薄弱、ダウン症候群を含むその他の中枢神経系発達障害、脳性麻痺、神経骨格異常、自律神経系障害、脳神経障害、脊髄病、筋ジストロフィーその他の神経筋疾患、末梢神経疾患、皮膚筋炎及び多発性筋炎と、遺伝性、代謝性、内分泌性及び中毒性ミオパシーと、重症筋無力症、周期性四肢麻痺、精神障害 (気分障害、不安障害、精神分裂病)、季節型感情障害 (SAD)、静座不能、健忘症、緊張病、糖尿病性ニューロパシー、錐体外路性終末欠陥症候群、ジストニー、分裂病性精神障害、帯状疱疹後神経痛、トゥレット病、進行性核上麻痺、皮質基底核変性症 (corticobasal degeneration)、家族性前頭側頭骨痴呆が含まれ、また心血管疾患として、動静脈瘤、アテローム性動脈硬化症、高血圧、脈管炎、レイノー病、静脈奇形、動脈解離、静脈瘤、血栓静脈炎及び静脈血栓、血管の腫瘍、血栓崩壊の合併症、バルーン血管形成術 (balloon angioplasty)、血管置換術、大動脈冠動脈バイパス術移植手術 (coronary artery bypass graft surgery) などの血管疾患と、うっ血性心不全、虚血性心疾患、狭心症、心筋梗塞、高血圧性心疾患、変性弁膜性心疾患、石灰化大動脈弁狭窄症、先天性2尖大動脈弁、僧帽弁輪状石灰化 (mitral annular calcification)、僧帽弁脱出、リウマチ熱、リウマチ性心疾患、感染性心内膜炎、非細菌性血栓性心内膜炎、全身性紅斑性狼瘡の心内膜炎、カルチノイド心疾患、心筋症、心筋炎、心膜炎、腫瘍性心疾患、先天性心臓疾患、心臓移植の合併症などの心疾患、先天性肺異常、肺拡張不全、肺うっ血及び肺水腫、肺動脈塞栓症、肺出血、肺梗塞、肺高血圧症、血管硬化症、閉塞性肺疾患、拘束型肺疾患、慢性閉塞性肺疾患、肺気腫、慢性気管支炎、

20

30

40

50

気管支喘息、細気管支拡張症、細菌性肺炎、ウイルス性肺炎及びマイコプラズマ肺炎、肺膿瘍、肺結核、びまん性間質性疾患、塵肺症、サルコイド症、特発性肺線維症、剥離性間質性肺炎、過敏症肺炎、肺好酸球増加閉塞性細気管支炎 器質性肺炎 (pulmonary eosinophilia bronchiolitis obliterans-organizing pneumonia)、びまん性肺出血症候群、グッドパスチャー症候群、特発性肺血鉄症、肺併発膠原血管病併発性肺疾患、肺胞たんぱく症、肺腫瘍、炎症性及び非炎症性胸水、気胸症、胸膜腫瘍、薬物性肺疾患、放射線による肺疾患、及び肺移植の合併症が含まれ、細胞増殖異常には日光性角化症及びアテローム性動脈硬化、滑液包炎、硬変、肝炎、混合型結合組織病 (MCTD)、骨髄線維症、発作性夜間ヘモグロビン尿症、真性多血症、乾癬、原発性血小板血症、並びに腺癌及び白血病、リンパ腫、黒色腫、骨髄腫、肉腫、及び奇形癌、具体的には、副腎、膀胱、骨、骨髄、脳、乳房、頸部、胆嚢、神経節、消化管、心臓、腎臓、肝臓、肺、筋肉、卵巣、膵臓、副甲状腺、陰茎、前立腺、唾液腺、皮膚、精巣、胸腺、甲状腺、及び子宮の癌が含まれ、自己免疫/炎症疾患には、後天性免疫不全症候群 (AIDS)、アジソン病、成人呼吸窮迫症候群、アレルギー、強直性脊椎炎、アミロイド症、貧血、喘息、アテローム性動脈硬化症、自己免疫性溶血性貧血、自己免疫性甲状腺炎、自己免疫多発性内分泌腺障害症 (APCED)、気管支炎、胆嚢炎、接触皮膚炎、クローン病、アトピー性皮膚炎、皮膚筋炎、糖尿病、肺気腫、リンパ球毒素性一時性リンパ球減少症、赤芽球症、結節性紅斑、萎縮性胃炎、糸球体腎炎、グッドパスチャー症候群、痛風、グレーブス病、橋本甲状腺炎、過好酸球増加症、過敏性大腸症候群、多発性硬化症、重症筋無力症、心筋または心膜の炎症、骨関節炎、骨粗しょう症、膵炎、多発性筋炎、乾癬、ライター症候群、リウマチ様関節炎、強皮症、シェーグレン症候群、全身性アナフィラキシー、全身性紅斑性狼瘡、全身性硬化症、血小板減少症、潰瘍性大腸炎、ブドウ膜炎、ウェルナー症候群、癌の合併症、血液透析、体外循環、ウイルス感染症、細菌感染症、真菌感染症、寄生虫感染症、原虫感染症、蠕虫の感染症及び外傷が含まれる。

【0165】

別の実施例では、限定するものではないが上に列記した疾患を含むHPDEの発現または活性の低下に関連した疾患の治療または予防のために、HPDEまたはその断片や誘導体を発現し得るベクターを患者に投与することも可能である。

【0166】

更に別の実施例では、限定するものではないが上に列記した疾患を含むHPDEの発現または活性の低下に関連した疾患の治療または予防のために、実質的に精製されたHPDEを含む組成物を好適な医薬用担体と共に患者に投与することも可能である。

【0167】

更に別の実施例では、限定するものではないが上に列記した疾患を含むHPDEの発現または活性の低下に関連した疾患の治療または予防のために、HPDEの活性を調節するアゴニストを患者に投与することも可能である。

【0168】

更なる実施例では、HPDEの発現または活性の増大に関連した疾患の治療または予防のために、患者にHPDEのアンタゴニストを投与することが可能である。限定するものではないが、このような疾患の例には、上記した眼の疾患、神経系疾患、心血管疾患、細胞増殖異常、および自己免疫/炎症性の疾患が含まれる。一実施態様では、HPDEと特異的に結合する抗体が直接アンタゴニストとして、或いはHPDEを発現する細胞または組織に薬剤を運ぶターゲティング或いは送達機構として間接的に用いられ得る。

【0169】

別の実施例では、限定するものではないが上に列記した疾患を含むHPDEの発現または活性の増大に関連した疾患の治療または予防のために、HPDEをコードするポリヌクレオチドの相補配列を発現するベクターを患者に投与することも可能である。

【0170】

別の実施例では、本発明の任意のタンパク質、アンタゴニスト、抗体、アゴニスト、相補

配列、またはペクターを、別の好適な治療薬と組み合わせて投与することもできる。併用療法で用いる好適な治療薬は、当業者が従来の医薬原理に従ってを選択し得る。治療薬と組み合わせることにより、上記した種々の疾患の治療または予防に相乗効果をもたらす得る。この方法を用いることにより少量の各薬剤で医薬効果をあげることが可能となり、それによって副作用の可能性を低減し得る。

#### 【0171】

HPDEのアンタゴニストは、当分野で一般的な方法を用いて製造することが可能である。詳しくは、精製されたHPDEを用いて抗体を作ったり、治療薬のライブラリをスクリーニングしてHPDEと特異的に結合するものの同定が可能である。HPDEの抗体も、当分野で一般的な方法を用いて製造することが可能である。このような抗体には、ポリクローナル抗体、モノクローナル抗体、キメラ抗体、一本鎖、Fab断片、及びFab発現ライブラリによって作られた断片が含まれる。但し、これらに限定されるものではない。中和抗体（即ち二量体の形成を阻害する抗体）は通常、治療用に好適である。

10

#### 【0172】

抗体の産生のためには、ヤギ、ウサギ、ラット、マウス、ヒト及びその他のものを含む種々の宿主が、HPDEまたは任意の断片、または免疫原性の特性を備えるそのオリゴペプチドの注入によって免疫化され得る。宿主の種に応じて、種々のアジュバントを用いて免疫応答を高めることもできる。限定するものではないがこのようなアジュバントには、フロイントアジュバントと、水酸化アルミニウム等のミネラルゲルアジュバントと、リゾレシチン、プルロニックポリオール、ポリアニオン、ペプチド、油性乳剤、キーホールリンペットヘモシニアン、ジニトロフェノール等の界面活性剤とがある。ヒトに用いられるアジュバントの中では、BCG（カルメット ゲラン桿菌）及びコリネバクテリウム パルヴムが特に好ましい。

20

#### 【0173】

HPDEに対する抗体を誘発するために用いられるオリゴペプチド、ペプチド、または断片は、少なくとも約5個のアミノ酸からなり、一般的には約10個以上のアミノ酸からなるものが好ましい。これらのオリゴペプチド、ペプチドまたは断片は、天然のタンパク質のアミノ酸配列の一部と同一であり且つ小さな天然の分子の全アミノ酸配列を含むことが望ましい。HPDEのアミノ酸の短いストレッチは、KLHなどの別のタンパク質の配列と融合し、キメラ分子に対する抗体が産生され得る。

30

#### 【0174】

HPDEに対するモノクローナル抗体は、培地内の連続した細胞株によって、抗体分子を産生する任意の技術を用いて作製することが可能である。限定するものではないがこのような技術には、ハイブリドーマ技術、ヒトB細胞ハイブリドーマ技術及びEBV-ハイブリドーマ技術がある（Kohler, G. 他（1975）Nature 256: 495-497、Kozbor, D. 他（1985）J. Immunol. Methods 81: 31-42、Cote, R. J. 他（1983）Proc. Natl. Acad. Sci. USA 80: 2026-2030、Cole, S. P. 他（1984）Mol. Cell Biol. 62: 109-120等を参照）。

#### 【0175】

更に、「キメラ抗体」作製のために発達したヒト抗体遺伝子にマウス抗体遺伝子をスプライシングするなどの技術が、好適な抗原特異性及び生物学的活性を備える分子を得るために用いられる（例えば、Morrisson, S. L. 他（1984）Proc. Natl. Acad. Sci. 81: 4851-4855; Neuberger, M. S. 他（1984）Nature 312: 604-608; Takeda, S. 他（1985）Nature 314: 452, 454を参照）。別法では、当分野で周知の方法を用いて、一本鎖抗体の産生のための記載された技術を適用して、HPDE特異的一本鎖抗体を生成する。関連特異性を有するがイディオタイプ組成が異なるような抗体を、ランダムな組合せの免疫グロブリンライブラリからチェーンシャッフリングによって産生することもできる（Burton D. R.（1991）Proc. Natl

40

50

. Acad. Sci. USA 88:10134-10137等を参照)。

【0176】

抗体の産生は、リンパ球集団における *in vivo* 産生の誘導によって、或いは免疫グロブリンライブラリのスクリーニングまたは文献に開示されているような非常に特異的な結合試薬のパネルのスクリーニングによっても行い得る (Orlandi, R. 他 (1989) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 86:3833-3837, Winter, G. 他 (1991) Nature 349:293-299等を参照)。

【0177】

HPDEに対する特異的な結合部位を含む抗体も得ることができる。例えば、限定するものではないが、このような断片には、抗体分子のペプシン消化によって作製される  $F(ab')_2$  断片と、 $F(ab')_2$  断片のジスルフィド架橋を還元することによって作製される Fab断片とがある。或いは、Fab発現ライブラリを作製することによって、モノクローナル Fab断片を所望の特異性と迅速且つ容易に同定することが可能となる (Huse, W.D. 他 (1989) Science 256:1275-1281等を参照)。

【0178】

種々のイムノアッセイを用いてスクリーニングし、所望の特異性を有する抗体を同定することができる。確立された特異性を有するポリクローナル抗体またはモノクローナル抗体の何れかを用いる競合的な結合、または免疫放射線活性の検定のための数々のプロトコルが、当分野では周知である。通常このような免疫学的検定には、HPDEとその特異性抗体との間の複合体の計測が含まれる。二つの非干渉性HPDEエピトープに対して反応性のモノクローナル抗体を用いる、2部位モノクローナルベースのイムノアッセイが一般に利用されるが、競合的結合アッセイも利用することができる (Pound, 前出)。

【0179】

ラジオイムノアッセイ技術と共に Scatchard分析などの様々な方法を用いて、HPDEに対する抗体の親和性を評価する。親和性を結合定数  $K_a$  で表すが、この  $K_a$  は、平衡状態の下でHPDE抗体複合体のモル濃度を遊離抗体と遊離抗原のモル濃度で除して得られる値である。多数のHPDEエピトープに対して親和性が不均一なポリクローナル抗体試薬の  $K_a$  は、HPDEに対する抗体の平均親和性または結合活性を表す。特定のHPDEエピトープに単一特異的なモノクローナル抗体試薬の  $K_a$  は、親和性の真の測定値を表す。  $K_a$  値が  $10^9 \sim 10^{12}$  liter/mol の高親和性抗体試薬は、HPDE抗体複合体が過酷な処理に耐えなければならないイムノアッセイに用いるのが好ましい。  $K_a$  値が  $10^6 \sim 10^7$  liter/mol の低親和性抗体試薬は、HPDEが抗体から最終的に活性化状態で解離する必要がある免疫精製 (immunopurification) 及び類似の処理に用いるのが好ましい (Catty, D. (1988) Antibodies, Volume I: A Practical Approach. IRL Press, Washington, DC; Liddell, J. E. 及び Cryer, A. (1991) A Practical Guide to Monoclonal Antibodies, John Wiley & Sons, New York NY)。

【0180】

ポリクローナル抗体試薬の抗体価及び結合活性を更に評価して、後に使う或る適用例に対するこのような試薬の品質及び適性を決定することができる。例えば、少なくとも  $1 \sim 2$  mg/ml の特異的な抗体、好ましくは  $5 \sim 10$  mg/ml の特異的な抗体を含むポリクローナル抗体試薬は一般に、HPDE抗体複合体を沈殿させなければならない処理に用いられる。抗体の特異性、抗体価、結合活性、様々な適用例における抗体の品質や使用に対する指針については、一般に入手可能である (前出の Catty の文献、同 Coligan 他 の文献等を参照)。

【0181】

本発明の別の実施例では、HPDEをコードするポリヌクレオチド、またはその任意の断片や相補配列が、治療目的で使用することができる。ある実施態様では、HPDEをコードする遺伝子のコーディング領域や調節領域に相補的な配列やアンチセンス分子(DNA及びRNA、修飾ヌクレオチド)を設計して遺伝子発現を変更することができる。このような技術は当分野では周知であり、センスまたはアンチセンスオリゴヌクレオチドまたは大きな断片が、HPDEをコードする配列の制御領域から、またはコード領域に沿ったさまざまな位置から設計可能である(例えば、Agrawal, S., 編集(1996) Antisense Therapeutics, Humana Press Inc., Totawa NJを参考)。

#### 【0182】

治療に用いる場合、アンチセンス配列を好適な標的細胞に導入するのに好適な任意の遺伝子送達系を用いることができる。アンチセンス配列は、転写時に標的タンパク質をコードする細胞配列の少なくとも一部に相補的な配列を発現する発現プラスミドの形で細胞内に送達することが可能である(Slater, J.E. 他(1998) *J. Allergy Clin. Immunol.* 102(3):469-475 及び Scanlon, K.J. 他(1995) 9(13):1288-1296. 等を参照)。アンチセンス配列はまた、例えばレトロウイルスやアデノ関連ウイルスベクター等のウイルスベクターを用いて細胞内に導入することもできる(Miller, A.D. (1990) *Blood* 76:271、前出の Ausubel, Uckert, W. 及び W. Walther (1994) *Pharmacol. Ther.* 63(3):323-347 等を参照)。その他の遺伝子送達機構には、リボソーム系、人工的なウイルスエンベロップ及び当分野で公知のその他の系が含まれる(Rossi, J.J. (1995) *Br. Med. Bull.* 51(1):217-225; Boado, R.J. 他(1998) *J. Pharm. Sci.* 87(11):1308-1315、Morris, M.C. 他(1997) *Nucleic Acids Res.* 25(14):2730-2736. 等を参照)。

#### 【0183】

本発明の別の実施例では、HPDEをコードするポリヌクレオチドを、体細胞若しくは生殖細胞の遺伝子治療に用いることが可能である。遺伝子治療を行うことにより、(i) 遺伝子欠損症(例えばX染色体鎖遺伝(Cavazzana-Calvo, M. 他(2000) *Science* 288:669-672)により特徴付けられる重度の複合型免疫欠損症(SCID)-X1の場合)、先天性アデノシンデアミナーゼ(ADA)欠損症に関連する重度の複合型免疫欠損症(Blaese, R.M. 他(1995) *Science* 270:475-480、Bordignon, C. 他(1995) *Science* 270:470-475)、嚢胞性繊維症(Zabner, J. 他(1993) *Cell* 75:207-216; Crystal, R.G. 他(1995) *Hum. Gene Therapy* 6:643-666、Crystal, R.G. 他(1995) *Hum. Gene Therapy* 6:667-703)、サラセミア(thalassaemia)、家族性高コレステロール血症、第VII因子若しくは第IX因子欠損に起因する血友病(Crystal, R.G. (1995) *Science* 270:404-410、Verma, I.M. および Somia, N. (1997) *Nature* 389:239-242)を治療し、(ii) 条件的致死性遺伝子産物を発現させ(例えば制御不能な細胞増殖に起因する癌の場合)、(iii) 細胞内の寄生生物(例えばヒト免疫不全ウイルス(HIV)(Baltimore, D. (1988) *Nature* 335:395-396、Poeschl, E. 他(1996) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 93:11395-11399)、B型若しくはC型肝炎ウイルス(HBV、HCV)、Candida albicans 及び Paracoccidioides brasiliensis 等の真菌寄生菌、並びに熱帯熱マラリア原虫及びクルーズトリパノソーム等の原虫寄生生物に対する防御機能を有するタンパク質を発現させることができる。HPDEの発現若し

10

20

30

40

50

くは調節に必要な遺伝子の欠損が疾患を引き起こす場合、導入した細胞の好適な集団からHPDEを発現させて、遺伝子欠損によって起こる症状の発現を緩和することが可能である。

【0184】

本発明の更なる実施例では、HPDEの欠損による疾患や異常症は、HPDEをコードする哺乳動物発現ベクターを作製して、これらのベクターを機械的手段によってHPDE欠損細胞に導入することによって治療する。in vivo 或いは ex vitro の細胞に用いる機械的導入技術には、(i) 個々の細胞内への直接的なDNA微量注射法、(ii) 遺伝子銃、(iii) リポソームを介した形質移入、(iv) 受容体を介した遺伝子導入、及び(v) DNAトランスポソンの使用(Morgan, R.A. 及び W.F. Anderson (1993) Annu. Rev. Biochem. 62:191-217、Ivics, Z. (1997) Cell 91:501-510; Boulay, J-L. 及び H. Recipon (1998) Curr. Opin. Biotechnol. 9:445-450)がある。

【0185】

HPDEの発現に影響を及ぼし得る発現ベクターには、限定するものではないが、PCDNA3.1、EPITAG、PRCCMV2、PREP、PVAXベクター(Invitrogen, Carlsbad CA)、PCMV-SCRIPT、PCMV-TAG、PEGSH/PERV(Stratagene, La Jolla CA)、PTET-OFF、PTET-ON、PTRE2、PTRE2-LUC、PTK-HYG(Clontech, Palo Alto CA)が含まれる。HPDEを発現させるために、(i) 恒常的に活性なプロモーター(例えば、サイトメガロウイルス(CMV)、ラウス肉腫ウイルス(RSV)、SV40ウイルス、チミジンキナーゼ(TK)、若しくは - アクチン遺伝子等)、(ii) 誘導性プロモーター(例えば、市販されているT-REXプラスミド(Invitrogen)に含まれている、テトラサイクリン調節性プロモーター(Gossen, M. 及び H. Bujard (1992) Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 89:5547-5551; Gossen, M. 他 (1995) Science 268:1766-1769; Rossi, F.M.V. 及び H.M. Blau (1998) Curr. Opin. Biotechnol. 9:451-456)、エクジソン誘導性プロモーター(市販されているプラスミドPVGRXR及びPINDに含まれている: Invitrogen)、FK506/ラパマイシン誘導性プロモーター、またはRU486/ミフェプリストーン誘導性プロモーター(Rossi, F.M.V. 及び H.M. Blau, 前出)、または(iii) 正常な個体に由来するHPDEをコードする内在性遺伝子の天然のプロモーター若しくは組織特異的プロモーターを用いることが可能である。

【0186】

市販のリポソーム形質転換キット(例えばInvitrogen社のPerfect Lipid Transfection Kit)を用いれば、当業者は経験にそれほど頼らないでもポリヌクレオチドを培養中の標的細胞に導入することが可能になる。別法では、リン酸カルシウム法(Graham, F.L. 及び A.J. Eb (1973) Virology 52:456-467)若しくは電気穿孔法(Neumann, B. 他 (1982) EMBO J. 1:841-845)を用いて形質転換を行う。初代培養細胞にDNAを導入するためには、標準化された哺乳動物の形質移入プロトコルの修飾が必要である。

【0187】

本発明の別の実施例では、HPDEの発現に関連する遺伝子欠損によって起こる疾患や異常症は、(i) レトロウイルス末端反復配列(LTR)プロモーター若しくは独立したプロモーターのコントロール下でHPDEをコードするポリヌクレオチドと、(ii) 好適なRNAパッケージングシグナルと、(iii) 追加のレトロウイルス・シス作用性RNA配列及び効率的なベクターの増殖に必要なコーディング配列を伴うRev応答性エレ

ント (RRE) とからなるレトロウイルスベクターを作製して治療することができる。レトロウイルスベクター (例えば PFB 及び PFBNEO) は Stratagene 社から市販されており、刊行データ (Riviere, I. 他 (1995) Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 92:6733-6737) に基づいている。上記データを引用することをもって本明細書の一部とする。ベクターは、好適なベクター産生細胞系 (VPCCL) において増殖され、VPCCL は、標的細胞上の受容体に対する向性を有するエンベロープ遺伝子または VSVg 等の乱交雑エンベロープタンパク質を発現する (Armentano, D. 他 (1987) J. Virol. 61:1647-1650、Bender, M.A. 他 (1987) J. Virol. 61:1639-1646、Adam, M.A. および A.D. Miller (1988) J. Virol. 62:3802-3806、Dull, T. 他 (1998) J. Virol. 72:8463-8471、Zufferey, R. 他 (1998) J. Virol. 72:9873-9880)。RIGG に付与された米国特許第 5,910,434 号 (「Method for obtaining retrovirus packaging cell lines producing high transducing efficiency retroviral supernatant」) において、レトロウイルスパッケージング細胞系を得るための方法が開示されており、引用することをもって本明細書の一部とする。レトロウイルスベクターの増殖、細胞集団 (例えば CD4<sup>+</sup> T 細胞) の形質導入、及び形質導入した細胞の患者への戻しは、遺伝子治療の分野では当業者に公知の方法であり、多数の文献に記載されている (Ranga, U. 他 (1997) J. Virol. 71:7020-7029、Baue, G. 他 (1997) Blood 89:2259-2267、Bonyhadi, M.L. (1997) J. Virol. 71:4707-4716、Ranga, U. 他 (1998) Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 95:1201-1206、Su, L. (1997) Blood 89:2283-2290)。

#### 【0188】

別法では、アデノウイルス系遺伝子治療の送達系を用いて、HPDE の発現に関連する 1 つ或いは複数の遺伝子異常を有する細胞に HPDE をコードするポリヌクレオチドを送達する。アデノウイルス系ベクターの作製及びパッケージングについては、当業者に公知である。複製欠損型アデノウイルスベクターは、免疫調節タンパク質をコードする遺伝子を脾臓の無損傷の脾島内に導入するために可変性であることが証明された (Csete, M.E. 他 (1995) Transplantation 27:263-268)。使用できる可能性のあるアデノウイルスベクターは、Armentano に付与された米国特許第 5,707,618 号 (「Adenovirus vectors for gene therapy」) に記載されており、引用することをもって本明細書の一部とする。アデノウイルスベクターについては、Antinozzi, P.A. 他 (1999) Annu. Rev. Nutr. 19:511-544 及び Verma, I.M. 及び N. Somia (1997) Nature 18:389:239-242 も参照されたい。両文献は、引用することをもって本明細書の一部とする。

#### 【0189】

別法では、ヘルペス系遺伝子治療の送達系を用いて、HPDE の発現に関連する 1 つ或いは複数の遺伝子異常を有する標的細胞に HPDE をコードするポリヌクレオチドを送達する。単純疱疹ウイルス (HSV) 系のベクターは、HSV 親和性の中枢神経細胞に HPDE を導入する際に特に有用である。ヘルペス系ベクターの作製及びパッケージングは、当業者に公知である。複製適格性単純ヘルペスウイルス (HSV) I 型系のベクターは、レポーター遺伝子を霊長類の眼に送達するために用いられてきた (Liu, X. 他 (1999) Exp. Eye Res. 169:385-395)。HSV-1 ウイルスベクターの作製についても、DeLuca に付与された米国特許第 5,804,413 号 (「Herpes simplex virus swains for gene trans

fer」)に開示されており、該特許の引用をもって本明細書の一部とする。米国特許第5,804,413号には、ヒト遺伝子治療を含む目的のために好適なプロモーターの制御下において細胞に導入される少なくとも1つの外在性遺伝子を有するゲノムを含む組換えHSV d92についての記載がある。上記特許はまた、ICP4、ICP27及びICP22のために除去される組換えHSV系統の作製及び使用について開示している。HSVベクターについては、Goins, W.F. 他(1999) J. Virol. 73:519-532及びXu, H. 他(1994) Dev. Biol. 163:152-161も参照されたい。両文献は、引用をもって本明細書の一部とする。クローン化ヘルペスウイルス配列の操作、巨大ヘルペスウイルスのゲノムの異なった部分を含む多数のプラスミドを形質移入した後の組換えウイルスの産生、ヘルペスウイルスの成長及び増殖、並びにヘルペスウイルスの細胞への感染は、当業者に公知の技術である。

#### 【0190】

別法では、ウイルス(正の一本鎖RNAウイルス)ベクターを用いてHPDEをコードするポリヌクレオチドを標的細胞に送達する。プロトタイプのウイルスであるセムリキ森林熱ウイルス(Semliki Forest Virus, SFV)の生物学的研究が広範に行われており、遺伝子導入ベクターがSFVゲノムに基づいていることが分かった(Garoff, H. 及びK.-J. Li(1998) *Cun. Opin. Biotech.* 9:464-469)。ウイルスRNAの複製中に、通常はウイルスのキャプシッドタンパク質をコードするサブゲノムRNAが作り出される。このサブゲノムRNAは、完全長のゲノムRNAより高いレベルに複製されるため、酵素活性(例えばプロテアーゼ及びポリメラーゼ)を有するウイルスタンパク質に比べてキャプシッドタンパク質が過剰産生される。同様に、HPDEをコードする配列をウイルスゲノムのキャプシッドをコードする領域に導入することによって、ベクター導入細胞において多数のHPDEをコードするRNAが産生され、高いレベルでHPDEが合成される。通常はウイルスの感染が数日以内での細胞溶解に関係する一方で、シンドビスウイルス(SIN)の変異体を有するハムスター正常腎臓細胞(BHK-21)の持続的な感染を確立する能力は、ウイルスの溶解複製を遺伝子治療に適用できるように好適に変更可能であることを示唆している(Dryga, S.A. 他(1997) *Virology* 228:74-83)。様々な宿主にウイルスを導入できることから、様々なタイプの細胞にHPDEを導入することができる。或る集団におけるサブセットの細胞の特定形質導入は、形質導入前に細胞の選別を必要とし得る。ウイルスの感染性cDNAクローンの処置方法、ウイルスのcDNA及びRNAの形質移入方法及びウイルスの感染方法は、当業者に公知である。

#### 【0191】

転写開始部位由来のオリゴヌクレオチドを用いて遺伝子発現を阻害することも可能である。転写開始部位とは例えば開始部位から数えて約-10と約+10の間である。同様に、三重らせん塩基対の形成方法を用いて阻害が可能となる。三重らせん塩基対形成は、ポリメラーゼ、転写因子または調節分子の結合のために十分に開くような二重らせんの能力を阻害するので、三重らせん塩基対形成は有用である。三重らせんDNAを用いる最近の治療の進歩については文献に記載がある(Gee, J.E. 他(1994) *in: Huber, B.E. 及び B.I. Carr, Molecular and Immunologic Approaches, Futura Publishing Co., Mt. Kisco, NY, 163-177ページ等を参照*)。相補配列またはアンチセンス分子もまた、転写物がリボソームに結合するのを阻止することによってmRNAの翻訳を阻止するべく設計することができる。

#### 【0192】

リボザイムは酵素性RNA分子であり、RNAの特異的切断を触媒するためにリボザイムを用いることもできる。リボザイム作用のメカニズムは、相補的標的RNAへのリボザイム分子の配列特異性ハイブリダイゼーションとその後の内ヌクレオチド鎖切断に關与している。例えば、人工的に作製されたハンマーヘッド型リボザイム分子が、HPDEをコー

ドする配列の内ヌクレオチド鎖分解性の切断を特異的且つ効果的に触媒できる可能性がある。

【0193】

任意のRNA標的内の特異的リボザイム切断部位は、GUA、GUU、GUC配列を含めたりボザイム切断部位に対して標的分子をスキャンすることによって先ず同定される。一度同定されると、切断部位を含む標的遺伝子の領域に対応する15~20リボヌクレオチドの短いRNA配列が、そのオリゴヌクレオチドを機能不全にするような2次構造の特徴をもっていないかを評価することが可能になる。候補標的の適合性の評価も、リボヌクレアーゼ保護アッセイを用いて相補的オリゴヌクレオチドとのハイブリダイゼーションのアクセス可能性をテストすることによって行うことができる。

10

【0194】

本発明の相補リボ核酸分子及びリボザイムは、核酸分子合成のために当分野でよく知られている任意の方法を用いて作製し得る。任意の方法には、固相フォスフォアミダイト化学合成等のオリゴヌクレオチドを化学的に合成する方法がある。或いは、HPDEをコードするDNA配列の*in vitro*及び*in vivo*転写によってRNA分子を産出し得る。このようなDNA配列は、T7やSP6等の好適なRNAポリメラーゼプロモーターを用いて多様なベクター内に取り込むことが可能である。或いは、相補的RNAを構成的或いは誘導的に合成するようなこれらcDNA産物を、細胞系、細胞または組織内に導入することができる。

【0195】

細胞内の安定性を高め、半減期を長くするためにRNA分子を修飾することができる。限定するものではないが可能な修飾には、分子の5'末端、3'末端、あるいはその両方においてフランキング配列を追加したり、分子の主鎖内においてホスホジエステラーゼ結合ではなくホスホオチオネートまたは2'-O-メチルを使用したりすることが含まれる。この概念は、PNAの産出に固有のものであり、これら全ての分子に拡大することができる。それには、内在性エンドヌクレアーゼによって容易には認識されないアデニン、シチジン、グアニン、チミン、及びウリジンにアセチル-、メチル-、チオ-及び同様の修飾をしたものの他、非従来型塩基、例えばイノシン、クエオシン(queosine)、ワイプトシン(wybutosine)等を加えることでできる。

20

【0196】

本発明の更なる実施例は、HPDEをコードするポリヌクレオチドの発現の変化に有効な化合物をスクリーニングする方法を含む。限定するものではないが特異ポリヌクレオチドの発現変化を起こすのに有効な化合物には、オリゴヌクレオチド、アンチセンスオリゴヌクレオチド、三重らせん形成オリゴヌクレオチド、転写因子その他のポリペプチド転写制御因子、及び特異ポリヌクレオチド配列と相互作用し得る非高分子化学的実体がある。有効な化合物は、ポリヌクレオチド発現のインヒビターまたはエンハンサーのいずれかとして作用することによりポリヌクレオチド発現を変異し得る。従って、HPDEの発現または活性の増加に関連する疾患の治療においては、HPDEをコードするポリヌクレオチドの発現を特異的に阻害する化合物が治療上有用であり、HPDEの発現または活性の低下に関連する疾患の治療においては、HPDEをコードするポリヌクレオチドの発現を特異的に促進する化合物が治療上有用であり得る。

30

40

【0197】

特異ポリヌクレオチドの変異発現における有効性に対して、少なくとも1個から複数個の試験化合物をスクリーニングし得る。試験化合物は、当分野で通常知られている任意の方法により得られる。このような方法には、ポリヌクレオチドの発現を変異させる場合と、既存の、市販のまたは専売の、天然または非天然の化合物ライブラリから選択する場合と、標的ポリヌクレオチドの化学的及び/または構造的特性に基づく化合物を合理的にデザインする場合と、組合せ的にまたは無作為に生成した化合物のライブラリから選択する場合に有効であることが知られているような化合物の化学修飾がある。HPDEをコードするポリヌクレオチドを含むサンプルは、このようにして得られた試験化合物の少なくとも

50

1つに曝露する。サンプルには例えば、未処理のそのままの細胞、透過化処理した細胞、無細胞再構成系または再構成生化学系があり得る。HDPEをコードするポリヌクレオチドの発現における変化は、当分野で通常知られている任意の方法でアッセイする。通常、HDPEをコードするポリヌクレオチドの配列に相補的なヌクレオチド配列を有するプローブを用いたハイブリダイゼーションにより、特異ヌクレオチドの発現を検出する。ハイブリダイゼーション量を定量し、それによって1つ若しくは複数の試験化合物に曝露される及び曝露されないポリヌクレオチドの発現の比較に対する基礎を形成し得る。試験化合物に曝露されるポリヌクレオチドの発現における変化の検出は、ポリヌクレオチドの発現を変異する際に試験化合物が有効であることを示している。特異ポリヌクレオチドの変異発現に有効な化合物に対して、例えば分裂酵母 (Schizosaccharomyces pombe) 遺伝子発現系 (Atkins, D. 他 (1999) 米国特許第5,932,435号、Arndt, G.M. 他 (2000) *Nucleic Acid Res.* 28:E15) またはHeLa細胞等のヒト細胞系 (Clarke, M.L. 他 (2000) *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 268:8-13) を用いてスクリーニングを実行する。本発明の特定の実施例は、特異的ポリヌクレオチド配列に対するアンチセンス活性のためのオリゴヌクレオチド(デオキシリボヌクレオチド、リボヌクレオチド、ペプチド核酸、修飾オリゴヌクレオチド)の組み合わせライブラリをスクリーニングすることに関与している (Bruce, T.W. 他 (1997) 米国特許第5,686,242号、Bruce, T.W. 他 (2000) 米国特許第6,022,691号)。

10

20

**【0198】**

ベクターを細胞または組織に導入する多数の方法が利用可能であり、in vivo、in vitro及びex vivoの使用に対して同程度に適している。ex vivo治療の場合、ベクターを患者から採取した幹細胞内に導入し、クローニング増殖して同一患者に自家移植で戻すことができる。トランスフェクション、リボソーム注入またはポリカチオンアミノポリマーによる送達は、当分野でよく知られている方法を用いて実行することができる (Goldman, C.K. 他 (1997) *Nat. Biotechnol.* 15:462-466.等を参照)。

**【0199】**

上記の治療方法はいずれも、例えば、ヒト、イヌ、ネコ、ウシ、ウマ、ウサギ、サル等の哺乳動物を含めて治療が必要な全ての対象に適用できる。

30

**【0200】**

本発明の追加実施例は、通常薬剤として許容できる賦形剤で処方される活性成分を有する成分の投与に関連する。賦形剤には例えば、糖、でんぷん、セルロース、ゴム及びタンパク質がある。様々な処方通常知られており、詳細はRemington's Pharmaceutical Sciences (Maack Publishing, Easton PA) の最新版に記載されている。このような組成物は、HPDE、HPDEの抗体、擬態、アゴニスト、アンタゴニスト、またはHPDEのインヒビターなどからなる。

**【0201】**

本発明に用いられる成分は、任意の数の経路によって投与することができ、限定するものではないが経路には、経口、静脈内、筋肉内、動脈内、骨髄内、クモ膜下腔内、心室内、肺、経皮、皮下、腹腔内、鼻腔内、腸内、局所、舌下または直腸がある。

40

**【0202】**

肺から投与する成分は、液状または乾燥粉末状で調製し得る。このような成分は通常、患者が吸入する直前にエアロゾル化する。小分子(例えば伝統的な低分子量有機薬)の場合には、速効製剤のエアロゾル送達は当分野で公知である。高分子(例えばより大きなペプチド及びタンパク質)の場合には、当該分野において肺の肺泡領域を介しての肺送達最近向上したことにより、インスリン等の薬剤を実質的に血液循環へ輸送することを可能にした (Patton, J.S. 他, 米国特許第5,997,848号等を参照)。肺

50

送達は、針注射なしに投与する点で優れており、有毒な可能性のある浸透エンハンサーの必要性をなくす。

【0203】

本発明での使用に適した成分には、所定の目的を達成するために必要なだけの量の活性成分を含有する成分が含まれる。有効投与量の決定は、当業者の能力の範囲内で行う。

【0204】

HPDEまたはその断片を含む高分子を直接細胞内に送達するべく、特殊な形態に組成物が調製されるのが好ましい。例えば、細胞不透過性高分子を含むリポソーム製剤は、細胞融合及び高分子の細胞内送達を促進し得る。別法では、HPDEまたはその断片をHIV Tat-1タンパク質の陽イオンN末端部に結合することもできる。このようにして生成された融合タンパク質は、マウスモデル系の脳を含む全ての組織の細胞に形質導入することがわかっている(Schwarze, S. R. 他(1999) Science 285:1569-1572)。

10

【0205】

任意の化合物に対して、細胞培養アッセイ、例えば新生物性細胞の細胞培養アッセイにおいて、或いは、動物モデル、例えばマウス、ウサギ、イヌまたはブタ等において、先ず治療の有効投与量を推定することができる。動物モデルはまた、好適な濃度範囲及び投与経路を決定するためにも用い得る。このような情報を用いて、次にヒトに対する有益な投与量及び投与経路を決定することができる。

【0206】

医学的に効果的な薬用量は、症状や容態を回復させる、たとえばHPDEまたはその断片、HPDEの抗体、HPDEのアゴニストまたはアンタゴニスト、インヒビターなどの活性処方成分の量に関連する。薬用有効度及び毒性は、細胞培養または動物実験における標準的な薬剤手法によって、例えばED<sub>50</sub> (集団の50%の医薬的有効量)またはLD<sub>50</sub> (集団の50%の致死量)を測定するなどして決定することができる。毒性効果の治療効果に対する投与量の比は、治療指数であり、LD<sub>50</sub>/ED<sub>50</sub>比として表すことができる。高い治療指数を示すような成分が望ましい。細胞培養アッセイ及び動物実験から得られたデータは、ヒトに用いるための投与量の範囲を調剤するのに用いられる。このような組成物が含まれる投与量は、毒性を殆ど或いは全く含まず、ED<sub>50</sub>を含むような血中濃度の範囲にあることが好ましい。用いられる投与形態、患者の感受性及び投与の経路によって、投与量はこの範囲内で様々に変わる。

20

【0207】

正確な投与量は、治療が必要な被験者に関する要素を考慮して、現場の医者が決定することになる。効果的なレベルの活性成分を与え、或いは所望の効果を維持するべく、投与量及び投与を調節する。被験者に関する要素としては、疾患の重症度、患者の通常健康状態、患者の年齢、体重及び性別、投与の時間及び頻度、薬剤の配合、反応感受性及び治療に対する応答等を考慮する。作用期間が長い成分は、特定の薬剤の半減期及びクリアランス率によって3~4日毎に1度、1週間に1度、或いは2週間に1度の間隔で投与し得る。

【0208】

通常投与量は、投与の経路にもよるが約0.1~100,000µgであり、合計で約1gまでとする。特定の投与量及び送達方法に関するガイダンスは文献に記載されており、現場の医者は通常それを利用することができる。当業者は、タンパク質またはインヒビターに対する処方とは異なる、ヌクレオチドに対する処方を利用することになる。同様に、ポリヌクレオチドまたはポリペプチドの送達は、特定の細胞、状態、位置等に特異的なものとなる。

40

【0209】

(診断)

別の実施例では、HPDEに特異的に結合する抗体が、HPDEの発現によって特徴付けられる疾患の診断、またはHPDEやHPDEのアゴニストまたはアンタゴニスト、イン

50

ヒビターで治療を受けている患者をモニターするためのアッセイに用いられる。診断目的に有用な抗体は、上記の治療の箇所で記載した方法と同じ方法で調合される。HPDEの診断アッセイには、抗体及び標識を用いてヒトの体液或いは細胞や組織から採取されたものからHPDEを検出する方法が含まれる。抗体は、修飾して或いは修飾しないで使用し、レポーター分子の共有結合性或いは非共有結合性の接着によって標識化し得る。多様なレポーター分子が本技術分野で知られており、それらを用いることができる。幾つかのレポーター分子については上記した。

#### 【0210】

HPDEを測定するためのELISA, RIA, 及びFACSを含む種々のプロトコルは、当分野では周知であり、変わった或いは異常なレベルのHPDEの発現を診断する元となるものを提供する。正常或いは標準的なHPDEの発現の値は、複合体の形成に適した条件下で、正常な哺乳動物、例えばヒトなどの被験者から採取した体液または細胞とHPDEに対する抗体とを結合させることによって決定する。標準複合体形成量は、種々の方法、例えば測光法で定量できる。被験者、対照、及び疾患生検組織からの各サンプルのHPDEの発現の量が基準値と比較される。基準値と被験者との偏差が疾患を診断するパラメータとなる。

10

#### 【0211】

本発明の別の実施例によれば、HPDEをコードするポリヌクレオチドを診断のために用いることもできる。用いられることができるポリヌクレオチドには、オリゴヌクレオチド配列、相補的RNA及びDNA分子、そしてPNAが含まれる。このポリヌクレオチドを用いて、疾患と相関し得るHPDEを発現する生検組織における遺伝子の発現を検出し定量する。この診断アッセイを用いて、HPDEの存在の有無、更に過剰な発現を調べ、治療中のHPDE値の調節を監視する。

20

#### 【0212】

一実施形態では、HPDEまたは近縁の分子をコードする遺伝子配列を含むポリヌクレオチド配列を検出可能なPCRプローブを用いたハイブリダイゼーションによって、HPDEをコードする核酸配列を同定することが可能である。例えば5'調節領域である高度に特異的な領域か、例えば保存されたモチーフであるやや特異性の低い領域から作られているかのプローブの特異性と、ハイブリダイゼーション或いは増幅のストリンジェントは、プローブがHPDEをコードする自然界の配列のみを同定するかどうか、或いは対立遺伝子や関連配列をコードする自然界の配列のみを同定するかどうかによって決まるであろう。

30

#### 【0213】

プローブはまた、関連する配列の検出に利用され、HPDEをコードする任意の配列と少なくとも50%の配列同一性を有し得る。目的の本発明のハイブリダイゼーションプローブには、DNAあるいはRNAが可能であり、SEQ ID NO: 5-8の配列、或いはHPDE遺伝子のプロモーター、エンハンサー、イントロンを含むゲノム配列に由来し得る。

#### 【0214】

HPDEをコードするDNAに対して特異的なハイブリダイゼーションプローブの作製方法には、HPDE及びHPDE誘導体をコードするポリヌクレオチド配列をmRNAプローブの作製のためのベクターにクローニングする方法がある。mRNAプローブ作製のためのベクターは、当業者に知られており、市販されており、好適なRNAポリメラーゼ及び好適な標識されたヌクレオチドを加えることによって、*in vitro*でRNAプローブを合成するために用いられ得る。ハイブリダイゼーションプローブは、種々のレポーターの集団によって標識され得る。レポーター集団の例としては、<sup>32</sup>Pまたは<sup>35</sup>S等の放射性核種、或いはアビジン/ビオチン結合系を介してプローブに結合されたアルカリホスファターゼ等の酵素標識などが挙げられる。

40

#### 【0215】

HPDEをコードするポリヌクレオチド配列を用いて、HPDEの発現に関連する疾患を診断することが可能である。限定するものではないが、眼に関する疾患として、結膜炎、

50

乾性角結膜炎、角膜炎、上強膜炎、虹彩炎、後ブドウ膜炎、緑内障、一過性黒内障、虚血性視神経障害、視神経炎、レーベル遺伝性視神経障害、中毒性視神経炎、硝子体剥離、網膜剥離、白内障、黄斑変性、中心漿膜網脈絡膜疾患 (central serous chorioretinopathy)、色素性網膜炎、脈絡膜の黒色腫 (melanoma of the choroid)、眼球後部腫瘍、視神経交差部腫瘍 (chiasmatal tumor) が含まれ、神経系疾患として、癲癇、虚血性脳血管障害、脳卒中、大脳新生物、アルツハイマー病、ピック病、ハンチントン病、痴呆、パーキンソン病その他の錐体外路障害、筋萎縮性側索硬化その他の運動ニューロン障害、進行性神経性筋萎縮症、色素性網膜炎、遺伝性運動失調、多発性硬化症その他の脱髄疾患、細菌性及びウイルス性髄膜炎、脳膿瘍、硬膜下蓄膿症、硬膜外膿瘍、化膿性頭蓋内血栓性静脈炎、脊髄炎及び神経根炎、ウイルス性中枢神経系疾患、プリオン病 (クールー、クロイツフェルト ヤコブ病、ガストマン ストラウスラー シャインカー症候群)、致死性家族性不眠症、神経系の栄養病及び代謝病、神経線維腫症、結節硬化症、小脳網膜性血管芽腫症 (cerebellar retinal hemangioblastomatosis)、脳3叉神経血管症候群、精神薄弱、ダウン症候群を含むその他の中枢神経系発達障害、脳性麻痺、神経骨格異常、自律神経系障害、脳神経障害、脊髄病、筋ジストロフィーその他の神経筋疾患、末梢神経疾患、皮膚筋炎及び多発性筋炎と、遺伝性、代謝性、内分泌性及び中毒性ミオパシーと、重症筋無力症、周期性四肢麻痺、精神障害 (気分障害、不安障害、精神分裂病)、季節型感情障害 (SAD)、静座不能、健忘症、緊張病、糖尿病性ニューロパシー、錐体外路性終末欠陥症候群、ジストニー、分裂病性精神障害、帯状疱疹後神経痛、トゥーレット病、進行性核上麻痺、皮質基底核変性症 (corticobasal degeneration)、家族性前頭側頭骨痴呆が含まれ、また心血管疾患として、動静脈瘤、アテローム性動脈硬化症、高血圧、脈管炎、レイノー病、静脈奇形、動脈解離、静脈瘤、血栓静脈炎及び静脈血栓、血管の腫瘍、血栓崩壊の合併症、バルーン血管形成術 (balloon angioplasty)、血管置換術、大動脈冠動脈バイパス術移植手術 (coronary artery bypass graft surgery) などの血管疾患と、うっ血性心不全、虚血性心疾患、狭心症、心筋梗塞、高血圧性心疾患、変性弁膜性心疾患、石灰化大動脈弁狭窄症、先天性2尖大動脈弁、僧帽弁輪状石灰化 (mitral annular calcification)、僧帽弁脱出、リウマチ熱、リウマチ性心疾患、感染性心内膜炎、非細菌性血栓性心内膜炎、全身性紅斑性狼瘡の心内膜炎、カルチノイド心疾患、心筋症、心筋炎、心膜炎、腫瘍性心疾患、先天性心臓疾患、心臓移植の合併症などの心疾患、先天性肺異常、肺拡張不全、肺うっ血及び肺水腫、肺動脈塞栓症、肺出血、肺梗塞、肺高血圧症、血管硬化症、閉塞性肺疾患、拘束型肺疾患、慢性閉塞性肺疾患、肺気腫、慢性気管支炎、気管支喘息、細気管支拡張症、細菌性肺炎、ウイルス性肺炎及びマイコプラズマ肺炎、肺膿瘍、肺結核、びまん性間質性疾患、塵肺症、サルコイド症、特発性肺線維症、剥離性間質性肺炎、過敏症肺炎、肺好酸球増加閉塞性細気管支炎 器質性肺炎 (pulmonary eosinophilia bronchiolitis obliterans - organizing pneumonia)、びまん性肺出血症候群、グッドパスチャー症候群、特発性肺血鉄症、肺併発膠原血管病併発性肺疾患、肺胞たんぱく症、肺腫瘍、炎症性及び非炎症性胸水、気胸症、胸膜腫瘍、薬物性肺疾患、放射線による肺疾患、及び肺移植の合併症が含まれ、細胞増殖異常には日光性角化症及びアテローム性動脈硬化、滑液包炎、硬変、肝炎、混合型結合組織病 (MCTD)、骨髄線維症、発作性夜間ヘモグロビン尿症、真性多血症、乾癬、原発性血小板血症、並びに腺癌及び白血病、リンパ腫、黒色腫、骨髄腫、肉腫、及び奇形癌、具体的には、副腎、膀胱、骨、骨髄、脳、乳房、頸部、胆嚢、神経節、消化管、心臓、腎臓、肝臓、肺、筋肉、卵巣、膵臓、副甲状腺、陰茎、前立腺、唾液腺、皮膚、精巣、胸腺、甲状腺、及び子宮の癌が含まれ、自己免疫/炎症疾患には、後天性免疫不全症候群 (AIDS)、アジソン病、成人呼吸窮迫症候群、アレルギー、強直性脊椎炎、アミロイド症、貧血、喘息、アテローム性動脈硬化症、自己免疫性溶血性貧血、自己免疫性甲状腺炎、自己免疫多発性内分泌腺障害症 (APCED)、気管支炎、胆嚢炎、接触皮膚炎、クローン病、アトピー性皮膚炎、

10

20

30

40

50

皮膚筋炎、糖尿病、肺気腫、リンパ球毒素性一時性リンパ球減少症、赤芽球症、結節性紅斑、萎縮性胃炎、糸球体腎炎、グッドパスチャー症候群、痛風、グレーブス病、橋本甲状腺炎、過好酸球増加症、過敏性大腸症候群、多発性硬化症、重症筋無力症、心筋または心膜の炎症、骨関節炎、骨粗しょう症、脾炎、多発性筋炎、乾癬、ライター症候群、リウマチ様関節炎、強皮症、シェーグレン症候群、全身性アナフィラキシー、全身性紅斑性狼瘡、全身性硬化症、血小板減少症、潰瘍性大腸炎、ブドウ膜炎、ウェルナー症候群、癌の合併症、血液透析、体外循環、ウイルス性感染症、細菌性感染症、真菌性感染症、寄生虫感染症、原虫感染症、蠕虫の感染症及び外傷が含まれる。変異HPDEの発現を検出するために、患者から採取した体液或いは組織を利用して、HPDEをコードするポリヌクレオチド配列を、サザン法やノーザン法、ドットプロット法、或いはその他の膜系の技術、PCR法、ディップスティック(dipstick)、ピン(pin)、およびマルチフォーマットのELISA様アッセイ、及びマイクロアレイに使用することが可能である。このような定性方法または定量方法は、当分野で公知である。

10

#### 【0216】

ある実施態様では、HPDEをコードするヌクレオチド配列は、関連する疾患、特に上記した疾患を検出するアッセイにおいて有用であろう。HPDEをコードするヌクレオチド配列は、標準的な方法で標識化され、ハイブリダイゼーション複合体の形成に好適な条件下で、患者から採取した体液或いは組織のサンプルに加えることができるであろう。好適なインキュベーション期間が経過したらサンプルを洗浄し、シグナルを定量して標準値と比較する。患者のサンプルのシグナルの量が、対照サンプルと較べて著しく変わっている場合は、サンプル内のHPDEをコードするヌクレオチド配列の変異レベルにより、関連する疾患の存在が明らかになる。このようなアッセイは、動物実験、臨床試験における特定の治療効果を推定するため、或いは個々の患者の治療をモニターするために用いることもできる。

20

#### 【0217】

HPDEの発現に関連する疾患の診断の基準となるものを提供するために、発現の正常すなわち標準的なプロファイルが確立される。これは、ハイブリダイゼーション或いは増幅に好適な条件下で、動物或いはヒトの何れかの正常な被験者から抽出された体液或いは細胞と、HPDEをコードする配列或いはその断片とを結合させることにより達成され得る。実質的に精製されたポリヌクレオチドを既知量用いて行った実験から得た値を正常な対象から得た値と比較することにより、標準ハイブリダイゼーションを定量することができる。このようにして得た標準値は、疾患の徴候を示す患者から得たサンプルから得た値と比較することができる。標準値からの偏差を用いて疾患の存在を確定する。

30

#### 【0218】

疾患の存在が確定されて治療プロトコルが開始されると、患者の発現レベルが正常な被検者に観察されるレベルに近づき始めたかどうかを測定するため、ハイブリダイゼーションアッセイを通常ペースで繰り返し得る。連続アッセイから得られた結果を用いて、数日から数ヶ月の期間にわたる治療の効果を示し得る。

#### 【0219】

癌に関しては、個体からの生体組織における異常な量の転写物(過少発現または過剰発現)の存在は、疾患の発生素質を示したり、実際に臨床的症狀が現れる前に疾患を検出する方法を提供したりし得る。この種のより明確な診断により、医療の専門家が予防方法または積極的な治療法を早くから利用し、それによって癌の発生または更なる進行を防止することが可能となる。

40

#### 【0220】

HPDEをコードする配列から設計されたオリゴヌクレオチドのさらなる診断への利用には、PCRの利用が含まれ得る。これらのオリゴマーは、化学的に合成するか、酵素により生産するか、或いは*in vitro*で産出し得る。オリゴマーは、好ましくはHPDEをコードするポリヌクレオチドの断片、或いはHPDEをコードするポリヌクレオチドと相補的なポリヌクレオチドの断片を含み、最適な条件下、特定の遺伝子や条件を識別

50

するために利用される。また、オリゴマーは、やや緩いストリンジェント条件下で、近縁のDNA 或いはRNA 配列の検出、定量、或いはその両方のため用いることが可能である。

#### 【0221】

或る実施態様において、HPDE をコードするポリヌクレオチド配列由来のオリゴヌクレオチドプライマーを用いて、一塩基多型性 (SNP) を検出し得る。SNP は、多くの場合にヒトの先天性または後天性遺伝病の原因となるような置換、挿入及び欠失である。限定するものではないがSNP の検出方法には、SSCP (single-stranded conformation polymorphism) 及び蛍光SSCP (fSSCP) がある。SSCP では、HPDE をコードするポリヌクレオチド配列由来のオリゴヌクレオチドプライマーを用いたポリメラーゼ連鎖反応 (PCR) でDNA を増幅する。DNA は例えば、病変組織または正常組織、生検サンプル、体液その他に由来し得る。DNA 内のSNP は、一本鎖形状のPCR 生成物の2次及び3次構造に差異を生じさせる。差異は非変性ゲル中でのゲル電気泳動法を用いて検出可能である。fSSCP では、オリゴヌクレオチドプライマーを蛍光性に標識する。それによってDNA シークエンシング機などの高処理機器でアンプリマー (amplimer) の検出が可能になる。更に、インシリコSNP (in silico SNP, isSNP) と呼ばれる配列データベース分析法は、一般的なコンセンサス配列に配列されるような個々の重畳するDNA 断片の配列を比較することにより、多形性を同定し得る。これらのコンピュータベースの方法は、DNA の実験室での調整及び統計モデル及びDNA 配列クロマトグラムの自動分析を用いたシークエンシングのエラーに起因する配列の変異をフィルタリングして除去する。別の態様では、例えば高処理MASSARRAY システム (Sequenom, Inc., San Diego CA) を用いた質量分析によりSNP を検出し、特徴付ける。

10

20

#### 【0222】

HPDE の発現を定量するために用いられ得る方法には、ヌクレオチドの放射標識或いはビオチン標識、調節核酸の相互増幅 (coamplification)、及び標準的な曲線に結果が加えられたものが含まれる (例えば、Melby, P. C. ら (1993) J. Immunol. Methods, 159: 235-44; Duplaa, C. ら (1993) Anal. Biochem. 229-236 を参照)。目的のオリゴマーが種々の希釈液中に存在し、分光光度法または比色反応によって定量が迅速になるような高処理フォーマットのアッセイを行うことによって、複数のサンプルの定量速度を加速することができる。

30

#### 【0223】

更に別の実施例では、本明細書に記載した任意のポリヌクレオチド配列由来のオリゴヌクレオチドまたはより長い断片を、マイクロアレイにおけるエレメントとして用いることができる。多数の遺伝子の関連発現レベルを同時にモニターする転写イメージング技術にマイクロアレイを用いることが可能である。これについては、以下に記載する。マイクロアレイはまた、遺伝変異体、突然変異及び多形性の同定に用いることができる。この情報を用いることで、遺伝子機能を決定し、疾患の遺伝的根拠を理解し、疾患を診断し、遺伝子発現の機能としての疾病の進行/後退をモニターし、疾病治療における薬剤の活性を開発及びモニターすることができる。特に、患者にとって最もふさわしく、有効的な治療法を選択するために、この情報を用いて患者の薬理ゲノムプロフィールを開発することができる。例えば、患者の薬理ゲノムプロフィールに基づき、患者に対して高度に効果的で副作用を殆ど示さない治療薬を選択することができる。

40

#### 【0224】

別の実施例ではHPDE、HPDE の断片、HPDE に特異的な抗体をマイクロアレイ上のエレメントとして用いることができる。マイクロアレイを用いて、上記のようなタンパク質-タンパク質相互作用、薬剤-標的相互作用及び遺伝子発現プロフィールをモニターまたは測定することが可能である。

#### 【0225】

50

或る実施例は、或る組織または細胞タイプの転写イメージを生成するような本発明のポリヌクレオチドの使用に関連する。転写イメージは、特定の組織または細胞タイプにより遺伝子発現の包括的パターンを表す。包括的遺伝子発現パターンは、所与の条件下で所与の時間に発現した遺伝子の数及び相対存在量を定量することにより分析し得る（Seilliamerらの米国特許第5,840,484号「Comparative Gene Transcript Analysis」を参照。該特許は特に引用することを以って本明細書の一部となす）。従って、特定の組織または細胞タイプの転写または逆転写全体に本発明のポリヌクレオチドまたはその補体をハイブリダイズすることにより、転写イメージを生成し得る。或る実施例では、本発明のポリヌクレオチドまたはその補体がマイクロアレイ上のエレメントのサブセットを複数含むような高処理フォーマットでハイブリダイゼーションを発生させる。結果として得られる転写イメージは、遺伝子活性のプロフィールを提供し得る。

10

## 【0226】

転写イメージは、組織、株化細胞、生検またはその生物学的サンプルから単離した転写物を用いて生成し得る。転写イメージは従って、組織または生検サンプルの場合には in vivo、または株化細胞の場合には in vitro での遺伝子発現を反映する。

## 【0227】

本発明のポリヌクレオチドの発現のプロフィールを作製する転写イメージはまた、工業的または天然の環境化合物の毒性試験のみならず、in vitro モデル系及び薬剤の前臨床評価に関連して使用し得る。全ての化合物は、作用及び毒性のメカニズムを暗示する、しばしば分子フィンガープリントまたは毒性シグネチャと称されるような特徴的な遺伝子発現パターンを惹起する（Nuwaysir, E. F. 他（1999）Mol. Carcinog. 24:153-159、Steiner, S. 及び N. L. Anderson（2000）Toxicol. Lett. 112-113:467-471、該文献は特に引用することを以って本明細書の一部となす）。試験化合物が、既知の毒性を有する化合物のシグネチャと同一のシグネチャを有する場合には、毒性特性を共有している可能性がある。フィンガープリントまたはシグネチャは、多数の遺伝子及び遺伝子ファミリーからの発現情報を含んでいる場合には、最も有用且つ正確である。理想的には、発現のゲノム全域にわたる測定が最高品質のシグネチャを提供する。たとえ、発現が任意の試験された化合物によって変化しない遺伝子があったとしても、それらの発現レベルを残りの発現データを標準化するために使用できるため、それらの遺伝子は重要である。規準化手順は、異なる化合物で処理した後の発現データの比較に有用である。毒性シグネチャのエレメントへの遺伝子機能を割り当てることは毒性機構の解明に役立つが、毒性の予測につながるシグネチャの統計的な一致には遺伝子機能の知識は必要ではない（例えば2000年2月29日にNational Institute of Environmental Health Sciencesより発行されたPress Release 00-02を参照されたい。これについては <http://www.niehs.nih.gov/oc/news/toxchip.htm> で入手可能である）。従って、中毒学的スクリーニングの際に毒性シグネチャを用いて、全ての発現した遺伝子配列を含めることは重要且つ望ましいことである。

20

30

40

## 【0228】

或る実施例では、核酸を含有する生物学的サンプルを試験化合物で処理することにより試験化合物の毒性を算定する。処理した生物学的サンプル中で発現した核酸は、本発明のポリヌクレオチドに特異的な1つ若しくは複数のプローブでハイブリダイズし、それによって本発明のポリヌクレオチドに対応する転写レベルを定量し得る。処理した生物学的サンプル中の転写レベルを、未処理生物学的サンプル中のレベルと比較する。両サンプルの転写レベルの差は、処理されたサンプル中で試験化合物が引き起こす毒性反応を示す。

## 【0229】

別の実施例は、本発明のポリペプチド配列を用いて組織または細胞タイプのプロテオームを分析することに関連する。プロテオームの語は、特定の組織または細胞タイプでのタン

50

パク質発現の包括的パターンを指す。プロテオームの各タンパク質成分は、個々に更に分析の対象とすることができる。プロテオーム発現パターン即ちプロフィールは、所与の条件下で所与の時間に発現したタンパク質の数及び相対存在量を定量することにより分析し得る。従って細胞のプロテオームのプロフィールは、特定の組織または細胞タイプのポリペプチドを分離及び分析することにより作成し得る。或る実施例では、1次元等電点電気泳動によりサンプルからタンパク質を分離し、2次元ドデシル硫酸ナトリウムスラブゲル電気泳動により分子量に応じて分離するような2次元ゲル電気泳動により分離が達成される(前出のSteiner および Anderson)。タンパク質は、通常クーマシーブルーまたはシルバーまたは蛍光染色などの物質を用いてゲルで染色することにより、分散した、独特な位置にある点としてゲル中で可視化される。各タンパク質スポットの光学密度は、通常サンプル中のタンパク質レベルに比例する。異なるサンプル、例えば試験化合物または治療薬で処理または未処理のいずれかの生物学的サンプルから得られるタンパク質スポットの光学密度を比較し、処理に関連するタンパク質スポット密度の変化を同定する。スポット内のタンパク質は、例えば化学的または酵素的切断とそれに続く質量分析を用いる標準的な方法を用いて部分的にシーケンシングする。スポット内のタンパク質の同一性は、その部分配列を、好適には少なくとも5個の連続するアミノ酸残基を、本発明のポリペプチド配列と比較することにより決定し得る。場合によっては、決定的なタンパク質同定のための更なる配列が得られる。

10

#### 【0230】

プロテオームのプロファイルは、HPDEに特異的な抗体を用いてHPDE発現レベルを定量することによっても作成可能である。或る実施例では、マイクロアレイ上でエレメントとして抗体を用い、マイクロアレイをサンプルに曝して各アレイ要素へのタンパク質結合レベルを検出することによりタンパク質発現レベルを定量する(Lueking, A. 他(1999) Anal. Biochem. 270:103-111, Mendozze, L.G. 他(1999) Biotechniques 27:778-788)。検出は当分野で既知の様々な方法で行うことができ、例えば、チオールまたはアミノ反応性蛍光化合物を用いてサンプル中のタンパク質を反応させ、各アレイのエレメントにおける蛍光結合の量を検出し得る。

20

#### 【0231】

プロテオームレベルでの毒性シグネチャも中毒学的スクリーニングに有用であり、転写レベルでの毒性シグネチャと並行に分析するべきである。或る組織の或るタンパク質に対しては、転写とタンパク質の存在量の相関が乏しいこともあるので(Anderson, N.L. 及び J. Seilhamer(1997) Electrophoresis 18:533-537)、転写イメージにはそれ程影響しないがタンパク質のプロフィールを変化させるような化合物の分析においてプロテオーム毒性シグネチャは有用たり得る。更に、体液中での転写の分析はmRNA急速な分解により困難であるので、タンパク質のプロフィール作成はこのような場合により信頼でき、情報価値がある。

30

#### 【0232】

別の実施例では、タンパク質を含有する生物学的サンプルを試験化合物で処理することにより試験化合物の毒性を算定する。処理された生物学的サンプル中で発現したタンパク質は、各タンパク質の量を定量し得るように分離する。各タンパク質の量を、未処理生物学的サンプル中の対応するタンパク質の量と比較する。両サンプルのタンパク質量の差は、処理サンプル中の試験化合物に対する反応を示す。個々のタンパク質は、個々のタンパク質のアミノ酸残基をシーケンシングし、これら部分配列を本発明のポリペプチドと比較することにより同定する。

40

#### 【0233】

別の実施例では、タンパク質を含有する生物学的サンプルを試験化合物で処理することにより試験化合物の毒性を算定する。生物学的サンプルから得たタンパク質は、本発明のポリペプチドに特異的な抗体を用いてインキュベートする。抗体により認識されたタンパク質の量を定量する。処理された生物学的サンプル中のタンパク質の量を、未処理生物学的

50

サンプル中のタンパク質の量と比較する。両サンプルのタンパク質量の差は、処理サンプル中の試験化合物に対する反応を示す。

【0234】

マイクロアレイは、本技術分野でよく知られている方法を用いて調製し、使用し、そして分析する (Brennan, T. M. 他 (1995) の米国特許第 5, 474, 796 号、Schena, M. 他 (1996) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 93:10614-10619、Baldeschweiler 他 (1995) PCT 出願第 WO95/251116 号、Shalon, D. 他 (1995) PCT 出願第 WO95/35505 号、Heller, R. A. 他 (1997) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 94:2150-2155、Heller, M. J. 他 (1997) 米国特許第 5, 605, 662 号等を参照)。様々なタイプのマイクロアレイが公知であり、詳細については、DNA Microarrays: A Practical Approach, M. Schena, 編集。(1999) Oxford University Press, London に記載されている。該文献は、特に引用することを以って本明細書の一部となす。

【0235】

本発明の別の実施例ではまた、HPDE をコードする核酸配列を用いて、天然のゲノム配列をマッピングするのに有用なハイブリダイゼーションプローブを作製することが可能である。コード配列または非コード配列のいずれかを用いることができ、或る例では、コード配列全体で非コード配列が好ましい。例えば、多重遺伝子ファミリーのメンバー内でのコード配列の保存により、染色体マッピング中に望ましくないクロスハイブリダイゼーションが生じる可能性がある。核酸配列は、特定の染色体、染色体の特定領域または人工形成の染色体、例えば、ヒト人工染色体 (HAC)、酵母人工染色体 (YAC)、細菌人工染色体 (BAC)、細菌 P1 産物、或いは単一染色体 cDNA ライブラリに対してマッピングされる (Harrington, J. J. 他 (1997) Nat Genet. 15:345-355、Price, C. M. (1993) Blood Rev. 7:127-134、Trask, B. J. (1991) Trends Genet. 7:149-154 等を参照)。一度マッピングすると、本発明の核酸配列を用いて、例えば病状の遺伝と特定の染色体領域やまたは制限酵素断片長多型 (RFLP) の遺伝とが相関するような遺伝子連鎖地図を作成可能である (Lander, E. S. 及び D. Botstein (1986) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 83:7353-7357 を参照)。

【0236】

蛍光原位置ハイブリッド形成法 (FISH) は、他の物理的及び遺伝地図データと相関し得る (Heinz-Ulrich, 他 (1995) 前出の Meyers, 965-968 ページ等を参照)。遺伝地図データの例は、種々の科学雑誌あるいは Online Mendelian Inheritance in Man (OMIM) のウェブサイトに見ることができる。物理的な染色体地図上の HPDE をコードする遺伝子の位置と特定の疾患との相関性、或いは特定の疾患に対する素因が、このような疾患と関連する DNA 領域の決定に役立つため、更なる位置を決定するクローニングが行われる。

【0237】

確定した染色体マーカーを用いた連鎖分析等の物理的マッピング技術及び染色体標本原位置ハイブリッド形成法を用いて、遺伝地図を拡張することができる。例えばマウスなど別の哺乳動物の染色体上に遺伝子を配置することにより、特定のヒト染色体の数或いはアームが分かっていない場合でも関連するマーカーを明らかにし得る。この情報は、位置クローニングその他の遺伝子発見技術を用いて遺伝的疾患を調査する研究者にとって価値がある。疾患または症候群が、血管拡張性失調症の 11q22-23 領域等、特定の遺伝子領域への遺伝的連鎖によって大まかに位置決めがなされると、該領域に対する任意のマッピングにより更なる調査のための関連遺伝子或いは調節遺伝子を表すことができる (Gatti, R. A. ら (1988) Nature 336:577-580 等を参照)。転

座、反転等に起因する、健常者、保有者、感染者の三者間における染色体位置の相違を発見するために本発明のヌクレオチド配列を用いてもよい。

【0238】

本発明の別の実施例では、HPDE、その触媒作用断片或いは免疫原断片またはそのオリゴペプチドを、種々の任意の薬剤スクリーニング技術における化合物のライブラリのスクリーニングに用いることができる。薬剤スクリーニングに用いる断片は、溶液中に遊離しているか、固体支持物に固定されるか、細胞表面上に保持されるか、細胞内に位置することになる。HPDEと検査する薬剤との結合による複合体の形成を測定してもよい。

【0239】

別の薬剤スクリーニング方法は、目的のタンパク質に対して好適な結合親和性を有する化合物を高い処理能力でスクリーニングするために用いられる(Geyesen,らの(1984)PCT出願番号WO84/03564等を参照)。この方法においては、多数の異なる小さな試験用化合物を固体基質上で合成する。試験用化合物は、HPDE、或いはその断片と反応してから洗浄される。次に、結合されたHPDEが、当分野で周知の方法で検出される。精製されたHPDEはまた、前記した薬剤をスクリーニングする技術に用いられるプレート上で直接被覆することもできる。別法では、非中和抗体を用いてペプチドを捕捉し、ペプチドを固体支持物に固定することもできる。

【0240】

別の実施例では、HPDEと結合可能な中和抗体がHPDEと結合するため試験用化合物と特に競合する、競合的薬剤スクリーニングアッセイを用いることができる。この方法では、抗体が、HPDEと1つ以上の抗原決定因子を共有するどのペプチドの存在も検出する。

【0241】

別の実施例では、発展途上の分子生物学技術にHPDEをコードするヌクレオチド配列を用いて、限定はされないが、現在知られているトリプレット暗号及び特異的な塩基対相互作用などのヌクレオチド配列の特性に依存する新しい技術を提供することができる。

【0242】

更に詳細説明をしなくとも、当業者であれば以上の説明を以って本発明を最大限に利用できるであろう。従って、これ以下に記載する実施例は単なる例示目的にすぎず、いかようにも本発明を限定するものではない。

【0243】

前述した及び以下に記載する全ての特許出願、特許、刊行物、特に米国特許出願第60/213,741号、第60/213,741号、および同第60/241,100号に言及することをもって本明細書の一部とする。

【0244】

(実施例)

1 cDNAライブラリの作製

Incyte cDNAは、LIFESEQ GOLDデータベース(Incyte Genomics, Palo Alto CA)に記載されたcDNAライブラリに由来するものであり、表4の列5に列記した。ホモジナイズしてグアニジニウムイソチオシアネート溶液に溶解した組織もあり、また、ホモジナイズしてフェノールまたは好適な変性剤の混合液に溶解した組織もある。変性剤の混合液は、例えばフェノールとグアニジニウムイソチオシアネートの単相溶液であるTRIZOL(Life Technologies)等である。結果として得られた溶解物は、塩化セシウムにおいて遠心分離するかクロロホルムで抽出した。イソプロパノールか、酢酸ナトリウムとエタノールか、いずれか一方、或いは別の方法を用いて、溶解物からRNAを沈殿させた。

【0245】

RNAの純度を高めるため、RNAのフェノールによる抽出及び沈殿を必要な回数繰り返した。場合によっては、DNアーゼでRNAを処理した。殆どのライブラリでは、オリゴd(T)連結常磁性粒子(Promega)、OLIGOTEXラテックス粒子(QIA 50

GEN, Valencia CA)またはOLIGOTEX mRNA精製キット(QIAGEN)を用いて、ポリ(A+) RNAを単離した。別法では、別のRNA単離キット、例えばPOLY(A)PURE mRNA精製キット(Ambion, Austin TX)を用いて組織溶解物からRNAを直接単離した。

#### 【0246】

場合によってはStratagene社へのRNA提供を行い、対応するcDNAライブラリをStratagene社が作製することもあった。そうでない場合は、UNIZAPベクターシステム(Stratagene)またはSUPERSCRIPTプラスミドシステム(Life Technologies)を用いて本技術分野で公知の推奨方法または類似の方法でcDNAを合成し、cDNAライブラリを作製した(前出のAusubel, 1997, unit 5.1-6.6等を参照)。逆転写は、オリゴd(T)またはランダムプライマーを用いて開始した。合成オリゴヌクレオチドアダプターを二本鎖cDNAにライゲーション反応させ、好適な制限酵素でcDNAを消化した。殆どのライブラリに対して、cDNAのサイズ(300~1000bp)選択は、SEPHACRYL S1000、SEPHAROSE CL2BまたはSEPHAROSE CL4Bカラムクロマトグラフィー(Amersham Pharmacia Biotech)、或いは調製用アガロースゲル電気泳動法を用いて行った。合成オリゴヌクレオチドアダプターを二本鎖cDNAにライゲーション反応させ、好適な制限酵素または酵素でcDNAを消化した。好適なプラスミドは、例えばPBLUESCRIPTプラスミド(Stratagene)、pSPORT1プラスミド(Life Technologies)またはpINCY(Incyte Pharmaceuticals, Palo Alto CA)等である。組換えプラスミドは、Stratagene社のXL1-Blue、XL1-BIueMRFまたはSOLR、或いはLife Technologies社のDH5、DH10BまたはELECTROMAX DH10Bを含む大腸菌細胞に形質転換した。

#### 【0247】

##### 2 cDNAクローンの単離

UNIZAPベクターシステム(Stratagene)を用いた*in vivo*切除によって、或いは細胞溶解によって、実施例1のようにして得たプラスミドを宿主細胞から回収した。MagicまたはWIZARD Minipreps DNA精製システム(Promega)、AGTC Miniprep精製キット(Edge Biosystems, Gaithersburg MD)、QIAGEN社のQIAWELL 8 Plasmid、QIAWELL 8 Plus Plasmid及びQIAWELL 8 Ultra Plasmid 精製システム、R.E.A.L. Prep 96プラスミドキットの中から少なくとも1つを用いて、プラスミドを精製した。プラスミドは、沈殿させた後、0.1mlの蒸留水に再懸濁して、凍結乾燥して或いは凍結乾燥しないで4℃で保管した。

#### 【0248】

別法では、高処理フォーマットにおいて直接結合PCR法を用いて宿主細胞溶解物からプラスミドDNAを増幅した(Rao, V.B. (1994) Anal. Biochem. 216:1-14)。宿主細胞の溶解及び熱サイクリング過程は、単一反応混合液中で行った。サンプルを処理し、それを384穴プレート内で保管し、増幅したプラスミドDNAの濃度をPICOGREEN色素(Molecular Probes, Eugene OR)及びFLUOROSKANI I 蛍光スキャナ(Labsystems Oy, Helsinki, Finland)を用いて蛍光分析的に定量した。

#### 【0249】

##### 3 シークエンシング及び分析

実施例2に記載したようにプラスミドから回収したIncyte cDNAを、以下に示すようにシークエンシングした。cDNAのシークエンス反応は、標準的方法或いは高処理装置、例えばABI CATALYST 800 サーマルサイクラー(Applied

10

20

30

40

50

Biosystems)またはPTC-200 サーマルサイクラー(MJ Research)をHYDRAマイクロディスペンサー(Robbins Scientific)またはMICROLAB 2200(Hamilton)液体転移システムと併用して処理した。cDNAのシークエンス反応は、Amersham Pharmacia Biotech社が提供する試薬、またはABIシークエンシングキット、例えばABI PRISM BIGDYE Terminator cycle sequencing ready reaction kit(Applied Biosystems)の試薬を用いて準備した。cDNAのシークエンス反応の電気泳動的分離及び標識したポリヌクレオチドの検出には、MEGABACE 1000 DNAシークエンシングシステム(Molecular Dynamics)か、標準ABIプロトコル及び塩基対呼び出しソフトウェアを用いるABI PRISM 373または377シークエンシングシステム(Applied Biosystems)か、或いはその他の本技術分野でよく知られている配列解析システムを用いた。cDNA配列内のリーディングフレームは、標準的方法(前出のAusubel, 1997, unit 7.7に概説)を用いて決定した。cDNA配列の幾つかを選択して、実施例 8に記載した方法で配列を伸長させた。

#### 【0250】

IncyteのcDNA配列に由来するポリヌクレオチド配列は、ベクター、リンカー及びポリ(A)配列の除去し、あいまいな塩基対をマスクすることによって有効性を確認した。その際、BLAST、動的プログラミング及び隣接ジヌクレオチド頻度分析に基づくアルゴリズム及びプログラムを用いた。IncyteのcDNA配列、またはその翻訳を公共のデータベース(例えばGenBankの霊長類及びげっ歯類、哺乳動物、脊椎動物、真核生物のデータベースと、BLOCKS、PRINTS、DOMO、PRODOM)及びPFAM等隠れマルコフモデル(HMM)ベースのタンパク質ファミリーデータベースに対して問い合わせた(HMMは、遺伝子ファミリーのコンセンサス1次構造を分析する確率的アプローチである例えば、Eddy, S.R. (1996) Cuff. Opin. Struct. Biol. 6:361-365等を参照)。問合せは、BLAST、FASTA、BLIMPS及びHMMERに基づくプログラムを用いて行った。Incyte cDNA配列は、完全長のポリヌクレオチド配列を産出するように構築された。或いは、GenBank cDNA、GenBank EST、ステッチされた配列、ストレッチされた配列またはGenscan予測コード配列(実施例 4及び5を参照)を用いてIncyte cDNAの集団を完全長まで伸長させた。Phred、Phrap及びConsedに基づくプログラムを用いて構築し、GenMark、BLAST及びFASTAに基づくプログラムを用いてcDNAの集団をオープンリーディングフレームに対してスクリーニングした。対応する完全長ポリペプチド配列を誘導するべく完全長ポリヌクレオチド配列を翻訳した。或いは、本発明のポリペプチドは完全長翻訳ポリペプチドの任意のメチオニン残基で開始し得る。引き続き、GenBankタンパク質データベース(genpept)、SwissProt、BLOCKS、PRINTS、DOMO、PRODOM及びProsite等のデータベース、PFAM等の隠れマルコフモデル(HMM)ベースのタンパク質ファミリーデータベースに対する問合せによって完全長ポリペプチド配列を分析した。完全長ポリヌクレオチド配列はまた、MACDNASIS PROソフトウェア(日立ソフトウェアエンジニアリング, South San Francisco CA)及びLASERGENEソフトウェア(DNA STAR)を用いて分析した。ポリヌクレオチド及びポリペプチド配列アラインメントは、アラインメントした配列と配列の一致率も計算するMEGALIGNマルチシークエンスアラインメントプログラム(DNA STAR)に組み込まれているようなCLUSTALアルゴリズムによって特定されるデフォルトパラメータを用いて生成する。

#### 【0251】

Incyte cDNA及び完全長配列の分析及びアセンブリに利用したツール、プログラム及びアルゴリズムの概略と、適用可能な説明、引用文献、閾値パラメータを表7に示す。用いたツール、プログラム及びアルゴリズムを表5の列1に、それらの簡単な説明を

列 2 に示す。列 3 は好適な引用文献であり、全ての文献はそっくりそのまま引用を以って本明細書の一部となす。適用可能な場合には、列 4 は 2 つの配列が一致する強さを評価するために用いたスコア、確率値その他のパラメータを示す（スコアが高ければ高いほど 2 配列間の相同性が高くなる）。

#### 【 0 2 5 2 】

完全長ポリヌクレオチド配列およびポリペプチド配列の組み立て及び分析に用いる上記のプログラムは、SEQ ID NO: 5 - 8 のポリヌクレオチド配列断片の同定にも利用できる。ハイブリダイゼーション及び増幅技術に有用である約 20 ~ 約 4000 ヌクレオチドの断片を表 4 の列 4 に示した。

#### 【 0 2 5 3 】

10

#### 4 ゲノム DNA からのコード配列の同定及び編集

推定上のホスホジエステラーゼは、公共のゲノム配列データベース（例えば、gbpri や gbhtg）において Genscan 遺伝子同定プログラムを実行して初めに同定された。Genscan は、様々な生物からゲノム DNA 配列を分析する汎用遺伝子同定プログラムである（Burge, C. 及び S. Karlin (1997) J. Mol. Biol. 268:78-94、Burge, C. 及び S. Karlin (1998) Cuff. Opin. Struct. Biol. 8:346-354 参照）。プログラムは予測エキソンを連結し、メチオニンから終止コドンに及ぶ構築された cDNA 配列を形成する。Genscan の出力は、ポリヌクレオチド及びポリペプチド配列の FASTA データベースである。Genscan が一度に分析する配列の最大範囲は、30 kb に設定した。これらの Genscan 推定 cDNA 配列の内、どの配列がホスファターゼをコードするかを決定するために、コードされたポリペプチドを PFAM モデルにおいてホスホジエステラーゼについて問合せて分析した。潜在的なホスホジエステラーゼが、ホスホジエステラーゼとしてアノテーションが付けられた Incyte cDNA 配列に対する相同性を基に同定された。こうして選択された Genscan 予測配列は、次に BLAST 分析により公共データベース gbpri 及び gbhtg と比較した。必要であれば、genpept からヒットしたトップの BLAST と比較することにより Genscan 予測配列を編集し、余分なまたは取り除かれたエキソンなどの Genscan により予測された配列のエラーを修正する。BLAST 分析はまた、任意の Incyte cDNA または Genscan 予測配列の公共 cDNA 適用範囲の発見に用いられるので、転写の証拠を提供する。Incyte cDNA 適用範囲が利用できる場合には、この情報を用いて Genscan 予測配列を修正または確認した。完全長ポリヌクレオチド配列は、実施例 3 に記載された構築プロセスを用いて、Incyte cDNA 配列及び/または公共の cDNA 配列で Genscan 予測コード配列を構築することにより得た。或いは、完全長ポリヌクレオチド配列は編集または非編集の Genscan 予測コード配列に完全に由来する。

20

30

#### 【 0 2 5 4 】

#### 5 cDNA 配列データを使ったゲノム配列データの構築

##### ステッチ配列 (Stitched Sequence)

部分 cDNA 配列は、実施例 4 に記載の Genscan 遺伝子同定プログラムにより予測されたエキソンを用いて伸長させた。実施例 3 に記載されたように構築された部分 cDNA は、ゲノム DNA にマッピングし、関連する cDNA 及び 1 つ若しくは複数のゲノム配列から予測された Genscan エキソンを含むクラスタに分解した。cDNA 及びゲノム情報を統合するべくグラフ理論及び動的プログラミングに基づくアルゴリズムを用いて各クラスタを分析し、引き続いて確認、編集または伸長して完全長配列を産出するような潜在的スプライシング変異体を生み出した。間隔全体の長さがクラスタ中の 2 以上の配列に存在するような配列を同定し、そのように同定された間隔は推移により等しいと考えられた。例えば、1 つの cDNA 及び 2 つのゲノム配列に間隔が存在する場合、3 つの間隔は全て等しいと考えられる。このプロセスは、無関係であるが連続したゲノム配列を cDNA 配列により結び合わせて架橋し得る。このようにして同定された区間を、親配列 (p

40

50

arent sequence) に沿って現われるようにステッチアルゴリズムで縫い合わせ、可能な最も長い配列および変異配列を作製する。1種類の親配列に沿って発生した間隔と間隔との連鎖(cDNA - cDNAまたはゲノム配列 - ゲノム配列)は、親の種類を変える連鎖(cDNA - ゲノム配列)に優先した。結果として得られるステッチ配列は、BLAST分析により公共データベースgenpept及びgbpriに翻訳されて比較された。Genscanにより予測された不正確なエキソンは、genpeptからヒットしたトップのBLASTと比較することにより修正した。必要な場合には、追加cDNA配列を用いるかゲノムDNAの検査により配列を更に伸長させた。

【0255】

#### ストレッチ配列 (Stretched Sequence)

部分DNA配列は、BLAST分析に基づくアルゴリズムにより完全長まで伸長された。まず、BLASTプログラムを用いて、GenBankの霊長類、げっ歯類、哺乳動物、脊椎動物及び真核生物のデータベースなどの公共データベースに対し、実施例3に記載されたように構築された部分cDNAを問い合わせた。次に、最も近いGenBankタンパク質相同体をBLAST分析によりIncyte cDNA配列または実施例4に記載のGenscanエキソン予測配列のいずれかと比較した。結果として得られる高スコアリングセグメント対(HSP)を用いてキメラタンパク質を産出し、翻訳した配列をGenBankタンパク質相同体上にマッピングした。元のGenBankタンパク質相同体に関連して、キメラタンパク質内で挿入または削除が起こり得る。GenBankタンパク質相同体、キメラタンパク質またはその両方をプローブとして用い、公共のヒトゲノムデータベースから相同ゲノム配列を検索した。このようにして、部分的なDNA配列を相同ゲノム配列の付加によりストレッチすなわち伸長した。結果として得られるストレッチ配列を検査し、完全遺伝子を含んでいるか否かを決定した。

【0256】

#### 6 HPDEをコードするポリヌクレオチドの染色体マッピング

SEQ ID NO: 5 - 8を構築するために用いた配列を、BLAST及びSmith-Watermanアルゴリズムを用いて、Incyte LIFESEQデータベース及び公共のドメインデータベースの配列と比較した。SEQ ID NO: 5 - 8と一致するこれらのデータベースの配列を、Phrap(表7)などの構築アルゴリズムを使用して、連続及び重複した配列のクラスターに組み入れた。スタンフォード・ヒトゲノムセンター(SHGC)、ホワイトヘッド・ゲノム研究所(WIGR)、Genethon等の公的な情報源から入手可能な放射線ハイブリッド及び遺伝地図データを用いて、クラスタ化された配列が前もってマッピングされたかを測定した。マッピングされた配列がクラスタに含まれている結果、個々の配列番号を含めてそのクラスタの全配列が地図上の位置に割り当てられた。

【0257】

地図上の位置は、ヒト染色体の範囲または間隔として表される。センチモルガン間隔の地図上の位置は、染色体のpアームの末端に関連して測定する。(センチモルガン(cM)は、染色体マーカー間の組換え頻度に基づく計測単位である。平均して、1cMは、ヒト中のDNAの1メガベース(Mb)にほぼ等しい。尤も、この値は、組換えのホットスポット及びコールドスポットに起因して広範囲に変化する。)cM距離は、配列が各クラスタ内に含まれるような放射線ハイブリッドマーカーに対して境界を提供するようなGenethonによってマッピングされた遺伝マーカーに基づく。NCBI「GeneMap99」(<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genemap>)などの一般個人が入手可能なヒト遺伝子マップおよびその他の情報源を用いて、上記した区間が既に同定されている疾患遺伝子マップ内若しくは近傍に位置するかを決定できる。

【0258】

#### 7 ポリペプチド発現の分析

ノーザン分析は、転写された遺伝情報の存在を検出するために用いられる実験技術であり、特定の細胞種または組織からのRNAが結合される膜への標識されたヌクレオチド配列

10

20

30

40

50

のハイブリダイゼーションに關与している（前出の S a m b r o o k , 7章、同 A u s u b e l . F . M . 他 , 4章及び16章等を参照）。

【0259】

B L A S Tに適用する類似のコンピュータ技術を用いて、G e n B a n kやL i f e S e q ( I n c y t e P h a r m a c e u t i c a l s )等のヌクレオチドデータベースにおいて同一または関連分子を検索する。ノーザン分析は、多数の膜系ハイブリダイゼーションよりも非常に速い。更に、特定の同一を厳密な或いは相同的なものとして分類するかどうかを決定するため、コンピュータ検索の感度を変更することができる。検索の基準は積スコアであり、次式で定義される。

【0260】

【数1】

(BLASTスコア×配列一致率)

$5 \times (\text{長さ(配列1)}, \text{長さ(配列2)})$ の最小値

積スコアは、2つの配列間の類似度及び配列が一致する長さの両方を考慮している。積スコアは、0～100の規準化された値であり、次のようにして求める。B L A S Tスコアにヌクレオチドの配列一致率を乗じ、その積を2つの配列の短い方の長さの5倍で除する。高スコアリングセグメント対(H S P)に一致する各塩基に+5のスコアを割り当て、各不適性塩基対に-4を割り当てることにより、B L A S Tスコアを計算する。2つの配列は、2以上のH S Pを共有し得る(ギャップにより隔離され得る)。2以上のH S Pがある場合には、最高B L A S Tスコアの塩基対を用いて積スコアを計算する。積スコアは、断片的重畳とB L A S Tアラインメントの質とのバランスを表す。例えば積スコア100は、比較した2つの配列の短い方の長さ全体にわたって100%一致する場合のみ得られる。積スコア70は、一端が100%一致し、70%重畳しているか、他端が88%一致し、100%重畳しているかのいずれかの場合に得られる。積スコア50は、一端が100%一致し、50%重畳しているか、他端が79%一致し、100%重畳しているかのいずれかの場合に得られる。

【0261】

或いは、H P D Eをコードするポリヌクレオチド配列は、由来する組織に対して分析する。例えば或る完全長配列は、I n c y t e c D N A配列(実施例3を参照)と少なくとも一部は重畳するように構築される。各c D N A配列は、ヒト組織から作製されたc D N Aライブラリに由来する。各ヒト組織は、心血管系、結合組織、消化系、胚構造、内分泌系、外分泌腺、女性生殖器、男性生殖器、生殖細胞、血液および免疫系、肺、筋骨格系、神経系、臍臓、呼吸器系、感覚器官、皮膚、顎口腔系、分類不能/混合、または尿管などの1つの生物/組織のカテゴリーに分類される。各カテゴリーのライブラリ数を数えて、全カテゴリーの総ライブラリ数で除する。同様に、各ヒト組織は、以下の疾患/病状カテゴリー即ち癌、細胞系、発達、炎症、神経性、外傷、心血管、鬱血、その他の1つに分類される。各カテゴリーのライブラリ数を数えて、全カテゴリーの総ライブラリ数で除する。得られるパーセンテージは、H P D Eをコードするc D N Aの疾患特異的な発現を反映する。c D N A配列およびc D N Aライブラリ/組織の情報は、L I F E S E Q G O L Dデータベース(I n c y t e G e n o m i c s , P a l o A l t o C A)から得ることができる。

【0262】

8 H P D Eをコードするポリヌクレオチドの伸長

完全長のポリヌクレオチド配列もまた、完全長分子の適切な断片から設計したオリゴヌクレオチドプライマーを用いて該断片を伸長させて生成した。一方のプライマーは既知の断片の5'伸長を開始するべく合成し、他方のプライマーは既知の断片の3'伸長を開始するべく合成した。開始プライマーの設計は、長さが約22～30ヌクレオチド、GC含有率が50%以上となり、約68～72の温度で標的配列にアニーリングするように、O

10

20

30

40

50

L I G O 4 . 0 6 ソフトウェア ( N a t i o n a l B i o s c i e n c e s ) 或いは別の適切なプログラムを用いて、c D N A から設計した。ヘアピン構造及びプライマー-プライマー二量体を生ずるようなヌクレオチドの区間は全て回避した。

【 0 2 6 3 】

配列を伸長するために、選択されたヒト c D N A ライブラリを用いた。2段階以上の伸長が必要または望ましい場合には、付加的プライマー或いはプライマーのネステッドセットを設計した。

【 0 2 6 4 】

高忠実度の増幅が、当業者によく知られている方法を利用した P C R 法によって得られた。P C R は、P T C - 2 0 0 サーマルサイクラー ( M J R e s e a r c h , I n c . ) を用いて 9 6 穴プレート内で行った。反応混合液には、D N A 鋳型、各プライマー 2 0 0 n m o l と、M g <sup>2+</sup>、( N H <sub>4</sub> )<sub>2</sub> S O<sub>4</sub> 及び -メルカプトエタノールを含む反応緩衝液と、T a q D N A ポリメラーゼ ( A m e r s h a m P h a r m a c i a B i o t e c h ) と、E L O N G A S E 酵素 ( L i f e T e c h n o l o g i e s ) と、P f u D N A ポリメラーゼ ( S t r a t a g e n e ) が含まれていた。プライマー対 P C I A、P C I B に対して用いたパラメータは次の通りである。

ステップ 1 9 4 で 3 分間  
 ステップ 2 9 4 で 1 5 秒  
 ステップ 3 6 0 度で 1 分間  
 ステップ 4 6 8 で 2 分間  
 ステップ 5 ステップ 2、3、4 を 2 0 回繰り返す  
 ステップ 6 6 8 で 5 分間  
 ステップ 7 4 で 保存

プライマー対 T 7、S K + に対しては、上記パラメータに代えて以下のパラメータを用いた。

ステップ 1 9 4 で 3 分間  
 ステップ 2 9 4 で 1 5 秒  
 ステップ 3 5 7 で 1 分間  
 ステップ 4 6 8 で 2 分間  
 ステップ 5 ステップ 2、3、4 を 2 0 回繰り返す  
 ステップ 6 6 8 で 5 分間  
 ステップ 7 4 で 保存

各ウェルの D N A 濃度は、1 X T E 及び 0 . 5 μ l の希釈していない P C R 産物に溶解した 1 0 0 μ l の P I C O G R E E N 定量試薬 ( 0 . 2 5 ( v / v ) P I C O G R E E N ; M o l e c u l a r P r o b e s , E u g e n e O R ) を不透明な蛍光光度計プレート ( C o m i n g C o s t a r , A c t o n M A ) の各ウェルに分配して D N A が試薬と結合できるようにして測定する。サンプルの蛍光を計測して D N A の濃度を定量するべくプレートを F l u o r o s k a n I I ( L a b s y s t e m s O y , H e l s i n k i , F i n l a n d ) でスキャンした。反応混合物のアリコート 5 ~ 1 0 μ l を 1 % アガロースミニゲル上で電気泳動法によって解析し、どの反応が配列の伸長に成功したかを決定した。

【 0 2 6 5 】

伸長させたヌクレオチドは、脱塩及び濃縮して 3 8 4 穴プレートに移し、C v i J I コラウイルスエンドヌクラーゼ ( M o l e c u l a r B i o l o g y R e s e a r c h , M a d i s o n W I ) を用いて消化し、p U C 1 8 ベクター ( A m e r s h a m P h a r m a c i a B i o t e c h ) への再ライゲーション反応前に音波処理またはせん断した。ショットガン・シーケンシングのために、消化したヌクレオチドを低濃度 ( 0 . 6 ~ 0 . 8 % ) のアガロースゲル上で分離し、断片を切除し、寒天を A g a r A C E ( P r o m e g a ) で消化した。伸長させたクローンを T 4 リガーゼ ( N e w E n g l a n d B i o l a b s , B e v e r l y M A ) を用いて p U C 1 8 ベクター ( A m e

10

20

30

40

50

rsham Pharmacia Biotech) に再ライゲーションをし、Pfu DNAポリメラーゼ (Stratagene) で処理して制限部位の張出部 (overhang) を満たし、大腸菌細胞に形質移入した。形質移入した細胞を選択して抗生物質を含む培地に移し、それぞれのコロニーを切りとってLB / 2 Xカルベニシリン培養液の384ウェルプレートに37 で一晩培養した。

細胞を溶解し、Taq DNAポリメラーゼ (Amersham Pharmacia Biotech) 及びPfu DNAポリメラーゼ (Stratagene) を用いてPCRによってDNAを増幅した。その際用いたパラメータは次の通りである。

ステップ1 94 で3分間  
 ステップ2 94 で15秒  
 ステップ3 60 で1分間  
 ステップ4 72 で2分間  
 ステップ5 ステップ2、3、4を29回繰り返す  
 ステップ6 72 で5分間  
 ステップ7 4 で保存

DNAは、上記のPICOGREEN試薬 (Molecular Probes) によって定量した。DNAの回収率が低いサンプルは、上記と同一の条件を用いて再増幅した。サンプルは20%ジメチルスルホキシド (1:2, v/v) で希釈し、DYENAMIC エネルギートランスファー シークエンシングプライマー、及びDYENAMIC DIRECT kit (Amersham Pharmacia Biotech) またはABI PRISM BIGDYE ターミネーターサイクル シークエンシング反応キット (Terminator cycle sequencing ready reaction kit) (Applied Biosystems) を用いてシークエンシングした。

【0266】

同様に、上記手順を用いて完全長ヌクレオチド配列を検証し、或いはそのような伸長のために設計されたオリゴヌクレオチド及び適切なゲノムライブラリを用いて5'調節配列を得る。

【0267】

#### 9 個々のハイブリダイゼーションプローブの標識及び使用

SEQ ID NO: 5 - 8由来のハイブリダイゼーションプローブを用いて、cDNA、mRNA、またはゲノムDNAをスクリーニングする。約20塩基対からなるオリゴヌクレオチドの標識について特に記載するが、より大きなヌクレオチド断片に対しても事実上同一の手順が用いられる。オリゴヌクレオチドは、OLIGO 4.06ソフトウェア (National Biosciences) 等の最新ソフトウェアを用いて設計し、各オリゴマー50 pmolと、[ $^{-32}P$ ]アデノシン3リン酸 (Amersham Pharmacia Biotech) 250  $\mu$ Ciと、T4ポリヌクレオチドキナーゼ (DuPont NEN, Boston MA) を混合することにより標識する。標識したオリゴヌクレオチドは、SEPHADEX G-25超細繊維分子サイズ排除デキストランビードカラム (Amersham Pharmacia Biotech) を用いて十分に精製する。Ase I、Bgl II、Eco RI、Pst I、Xba IまたはPvu II (DuPont NEN) のいずれか1つのエンドヌクレアーゼで消化されたヒトゲノムDNAの典型的な膜ベースのハイブリダイゼーション解析において、毎分 $10^7$ カウントの標識されたプローブを含むアリコットを用いる。

【0268】

各消化物から得たDNAは、0.7%アガロースゲル上で分画してナイロン膜 (Nytran Plus, Schleicher & Schuell, Durham NH) に移す。ハイブリダイゼーションは、40 で16時間行う。非特異的シグナルを除去するため、例えば0.1xクエン酸ナトリウム食塩水及び0.5%ドデシル硫酸ナトリウムに一致する条件下で、プロットを室温で順次洗浄する。オートラジオグラフィまたはそれに代わるイメージング手段を用いてハイブリダイゼーションパターンを視覚化し、比較す

10

20

30

40

50

る。

【0269】

#### 10 マイクロアレイ

マイクロアレイの表面上でアレイエレメントのリンクまたは合成は、フォトリソグラフィ、圧電印刷（インクジェット印刷、前出のBaldeschweiler等を参照）、機械的マイクロスポッティング技術及びこれらから派生したものをを用いて達成することが可能である。上記各技術において基質は、均一且つ非多孔性の固体とするべきである（Schena（1999）前出）。推奨する基質には、シリコン、シリカ、スライドガラス、ガラスチップ及びシリコンウエハがある。或いは、ドットプロット法またはスロットプロット法に類似のアレイを利用して、熱的、紫外線的、化学的または機械的結合手順を用いて基質の表面にエレメントを配置及び結合させてもよい。通常のアレイは、手作業で、または利用可能な方法や機械を用いて作製でき、任意の適正数のエレメントを有し得る（Schena, M. 他（1995）*Science* 270: 467-470、Shalon, D. 他（1996）*Genome Res.* 6: 639-645、Marshall, A. および J. Hodgson（1998）*Nat. Biotechnol.* 16: 27-31.を参照）。

10

【0270】

完全長cDNA、発現配列タグ（EST）、またはその断片またはオリゴマーは、マイクロアレイのエレメントと成り得る。ハイブリダイゼーションに好適な断片またはオリゴマーを、レーザGENEソフトウェア（DNASTAR）等の本技術分野で公知のソフトウェアを用いて選択することが可能である。アレイエレメントは、生物学的サンプル中でポリヌクレオチドを用いてハイブリダイズされる。生物学的サンプル中のポリヌクレオチドは、検出を容易にするために蛍光標識またはその他の分子タグに抱合される。ハイブリダイゼーション後、生物学的サンプルからハイブリダイズされていないヌクレオチドを除去し、蛍光スキャナを用いて各アレイエレメントにおいてハイブリダイゼーションを検出する。或いは、レーザ脱着及び質量スペクトロメトリを用いてもハイブリダイゼーションを検出し得る。マイクロアレイ上のエレメントにハイブリダイズする各ポリヌクレオチドの相補性の度合及び相対存在度は、算定し得る。一実施例におけるマイクロアレイの調整及び使用について、以下に詳述する。

20

【0271】

#### 組織または細胞サンプルの準備

グアニジウムチオシアネート法を用いて組織サンプルから全RNAを単離し、オリゴ（dT）セルロース法を用いてポリ（A）<sup>+</sup> RNAを精製する。各ポリ（A）<sup>+</sup> RNAサンプルを、MMLV逆転写酵素、0.05 pg/μlのオリゴ（dT）プライマー（21mer）、1×第一鎖合成バッファー、0.03 unit/μlのRNAアーゼ阻害因子、500 μMのdATP、500 μMのdGTP、500 μMのdTTP、40 μMのdCTP、40 μMのdCTP-Cy3（BDS）またはdCTP-Cy5（Amersham Pharmacia Biotech）を用いて逆転写する。逆転写反応は、GEMBRIGHTキット（Incyte）を用いて、200 ngのポリ（A）<sup>+</sup> RNAを含む25 ml容量で行う。特異的対照ポリ（A）<sup>+</sup> RNAは、非コード酵母ゲノムDNAから*in vitro*転写により合成する。各反応サンプル（1つはCy3、もう1つはCy5標識）は、2.5 mlの0.5 M水酸化ナトリウムで処理し、85 °Cで20分間インキュベートし、反応を停止させてRNAを分解させる。サンプルは、2つの連続するCHROMASPIN 30ゲル濾過スピカラム（CLONTECH Laboratories, Inc.（CLONTECH）, Palo Alto CA）を用いて精製する。結合後、2つの反応サンプルは、1 mlのグリコーゲン（1 mg/ml）を用いて析出させたエタノール、60 mlの酢酸ナトリウム及び300 mlの100%エタノールである。サンプルは次に、SpeedVAC（Savant Instruments Inc., Holbrook NY）を用いて乾燥して仕上げ、14 μl 5×SSC/0.2% SDS中で再懸濁する。

30

40

50

## 【0272】

マイクロアレイの準備

本発明の配列を用いて、アレイエレメントを作製する。各アレイエレメントは、クローン化cDNAインサートによりベクター含有細菌性細胞から増幅する。PCR増幅は、cDNAインサートの側面に位置するベクター配列に相補的なプライマーを用いる。30サイクルのPCRによって、1~2 ngの初期量から5 µgを超える最終量までアレイエレメントを増幅する。増幅されたアレイエレメントは、SEPHACRYL-400 (Amersham Pharmacia Biotech)を用いて精製される。

## 【0273】

精製したアレイエレメントは、ポリマーコートされたスライドガラス上に固定する。顕微鏡スライドガラス(Corning)は、処理中及び処理後に0.1%のSDS及びアセトン中で超音波をかけ、蒸留水で非常に良く洗って洗浄する。スライドガラスは、4%フッ化水素酸(VWR Scientific Products Corporation (VWR), West Chester PA)中でエッチングし、蒸留水中で非常に良く洗浄し、95%エタノール中で0.05%アミノプロピルシラン(Sigma)を用いてコーティングする。コーティングしたスライドガラスは、110 °Cの天火で硬化させる。

10

## 【0274】

米国特許第5,807,522号で説明されている方法を用いて、コーティングしたガラス基板にアレイエレメントを付加する。該特許は、引用を以って本明細書の一部となす。平均濃度が100 ng/µlのアレイエレメントDNA 1 µlを高速ロボット装置により開口キャピラリープリントエレメントに充填する。装置はここで、スライド毎に約5 nLのアレイエレメントサンプルを加える。

20

## 【0275】

マイクロアレイには、STRATALINKER UV架橋剤(Stratagene)を用いてUV架橋する。マイクロアレイは、室温において0.2%SDSで1度洗浄し、蒸留水で3度洗浄する。リン酸緩衝生理食塩水(PBS)(Tropix, Inc., Bedford MA)中の0.2%カゼイン中において60 °Cで30分間マイクロアレイをインキュベートした後、前に行ったように0.2%SDS及び蒸留水で洗浄することにより、非特異結合部位をブロックする。

30

## 【0276】

ハイブリダイゼーション

ハイブリダイゼーション反応液は、5×SSC、0.2%SDSハイブリダイゼーション緩衝液にCy3及びCy5標識したcDNA合成産物を各0.2 µg含む9 µlのサンプル混合体を含めたものである。サンプル混合体は、65 °Cまで5分間加熱し、マイクロアレイ表面上で等分して1.8 cm<sup>2</sup>のカバーガラスで覆う。アレイは、顕微鏡用スライドより僅かに大きい空洞を有する防水チェンバーに移す。チェンバーのコーナーに140 µlの5×SSCを加えることにより、チェンバー内部を湿度100%に保持する。アレイを含むチェンバーは、60 °Cで約6.5時間インキュベートする。アレイは、第1洗浄緩衝液中(1×SSC, 0.1%SDS)において45 °Cで10分間洗浄し、第2洗浄緩衝液中(0.1×SSC)において45 °Cで10分間各々3度洗浄して乾燥させる。

40

## 【0277】

検出

レポーター標識ハイブリダイゼーション複合体は、Cy3の励起のためには488 nm、Cy5の励起のためには632 nmでスペクトル線を発生し得るInnova70混合ガス10Wレーザ(Coherent, Inc., Santa Clara CA)を備えた顕微鏡で検出する。20×顕微鏡対物レンズ(Nikon, Inc., Melville NY)を用いて、アレイ上に励起レーザ光の焦点を当てる。アレイを含むスライドを顕微鏡のコンピュータ制御のX-Yステージに置き、対物レンズを通過してラスタースキャンする。本実施例で用いた1.8 cm×1.8 cmのアレイは、20 µmの解像度で

50

スキャンした。

#### 【0278】

2つの異なるスキャンで、混合ガスマルチラインレーザは2つの蛍光色素を連続的に励起する。発光された光は、波長に基づき分離され、2つの蛍光色素に対応する2つの光電子増倍管検出器 (PMT R1477, Hamamatsu Photonics Systems, Bridgewater NJ) に送られる。アレイと光電子増倍管間に設置された好適なフィルターを用いて、シグナルをフィルターする。用いる蛍光色素の最大発光の波長は、Cy3では565nm、Cy5では650nmである。装置は両方の蛍光色素からのスペクトルを同時に記録し得るが、レーザ源において好適なフィルターを用いて、

10

蛍光色素1つにつき1度スキャンし、各アレイを通常2度スキャンする。スキャンの感度は通常、既知濃度のサンプル混合体に添加されるcDNA対照種により生成されるシグナル強度を用いて較正する。アレイ上の特定の位置には相補的DNA配列が含まれ、その位置におけるシグナルの強度をハイブリダイジング種の重量比1:100,000に相関させる。異なる源泉(例えば試験される細胞及び対照細胞など)からの2つのサンプルを、各々異なる蛍光色素で標識し、他と異なって発現した遺伝子を同定するために単一のアレイにハイブリダイズする場合には、その較正を、2つの蛍光色素で較正するcDNAのサンプルを標識し、ハイブリダイゼーション混合体に各々等量を加えること

#### 【0279】

光電子増倍管の出力は、IBMコンパチブルPCコンピュータにインストールされた12ビットRTI-835Hアナログ-デジタル(A/D)変換ボード(Analog Devices, Inc., Norwood MA)を用いてデジタル化される。デジタル化されたデータは、青色(低シグナル)から赤色(高シグナル)までの擬似カラー範囲へのリニア20色変換を用いてシグナル強度がマッピングされたようなイメージとして表示される。データは、定量的にも分析される。2つの異なる蛍光色素を同時に励起及び測定する場合には、各蛍光色素の発光スペクトルを用いて、データは先ず蛍光色素間の光学的クロストーク(発光スペクトルの重なり起因する)を補正する。

20

#### 【0280】

グリッドが蛍光シグナルイメージ上に重ねられ、それによって各スポットからのシグナルはグリッドの各エレメントに集められる。各エレメント内の蛍光シグナルは統合され、シグナルの平均強度に応じた数値が得られる。シグナル分析に用いるソフトウェアは、GEMTOOLS遺伝子発現分析プログラム(Incyte)である。

30

#### 【0281】

##### 1.1 相補的ポリヌクレオチド

HPDEをコードする配列或いはその任意の一部に対して相補的な配列は、天然のHPDEの発現を低下させるため即ち阻害するために用いられる。約15~30塩基対を含むオリゴヌクレオチドの使用について記すが、これより小さな或いは大きな配列の断片の場合でも本質的に同じ方法を用いることができる。Oligo4.06ソフトウェア(National Biosciences)及びHPDEのコーディング配列を用いて、適切なオリゴヌクレオチドを設計する。転写を阻害するためには、最も独特な5'配列から相補的オリゴヌクレオチドを設計し、これを用いてプロモーターがコーディング配列に結合するのを阻害する。翻訳を阻害するためには、相補的なオリゴヌクレオチドを設計して、リボソームがHPDEをコードする転写物に結合するのを阻害する。

40

#### 【0282】

##### 1.2 HPDEの発現

HPDEの発現及び精製は、細菌若しくはウイルスを基にした発現系を用いて行うことができる。細菌でHPDEが発現するために、抗生物質耐性及びcDNAの転写レベルを高める誘導性のプロモーターを含む好適なベクターにcDNAをサブクローニングする。このようなプロモーターには、lacオペレーター調節エレメントに関連するT5またはT7バクテリオファージプロモーター及びtrp-lac(tac)ハイブリッドプロモ-

50

ターが含まれるが、これらに限定するものではない。組換えベクターを、BL21(DE3)等の好適な細菌宿主に形質転換する。抗生物質耐性をもつ細菌が、イソプロピル-Dチオガラクトピラノシド(IPTG)で誘発されるとHPDEを発現する。真核細胞でのHPDEの発現は、昆虫細胞株または哺乳動物細胞株に一般にバキュロウイルスとして知られている Autographica californica 核多角体病ウイルス (AcMNPV) を感染させて行う。バキュロウイルスの非必須の多角体遺伝子を、相同組換え或いは転移プラスミドの媒介を伴う細菌の媒介による遺伝子転移のどちらかによって、HPDEをコードするcDNAと置換する。ウイルスの感染力は維持され、強い多角体プロモーターによって高いレベルのcDNAの転写が行われる。組換えバキュロウイルスは、多くの場合は Spodoptera frugiperda (Sf9) 昆虫細胞に感染に用いられるが、ヒト肝細胞の感染にも用いられることもある。後者の感染の場合は、バキュロウイルスの更なる遺伝的変更が必要になる (Engelhard, E. K. 他 (1994) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 91: 3224-3227, Sandig, V. 他 (1996) Hum. Gene Ther. 7: 1937-1945. 等を参照)。

#### 【0283】

殆どの発現系では、HPDEが、例えばグルタチオンSトランスフェラーゼ(GST)、またはFLAGや6-Hisなどのペプチドエピトープ標識で合成された融合タンパク質となるため、未精製の細胞溶解物からの組換え融合タンパク質の親和性ベースの精製が素早く1回で行うことができる。GSTは日本住血吸虫からの26kDaの酵素であり、タンパク質の活性及び抗原性を維持した状態で、固定化グルタチオン上で融合タンパク質の精製を可能とする (Amersham Pharmacia Biotech)。精製の後、GST部分を特定の操作部位でHPDEからタンパク質的に切断できる。FLAGは8アミノ酸のペプチドであり、市販されているモノクローナル及びポリクローナル抗FLAG抗体 (Eastman Kodak) を用いて免疫親和性精製を可能にする。6ヒスチジン残基が連続して伸長した6-Hisは、金属キレート樹脂 (QIAGEN) 上での精製を可能にする。タンパク質の発現及び精製の方法は、前出のAusubel (1995) 10章、16章に記載されている。これらの方法で精製したHPDEを直接用いて以下の実施例16、17、及び18のアッセイを行うことができる。

#### 【0284】

##### 1.3 機能的アッセイ

HPDE機能は、哺乳動物細胞培養系において生理学的に高められたレベルでのHPDEをコードする配列の発現によって評価する。cDNAを高いレベルで発現する強いプロモーターを含む哺乳動物発現ベクターにcDNAをサブクローニングする。選択されるベクターには、pCMV SPORTプラスミド (Life Technologies) 及びpCR3.1プラスミド (Invitrogen) が含まれ、どちらもサイトメガロウイルスプロモーターを有する。リポソーム製剤或いは電気穿孔法を用いて、5~10µgの組換えベクターをヒト細胞株、例えば内皮由来または造血由来の細胞株に一時的に形質移入する。更に、標識タンパク質をコードする配列を含む1~2µgのプラスミドを同時に形質移入する。標識タンパク質の発現により、形質移入細胞と非形質移入細胞を区別する手段が与えられる。また、標識タンパク質の発現によって、cDNAの組換えベクターからの発現を正確に予想できる。標識タンパク質は、例えば緑色蛍光タンパク質 (GFP; Clontech)、CD64またはCD64-GFP融合タンパク質から選択できる。自動化された、レーザー光学に基づく技術であるフローサイトメトリー (FCM) を用いて、GFPまたはCD64-GFPを発現する形質移入された細胞を同定し、その細胞のアポトーシス状態や他の細胞特性を評価する。FCMは、細胞死に先行するか或いは同時に発生する現象を診断する蛍光分子の取込を検出して計量する。このような現象として挙げられるのは、プロピジウムヨウ化物によるDNA染色によって計測される核DNA内容物の変化、前方散乱光と90°側方散乱光によって計測される細胞サイズと顆粒状性の変化、プロモデオキシウリジンの取込量の低下によって計測されるDNA合成の下方調節

、特異抗体との反応性によって計測される細胞表面及び細胞内におけるタンパク質の発現の変化、及び蛍光複合アネキシンVタンパク質の細胞表面への結合によって計測される原形質膜組成の変化とがある。フローサイトメトリー法については、Ormerod, M. G. (1994) Flow Cytometry Oxford, New York, NY. に記述がある。

#### 【0285】

遺伝子発現におけるHPDEの影響は、HPDEをコードする配列とCD64またはCD64-GFPのどちらかが形質移入された高度に精製された細胞集団を用いて評価することができる。CD64またはCD64-GFPは、形質転換された細胞表面で発現し、ヒト免疫グロブリンG (IgG) の保存領域と結合する。形質転換された細胞と形質転換されない細胞とは、ヒトIgGがCD64に対する抗体のどちらかで被覆された磁気ビードを用いて分離することができる (DYNAL, Lake Success, NY)。mRNAは、当分野で周知の方法で細胞から精製することができる。HPDE及び目的の他の遺伝子をコードするmRNAの発現は、ノーザン分析やマイクロアレイ技術で分析することができる。

10

#### 【0286】

##### 1.4 HPDEに特異的な抗体の作製

ポリアクリルアミドゲル電気泳動法 (PAGE; 例えば、Harrington, M. G. (1990) Methods Enzymol. 1816-3088-495を参照) または他の精製技術で実質的に精製されたHPDEを用いて、標準的なプロトコルでウサギを免疫化して抗体を作り出す。

20

#### 【0287】

或いは、レーザGENEソフトウェア (DNASTAR) を用いてHPDEアミノ酸配列を解析し、免疫抗原性の高い領域を決定する。そして対応するオリゴペプチドを合成し、このオリゴペプチドを用いて当業者によく知られている方法で抗体を生成する。例えばC末端付近或いは隣接する親水性領域等の、適切なエピトープの選択については、当分野で公知である (前出のAusubel, 1995, 11章等を参照)。

#### 【0288】

通常は、長さ約15残基のオリゴペプチドを、Fmocケミストリーを用いるABI 431A ペプチドシンセサイザ (Applied Biosystems) を用いて合成し、N-マレイミドベンゾイル-N-ヒドロキシスクシンイミドエステル (MBS) を用いた反応によってKLH (Sigma-Aldrich, St. Louis MO) に結合させて、免疫抗原性を高める (前出のAusubel, 1995等を参照)。完全フロイントアジュバントにおいてオリゴペプチド-KLM複合体を用いてウサギを免疫化する。得られた抗血清の抗ペプチド活性及び抗HPDE活性を検査するには、ペプチドまたはHPDEを基板に結合し、1% BSAを用いてブロッキング処理し、ウサギ抗血清と反応させて洗浄し、さらに放射性ヨウ素標識されたヤギ抗ウサギIgGと反応させる。

30

#### 【0289】

##### 1.5 特異的な抗体を用いた天然HPDEの精製

天然HPDE或いは組換えHPDEを、HPDEに特異的な抗体を用いるイムノアフィニティークロマトグラフィーにより実質的に精製する。イムノアフィニティークラムは、CNBr-活性化SEPHAROSE (Amersham Pharmacia Biotech) のような活性化クロマトグラフィー用レジンと抗HPDE抗体とを共有結合させることにより形成する。結合後に、製造者の使用説明書に従って樹脂をブロックし、洗浄する。

40

#### 【0290】

HPDEを含む培養液をイムノアフィニティークラムに通し、HPDEを優先的に吸着できる条件で (例えば、界面活性剤の存在下において高イオン強度のバッファーで) そのカラムを洗浄する。そのカラムを、抗体とHPDEとの結合を切るような条件で (例えば、pH 2~3のバッファー、或いは高濃度の尿素またはチオシアン酸塩イオンのようなカオ

50

トロピックイオンで) 溶出させ、HPDEを回収する。

【0291】

#### 1.6 HPDEと相互作用する分子の同定

HPDEまたは生物学的に活性なその断片を、 $^{125}\text{I}$  ボルトンハンター試薬で標識する(例えば、Bolton A. E. 及び W. M. Hunter (1973) *Biochem. J.* 133:529を参照)。マルチウェルプレートに予め配列しておいた候補の分子を、標識したHPDEと共にインキュベートし、洗浄して、標識したHPDE複合体を有する全てのウェルをアッセイする。様々なHPDE濃度で得られたデータを用いて、候補分子と結合したHPDEの数量及び親和性、会合についての値を計算する。

【0292】

別法では、HPDEと相互作用する分子を、Fields, S. 及び O. Song (1989, *Nature* 340:245-246) に記載の酵母2-ハイブリッドシステム(yeast two-hybrid system) やMATCHMAKERシステム(Clontech) などの2-ハイブリッドシステムに基づいた市販のキットを用いて分析する。

【0293】

HPDEはまた、高処理型の酵母2ハイブリッドシステムを使用するPATHCALLINGプロセス(CuraGen Corp., New Haven CT) に用いて、遺伝子の2つの大きなライブラリによってコードされるタンパク質間の全ての相互作用を決定することができる(Nandabalan, K. 他 (2000) 米国特許第6,057,101号)。

【0294】

#### 1.7 HPDE活性の実証

通常、HPDEのホスホジエステラーゼ(PDE)活性は、サイクリックヌクレオチド(cAMP若しくはcGMPのいずれか)のヌクレオチドリン酸への転換をモニターすることで測定される。 $^3\text{H}$ -cAMP、 $^3\text{H}$ -cGMPのようなトリチウムを含んだ基質と蛇毒からの5'ヌクレオチダーゼを使用すると、PDE反応をシンチレーションカウンターを用いてモニターできるようになる。

【0295】

HPDEのcAMP特異的PDE活性は、HPDE及び5'ヌクレオチダーゼの存在下で、 $^3\text{H}$ -cAMPの $^3\text{H}$ -アデノシンへの転換を測定することでアッセイされる。ワンステップアッセイは、50mMのトリス-HCl(pH7.5)、10mMのMgCl<sub>2</sub>、0.1unitの5'ヌクレオチダーゼ(*Crotalus atrox* 蛇毒液より)、0.0062-0.1 $\mu\text{M}$  $^3\text{H}$ -cAMP、及び様々な濃度のcAMP(0.0062-3mM)を含む100 $\mu\text{l}$ の反応を用いて行われる。反応は、25 $\mu\text{l}$ の希釈された酵素上澄の添加によって開始される。反応は、MiniPoly-Qシンチレーションバイアル(Beckman Instruments, Fullerton CA)中で、直接実行される。生産物阻害に関係して反応が非線形になるのを回避するべく、アッセイは、cAMPの15%未満が加水分解されるぐらいの時間まで37℃でインキュベートされる。反応は、1mlのDowex(Dow Chemical, Midland MI)AG 1x8(C1型)樹脂(1:3スラリー)の添加により停止される。3mlのシンチレーション流体が添加され、またバイアルが混合される。バイアル中の樹脂は、測定前に一時間に沈殿させるようにする。 $^3\text{H}$ -アデノシンに関する可溶性放射能は、ベータシンチレーションカウンターを用いて定量化される。回収した放射エネルギーは、反応中のHPDEのcAMP特異性PDE活性に比例する。阻害剤若しくはアゴニストの研究目的には、反応は、1%のDMSO、50nMのcAMP、及び様々な濃度の阻害剤若しくはアゴニストの添加を加えて上記の条件下で実行される。対照反応は、酵素アリコットを除くすべての試薬に関して実行される。

【0296】

HPDEのcGMP特異的PDE活性は、HPDE及び5'ヌクレオチダーゼの存在下で

10

20

30

40

50

$^3\text{H}$ -cAMPの $^3\text{H}$ グアノシンへの転換を測定することでアッセイされる。ワンステップアッセイは、50 mMのトリス-HCl (pH 7.5)、10 mMのMgCl<sub>2</sub>、0.1 unitの5'ヌクレオチダーゼ (*Crotalus atrox* 蛇毒液より)、及び0.0064~2.0  $\mu\text{M}$ の $^3\text{H}$ -cAMPを含む100  $\mu\text{l}$ の反応を用いて行われた。反応は、25  $\mu\text{l}$ の希釈された酵素上澄の添加によって開始される。反応は、ミニPoly-Qシンチレーションバイアル (Beckman Instruments) 中で、直接実行される。生産物阻害に関係する反応が非線形になるのを回避するべく、アッセイは、cGMPの15%未満が加水分解されるぐらいの時間まで37 でインキュベートされる。反応は、1 mlのDowex (Dow Chemical, Midland MI) AG1x8 (C1型) 樹脂 (1:3スラリー) の添加により停止される。3 mlのシンチレーション流体が添加され、またバイアルが混合される。バイアル中の樹脂は、測定前に一時間に沈殿させるようにする。 $^3\text{H}$ -グアノシンに関する可溶性放射能は、ベータシンチレーションカウンターを用いて定量化される。回収した放射エネルギーは、反応中のHPDEのcGMP特異性PDE活性に比例する。阻害剤若しくはアゴニストの研究目的には、反応は、1のDMSO、50 nMのcGMP、及び様々な濃度の阻害剤若しくはアゴニストを加えて上記の条件下で実行される。対照反応は、酵素アリコットを除くすべての試薬に関して実行される。

10

## 【0297】

HPDEのグリセロホスホリルジエステルホスホジエステラーゼ活性は、sn-グリセロール-3-リン酸デヒドロゲナーゼ及びNADを用いる共役 (coupled) 分光光度法アッセイによって測定される (Larson, T. J.ら (1983) *J. Biol. Chem.* 248 : 5428-5432 ; Cameron, C. E.ら (1998) *Infect. Immun.* 66 : 5763-5770)。HPDEは、0.45 mlの1Mのヒドラジン-グリシン (pH 9.0) バッファー、0.5 MのNAD、10 mM CaCl<sub>2</sub>、20ユニットのグリセロール-3-リン酸デヒドロゲナーゼ (Sigma, St. Louis MO)、及び0.5 mMのグリセロホスホリルコリンを含む0.5 mlのアッセイ混合液中で25 でアッセイされる。ホスホジエステラーゼ活性は、NADHの6300  $\text{M}^{-1}\text{cm}^{-1}$  のモル吸収係数を用いて、340 nmで分光光度的に測定される。グリセロホスホリルジエステルホスホジエステラーゼ活性は、NADの減少に比例する。

20

30

## 【0298】

18 ホスホジエステラーゼ阻害剤及びアゴニストの同定

通常、HPDEのPDE活性の阻害剤及びアゴニストは、実施例17に記載されたPDE活性のアッセイを用いて化合物のスクリーニングをすることによって獲得されうる。酵素アッセイが候補化合物の存在若しくは不在の双方で実行され、HPDEのPDE活性の阻害が見られる場合は、阻害剤化合物が同定される。或いは、増加したHPDEのPDE活性が観測される時、アゴニスト化合物が同定される。

## 【0299】

HPDEの内のcAMP特異的PDE阻害剤の高処理スクリーニングは、マイクロタイタープレートベースのシンチレーション近接分析を用いる (Bardelle, C.ら、(1999) *Anal. Biochem.* 275 : 148-155)。精製された酵素は、20 で、25 mMのHepes-NaOH (pH 7.45)、1 mM MgCl<sub>2</sub>、0.1 mMのEGTA、及び0.1% BSAを含むアッセイバッファ中に希釈される。18 mM ZnSO<sub>4</sub>中に1% (w/v)のイットリウムケイ酸ビーズが懸濁された液が調整され、25  $\mu\text{l}$ のアリコットでマイクロタイタープレートへ入れる。反応は、50  $\mu\text{l}$ の希釈酵素溶液を2  $\mu\text{M}$ のcAMP及び1.8  $\mu\text{Ci}$  ( $4 \times 10^6$  dpm)の $^3\text{H}$ -cAMP/mlを含む50  $\mu\text{l}$ のアッセイバッファと共に攪拌することで開始される。15分後に2分間95度まで加熱して反応が終了し、その後冷却され、50  $\mu\text{l}$ のこの反応終了溶液を、イットリウムケイ酸ビーズが予めプレートに入れられたアリコットに添加する。または、反応を終了せずに、50  $\mu\text{l}$ の反応混合物を予め入れられたピ

40

50

ーズに直接添加する。ビーズを沈殿させ、マイクロタイタープレートをシールし、反応混合物をシンチレーションカウンタを用いて測定する。

【0300】

PDE活性の阻害をスクリーニングするために、候補の阻害剤化合物を個々の反応混合物に添加する。候補の阻害剤分子は、既知のPDE阻害剤、修飾されたPDE阻害剤、ペプチドライブラリ、化学ライブラリ、及び組み合わせ化学ライブラリより選択されても良い。HPDEのcGMP特異的PDE活性の阻害剤は、アデノシン基質の代わりにグアノシン基質を使い、上述の高処理スクリーニングを用いることで同定され得る。HPDEのPDE活性アゴニストは、上述の高処理スクリーニングを用い、PDE活性減少の代わりにPDE活性増加をモニターすることで同定され得る。候補アゴニスト分子は、既知のPDEアゴニスト、修飾されたPDEアゴニスト、ペプチドライブラリ、化学ライブラリ、及び組み合わせ化学ライブラリより選択されても良い。

10

【0301】

当業者は、本発明の範囲及び精神から逸脱することなく本発明の記載した方法及びシステムの種々の改変を行い得る。本発明について説明するにあたり特定の好適実施例に関連して説明を行ったが、本発明の範囲が、そのような特定の実施例に不当に制限されるべきではないことを理解されたい。実際に、分子生物学または関連分野の専門家には明らかな、本明細書に記載されている本発明の実施方法の様々な改変は、特許請求の範囲内にあるものとする。

【0302】

20

(表の簡単な説明)

表1は、本発明の完全長ポリヌクレオチド配列及びポリペプチド配列の命名法の概略を示す。

【0303】

表2は、GenBank識別番号及び本発明のポリペプチドに最も近いGenBank相同体の注釈を示す。各ポリペプチドとそのGenBank相同体が一致する確率スコアも併せて示す。

【0304】

表3は、予測されるモチーフ及びドメインを含む本発明のポリヌクレオチド配列の構造的な特徴を、ポリペプチドの分析に用いるための方法、アルゴリズム及び検索可能なデータベースと共に示す。

30

【0305】

表4は、本発明のポリヌクレオチド配列を構築するために用いたcDNAやゲノムDNA断片を、ポリヌクレオチド配列の選択した断片と共に示す。

【0306】

表5は、本発明のポリヌクレオチドの代表的なcDNAライブラリを示す。

【0307】

表6は、表5に示したcDNAライブラリの作製に用いた組織及びベクターを説明する付表である。

【0308】

40

表7は、本発明のポリヌクレオチドとポリペプチドの分析に用いたツール、プログラム、アルゴリズムを、適用可能な説明、引用文献及び閾値パラメータと共に示す。

【表1】

表 1

Incyte プロシ エクト ID	ポリペプチド SEQ ID NO:	Incyte リペプチド ID	水	ポリスクレオチド SEQ ID NO:	Incyte ポリスクレオ チド ID
7476201	1	7476201CD1		5	7476201CBI
7476312	2	7476312CD1		6	7476312CBI
2708696	3	2708696CD1		7	2708696CBI
6390038	4	6390038CD1		8	6390038CBI

【表 2】

10

20

30

表 2

ポリペプチド SEQ ID NO:	Incyte ポリペプチド ID	GenBank ID NO:	確率スコア	GenBank 相同体
1	7476201CD1	96694239	9.0e-213	cAMP 特異的ホスホジェステラーゼ PDE7B [ハツ カネズミ]
2	7476312CD1	93347863	5.3e-284	cAMP 特異的サイクリックヌクレオチドホスホジ エステラーゼ PDE6 [ハツカネズミ]
3	2708696CD1	96459976	2.3e-12	グリセロホスホリル ジェステラル ホスホジェステ ラーゼ [放射線耐性細菌 (Deinococcus radiodurans)]
4	6390038CD1	95123564	4.7e-50	スクレオチドピロホスファターゼ様タンパク質 [シ ロイヌナズナ]
		912231525	4.0e-70	推定スクレオチドピロホスファターゼ/ホスホ ジェステラーゼ ; NPP5 [ハツカネズミ]

10

20

【表 3】

30

表 3-1

SEQ ID NO:	Incyte ポリペプチド ID	アミノ酸 残基数	潜在的リン酸化部位	潜在的グリコシ ル化部位	シグネチャ配列、 ドメインおよびモチーフ	分析方法及びデ ータベース
1	7476201CD1	502	S292 S390 S481 S56 S97 T117 T18 T251 T449 T492 Y398	N107 N290 N447	3'5'-サイクリックヌクレオチドホスホジエステラーゼ Y224-K462 3'5'-サイクリックヌクレオチドホスホジエステラーゼ シグネチャ: L246-I1297 3'5'-サイクリックヌクレオチドホスホジエステラーゼ シグネチャ BL00126: L183-H219, Y224-Q235, L250-N290, I303-E341, D375-F429 3'5'-サイクリックヌクレオチドホスホジエステラーゼ シグネチャ PR00387: S220-V233, T251-A264, H265-T280, S292-E308, L371-E384, Q388-E404 3'5'-サイクリックヌクレオチドホスホジエステラーゼ DM00370 Q08499 252-631: H132-E498 3'5'-サイクリックヌクレオチドホスホジエステラーゼ DM00370 P14270 236-615: H132-E496 3'5'-サイクリックヌクレオチドホスホジエステラーゼ DM00370 I61259 236-629: H132-E496 3'5'-サイクリックヌクレオチドホスホジエステラーゼ DM00370 I38416 167-546: H132-E498 3'5'-サイクリックヌクレオチドホスホジエステラーゼ PD001130: Q221-K462 3'5'-サイクリックヌクレオチドホスホジエステラーゼ PD09306: G80-P223 シグナルペプチド: M1-A49	HMMER-PPAM ProfileScan BLIIPS-BLOCKS BLIIPS-PRINTS BLAST-DOMO BLAST-DOMO BLAST-DOMO BLAST-DOMO BLAST-PRODOM BLAST-PRODOM SPScan
2	7476312CD1	885	S111 S116 S143	N241 N591		

【表 4】

表 3-2

SEQ ID NO:	Incyte ポリペプチド ID	アミノ酸 残基数	潜在的リン酸化部位	潜在的グリニン 部位	シグネチャ配列、ドメインおよびモチーフ	分析方法及びデータベース
3	2708696CD1	210	S167 S198 S25 S320 S351 S376 S401 S407 S417 S424 S517 S754 S835 S878 S99 T273 T285 T470 T494 T539 T568 T596 T653 T696 T715 T807 T870 T89 Y713	N616 N679	3'-5'-サイクリックヌクレオチドホスホジェステラーゼ; Y614-H863 3'-5'-サイクリックヌクレオチドホスホジェステラーゼ シグネチャ: V636-H687 ホスホジェステラーゼ I モチーフ: H655-P666 3'-5'-サイクリックヌクレオチドホスホジェステラーゼ シグネチャ BL00126: L573-H609, Y614-H625, L640-D680 T696-E734, D781-S835 3'-5'-サイクリックヌクレオチドホスホジェステラーゼ シグネチャ PR00387A: S610-V623, H655-A670, A682-K698, I777-D790, E794-E810 3'-5'-サイクリックヌクレオチドホスホジェステラーゼ DM00370 Q07343 316-709: I547-W868 3'-5'-サイクリックヌクレオチドホスホジェステラーゼ DM00370 P14645 95-473: D542-W868 3'-5'-サイクリックヌクレオチドホスホジェステラーゼ DM00370 P27815 343-722: D542-W868 3'-5'-サイクリックヌクレオチドホスホジェステラーゼ DM00370 I39416 167-546: I547-W868 cAMP 特異的 3',5'-サイクリックヌクレオチドホスホジェステラーゼ 8A (EC 3.1.4.17) PD185095: R91-N812 3'-5'-サイクリックヌクレオチドホスホジェステラーゼ P000130: N612-N864 シグナルペプチド: M1-G14	HMMER-PTAM ProfileScan MOTIFS BLIMPS-BLOCKS BLIMPS-PRINTS BLAST-DOMO BLAST-DOMO BLAST-DOMO BLAST-DOMO BLAST-PRODOM BLAST-PRODOM SPScan

【表 5】

表 3-3

SEQ ID NO.	Incyte ポリペプチド ID	アミノ酸 残基数	潜在的リン酸化部位	潜在的グリコシル化部位	シグネチャ配列、ドメインおよびモチーフ	分析方法及びデータベース
4	6390038CD1	489	T197 T78 T95 Y112 S188 S27 S3 S31 S403 S469 T115 T133 T215 T267 T281 T300	N131 N152 N177 N199 N298	タンパク質ホスホジエステラーゼ PD01922A: L39-A49 PD01922B: L53-D88 グリセロホスホリル ジエステラル ホスホジエステラーゼ DM01508 P54527 1-159: L39-S203 グリセロホスホリル ジエステラル ホスホジエステラーゼ DM01508 A41652 1-145: H45-E184 グリセロホスホリル ジエステラル ホスホジエステラーゼ DM01508 P47535 1-165: I43-Y190 グリセロホスホリル ジエステラル ホスホジエステラーゼ PD002136: I43-K153 シグナルペプチド: M1-G52 タイプIホスホジエステラーゼ/スクレオチド ヒロホス フターゼ: L39-E411 L39-Y369 ホスホジエステラーゼ、スクレオチド ヒロホスフター ゼ PD003227: A53-Y369 ソマトメジンB DM02434 A57080-6-517: R14-Y419 ソマトメジンB DM02434 P22413 1--517: L65-Y419 ソマトメジンB DM02434 A55144: 1-561: L64-Y173 ソマトメジンB DM02434 P39997 1-469: L65-R323	BLIMPS-PRODOM BLAST-DOMO BLAST-DOMO BLAST-DOMO BLAST-PRODOM SPScan HMMEP-PFAM BLAST-PRODOM BLAST-DOMO BLAST-DOMO BLAST-DOMO BLAST-DOMO

【表 6】

表 4

ポリヌクレオチド SEQ ID NO:	Incyte ポリヌクレ オチド ID	配列長	選択された断片	配列断片	5'位置	3'位置
5	7476201CB1	1802	1-522, 1625- 1802	1384207H1 (BRAIT008) 6463408F6 (OSTEUNC01) 7763865J1 (URETUE01) 7763865F6 (URETUE01)	1625 1 1046 793	1802 640 1613 1463
6	7476312CB1	3622	1-1200, 1782- 2523, 3547- 3622	6758547H1 (SINIFER02) 2500872T6 (ADRETU05) 60207283U1 71123761V1 464655F1 (LATRNOT01) 6765874J1 (BRAUNOR01) 2284925R6 (BRAINON01) 60205315U1	1273 2497 761 445 2575 1 3112 1156	1825 3170 1244 1092 3176 705 3621 1803
7	2708696CB1	730	1-74	6772355H1 (BRAUNOR01) 60205318U1 2708696F6 (PONSAGT01) 4023644F8 (BRAXNOT02)	1967 1796 135 1	2586 2567 730 396
8	6390036CB1	1713	1-262, 1424- 1591, 434-993	72465343D1 72463682D1 4517063H1 (SINJNOT03) 58005236H1 58005344H1	54 304 1 1119 925	701 949 276 1713 1712

【表 7】

表 5

ポリヌクレオチド SEQ ID NO:	Incyte プロジェクト ID	代表的ライブラリ
5	7476201CB1	URETTUE01
6	7476312CB1	LATRN0T01
7	2708696CB1	PONSAT01
8	6390038CB1	SINJN0T03

【表 8】

表 6

ライブラリ	ベクター	ライブラリの説明
LACRNOT01	PELUESCRIPT	ライブラリは、頭蓋内出血で死亡した 51 才白人女性の左心房から単離された RNA を用いて作製された。
URETTUE01	PCDNA2.1	この 3' に偏向してランダムプライムされたライブラリは、非閉鎖式膀胱生検、根治的膀胱切除、根治的前立腺切除、および尿道夜偽嚢形成中 (formation of a cutaneous ureterostomy) に、64 才の白人男性から抽出された尿管腫瘍組織から単離した RNA を用いて作製した。病理学検査では、正常所で浸在性の移行性細胞癌が 2 つの分離した乳頭様病巣を示し、その内の 1 つは尿管縁から 7.5 cm にあり、他方は右側近位尿管から腎盂まで伸びていることを示した。同腫瘍は粘膜組織まで侵襲しかけていた。尿管縁は限局性で正常所在の転移性細胞癌に関連していた。患者は膀胱癌、尿管での悪性腫瘍、および悪性腎臓腫瘍を示した。患者の病歴には、虫垂切除および膀胱病巣の経尿道破壊がある。患者の薬物療法にはナプロキセン、Atrovent、アルブテロール、および特記されていない乾癆クレーターがある。家族歴には、父に悪性胃腫瘍、および兄弟姉妹に悪性膀胱腫瘍がある。
PONSAT01	PINCY	ライブラリは、アルツハイマー病のため死亡した 74 才の白人男性の脳から除去した脳脊髄神経組織から単離した RNA を用いて作製した。
SINJNOT03	PINCY	ライブラリは、頭部外傷のため死亡した 16 才白人男子の小腸から除去した十二指腸から単離された RNA を用いて作製された。患者の病歴には腎感染があった。

【表 9】

表 7-1

【表 10】

プログラム	説明	引用文献	パラメータ関値
ABI FACTURA	核酸配列においてベクタグ配列を除去して、特定の塩基をマスクするプログラム	Applied Biosystems, Foster City, CA.	
ABI/PARACEL FDP	Fast Data Finderは、アミノ酸または核酸配列の比較、注釈付けに有用である。	Applied Biosystems, Foster City, CA. Paracel Inc., Pasadena, CA.	不一致<50%
ABI オートアセンブ	核酸配列を構築するプログラム。	Applied Biosystems, Foster City, CA.	
BLAST	Basic Local Alignment Search Tool はアミノ酸および核酸配列の配列類似性検索に有用であり、BLASTはblastp、blastn、blastx、tblastnおよび tblastxの5つの機能がある。	Altschul, S.F. 他 (1990) J. Mol. Biol. 215:403-410; Altschul, S.F. 他 (1997) Nucleic Acids Res. 25:3389-3402.	ESTs: 確率値=1.0E-8 以下 完全長配列: 確率値1.0E-10 以下
FASTA	問合せ配列と同種の配列群との類似性を検索するPearson およびLipman アルゴリズム。FASTAには最小5つの機能(fasta、tfasta、fastx、tfastxおよびssearch)がある。	Pearson, W.R. および D.J. Lipman (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85:2444-2448; Pearson, W.R. (1990) Methods Enzymol. 183:63-98; Smith, T.F. および W.S. Waterman (1981) Adv. Appl. Math. 2:482-489.	ESTs: fasta E 値=1.06E-6 構築されたESTs: fasta l同一性=95%以上 一致した長さ=200塩基以上 fastx E 値=1.0E-8 以下 完全長配列: fastx スコア=100以上
BLIMPS	配列をBLOCKS、PRINTS、DOMO、PRODOMおよびPFAM データベースの配列と対応させて遺伝子ファミリー、配列相同性および構造的フィンガープリント頻度を検索するBLOCKS Improved Searcher	Henikoff, S. および J.G. Henikoff (1991) Nucleic Acids Res. 19:6566-6572; Henikoff, J.G. および S. Henikoff (1996) Methods Enzymol. 266:88-105; および Altwood, T.K. 他 (1997) J. Chem. Inf. Comput. Sci. 37:417-424.	確率値= 1.0E-3以下
HMMER	PFAMのようなたンパク質ファミリーコンセンサス配列の隠れマルコフモデル(HMM)に基づいたデータベースに対して問合せ配列を検索するアルゴリズム。	Krogh, A. 他(1994) J. Mol. Biol. 235:1501-1531; Sonnhammer, E.L.L. 他 (1998) Nucleic Acids Res. 26:320-322; Durbin, R. 他 (1998) Our World View, in a Nutshell, Cambridge Univ. Press, 1-350ページ	PFAM ヒット: 確率値 = 1.0E-3 以下 シングルレベンプラチドヒット: スコア= 0 以上

10

20

30

表 7-2

プログラム	説明	引用文献	パラメータ関値
ProfileScan	Prositeで定義された配列パターンと一致するタンパク質配列の構造的特徴および配列モチーフを検索するアルゴリズム。	Gribskov, M. 他 (1988) CABIOS 4:61-66; Gribskov, M. 他 (1989) Methods Enzymol. 183:146-159; Bairoch, A. 他 (1997) Nucleic Acids Res. 25:217-221.	標準化された質のスコアとその特定のPrositeモチーフに対するHIGH値 通常、スコア=1.4-2.1.
Phred	高い感度と精度で自動配列決定機のトレースを調べる塩基読出しアルゴリズム。	Ewing, B. 他 (1998) Genome Res. 8:175-186; Ewing, B. および P. Green (1998) Genome Res. 8:186-194.	
Phrap	Smith-Waterman アルゴリズムの効率的なインプリメンテーションに基づくSWATやCrossmatchを含むPhrap Revised Assembly プログラムで、配列相同性の検索やDNA配列の構築に有用である。	Smith, T.F. および M.S. Waterman (1981) Adv. Appl. Math. 2:482-489; Smith, T.F. および M.S. Waterman (1981) J. Mol. Biol. 147:195-197; Green, P., University of Washington, Seattle, WA.	スコア=120以上 一致した長さ=56以上
Consed	Phrapで構築したものの表示、編集用グラフィカルツール。	Gordon, D. 他 (1998) Genome Res. 8:195-202.	
SFScan	タンパク質配列をスキヤンして、分泌シグナルペプチドの存在を調べる重み付けマトリックス解析プログラム。	Nielson, H. 他 (1997) Protein Engineering 10:1-6; Claverie, J.M. および S. Audic (1997) CABIOS 12:431-439.	スコア=3.5以上
TMAP	加重マトリックスを用いて蛋白配列での膜貫通セグメントの描写および配向を決定するプログラム。	Persson, B. および P. Argos (1994) J. Mol. Biol. 237:182-192; Persson, B. および P. Argos (1996) Protein Sci. 5:363-371.	
TMHMMER	隠れMarkov モデル (HMM) を使って蛋白配列の膜貫通セグメントを描写し、配向を決定するプログラム。	Sonnhammer, E.L. 他 (1998) Proc. Sixth Intl. Conf. on Intelligent Systems for Mol. Biol., Glasgow 他, 編集 The Am. Assoc. for Artificial Intelligence Press, Menlo Park, CA, 175-182ページ	
Motifs	Prositeで定義された配列と一致したパターンのアミノ酸配列を検索するプログラム。	Bairoch, A. 他 (1997) Nucleic Acids Res. 25:217-221; Wisconsin Package Program Manual, 第9版, M51-59ページ, Genetics Computer Group, Madison, WI	

## 【国際公開パンフレット】

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

(18) World Intellectual Property Organization  
International Bureau(43) International Publication Date  
27 December 2001 (27.12.2001)

PCT

(10) International Publication Number  
WO 01/98471 A2

(51) International Patent Classification: C12N 9/00

(21) International Application Number: PCT/US01/20140

(22) International Filing Date: 21 June 2001 (21.06.2001)

(25) Filing Language: English

(26) Publication Language: English

(30) Priority Data:  
60/213,741 22 June 2000 (22.06.2000) US  
60/218,234 14 July 2000 (14.07.2000) US  
60/241,100 16 October 2000 (16.10.2000) US

(71) Applicant (for all designated States except US): INCYTE GENOMICS, INC. [US/US]; 3160 Porter Drive, Palo Alto, CA 94304 (US).

(72) Inventors; and  
(75) Inventors/Applicants (for US only): TIJONRTON, Michael [US/US]; 9 Madway Road, Woodside, CA 94062-2612 (US); DING, Li [CN/US]; 3353 Alma Street #146, Palo Alto, CA 94306 (US); PATTERSON, Chandra [US/US]; 490 Sherwood Way #1, Menlo Park, CA 94025 (US); YAO, Monique, G. [US/US]; 111 Frederick Court, Mountain View, CA 94043 (US); TRIBOLEY, Catherine, M. [FR/US]; 1121 Tennessee Street #5, San Francisco, CA 94107 (US); LAL, Preeti [IN/US]; P.O. Box 5124, Santa Clara, CA 95056 (US); HAFALIA, April, J., A. [US/US]; 2227 Calle de Primavera, Santa Clara, CA 95045 (US); BAUGHN, Mariah, R. [US/US];

14244 Santiago Road, San Leandro, CA 94577 (US); RAMKUMAR, Jayalaxmi [IN/US]; 34359 Maybird Circle, Fremont, CA 94555 (US); LU, Yan [CN/US]; 3885 Conina Way, Palo Alto, CA 94304 (US); WALLIA, Narinder, K. [US/US]; 890 Davis Street #203, San Leandro, CA 94577 (US).

(74) Agents: HAMLET-COX, Diana et al.; Incyte Genomics, Inc., 3160 Porter Drive, Palo Alto, CA 94304 (US).

(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, EE, EG, FI, GB, GD, GE, GH, GM, GR, HU, 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, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TL, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZA, ZW.

(84) Designated States (regional): ARIPO patent (GI, GM, KE, LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZW), Eurasian patent (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, UZ, TM), European patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FR, GB, GR, IE, IT, LI, MC, NL, PT, SE, TR), OAPI patent (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GW, ML, MR, NE, NG, TD, TG).

Published:  
— without international search report and to be republished upon receipt of that report

For two-letter codes and other abbreviations, refer to the "Guidance Notes on Codes and Abbreviations" appearing at the beginning of each regular issue of the PCT Gazette.



WO 01/98471 A2

(54) Title: PHOSPHONESTERASES

(57) Abstract: The invention provides human phosphonesterases (HPDE) and polynucleotides which identify and encode HPDE. The invention also provides expression vectors, host cells, antibodies, agonists, and antagonists. The invention also provides methods for diagnosing, treating, or preventing disorders associated with aberrant expression of HPDE.

WO 01/98471

PCT/US01/20140

**PHOSPHODIESTERASES****TECHNICAL FIELD**

This invention relates to nucleic acid and amino acid sequences of phosphodiesterases and to the use of these sequences in the diagnosis, treatment, and prevention of eye, neurological, cardiovascular, cell proliferative, and autoimmune/inflammatory disorders, and in the assessment of the effects of exogenous compounds on the expression of nucleic acid and amino acid sequences of phosphodiesterases.

**BACKGROUND OF THE INVENTION**

Phosphodiesterases make up a class of enzymes which catalyze the hydrolysis of one of the two ester bonds in a phosphodiester compound. Phosphodiesterases are therefore crucial to a variety of cellular processes. Phosphodiesterases include DNA and RNA endonucleases and exonucleases, which are essential for cell growth and replication, and topoisomerases, which break and rejoin nucleic acid strands during topological rearrangement of DNA. A *Tyr*-DNA phosphodiesterase functions in DNA repair by hydrolyzing dead-end covalent intermediates formed between topoisomerase I and DNA (Pouliot, J.J. et al. (1999) *Science* 286:552-555; Yang, S.-W. (1996) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 93:11534-11539).

Acid sphingomyelinase is a phosphodiesterase which hydrolyzes the membrane phospholipid sphingomyelin to produce ceramide and phosphorylcholine. Phosphorylcholine is used in the synthesis of phosphatidylcholine, which is involved in numerous intracellular signaling pathways, while ceramide is an essential precursor for the generation of gangliosides, membrane lipids found in high concentration in neural tissue. Defective acid sphingomyelinase leads to a build-up of sphingomyelin molecules in lysosomes, resulting in Niemann-Pick disease (Schuchman, E.H. and S.R. Miranda (1997) *Genet. Test.* 1:13-19).

Glycerophosphoryl diester phosphodiesterase (also known as glycerophosphodiester phosphodiesterase) is a phosphodiesterase which hydrolyzes deacetylated phospholipid glycerophosphodiesters to produce *sn*-glycerol-3-phosphate and an alcohol. Glycerophosphocholine, glycerophosphoethanolamine, glycerophosphoglycerol, and glycerophosphoinositol are examples of substrates for glycerophosphoryl diester phosphodiesterases. A glycerophosphoryl diester phosphodiesterase from *E. coli* has broad specificity for glycerophosphodiester substrates (Larson, T.J. et al. (1983) *J. Biol. Chem.* 248:5428-5432).

Cyclic nucleotide phosphodiesterases (PDEs) are crucial enzymes in the regulation of the cyclic nucleotides cAMP and cGMP. cAMP and cGMP function as intracellular second messengers to transduce a variety of extracellular signals including hormones, light, and neurotransmitters. PDEs

WO 01/98471

PCT/US01/20140

degrade cyclic nucleotides to their corresponding monophosphates, thereby regulating the intracellular concentrations of cyclic nucleotides and their effects on signal transduction. Due to their roles as regulators of signal transduction, PDEs have been extensively studied as chemotherapeutic targets (Perry, M.J. and G.A. Higgs (1998) *Curr. Opin. Chem. Biol.* 2:472-481; Torphy, J.T. (1998) *Am. J. Resp. Crit. Care Med.* 157:351-370).

Cyclic nucleotide phosphodiesterase families

Families of mammalian PDEs have been classified based on their substrate specificity and affinity, sensitivity to cofactors, and sensitivity to inhibitory agents (Beavo, J.A. (1995) *Physiol. Rev.* 75:725-748; Conti, M. et al. (1995) *Endocrine Rev.* 16:370-389). Several of these families contain distinct genes, many of which are expressed in different tissues as splice variants. Within PDE families, there are multiple isozymes and multiple splice variants of these isozymes (Conti, M. and S.-L.C. Jin (1999) *Prog. Nucleic Acid Res. Mol. Biol.* 63:1-38). The existence of multiple PDE families, isozymes, and splice variants is an indication of the variety and complexity of the regulatory pathways involving cyclic nucleotides (Houslay, M.D. and G. Milligan (1997) *Trends Biochem. Sci.* 22:217-224).

Type I PDEs (PDE1s) are  $Ca^{2+}$ /calmodulin-dependent and appear to be encoded by at least three different genes, each having at least two different splice variants (Kakkar, R. et al. (1999) *Cell Mol. Life Sci.* 55:1164-1186). PDE1s have been found in the lung, heart, and brain. Some PDE1 isozymes are regulated *in vitro* by phosphorylation/dephosphorylation. Phosphorylation of these PDE1 isozymes decreases the affinity of the enzyme for calmodulin, decreases PDE activity, and increases steady state levels of cAMP (Kakkar, *supra*). PDE1s may provide useful therapeutic targets for disorders of the central nervous system, and the cardiovascular and immune systems due to the involvement of PDE1s in both cyclic nucleotide and calcium signaling (Perry, M.J. and G.A. Higgs (1998) *Curr. Opin. Chem. Biol.* 2:472-481).

PDE2s are cGMP-stimulated PDEs that have been found in the cerebellum, neocortex, heart, kidney, lung, pulmonary artery, and skeletal muscle (Sadhu, K. et al. (1999) *J. Histochem. Cytochem.* 47:895-906). PDE2s are thought to mediate the effects of cAMP on catecholamine secretion, participate in the regulation of aldosterone (Beavo, *supra*), and play a role in olfactory signal transduction (Juif, D.M. et al. (1997) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 94:3388-3395).

PDE3s have high affinity for both cGMP and cAMP, and so these cyclic nucleotides act as competitive substrates for PDE3s. PDE3s play roles in stimulating myocardial contractility, inhibiting platelet aggregation, relaxing vascular and airway smooth muscle, inhibiting proliferation of T-lymphocytes and cultured vascular smooth muscle cells, and regulating catecholamine-induced release of free fatty acids from adipose tissue. The PDE3 family of phosphodiesterases are sensitive

WO 01/98471

PCT/US01/20140

to specific inhibitors such as cilostamide, enoximone, and lixazinone. Isozymes of PDE3 can be regulated by cAMP-dependent protein kinase, or by insulin-dependent kinases (Degerman, H. et al. (1997) *J. Biol. Chem.* 272:6823-6826).

5 PDE4s are specific for cAMP; are localized to airway smooth muscle, the vascular endothelium, and all inflammatory cells; and can be activated by cAMP-dependent phosphorylation. Since elevation of cAMP levels can lead to suppression of inflammatory cell activation and to relaxation of bronchial smooth muscle, PDE4s have been studied extensively as possible targets for novel anti-inflammatory agents, with special emphasis placed on the discovery of asthma treatments. PDE4 inhibitors are currently undergoing clinical trials as treatments for asthma, chronic obstructive  
10 pulmonary disease, and atopic eczema. All four known isozymes of PDE4 are susceptible to the inhibitor rolipram, a compound which has been shown to improve behavioral memory in mice (Barad, M. et al. (1998) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 95:15020-15025). PDE4 inhibitors have also been studied as possible therapeutic agents against acute lung injury, endotoxemia, rheumatoid arthritis, multiple sclerosis, and various neurological and gastrointestinal indications (Doherty, A.M.  
15 (1999) *Curr. Opin. Chem. Biol.* 3:466-473).

PDE5 is highly selective for cGMP as a substrate (Turko, I.V. et al. (1998) *Biochemistry* 37:4200-4205), and has two allosteric cGMP-specific binding sites (McAllister-Lucas, L.M. et al. (1995) *J. Biol. Chem.* 270:30671-30679). Binding of cGMP to these allosteric binding sites seems to be important for phosphorylation of PDE5 by cGMP-dependent protein kinase rather than for direct  
20 regulation of catalytic activity. High levels of PDE5 are found in vascular smooth muscle, platelets, lung, and kidney. The inhibitor zaprinast is effective against PDE5 and PDE1s. Modification of zaprinast to provide specificity against PDE5 has resulted in sildenafil (VIAGRA; Pfizer, Inc., New York NY), a treatment for male erectile dysfunction (Torrett, N. et al. (1996) *Bioorg. Med. Chem. Lett.* 6:1819-1824). Inhibitors of PDE5 are currently being studied as agents for cardiovascular  
25 therapy (Perry, M.J. and G.A. Higgs (1998) *Curr. Opin. Chem. Biol.* 2:472-481).

PDE6s, the photoreceptor cyclic nucleotide phosphodiesterases, are crucial components of the phototransduction cascade. In association with the G-protein transducin, PDE6s hydrolyze cGMP to regulate cGMP-gated cation channels in photoreceptor membranes. In addition to the cGMP-binding active site, PDE6s also have two high-affinity cGMP-binding sites which are thought to play  
30 a regulatory role in PDE6 function (Artemyev, N.O. et al. (1998) *Methods* 14:93-104). Defects in PDE6s have been associated with retinal disease. Retinal degeneration in the rd mouse (Yan, W. et al. (1998) *Invest. Ophthalmol. Vis. Sci.* 39:2529-2536), autosomal recessive retinitis pigmentosa in humans (Danciger, M. et al. (1995) *Genomics* 30:1-7), and rod/cone dysplasia 1 in Irish Setter dogs (Suber, M.L. et al. (1993) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 90:3968-3972) have been attributed to

WO 01/98471

PCT/US01/20140

mutations in the PDE6B gene.

The PDE7 family of PDEs consists of only one known member having multiple splice variants (Bloom, T.J. and J.A. Beavo (1996) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 93:14188-14192). PDE7s are cAMP specific, but little else is known about their physiological function. Although mRNAs encoding PDE7s are found in skeletal muscle, heart, brain, lung, kidney, and pancreas, expression of PDE7 proteins is restricted to specific tissue types (Han, P. et al. (1997) J. Biol. Chem. 272:16152-16157; Perry, M.J. and G.A. Higgs (1998) Curr. Opin. Chem. Biol. 2:472-481). PDE7s are very closely related to the PDE4 family; however, PDE7s are not inhibited by rolipram, a specific inhibitor of PDE4s (Beavo, *supra*).

PDE8s are cAMP specific, and are closely related to the PDE4 family. PDE8s are expressed in thyroid gland, testis, eye, liver, skeletal muscle, heart, kidney, ovary, and brain. The cAMP-hydrolyzing activity of PDE8s is not inhibited by the PDE inhibitors rolipram, vinpocetine, midrinone, IBMX (3-isobutyl-1-methylxanthine), or zaprinast, but PDE8s are inhibited by dipyrindamole (Fisher, D.A. et al. (1998) Biochem. Biophys. Res. Commun. 246:570-577; Hayashi, M. et al. (1998) Biochem. Biophys. Res. Commun. 250:751-756; Soderling, S.H. et al. (1998) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 95:8991-8996).

PDE9s are cGMP specific and most closely resemble the PDE8 family of PDEs. PDE9s are expressed in kidney, liver, lung, brain, spleen, and small intestine. PDE9s are not inhibited by sildenafil (VIAGRA; Pfizer, Inc., New York NY), rolipram, vinpocetine, dipyrindamole, or IBMX (3-isobutyl-1-methylxanthine), but they are sensitive to the PDE5 inhibitor zaprinast (Fisher, D.A. et al. (1998) J. Biol. Chem. 273:15559-15564; Soderling, S.H. et al. (1998) J. Biol. Chem. 273:15553-15558).

PDE10s are dual-substrate PDEs, hydrolyzing both cAMP and cGMP. PDE10s are expressed in brain, thyroid, and testis. (Soderling, S.H. et al. (1999) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 96:7071-7076; Fujishige, K. et al. (1999) J. Biol. Chem. 274:18438-18445; Loughney, K. et al (1999) Gene 234:109-117).

#### Cyclic nucleotide phosphodiesterase structure

PDEs are composed of a catalytic domain of about 270-300 amino acids, an N-terminal regulatory domain responsible for binding cofactors, and, in some cases, a hydrophilic C-terminal domain of unknown function (Conti, M. and S.-L.C. Jin (1999) Prog. Nucleic Acid Res. Mol. Biol. 63:1-38). A conserved, putative zinc-binding motif, HXXHXHGXXN, has been identified in the catalytic domain of all PDEs. N-terminal regulatory domains include non-catalytic cGMP-binding domains in PDE2s, PDE5s, and PDE6s; calmodulin-binding domains in PDE1s; and domains containing phosphorylation sites in PDE3s and PDE4s. In PDE5, the N-terminal cGMP-binding

WO 01/98471

PCT/US01/20140

domain spans about 380 amino acid residues and comprises tandem repeats of a conserved sequence motif N(R/K)XnFX<sub>2</sub>DE (McAllister-Lucas, L.M. et al. (1993) *J. Biol. Chem.* 268:22863-22873). This motif has been shown by mutagenesis to be important for cGMP binding (Turko, I.V. et al. (1996) *J. Biol. Chem.* 271:22240-22244). PDE families display approximately 30% amino acid identity within the catalytic domain; however, isozymes within the same family typically display about 85-95% identity in this region (e.g. PDE4A vs PDE4B). Furthermore, within a family there is extensive similarity (>60%) outside the catalytic domain; while across families, there is little or no sequence similarity outside this domain.

#### Cyclic nucleotide phosphodiesterases in disease

10 Many of the constituent functions of immune and inflammatory responses are inhibited by agents that increase intracellular levels of cAMP (Verghese, M.W. et al. (1995) *Mol. Pharmacol.* 47:1164-1171). A variety of diseases have been attributed to increased PDE activity and associated with decreased levels of cyclic nucleotides. For example, a form of diabetes insipidus in mice has been associated with increased PDE4 activity, an increase in low-K<sub>m</sub> cAMP PDE activity has been reported in leukocytes of atopic patients, and PDE3 has been associated with cardiac disease.

15 Many inhibitors of PDEs have been identified and have undergone clinical evaluation (Perry, M.J. and G.A. Higgs (1998) *Curr. Opin. Chem. Biol.* 2:472-481; Torphy, T.J. (1998) *Am. J. Respir. Crit. Care Med.* 157:351-370). PDE3 inhibitors are being developed as antithrombotic agents, antihypertensive agents, and as cardiotoxic agents useful in the treatment of congestive heart failure. Rolipram, a PDE4 inhibitor, has been used in the treatment of depression, and other inhibitors of PDE4 are undergoing evaluation as anti-inflammatory agents. Rolipram has also been shown to inhibit lipopolysaccharide (LPS) induced TNF- $\alpha$  which has been shown to enhance HIV-1 replication *in vitro*. Therefore, rolipram may inhibit HIV-1 replication (Angel, J.B. et al. (1995) *AIDS* 9:1137-1144). Additionally, rolipram, based on its ability to suppress the production of cytokines such as TNF- $\alpha$  and  $\beta$  and interferon  $\gamma$ , has been shown to be effective in the treatment of encephalomyelitis. Rolipram may also be effective in treating tardive dyskinesia and was effective in treating multiple sclerosis in an experimental animal model (Sommer, N. et al. (1995) *Nat. Med.* 1:244-248; Sasaki, H. et al. (1995) *Eur. J. Pharmacol.* 282:71-76).

20 Theophylline is a nonspecific PDE inhibitor used in the treatment of bronchial asthma and other respiratory diseases. Theophylline is believed to act on airway smooth muscle function and in an anti-inflammatory or immunomodulatory capacity in the treatment of respiratory diseases (Banner, K.H. and C.P. Page (1995) *Eur. Respir. J.* 8:996-1000). Pentoxifylline is another nonspecific PDE inhibitor used in the treatment of intermittent claudication and diabetes-induced peripheral vascular disease. Pentoxifylline is also known to block TNF- $\alpha$  production and may inhibit HIV-1 replication

WO 01/98471

PCT/US01/20140

(Angel et al., *supra*).

PDEs have been reported to affect cellular proliferation of a variety of cell types (Conti et al. (1995) *Endocrine Rev.* 16:370-389) and have been implicated in various cancers. Growth of prostate carcinoma cell lines DU145 and LNCaP was inhibited by delivery of cAMP derivatives and PDE inhibitors (Bang, Y.J. et al. (1994) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 91:5330-5334). These cells also showed a permanent conversion in phenotype from epithelial to neuronal morphology. It has also been suggested that PDE inhibitors have the potential to regulate mesangial cell proliferation (Matousovic, K. et al. (1995) *J. Clin. Invest.* 96:401-410) and lymphocyte proliferation (Joulain, C. et al. (1995) *J. Lipid Mediat. Cell Signal.* 11:63-79). A cancer treatment has been described that involves intracellular delivery of PDEs to particular cellular compartments of tumors, resulting in cell death (Deonarain, M.F. and A.A. Epenetos (1994) *Br. J. Cancer* 70:786-794).

The discovery of new phosphodiesterases and the polynucleotides encoding them satisfies a need in the art by providing new compositions which are useful in the diagnosis, prevention, and treatment of eye, neurological, cardiovascular, cell proliferative, and autoimmune/inflammatory disorders, and in the assessment of the effects of exogenous compounds on the expression of nucleic acid and amino acid sequences of phosphodiesterases.

#### SUMMARY OF THE INVENTION

The invention features purified polypeptides, phosphodiesterases, referred to collectively as "HPDE" and individually as "HPDE-1," "HPDE-2," "HPDE-3," and "HPDE-4." In one aspect, the invention provides an isolated polypeptide selected from the group consisting of a) a polypeptide comprising an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4, b) a naturally occurring polypeptide comprising an amino acid sequence at least 90% identical to an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4, c) a biologically active fragment of a polypeptide having an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4, and d) an immunogenic fragment of a polypeptide having an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4. In one alternative, the invention provides an isolated polypeptide comprising the amino acid sequence of SEQ ID NO:1-4.

The invention further provides an isolated polynucleotide encoding a polypeptide selected from the group consisting of a) a polypeptide comprising an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4, b) a naturally occurring polypeptide comprising an amino acid sequence at least 90% identical to an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4, c) a biologically active fragment of a polypeptide having an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4, and d) an immunogenic fragment of a polypeptide having an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4. In one

WO 01/98471

PCT/US01/20140

alternative, the polynucleotide encodes a polypeptide selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4. In another alternative, the polynucleotide is selected from the group consisting of SEQ ID NO:5-8.

5 Additionally, the invention provides a recombinant polynucleotide comprising a promoter sequence operably linked to a polynucleotide encoding a polypeptide selected from the group consisting of a) a polypeptide comprising an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4, b) a naturally occurring polypeptide comprising an amino acid sequence at least 90% identical to an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4, c) a biologically active fragment of a polypeptide having an amino acid sequence selected from the group  
10 consisting of SEQ ID NO:1-4, and d) an immunogenic fragment of a polypeptide having an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4. In one alternative, the invention provides a cell transformed with the recombinant polynucleotide. In another alternative, the invention provides a transgenic organism comprising the recombinant polynucleotide.

The invention also provides a method for producing a polypeptide selected from the group  
15 consisting of a) a polypeptide comprising an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4, b) a naturally occurring polypeptide comprising an amino acid sequence at least 90% identical to an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4, c) a biologically active fragment of a polypeptide having an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4, and d) an immunogenic fragment of a polypeptide having an amino  
20 acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4. The method comprises a) culturing a cell under conditions suitable for expression of the polypeptide, wherein said cell is transformed with a recombinant polynucleotide comprising a promoter sequence operably linked to a polynucleotide encoding the polypeptide, and b) recovering the polypeptide so expressed.

Additionally, the invention provides an isolated antibody which specifically binds to a  
25 polypeptide selected from the group consisting of a) a polypeptide comprising an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4, b) a naturally occurring polypeptide comprising an amino acid sequence at least 90% identical to an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4, c) a biologically active fragment of a polypeptide having an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4, and d) an immunogenic  
30 fragment of a polypeptide having an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4.

The invention further provides an isolated polynucleotide selected from the group consisting of a) a polynucleotide comprising a polynucleotide sequence selected from the group consisting of  
35 SEQ ID NO:5-8, b) a naturally occurring polynucleotide comprising a polynucleotide sequence at least 90% identical to a polynucleotide sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:5-

WO 01/98471

PCT/US01/20140

8, c) a polynucleotide complementary to the polynucleotide of a), d) a polynucleotide complementary to the polynucleotide of b), and e) an RNA equivalent of a)-d). In one alternative, the polynucleotide comprises at least 60 contiguous nucleotides.

Additionally, the invention provides a method for detecting a target polynucleotide in a  
5 sample, said target polynucleotide having a sequence of a polynucleotide selected from the group consisting of a) a polynucleotide comprising a polynucleotide sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:5-8, b) a naturally occurring polynucleotide comprising a polynucleotide sequence at least 90% identical to a polynucleotide sequence selected from the group consisting of  
10 SEQ ID NO:5-8, c) a polynucleotide complementary to the polynucleotide of a), d) a polynucleotide complementary to the polynucleotide of b), and e) an RNA equivalent of a)-d). The method comprises a) hybridizing the sample with a probe comprising at least 20 contiguous nucleotides comprising a sequence complementary to said target polynucleotide in the sample, and which probe specifically hybridizes to said target polynucleotide, under conditions whereby a hybridization complex is formed between said probe and said target polynucleotide or fragments thereof, and b)  
15 detecting the presence or absence of said hybridization complex, and optionally, if present, the amount thereof. In one alternative, the probe comprises at least 60 contiguous nucleotides.

The invention further provides a method for detecting a target polynucleotide in a sample, said target polynucleotide having a sequence of a polynucleotide selected from the group consisting of a) a polynucleotide comprising a polynucleotide sequence selected from the group consisting of  
20 SEQ ID NO:5-8, b) a naturally occurring polynucleotide comprising a polynucleotide sequence at least 90% identical to a polynucleotide sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:5-8, c) a polynucleotide complementary to the polynucleotide of a), d) a polynucleotide complementary to the polynucleotide of b), and e) an RNA equivalent of a)-d). The method comprises a) amplifying said target polynucleotide or fragment thereof using polymerase chain reaction amplification, and b)  
25 detecting the presence or absence of said amplified target polynucleotide or fragment thereof, and, optionally, if present, the amount thereof.

The invention further provides a composition comprising an effective amount of a polypeptide selected from the group consisting of a) a polypeptide comprising an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4, b) a naturally occurring polypeptide  
30 comprising an amino acid sequence at least 90% identical to an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4, c) a biologically active fragment of a polypeptide having an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4, and d) an immunogenic fragment of a polypeptide having an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4, and a pharmaceutically acceptable excipient. In one embodiment, the composition  
35 comprises an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4. The

WO 01/98471

PCT/US01/20140

invention additionally provides a method of treating a disease or condition associated with decreased expression of functional HPDE, comprising administering to a patient in need of such treatment the composition.

The invention also provides a method for screening a compound for effectiveness as an  
5 agonist of a polypeptide selected from the group consisting of a) a polypeptide comprising an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4, b) a naturally occurring polypeptide comprising an amino acid sequence at least 90% identical to an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4, c) a biologically active fragment of a polypeptide having an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4,  
10 and d) an immunogenic fragment of a polypeptide having an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4. The method comprises a) exposing a sample comprising the polypeptide to a compound, and b) detecting agonist activity in the sample. In one alternative, the invention provides a composition comprising an agonist compound identified by the method and a pharmaceutically acceptable excipient. In another alternative, the invention provides a method of  
15 treating a disease or condition associated with decreased expression of functional HPDE, comprising administering to a patient in need of such treatment the composition.

Additionally, the invention provides a method for screening a compound for effectiveness as an antagonist of a polypeptide selected from the group consisting of a) a polypeptide comprising an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4, b) a naturally occurring  
20 polypeptide comprising an amino acid sequence at least 90% identical to an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4, c) a biologically active fragment of a polypeptide having an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4, and d) an immunogenic fragment of a polypeptide having an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4. The method comprises a) exposing a sample comprising the polypeptide to a compound, and b) detecting antagonist activity in the sample. In one alternative, the invention provides a composition comprising an antagonist compound identified by the method and a pharmaceutically acceptable excipient. In another alternative, the invention provides a method of  
25 treating a disease or condition associated with overexpression of functional HPDE, comprising administering to a patient in need of such treatment the composition.

The invention further provides a method of screening for a compound that specifically binds  
30 to a polypeptide selected from the group consisting of a) a polypeptide comprising an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4, b) a naturally occurring polypeptide comprising an amino acid sequence at least 90% identical to an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4, c) a biologically active fragment of a polypeptide having an  
35 amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4, and d) an immunogenic

WO 01/98471

PCT/US01/20140

fragment of a polypeptide having an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4. The method comprises a) combining the polypeptide with at least one test compound under suitable conditions, and b) detecting binding of the polypeptide to the test compound, thereby identifying a compound that specifically binds to the polypeptide.

5 The invention further provides a method of screening for a compound that modulates the activity of a polypeptide selected from the group consisting of a) a polypeptide comprising an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4, b) a naturally occurring polypeptide comprising an amino acid sequence at least 90% identical to an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4, c) a biologically active fragment of a  
10 polypeptide having an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4, and d) an immunogenic fragment of a polypeptide having an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4. The method comprises a) combining the polypeptide with at least one test compound under conditions permissive for the activity of the polypeptide, b) assessing the activity of the polypeptide in the presence of the test compound, and c) comparing the activity of  
15 the polypeptide in the presence of the test compound with the activity of the polypeptide in the absence of the test compound, wherein a change in the activity of the polypeptide in the presence of the test compound is indicative of a compound that modulates the activity of the polypeptide.

The invention further provides a method for screening a compound for effectiveness in altering expression of a target polynucleotide, wherein said target polynucleotide comprises a  
20 sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:5-8, the method comprising a) exposing a sample comprising the target polynucleotide to a compound, and b) detecting altered expression of the target polynucleotide.

The invention further provides a method for assessing toxicity of a test compound, said method comprising a) treating a biological sample containing nucleic acids with the test compound;  
25 b) hybridizing the nucleic acids of the treated biological sample with a probe comprising at least 20 contiguous nucleotides of a polynucleotide selected from the group consisting of i) a polynucleotide comprising a polynucleotide sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:5-8, ii) a naturally occurring polynucleotide comprising a polynucleotide sequence at least 90% identical to a polynucleotide sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:5-8, iii) a polynucleotide  
30 having a sequence complementary to i), iv) a polynucleotide complementary to the polynucleotide of ii), and v) an RNA equivalent of i)-iv). Hybridization occurs under conditions whereby a specific hybridization complex is formed between said probe and a target polynucleotide in the biological sample, said target polynucleotide selected from the group consisting of i) a polynucleotide comprising a polynucleotide sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:5-8, ii) a

WO 01/98471

PCT/US01/20140

naturally occurring polynucleotide comprising a polynucleotide sequence at least 90% identical to a polynucleotide sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:5-8, iii) a polynucleotide complementary to the polynucleotide of i), iv) a polynucleotide complementary to the polynucleotide of ii), and v) an RNA equivalent of i)-iv). Alternatively, the target polynucleotide comprises a  
5 fragment of a polynucleotide sequence selected from the group consisting of i)-v) above; c) quantifying the amount of hybridization complex; and d) comparing the amount of hybridization complex in the treated biological sample with the amount of hybridization complex in an untreated biological sample, wherein a difference in the amount of hybridization complex in the treated biological sample is indicative of toxicity of the test compound.

10

#### BRIEF DESCRIPTION OF THE TABLES

Table 1 summarizes the nomenclature for the full length polynucleotide and polypeptide sequences of the present invention.

15 Table 2 shows the GenBank identification number and annotation of the nearest GenBank homolog for polypeptides of the invention. The probability score for the match between each polypeptide and its GenBank homolog is also shown.

Table 3 shows structural features of polypeptide sequences of the invention, including predicted motifs and domains, along with the methods, algorithms, and searchable databases used for analysis of the polypeptides.

20 Table 4 lists the cDNA and/or genomic DNA fragments which were used to assemble polynucleotide sequences of the invention, along with selected fragments of the polynucleotide sequences.

Table 5 shows the representative cDNA library for polynucleotides of the invention.

25 Table 6 provides an appendix which describes the tissues and vectors used for construction of the cDNA libraries shown in Table 5.

Table 7 shows the tools, programs, and algorithms used to analyze the polynucleotides and polypeptides of the invention, along with applicable descriptions, references, and threshold parameters.

30

#### DESCRIPTION OF THE INVENTION

Before the present proteins, nucleotide sequences, and methods are described, it is understood that this invention is not limited to the particular machines, materials and methods described, as these may vary. It is also to be understood that the terminology used herein is for the purpose of describing particular embodiments only, and is not intended to limit the scope of the present invention which  
35 will be limited only by the appended claims.

WO 01/98471

PCT/US01/20140

It must be noted that as used herein and in the appended claims, the singular forms "a," "an," and "the" include plural reference unless the context clearly dictates otherwise. Thus, for example, a reference to "a host cell" includes a plurality of such host cells, and a reference to "an antibody" is a reference to one or more antibodies and equivalents thereof known to those skilled in the art, and so forth.

Unless defined otherwise, all technical and scientific terms used herein have the same meanings as commonly understood by one of ordinary skill in the art to which this invention belongs. Although any machines, materials, and methods similar or equivalent to those described herein can be used to practice or test the present invention, the preferred machines, materials and methods are now described. All publications mentioned herein are cited for the purpose of describing and disclosing the cell lines, protocols, reagents and vectors which are reported in the publications and which might be used in connection with the invention. Nothing herein is to be construed as an admission that the invention is not entitled to antedate such disclosure by virtue of prior invention.

#### DEFINITIONS

"HPDE" refers to the amino acid sequences of substantially purified HPDE obtained from any species, particularly a mammalian species, including bovine, ovine, porcine, murine, equine, and human, and from any source, whether natural, synthetic, semi-synthetic, or recombinant.

The term "agonist" refers to a molecule which intensifies or mimics the biological activity of HPDE. Agonists may include proteins, nucleic acids, carbohydrates, small molecules, or any other compound or composition which modulates the activity of HPDE either by directly interacting with HPDE or by acting on components of the biological pathway in which HPDE participates.

An "allelic variant" is an alternative form of the gene encoding HPDE. Allelic variants may result from at least one mutation in the nucleic acid sequence and may result in altered mRNAs or in polypeptides whose structure or function may or may not be altered. A gene may have none, one, or many allelic variants of its naturally occurring form. Common mutational changes which give rise to allelic variants are generally ascribed to natural deletions, additions, or substitutions of nucleotides. Each of these types of changes may occur alone, or in combination with the others, one or more times in a given sequence.

"Altered" nucleic acid sequences encoding HPDE include those sequences with deletions, insertions, or substitutions of different nucleotides, resulting in a polypeptide the same as HPDE or a polypeptide with at least one functional characteristic of HPDE. Included within this definition are polymorphisms which may or may not be readily detectable using a particular oligonucleotide probe of the polynucleotide encoding HPDE, and improper or unexpected hybridization to allelic variants, with a locus other than the normal chromosomal locus for the polynucleotide sequence encoding HPDE. The encoded protein may also be "altered," and may contain deletions, insertions, or

WO 01/98471

PCT/US01/20140

substitutions of amino acid residues which produce a silent change and result in a functionally equivalent HPDE. Deliberate amino acid substitutions may be made on the basis of similarity in polarity, charge, solubility, hydrophobicity, hydrophilicity, and/or the amphipathic nature of the residues, as long as the biological or immunological activity of HPDE is retained. For example,

5 negatively charged amino acids may include aspartic acid and glutamic acid, and positively charged amino acids may include lysine and arginine. Amino acids with uncharged polar side chains having similar hydrophilicity values may include: asparagine and glutamine; and serine and threonine. Amino acids with uncharged side chains having similar hydrophilicity values may include: leucine, isoleucine, and valine; glycine and alanine; and phenylalanine and tyrosine.

10 The terms "amino acid" and "amino acid sequence" refer to an oligopeptide, peptide, polypeptide, or protein sequence, or a fragment of any of these, and to naturally occurring or synthetic molecules. Where "amino acid sequence" is recited to refer to a sequence of a naturally occurring protein molecule, "amino acid sequence" and like terms are not meant to limit the amino acid sequence to the complete native amino acid sequence associated with the recited protein molecule.

15 "Amplification" relates to the production of additional copies of a nucleic acid sequence. Amplification is generally carried out using polymerase chain reaction (PCR) technologies well known in the art.

The term "antagonist" refers to a molecule which inhibits or attenuates the biological activity of HPDE. Antagonists may include proteins such as antibodies, nucleic acids, carbohydrates, small

20 molecules, or any other compound or composition which modulates the activity of HPDE either by directly interacting with HPDE or by acting on components of the biological pathway in which HPDE participates.

The term "antibody" refers to intact immunoglobulin molecules as well as to fragments thereof, such as Fab, F(ab')<sub>2</sub>, and Fv fragments, which are capable of binding an epitopic determinant.

25 Antibodies that bind HPDE polypeptides can be prepared using intact polypeptides or using fragments containing small peptides of interest as the immunizing antigen. The polypeptide or oligopeptide used to immunize an animal (e.g., a mouse, a rat, or a rabbit) can be derived from the translation of RNA, or synthesized chemically, and can be conjugated to a carrier protein if desired. Commonly used carriers that are chemically coupled to peptides include bovine serum albumin,

30 thyroglobulin, and keyhole limpet hemocyanin (KLH). The coupled peptide is then used to immunize the animal.

The term "antigenic determinant" refers to that region of a molecule (i.e., an epitope) that makes contact with a particular antibody. When a protein or a fragment of a protein is used to immunize a host animal, numerous regions of the protein may induce the production of antibodies

35 which bind specifically to antigenic determinants (particular regions or three-dimensional structures

WO 01/98471

PCT/US01/20140

on the protein). An antigenic determinant may compete with the intact antigen (i.e., the immunogen used to elicit the immune response) for binding to an antibody.

The term "antisense" refers to any composition capable of base-pairing with the "sense" (coding) strand of a specific nucleic acid sequence. Antisense compositions may include DNA; RNA; peptide nucleic acid (PNA); oligonucleotides having modified backbone linkages such as phosphorothioates, methylphosphonates, or benzylphosphonates; oligonucleotides having modified sugar groups such as 2'-methoxyethyl sugars or 2'-methoxyethoxy sugars; or oligonucleotides having modified bases such as 5-methyl cytosine, 2'-deoxyuracil, or 7-deaza-2'-deoxyguanosine. Antisense molecules may be produced by any method including chemical synthesis or transcription. Once introduced into a cell, the complementary antisense molecule base-pairs with a naturally occurring nucleic acid sequence produced by the cell to form duplexes which block either transcription or translation. The designation "negative" or "minus" can refer to the antisense strand, and the designation "positive" or "plus" can refer to the sense strand of a reference DNA molecule.

The term "biologically active" refers to a protein having structural, regulatory, or biochemical functions of a naturally occurring molecule. Likewise, "immunologically active" or "immunogenic" refers to the capability of the natural, recombinant, or synthetic HPDE, or of any oligopeptide thereof, to induce a specific immune response in appropriate animals or cells and to bind with specific antibodies.

"Complementary" describes the relationship between two single-stranded nucleic acid sequences that anneal by base-pairing. For example, 5'-AGT-3' pairs with its complement, 3'-TCA-5'.

A "composition comprising a given polynucleotide sequence" and a "composition comprising a given amino acid sequence" refer broadly to any composition containing the given polynucleotide or amino acid sequence. The composition may comprise a dry formulation or an aqueous solution. Compositions comprising polynucleotide sequences encoding HPDE or fragments of HPDE may be employed as hybridization probes. The probes may be stored in freeze-dried form and may be associated with a stabilizing agent such as a carbohydrate. In hybridizations, the probe may be deployed in an aqueous solution containing salts (e.g., NaCl), detergents (e.g., sodium dodecyl sulfate; SDS), and other components (e.g., Denhardt's solution, dry milk, salmon sperm DNA, etc.).

"Consensus sequence" refers to a nucleic acid sequence which has been subjected to repeated DNA sequence analysis to resolve uncalled bases, extended using the XL-PCR kit (Applied Biosystems, Foster City CA) in the 5' and/or the 3' direction, and resequenced, or which has been assembled from one or more overlapping cDNA, EST, or genomic DNA fragments using a computer program for fragment assembly, such as the GELVIEW fragment assembly system (GCG, Madison WI) or Phrap (University of Washington, Seattle WA). Some sequences have been both extended and

WO 01/98471

PCT/US01/20140

assembled to produce the consensus sequence.

"Conservative amino acid substitutions" are those substitutions that are predicted to least interfere with the properties of the original protein, i.e., the structure and especially the function of the protein is conserved and not significantly changed by such substitutions. The table below shows amino acids which may be substituted for an original amino acid in a protein and which are regarded as conservative amino acid substitutions.

	Original Residue	Conservative Substitution
	Ala	Gly, Ser
	Arg	His, Lys
10	Asn	Asp, Gln, His
	Asp	Asn, Glu
	Cys	Ala, Ser
	Gln	Asn, Glu, His
	Glu	Asp, Gln, His
15	Gly	Ala
	His	Asn, Arg, Gln, Glu
	Ile	Leu, Val
	Leu	Ile, Val
	Lys	Arg, Gln, Glu
20	Met	Leu, Ile
	Phe	Ile, Met, Leu, Trp, Tyr
	Ser	Cys, Thr
	Thr	Ser, Val
	Trp	Phe, Tyr
25	Tyr	Ile, Phe, Trp
	Val	Ile, Leu, Thr

Conservative amino acid substitutions generally maintain (a) the structure of the polypeptide backbone in the area of the substitution, for example, as a beta sheet or alpha helical conformation, (b) the charge or hydrophobicity of the molecule at the site of the substitution, and/or (c) the bulk of the side chain.

A "deletion" refers to a change in the amino acid or nucleotide sequence that results in the absence of one or more amino acid residues or nucleotides.

The term "derivative" refers to a chemically modified polynucleotide or polypeptide.

Chemical modifications of a polynucleotide can include, for example, replacement of hydrogen by an alkyl, acyl, hydroxyl, or amino group. A derivative polynucleotide encodes a polypeptide which retains at least one biological or immunological function of the natural molecule. A derivative polypeptide is one modified by glycosylation, pegylation, or any similar process that retains at least one biological or immunological function of the polypeptide from which it was derived.

A "detectable label" refers to a reporter molecule or enzyme that is capable of generating a measurable signal and is covalently or noncovalently joined to a polynucleotide or polypeptide.

WO 01/98471

PCT/US01/20140

"Differential expression" refers to increased or upregulated; or decreased, downregulated, or absent gene or protein expression, determined by comparing at least two different samples. Such comparisons may be carried out between, for example, a treated and an untreated sample, or a diseased and a normal sample.

5 A "fragment" is a unique portion of HPDE or the polynucleotide encoding HPDE which is identical in sequence to but shorter in length than the parent sequence. A fragment may comprise up to the entire length of the defined sequence, minus one nucleotide/amino acid residue. For example, a fragment may comprise from 5 to 1000 contiguous nucleotides or amino acid residues. A fragment used as a probe, primer, antigen, therapeutic molecule, or for other purposes, may be at least 5, 10,  
10 15, 16, 20, 25, 30, 40, 50, 60, 75, 100, 150, 250 or at least 500 contiguous nucleotides or amino acid residues in length. Fragments may be preferentially selected from certain regions of a molecule. For example, a polypeptide fragment may comprise a certain length of contiguous amino acids selected from the first 250 or 500 amino acids (or first 25% or 50%) of a polypeptide as shown in a certain defined sequence. Clearly these lengths are exemplary, and any length that is supported by the  
15 specification, including the Sequence Listing, tables, and figures, may be encompassed by the present embodiments.

A fragment of SEQ ID NO:5-8 comprises a region of unique polynucleotide sequence that specifically identifies SEQ ID NO:5-8, for example, as distinct from any other sequence in the genome from which the fragment was obtained. A fragment of SEQ ID NO:5-8 is useful, for  
20 example, in hybridization and amplification technologies and in analogous methods that distinguish SEQ ID NO:5-8 from related polynucleotide sequences. The precise length of a fragment of SEQ ID NO:5-8 and the region of SEQ ID NO:5-8 to which the fragment corresponds are routinely determinable by one of ordinary skill in the art based on the intended purpose for the fragment.

A fragment of SEQ ID NO:1-4 is encoded by a fragment of SEQ ID NO:5-8. A fragment of  
25 SEQ ID NO:1-4 comprises a region of unique amino acid sequence that specifically identifies SEQ ID NO:1-4. For example, a fragment of SEQ ID NO:1-4 is useful as an immunogenic peptide for the development of antibodies that specifically recognize SEQ ID NO:1-4. The precise length of a fragment of SEQ ID NO:1-4 and the region of SEQ ID NO:1-4 to which the fragment corresponds are routinely determinable by one of ordinary skill in the art based on the intended purpose for the  
30 fragment.

A "full length" polynucleotide sequence is one containing at least a translation initiation codon (e.g., methionine) followed by an open reading frame and a translation termination codon. A "full length" polynucleotide sequence encodes a "full length" polypeptide sequence.

"Homology" refers to sequence similarity or, interchangeably, sequence identity, between  
35 two or more polynucleotide sequences or two or more polypeptide sequences.

WO 01/98471

PCT/US01/20140

The terms "percent identity" and "% identity," as applied to polynucleotide sequences, refer to the percentage of residue matches between at least two polynucleotide sequences aligned using a standardized algorithm. Such an algorithm may insert, in a standardized and reproducible way, gaps in the sequences being compared in order to optimize alignment between two sequences, and  
5 therefore achieve a more meaningful comparison of the two sequences.

Percent identity between polynucleotide sequences may be determined using the default parameters of the CLUSTAL V algorithm as incorporated into the MEGALIGN version 3.12e sequence alignment program. This program is part of the LASERGENE software package, a suite of molecular biological analysis programs (DNASTAR, Madison WI). CLUSTAL V is described in  
10 Higgins, D.G. and P.M. Sharp (1989) CABIOS 5:151-153 and in Higgins, D.G. et al. (1992) CABIOS 8:189-191. For pairwise alignments of polynucleotide sequences, the default parameters are set as follows: Ktuple=2, gap penalty=5, window=4, and "diagonals saved"=4. The "weighted" residue weight table is selected as the default. Percent identity is reported by CLUSTAL V as the "percent similarity" between aligned polynucleotide sequences.

Alternatively, a suite of commonly used and freely available sequence comparison algorithms is provided by the National Center for Biotechnology Information (NCBI) Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) (Altschul, S.F. et al. (1990) J. Mol. Biol. 215:403-410), which is available from several sources, including the NCBI, Bethesda, MD, and on the Internet at <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/>. The BLAST software suite includes various sequence  
20 analysis programs including "blastn," that is used to align a known polynucleotide sequence with other polynucleotide sequences from a variety of databases. Also available is a tool called "BLAST 2 Sequences" that is used for direct pairwise comparison of two nucleotide sequences. "BLAST 2 Sequences" can be accessed and used interactively at <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gorf/bl2.html>. The "BLAST 2 Sequences" tool can be used for both blastn and blastp (discussed below). BLAST  
25 programs are commonly used with gap and other parameters set to default settings. For example, to compare two nucleotide sequences, one may use blastn with the "BLAST 2 Sequences" tool Version 2.0.12 (April-21-2000) set at default parameters. Such default parameters may be, for example:

*Matrix: BLOSUM62*  
*Reward for match: 1*  
30 *Penalty for mismatch: -2*  
*Open Gap: 5 and Extension Gap: 2 penalties*  
*Gap x drop-off: 50*  
*Expect: 10*  
*Word Size: 11*  
35 *Filter: on*

WO 01/98471

PCT/US01/20140

Percent identity may be measured over the length of an entire defined sequence, for example, as defined by a particular SEQ ID number, or may be measured over a shorter length, for example, over the length of a fragment taken from a larger, defined sequence, for instance, a fragment of at least 20, at least 30, at least 40, at least 50, at least 70, at least 100, or at least 200 contiguous nucleotides. Such lengths are exemplary only, and it is understood that any fragment length supported by the sequences shown herein, in the tables, figures, or Sequence Listing, may be used to describe a length over which percentage identity may be measured.

Nucleic acid sequences that do not show a high degree of identity may nevertheless encode similar amino acid sequences due to the degeneracy of the genetic code. It is understood that changes in a nucleic acid sequence can be made using this degeneracy to produce multiple nucleic acid sequences that all encode substantially the same protein.

The phrases "percent identity" and "% identity," as applied to polypeptide sequences, refer to the percentage of residue matches between at least two polypeptide sequences aligned using a standardized algorithm. Methods of polypeptide sequence alignment are well-known. Some alignment methods take into account conservative amino acid substitutions. Such conservative substitutions, explained in more detail above, generally preserve the charge and hydrophobicity at the site of substitution, thus preserving the structure (and therefore function) of the polypeptide.

Percent identity between polypeptide sequences may be determined using the default parameters of the CLUSTAL V algorithm as incorporated into the MEGALIGN version 3.12e sequence alignment program (described and referenced above). For pairwise alignments of polypeptide sequences using CLUSTAL V, the default parameters are set as follows: Ktuple=1, gap penalty=3, window=5, and "diagonals saved"=5. The PAM250 matrix is selected as the default residue weight table. As with polynucleotide alignments, the percent identity is reported by CLUSTAL V as the "percent similarity" between aligned polypeptide sequence pairs.

Alternatively the NCBI BLAST software suite may be used. For example, for a pairwise comparison of two polypeptide sequences, one may use the "BLAST 2 Sequences" tool Version 2.0.12 (April-21-2000) with blastp set at default parameters. Such default parameters may be, for example:

*Matrix: BLOSUM62*

*Open Gap: 11 and Extension Gap: 1 penalties*

*Gap x drop-off: 50*

*Expect: 10*

*Word Size: 3*

*Filter: on*

Percent identity may be measured over the length of an entire defined polypeptide sequence.

WO 01/98471

PCT/US01/20140

for example, as defined by a particular SEQ ID number, or may be measured over a shorter length, for example, over the length of a fragment taken from a larger, defined polypeptide sequence, for instance, a fragment of at least 15, at least 20, at least 30, at least 40, at least 50, at least 70 or at least 150 contiguous residues. Such lengths are exemplary only, and it is understood that any fragment length supported by the sequences shown herein, in the tables, figures or Sequence Listing, may be used to describe a length over which percentage identity may be measured.

"Human artificial chromosomes" (HACs) are linear microchromosomes which may contain DNA sequences of about 6 kb to 10 Mb in size and which contain all of the elements required for chromosome replication, segregation and maintenance.

The term "humanized antibody" refers to an antibody molecule in which the amino acid sequence in the non-antigen binding regions has been altered so that the antibody more closely resembles a human antibody, and still retains its original binding ability.

"Hybridization" refers to the process by which a polynucleotide strand anneals with a complementary strand through base pairing under defined hybridization conditions. Specific hybridization is an indication that two nucleic acid sequences share a high degree of complementarity. Specific hybridization complexes form under permissive annealing conditions and remain hybridized after the "washing" step(s). The washing step(s) is particularly important in determining the stringency of the hybridization process, with more stringent conditions allowing less non-specific binding, i.e., binding between pairs of nucleic acid strands that are not perfectly matched. Permissive conditions for annealing of nucleic acid sequences are routinely determinable by one of ordinary skill in the art and may be consistent among hybridization experiments, whereas wash conditions may be varied among experiments to achieve the desired stringency, and therefore hybridization specificity. Permissive annealing conditions occur, for example, at 68°C in the presence of about 6 x SSC, about 1% (w/v) SDS, and about 100 µg/ml sheared, denatured salmon sperm DNA.

Generally, stringency of hybridization is expressed, in part, with reference to the temperature under which the wash step is carried out. Such wash temperatures are typically selected to be about 5°C to 20°C lower than the thermal melting point ( $T_m$ ) for the specific sequence at a defined ionic strength and pH. The  $T_m$  is the temperature (under defined ionic strength and pH) at which 50% of the target sequence hybridizes to a perfectly matched probe. An equation for calculating  $T_m$  and conditions for nucleic acid hybridization are well known and can be found in Sambrook, J. et al. (1989) *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, 2<sup>nd</sup> ed., vol. 1-3, Cold Spring Harbor Press, Plainview NY; specifically see volume 2, chapter 9.

High stringency conditions for hybridization between polynucleotides of the present invention include wash conditions of 68°C in the presence of about 0.2 x SSC and about 0.1% SDS, for 1 hour. Alternatively, temperatures of about 65°C, 60°C, 55°C, or 42°C may be used. SSC

WO 01/98471

PCT/US01/20140

concentration may be varied from about 0.1 to 2 x SSC, with SDS being present at about 0.1%. Typically, blocking reagents are used to block non-specific hybridization. Such blocking reagents include, for instance, sheared and denatured salmon sperm DNA at about 100-200 µg/ml. Organic solvent, such as formamide at a concentration of about 35-50% v/v, may also be used under particular  
5 circumstances, such as for RNA:DNA hybridizations. Useful variations on these wash conditions will be readily apparent to those of ordinary skill in the art. Hybridization, particularly under high stringency conditions, may be suggestive of evolutionary similarity between the nucleotides. Such similarity is strongly indicative of a similar role for the nucleotides and their encoded polypeptides.

The term "hybridization complex" refers to a complex formed between two nucleic acid  
10 sequences by virtue of the formation of hydrogen bonds between complementary bases. A hybridization complex may be formed in solution (e.g., C<sub>0</sub>t or R<sub>0</sub>t analysis) or formed between one nucleic acid sequence present in solution and another nucleic acid sequence immobilized on a solid support (e.g., paper, membranes, filters, chips, pins or glass slides, or any other appropriate substrate to which cells or their nucleic acids have been fixed).

The words "insertion" and "addition" refer to changes in an amino acid or nucleotide  
15 sequence resulting in the addition of one or more amino acid residues or nucleotides, respectively.

"Immune response" can refer to conditions associated with inflammation, trauma, immune  
20 disorders, or infectious or genetic disease, etc. These conditions can be characterized by expression of various factors, e.g., cytokines, chemokines, and other signaling molecules, which may affect cellular and systemic defense systems.

An "immunogenic fragment" is a polypeptide or oligopeptide fragment of HPDE which is  
25 capable of eliciting an immune response when introduced into a living organism, for example, a mammal. The term "immunogenic fragment" also includes any polypeptide or oligopeptide fragment of HPDE which is useful in any of the antibody production methods disclosed herein or known in the art.

The term "microarray" refers to an arrangement of a plurality of polynucleotides,  
polypeptides, or other chemical compounds on a substrate.

The terms "element" and "array element" refer to a polynucleotide, polypeptide, or other  
chemical compound having a unique and defined position on a microarray.

The term "modulate" refers to a change in the activity of HPDE. For example, modulation  
30 may cause an increase or a decrease in protein activity, binding characteristics, or any other biological, functional, or immunological properties of HPDE.

The phrases "nucleic acid" and "nucleic acid sequence" refer to a nucleotide, oligonucleotide,  
35 polynucleotide, or any fragment thereof. These phrases also refer to DNA or RNA of genomic or synthetic origin which may be single-stranded or double-stranded and may represent the sense or the

WO 01/98471

PCT/US01/20140

antisense strand, to peptide nucleic acid (PNA), or to any DNA-like or RNA-like material.

"Operably linked" refers to the situation in which a first nucleic acid sequence is placed in a functional relationship with a second nucleic acid sequence. For instance, a promoter is operably linked to a coding sequence if the promoter affects the transcription or expression of the coding sequence. Operably linked DNA sequences may be in close proximity or contiguous and, where necessary to join two protein coding regions, in the same reading frame.

"Peptide nucleic acid" (PNA) refers to an antisense molecule or anti-gene agent which comprises an oligonucleotide of at least about 5 nucleotides in length linked to a peptide backbone of amino acid residues ending in lysine. The terminal lysine confers solubility to the composition.

10 PNAs preferentially bind complementary single stranded DNA or RNA and stop transcript elongation, and may be pegylated to extend their lifespan in the cell.

"Post-translational modification" of an HPDE may involve lipidation, glycosylation, phosphorylation, acetylation, racemization, proteolytic cleavage, and other modifications known in the art. These processes may occur synthetically or biochemically. Biochemical modifications will vary by cell type depending on the enzymatic milieu of HPDE.

"Probe" refers to nucleic acid sequences encoding HPDE, their complements, or fragments thereof, which are used to detect identical, allelic or related nucleic acid sequences. Probes are isolated oligonucleotides or polynucleotides attached to a detectable label or reporter molecule. Typical labels include radioactive isotopes, ligands, chemiluminescent agents, and enzymes.

20 "Primers" are short nucleic acids, usually DNA oligonucleotides, which may be annealed to a target polynucleotide by complementary base-pairing. The primer may then be extended along the target DNA strand by a DNA polymerase enzyme. Primer pairs can be used for amplification (and identification) of a nucleic acid sequence, e.g., by the polymerase chain reaction (PCR).

Probes and primers as used in the present invention typically comprise at least 15 contiguous nucleotides of a known sequence. In order to enhance specificity, longer probes and primers may also be employed, such as probes and primers that comprise at least 20, 25, 30, 40, 50, 60, 70, 80, 90, 100, or at least 150 consecutive nucleotides of the disclosed nucleic acid sequences. Probes and primers may be considerably longer than these examples, and it is understood that any length supported by the specification, including the tables, figures, and Sequence Listing, may be used.

30 Methods for preparing and using probes and primers are described in the references, for example Sambrook, J. et al. (1989) Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 2<sup>nd</sup> ed., vol. 1-3, Cold Spring Harbor Press, Plainview NY; Ausubel, F.M. et al. (1987) Current Protocols in Molecular Biology, Greene Publ. Assoc. & Wiley-Intersciences, New York NY; Innis, M. et al. (1990) PCR Protocols, A Guide to Methods and Applications, Academic Press, San Diego CA. PCR primer pairs can be derived from a known sequence, for example, by using computer programs intended for that

WO 01/98471

PCT/US01/20140

purpose such as Primer (Version 0.5, 1991, Whitehead Institute for Biomedical Research, Cambridge MA).

Oligonucleotides for use as primers are selected using software known in the art for such purpose. For example, OLIGO 4.06 software is useful for the selection of PCR primer pairs of up to 5 100 nucleotides each, and for the analysis of oligonucleotides and larger polynucleotides of up to 5,000 nucleotides from an input polynucleotide sequence of up to 32 kilobases. Similar primer selection programs have incorporated additional features for expanded capabilities. For example, the PrimOU primer selection program (available to the public from the Genome Center at University of Texas South West Medical Center, Dallas TX) is capable of choosing specific primers from 10 megabase sequences and is thus useful for designing primers on a genome-wide scope. The Primer3 primer selection program (available to the public from the Whitehead Institute/MIT Center for Genome Research, Cambridge MA) allows the user to input a "mispriming library," in which sequences to avoid as primer binding sites are user-specified. Primer3 is useful, in particular, for the selection of oligonucleotides for microarrays. (The source code for the latter two primer selection 15 programs may also be obtained from their respective sources and modified to meet the user's specific needs.) The PrimeGen program (available to the public from the UK Human Genome Mapping Project Resource Centre, Cambridge UK) designs primers based on multiple sequence alignments, thereby allowing selection of primers that hybridize to either the most conserved or least conserved regions of aligned nucleic acid sequences. Hence, this program is useful for identification of both 20 unique and conserved oligonucleotides and polynucleotide fragments. The oligonucleotides and polynucleotide fragments identified by any of the above selection methods are useful in hybridization technologies, for example, as PCR or sequencing primers, microarray elements, or specific probes to identify fully or partially complementary polynucleotides in a sample of nucleic acids. Methods of oligonucleotide selection are not limited to those described above.

25 A "recombinant nucleic acid" is a sequence that is not naturally occurring or has a sequence that is made by an artificial combination of two or more otherwise separated segments of sequence. This artificial combination is often accomplished by chemical synthesis or, more commonly, by the artificial manipulation of isolated segments of nucleic acids, e.g., by genetic engineering techniques such as those described in Sambrook, *supra*. The term recombinant includes nucleic acids that have 30 been altered solely by addition, substitution, or deletion of a portion of the nucleic acid. Frequently, a recombinant nucleic acid may include a nucleic acid sequence operably linked to a promoter sequence. Such a recombinant nucleic acid may be part of a vector that is used, for example, to transform a cell.

Alternatively, such recombinant nucleic acids may be part of a viral vector, e.g., based on a 35 vaccinia virus, that could be used to vaccinate a mammal wherein the recombinant nucleic acid is

WO 01/98471

PCT/US01/20140

expressed, inducing a protective immunological response in the mammal.

A "regulatory element" refers to a nucleic acid sequence usually derived from untranslated regions of a gene and includes enhancers, promoters, introns, and 5' and 3' untranslated regions (UTRs). Regulatory elements interact with host or viral proteins which control transcription,

5 translation, or RNA stability.

"Reporter molecules" are chemical or biochemical moieties used for labeling a nucleic acid, amino acid, or antibody. Reporter molecules include radionuclides; enzymes; fluorescent, chemiluminescent, or chromogenic agents; substrates; cofactors; inhibitors; magnetic particles; and other moieties known in the art.

10 An "RNA equivalent," in reference to a DNA sequence, is composed of the same linear sequence of nucleotides as the reference DNA sequence with the exception that all occurrences of the nitrogenous base thymine are replaced with uracil, and the sugar backbone is composed of ribose instead of deoxyribose.

The term "sample" is used in its broadest sense. A sample suspected of containing HPDE, 15 nucleic acids encoding HPDE, or fragments thereof may comprise a bodily fluid, an extract from a cell, chromosome, organelle, or membrane isolated from a cell; a cell; genomic DNA, RNA, or cDNA, in solution or bound to a substrate; a tissue; a tissue print; etc.

The terms "specific binding" and "specifically binding" refer to that interaction between a protein or peptide and an agonist, an antibody, an antagonist, a small molecule, or any natural or 20 synthetic binding composition. The interaction is dependent upon the presence of a particular structure of the protein, e.g., the antigenic determinant or epitope, recognized by the binding molecule. For example, if an antibody is specific for epitope "A," the presence of a polypeptide comprising the epitope A, or the presence of free unlabeled A, in a reaction containing free labeled A and the antibody will reduce the amount of labeled A that binds to the antibody.

25 The term "substantially purified" refers to nucleic acid or amino acid sequences that are removed from their natural environment and are isolated or separated, and are at least 60% free, preferably at least 75% free, and most preferably at least 90% free from other components with which they are naturally associated.

A "substitution" refers to the replacement of one or more amino acid residues or nucleotides 30 by different amino acid residues or nucleotides, respectively.

"Substrate" refers to any suitable rigid or semi-rigid support including membranes, filters, chips, slides, wafers, fibers, magnetic or nonmagnetic beads, gels, tubing, plates, polymers, microparticles and capillaries. The substrate can have a variety of surface forms, such as wells, trenches, pins, channels and pores, to which polynucleotides or polypeptides are bound.

35 A "transcript image" refers to the collective pattern of gene expression by a particular cell

WO 01/98471

PCT/US01/20140

type or tissue under given conditions at a given time.

"Transformation" describes a process by which exogenous DNA is introduced into a recipient cell. Transformation may occur under natural or artificial conditions according to various methods well known in the art, and may rely on any known method for the insertion of foreign nucleic acid sequences into a prokaryotic or eukaryotic host cell. The method for transformation is selected based on the type of host cell being transformed and may include, but is not limited to, bacteriophage or viral infection, electroporation, heat shock, lipofection, and particle bombardment. The term "transformed cells" includes stably transformed cells in which the inserted DNA is capable of replication either as an autonomously replicating plasmid or as part of the host chromosome, as well as transiently transformed cells which express the inserted DNA or RNA for limited periods of time.

A "transgenic organism," as used herein, is any organism, including but not limited to animals and plants, in which one or more of the cells of the organism contains heterologous nucleic acid introduced by way of human intervention, such as by transgenic techniques well known in the art. The nucleic acid is introduced into the cell, directly or indirectly by introduction into a precursor of the cell, by way of deliberate genetic manipulation, such as by microinjection or by infection with a recombinant virus. The term genetic manipulation does not include classical cross-breeding, or *in vitro* fertilization, but rather is directed to the introduction of a recombinant DNA molecule. The transgenic organisms contemplated in accordance with the present invention include bacteria, cyanobacteria, fungi, plants and animals. The isolated DNA of the present invention can be introduced into the host by methods known in the art, for example infection, transfection, transformation or transconjugation. Techniques for transferring the DNA of the present invention into such organisms are widely known and provided in references such as Sambrook et al. (1989), *supra*.

A "variant" of a particular nucleic acid sequence is defined as a nucleic acid sequence having at least 40% sequence identity to the particular nucleic acid sequence over a certain length of one of the nucleic acid sequences using blastn with the "BLAST 2 Sequences" tool Version 2.0.9 (May-07-1999) set at default parameters. Such a pair of nucleic acids may show, for example, at least 50%, at least 60%, at least 70%, at least 80%, at least 85%, at least 90%, at least 91%, at least 92%, at least 93%, at least 94%, at least 95%, at least 96%, at least 97%, at least 98%, or at least 99% or greater sequence identity over a certain defined length. A variant may be described as, for example, an "allelic" (as defined above), "splice," "species," or "polymorphic" variant. A splice variant may have significant identity to a reference molecule, but will generally have a greater or lesser number of polynucleotides due to alternative splicing of exons during mRNA processing. The corresponding polypeptide may possess additional functional domains or lack domains that are present in the reference molecule. Species variants are polynucleotide sequences that vary from one species to

WO 01/98471

PCT/US01/20140

another. The resulting polypeptides will generally have significant amino acid identity relative to each other. A polymorphic variant is a variation in the polynucleotide sequence of a particular gene between individuals of a given species. Polymorphic variants also may encompass "single nucleotide polymorphisms" (SNPs) in which the polynucleotide sequence varies by one nucleotide base. The presence of SNPs may be indicative of, for example, a certain population, a disease state, or a propensity for a disease state.

A "variant" of a particular polypeptide sequence is defined as a polypeptide sequence having at least 40% sequence identity to the particular polypeptide sequence over a certain length of one of the polypeptide sequences using blastp with the "BLAST 2 Sequences" tool Version 2.0.9 (May-07-1999) set at default parameters. Such a pair of polypeptides may show, for example, at least 50%, at least 60%, at least 70%, at least 80%, at least 90%, at least 91%, at least 92%, at least 93%, at least 94%, at least 95%, at least 96%, at least 97%, at least 98%, or at least 99% or greater sequence identity over a certain defined length of one of the polypeptides.

#### 15 THE INVENTION

The invention is based on the discovery of new human phosphodiesterases (HPDE), the polynucleotides encoding HPDE, and the use of these compositions for the diagnosis, treatment, or prevention of eye, neurological, cardiovascular, cell proliferative, and autoimmune/inflammatory disorders.

Table 1 summarizes the nomenclature for the full length polynucleotide and polypeptide sequences of the invention. Each polynucleotide and its corresponding polypeptide are correlated to a single Incyte project identification number (Incyte Project ID). Each polypeptide sequence is denoted by both a polypeptide sequence identification number (Polypeptide SEQ ID NO:) and an Incyte polypeptide sequence number (Incyte Polypeptide ID) as shown. Each polynucleotide sequence is denoted by both a polynucleotide sequence identification number (Polynucleotide SEQ ID NO:) and an Incyte polynucleotide consensus sequence number (Incyte Polynucleotide ID) as shown.

Table 2 shows sequences with homology to the polypeptides of the invention as identified by BLAST analysis against the GenBank protein (genpept) database. Columns 1 and 2 show the polypeptide sequence identification number (Polypeptide SEQ ID NO:) and the corresponding Incyte polypeptide sequence number (Incyte Polypeptide ID) for polypeptides of the invention. Column 3 shows the GenBank identification number (Genbank ID NO:) of the nearest GenBank homolog. Column 4 shows the probability score for the match between each polypeptide and its GenBank homolog. Column 5 shows the annotation of the GenBank homolog.

Table 3 shows various structural features of the polypeptides of the invention. Columns 1 and 2 show the polypeptide sequence identification number (SEQ ID NO:) and the corresponding Incyte

WO 01/98471

PCT/US01/20140

polypeptide sequence number (Incyte Polypeptide ID) for each polypeptide of the invention. Column 3 shows the number of amino acid residues in each polypeptide. Column 4 shows potential phosphorylation sites, and column 5 shows potential glycosylation sites, as determined by the MOTIFS program of the GCG sequence analysis software package (Genetics Computer Group, Madison WI). Column 6 shows amino acid residues comprising signature sequences, domains, and motifs. Column 7 shows analytical methods for protein structure/function analysis and in some cases, searchable databases to which the analytical methods were applied.

Together, Tables 2 and 3 summarize the properties of polypeptides of the invention, and these properties establish that the claimed polypeptides are phosphodiesterases. For example, SEQ ID NO:1 is 92% identical to mouse PDE7B (GenBank ID g6694239) as determined by the Basic Local Alignment Search Tool (BLAST). (See Table 2.) The BLAST probability score is  $9.0e-213$ , which indicates the probability of obtaining the observed polypeptide sequence alignment by chance. SEQ ID NO:1 also contains a 3',5' cyclic nucleotide phosphodiesterase domain as determined by searching for statistically significant matches in the hidden Markov model (HMM)-based PFAM database of conserved protein family domains. (See Table 3.) Data from PROFILESCAN and BLIMPS analyses provide further corroborative evidence that SEQ ID NO:1 is a 3',5' cyclic nucleotide phosphodiesterase. In an alternative example, SEQ ID NO:2 is 65% identical to mouse PDE8 (GenBank ID g3347863) as determined by the Basic Local Alignment Search Tool (BLAST). (See Table 2.) The BLAST probability score is  $5.3e-284$ , which indicates the probability of obtaining the observed polypeptide sequence alignment by chance. SEQ ID NO:2 also contains a 3',5' cyclic nucleotide phosphodiesterase domain as determined by searching for statistically significant matches in the hidden Markov model (HMM)-based PFAM database of conserved protein family domains. (See Table 3.) Data from PROFILESCAN, MOTIFS, and BLIMPS analyses provide further corroborative evidence that SEQ ID NO:2 is a 3',5' cyclic nucleotide phosphodiesterase.

In an alternative example, SEQ ID NO:3 is 35% identical to *Deinococcus radiodurans* glycerophosphoryl diester phosphodiesterase (GenBank ID g6439876) as determined by the Basic Local Alignment Search Tool (BLAST). (See Table 2.) The BLAST probability score is  $2.3e-12$ , which indicates the probability of obtaining the observed polypeptide sequence alignment by chance. Data from BLIMPS and BLAST analyses provide further corroborative evidence that SEQ ID NO:3 is a glycerophosphoryl diester phosphodiesterase which hydrolyzes deacetylated phospholipid glycerophosphodiesters to produce sn-glycerol-3-phosphate and an alcohol. (See Table 3.)

In an alternative example, SEQ ID NO:4 is 33% identical to a thale cress nucleotide-pyrophosphatase-like protein (GenBank ID g5123564) as determined by the Basic Local Alignment Search Tool (BLAST). (See Table 2.) The BLAST probability score is  $4.7e-50$ , which indicates the probability of obtaining the observed polypeptide sequence alignment by chance. SEQ ID NO:4 also

WO 01/98471

PCT/US01/20140

contains a type I phosphodiesterase domain as determined by searching for statistically significant matches in the hidden Markov model (HMM)-based PFAM database of conserved protein family domains. (See Table 3). Data from BLAST analyses against the PRODOM database provide further corroborative evidence that SEQ ID NO:4 is a nucleotide phosphodiesterase. The algorithms and parameters for the analysis of SEQ ID NO:1-4 are described in Table 7.

As shown in Table 4, the full length polynucleotide sequences of the present invention were assembled using cDNA sequences or coding (exon) sequences derived from genomic DNA, or any combination of these two types of sequences. Columns 1 and 2 list the polynucleotide sequence identification number (Polynucleotide SEQ ID NO.) and the corresponding Incyte polynucleotide consensus sequence number (Incyte Polynucleotide ID) for each polynucleotide of the invention. Column 3 shows the length of each polynucleotide sequence in basepairs. Column 4 lists fragments of the polynucleotide sequences which are useful, for example, in hybridization or amplification technologies that identify SEQ ID NO:5-8 or that distinguish between SEQ ID NO:5-8 and related polynucleotide sequences. Column 5 shows identification numbers corresponding to cDNA sequences, coding sequences (exons) predicted from genomic DNA, and/or sequence assemblages comprised of both cDNA and genomic DNA. These sequences were used to assemble the full length polynucleotide sequences of the invention. Columns 6 and 7 of Table 4 show the nucleotide start (5') and stop (3') positions of the cDNA and/or genomic sequences in column 5 relative to their respective full length sequences.

The identification numbers in Column 5 of Table 4 may refer specifically, for example, to Incyte cDNAs along with their corresponding cDNA libraries. For example, 1384207H1 is the identification number of an Incyte cDNA sequence, and BRAITUT08 is the cDNA library from which it is derived. Incyte cDNAs for which cDNA libraries are not indicated were derived from pooled cDNA libraries (e.g., 71123761V1). Alternatively, the identification numbers in column 5 may refer to GenBank cDNAs or ESTs which contributed to the assembly of the full length polynucleotide sequences. Alternatively, the identification numbers in column 5 may refer to coding regions predicted by Genscan analysis of genomic DNA. The Genscan-predicted coding sequences may have been edited prior to assembly. (See Example IV.) Alternatively, the identification numbers in column 5 may refer to assemblages of both cDNA and Genscan-predicted exons brought together by an "exon stitching" algorithm. (See Example V.) Alternatively, the identification numbers in column 5 may refer to assemblages of both cDNA and Genscan-predicted exons brought together by an "exon-stretching" algorithm. (See Example V.) In some cases, Incyte cDNA coverage redundant with the sequence coverage shown in column 5 was obtained to confirm the final consensus polynucleotide sequence, but the relevant Incyte cDNA identification numbers are not shown.

Table 5 shows the representative cDNA libraries for those full length polynucleotide

WO 01/98471

PCT/US01/20140

sequences which were assembled using Incyte cDNA sequences. The representative cDNA library is the Incyte cDNA library which is most frequently represented by the Incyte cDNA sequences which were used to assemble and confirm the above polynucleotide sequences. The tissues and vectors which were used to construct the cDNA libraries shown in Table 5 are described in Table 6.

5 The invention also encompasses HPDE variants. A preferred HPDE variant is one which has at least about 80%, or alternatively at least about 90%, or even at least about 95% amino acid sequence identity to the HPDE amino acid sequence, and which contains at least one functional or structural characteristic of HPDE.

The invention also encompasses polynucleotides which encode HPDE. In a particular embodiment, the invention encompasses a polynucleotide sequence comprising a sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:5-8, which encodes HPDE. The polynucleotide sequences of SEQ ID NO:5-8, as presented in the Sequence Listing, embrace the equivalent RNA sequences, wherein occurrences of the nitrogenous base thymine are replaced with uracil, and the sugar backbone is composed of ribose instead of deoxyribose.

15 The invention also encompasses a variant of a polynucleotide sequence encoding HPDE. In particular, such a variant polynucleotide sequence will have at least about 70%, or alternatively at least about 85%, or even at least about 95% polynucleotide sequence identity to the polynucleotide sequence encoding HPDE. A particular aspect of the invention encompasses a variant of a polynucleotide sequence comprising a sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:5-  
20 8 which has at least about 70%, or alternatively at least about 85%, or even at least about 95% polynucleotide sequence identity to a nucleic acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:5-8. Any one of the polynucleotide variants described above can encode an amino acid sequence which contains at least one functional or structural characteristic of HPDE.

It will be appreciated by those skilled in the art that as a result of the degeneracy of the genetic code, a multitude of polynucleotide sequences encoding HPDE, some bearing minimal similarity to the polynucleotide sequences of any known and naturally occurring gene, may be produced. Thus, the invention contemplates each and every possible variation of polynucleotide sequence that could be made by selecting combinations based on possible codon choices. These combinations are made in accordance with the standard triplet genetic code as applied to the  
30 polynucleotide sequence of naturally occurring HPDE, and all such variations are to be considered as being specifically disclosed.

Although nucleotide sequences which encode HPDE and its variants are generally capable of hybridizing to the nucleotide sequence of the naturally occurring HPDE under appropriately selected conditions of stringency, it may be advantageous to produce nucleotide sequences encoding HPDE or  
35 its derivatives possessing a substantially different codon usage, e.g., inclusion of non-naturally

WO 01/98471

PCT/US01/20140

occurring codons. Codons may be selected to increase the rate at which expression of the peptide occurs in a particular prokaryotic or eukaryotic host in accordance with the frequency with which particular codons are utilized by the host. Other reasons for substantially altering the nucleotide sequence encoding HPDE and its derivatives without altering the encoded amino acid sequences include the production of RNA transcripts having more desirable properties, such as a greater half-life, than transcripts produced from the naturally occurring sequence.

The invention also encompasses production of DNA sequences which encode HPDE and HPDE derivatives, or fragments thereof, entirely by synthetic chemistry. After production, the synthetic sequence may be inserted into any of the many available expression vectors and cell systems using reagents well known in the art. Moreover, synthetic chemistry may be used to introduce mutations into a sequence encoding HPDE or any fragment thereof.

Also encompassed by the invention are polynucleotide sequences that are capable of hybridizing to the claimed polynucleotide sequences, and, in particular, to those shown in SEQ ID NO:5-8 and fragments thereof under various conditions of stringency. (See, e.g., Wahl, G.M. and S.L. Berger (1987) *Methods Enzymol.* 152:399-407; Kimmel, A.R. (1987) *Methods Enzymol.* 152:507-511.) Hybridization conditions, including annealing and wash conditions, are described in "Definitions."

Methods for DNA sequencing are well known in the art and may be used to practice any of the embodiments of the invention. The methods may employ such enzymes as the Klenow fragment of DNA polymerase I, SEQUENASE (US Biochemical, Cleveland OH), Taq polymerase (Applied Biosystems), thermostable T7 polymerase (Amersham Pharmacia Biotech, Piscataway NJ), or combinations of polymerases and proofreading exonucleases such as those found in the ELONGASE amplification system (Life Technologies, Gaithersburg MD). Preferably, sequence preparation is automated with machines such as the MICROLAB 2200 liquid transfer system (Hamilton, Reno NV), PTC200 thermal cycler (MJ Research, Watertown MA) and ABI CATALYST 800 thermal cycler (Applied Biosystems). Sequencing is then carried out using either the ABI 373 or 377 DNA sequencing system (Applied Biosystems), the MEGABACE 1000 DNA sequencing system (Molecular Dynamics, Sunnyvale CA), or other systems known in the art. The resulting sequences are analyzed using a variety of algorithms which are well known in the art. (See, e.g., Ausubel, F.M. (1997) *Short Protocols in Molecular Biology*, John Wiley & Sons, New York NY, unit 7.7; Meyers, R.A. (1995) *Molecular Biology and Biotechnology*, Wiley VCH, New York NY, pp. 856-858.)

The nucleic acid sequences encoding HPDE may be extended utilizing a partial nucleotide sequence and employing various PCR-based methods known in the art to detect upstream sequences, such as promoters and regulatory elements. For example, one method which may be employed, restriction-site PCR, uses universal and nested primers to amplify unknown sequence from genomic

WO 01/98471

PCT/US01/20140

DNA within a cloning vector. (See, e.g., Sarkar, G. (1993) *PCR Methods Applic.* 2:318-322.) Another method, inverse PCR, uses primers that extend in divergent directions to amplify unknown sequence from a circularized template. The template is derived from restriction fragments comprising a known genomic locus and surrounding sequences. (See, e.g., Triglia, T. et al. (1988) *Nucleic Acids Res.* 16:8186.) A third method, capture PCR, involves PCR amplification of DNA fragments adjacent to known sequences in human and yeast artificial chromosome DNA. (See, e.g., Lagerstrom, M. et al. (1991) *PCR Methods Applic.* 1:111-119.) In this method, multiple restriction enzyme digestions and ligations may be used to insert an engineered double-stranded sequence into a region of unknown sequence before performing PCR. Other methods which may be used to retrieve unknown sequences are known in the art. (See, e.g., Parker, J.D. et al. (1991) *Nucleic Acids Res.* 19:3055-3060). Additionally, one may use PCR, nested primers, and PROMOTERFINDER libraries (Clontech, Palo Alto CA) to walk genomic DNA. This procedure avoids the need to screen libraries and is useful in finding intron/exon junctions. For all PCR-based methods, primers may be designed using commercially available software, such as OLIGO 4.06 primer analysis software (National Biosciences, Plymouth MN) or another appropriate program, to be about 22 to 30 nucleotides in length, to have a GC content of about 50% or more, and to anneal to the template at temperatures of about 68°C to 72°C.

When screening for full length cDNAs, it is preferable to use libraries that have been size-selected to include larger cDNAs. In addition, random-primed libraries, which often include sequences containing the 5' regions of genes, are preferable for situations in which an oligo d(T) library does not yield a full-length cDNA. Genomic libraries may be useful for extension of sequence into 5' non-transcribed regulatory regions.

Capillary electrophoresis systems which are commercially available may be used to analyze the size or confirm the nucleotide sequence of sequencing or PCR products. In particular, capillary sequencing may employ flowable polymers for electrophoretic separation, four different nucleotide-specific, laser-stimulated fluorescent dyes, and a charge coupled device camera for detection of the emitted wavelengths. Output/light intensity may be converted to electrical signal using appropriate software (e.g., GENOTYPER and SEQUENCE NAVIGATOR, Applied Biosystems), and the entire process from loading of samples to computer analysis and electronic data display may be computer controlled. Capillary electrophoresis is especially preferable for sequencing small DNA fragments which may be present in limited amounts in a particular sample.

In another embodiment of the invention, polynucleotide sequences or fragments thereof which encode HPDE may be cloned in recombinant DNA molecules that direct expression of HPDE, or fragments or functional equivalents thereof, in appropriate host cells. Due to the inherent degeneracy of the genetic code, other DNA sequences which encode substantially the same or a

WO 01/98471

PCT/US01/20140

functionally equivalent amino acid sequences may be produced and used to express HPDE.

The nucleotide sequences of the present invention can be engineered using methods generally known in the art in order to alter HPDE-encoding sequences for a variety of purposes including, but not limited to, modification of the cloning, processing, and/or expression of the gene product. DNA shuffling by random fragmentation and PCR reassembly of gene fragments and synthetic oligonucleotides may be used to engineer the nucleotide sequences. For example, oligonucleotide-mediated site-directed mutagenesis may be used to introduce mutations that create new restriction sites, alter glycosylation patterns, change codon preference, produce splice variants, and so forth.

The nucleotides of the present invention may be subjected to DNA shuffling techniques such as MOLECULAR BREEDING (Maxygen Inc., Santa Clara CA; described in U.S. Patent Number 5,837,458; Chang, C.-C. et al. (1999) *Nat. Biotechnol.* 17:793-797; Christians, F.C. et al. (1999) *Nat. Biotechnol.* 17:259-264; and Cramer, A. et al. (1996) *Nat. Biotechnol.* 14:315-319) to alter or improve the biological properties of HPDE, such as its biological or enzymatic activity or its ability to bind to other molecules or compounds. DNA shuffling is a process by which a library of gene variants is produced using PCR-mediated recombination of gene fragments. The library is then subjected to selection or screening procedures that identify those gene variants with the desired properties. These preferred variants may then be pooled and further subjected to recursive rounds of DNA shuffling and selection/screening. Thus, genetic diversity is created through "artificial" breeding and rapid molecular evolution. For example, fragments of a single gene containing random point mutations may be recombined, screened, and then reshuffled until the desired properties are optimized. Alternatively, fragments of a given gene may be recombined with fragments of homologous genes in the same gene family, either from the same or different species, thereby maximizing the genetic diversity of multiple naturally occurring genes in a directed and controllable manner.

In another embodiment, sequences encoding HPDE may be synthesized, in whole or in part, using chemical methods well known in the art. (See, e.g., Caruthers, M.H. et al. (1980) *Nucleic Acids Symp. Ser.* 7:215-223; and Horn, T. et al. (1980) *Nucleic Acids Symp. Ser.* 7:225-232.) Alternatively, HPDE itself or a fragment thereof may be synthesized using chemical methods. For example, peptide synthesis can be performed using various solution-phase or solid-phase techniques. (See, e.g., Creighton, T. (1984) *Proteins, Structures and Molecular Properties*, WH Freeman, New York NY, pp. 55-60; and Roberge, J.Y. et al. (1995) *Science* 269:202-204.) Automated synthesis may be achieved using the ABI 431A peptide synthesizer (Applied Biosystems). Additionally, the amino acid sequence of HPDE, or any part thereof, may be altered during direct synthesis and/or combined with sequences from other proteins, or any part thereof, to produce a variant polypeptide or a polypeptide having a sequence of a naturally occurring polypeptide.

WO 01/98471

PCT/US01/20140

The peptide may be substantially purified by preparative high performance liquid chromatography. (See, e.g., Chiez, R.M. and F.Z. Regnier (1990) *Methods Enzymol.* 182:392-421.) The composition of the synthetic peptides may be confirmed by amino acid analysis or by sequencing. (See, e.g., Creighton, *supra*, pp. 28-53.)

5 In order to express a biologically active HPDE, the nucleotide sequences encoding HPDE or derivatives thereof may be inserted into an appropriate expression vector, i.e., a vector which contains the necessary elements for transcriptional and translational control of the inserted coding sequence in a suitable host. These elements include regulatory sequences, such as enhancers, constitutive and inducible promoters, and 5' and 3' untranslated regions in the vector and in polynucleotide sequences  
10 encoding HPDE. Such elements may vary in their strength and specificity. Specific initiation signals may also be used to achieve more efficient translation of sequences encoding HPDE. Such signals include the ATG initiation codon and adjacent sequences, e.g. the Kozak sequence. In cases where sequences encoding HPDE and its initiation codon and upstream regulatory sequences are inserted into the appropriate expression vector, no additional transcriptional or translational control signals  
15 may be needed. However, in cases where only coding sequence, or a fragment thereof, is inserted, exogenous translational control signals including an in-frame ATG initiation codon should be provided by the vector. Exogenous translational elements and initiation codons may be of various origins, both natural and synthetic. The efficiency of expression may be enhanced by the inclusion of enhancers appropriate for the particular host cell system used. (See, e.g., Scharf, D. et al. (1994) *Results Probl. Cell Differ.* 20:125-162.)

20 Methods which are well known to those skilled in the art may be used to construct expression vectors containing sequences encoding HPDE and appropriate transcriptional and translational control elements. These methods include *in vitro* recombinant DNA techniques, synthetic techniques, and *in vivo* genetic recombination. (See, e.g., Sambrook, J. et al. (1989) *Molecular Cloning, A Laboratory Manual*, Cold Spring Harbor Press, Plainview NY, ch. 4, 8, and 16-17; Ausubel, F.M. et al. (1995) *Current Protocols in Molecular Biology*, John Wiley & Sons, New York NY, ch. 9, 13, and 16.)

A variety of expression vector/host systems may be utilized to contain and express sequences encoding HPDE. These include, but are not limited to, microorganisms such as bacteria transformed  
30 with recombinant bacteriophage, plasmid, or cosmid DNA expression vectors; yeast transformed with yeast expression vectors; insect cell systems infected with viral expression vectors (e.g., baculovirus); plant cell systems transformed with viral expression vectors (e.g., cauliflower mosaic virus, CaMV, or tobacco mosaic virus, TMV) or with bacterial expression vectors (e.g., T5 or pBR322 plasmids); or animal cell systems. (See, e.g., Sambrook, *supra*; Ausubel, *supra*; Van Heeke, G. and S.M. Schuster (1989) *J. Biol. Chem.* 264:5503-5509; Engelhard, E.K. et al. (1994) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*

WO 01/98471

PCT/US01/20140

91:3224-3227; Sandig, V. et al. (1996) *Hum. Gene Ther.* 7:1937-1945; Takamatsu, N. (1987) *EMBO J.* 6:307-311; The McGraw Hill Yearbook of Science and Technology (1992) McGraw Hill, New York NY, pp. 191-196; Logan, J. and T. Shenk (1984) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 81:3655-3659; and Harrington, J.J. et al. (1997) *Nat. Genet.* 15:345-355.) Expression vectors derived from retroviruses, adenoviruses, or herpes or vaccinia viruses, or from various bacterial plasmids, may be used for delivery of nucleotide sequences to the targeted organ, tissue, or cell population. (See, e.g., Di Nicola, M. et al. (1998) *Cancer Gen. Ther.* 5(6):350-356; Yu, M. et al. (1993) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 90(13):6340-6344; Buller, R.M. et al. (1985) *Nature* 317(6040):813-815; McGregor, D.P. et al. (1994) *Mol. Immunol.* 31(3):219-226; and Verma, I.M. and N. Sonnia (1997) *Nature* 389:239-242.)

10 The invention is not limited by the host cell employed.

In bacterial systems, a number of cloning and expression vectors may be selected depending upon the use intended for polynucleotide sequences encoding HPDE. For example, routine cloning, subcloning, and propagation of polynucleotide sequences encoding HPDE can be achieved using a multifunctional *E. coli* vector such as PBLUESCRIPT (Stratagene, La Jolla CA) or PSPORT1 plasmid (Life Technologies). Ligation of sequences encoding HPDE into the vector's multiple cloning site disrupts the *lacZ* gene, allowing a colorimetric screening procedure for identification of transformed bacteria containing recombinant molecules. In addition, these vectors may be useful for *in vitro* transcription, dideoxy sequencing, single strand rescue with helper phage, and creation of nested deletions in the cloned sequence. (See, e.g., Van Heeke, G. and S.M. Schuster (1989) *J. Biol. Chem.* 264:5503-5509.) When large quantities of HPDE are needed, e.g. for the production of antibodies, vectors which direct high level expression of HPDE may be used. For example, vectors containing the strong, inducible SP6 or T7 bacteriophage promoter may be used.

Yeast expression systems may be used for production of HPDE. A number of vectors containing constitutive or inducible promoters, such as alpha factor, alcohol oxidase, and PGH promoters, may be used in the yeast *Saccharomyces cerevisiae* or *Pichia pastoris*. In addition, such vectors direct either the secretion or intracellular retention of expressed proteins and enable integration of foreign sequences into the host genome for stable propagation. (See, e.g., Ansel, 1995, *supra*; Birter, G.A. et al. (1987) *Methods Enzymol.* 153:516-544; and Scorer, C.A. et al. (1994) *BioTechnology* 12:181-184.)

Plant systems may also be used for expression of HPDE. Transcription of sequences encoding HPDE may be driven by viral promoters, e.g., the 35S and 19S promoters of CaMV used alone or in combination with the omega leader sequence from TMV (Takamatsu, N. (1987) *EMBO J.* 6:307-311). Alternatively, plant promoters such as the small subunit of RUBISCO or heat shock promoters may be used. (See, e.g., Coruzzi, G. et al. (1984) *EMBO J.* 3:1671-1680; Broglie, R. et al. (1984) *Science* 224:838-843; and Winter, J. et al. (1991) *Results Probl. Cell Differ.* 17:85-105.)

WO 01/98471

PCT/US01/20140

These constructs can be introduced into plant cells by direct DNA transformation or pathogen-mediated transfection. (See, e.g., The McGraw Hill Yearbook of Science and Technology (1992) McGraw Hill, New York NY, pp. 191-196.)

In mammalian cells, a number of viral-based expression systems may be utilized. In cases  
5 where an adenovirus is used as an expression vector, sequences encoding HPDH may be ligated into an adenovirus transcription/translation complex consisting of the late promoter and tripartite leader sequence. Insertion in a non-essential E1 or E3 region of the viral genome may be used to obtain infective virus which expresses HPDE in host cells. (See, e.g., Logan, J. and T. Shenk (1984) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 81:3655-3659.) In addition, transcription enhancers, such as the Rous sarcoma virus (RSV) enhancer, may be used to increase expression in mammalian host cells. SV40 or EBV-  
10 based vectors may also be used for high-level protein expression.

Human artificial chromosomes (HACs) may also be employed to deliver larger fragments of DNA than can be contained in and expressed from a plasmid. HACs of about 6 kb to 10 Mb are constructed and delivered via conventional delivery methods (liposomes, polycationic amino  
15 polymers, or vesicles) for therapeutic purposes. (See, e.g., Harrington, J.J. et al. (1997) Nat. Genet. 15:345-355.)

For long term production of recombinant proteins in mammalian systems, stable expression of HPDE in cell lines is preferred. For example, sequences encoding HPDE can be transformed into cell lines using expression vectors which may contain viral origins of replication and/or endogenous  
20 expression elements and a selectable marker gene on the same or on a separate vector. Following the introduction of the vector, cells may be allowed to grow for about 1 to 2 days in enriched media before being switched to selective media. The purpose of the selectable marker is to confer resistance to a selective agent, and its presence allows growth and recovery of cells which successfully express the introduced sequences. Resistant clones of stably transformed cells may be propagated using  
25 tissue culture techniques appropriate to the cell type.

Any number of selection systems may be used to recover transformed cell lines. These include, but are not limited to, the herpes simplex virus thymidine kinase and adenine phosphoribosyltransferase genes, for use in *tk* and *apv* cells, respectively. (See, e.g., Wigler, M. et al. (1977) Cell 11:223-232; Lowy, I. et al. (1980) Cell 22:817-823.) Also, antimetabolite, antibiotic,  
30 or herbicide resistance can be used as the basis for selection. For example, *dhfr* confers resistance to methotrexate; *neo* confers resistance to the aminoglycosides neomycin and G-418; and *als* and *pat* confer resistance to chlorsulfuron and phosphinotricin acetyltransferase, respectively. (See, e.g., Wigler, M. et al. (1980) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 77:3567-3570; Colbere-Garapin, F. et al. (1981) J. Mol. Biol. 150:1-14.) Additional selectable genes have been described, e.g., *trpB* and *hisD*, which  
35 alter cellular requirements for metabolites. (See, e.g., Hartman, S.C. and R.C. Mulligan (1988) Proc.

WO 01/98471

PCT/US01/20140

Natl. Acad. Sci. USA 85:8047-8051.) Visible markers, e.g., anthocyanins, green fluorescent proteins (GFP; Clontech),  $\beta$ -glucuronidase and its substrate  $\beta$ -glucuronide, or luciferase and its substrate luciferin may be used. These markers can be used not only to identify transformants, but also to quantify the amount of transient or stable protein expression attributable to a specific vector system.

5 (See, e.g., Rhodes, C.A. (1995) *Methods Mol. Biol.* 55:121-131.)

Although the presence/absence of marker gene expression suggests that the gene of interest is also present, the presence and expression of the gene may need to be confirmed. For example, if the sequence encoding HPDE is inserted within a marker gene sequence, transformed cells containing sequences encoding HPDE can be identified by the absence of marker gene function. Alternatively, a marker gene can be placed in tandem with a sequence encoding HPDE under the control of a single promoter. Expression of the marker gene in response to induction or selection usually indicates expression of the tandem gene as well.

In general, host cells that contain the nucleic acid sequence encoding HPDE and that express HPDE may be identified by a variety of procedures known to those of skill in the art. These procedures include, but are not limited to, DNA-DNA or DNA-RNA hybridizations, PCR amplification, and protein bioassay or immunoassay techniques which include membrane, solution, or chip based technologies for the detection and/or quantification of nucleic acid or protein sequences.

Immunological methods for detecting and measuring the expression of HPDE using either specific polyclonal or monoclonal antibodies are known in the art. Examples of such techniques include enzyme-linked immunosorbent assays (ELISAs), radioimmunoassays (RIAs), and fluorescence activated cell sorting (FACS). A two-site, monoclonal-based immunoassay utilizing monoclonal antibodies reactive to two non-interfering epitopes on HPDE is preferred, but a competitive binding assay may be employed. These and other assays are well known in the art. (See, e.g., Hampton, R. et al. (1990) *Serological Methods, a Laboratory Manual*, APS Press, St. Paul MN, Sect. IV; Coligan, J.E. et al. (1997) *Current Protocols in Immunology*, Greene Pub. Associates and Wiley-Interscience, New York NY; and Pound, J.D. (1998) *Immunochemical Protocols*, Humana Press, Totowa NJ.)

A wide variety of labels and conjugation techniques are known by those skilled in the art and may be used in various nucleic acid and amino acid assays. Means for producing labeled hybridization or PCR probes for detecting sequences related to polynucleotides encoding HPDE include oligolabeling, nick translation, end-labeling, or PCR amplification using a labeled nucleotide. Alternatively, the sequences encoding HPDE, or any fragments thereof, may be cloned into a vector for the production of an mRNA probe. Such vectors are known in the art, are commercially available, and may be used to synthesize RNA probes *in vitro* by addition of an appropriate RNA polymerase such as T7, T3, or SP6 and labeled nucleotides. These procedures may be conducted using a variety

WO 01/98471

PCT/US01/20140

of commercially available kits, such as those provided by Amersham Pharmacia Biotech, Promega (Madison WI), and US Biochemical. Suitable reporter molecules or labels which may be used for ease of detection include radionuclides, enzymes, fluorescent, chemiluminescent, or chromogenic agents, as well as substrates, cofactors, inhibitors, magnetic particles, and the like.

5 Host cells transformed with nucleotide sequences encoding HPDE may be cultured under conditions suitable for the expression and recovery of the protein from cell culture. The protein produced by a transformed cell may be secreted or retained intracellularly depending on the sequence and/or the vector used. As will be understood by those of skill in the art, expression vectors containing polynucleotides which encode HPDE may be designed to contain signal sequences which  
10 direct secretion of HPDE through a prokaryotic or eukaryotic cell membrane.

In addition, a host cell strain may be chosen for its ability to modulate expression of the inserted sequences or to process the expressed protein in the desired fashion. Such modifications of the polypeptide include, but are not limited to, acetylation, carboxylation, glycosylation, phosphorylation, lipidation, and acylation. Post-translational processing which cleaves a "prepro" or  
15 "pro" form of the protein may also be used to specify protein targeting, folding, and/or activity. Different host cells which have specific cellular machinery and characteristic mechanisms for post-translational activities (e.g., CHO, HeLa, MDCK, HEK293, and WI38) are available from the American Type Culture Collection (ATCC, Manassas VA) and may be chosen to ensure the correct modification and processing of the foreign protein.

20 In another embodiment of the invention, natural, modified, or recombinant nucleic acid sequences encoding HPDE may be ligated to a heterologous sequence resulting in translation of a fusion protein in any of the aforementioned host systems. For example, a chimeric HPDE protein containing a heterologous moiety that can be recognized by a commercially available antibody may facilitate the screening of peptide libraries for inhibitors of HPDE activity. Heterologous protein and  
25 peptide moieties may also facilitate purification of fusion proteins using commercially available affinity matrices. Such moieties include, but are not limited to, glutathione S-transferase (GST), maltose binding protein (MBP), thioredoxin (Trx), calmodulin binding peptide (CBP), 6-His, FLAG, *c-myc*, and hemagglutinin (HA). GST, MBP, Trx, CBP, and 6-His enable purification of their cognate fusion proteins on immobilized glutathione, maltose, phenylarsine oxide, calmodulin, and  
30 metal-chelate resins, respectively. FLAG, *c-myc*, and hemagglutinin (HA) enable immunoaffinity purification of fusion proteins using commercially available monoclonal and polyclonal antibodies that specifically recognize these epitope tags. A fusion protein may also be engineered to contain a proteolytic cleavage site located between the HPDE encoding sequence and the heterologous protein sequence, so that HPDE may be cleaved away from the heterologous moiety following purification.

35 Methods for fusion protein expression and purification are discussed in Ausubel (1995, *supra*, ch. 10).

WO 01/98471

PCT/US01/20140

A variety of commercially available kits may also be used to facilitate expression and purification of fusion proteins.

In a further embodiment of the invention, synthesis of radiolabeled HPDE may be achieved in vitro using the TNT rabbit reticulocyte lysate or wheat germ extract system (Promega). These systems couple transcription and translation of protein-coding sequences operably associated with the T7, T3, or SP6 promoters. Translation takes place in the presence of a radiolabeled amino acid precursor, for example, <sup>35</sup>S-methionine.

HPDE of the present invention or fragments thereof may be used to screen for compounds that specifically bind to HPDE. At least one and up to a plurality of test compounds may be screened for specific binding to HPDE. Examples of test compounds include antibodies, oligonucleotides, proteins (e.g., receptors), or small molecules.

In one embodiment, the compound thus identified is closely related to the natural ligand of HPDE, e.g., a ligand or fragment thereof, a natural substrate, a structural or functional mimetic, or a natural binding partner. (See, e.g., Coligan, J.E. et al. (1991) Current Protocols in Immunology 1(2): Chapter 5.) Similarly, the compound can be closely related to the natural receptor to which HPDE binds, or to at least a fragment of the receptor, e.g., the ligand binding site. In either case, the compound can be rationally designed using known techniques. In one embodiment, screening for these compounds involves producing appropriate cells which express HPDE, either as a secreted protein or on the cell membrane. Preferred cells include cells from mammals, yeast, Drosophila, or E.coli. Cells expressing HPDE or cell membrane fractions which contain HPDE are then contacted with a test compound and binding, stimulation, or inhibition of activity of either HPDE or the compound is analyzed.

An assay may simply test binding of a test compound to the polypeptide, wherein binding is detected by a fluorophore, radioisotope, enzyme conjugate, or other detectable label. For example, the assay may comprise the steps of combining at least one test compound with HPDE, either in solution or affixed to a solid support, and detecting the binding of HPDE to the compound. Alternatively, the assay may detect or measure binding of a test compound in the presence of a labeled competitor. Additionally, the assay may be carried out using cell-free preparations, chemical libraries, or natural product mixtures, and the test compound(s) may be free in solution or affixed to a solid support.

HPDE of the present invention or fragments thereof may be used to screen for compounds that modulate the activity of HPDE. Such compounds may include agonists, antagonists, or partial or inverse agonists. In one embodiment, an assay is performed under conditions permissive for HPDE activity, wherein HPDE is combined with at least one test compound, and the activity of HPDE in the presence of a test compound is compared with the activity of HPDE in the absence of the test

WO 01/98471

PCT/US01/20140

compound. A change in the activity of HPDE in the presence of the test compound is indicative of a compound that modulates the activity of HPDE. Alternatively, a test compound is combined with an *in vitro* or cell-free system comprising HPDE under conditions suitable for HPDE activity, and the assay is performed. In either of these assays, a test compound which modulates the activity of HPDE may do so indirectly and need not come in direct contact with the test compound. At least one and up to a plurality of test compounds may be screened.

In another embodiment, polynucleotides encoding HPDE or their mammalian homologs may be "knocked out" in an animal model system using homologous recombination in embryonic stem (ES) cells. Such techniques are well known in the art and are useful for the generation of animal models of human disease. (See, e.g., U.S. Patent Number 5,175,383 and U.S. Patent Number 5,767,337.) For example, mouse ES cells, such as the mouse 129/SvJ cell line, are derived from the early mouse embryo and grown in culture. The ES cells are transformed with a vector containing the gene of interest disrupted by a marker gene, e.g., the neomycin phosphotransferase gene (neo; Capecchi, M.R. (1989) Science 244:1288-1292). The vector integrates into the corresponding region of the host genome by homologous recombination. Alternatively, homologous recombination takes place using the Cre-loxP system to knockout a gene of interest in a tissue- or developmental stage-specific manner (Marth, J.D. (1996) Clin. Invest. 97:1999-2002; Wagner, K.U. et al. (1997) Nucleic Acids Res. 25:4323-4330). Transformed ES cells are identified and microinjected into mouse cell blastocysts such as those from the C57BL/6 mouse strain. The blastocysts are surgically transferred to pseudopregnant dams, and the resulting chimeric progeny are genotyped and bred to produce heterozygous or homozygous strains. Transgenic animals thus generated may be tested with potential therapeutic or toxic agents.

Polynucleotides encoding HPDE may also be manipulated *in vitro* in ES cells derived from human blastocysts. Human ES cells have the potential to differentiate into at least eight separate cell lineages including endoderm, mesoderm, and ectodermal cell types. These cell lineages differentiate into, for example, neural cells, hematopoietic lineages, and cardiomyocytes (Thomson, J.A. et al. (1998) Science 282:1145-1147).

Polynucleotides encoding HPDE can also be used to create "knockin" humanized animals (pigs) or transgenic animals (mice or rats) to model human disease. With knockin technology, a region of a polynucleotide encoding HPDE is injected into animal ES cells, and the injected sequence integrates into the animal cell genome. Transformed cells are injected into blastulae, and the blastulae are implanted as described above. Transgenic progeny or inbred lines are studied and treated with potential pharmaceutical agents to obtain information on treatment of a human disease. Alternatively, a mammal inbred to overexpress HPDE, e.g., by secreting HPDE in its milk, may also serve as a convenient source of that protein (Jarnie, J. et al. (1998) Biotechnol. Annu. Rev. 4:55-74).

WO 01/98471

PCT/US01/20140

**THERAPEUTICS**

Chemical and structural similarity, e.g., in the context of sequences and motifs, exists between regions of HPDE and phosphodiesterases. In addition, the expression of HPDE is closely associated with heart, brain, and tumor tissue. Therefore, HPDE appears to play a role in eye, neurological, cardiovascular, cell proliferative, and autoimmune/inflammatory disorders. In the treatment of disorders associated with increased HPDE expression or activity, it is desirable to decrease the expression or activity of HPDE. In the treatment of disorders associated with decreased HPDE expression or activity, it is desirable to increase the expression or activity of HPDE.

Therefore, in one embodiment, HPDE or a fragment or derivative thereof may be administered to a subject to treat or prevent a disorder associated with decreased expression or activity of HPDE. Examples of such disorders include, but are not limited to, an eye disorder, such as conjunctivitis, keratoconjunctivitis sicca, keratitis, episcleritis, iritis, posterior uveitis, glaucoma, aneurysm fugax, ischemic optic neuropathy, optic neuritis, Leber's hereditary optic neuropathy, toxic optic neuropathy, vitreous detachment, retinal detachment, cataract, macular degeneration, central serous chorioretinopathy, retinitis pigmentosa, melanoma of the choroid, retinoblastoma, and chiasmal tumor; a neurological disorder, such as epilepsy, ischemic cerebrovascular disease, stroke, cerebral neoplasms, Alzheimer's disease, Pick's disease, Huntington's disease, dementia, Parkinson's disease and other extrapyramidal disorders, amyotrophic lateral sclerosis and other motor neuron disorders, progressive neural muscular atrophy, retinitis pigmentosa, hereditary ataxias, multiple sclerosis and other demyelinating diseases, bacterial and viral meningitis, brain abscess, subdural empyema, epidural abscess, suppurative intracranial thrombophlebitis, myelitis and radiculitis, viral central nervous system disease, prion diseases including kuru, Creutzfeldt-Jakob disease, and Gerstmann-Strausler-Scheinker syndrome, fatal familial insomnia, nutritional and metabolic diseases of the nervous system, neurofibromatosis, tuberous sclerosis, cerebelloretinal hemangioblastomatosis, oculocephalotrigeminal syndrome, mental retardation and other developmental disorders of the central nervous system including Down syndrome, cerebral palsy, neuroskeletal disorders, autonomic nervous system disorders, cranial nerve disorders, spinal cord diseases, muscular dystrophy and other neuromuscular disorders, peripheral nervous system disorders, dermatomyositis and polymyositis, inherited, metabolic, endocrine, and toxic myopathies, myasthenia gravis, periodic paralysis, mental disorders including mood, anxiety, and schizophrenic disorders, seasonal affective disorder (SAD), akathisia, amnesia, catatonia, diabetic neuropathy, tardive dyskinesia, dystonias, paranoid psychoses, postherpetic neuralgia, Tourette's disorder, progressive supranuclear palsy, corticobasal degeneration, and familial frontotemporal dementia; a cardiovascular disorder, such as arteriovenous fistula, atherosclerosis, hypertension, vasculitis,

WO 01/98471

PCT/US01/20140

Raynaud's disease, aneurysms, arterial dissections, varicose veins, thrombophlebitis and phlebotrombosis, vascular tumors, and complications of thrombolysis, balloon angioplasty, vascular replacement, and coronary artery bypass graft surgery, congestive heart failure, ischemic heart disease, angina pectoris, myocardial infarction, hypertensive heart disease, degenerative valvular heart disease, calcific aortic valve stenosis, congenitally bicuspid aortic valve, mitral annular calcification, mitral valve prolapse, rheumatic fever and rheumatic heart disease, infective endocarditis, nonbacterial thrombotic endocarditis, endocarditis of systemic lupus erythematosus, carcinoid heart disease, cardiomyopathy, myocarditis, pericarditis, neoplastic heart disease, congenital heart disease, and complications of cardiac transplantation, congenital lung anomalies, atelectasis, pulmonary congestion and edema, pulmonary embolism, pulmonary hemorrhage, pulmonary infarction, pulmonary hypertension, vascular sclerosis, obstructive pulmonary disease, restrictive pulmonary disease, chronic obstructive pulmonary disease, emphysema, chronic bronchitis, bronchial asthma, bronchiectasis, bacterial pneumonia, viral and mycoplasmal pneumonia, lung abscess, pulmonary tuberculosis, diffuse interstitial diseases, pneumoconiosis, sarcoidosis, idiopathic pulmonary fibrosis, desquamative interstitial pneumonia, hypersensitivity pneumonitis, pulmonary eosinophilia bronchiolitis obliterans-organizing pneumonia, diffuse pulmonary hemorrhage syndromes, Goodpasture's syndromes, idiopathic pulmonary hemosiderosis, pulmonary involvement in collagen-vascular disorders, pulmonary alveolar proteinosis, lung tumors, inflammatory and noninflammatory pleural effusions, pneumothorax, pleural tumors, drug-induced lung disease, radiation-induced lung disease, and complications of lung transplantation; a cell proliferative disorder, such as actinic keratosis, arteriosclerosis, atherosclerosis, bursitis, cirrhosis, hepatitis, mixed connective tissue disease (MCTD), myelofibrosis, paroxysmal nocturnal hemoglobinuria, polycythemia vera, psoriasis, primary thrombocythemia, and cancers including adenocarcinoma, leukemia, lymphoma, melanoma, myeloma, sarcoma, teratocarcinoma, and, in particular, cancers of the adrenal gland, bladder, bone, bone marrow, brain, breast, cervix, gall bladder, ganglia, gastrointestinal tract, heart, kidney, liver, lung, muscle, ovary, pancreas, parathyroid, penis, prostate, salivary glands, skin, spleen, testis, thymus, thyroid, and uterus; and an autoimmune/inflammatory disorder, acquired immunodeficiency syndrome (AIDS), Addison's disease, adult respiratory distress syndrome, allergies, ankylosing spondylitis, amyloidosis, anemia, asthma, atherosclerosis, autoimmune hemolytic anemia, autoimmune thyroiditis, autoimmune polyendocrinopathy-candidiasis-ectodermal dystrophy (APECED), bronchitis, cholecystitis, contact dermatitis, Crohn's disease, atopic dermatitis, dermatomyositis, diabetes mellitus, emphysema, episodic lymphopenia with lymphocytotoxins, erythroblastosis fetalis, erythema nodosum, atrophic gastritis, glomerulonephritis, Goodpasture's syndrome, gout, Graves' disease, Hashimoto's thyroiditis, hypereosinophilia, irritable bowel syndrome, multiple sclerosis, myasthenia gravis,

WO 01/98471

PCT/US01/20140

myocardial or pericardial inflammation, osteoarthritis, osteoporosis, pancreatitis, polymyositis, psoriasis, Reiter's syndrome, rheumatoid arthritis, scleroderma, Sjögren's syndrome, systemic anaphylaxis, systemic lupus erythematosus, systemic sclerosis, thrombocytopenic purpura, ulcerative colitis, uveitis, Werner syndrome, complications of cancer, hemodialysis, and extracorporeal  
5 circulation, viral, bacterial, fungal, parasitic, protozoal, and helminthic infections, and trauma.

In another embodiment, a vector capable of expressing HPDE or a fragment or derivative thereof may be administered to a subject to treat or prevent a disorder associated with decreased expression or activity of HPDE including, but not limited to, those described above.

In a further embodiment, a composition comprising a substantially purified (HPDE) in  
10 conjunction with a suitable pharmaceutical carrier may be administered to a subject to treat or prevent a disorder associated with decreased expression or activity of HPDE including, but not limited to, those provided above.

In still another embodiment, an agonist which modulates the activity of HPDE may be administered to a subject to treat or prevent a disorder associated with decreased expression or  
15 activity of HPDE including, but not limited to, those listed above.

In a further embodiment, an antagonist of HPDE may be administered to a subject to treat or prevent a disorder associated with increased expression or activity of HPDE. Examples of such disorders include, but are not limited to, those eye, neurological, cardiovascular, cell proliferative, and autoimmune/inflammatory disorders described above. In one aspect, an antibody which  
20 specifically binds HPDE may be used directly as an antagonist or indirectly as a targeting or delivery mechanism for bringing a pharmaceutical agent to cells or tissues which express HPDE.

In an additional embodiment, a vector expressing the complement of the polynucleotide encoding HPDE may be administered to a subject to treat or prevent a disorder associated with increased expression or activity of HPDE including, but not limited to, those described above.

In other embodiments, any of the proteins, antagonists, antibodies, agonists, complementary sequences, or vectors of the invention may be administered in combination with other appropriate therapeutic agents. Selection of the appropriate agents for use in combination therapy may be made by one of ordinary skill in the art, according to conventional pharmaceutical principles. The combination of therapeutic agents may act synergistically to effect the treatment or prevention of the  
30 various disorders described above. Using this approach, one may be able to achieve therapeutic efficacy with lower dosages of each agent, thus reducing the potential for adverse side effects.

An antagonist of HPDE may be produced using methods which are generally known in the art. In particular, purified HPDE may be used to produce antibodies or to screen libraries of pharmaceutical agents to identify those which specifically bind HPDE. Antibodies to HPDE may  
35 also be generated using methods that are well known in the art. Such antibodies may include, but are

WO 01/98471

PCT/US01/20140

not limited to, polyclonal, monoclonal, chimeric, and single chain antibodies, Fab fragments, and fragments produced by a Fab expression library. Neutralizing antibodies (i.e., those which inhibit dimer formation) are generally preferred for therapeutic use.

For the production of antibodies, various hosts including goats, rabbits, rats, mice, humans, and others may be immunized by injection with HPDE or with any fragment or oligopeptide thereof which has immunogenic properties. Depending on the host species, various adjuvants may be used to increase immunological response. Such adjuvants include, but are not limited to, Freund's, mineral gels such as aluminum hydroxide, and surface active substances such as lysolecithin, pluronic polyols, polyanions, peptides, oil emulsions, KLH, and dinitrophenol. Among adjuvants used in humans, BCG (*Bacilli Calmette-Guérin*) and *Corynebacterium parvum* are especially preferable.

It is preferred that the oligopeptides, peptides, or fragments used to induce antibodies to HPDE have an amino acid sequence consisting of at least about 5 amino acids, and generally will consist of at least about 10 amino acids. It is also preferable that these oligopeptides, peptides, or fragments are identical to a portion of the amino acid sequence of the natural protein. Short stretches of HPDE amino acids may be fused with those of another protein, such as KLH, and antibodies to the chimeric molecule may be produced.

Monoclonal antibodies to HPDE may be prepared using any technique which provides for the production of antibody molecules by continuous cell lines in culture. These include, but are not limited to, the hybridoma technique, the human B-cell hybridoma technique, and the EBV-hybridoma technique. (See, e.g., Kohler, G. et al. (1975) *Nature* 256:495-497; Kozbor, D. et al. (1985) *J. Immunol. Methods* 81:31-42; Cote, R.J. et al. (1983) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 80:2026-2030; and Cole, S.P. et al. (1984) *Mol. Cell Biol.* 62:109-120.)

In addition, techniques developed for the production of "chimeric antibodies," such as the splicing of mouse antibody genes to human antibody genes to obtain a molecule with appropriate antigen specificity and biological activity, can be used. (See, e.g., Morrison, S.L. et al. (1984) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 81:6851-6855; Neuberger, M.S. et al. (1984) *Nature* 312:604-608; and Takeda, S. et al. (1985) *Nature* 314:452-454.) Alternatively, techniques described for the production of single chain antibodies may be adapted, using methods known in the art, to produce HPDE-specific single chain antibodies. Antibodies with related specificity, but of distinct idiotypic composition, may be generated by chain shuffling from random combinatorial immunoglobulin libraries. (See, e.g., Burton, D.R. (1991) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 88:10134-10137.)

Antibodies may also be produced by inducing *in vivo* production in the lymphocyte population or by screening immunoglobulin libraries or panels of highly specific binding reagents as disclosed in the literature. (See, e.g., Orlandi, R. et al. (1989) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 86:3833-3837; Winter, G. et al. (1991) *Nature* 349:293-299.)

WO 01/98471

PCT/US01/20140

Antibody fragments which contain specific binding sites for HPDE may also be generated. For example, such fragments include, but are not limited to, F(ab)<sub>2</sub> fragments produced by pepsin digestion of the antibody molecule and Fab fragments generated by reducing the disulfide bridges of the F(ab)<sub>2</sub> fragments. Alternatively, Fab expression libraries may be constructed to allow rapid and easy identification of monoclonal Fab fragments with the desired specificity. (See, e.g., Huse, W.D. et al. (1989) *Science* 246:1275-1281.)

Various immunoassays may be used for screening to identify antibodies having the desired specificity. Numerous protocols for competitive binding or immunoradiometric assays using either polyclonal or monoclonal antibodies with established specificities are well known in the art. Such immunoassays typically involve the measurement of complex formation between HPDE and its specific antibody. A two-site, monoclonal-based immunoassay utilizing monoclonal antibodies reactive to two non-interfering HPDE epitopes is generally used, but a competitive binding assay may also be employed (Pound, *supra*).

Various methods such as Scatchard analysis in conjunction with radioimmunoassay techniques may be used to assess the affinity of antibodies for HPDE. Affinity is expressed as an association constant,  $K_a$ , which is defined as the molar concentration of HPDE-antibody complex divided by the molar concentrations of free antigen and free antibody under equilibrium conditions. The  $K_a$  determined for a preparation of polyclonal antibodies, which are heterogeneous in their affinities for multiple HPDE epitopes, represents the average affinity, or avidity, of the antibodies for HPDE. The  $K_a$  determined for a preparation of monoclonal antibodies, which are monospecific for a particular HPDE epitope, represents a true measure of affinity. High-affinity antibody preparations with  $K_a$  ranging from about  $10^8$  to  $10^{12}$  L/mole are preferred for use in immunoassays in which the HPDE-antibody complex must withstand rigorous manipulations. Low-affinity antibody preparations with  $K_a$  ranging from about  $10^6$  to  $10^7$  L/mole are preferred for use in immunopurification and similar procedures which ultimately require dissociation of HPDE, preferably in active form, from the antibody (Catty, D. (1988) *Antibodies, Volume I, A Practical Approach*, IRL Press, Washington DC; Liddell, J.E. and A. Cryer (1991) *A Practical Guide to Monoclonal Antibodies*, John Wiley & Sons, New York NY).

The titer and avidity of polyclonal antibody preparations may be further evaluated to determine the quality and suitability of such preparations for certain downstream applications. For example, a polyclonal antibody preparation containing at least 1-2 mg specific antibody/ml, preferably 5-10 mg specific antibody/ml, is generally employed in procedures requiring precipitation of HPDE-antibody complexes. Procedures for evaluating antibody specificity, titer, and avidity, and guidelines for antibody quality and usage in various applications, are generally available. (See, e.g., Catty, *supra*, and Coligan et al. *supra*.)

WO 01/98471

PCT/US01/20140

In another embodiment of the invention, the polynucleotides encoding HPDE, or any fragment or complement thereof, may be used for therapeutic purposes. In one aspect, modifications of gene expression can be achieved by designing complementary sequences or antisense molecules (DNA, RNA, PNA, or modified oligonucleotides) to the coding or regulatory regions of the gene encoding HPDE). Such technology is well known in the art, and antisense oligonucleotides or larger fragments can be designed from various locations along the coding or control regions of sequences encoding HPDE. (See, e.g., Agrawal, S., ed. (1996) Antisense Therapeutics, Humana Press Inc., Totawa NJ.)

In therapeutic use, any gene delivery system suitable for introduction of the antisense sequences into appropriate target cells can be used. Antisense sequences can be delivered intracellularly in the form of an expression plasmid which, upon transcription, produces a sequence complementary to at least a portion of the cellular sequence encoding the target protein. (See, e.g., Slater, J.E. et al. (1998) *J. Allergy Clin. Immunol.* 102(3):469-475; and Scanlon, K.J. et al. (1995) 9(13):1288-1296.) Antisense sequences can also be introduced intracellularly through the use of viral vectors, such as retrovirus and adeno-associated virus vectors. (See, e.g., Miller, A.D. (1990) *Blood* 76:271; Ausubel, supra; Uckert, W. and W. Walther (1994) *Pharmacol. Ther.* 63(3):323-347.) Other gene delivery mechanisms include liposome-derived systems, artificial viral envelopes, and other systems known in the art. (See, e.g., Rossi, J.J. (1995) *Br. Med. Bull.* 51(1):217-225; Boado, R.J. et al. (1998) *J. Pharm. Sci.* 87(11):1308-1315; and Morris, M.C. et al. (1997) *Nucleic Acids Res.* 25(14):2730-2736.)

In another embodiment of the invention, polynucleotides encoding HPDE may be used for somatic or germline gene therapy. Gene therapy may be performed to (i) correct a genetic deficiency (e.g., in the cases of severe combined immunodeficiency (SCID)-X1 disease characterized by X-linked inheritance (Cavazzana-Calvo, M. et al. (2000) *Science* 288:669-672), severe combined immunodeficiency syndrome associated with an inherited adenosine deaminase (ADA) deficiency (Blaese, R.M. et al. (1995) *Science* 270:475-480; Bordignon, C. et al. (1995) *Science* 270:470-475), cystic fibrosis (Zabner, J. et al. (1993) *Cell* 75:207-216; Crystal, R.G. et al. (1995) *Hum. Gene Therapy* 6:643-666; Crystal, R.G. et al. (1995) *Hum. Gene Therapy* 6:667-703), thalassemias, familial hypercholesterolemia, and hemophilia resulting from Factor VIII or Factor IX deficiencies (Crystal, R.G. (1995) *Science* 270:404-410; Verma, I.M. and N. Somia (1997) *Nature* 389:239-242)), (ii) express a conditionally lethal gene product (e.g., in the case of cancers which result from unregulated cell proliferation), or (iii) express a protein which affords protection against intracellular parasites (e.g., against human retroviruses, such as human immunodeficiency virus (HIV) (Baltimore, D. (1988) *Nature* 335:395-396; Poeschia, E. et al. (1996) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 93:11395-11399), hepatitis B or C virus (HBV, HCV); fungal parasites, such as *Candida albicans* and *Paracoccidioides*

WO 01/98471

PCT/US01/20140

*brasilensis*; and protozoan parasites such as *Plasmodium falciparum* and *Trypanosoma cruzi*). In the case where a genetic deficiency in HPDE expression or regulation causes disease, the expression of HPDE from an appropriate population of transduced cells may alleviate the clinical manifestations caused by the genetic deficiency.

5 In a further embodiment of the invention, diseases or disorders caused by deficiencies in HPDE are treated by constructing mammalian expression vectors encoding HPDE and introducing these vectors by mechanical means into HPDE-deficient cells. Mechanical transfer technologies for use with cells *in vivo* or *ex vitro* include (i) direct DNA microinjection into individual cells, (ii) ballistic gold particle delivery, (iii) liposome-mediated transfection, (iv) receptor-mediated gene transfer, and (v) the use of DNA transposons (Morgan, R.A. and W.F. Anderson (1993) *Annu. Rev. Biochem.* 62:191-217; Ivics, Z. (1997) *Cell* 91:501-510; Boulay, J.-L. and H. Récipon (1998) *Curr. Opin. Biotechnol.* 9:445-450).

10 Expression vectors that may be effective for the expression of HPDE include, but are not limited to, the PCDNA 3.1, EPITAG, PRCCMV2, PREP, PVAX vectors (Invitrogen, Carlsbad CA), 15 PCMV-SCRIPT, PCMV-TAG, PEGSH/PERV (Stratagene, La Jolla CA), and PTET-OFF, PTET-ON, PTRE2, PTRE2-LUC, PTK-HYG (Clontech, Palo Alto CA). HPDE may be expressed using (i) a constitutively active promoter, (e.g., from cytomegalovirus (CMV), Rous sarcoma virus (RSV), SV40 virus, thymidine kinase (TK), or  $\beta$ -actin genes), (ii) an inducible promoter (e.g., the tetracycline-regulated promoter (Gossen, M. and H. Bujard (1992) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 89:5547-5551; Gossen, M. et al. (1995) *Science* 268:1766-1769; Rossi, F.M.V. and H.M. Blau (1998) *Curr. Opin. Biotechnol.* 9:451-456), commercially available in the T-REX plasmid (Invitrogen)); the ecdysone-inducible promoter (available in the plasmids PVGRXR and PIND; Invitrogen); the FK506/rapamycin inducible promoter; or the RU486/mifepristone inducible promoter (Rossi, F.M.V. and Blau, H.M. *supra*), or (iii) a tissue-specific promoter or the native promoter of the endogenous 20 gene encoding HPDE from a normal individual.

25 Commercially available liposome transformation kits (e.g., the PERFECT LIPID TRANSFECTION KIT, available from Invitrogen) allow one with ordinary skill in the art to deliver polynucleotides to target cells in culture and require minimal effort to optimize experimental parameters. In the alternative, transformation is performed using the calcium phosphate method 30 (Graham, F.L. and A.J. Eb (1973) *Virology* 52:456-467), or by electroporation (Neumann, E. et al. (1982) *EMBO J.* 1:841-845). The introduction of DNA to primary cells requires modification of these standardized mammalian transfection protocols.

In another embodiment of the invention, diseases or disorders caused by genetic defects with respect to HPDE expression are treated by constructing a retrovirus vector consisting of (i) the 35 polynucleotide encoding HPDE under the control of an independent promoter or the retrovirus long

WO 01/98471

PCT/US01/20140

terminal repeat (LTR) promoter, (ii) appropriate RNA packaging signals, and (iii) a Rev-responsive element (RRE) along with additional retrovirus *cis*-acting RNA sequences and coding sequences required for efficient vector propagation. Retrovirus vectors (e.g., PFB and PFBNEO) are commercially available (Stratagene) and are based on published data (Riviere, I. et al. (1995) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 92:6733-6737), incorporated by reference herein. The vector is propagated in an appropriate vector producing cell line (VPCL) that expresses an envelope gene with a tropism for receptors on the target cells or a promiscuous envelope protein such as VSVg (Armentano, D. et al. (1987) J. Virol. 61:1647-1650; Bender, M.A. et al. (1987) J. Virol. 61:1639-1646; Adam, M.A. and A.D. Miller (1988) J. Virol. 62:3802-3806; Dull, T. et al. (1998) J. Virol. 72:8463-8471; Zufferey, R. et al. (1998) J. Virol. 72:9873-9880). U.S. Patent Number 5,910,434 to Rigg ("Method for obtaining retrovirus packaging cell lines producing high transducing efficiency retroviral supernatant") discloses a method for obtaining retrovirus packaging cell lines and is hereby incorporated by reference. Propagation of retrovirus vectors, transduction of a population of cells (e.g., CD4<sup>+</sup> T-cells), and the return of transduced cells to a patient are procedures well known to persons skilled in the art of gene therapy and have been well documented (Ranga, U. et al. (1997) J. Virol. 71:7020-7029; Bauer, G. et al. (1997) Blood 89:2259-2267; Bonyhadi, M.L. (1997) J. Virol. 71:4707-4716; Ranga, U. et al. (1998) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 95:1201-1206; Su, L. (1997) Blood 89:2283-2290).

In the alternative, an adenovirus-based gene therapy delivery system is used to deliver polynucleotides encoding HPDE to cells which have one or more genetic abnormalities with respect to the expression of HPDE. The construction and packaging of adenovirus-based vectors are well known to those with ordinary skill in the art. Replication defective adenovirus vectors have proven to be versatile for importing genes encoding immunoregulatory proteins into intact islets in the pancreas (Cyete, M.E. et al. (1995) Transplantation 27:263-268). Potentially useful adenoviral vectors are described in U.S. Patent Number 5,707,618 to Armentano ("Adenovirus vectors for gene therapy"), hereby incorporated by reference. For adenoviral vectors, see also Antinuzzi, P.A. et al. (1999) Annu. Rev. Nutr. 19:511-544 and Verma, I.M. and N. Sumia (1997) Nature 389:239-242, both incorporated by reference herein.

In another alternative, a herpes-based, gene therapy delivery system is used to deliver polynucleotides encoding HPDE to target cells which have one or more genetic abnormalities with respect to the expression of HPDE. The use of herpes simplex virus (HSV)-based vectors may be especially valuable for introducing HPDE to cells of the central nervous system, for which HSV has a tropism. The construction and packaging of herpes-based vectors are well known to those with ordinary skill in the art. A replication-competent herpes simplex virus (HSV) type I-based vector has been used to deliver a reporter gene to the eyes of primates (Liu, X. et al. (1999) Exp. Eye Res.

WO 01/98471

PCT/US01/20140

169:385-395). The construction of a HSV-1 virus vector has also been disclosed in detail in U.S. Patent Number 5,804,413 to DeLuca ("Herpes simplex virus strains for gene transfer"), which is hereby incorporated by reference. U.S. Patent Number 5,804,413 teaches the use of recombinant HSV d92 which consists of a genome containing at least one exogenous gene to be transferred to a cell under the control of the appropriate promoter for purposes including human gene therapy. Also taught by this patent are the construction and use of recombinant HSV strains deleted for ICP4, ICP27 and ICP22. For HSV vectors, see also Goins, W.P. et al. (1999) J. Virol. 73:519-532 and Xu, H. et al. (1994) Dev. Biol. 163:152-161, hereby incorporated by reference. The manipulation of cloned herpesvirus sequences, the generation of recombinant virus following the transfection of multiple plasmids containing different segments of the large herpesvirus genomes, the growth and propagation of herpesvirus, and the infection of cells with herpesvirus are techniques well known to those of ordinary skill in the art.

In another alternative, an alphavirus (positive, single-stranded RNA virus) vector is used to deliver polynucleotides encoding HPDE to target cells. The biology of the prototypic alphavirus, Semliki Forest Virus (SFV), has been studied extensively and gene transfer vectors have been based on the SFV genome (Garoff, H. and K.-J. Li (1998) Curr. Opin. Biotechnol. 9:464-469). During alphavirus RNA replication, a subgenomic RNA is generated that normally encodes the viral capsid proteins. This subgenomic RNA replicates to higher levels than the full length genomic RNA, resulting in the overproduction of capsid proteins relative to the viral proteins with enzymatic activity (e.g., protease and polymerase). Similarly, inserting the coding sequence for HPDE into the alphavirus genome in place of the capsid-coding region results in the production of a large number of HPDE-coding RNAs and the synthesis of high levels of HPDE in vector transduced cells. While alphavirus infection is typically associated with cell lysis within a few days, the ability to establish a persistent infection in hamster normal kidney cells (BHK-21) with a variant of Sindbis virus (SIN) indicates that the lytic replication of alphaviruses can be altered to suit the needs of the gene therapy application (Dryga, S.A. et al. (1997) Virology 228:74-83). The wide host range of alphaviruses will allow the introduction of HPDE into a variety of cell types. The specific transduction of a subset of cells in a population may require the sorting of cells prior to transduction. The methods of manipulating infectious cDNA clones of alphaviruses, performing alphavirus cDNA and RNA transfections, and performing alphavirus infections, are well known to those with ordinary skill in the art.

Oligonucleotides derived from the transcription initiation site, e.g., between about positions -10 and +10 from the start site, may also be employed to inhibit gene expression. Similarly, inhibition can be achieved using triple helix base-pairing methodology. Triple helix pairing is useful because it causes inhibition of the ability of the double helix to open sufficiently for the binding of

WO 01/98471

PCT/US01/20140

polymerases, transcription factors, or regulatory molecules. Recent therapeutic advances using triplex DNA have been described in the literature. (See, e.g., Gee, J.E. et al. (1994) in Huber, B.E. and B.I. Carr, Molecular and Immunologic Approaches, Futura Publishing, Mt. Kisco NY, pp. 163-177.) A complementary sequence or antisense molecule may also be designed to block translation of mRNA by preventing the transcript from binding to ribosomes.

Ribozymes, enzymatic RNA molecules, may also be used to catalyze the specific cleavage of RNA. The mechanism of ribozyme action involves sequence-specific hybridization of the ribozyme molecule to complementary target RNA, followed by endonucleolytic cleavage. For example, engineered hammerhead motif ribozyme molecules may specifically and efficiently catalyze endonucleolytic cleavage of sequences encoding HPDE.

Specific ribozyme cleavage sites within any potential RNA target are initially identified by scanning the target molecule for ribozyme cleavage sites, including the following sequences: GUA, GUU, and GUC. Once identified, short RNA sequences of between 15 and 20 ribonucleotides, corresponding to the region of the target gene containing the cleavage site, may be evaluated for secondary structural features which may render the oligonucleotide inoperable. The suitability of candidate targets may also be evaluated by testing accessibility to hybridization with complementary oligonucleotides using ribonuclease protection assays.

Complementary ribonucleic acid molecules and ribozymes of the invention may be prepared by any method known in the art for the synthesis of nucleic acid molecules. These include techniques for chemically synthesizing oligonucleotides such as solid phase phosphoramidite chemical synthesis. Alternatively, RNA molecules may be generated by *in vitro* and *in vivo* transcription of DNA sequences encoding HPDE. Such DNA sequences may be incorporated into a wide variety of vectors with suitable RNA polymerase promoters such as T7 or SP6. Alternatively, these cDNA constructs that synthesize complementary RNA, constitutively or inducibly, can be introduced into cell lines, cells, or tissues.

RNA molecules may be modified to increase intracellular stability and half-life. Possible modifications include, but are not limited to, the addition of flanking sequences at the 5' and/or 3' ends of the molecule, or the use of phosphorothioate or 2' O-methyl rather than phosphodiesterase linkages within the backbone of the molecule. This concept is inherent in the production of PNAs and can be extended in all of these molecules by the inclusion of nontraditional bases such as inosine, queosine, and wybutosine, as well as acetyl-, methyl-, thio-, and similarly modified forms of adenine, cytidine, guanine, thymine, and uridine which are not as easily recognized by endogenous endonucleases.

An additional embodiment of the invention encompasses a method for screening for a compound which is effective in altering expression of a polynucleotide encoding HPDE. Compounds

WO 01/98471

PCT/US01/20140

which may be effective in altering expression of a specific polynucleotide may include, but are not limited to, oligonucleotides, antisense oligonucleotides, triple helix-forming oligonucleotides, transcription factors and other polypeptide transcriptional regulators, and non-macromolecular chemical entities which are capable of interacting with specific polynucleotide sequences. Effective compounds may alter polynucleotide expression by acting as either inhibitors or promoters of polynucleotide expression. Thus, in the treatment of disorders associated with increased HPDE expression or activity, a compound which specifically inhibits expression of the polynucleotide encoding HPDH may be therapeutically useful, and in the treatment of disorders associated with decreased HPDH expression or activity, a compound which specifically promotes expression of the polynucleotide encoding HPDE may be therapeutically useful.

At least one, and up to a plurality, of test compounds may be screened for effectiveness in altering expression of a specific polynucleotide. A test compound may be obtained by any method commonly known in the art, including chemical modification of a compound known to be effective in altering polynucleotide expression; selection from an existing, commercially-available or proprietary library of naturally-occurring or non-natural chemical compounds; rational design of a compound based on chemical and/or structural properties of the target polynucleotide; and selection from a library of chemical compounds created combinatorially or randomly. A sample comprising a polynucleotide encoding HPDE is exposed to at least one test compound thus obtained. The sample may comprise, for example, an intact or permeabilized cell, or an *in vitro* cell-free or reconstituted biochemical system. Alterations in the expression of a polynucleotide encoding HPDE are assayed by any method commonly known in the art. Typically, the expression of a specific nucleotide is detected by hybridization with a probe having a nucleotide sequence complementary to the sequence of the polynucleotide encoding HPDE. The amount of hybridization may be quantified, thus forming the basis for a comparison of the expression of the polynucleotide both with and without exposure to one or more test compounds. Detection of a change in the expression of a polynucleotide exposed to a test compound indicates that the test compound is effective in altering the expression of the polynucleotide. A screen for a compound effective in altering expression of a specific polynucleotide can be carried out, for example, using a *Schizosaccharomyces pombe* gene expression system (Atkins, D. et al. (1999) U.S. Patent No. 5,932,435; Arndt, G.M. et al. (2000) *Nucleic Acids Res.* 28:E15) or a human cell line such as HeLa cell (Clarke, M.L. et al. (2000) *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 268:8-13). A particular embodiment of the present invention involves screening a combinatorial library of oligonucleotides (such as deoxyribonucleotides, ribonucleotides, peptide nucleic acids, and modified oligonucleotides) for antisense activity against a specific polynucleotide sequence (Bruce, T.W. et al. (1997) U.S. Patent No. 5,686,242; Bruce, T.W. et al. (2000) U.S. Patent No. 6,022,691).

WO 01/98471

PCT/US01/20140

Many methods for introducing vectors into cells or tissues are available and equally suitable for use *in vivo*, *in vitro*, and *ex vivo*. For *ex vivo* therapy, vectors may be introduced into stem cells taken from the patient and clonally propagated for autologous transplant back into that same patient. Delivery by transfection, by liposome injections, or by polycationic amino polymers may be achieved using methods which are well known in the art. (See, e.g., Goldman, C.K. et al. (1997) Nat. Biotechnol. 15:462-466.)

Any of the therapeutic methods described above may be applied to any subject in need of such therapy, including, for example, mammals such as humans, dogs, cats, cows, horses, rabbits, and monkeys.

10 An additional embodiment of the invention relates to the administration of a composition which generally comprises an active ingredient formulated with a pharmaceutically acceptable excipient. Excipients may include, for example, sugars, starches, celluloses, gums, and proteins. Various formulations are commonly known and are thoroughly discussed in the latest edition of Remington's Pharmaceutical Sciences (Maack Publishing, Easton PA). Such compositions may

15 consist of HPDE, antibodies to HPDE, and mimetics, agonists, antagonists, or inhibitors of HPDE.

The compositions utilized in this invention may be administered by any number of routes including, but not limited to, oral, intravenous, intramuscular, intra-arterial, intramedullary, intrathecal, intraventricular, pulmonary, transdermal, subcutaneous, intraperitoneal, intranasal, enteral, topical, sublingual, or rectal means.

20 Compositions for pulmonary administration may be prepared in liquid or dry powder form. These compositions are generally aerosolized immediately prior to inhalation by the patient. In the case of small molecules (e.g. traditional low molecular weight organic drugs), aerosol delivery of fast-acting formulations is well-known in the art. In the case of macromolecules (e.g. larger peptides and proteins), recent developments in the field of pulmonary delivery via the alveolar region of the

25 lung have enabled the practical delivery of drugs such as insulin to blood circulation (see, e.g., Patton, J.S. et al., U.S. Patent No. 5,997,848). Pulmonary delivery has the advantage of administration without needle injection, and obviates the need for potentially toxic penetration enhancers.

Compositions suitable for use in the invention include compositions wherein the active ingredients are contained in an effective amount to achieve the intended purpose. The determination

30 of an effective dose is well within the capability of those skilled in the art.

Specialized forms of compositions may be prepared for direct intracellular delivery of macromolecules comprising HPDE or fragments thereof. For example, liposome preparations containing a cell-impermeable macromolecule may promote cell fusion and intracellular delivery of the macromolecule. Alternatively, HPDE or a fragment thereof may be joined to a short cationic N-terminal portion from the HIV Tat-1 protein. Fusion proteins thus generated have been found to

35

WO 01/98471

PCT/US01/20140

transduce into the cells of all tissues, including the brain, in a mouse model system (Schwarze, S.R. et al. (1999) Science 285:1569-1572).

For any compound, the therapeutically effective dose can be estimated initially either in cell culture assays, e.g., of neoplastic cells, or in animal models such as mice, rats, rabbits, dogs, monkeys, or pigs. An animal model may also be used to determine the appropriate concentration range and route of administration. Such information can then be used to determine useful doses and routes for administration in humans.

A therapeutically effective dose refers to that amount of active ingredient, for example HPDE or fragments thereof, antibodies of HPDE, and agonists, antagonists or inhibitors of HPDE, which ameliorates the symptoms or condition. Therapeutic efficacy and toxicity may be determined by standard pharmaceutical procedures in cell cultures or with experimental animals, such as by calculating the ED<sub>50</sub> (the dose therapeutically effective in 50% of the population) or LD<sub>50</sub> (the dose lethal to 50% of the population) statistics. The dose ratio of toxic to therapeutic effects is the therapeutic index, which can be expressed as the LD<sub>50</sub>/ED<sub>50</sub> ratio. Compositions which exhibit large therapeutic indices are preferred. The data obtained from cell culture assays and animal studies are used to formulate a range of dosage for human use. The dosage contained in such compositions is preferably within a range of circulating concentrations that includes the ED<sub>50</sub> with little or no toxicity. The dosage varies within this range depending upon the dosage form employed, the sensitivity of the patient, and the route of administration.

The exact dosage will be determined by the practitioner, in light of factors related to the subject requiring treatment. Dosage and administration are adjusted to provide sufficient levels of the active moiety or to maintain the desired effect. Factors which may be taken into account include the severity of the disease state, the general health of the subject, the age, weight, and gender of the subject, time and frequency of administration, drug combination(s), reaction sensitivities, and response to therapy. Long-acting compositions may be administered every 3 to 4 days, every week, or biweekly depending on the half-life and clearance rate of the particular formulation.

Normal dosage amounts may vary from about 0.1  $\mu$ g to 100,000  $\mu$ g, up to a total dose of about 1 gram, depending upon the route of administration. Guidance as to particular dosages and methods of delivery is provided in the literature and generally available to practitioners in the art.

Those skilled in the art will employ different formulations for nucleotides than for proteins or their inhibitors. Similarly, delivery of polynucleotides or polypeptides will be specific to particular cells, conditions, locations, etc.

#### DIAGNOSTICS

In another embodiment, antibodies which specifically bind HPDE may be used for the

WO 01/98471

PCT/US01/20140

diagnosis of disorders characterized by expression of HPDE, or in assays to monitor patients being treated with HPDE or agonists, antagonists, or inhibitors of HPDE. Antibodies useful for diagnostic purposes may be prepared in the same manner as described above for therapeutics. Diagnostic assays for HPDEs include methods which utilize the antibody and a label to detect HPDE in human body fluids or in extracts of cells or tissues. The antibodies may be used with or without modification, and may be labeled by covalent or non-covalent attachment of a reporter molecule. A wide variety of reporter molecules, several of which are described above, are known in the art and may be used.

A variety of protocols for measuring HPDE, including ELISAs, RIAs, and FACS, are known in the art and provide a basis for diagnosing altered or abnormal levels of HPDE expression. Normal or standard values for HPDE expression are established by combining body fluids or cell extracts taken from normal mammalian subjects, for example, human subjects, with antibodies to HPDE under conditions suitable for complex formation. The amount of standard complex formation may be quantitated by various methods, such as photometric means. Quantities of HPDE expressed in subject, control, and disease samples from biopsied tissues are compared with the standard values. Deviation between standard and subject values establishes the parameters for diagnosing disease.

In another embodiment of the invention, the polynucleotides encoding HPDE may be used for diagnostic purposes. The polynucleotides which may be used include oligonucleotide sequences, complementary RNA and DNA molecules, and PNAs. The polynucleotides may be used to detect and quantify gene expression in biopsied tissues in which expression of HPDE may be correlated with disease. The diagnostic assay may be used to determine absence, presence, and excess expression of HPDE, and to monitor regulation of HPDE levels during therapeutic intervention.

In one aspect, hybridization with PCR probes which are capable of detecting polynucleotide sequences, including genomic sequences, encoding HPDE or closely related molecules may be used to identify nucleic acid sequences which encode HPDE. The specificity of the probe, whether it is made from a highly specific region, e.g., the 5' regulatory region, or from a less specific region, e.g., a conserved motif, and the stringency of the hybridization or amplification will determine whether the probe identifies only naturally occurring sequences encoding HPDE, allelic variants, or related sequences.

Probes may also be used for the detection of related sequences, and may have at least 50% sequence identity to any of the HPDE encoding sequences. The hybridization probes of the subject invention may be DNA or RNA and may be derived from the sequence of SEQ ID NO:5-8 or from genomic sequences including promoters, enhancers, and introns of the HPDE gene.

Means for producing specific hybridization probes for DNAs encoding HPDE include the cloning of polynucleotide sequences encoding HPDE or HPDE derivatives into vectors for the production of mRNA probes. Such vectors are known in the art, are commercially available, and may

WO 01/98471

PCT/US01/20140

be used to synthesize RNA probes *in vitro* by means of the addition of the appropriate RNA polymerases and the appropriate labeled nucleotides. Hybridization probes may be labeled by a variety of reporter groups, for example, by radionuclides such as <sup>32</sup>P or <sup>35</sup>S, or by enzymatic labels, such as alkaline phosphatase coupled to the probe via avidin/biotin coupling systems, and the like.

5 Polynucleotide sequences encoding HPDF may be used for the diagnosis of disorders associated with expression of HPDF. Examples of such disorders include, but are not limited to, an eye disorder, such as conjunctivitis, keratoconjunctivitis sicca, keratitis, episcleritis, iritis, posterior uveitis, glaucoma, amaurosis fugax, ischemic optic neuropathy, optic neuritis, Leber's hereditary optic neuropathy, toxic optic neuropathy, vitreous detachment, retinal detachment, cataract, macular degeneration, central serous chorioretinopathy, retinitis pigmentosa, melanoma of the choroid, 10 retrolubar tumor, and chiasmal tumor; a neurological disorder, such as epilepsy, ischemic cerebrovascular disease, stroke, cerebral neoplasms, Alzheimer's disease, Pick's disease, Huntington's disease, dementia, Parkinson's disease and other extrapyramidal disorders, amyotrophic lateral sclerosis and other motor neuron disorders, progressive neural muscular atrophy, retinitis 15 pigmentosa, hereditary ataxias, multiple sclerosis and other demyelinating diseases, bacterial and viral meningitis, brain abscess, subdural empyema, epidural abscess, suppurative intracranial thrombophlebitis, myelitis and radiculitis, viral central nervous system disease, prion diseases including kuru, Creutzfeldt-Jakob disease, and Gerstmann-Strausler-Scheinker syndrome, fatal familial insomnia, nutritional and metabolic diseases of the nervous system, neurofibromatosis, 20 tuberous sclerosis, cerebelloretinal hemangioblastomatosis, encephalotrigeminal syndrome, mental retardation and other developmental disorders of the central nervous system including Down syndrome, cerebral palsy, neuroskeletal disorders, autonomic nervous system disorders, cranial nerve disorders, spinal cord diseases, muscular dystrophy and other neuromuscular disorders, peripheral nervous system disorders, dermatomyositis and polymyositis, inherited, metabolic, endocrine, and 25 toxic myopathies, myasthenia gravis, periodic paralysis, mental disorders including mood, anxiety, and schizophrenic disorders, seasonal affective disorder (SAD), akathisia, amnesia, catatonia, diabetic neuropathy, tardive dyskinesia, dystonias, paranoid psychoses, postherpetic neuralgia, Tourette's disorder, progressive supranuclear palsy, corticobasal degeneration, and familial frontotemporal dementia; a cardiovascular disorder, such as arteriovenous fistula, atherosclerosis, 30 hypertension, vasculitis, Raynaud's disease, aneurysms, arterial dissections, varicose veins, thrombophlebitis and phlebotrombosis, vascular tumors, and complications of thrombolysis, balloon angioplasty, vascular replacement, and coronary artery bypass graft surgery, congestive heart failure, ischemic heart disease, angina pectoris, myocardial infarction, hypertensive heart disease, degenerative valvular heart disease, calcific aortic valve stenosis, congenitally bicuspid aortic valve, 35 mitral annular calcification, mitral valve prolapse, rheumatic fever and rheumatic heart disease,

WO 01/98471

PCT/US01/20140

infective endocarditis, nonbacterial thrombotic endocarditis, endocarditis of systemic lupus erythematosus, carcinoid heart disease, cardiomyopathy, myocarditis, pericarditis, neoplastic heart disease, congenital heart disease, and complications of cardiac transplantation, congenital lung anomalies, atelectasis, pulmonary congestion and edema, pulmonary embolism, pulmonary hemorrhage, pulmonary infarction, pulmonary hypertension, vascular sclerosis, obstructive pulmonary disease, restrictive pulmonary disease, chronic obstructive pulmonary disease, emphysema, chronic bronchitis, bronchial asthma, bronchiectasis, bacterial pneumonia, viral and mycoplasma pneumoniae, lung abscess, pulmonary tuberculosis, diffuse interstitial diseases, pneumoconiosis, sarcoidosis, idiopathic pulmonary fibrosis, desquamative interstitial pneumonitis, hypersensitivity pneumonitis, pulmonary eosinophilia bronchiolitis obliterans-organizing pneumonia, diffuse pulmonary hemorrhage syndromes, Goodpasture's syndromes, idiopathic pulmonary hemosiderosis, pulmonary involvement in collagen-vascular disorders, pulmonary alveolar proteinosis, lung tumors, inflammatory and noninflammatory pleural effusions, pneumothorax, pleural tumors, drug-induced lung disease, radiation-induced lung disease, and complications of lung transplantation; a cell proliferative disorder, such as actinic keratosis, arteriosclerosis, atherosclerosis, bursitis, cirrhosis, hepatitis, mixed connective tissue disease (MCTD), myelofibrosis, paroxysmal nocturnal hemoglobinuria, polycythemia vera, psoriasis, primary thrombocythemia, and cancers including adenocarcinoma, leukemia, lymphoma, melanoma, myeloma, sarcoma, teratocarcinoma, and, in particular, cancers of the adrenal gland, bladder, bone, bone marrow, brain, breast, cervix, gall bladder, ganglia, gastrointestinal tract, heart, kidney, liver, lung, muscle, ovary, pancreas, parathyroid, penis, prostate, salivary glands, skin, spleen, testis, thymus, thyroid, and uterus; and an autoimmune/inflammatory disorder, acquired immunodeficiency syndrome (AIDS), Addison's disease, adult respiratory distress syndrome, allergies, ankylosing spondylitis, amyloidosis, anemia, asthma, atherosclerosis, autoimmune hemolytic anemia, autoimmune thyroiditis, autoimmune polyendocrinopathy-candidiasis-ectodermal dystrophy (APECED), bronchitis, cholecystitis, contact dermatitis, Crohn's disease, atopic dermatitis, dermatomyositis, diabetes mellitus, emphysema, episodic lymphopenia with lymphocytotoxicity, erythroblastosis fetalis, erythema nodosum, atrophic gastritis, glomerulonephritis, Goodpasture's syndrome, gout, Graves' disease, Hashimoto's thyroiditis, hypereosinophilia, irritable bowel syndrome, multiple sclerosis, myasthenia gravis, myocardial or pericardial inflammation, osteoarthritis, osteoporosis, pancreatitis, polymyositis, psoriasis, Reiter's syndrome, rheumatoid arthritis, scleroderma, Sjögren's syndrome, systemic anaphylaxis, systemic lupus erythematosus, systemic sclerosis, thrombocytopenic purpura, ulcerative colitis, uveitis, Werner syndrome, complications of cancer, hemodialysis, and extracorporeal circulation, viral, bacterial, fungal, parasitic, protozoal, and helminthic infections, and trauma. The polynucleotide sequences encoding HPDE may be used in Southern or northern analysis, dot blot, or

WO 01/98471

PCT/US01/20140

other membrane-based technologies; in PCR technologies; in dipstick, pin, and multiformat ELISA-like assays; and in microarrays utilizing fluids or tissues from patients to detect altered HPDE expression. Such qualitative or quantitative methods are well known in the art.

In a particular aspect, the nucleotide sequences encoding HPDE may be useful in assays that  
5 detect the presence of associated disorders, particularly those mentioned above. The nucleotide sequences encoding HPDE may be labeled by standard methods and added to a fluid or tissue sample from a patient under conditions suitable for the formation of hybridization complexes. After a suitable incubation period, the sample is washed and the signal is quantified and compared with a standard value. If the amount of signal in the patient sample is significantly altered in comparison to  
10 a control sample then the presence of altered levels of nucleotide sequences encoding HPDE in the sample indicates the presence of the associated disorder. Such assays may also be used to evaluate the efficacy of a particular therapeutic treatment regimen in animal studies, in clinical trials, or to monitor the treatment of an individual patient.

In order to provide a basis for the diagnosis of a disorder associated with expression of  
15 HPDE, a normal or standard profile for expression is established. This may be accomplished by combining body fluids or cell extracts taken from normal subjects, either animal or human, with a sequence, or a fragment thereof, encoding HPDE, under conditions suitable for hybridization or amplification. Standard hybridization may be quantified by comparing the values obtained from normal subjects with values from an experiment in which a known amount of a substantially purified  
20 polynucleotide is used. Standard values obtained in this manner may be compared with values obtained from samples from patients who are symptomatic for a disorder. Deviation from standard values is used to establish the presence of a disorder.

Once the presence of a disorder is established and a treatment protocol is initiated,  
hybridization assays may be repeated on a regular basis to determine if the level of expression in the  
25 patient begins to approximate that which is observed in the normal subject. The results obtained from successive assays may be used to show the efficacy of treatment over a period ranging from several days to months.

With respect to cancer, the presence of an abnormal amount of transcript (either under- or overexpressed) in biopsied tissue from an individual may indicate a predisposition for the  
30 development of the disease, or may provide a means for detecting the disease prior to the appearance of actual clinical symptoms. A more definitive diagnosis of this type may allow health professionals to employ preventative measures or aggressive treatment earlier thereby preventing the development or further progression of the cancer.

Additional diagnostic uses for oligonucleotides designed from the sequences encoding HPDE  
35 may involve the use of PCR. These oligomers may be chemically synthesized, generated

WO 01/98471

PCT/US01/20140

enzymatically, or produced in vitro. Oligomers will preferably contain a fragment of a polynucleotide encoding HPDE, or a fragment of a polynucleotide complementary to the polynucleotide encoding HPDE, and will be employed under optimized conditions for identification of a specific gene or condition. Oligomers may also be employed under less stringent conditions for detection or  
5 quantification of closely related DNA or RNA sequences.

In a particular aspect, oligonucleotide primers derived from the polynucleotide sequences encoding HPDE may be used to detect single nucleotide polymorphisms (SNPs). SNPs are substitutions, insertions and deletions that are a frequent cause of inherited or acquired genetic disease in humans. Methods of SNP detection include, but are not limited to, single-stranded  
10 conformation polymorphism (SSCP) and fluorescent SSCP (fSSCP) methods. In SSCP, oligonucleotide primers derived from the polynucleotide sequences encoding HPDE are used to amplify DNA using the polymerase chain reaction (PCR). The DNA may be derived, for example, from diseased or normal tissue, biopsy samples, bodily fluids, and the like. SNPs in the DNA cause differences in the secondary and tertiary structures of PCR products in single-stranded form, and  
15 these differences are detectable using gel electrophoresis in non-denaturing gels. In fSSCP, the oligonucleotide primers are fluorescently labeled, which allows detection of the amplifiers in high-throughput equipment such as DNA sequencing machines. Additionally, sequence database analysis methods, termed *in silico* SNP (isSNP), are capable of identifying polymorphisms by comparing the sequence of individual overlapping DNA fragments which assemble into a common consensus  
20 sequence. These computer-based methods filter out sequence variations due to laboratory preparation of DNA and sequencing errors using statistical models and automated analyses of DNA sequence chromatograms. In the alternative, SNPs may be detected and characterized by mass spectrometry using, for example, the high throughput MASSARRAY system (Sequenom, Inc., San Diego CA).

Methods which may also be used to quantify the expression of HPDE include radiolabeling or  
25 biotinylating nucleotides, coamplification of a control nucleic acid, and interpolating results from standard curves. (See, e.g., Melby, P.C. et al. (1993) *J. Immunol. Methods* 159:235-244; Duplax, C. et al. (1993) *Anal. Biochem.* 212:229-236.) The speed of quantitation of multiple samples may be accelerated by running the assay in a high-throughput format where the oligomer or polynucleotide of interest is presented in various dilutions and a spectrophotometric or colorimetric response gives  
30 rapid quantitation.

In further embodiments, oligonucleotides or longer fragments derived from any of the polynucleotide sequences described herein may be used as elements on a microarray. The microarray can be used in transcript imaging techniques which monitor the relative expression levels of large numbers of genes simultaneously as described below. The microarray may also be used to identify  
35 genetic variants, mutations, and polymorphisms. This information may be used to determine gene

WO 01/98471

PCT/US01/20140

function, to understand the genetic basis of a disorder, to diagnose a disorder, to monitor progression/regression of disease as a function of gene expression, and to develop and monitor the activities of therapeutic agents in the treatment of disease. In particular, this information may be used to develop a pharmacogenomic profile of a patient in order to select the most appropriate and effective treatment regimen for that patient. For example, therapeutic agents which are highly effective and display the fewest side effects may be selected for a patient based on his/her pharmacogenomic profile.

In another embodiment, HPDE, fragments of HPDE, or antibodies specific for HPDE may be used as elements on a microarray. The microarray may be used to monitor or measure protein-protein interactions, drug-target interactions, and gene expression profiles, as described above.

A particular embodiment relates to the use of the polynucleotides of the present invention to generate a transcript image of a tissue or cell type. A transcript image represents the global pattern of gene expression by a particular tissue or cell type. Global gene expression patterns are analyzed by quantifying the number of expressed genes and their relative abundance under given conditions and at a given time. (See Seilkamer et al., "Comparative Gene Transcript Analysis," U.S. Patent Number 5,840,484, expressly incorporated by reference herein.) Thus a transcript image may be generated by hybridizing the polynucleotides of the present invention or their complements to the totality of transcripts or reverse transcripts of a particular tissue or cell type. In one embodiment, the hybridization takes place in high-throughput format, wherein the polynucleotides of the present invention or their complements comprise a subset of a plurality of elements on a microarray. The resultant transcript image would provide a profile of gene activity.

Transcript images may be generated using transcripts isolated from tissues, cell lines, biopsies, or other biological samples. The transcript image may thus reflect gene expression in vivo, as in the case of a tissue or biopsy sample, or in vitro, as in the case of a cell line.

Transcript images which profile the expression of the polynucleotides of the present invention may also be used in conjunction with in vitro model systems and preclinical evaluation of pharmaceuticals, as well as toxicological testing of industrial and naturally-occurring environmental compounds. All compounds induce characteristic gene expression patterns, frequently termed molecular fingerprints or toxicant signatures, which are indicative of mechanisms of action and toxicity (Nuwaysir, E.F. et al. (1999) Mol. Carcinog. 24:153-159; Steiner, S. and N.J. Anderson (2000) Toxicol. Lett. 112-113:467-471, expressly incorporated by reference herein). If a test compound has a signature similar to that of a compound with known toxicity, it is likely to share those toxic properties. These fingerprints or signatures are most useful and refined when they contain expression information from a large number of genes and gene families. Ideally, a genome-wide measurement of expression provides the highest quality signature. Even genes whose expression is

WO 01/98471

PCT/US01/20140

not altered by any tested compounds are important as well, as the levels of expression of these genes are used to normalize the rest of the expression data. The normalization procedure is useful for comparison of expression data after treatment with different compounds. While the assignment of gene function to elements of a toxicant signature aids in interpretation of toxicity mechanisms, knowledge of gene function is not necessary for the statistical matching of signatures which leads to prediction of toxicity. (See, for example, Press Release 00-02 from the National Institute of Environmental Health Sciences, released February 29, 2000, available at <http://www.niehs.nih.gov/oc/news/toxchip.htm>.) Therefore, it is important and desirable in toxicological screening using toxicant signatures to include all expressed gene sequences.

In one embodiment, the toxicity of a test compound is assessed by treating a biological sample containing nucleic acids with the test compound. Nucleic acids that are expressed in the treated biological sample are hybridized with one or more probes specific to the polynucleotides of the present invention, so that transcript levels corresponding to the polynucleotides of the present invention may be quantified. The transcript levels in the treated biological sample are compared with levels in an untreated biological sample. Differences in the transcript levels between the two samples are indicative of a toxic response caused by the test compound in the treated sample.

Another particular embodiment relates to the use of the polypeptide sequences of the present invention to analyze the proteome of a tissue or cell type. The term proteome refers to the global pattern of protein expression in a particular tissue or cell type. Each protein component of a proteome can be subjected individually to further analysis. Proteomic expression patterns, or profiles, are analyzed by quantifying the number of expressed proteins and their relative abundance under given conditions and at a given time. A profile of a cell's proteome may thus be generated by separating and analyzing the polypeptides of a particular tissue or cell type. In one embodiment, the separation is achieved using two-dimensional gel electrophoresis, in which proteins from a sample are separated by isoelectric focusing in the first dimension, and then according to molecular weight by sodium dodecyl sulfate slab gel electrophoresis in the second dimension (Steiner and Anderson, *supra*). The proteins are visualized in the gel as discrete and uniquely positioned spots, typically by staining the gel with an agent such as Coomassie Blue or silver or fluorescent stains. The optical density of each protein spot is generally proportional to the level of the protein in the sample. The optical densities of equivalently positioned protein spots from different samples, for example, from biological samples either treated or untreated with a test compound or therapeutic agent, are compared to identify any changes in protein spot density related to the treatment. The proteins in the spots are partially sequenced using, for example, standard methods employing chemical or enzymatic cleavage followed by mass spectrometry. The identity of the protein in a spot may be determined by comparing its partial sequence, preferably of at least 5 contiguous amino acid residues, to the

WO 01/98471

PCT/US01/20140

polypeptide sequences of the present invention. In some cases, further sequence data may be obtained for definitive protein identification.

A proteomic profile may also be generated using antibodies specific for HPDE to quantify the levels of HPD $\beta$  expression. In one embodiment, the antibodies are used as elements on a microarray, and protein expression levels are quantified by exposing the microarray to the sample and detecting the levels of protein bound to each array element (Lueking, A. et al. (1999) *Anal. Biochem.* 270:103-111; Mendoz, L.G. et al. (1999) *Biotechniques* 27:778-788). Detection may be performed by a variety of methods known in the art, for example, by reacting the proteins in the sample with a thiol- or amino-reactive fluorescent compound and detecting the amount of fluorescence bound at each array element.

Toxicant signatures at the proteome level are also useful for toxicological screening, and should be analyzed in parallel with toxicant signatures at the transcript level. There is a poor correlation between transcript and protein abundances for some proteins in some tissues (Anderson, N.L. and J. Seilhamer (1997) *Electrophoresis* 18:533-537), so proteome toxicant signatures may be useful in the analysis of compounds which do not significantly affect the transcript image, but which alter the proteomic profile. In addition, the analysis of transcripts in body fluids is difficult, due to rapid degradation of mRNA, so proteomic profiling may be more reliable and informative in such cases.

In another embodiment, the toxicity of a test compound is assessed by treating a biological sample containing proteins with the test compound. Proteins that are expressed in the treated biological sample are separated so that the amount of each protein can be quantified. The amount of each protein is compared to the amount of the corresponding protein in an untreated biological sample. A difference in the amount of protein between the two samples is indicative of a toxic response to the test compound in the treated sample. Individual proteins are identified by sequencing the amino acid residues of the individual proteins and comparing these partial sequences to the polypeptides of the present invention.

In another embodiment, the toxicity of a test compound is assessed by treating a biological sample containing proteins with the test compound. Proteins from the biological sample are incubated with antibodies specific to the polypeptides of the present invention. The amount of protein recognized by the antibodies is quantified. The amount of protein in the treated biological sample is compared with the amount in an untreated biological sample. A difference in the amount of protein between the two samples is indicative of a toxic response to the test compound in the treated sample.

Microarrays may be prepared, used, and analyzed using methods known in the art. (See, e.g., Breiman, T.M. et al. (1995) U.S. Patent No. 5,474,796; Schena, M. et al. (1996) *Proc. Natl. Acad. Sci.*

WO 01/98471

PCT/US01/20140

USA 93:10614-10619; Baldeschweiler et al. (1995) PCT application WO95/251116; Shalon, D. et al. (1995) PCT application WO95/35505; Heller, R.A. et al. (1997) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 94:2150-2155; and Heller, M.J. et al. (1997) U.S. Patent No. 5,605,662.) Various types of microarrays are well known and thoroughly described in DNA Microarrays: A Practical Approach, M. Schena, ed. 5 (1999) Oxford University Press, London, hereby expressly incorporated by reference.

In another embodiment of the invention, nucleic acid sequences encoding HPDE may be used to generate hybridization probes useful in mapping the naturally occurring genomic sequences. Either coding or noncoding sequences may be used, and in some instances, noncoding sequences may be preferable over coding sequences. For example, conservation of a coding sequence among members 10 of a multi-gene family may potentially cause undesired cross hybridization during chromosomal mapping. The sequences may be mapped to a particular chromosome, to a specific region of a chromosome, or to artificial chromosome constructions, e.g., human artificial chromosomes (HACs), yeast artificial chromosomes (YACs), bacterial artificial chromosomes (BACs), bacterial P1 constructions, or single chromosome cDNA libraries. (See, e.g., Harrington, J.J. et al. (1997) Nat. 15 Genet. 15:345-355; Price, C.M. (1993) Blood Rev. 7:127-134; and Trask, B.J. (1991) Trends Genet. 7:149-154.) Once mapped, the nucleic acid sequences of the invention may be used to develop genetic linkage maps, for example, which correlate the inheritance of a disease state with the inheritance of a particular chromosomal region or restriction fragment length polymorphism (RFLP). (See, for example, Lander, E.S. and D. Botstein (1986) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 83:7353-7357.)

Fluorescent in situ hybridization (FISH) may be correlated with other physical and genetic map data. (See, e.g., Heinz-Ulrich, et al. (1995) in Meyers, supra, pp. 965-968.) Examples of genetic map data can be found in various scientific journals or at the Online Mendelian Inheritance in Man (OMIM) World Wide Web site. Correlation between the location of the gene encoding HPDE on a physical map and a specific disorder, or a predisposition to a specific disorder, may help define the 25 region of DNA associated with that disorder and thus may further positional cloning efforts.

In situ hybridization of chromosomal preparations and physical mapping techniques, such as linkage analysis using established chromosomal markers, may be used for extending genetic maps. Often the placement of a gene on the chromosome of another mammalian species, such as mouse, may reveal associated markers even if the exact chromosomal locus is not known. This information is 30 valuable to investigators searching for disease genes using positional cloning or other gene discovery techniques. Once the gene or genes responsible for a disease or syndrome have been crudely localized by genetic linkage to a particular genomic region, e.g., ataxia-telangiectasia to 11q22-23, any sequences mapping to that area may represent associated or regulatory genes for further investigation. (See, e.g., Gatti, R.A. et al. (1988) Nature 336:577-580.) The nucleotide sequence of 35 the instant invention may also be used to detect differences in the chromosomal location due to

WO 01/98471

PCT/US01/20140

translocation, inversion, etc., among normal, carrier, or affected individuals.

In another embodiment of the invention, HPDE, its catalytic or immunogenic fragments, or oligopeptides thereof can be used for screening libraries of compounds in any of a variety of drug screening techniques. The fragment employed in such screening may be free in solution, affixed to a solid support, borne on a cell surface, or located intracellularly. The formation of binding complexes between HPDE and the agent being tested may be measured.

Another technique for drug screening provides for high throughput screening of compounds having suitable binding affinity to the protein of interest. (See, e.g., Geysen, et al. (1984) PCT application WO84/03564.) In this method, large numbers of different small test compounds are synthesized on a solid substrate. The test compounds are reacted with HPDE, or fragments thereof, and washed. Bound HPDE is then detected by methods well known in the art. Purified HPDE can also be coated directly onto plates for use in the aforementioned drug screening techniques. Alternatively, non-neutralizing antibodies can be used to capture the peptide and immobilize it on a solid support.

In another embodiment, one may use competitive drug screening assays in which neutralizing antibodies capable of binding HPDE specifically compete with a test compound for binding HPDE. In this manner, antibodies can be used to detect the presence of any peptide which shares one or more antigenic determinants with HPDE.

In additional embodiments, the nucleotide sequences which encode HPDE may be used in any molecular biology techniques that have yet to be developed, provided the new techniques rely on properties of nucleotide sequences that are currently known, including, but not limited to, such properties as the triplet genetic code and specific base pair interactions.

Without further elaboration, it is believed that one skilled in the art can, using the preceding description, utilize the present invention to its fullest extent. The following embodiments are, therefore, to be construed as merely illustrative, and not limitative of the remainder of the disclosure in any way whatsoever.

The disclosures of all patents, applications and publications, mentioned above and below, including U.S. Ser. No.60/213,741, 60/218,234, and 60/241,100, are expressly incorporated by reference herein.

#### EXAMPLES

##### I. Construction of cDNA Libraries

Incyte cDNAs were derived from cDNA libraries described in the LIFESEQ GOLD database (Incyte Genomics, Palo Alto CA) and shown in Table 4, column 5. Some tissues were homogenized and lysed in guanidinium isothiocyanate, while others were homogenized and lysed in phenol or in a suitable mixture of denaturants, such as TRIzol. (Life Technologies), a monophasic solution of

WO 01/98471

PCT/US01/20140

phenol and guanidine isothiocyanate. The resulting lysates were centrifuged over CsCl cushions or extracted with chloroform. RNA was precipitated from the lysates with either isopropanol or sodium acetate and ethanol, or by other routine methods.

Phenol extraction and precipitation of RNA were repeated as necessary to increase RNA  
5 purity. In some cases, RNA was treated with DNase. For most libraries, poly(A)+ RNA was isolated using oligo d(T)-coupled paramagnetic particles (Promega), OLIGOTEX latex particles (QIAGEN, Chatsworth CA), or an OLIGOTEX mRNA purification kit (QIAGEN). Alternatively, RNA was isolated directly from tissue lysates using other RNA isolation kits, e.g., the POLY(A)PURE mRNA purification kit (Ambion, Austin TX).

10 In some cases, Stratagene was provided with RNA and constructed the corresponding cDNA libraries. Otherwise, cDNA was synthesized and cDNA libraries were constructed with the UNIZAP vector system (Stratagene) or SUPERSCRIPt plasmid system (Life Technologies), using the recommended procedures or similar methods known in the art. (See, e.g., Ausubel, 1997, *supra*, units 5.1-6.6.) Reverse transcription was initiated using oligo d(T) or random primers. Synthetic  
15 oligonucleotide adapters were ligated to double stranded cDNA, and the cDNA was digested with the appropriate restriction enzyme or enzymes. For most libraries, the cDNA was size-selected (300-1000 bp) using SPHACRYL S1000, SEPHAROSE CL2B, or SEPHAROSE CL4B column chromatography (Amersham Pharmacia Biotech) or preparative agarose gel electrophoresis. cDNAs were ligated into compatible restriction enzyme sites of the polylinker of a suitable plasmid, e.g.,  
20 PBLUESCRIPt plasmid (Stratagene), PSPORT1 plasmid (Life Technologies), pCDNA2.1 plasmid (Invitrogen, Carlsbad CA), PBK-CMV plasmid (Stratagene), or pINCY (Incyte Genomics, Palo Alto CA), or derivatives thereof. Recombinant plasmids were transformed into competent *E. coli* cells including XL1-Blue, XL1-BlueMRF, or SOLR from Stratagene or DH5 $\alpha$ , DH10B, or ElectroMAX DH10B from Life Technologies.

## 25 II. Isolation of cDNA Clones

Plasmids obtained as described in Example I were recovered from host cells by *in vivo* excision using the UNIZAP vector system (Stratagene) or by cell lysis. Plasmids were purified using at least one of the following: a Magic or WIZARD Minipreps DNA purification system (Promega); an AGTC Miniprep purification kit (Edge Biosystems, Gaithersburg MD); and QIAWELL 8 Plasmid,  
30 QIAWELL 8 Plus Plasmid, QIAWELL 8 Ultra Plasmid purification systems or the R.E.A.L. PREP 96 plasmid purification kit from QIAGEN. Following precipitation, plasmids were resuspended in 0.1 ml of distilled water and stored, with or without lyophilization, at 4°C.

Alternatively, plasmid DNA was amplified from host cell lysates using direct link PCR in a high-throughput format (Rao, V.B. (1994) *Anat. Biochem.* 216:1-14). Host cell lysis and thermal  
35 cycling steps were carried out in a single reaction mixture. Samples were processed and stored in

WO 01/98471

PCT/US01/20140

384-well plates, and the concentration of amplified plasmid DNA was quantified fluorometrically using PICOGRFEN dye (Molecular Probes, Eugene OR) and a FLUOROSKAN II fluorescence scanner (LabSystems Oy, Helsinki, Finland).

### III. Sequencing and Analysis

5 Incyte cDNA recovered in plasmids as described in Example II were sequenced as follows. Sequencing reactions were processed using standard methods or high-throughput instrumentation such as the ABI CATALYST 800 (Applied Biosystems) thermal cycler or the PTC-200 thermal  
10 cycler (MJ Research) in conjunction with the HYDRA microdispenser (Robbins Scientific) or the MICROLAB 2200 (Hamilton) liquid transfer system. cDNA sequencing reactions were prepared using reagents provided by Amersham Pharmacia Biotech or supplied in ABI sequencing kits such as the ABI PRISM BIGDYE Terminator cycle sequencing ready reaction kit (Applied Biosystems). Electrophoretic separation of cDNA sequencing reactions and detection of labeled polynucleotides  
15 were carried out using the MEGABACE 1000 DNA sequencing system (Molecular Dynamics); the ABI PRISM 373 or 377 sequencing system (Applied Biosystems) in conjunction with standard ABI protocols and base calling software; or other sequence analysis systems known in the art. Reading frames within the cDNA sequences were identified using standard methods (reviewed in Ausubel, 1997, *supra*, unit 7.7). Some of the cDNA sequences were selected for extension using the techniques disclosed in Example VIII.

The polynucleotide sequences derived from Incyte cDNAs were validated by removing  
20 vector, linker, and poly(A) sequences and by masking ambiguous bases, using algorithms and programs based on BLAST, dynamic programming, and dinucleotide nearest neighbor analysis. The Incyte cDNA sequences or translations thereof were then queried against a selection of public databases such as the GenBank primate, rodent, mammalian, vertebrate, and eukaryote databases, and BLOCKS, PRINTS, DOMO, PRODOM, and hidden Markov model (HMM)-based protein family  
25 databases such as PFAM. (HMM is a probabilistic approach which analyzes consensus primary structures of gene families. See, for example, Eddy, S.R. (1996) *Curr. Opin. Struct. Biol.* 6:361-365.) The queries were performed using programs based on BLAST, FASTA, BLIMPS, and HMMER. The Incyte cDNA sequences were assembled to produce full length polynucleotide sequences. Alternatively, GenBank cDNAs, GenBank ESTs, stitched sequences, stretched sequences, or  
30 GenScan-predicted coding sequences (see Examples IV and V) were used to extend Incyte cDNA assemblages to full length. Assembly was performed using programs based on Phred, Phrap, and Consed, and cDNA assemblages were screened for open reading frames using programs based on GeneMark, BLAST, and FASTA. The full length polynucleotide sequences were translated to derive the corresponding full length polypeptide sequences. Alternatively, a polypeptide of the invention  
35 may begin at any of the methionine residues of the full length translated polypeptide. Full length

WO 01/98471

PCT/US01/20140

polypeptide sequences were subsequently analyzed by querying against databases such as the GenBank protein databases (*genpept*), SwissProt, BLOCKS, PRINTS, DOMO, PRODOM, Prosite, and hidden Markov model (HMM)-based protein family databases such as PFAM. Full length polynucleotide sequences are also analyzed using MACDNASIS PRO software (Hitachi Software Engineering, South San Francisco CA) and LASERGENE software (DNASTAR). Polynucleotide and polypeptide sequence alignments are generated using default parameters specified by the CLUSTAL algorithm as incorporated into the MEGALIGN multisequence alignment program (DNASTAR), which also calculates the percent identity between aligned sequences.

Table 7 summarizes the tools, programs, and algorithms used for the analysis and assembly of Incyte cDNA and full length sequences and provides applicable descriptions, references, and threshold parameters. The first column of Table 7 shows the tools, programs, and algorithms used, the second column provides brief descriptions thereof, the third column presents appropriate references, all of which are incorporated by reference herein in their entirety, and the fourth column presents, where applicable, the scores, probability values, and other parameters used to evaluate the strength of a match between two sequences (the higher the score or the lower the probability value, the greater the identity between two sequences).

The programs described above for the assembly and analysis of full length polynucleotide and polypeptide sequences were also used to identify polynucleotide sequence fragments from SEQ ID NO:5-8. Fragments from about 20 to about 4000 nucleotides which are useful in hybridization and amplification technologies are described in Table 4, column 4.

#### IV. Identification and Editing of Coding Sequences from Genomic DNA

Putative phosphodiesterases were initially identified by running the Genscan gene identification program against public genomic sequence databases (e.g., *gbpri* and *gbhtg*). Genscan is a general-purpose gene identification program which analyzes genomic DNA sequences from a variety of organisms (See Burge, C. and S. Karlin (1997) *J. Mol. Biol.* 268:78-94, and Burge, C. and S. Karlin (1998) *Curr. Opin. Struct. Biol.* 8:346-354). The program concatenates predicted exons to form an assembled cDNA sequence extending from a methionine to a stop codon. The output of Genscan is a FASTA database of polynucleotide and polypeptide sequences. The maximum range of sequence for Genscan to analyze at once was set to 30 kb. To determine which of these Genscan predicted cDNA sequences encode phosphodiesterases, the encoded polypeptides were analyzed by querying against PFAM models for phosphodiesterases. Potential phosphodiesterases were also identified by homology to Incyte cDNA sequences that had been annotated as phosphodiesterases. These selected Genscan-predicted sequences were then compared by BLAST analysis to the *genpept* and *gbpri* public databases. Where necessary, the Genscan-predicted sequences were then edited by comparison to the top BLAST hit from *genpept* to correct errors in the sequence predicted by

WO 01/98471

PCT/US01/20140

Genscan, such as extra or omitted exons. BLAST analysis was also used to find any Incyte cDNA or public cDNA coverage of the Genscan-predicted sequences, thus providing evidence for transcription. When Incyte cDNA coverage was available, this information was used to correct or confirm the Genscan-predicted sequences. Full length polynucleotide sequences were obtained by assembling Genscan-predicted coding sequences with Incyte cDNA sequences and/or public cDNA sequences using the assembly process described in Example III. Alternatively, full length polynucleotide sequences were derived entirely from edited or unedited Genscan-predicted coding sequences.

#### V. Assembly of Genomic Sequence Data with cDNA Sequence Data

##### "Stitched" Sequences

Partial cDNA sequences were extended with exons predicted by the Genscan gene identification program described in Example IV. Partial cDNAs assembled as described in Example III were mapped to genomic DNA and parsed into clusters containing related cDNAs and Genscan exon predictions from one or more genomic sequences. Each cluster was analyzed using an algorithm based on graph theory and dynamic programming to integrate cDNA and genomic information, generating possible splice variants that were subsequently confirmed, edited, or extended to create a full length sequence. Sequence intervals in which the entire length of the interval was present on more than one sequence in the cluster were identified, and intervals thus identified were considered to be equivalent by transitivity. For example, if an interval was present on a cDNA and two genomic sequences, then all three intervals were considered to be equivalent. This process allows unrelated but consecutive genomic sequences to be brought together, bridged by cDNA sequence. Intervals thus identified were then "stitched" together by the stitching algorithm in the order that they appear along their parent sequences to generate the longest possible sequence, as well as sequence variants. Linkages between intervals which proceed along one type of parent sequence (cDNA to cDNA or genomic sequence to genomic sequence) were given preference over linkages which change parent type (cDNA to genomic sequence). The resultant stitched sequences were translated and compared by BLAST analysis to the genpept and gbprl public databases. Incorrect exons predicted by Genscan were corrected by comparison to the top BLAST hit from genpept. Sequences were further extended with additional cDNA sequences, or by inspection of genomic DNA, when necessary.

##### "Stretched" Sequences

Partial DNA sequences were extended to full length with an algorithm based on BLAST analysis. First, partial cDNAs assembled as described in Example III were queried against public databases such as the GenBank primate, rodent, mammalian, vertebrate, and eukaryote databases using the BLAST program. The nearest GenBank protein homolog was then compared by BLAST analysis to either Incyte cDNA sequences or Genscan exon predicted sequences described in Example IV. A chimeric protein was generated by using the resultant high-scoring segment pairs

WO 01/98471

PCT/US01/20140

(RSPs) to map the translated sequences onto the GenBank protein homolog. Insertions or deletions may occur in the chimeric protein with respect to the original GenBank protein homolog. The GenBank protein homolog, the chimeric protein, or both were used as probes to search for homologous genomic sequences from the public human genome databases. Partial DNA sequences were therefore "stretched" or extended by the addition of homologous genomic sequences. The resultant stretched sequences were examined to determine whether it contained a complete gene.

#### VI. Chromosomal Mapping of HPDE Encoding Polynucleotides

The sequences which were used to assemble SEQ ID NO:5-8 were compared with sequences from the Incyte LIFESEQ database and public domain databases using BLAST and other implementations of the Smith-Waterman algorithm. Sequences from these databases that matched SEQ ID NO:5-8 were assembled into clusters of contiguous and overlapping sequences using assembly algorithms such as Phrap (Table 7). Radiation hybrid and genetic mapping data available from public resources such as the Stanford Human Genome Center (SHGC), Whitehead Institute for Genome Research (WIGR), and Génethon were used to determine if any of the clustered sequences had been previously mapped. Inclusion of a mapped sequence in a cluster resulted in the assignment of all sequences of that cluster, including its particular SEQ ID NO., to that map location.

Map locations are represented by ranges, or intervals, of human chromosomes. The map position of an interval, in centiMorgans, is measured relative to the terminus of the chromosome's p-arm. (The centiMorgan (cM) is a unit of measurement based on recombination frequencies between chromosomal markers. On average, 1 cM is roughly equivalent to 1 megabase (Mb) of DNA in humans, although this can vary widely due to hot and cold spots of recombination.) The cM distances are based on genetic markers mapped by Génethon which provide boundaries for radiation hybrid markers whose sequences were included in each of the clusters. Human genome maps and other resources available to the public, such as the NCBI "GeneMap'99" World Wide Web site (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genemap/>), can be employed to determine if previously identified disease genes map within or in proximity to the intervals indicated above.

#### VII. Analysis of Polynucleotide Expression

Northern analysis is a laboratory technique used to detect the presence of a transcript of a gene and involves the hybridization of a labeled nucleotide sequence to a membrane on which RNAs from a particular cell type or tissue have been bound. (See, e.g., Sambrook, *supra*, ch. 7; Ausubel (1995) *supra*, ch. 4 and 16.)

Analogous computer techniques applying BLAST were used to search for identical or related molecules in cDNA databases such as GenBank or LIFESEQ (Incyte Genomics). This analysis is much faster than multiple membrane-based hybridizations. In addition, the sensitivity of the computer search can be modified to determine whether any particular match is categorized as exact or

WO 01/98471

PCT/US01/20140

similar. The basis of the search is the product score, which is defined as:

$$\frac{\text{BLAST Score} \times \text{Percent Identity}}{5 \times \text{minimum}(\text{length}(\text{Seq. 1}), \text{length}(\text{Seq. 2}))}$$

5

The product score takes into account both the degree of similarity between two sequences and the length of the sequence match. The product score is a normalized value between 0 and 100, and is calculated as follows: the BLAST score is multiplied by the percent nucleotide identity and the product is divided by (5 times the length of the shorter of the two sequences). The BLAST score is calculated by assigning a score of +5 for every base that matches in a high-scoring segment pair (HSP), and -4 for every mismatch. Two sequences may share more than one HSP (separated by gaps). If there is more than one HSP, then the pair with the highest BLAST score is used to calculate the product score. The product score represents a balance between fractional overlap and quality in a BLAST alignment. For example, a product score of 100 is produced only for 100% identity over the entire length of the shorter of the two sequences being compared. A product score of 70 is produced either by 100% identity and 70% overlap at one end, or by 88% identity and 100% overlap at the other. A product score of 50 is produced either by 100% identity and 50% overlap at one end, or 79% identity and 100% overlap.

Alternatively, polynucleotide sequences encoding HPDE are analyzed with respect to the tissue sources from which they were derived. For example, some full length sequences are assembled, at least in part, with overlapping Incyte cDNA sequences (see Example III). Each cDNA sequence is derived from a cDNA library constructed from a human tissue. Each human tissue is classified into one of the following organ/tissue categories: cardiovascular system; connective tissue; digestive system; embryonic structures; endocrine system; exocrine glands; genitalia, female; genitalia, male; germ cells; hematologic and immune system; liver; musculoskeletal system; nervous system; pancreas; respiratory system; sense organs; skin; stomatognathic system; unclassified/mixed; or urinary tract. The number of libraries in each category is counted and divided by the total number of libraries across all categories. Similarly, each human tissue is classified into one of the following disease/condition categories: cancer, cell line, developmental, inflammation, neurological, trauma, cardiovascular, pooled, and other, and the number of libraries in each category is counted and divided by the total number of libraries across all categories. The resulting percentages reflect the tissue- and disease-specific expression of cDNA encoding HPDE. cDNA sequences and cDNA library/tissue information are found in the LIFESEQ GOLD database (Incyte Genomics, Palo Alto CA).

#### VIII. Extension of HPDE Encoding Polynucleotides

Full length polynucleotide sequences were also produced by extension of an appropriate

35

WO 01/98471

PCT/US01/20140

fragment of the full length molecule using oligonucleotide primers designed from this fragment. One primer was synthesized to initiate 5' extension of the known fragment, and the other primer was synthesized to initiate 3' extension of the known fragment. The initial primers were designed using OLIGO 4.06 software (National Biosciences), or another appropriate program, to be about 22 to 30 nucleotides in length, to have a GC content of about 50% or more, and to anneal to the target sequence at temperatures of about 68°C to about 72°C. Any stretch of nucleotides which would result in hairpin structures and primer-primer dimerizations was avoided.

Selected human cDNA libraries were used to extend the sequence. If more than one extension was necessary or desired, additional or nested sets of primers were designed.

High fidelity amplification was obtained by PCR using methods well known in the art. PCR was performed in 96-well plates using the PTC-200 thermal cycler (MJ Research, Inc.). The reaction mix contained DNA template, 200 nmol of each primer, reaction buffer containing  $Mg^{2+}$ ,  $(NH_4)_2SO_4$ , and 2-mercaptoethanol, Taq DNA polymerase (Amersham Pharmacia Biotech), ELONGASE enzyme (Life Technologies), and Pfu DNA polymerase (Stratagene), with the following parameters for primer pair PCI A and PCI B: Step 1: 94°C, 3 min; Step 2: 94°C, 15 sec; Step 3: 60°C, 1 min; Step 4: 68°C, 2 min; Step 5: Steps 2, 3, and 4 repeated 20 times; Step 6: 68°C, 5 min; Step 7: storage at 4°C. In the alternative, the parameters for primer pair T7 and SK+ were as follows: Step 1: 94°C, 3 min; Step 2: 94°C, 15 sec; Step 3: 57°C, 1 min; Step 4: 68°C, 2 min; Step 5: Steps 2, 3, and 4 repeated 20 times; Step 6: 68°C, 5 min; Step 7: storage at 4°C.

The concentration of DNA in each well was determined by dispensing 100  $\mu$ l PICOGREEN quantitation reagent (0.25% (w/v) PICOGREEN; Molecular Probes, Eugene OR) dissolved in 1X TE and 0.5  $\mu$ l of undiluted PCR product into each well of an opaque fluorimeter plate (Corning Costar, Acton MA), allowing the DNA to bind to the reagent. The plate was scanned in a Fluoroskan II (Labsystems Oy, Helsinki, Finland) to measure the fluorescence of the sample and to quantify the concentration of DNA. A 5  $\mu$ l to 10  $\mu$ l aliquot of the reaction mixture was analyzed by electrophoresis on a 1% agarose gel to determine which reactions were successful in extending the sequence.

The extended nucleotides were desalted and concentrated, transferred to 384-well plates, digested with CviII cholera virus endonuclease (Molecular Biology Research, Madison WI), and sonicated or sheared prior to religation into pUC 18 vector (Amersham Pharmacia Biotech). For shotgun sequencing, the digested nucleotides were separated on low concentration (0.6 to 0.8%) agarose gels, fragments were excised, and agar digested with Agar ACE (Promega). Extended clones were religated using T4 ligase (New England Biolabs, Beverly MA) into pUC 18 vector (Amersham Pharmacia Biotech), treated with Pfu DNA polymerase (Stratagene) to fill-in restriction site overhangs, and transfected into competent *E. coli* cells. Transformed cells were selected on

WO 01/98471

PCT/US01/20140

antibiotic-containing media, and individual colonies were picked and cultured overnight at 37°C in 384-well plates in LB/2x carb liquid media.

The cells were lysed, and DNA was amplified by PCR using Taq DNA polymerase (Amersham Pharmacia Biotech) and Pfu DNA polymerase (Stratagene) with the following parameters: Step 1: 94°C, 3 min; Step 2: 94°C, 15 sec; Step 3: 60°C, 1 min; Step 4: 72°C, 2 min; Step 5: steps 2, 3, and 4 repeated 29 times; Step 6: 72°C, 5 min; Step 7: storage at 4°C. DNA was quantified by PICOGREEN reagent (Molecular Probes) as described above. Samples with low DNA recoveries were reamplified using the same conditions as described above. Samples were diluted with 20% dimethylsulfoxide (1:2, v/v), and sequenced using DYENAMIC energy transfer sequencing primers and the DYENAMIC DIRECT kit (Amersham Pharmacia Biotech) or the ABI PRISM BIODYE Terminator cycle sequencing ready reaction kit (Applied Biosystems).

In like manner, full length polynucleotide sequences are verified using the above procedure or are used to obtain 5' regulatory sequences using the above procedure along with oligonucleotides designed for such extension, and an appropriate genomic library.

#### IX. Labeling and Use of Individual Hybridization Probes

Hybridization probes derived from SEQ ID NO:5-8 are employed to screen cDNAs, genomic DNAs, or mRNAs. Although the labeling of oligonucleotides, consisting of about 20 base pairs, is specifically described, essentially the same procedure is used with larger nucleotide fragments. Oligonucleotides are designed using state-of-the-art software such as OLIGO 4.06 software (National Biosciences) and labeled by combining 50 pmol of each oligomer, 250  $\mu$ Ci of [ $\gamma$ -<sup>32</sup>P] adenosine triphosphate (Amersham Pharmacia Biotech), and T4 polynucleotide kinase (DuPont NEN, Boston MA). The labeled oligonucleotides are substantially purified using a SEPHADEX G-25 superfine size exclusion dextran bead column (Amersham Pharmacia Biotech). An aliquot containing 10<sup>7</sup> counts per minute of the labeled probe is used in a typical membrane-based hybridization analysis of human genomic DNA digested with one of the following endonucleases: Ase I, Bgl II, Eco RI, Pst I, Xba I, or Pvu II (DuPont NEN).

The DNA from each digest is fractionated on a 0.7% agarose gel and transferred to nylon membranes (Nytran Plus, Schleicher & Schuell, Durham NH). Hybridization is carried out for 16 hours at 40°C. To remove nonspecific signals, blots are sequentially washed at room temperature under conditions of up to, for example, 0.1 x saline sodium citrate and 0.5% sodium dodecyl sulfate. Hybridization patterns are visualized using autoradiography or an alternative imaging means and compared.

#### X. Microarrays

The linkage or synthesis of array elements upon a microarray can be achieved utilizing photolithography, piezoelectric printing (ink-jet printing, See, e.g., Baldeschweiler, *supra*),

WO 01/98471

PCT/US01/20140

mechanical microspotting technologies, and derivatives thereof. The substrate in each of the aforementioned technologies should be uniform and solid with a non-porous surface (Schema (1999), supra). Suggested substrates include silicon, silica, glass slides, glass chips, and silicon wafers. Alternatively, a procedure analogous to a dot or slot blot may also be used to arrange and link elements to the surface of a substrate using thermal, UV, chemical, or mechanical bonding procedures. A typical array may be produced using available methods and machines well known to those of ordinary skill in the art and may contain any appropriate number of elements. (See, e.g., Schema, M. et al. (1995) *Science* 270:467-470; Shtalov, D. et al. (1996) *Genome Res.* 6:639-645; Marshall, A. and J. Hodgson (1998) *Nat. Biotechnol.* 16:27-31.)

- 10 Full length cDNAs, Expressed Sequence Tags (ESTs), or fragments or oligomers thereof may comprise the elements of the microarray. Fragments or oligomers suitable for hybridization can be selected using software well known in the art such as LASERGENE software (DNASTAR). The array elements are hybridized with polynucleotides in a biological sample. The polynucleotides in the biological sample are conjugated to a fluorescent label or other molecular tag for ease of detection.
- 15 After hybridization, nonhybridized nucleotides from the biological sample are removed, and a fluorescence scanner is used to detect hybridization at each array element. Alternatively, laser desorption and mass spectrometry may be used for detection of hybridization. The degree of complementarity and the relative abundance of each polynucleotide which hybridizes to an element on the microarray may be assessed. In one embodiment, microarray preparation and usage is described in detail below.
- 20

#### **Tissue or Cell Sample Preparation**

- Total RNA is isolated from tissue samples using the guanidinium thiocyanate method and poly(A)<sup>+</sup> RNA is purified using the oligo-(dT) cellulose method. Each poly(A)<sup>+</sup> RNA sample is reverse transcribed using MMLV reverse-transcriptase, 0.05 µg/µl oligo-(dT) primer (21mer), 1X first strand buffer, 0.03 units/µl RNase inhibitor, 500 µM dATP, 500 µM dGTP, 500 µM dTTP, 40 µM dCTP, 40 µM dCTP-Cy3 (BDS) or dCTP-Cy5 (Amersham Pharmacia Biotech). The reverse transcription reaction is performed in a 25 ml volume containing 200 ng poly(A)<sup>+</sup> RNA with GEMBRIGHT kits (Incyte). Specific control poly(A)<sup>+</sup> RNAs are synthesized by *in vitro* transcription from non-coding yeast genomic DNA. After incubation at 37°C for 2 hr, each reaction sample (one with Cy3 and another with Cy5 labeling) is treated with 2.5 ml of 0.5M sodium hydroxide and incubated for 20 minutes at 85°C to stop the reaction and degrade the RNA. Samples are purified using two successive CHROMA SPIN 30 gel filtration spin columns (CLONTECH Laboratories, Inc. (CLONTECH), Palo Alto CA) and after combining, both reaction samples are ethanol precipitated using 1 ml of glycogen (1 mg/ml), 60 ml sodium acetate, and 300 ml of 100% ethanol. The sample is then dried to completion using a SpeedVAC (Savant Instruments Inc., Holbrook NY) and
- 25
- 30
- 35

WO 01/98471

PCT/US01/20140

resuspended in 14  $\mu$ l 5X SSC/0.2% SDS.

#### Microarray Preparation

Sequences of the present invention are used to generate array elements. Each array element is amplified from bacterial cells containing vectors with cloned cDNA inserts. PCR amplification uses primers complementary to the vector sequences flanking the cDNA insert. Array elements are amplified in thirty cycles of PCR from an initial quantity of 1-2 ng to a final quantity greater than 5  $\mu$ g. Amplified array elements are then purified using SEPHACRYL-400 (Amersham Pharmacia Biotech).

Purified array elements are immobilized on polymer-coated glass slides. Glass microscope slides (Corning) are cleaned by ultrasound in 0.1% SDS and acetone, with extensive distilled water washes between and after treatments. Glass slides are etched in 4% hydrofluoric acid (VWR Scientific Products Corporation (VWR), West Chester PA), washed extensively in distilled water, and coated with 0.05% aminopropyl silane (Sigma) in 95% ethanol. Coated slides are cured in a 110°C oven.

Array elements are applied to the coated glass substrate using a procedure described in US Patent No. 5,807,522, incorporated herein by reference. 1  $\mu$ l of the array element DNA, at an average concentration of 100 ng/ $\mu$ l, is loaded into the open capillary printing element by a high-speed robotic apparatus. The apparatus then deposits about 5 nl of array element sample per slide.

Microarrays are UV-crosslinked using a STRATALINKER UV-crosslinker (Stratagene).

Microarrays are washed at room temperature once in 0.2% SDS and three times in distilled water. Non-specific binding sites are blocked by incubation of microarrays in 0.2% casein in phosphate buffered saline (PBS) (Tropix, Inc., Bedford MA) for 30 minutes at 60°C followed by washes in 0.2% SDS and distilled water as before.

#### Hybridization

Hybridization reactions contain 9  $\mu$ l of sample mixture consisting of 0.2  $\mu$ g each of Cy3 and Cy5 labeled cDNA synthesis products in 5X SSC, 0.2% SDS hybridization buffer. The sample mixture is heated to 65°C for 5 minutes and is aliquoted onto the microarray surface and covered with an 1.8 cm<sup>2</sup> coverslip. The arrays are transferred to a waterproof chamber having a cavity just slightly larger than a microscope slide. The chamber is kept at 100% humidity internally by the addition of 140  $\mu$ l of 5X SSC in a corner of the chamber. The chamber containing the arrays is incubated for about 6.5 hours at 60°C. The arrays are washed for 10 min at 45°C in a first wash buffer (1X SSC, 0.1% SDS), three times for 10 minutes each at 45°C in a second wash buffer (0.1X SSC), and dried.

#### Detection

Reporter-labeled hybridization complexes are detected with a microscope equipped with an

WO 01/98471

PCT/US01/20140

Innova 70 mixed gas 10 W laser (Coherent, Inc., Santa Clara CA) capable of generating spectral lines at 488 nm for excitation of Cy3 and at 632 nm for excitation of Cy5. The excitation laser light is focused on the array using a 20X microscope objective (Nikon, Inc., Melville NY). The slide containing the array is placed on a computer-controlled X-Y stage on the microscope and raster-scanned past the objective. The 1.8 cm x 1.8 cm array used in the present example is scanned with a resolution of 20 micrometers.

In two separate scans, a mixed gas multiline laser excites the two fluorophores sequentially. Emitted light is split, based on wavelength, into two photomultiplier tube detectors (PMT R1477, Hamamatsu Photonics Systems, Bridgewater NJ) corresponding to the two fluorophores. Appropriate filters positioned between the array and the photomultiplier tubes are used to filter the signals. The emission maxima of the fluorophores used are 565 nm for Cy3 and 650 nm for Cy5. Each array is typically scanned twice, one scan per fluorophore using the appropriate filters at the laser source, although the apparatus is capable of recording the spectra from both fluorophores simultaneously.

The sensitivity of the scans is typically calibrated using the signal intensity generated by a cDNA control species added to the sample mixture at a known concentration. A specific location on the array contains a complementary DNA sequence, allowing the intensity of the signal at that location to be correlated with a weight ratio of hybridizing species of 1:100,000. When two samples from different sources (e.g., representing test and control cells), each labeled with a different fluorophore, are hybridized to a single array for the purpose of identifying genes that are differentially expressed, the calibration is done by labeling samples of the calibrating cDNA with the two fluorophores and adding identical amounts of each to the hybridization mixture.

The output of the photomultiplier tube is digitized using a 12-bit RTI-835H analog-to-digital (A/D) conversion board (Analog Devices, Inc., Norwood MA) installed in an IBM-compatible PC computer. The digitized data are displayed as an image where the signal intensity is mapped using a linear 20-color transformation to a pseudocolor scale ranging from blue (low signal) to red (high signal). The data is also analyzed quantitatively. Where two different fluorophores are excited and measured simultaneously, the data are first corrected for optical crosstalk (due to overlapping emission spectra) between the fluorophores using each fluorophore's emission spectrum.

A grid is superimposed over the fluorescence signal image such that the signal from each spot is centered in each element of the grid. The fluorescence signal within each element is then integrated to obtain a numerical value corresponding to the average intensity of the signal. The software used for signal analysis is the GEMTOOLS gene expression analysis program (Lucyte).

#### **XI. Complementary Polynucleotides**

Sequences complementary to the HPDE-encoding sequences, or any parts thereof, are used to detect, decrease, or inhibit expression of naturally occurring HPDE. Although use of

WO 01/98471

PCT/US01/20140

oligonucleotides comprising from about 15 to 30 base pairs is described, essentially the same procedure is used with smaller or with larger sequence fragments. Appropriate oligonucleotides are designed using OLIGO 4.06 software (National Biosciences) and the coding sequence of HPDE. To inhibit transcription, a complementary oligonucleotide is designed from the most unique 5' sequence and used to prevent promoter binding to the coding sequence. To inhibit translation, a complementary oligonucleotide is designed to prevent ribosomal binding to the HPDE-encoding transcript.

## XII. Expression of HPDE

Expression and purification of HPDE is achieved using bacterial or virus-based expression systems. For expression of HPDE in bacteria, cDNA is subcloned into an appropriate vector containing an antibiotic resistance gene and an inducible promoter that directs high levels of cDNA transcription. Examples of such promoters include, but are not limited to, the *trp-lac (tac)* hybrid promoter and the T5 or T7 bacteriophage promoter in conjunction with the *lac* operator regulatory element. Recombinant vectors are transformed into suitable bacterial hosts, e.g., BJ21(DE3). Antibiotic resistant bacteria express HPDE upon induction with isopropyl beta-D-thiogalactopyranoside (IPTG). Expression of HPDE in eukaryotic cells is achieved by infecting insect or mammalian cell lines with recombinant *Autographica californica* nuclear polyhedrosis virus (AcMNPV), commonly known as baculovirus. The nonessential polyhedrin gene of baculovirus is replaced with cDNA encoding HPDE by either homologous recombination or bacterial-mediated transposition involving transfer plasmid intermediates. Viral infectivity is maintained and the strong polyhedrin promoter drives high levels of cDNA transcription. Recombinant baculovirus is used to infect *Spodoptera frugiperda* (Sf9) insect cells in most cases, or human hepatocytes, in some cases. Infection of the latter requires additional genetic modifications to baculovirus. (See Engelhard, E.K. et al. (1994) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 91:3224-3227; Sandig, V. et al. (1996) Hum. Gene Ther. 7:1937-1945.)

In most expression systems, HPDE is synthesized as a fusion protein with, e.g., glutathione S-transferase (GST) or a peptide epitope tag, such as FLAG or 6-His, permitting rapid, single-step, affinity-based purification of recombinant fusion protein from crude cell lysates. GST, a 26-kilodalton enzyme from *Schistosoma japonicum*, enables the purification of fusion proteins on immobilized glutathione under conditions that maintain protein activity and antigenicity (Amersham Pharmacia Biotech). Following purification, the GST moiety can be proteolytically cleaved from HPDE at specifically engineered sites. FLAG, an 8-amino acid peptide, enables immunaffinity purification using commercially available monoclonal and polyclonal anti-FLAG antibodies (Kodak). 6-His, a stretch of six consecutive histidine residues, enables purification on metal-chelate resins (QIAGEN). Methods for protein expression and purification are discussed in Ausubel (1995,

WO 01/98471

PCT/US01/20140

*supra*, ch. 10 and 16). Purified HPDE obtained by these methods can be used directly in the assays shown in Examples XVI, XVII, and XVIII where applicable.

### XIII. Functional Assays

HPDE function is assessed by expressing the sequences encoding HPDE at physiologically elevated levels in mammalian cell culture systems. cDNA is subcloned into a mammalian expression vector containing a strong promoter that drives high levels of cDNA expression. Vectors of choice include PCMV SPORT (Life Technologies) and PCR3.1 (Invitrogen, Carlsbad CA), both of which contain the cytomegalovirus promoter. 5-10  $\mu$ g of recombinant vector are transiently transfected into a human cell line, for example, an endothelial or hematopoietic cell line, using either liposome formulations or electroporation. 1-2  $\mu$ g of an additional plasmid containing sequences encoding a marker protein are co-transfected. Expression of a marker protein provides a means to distinguish transfected cells from nontransfected cells and is a reliable predictor of cDNA expression from the recombinant vector. Marker proteins of choice include, e.g., Green Fluorescent Protein (GFP; Clontech), CD64, or a CD64-GFP fusion protein. Flow cytometry (FCM), an automated, laser optics-based technique, is used to identify transfected cells expressing GFP or CD64-GFP and to evaluate the apoptotic state of the cells and other cellular properties. FCM detects and quantifies the uptake of fluorescent molecules that diagnose events preceding or coincident with cell death. These events include changes in nuclear DNA content as measured by staining of DNA with propidium iodide; changes in cell size and granularity as measured by forward light scatter and 90 degree side light scatter; down-regulation of DNA synthesis as measured by decrease in bromodeoxyuridine uptake; alterations in expression of cell surface and intracellular proteins as measured by reactivity with specific antibodies; and alterations in plasma membrane composition as measured by the binding of fluorescein-conjugated Annexin V protein to the cell surface. Methods in flow cytometry are discussed in Ormerod, M.G. (1994) *Flow Cytometry*. Oxford, New York NY.

The influence of HPDE on gene expression can be assessed using highly purified populations of cells transfected with sequences encoding HPDE and either CD64 or CD64-GFP. CD64 and CD64-GFP are expressed on the surface of transfected cells and bind to conserved regions of human immunoglobulin G (IgG). Transfected cells are efficiently separated from nontransfected cells using magnetic beads coated with either human IgG or antibody against CD64 (DYNAL, Lake Success NY). mRNA can be purified from the cells using methods well known by those of skill in the art. Expression of mRNA encoding HPDE and other genes of interest can be analyzed by northern analysis or microarray techniques.

### XIV. Production of HPDE Specific Antibodies

HPDE substantially purified using polyacrylamide gel electrophoresis (PAGE; see, e.g., Harrington, M.G. (1990) *Methods Enzymol.* 182:488-495), or other purification techniques, is used to

WO 01/98471

PCT/US01/20140

immunize rabbits and to produce antibodies using standard protocols.

Alternatively, the HPDE amino acid sequence is analyzed using LASERGENE software (DNASTAR) to determine regions of high immunogenicity, and a corresponding oligopeptide is synthesized and used to raise antibodies by means known to those of skill in the art. Methods for selection of appropriate epitopes, such as those near the C-terminus or in hydrophilic regions are well described in the art. (See, e.g., Ausubel, 1995, *supra*, ch. 11.)

Typically, oligopeptides of about 15 residues in length are synthesized using an ABI 431A peptide synthesizer (Applied Biosystems) using Fmoc chemistry and coupled to KLH (Sigma-Aldrich, St. Louis MO) by reaction with N-maleimidobenzoyl-N-hydroxysuccinimide ester (MBS) to increase immunogenicity. (See, e.g., Ausubel, 1995, *supra*.) Rabbits are immunized with the oligopeptide-KLH complex in complete Freund's adjuvant. Resulting antisera are tested for anti-peptide and anti-HPDE activity by, for example, binding the peptide or HPDE to a substrate, blocking with 1% BSA, reacting with rabbit antisera, washing, and reacting with radio-iodinated goat anti-rabbit IgG.

#### 15 XV. Purification of Naturally Occurring HPDE Using Specific Antibodies

Naturally occurring or recombinant HPDE is substantially purified by immunoaffinity chromatography using antibodies specific for HPDE. An immunoaffinity column is constructed by covalently coupling anti-HPDE antibody to an activated chromatographic resin, such as CNBr-activated SEPHAROSE (Amersham Pharmacia Biotech). After the coupling, the resin is blocked and washed according to the manufacturer's instructions.

Media containing HPDE are passed over the immunoaffinity column, and the column is washed under conditions that allow the preferential absorbance of HPDE (e.g., high ionic strength buffers in the presence of detergent). The column is eluted under conditions that disrupt antibody/HPDE binding (e.g., a buffer of pH 2 to pH 3, or a high concentration of a chaotrope, such as urea or thiocyanate ion), and HPDE is collected.

#### 20 XVI. Identification of Molecules Which Interact with HPDE

HPDE, or biologically active fragments thereof, are labeled with <sup>125</sup>I Bolton-Hunter reagent. (See, e.g., Bolton A.E. and W.M. Hunter (1973) *Biochem. J.* 133:529-539.) Candidate molecules previously arrayed in the wells of a multi-well plate are incubated with the labeled HPDE, washed, and any wells with labeled HPDE complex are assayed. Data obtained using different concentrations of HPDE are used to calculate values for the number, affinity, and association of HPDE with the candidate molecules.

Alternatively, molecules interacting with HPDE are analyzed using the yeast two-hybrid system as described in Fields, S. and O. Song (1989) *Nature* 340:245-246, or using commercially available kits based on the two-hybrid system, such as the MATCHMAKER system (Clontech).

WO 01/98471

PCT/US01/20140

HPDE may also be used in the PATHCALLING process (CuraGen Corp., New Haven CT) which employs the yeast two-hybrid system in a high-throughput manner to determine all interactions between the proteins encoded by two large libraries of genes (Nandabalan, K. et al. (2000) U.S. Patent No. 6,057,101).

#### 5 XVII. Demonstration of HPDE Activity

In general, PDE activity of HPDE is measured by monitoring the conversion of a cyclic nucleotide (either cAMP or cGMP) to its nucleotide monophosphate. The use of tritium-containing substrates such as  $^3\text{H}$ -cAMP and  $^3\text{H}$ -cGMP, and 5' nucleotidase from snake venom, allows the PDE reaction to be followed using a scintillation counter.

- 10 cAMP-specific PDE activity of HPDE is assayed by measuring the conversion of  $^3\text{H}$ -cAMP to  $^3\text{H}$ -adenosine in the presence of HPDE and 5' nucleotidase. A one-step assay is run using a 100  $\mu\text{l}$  reaction containing 50 mM Tris-HCl pH 7.5, 10 mM  $\text{MgCl}_2$ , 0.1 unit 5' nucleotidase (from Crotalus atrox venom), 0.0052-0.1  $\mu\text{M}$   $^3\text{H}$ -cAMP, and various concentrations of cAMP (0.0062-3 mM). The reaction is started by the addition of 25  $\mu\text{l}$  of diluted enzyme supernatant. Reactions are run directly
- 15 in mini Poly-Q scintillation vials (Beckman Instruments, Fullerton CA). Assays are incubated at 37°C for a time period that would give less than 15% cAMP hydrolysis to avoid non-linearity associated with product inhibition. The reaction is stopped by the addition of 1 ml of Dowex (Dow Chemical, Midland MI) AG1x8 (Cl form) resin (1:3 slurry). Three ml of scintillation fluid are added, and the vials are mixed. The resin in the vials is allowed to settle for one hour before counting.
- 20 Soluble radioactivity associated with  $^3\text{H}$ -adenosine is quantitated using a beta scintillation counter. The amount of radioactivity recovered is proportional to the cAMP-specific PDE activity of HPDE in the reaction. For inhibitor or agonist studies, reactions are carried out under the conditions described above, with the addition of 1% DMSO, 50 nM cAMP, and various concentrations of the inhibitor or agonist. Control reactions are carried out with all reagents except for the enzyme aliquot.
- 25 cGMP-specific PDE activity of HPDE is assayed by measuring the conversion of  $^3\text{H}$ -cGMP to  $^3\text{H}$ -guanosine in the presence of HPDE and 5' nucleotidase. A one-step assay is run using a 100  $\mu\text{l}$  reaction containing 50 mM Tris-HCl pH 7.5, 10 mM  $\text{MgCl}_2$ , 0.1 unit 5' nucleotidase (from Crotalus atrox venom), and 0.0064-2.0  $\mu\text{M}$   $^3\text{H}$ -cGMP. The reaction is started by the addition of 25  $\mu\text{l}$  of diluted enzyme supernatant. Reactions are run directly in mini Poly-Q scintillation vials (Beckman
- 30 Instruments). Assays are incubated at 37°C for a time period that would yield less than 15% cGMP hydrolysis in order to avoid non-linearity associated with product inhibition. The reaction is stopped by the addition of 1 ml of Dowex (Dow Chemical, Midland MI) AG1x8 (Cl form) resin (1:3 slurry). Three ml of scintillation fluid are added, and the vials are mixed. The resin in the vials is allowed to settle for one hour before counting. Soluble radioactivity associated with  $^3\text{H}$ -guanosine is quantitated
- 35 using a beta scintillation counter. The amount of radioactivity recovered is proportional to the

WO 01/98471

PCT/US01/20140

cGMP-specific PDE activity of HPDE in the reaction. For inhibitor or agonist studies, reactions are carried out under the conditions described above, with the addition of 1% DMSO, 50 nM cGMP, and various concentrations of the inhibitor or agonist. Control reactions are carried out with all reagents except for the enzyme aliquot.

5 Glycerophosphoryl diester phosphodiesterase activity of HPDE is measured by a coupled spectrophotometric assay utilizing sn-glycerol-3-phosphate dehydrogenase and NAD (Larson, T.J. et al. (1983) J. Biol. Chem. 248:5428-5432; Cameron, C.E. et al. (1998) Infect. Immun. 66:5763-5770). HPDE is assayed at 25 °C in a 0.5 ml assay mixture containing 0.45 ml of 1 M hydrazine-glycine (pH 9.0) buffer, 0.5 M NAD, 10 mM CaCl<sub>2</sub>, 20 units of glycerol-3-phosphate dehydrogenase (Sigma, St. Louis MO), and 0.5 mM glycerophosphorylcholine. Phosphodiesterase activity is monitored spectrophotometrically at 340 nm using a molar absorptance coefficient of 6300 M<sup>-1</sup> cm<sup>-1</sup> for NADH. Glycerophosphoryl diester phosphodiesterase activity is proportional to the reduction of NAD.

#### XVIII. Identification of Phosphodiesterase Inhibitors and Agonists

In general, inhibitors and agonists of PDE activity of HPDE can be obtained by screening 15 compounds using the PDE activity assays described in Example XVII. Enzyme assays are carried out in both the presence and absence of a candidate compound, and an inhibitor compound is identified when inhibition of PDE activity of HPDE is observed. Alternatively, an agonist compound is identified when increased PDE activity of HPDE is observed.

A high-throughput screen for inhibitors of cAMP-specific PDE activity of HPDE uses 20 microtiter plate-based scintillation proximity assay (Bardelle, C. et al. (1999) Anal. Biochem. 275:148-155). Purified enzyme is diluted in assay buffer containing 25 mM Hepes-NaOH, 1 mM MgCl<sub>2</sub>, 0.1 mM EGTA, and 0.1% BSA, pH 7.45, at 20 °C. A 1% (w/v) suspension of yttrium silicate beads in 18 mM ZnSO<sub>4</sub> is prepared, and dispensed into a microtiter plate in 25 µl aliquots. A reaction is initiated by mixing 50 µl of the diluted enzyme solution with 50 µl of the assay buffer containing 2 25 µM cAMP and 1.8 µCi (4 × 10<sup>6</sup> dpm) <sup>3</sup>H-cAMP/ml. After 15 minutes, a reaction is quenched by heating to 95 °C for 2 minutes and then cooled, and 50 µl of this quenched solution is added to a pre-plated aliquot of the yttrium silicate beads. Alternatively, the reaction is not quenched, and 50 µl of the reaction mixture is added directly to the pre-plated beads. The beads are allowed to settle, the microtiter plate is sealed, and the reaction mixtures are measured using a scintillation counter.

30 Candidate inhibitor compounds are added to individual reaction mixtures to screen for inhibition of PDE activity. Candidate inhibitor molecules may be selected from known PDE inhibitors, modified PDE inhibitors, peptide libraries, chemical libraries, and combinatorial chemical libraries. Inhibitors of cGMP-specific PDE activity of HPDE can be identified by using the above high-throughput screen with guanosine substrates instead of adenosine substrates. Agonists of PDE 35 activity of HPDE can be identified by using the above high-throughput screen and monitoring for

WO 01/98471

PCT/US01/20140

increased PDE activity instead of decreased PDE activity. Candidate agonist molecules may be selected from known PDE agonists, modified PDE agonists, peptide libraries, chemical libraries, and combinatorial chemical libraries.

5 Various modifications and variations of the described methods and systems of the invention will be apparent to those skilled in the art without departing from the scope and spirit of the invention. Although the invention has been described in connection with certain embodiments, it should be understood that the invention as claimed should not be unduly limited to such specific  
10 embodiments. Indeed, various modifications of the described modes for carrying out the invention which are obvious to those skilled in molecular biology or related fields are intended to be within the scope of the following claims.

15

WO 01/98471

PCT/US01/20140

Table 1

Incyte Seq ID	Polypeptide Seq ID No:	Incyte Polypeptide ID	Polynucleotide Seq ID No:	Incyte Polynucleotide ID
745211	1	7476201C01	5	7476201C01
745212	2	7476201C01	6	7476201C01
2708546	3	2708546C01	7	2708546C01
839038	4	839038C01	8	839038C01

WO 01/98471

PCT/US01/20140

Table 2

Polypeptide SEQ ID NO:	Incyte Polypeptide ID	GenBank ID NO:	Probability score	GenBank Homolog
1	747620ICD1	5654239	9.0e-213	cAMP-specific phosphodiesterase PDE7B (Mus musculus)
2	747631ZCD1	5347863	5.3e-284	cAMP-specific cyclic nucleotide phosphodiesterase PDE8 (Mus musculus)
3	2708696CD1	56459876	2.3e-12	Glycero-phosphoryl diester phosphodiesterase [Deinocerous kadiodurans]
4	6390038CD1	55123564 Q1221525	4.7e-50 4.0e-70	nucleoside pyrophosphatase-like nucleoside pyrophosphatase Purcino nucleoside pyrophosphatase/phosphodiesterase; NPE5 (Mus musculus)

WO 01/98471

PCT/US01/20140

Table 3

SEQ ID NO:	LacI <sub>8</sub> Polypeptide ID	Amino Acid Residues	Potential Phosphorylation Sites	Potential Glycosylation Sites	Signature Sequences, Domains and Motifs	Analytical Methods and Software
1	7476201CD1	502	S270, S401, S515, S537, T177, T188, T251, T449, T492, Y198	N220, N247, N344	3'5'-cyclic nucleotide phosphodiesterase: Y224-E432 3'5'-cyclic nucleotide phosphodiesterase: L246-N297 signature R00126: L483-H219, Y224-Q235, L250-N290, F403-F531, D375-F429 3'5'-cyclic nucleotide phosphodiesterase: R246-N297; S240-V252, T251-R246, M554-N280 3'5'-cyclic nucleotide phosphodiesterase: S292-E306, L371-E384, Q388-E404 DM00370 048499 252-631; H132-P498 3'5'-cyclic nucleotide phosphodiesterase: DM00370 P44270 216-615; H132-E496 3'5'-cyclic nucleotide phosphodiesterase: DM00370 L51229 335-623; H132-E496 3'5'-cyclic nucleotide phosphodiesterase: DM00370 L23924 133-424; H132-E496 3'5'-cyclic nucleotide phosphodiesterase: P000130; Q231-E462 3'5'-cyclic nucleotide phosphodiesterase: EP039306; G90-P223	BLAST-PPAM ProfileScan BLINPS-BLOCKS BLINPS-PRINTS BLAST-DOMO BLAST-DOMO BLAST-DOMO BLAST-DOMO BLAST-PRODOM BLAST-PRODOM

WO 01/98471

PC/T/US01/20140

Table 3 (cont.)

SEQ ID NO.	Incyte Polypeptide ID	Amino Acid Residues	Potential Phosphorylation Sites	Potential Glycosylation Sites	Signature Sequences, Domains and Motifs	Analytical Methods and Databases
2	7476312CPI	885	S111 S116 S143 S157 S198 S215 S231 S241 S247 S254 S274 S323 S317 S374 S385 S378 S399 T373 T385 T470 T494 T539 T568 T596 T653 T696 T715 T807 T870 T89 Y713	N241 N591 N616 N679	Signal Peptide: ML-A49 3'-5'-cyclic nucleotide phosphodiesterase: K64-H653 3'-5'-cyclic nucleotide phosphodiesterase: S26-S67 3'-5'-cyclic nucleotide phosphodiesterase: S26-S67 3'-5'-cyclic nucleotide phosphodiesterase: S26-S67 signature: E00126: L573-R609, Y614-H625, L640-D680 signature: E734, E791-S835 signature: P00387A: S177-D393, H653-R670, A682-K698, S717-D931, E931-S949 3'-5'-cyclic nucleotide phosphodiesterase: DM00370 D07343 316-109, I347-W348 3'-5'-cyclic nucleotide phosphodiesterase: DM00370 E14645 95-473, D542-W369 3'-5'-cyclic nucleotide phosphodiesterase: DM00370 E27915 343-722, D542-W368 3'-5'-cyclic nucleotide phosphodiesterase: DM00370 E38316 167-546, I597-W569 cAMP specific 3',5'-cyclic nucleotide phosphodiesterase: E0165095: E81-R612, EA (EC 3.1.4.17) 3'-5'-cyclic nucleotide phosphodiesterase: E0301130: N612-N664	HMMER-EFAM ProfilesScan MOTIFS BLASTS-BLOCKS BLASTS-PRINTS BLAST-DXMC BLAST-DXMO BLAST-DXNO BLAST-DXMO BLAST-PRODOM BLAST-PRODOM

WO 01/98471

PC1/US01/20140

Table 3 (cont.)

SEQ ID NO	Incyte Polypeptide ID	Amino Acid Residues	Potential Phosphorylation Sites	Potential Glycosylation Sites	Signature Sequences, Domains and Motifs	Analytical Methods and Databases
3	2708696CD1	210	S169 S44 S86 S178 S195 Y112	N100	Signal peptide: M1-G14 Protein phosphatase 1: L39-L49 ED01322B: L53-D58 Glycerophosphoryl diester phosphodiesterase: DM01508 [E54527] 1-159; L39-S203 Glycerophosphoryl diester phosphodiesterase: DM01508 [E41632] 1-145; H45-E184 Glycerophosphoryl diester phosphodiesterase: DM01508 [E47535] 1-165; L43-Y190 Glycerophosphoryl diester phosphodiesterase: P2002135; I43-K153	SPSCAN BLIAPS-PRODOM BLAST-DMO BLAST-DMO BLAST-DMO BLAST-DMO BLAST-PRODOM SPSCAN
4	6390038CD1	469	S188 S27 S3 S31 M131 M152 S403 S465 T115 N177 N199 K133 T215 T267 N298 I281 I300	M152 M177 N199 N298	Signal peptide: M1-G2 Type I phosphodiesterase/nucleotide pyrophosphatase: P21392 Phosphodiesterase, nucleotide pyrophosphatase ED02327: A53-Y369 Somatomedin B DM02434 [A57080] 6-517; R14-Y419 Somatomedin B DM02434 [E22413] 1-517; L65-Y419 Somatomedin B DM02434 [A56144] 1-561; L14-Y419 Somatomedin B DM02434 [P29997] 1-469; L65-R323	SPSCAN RMGR-PPAM BLAST-PRODOM BLAST-DMO BLAST-DMO BLAST-DMO BLAST-DMO

Table 4

Polynucleotide SEQ. ID No.	Inocyte Polynucleotide ID	Sequence Length	Selected Segment(s)	Sequence Fragments	5' Position	3' Position
5	7476201CBL	1802	1-522, 1625-1802	138420761 (BRALN008)	1625	1802
				646340866 (OSTEIN001)	1	540
				776385571 (ORFTR001)	1046	1013
				726386578 (ORFTR001)	793	1652
6	7476312CBL	3622	1-1300, 3782-3523, 3547-3622	500387206 (ADREX003)	2437	3173
				6020728301	461	1244
				7113376161	485	1092
				45655551 (LATRO01)	2575	3176
				676597411 (BRAUN001)	1	705
				228492586 (BRALN001)	3112	3621
7	2708696CBL	750	1-74	6020531501	1156	1803
				677335581 (BRAUN001)	1967	2586
				6020531501	1786	2557
				27086966 (DDBMS2703)	135	70
				7345644101 (BRAND0702)	50	701
				7345644101	304	549
8	6390038CBL	1713	1-269, 1424-1591, 434-993	451706381 (SINNO003)	1	276
				5800523661	1119	1713
				5800534461	825	1712

WO 01/98471

PCT/US01/20140

Table 5

Polynucleotide SEQ ID NO.	Incyte Project ID	Representative Library
5	7476201CBI	URETIVB01
6	7476312CBI	LATINACT01
7	2708696CBI	PCNSAZT01
8	6390036CBI	SLINGACT03

Table 6

Library	Vector	Library Description
LAPRO0701	PELUSCR17F	Library was constructed using RNA isolated from the left atrium of a 51-year-old Caucasian female, who died from an intracranial bleed. This library was constructed using a 5' biased random primed library as described in Example 1.
URET0701	PCDN2.1	Library was constructed using RNA isolated from the ureter of a 51-year-old Caucasian male during a closed bladder biopsy. Pathology indicated in situ and superficially invasive transitional cell carcinoma presenting as 2 separate papillary lesions, one located 7.5 cm from the ureter margin, and the other in the right proximal ureter extending into the renal pelvis. The lesions invaded just into the submucosa. The patient presented with focal in situ transitional cell carcinoma of the ureter, and secondary malignant kidney neoplasm. Patient history included malignant bladder neoplasm, prostatic, chronic airway obstruction, testicular hypofunction, and tobacco abuse. Previous surgeries included appendectomy and transurethral destruction of bladder lesion. Patient medical history includes malignant stomach neoplasm in the father and malignant bladder neoplasm in the mother.
PONS0701	PIKCY	Library was constructed using RNA isolated from diseased tons removed from the brain of a 14-year-old Caucasian male who died from Alzheimer's disease.
SANG0703	PIKCY	Library was constructed using RNA isolated from duodenum tissue removed from the small intestine of a 16-year-old Caucasian male who died from head trauma. Patient history included a kidney infection.

WO 01/98471

PCT/US01/20140

Table 7

Program	Description	Reference	Parameter Threshold
ABI FACTURA	A program that removes vector sequences and masks ambiguous bases in nucleic acid sequences.	Applied Biosystems, Foster City, CA.	
ABIPARACEL FDF	A Fast-Dna Finder useful in comparing and annotating amino acid or nucleic acid sequences.	Applied Biosystems, Foster City, CA; Paracel Inc., Pasadena, CA.	Mismatch <50%
ABI AutoAssembler	A program that assembles nucleic acid sequences.	Applied Biosystems, Foster City, CA.	
BLAST	A Basic Local Alignment Search Tool useful in sequence similarity search for amino acid and nucleic acid sequences. BLAST includes five functions: blastp, blastn, blastx, tblastn, and tblastx.	Altschul, S.F. et al. (1990) <i>J. Mol. Biol.</i> 215:403-410; Altschul, S.F. et al. (1997) <i>Nucleic Acids Res.</i> 25:3389-3402.	ESX: Probability value= 1.0E-8 or less Full Length sequences: Probability value= 1.0E-10 or less
PASTA	A Pearson and Lipman algorithm that searches for similarity between a query sequence and a group of sequences of the same type. PASTA comprises at least five functions: blast, tblast, fastx, tfastx, and ssearch.	Pearson, W.R. and D.J. Lipman (1988) <i>Proc. Natl. Acad. Sci. USA</i> 85:2444-2448; Pearson, W.R. (1990) <i>Molecular Enzymol.</i> 183:63-98; and Smith, T.F. and M.S. Waterman (1981) <i>Adv. Appl. Math.</i> 2:482-489.	ESX: fast E value=1.0E-6 Assembled ESX: fastx Identify= 95% or greater and Match length=200 bases or greater; fastx E value= 1.0E-8 or less Full Length sequences: fastx score=100 or greater
BLUMPS	A BLOCKS IMProved Searcher that matches a sequence against those in BLOCKS, PRINTS, DOMO, PRODOM, and PFAM databases to search for gene families, sequence homology, and structural fingerprint regions.	Henikoff, S. and J.G. Henikoff (1991) <i>Nucleic Acids Res.</i> 19:6565-6572; Henikoff, J.G. and S. Henikoff (1996) <i>Methods Enzymol.</i> 266:88-105; and Atwood, T.K. et al. (1997) <i>J. Chem. Inf. Comput. Sci.</i> 37:417-424.	Probability value= 1.0E-3 or less
HMMER	An algorithm for searching a query sequence against hidden Markov model (HMM)-based databases of protein family consensus sequences, such as PFAM.	Krogh, A. et al. (1994) <i>J. Mol. Biol.</i> 235:1301-1332; Sambraner, E.J.L. et al. (1983) <i>Nucleic Acids Res.</i> 26:320-322; Durbin, R. et al. (1998) <i>Our World View, in a Nucleic Acid</i> , Cambridge Univ. Press, pp. 1-350.	PFAM hit: Probability value= 1.0E-5 or less Signal peptide hit: Score=0 or greater

WO 01/98471

PC/T/US01/20140

Table 7 (cont.)

Program	Description	Reference	Parameter Threshold
ProfileScan	An algorithm that searches for structural and sequence motifs in protein sequences that match sequence patterns defined in Prosite.	Grishkov, M. et al. (1988) CABIOS 4:61-66; Grishkov, M. et al. (1989) Methods Enzymol. 183:144-159; Baroch, A. et al. (1997) Nucleic Acids Res. 25:217-221.	Normalized quality scores (CUI-specified "HIGH" value for that particular Prosite motif. Generally, score=14-21.
Phred	A base-calling algorithm that examines automated sequencer traces with high sensitivity and probability.	Ewing, B. et al. (1998) Genome Res. 8:175-182; Ewing, B. and P. Green (1998) Genome Res. 8:186-194.	
Phrap	A Phrap Revised Assembly Program including SWAT and CrossMatch programs based on efficient implementation of the Smith-Waterman algorithm, useful in ascribing sequence homology and assembling DNA sequences.	Smith, T.F. and M.S. Waterman (1981) Adv. Appl. Math. 2:482-489; Smith, T.F. and M.S. Waterman (1981) J. Mol. Biol. 147:195-197; and Green, P., University of Washington, Seattle, WA.	Score=120 or greater; Match length=56 or greater
Censel	A graphical tool for viewing and editing Phrap assemblies.	Gordon, D. et al. (1998) Genome Res. 8:195-202.	
SFScan	A weight matrix analysis program that scans protein sequences for the presence of secretory signal peptides.	Niakon, H. et al. (1997) Protein Engineering 10:1-6; Clavette, J.M. and S. Audic (1997) CABIOS 12:431-439.	Score=3.5 or greater
TMAP	A program that uses weight matrices to delineate transmembrane segments on protein sequences and determine orientation.	Persson, B. and P. Argos (1994) J. Mol. Biol. 237:182-192; Persson, B. and P. Argos (1996) Protein Sci. 5:362-371.	
TMHMMER	A program that uses a hidden Markov model (HMM) to delineate transmembrane segments on protein sequences and determine orientation.	Southern, E.L. et al. (1998) Proc. Sixth Int. Conf. on Intelligent Systems for Mol. Biol., Chicago et al., eds., The Am. Assoc. for Artificial Intelligence Press, Menlo Park, CA, pp. 175-182.	
MeDis	A program that searches amino acid sequences for patterns that matched those defined in Prosite.	Baroch, A. et al. (1997) Nucleic Acids Res. 25:217-221; Wisconsin Package Program Manual, version 9, pages M51-59, Genetics Computer Group, Madison, WI.	

WO 01/98471

PCT/US01/20140

What is claimed is:

1. An isolated polypeptide selected from the group consisting of:
  - a) a polypeptide comprising an amino acid sequence selected from the group consisting of  
5 SEQ ID NO:1-4,
  - b) a naturally occurring polypeptide comprising an amino acid sequence at least 90%  
identical to an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4,
  - c) a biologically active fragment of a polypeptide having an amino acid sequence selected  
from the group consisting of SEQ ID NO:1-4, and
  - 10 d) an immunogenic fragment of a polypeptide having an amino acid sequence selected from  
the group consisting of SEQ ID NO:1-4.
2. An isolated polypeptide of claim 1 selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4.
- 15 3. An isolated polynucleotide encoding a polypeptide of claim 1.
4. An isolated polynucleotide encoding a polypeptide of claim 2.
5. An isolated polynucleotide of claim 4 selected from the group consisting of SEQ ID  
20 NO:5-8.
6. A recombinant polynucleotide comprising a promoter sequence operably linked to a  
polynucleotide of claim 3.
- 25 7. A cell transformed with a recombinant polynucleotide of claim 6.
8. A transgenic organism comprising a recombinant polynucleotide of claim 6.
9. A method for producing a polypeptide of claim 1, the method comprising:
  - a) culturing a cell under conditions suitable for expression of the polypeptide, wherein said  
30 cell is transformed with a recombinant polynucleotide, and said recombinant polynucleotide  
comprises a promoter sequence operably linked to a polynucleotide encoding the polypeptide of  
claim 1, and
  - b) recovering the polypeptide so expressed.
- 35

WO 01/98471

PCT/US01/20140

10. An isolated antibody which specifically binds to a polypeptide of claim 1.
11. An isolated polynucleotide selected from the group consisting of:
- 5 a) a polynucleotide comprising a polynucleotide sequence selected from the group consisting of SHQ ID NO:5-8,
- b) a naturally occurring polynucleotide comprising a polynucleotide sequence at least 90% identical to a polynucleotide sequence selected from the group consisting of SHQ ID NO:5-8,
- c) a polynucleotide complementary to a polynucleotide of a),
- d) a polynucleotide complementary to a polynucleotide of b), and
- 10 e) an RNA equivalent of a)-d).
12. An isolated polynucleotide comprising at least 60 contiguous nucleotides of a polynucleotide of claim 11.
- 15 13. A method for detecting a target polynucleotide in a sample, said target polynucleotide having a sequence of a polynucleotide of claim 11, the method comprising:
- a) hybridizing the sample with a probe comprising at least 20 contiguous nucleotides comprising a sequence complementary to said target polynucleotide in the sample, and which probe specifically hybridizes to said target polynucleotide, under conditions whereby a hybridization
- 20 complex is formed between said probe and said target polynucleotide or fragments thereof, and
- b) detecting the presence or absence of said hybridization complex, and, optionally, if present, the amount thereof.
14. A method of claim 13, wherein the probe comprises at least 60 contiguous nucleotides.
- 25 15. A method for detecting a target polynucleotide in a sample, said target polynucleotide having a sequence of a polynucleotide of claim 11, the method comprising:
- a) amplifying said target polynucleotide or fragment thereof using polymerase chain reaction amplification, and
- 30 b) detecting the presence or absence of said amplified target polynucleotide or fragment thereof, and, optionally, if present, the amount thereof.
16. A composition comprising a polypeptide of claim 1 and a pharmaceutically acceptable excipient.
- 35

WO 01/98471

PCT/US01/20140

17. A composition of claim 16, wherein the polypeptide has an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO: 1-4.

18. A method for treating a disease or condition associated with decreased expression of functional HPDE, comprising administering to a patient in need of such treatment the composition of claim 16.

19. A method for screening a compound for effectiveness as an agonist of a polypeptide of claim 1, the method comprising:

- a) exposing a sample comprising a polypeptide of claim 1 to a compound, and
- b) detecting agonist activity in the sample.

20. A composition comprising an agonist compound identified by a method of claim 19 and a pharmaceutically acceptable excipient.

21. A method for treating a disease or condition associated with decreased expression of functional HPDE, comprising administering to a patient in need of such treatment a composition of claim 20.

22. A method for screening a compound for effectiveness as an antagonist of a polypeptide of claim 1, the method comprising:

- a) exposing a sample comprising a polypeptide of claim 1 to a compound, and
- b) detecting antagonist activity in the sample.

23. A composition comprising an antagonist compound identified by a method of claim 22 and a pharmaceutically acceptable excipient.

24. A method for treating a disease or condition associated with overexpression of functional HPDE, comprising administering to a patient in need of such treatment a composition of claim 23.

25. A method of screening for a compound that specifically binds to the polypeptide of claim 1, said method comprising the steps of:

- a) combining the polypeptide of claim 1 with at least one test compound under suitable conditions, and
- b) detecting binding of the polypeptide of claim 1 to the test compound, thereby identifying a

WO 01/98471

PCT/US01/20140

compound that specifically binds to the polypeptide of claim 1.

26. A method of screening for a compound that modulates the activity of the polypeptide of claim 1, said method comprising:

- 5 a) combining the polypeptide of claim 1 with at least one test compound under conditions permissive for the activity of the polypeptide of claim 1,  
b) assessing the activity of the polypeptide of claim 1 in the presence of the test compound,  
and  
c) comparing the activity of the polypeptide of claim 1 in the presence of the test compound  
10 with the activity of the polypeptide of claim 1 in the absence of the test compound, wherein a change in the activity of the polypeptide of claim 1 in the presence of the test compound is indicative of a compound that modulates the activity of the polypeptide of claim 1.

27. A method for screening a compound for effectiveness in altering expression of a target  
15 polynucleotide, wherein said target polynucleotide comprises a sequence of claim 5, the method comprising:

- a) exposing a sample comprising the target polynucleotide to a compound, under conditions suitable for the expression of the target polynucleotide,  
b) detecting altered expression of the target polynucleotide, and  
20 c) comparing the expression of the target polynucleotide in the presence of varying amounts of the compound and in the absence of the compound.

28. A method for assessing toxicity of a test compound, said method comprising:

- a) treating a biological sample containing nucleic acids with the test compound;  
25 b) hybridizing the nucleic acids of the treated biological sample with a probe comprising at least 20 contiguous nucleotides of a polynucleotide of claim 11 under conditions whereby a specific hybridization complex is formed between said probe and a target polynucleotide in the biological sample, said target polynucleotide comprising a polynucleotide sequence of a polynucleotide of claim 11 or fragment thereof;  
30 c) quantifying the amount of hybridization complex; and  
d) comparing the amount of hybridization complex in the treated biological sample with the amount of hybridization complex in an untreated biological sample, wherein a difference in the amount of hybridization complex in the treated biological sample is indicative of toxicity of the test compound.

WO 01/98471

PCT/US01/20140

29. A diagnostic test for a condition or disease associated with the expression of HPDE in a biological sample comprising the steps of:
- a) combining the biological sample with an antibody of claim 10, under conditions suitable
- 5 for the antibody to bind the polypeptide and form an antibody:polypeptide complex; and
- b) detecting the complex, wherein the presence of the complex correlates with the presence of the polypeptide in the biological sample.
30. The antibody of claim 10, wherein the antibody is:
- a) a chimeric antibody,
  - b) a single chain antibody,
  - c) a Fab fragment,
  - d) a F(ab')<sub>2</sub> fragment, or
  - e) a humanized antibody.
- 15
31. A composition comprising an antibody of claim 10 and an acceptable excipient.
32. A method of diagnosing a condition or disease associated with the expression of HPDE in a subject, comprising administering to said subject an effective amount of the composition of claim
- 20 31.
33. A composition of claim 31, wherein the antibody is labeled.
34. A method of diagnosing a condition or disease associated with the expression of HPDE
- 25 in a subject, comprising administering to said subject an effective amount of the composition of claim 33.
35. A method of preparing a polyclonal antibody with the specificity of the antibody of claim 10 comprising:
- a) immunizing an animal with a polypeptide having an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4, or an immunogenic fragment thereof, under conditions to elicit an antibody response;
  - b) isolating antibodies from said animal; and
  - c) screening the isolated antibodies with the polypeptide, thereby identifying a polyclonal

WO 01/98471

PCT/US01/20140

antibody which binds specifically to a polypeptide having an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4.

36. An antibody produced by a method of claim 35.
- 5 37. A composition comprising the antibody of claim 36 and a suitable carrier.
38. A method of making a monoclonal antibody with the specificity of the antibody of claim 10 comprising:
- 10 a) immunizing an animal with a polypeptide having an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4, or an immunogenic fragment thereof, under conditions to elicit an antibody response;
- b) isolating antibody producing cells from the animal;
- c) fusing the antibody producing cells with immortalized cells to form monoclonal antibody-
- 15 producing hybridoma cells;
- d) culturing the hybridoma cells; and
- e) isolating from the culture monoclonal antibody which binds specifically to a polypeptide having an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4.
- 20 39. A monoclonal antibody produced by a method of claim 38.
40. A composition comprising the antibody of claim 39 and a suitable carrier.
41. The antibody of claim 10, wherein the antibody is produced by screening a Fab
- 25 expression library.
42. The antibody of claim 10, wherein the antibody is produced by screening a recombinant immunoglobulin library.
- 30 43. A method for detecting a polypeptide having an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4 in a sample, comprising the steps of:
- a) incubating the antibody of claim 10 with a sample under conditions to allow specific binding of the antibody and the polypeptide; and
- b) detecting specific binding, wherein specific binding indicates the presence of a

WO 01/98471

PCT/US01/20140

polypeptide having an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4 in the sample.

44. A method of purifying a polypeptide having an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4 from a sample, the method comprising:

- a) incubating the antibody of claim 10 with a sample under conditions to allow specific binding of the antibody and the polypeptide; and
- b) separating the antibody from the sample and obtaining the purified polypeptide having an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NO:1-4.

10

45. A polypeptide of claim 1, comprising the amino acid sequence of SEQ ID NO:1.

46. A polypeptide of claim 1, comprising the amino acid sequence of SEQ ID NO:2.

15

47. A polypeptide of claim 1, comprising the amino acid sequence of SEQ ID NO:3.

48. A polypeptide of claim 1, comprising the amino acid sequence of SEQ ID NO:4.

20

49. A polynucleotide of claim 11, comprising the polynucleotide sequence of SEQ ID NO:5.

50. A polynucleotide of claim 11, comprising the polynucleotide sequence of SEQ ID NO:6.

51. A polynucleotide of claim 11, comprising the polynucleotide sequence of SEQ ID NO:7.

25

52. A polynucleotide of claim 11, comprising the polynucleotide sequence of SEQ ID NO:8.

WO 01/98471

PCT/US01/20140

<116> INCYTE GENOMICS, INC.  
 THORNTON, Michael  
 DING, Li  
 PATTERSON, Chandra  
 YAO, Monique G.  
 TRIBOLEY, Catherine M.  
 LAL, Preeti  
 HAFALTA, April J. A.  
 BAUGHN, Mariah R.  
 RAMKUMAR, Jayalaxmi  
 LU, Yan  
 WALLA, Navinder K.

<120> PHOSPHODIESTERASES

<130> PI-0136 PCT

<140> To Be Assigned  
 <141> Herewith

<150> 60/213,741; 60/213,234; 60/241,100  
 <151> 2000-06-22; 2000-07-14; 2000-10-16

<160> 8  
 <170> PERL Program

<210> 1  
 <211> 502  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

<220>  
 <221> misc\_feature  
 <223> Incyte ID No: 7476201CD1

<400> 1  
 Met Pro Val Leu Glu Arg Tyr Phe His Pro Ala Glu Leu Gly Arg  
 1 5 10 15  
 Arg Trp Thr Gly Pro Glu Gly Val Leu Pro Ser Ser Pro Gly Ser  
 20 25 30  
 Arg Pro Gly Cys Gln Gln Gly Pro Leu Pro Trp Asp Leu Pro Glu  
 35 40 45  
 Met Ile Arg Met Val Lys Leu Val Trp Lys Ser Lys Ser Glu Leu  
 50 55 60  
 Gln Ala Thr Lys Gln Arg Gly Ile Leu Asp Asn Glu Asp Ala Leu  
 65 70 75  
 Arg Ser Phe Pro Gly Asp Ile Arg Leu Arg Gly Gln Thr Gly Val  
 80 85 90  
 Arg Ala Glu Arg Arg Gly Ser Tyr Pro Phe Ile Asp Phe Arg Leu  
 95 100 105  
 Leu Asn Ser Thr Thr Tyr Ser Gly Glu Ile Gly Thr Lys Lys Lys  
 110 115 120  
 Val Lys Arg Leu Ser Phe Gln Arg Tyr Phe His Ala Ser Arg  
 125 130 135  
 Leu Leu Arg Gly Ile Ile Pro Gln Ala Pro Leu His Leu Leu Asp  
 140 145 150  
 Glu Asp Tyr Leu Gly Gln Ala Arg His Met Leu Ser Lys Val Gly  
 155 160 165  
 Met Trp Asp Phe Asp Ile Phe Leu Phe Asp Arg Leu Thr Asn Gly  
 170 175 180  
 Asn Ser Leu Val Thr Leu Leu Cys His Leu Phe Asn Thr His Gly  
 185 190

WO 01/98471

PCT/US01/20140

Leu Ile His His Phe Lys Leu Asp Met Val Thr Leu His Arg Phe  
 200 205 210  
 Leu Val Met Val Gln Glu Asp Tyr His Ser Gln Asn Pro Tyr His  
 215 220 225  
 Asn Ala Val His Ala Ala Asp Val Thr Gln Ala Met His Cys Tyr  
 230 235 240  
 Leu Lys Glu Pro Lys Leu Ala Ser Phe Leu Thr Pro Leu Asp Ile  
 245 250 255  
 Met Leu Gly Leu Leu Ala Ala Ala Ala His Asp Val Asp His Pro  
 260 265 270  
 Gly Val Asn Gln Pro Phe Leu Ile Lys Thr Asn His His Leu Ala  
 275 280 285  
 Asn Leu Tyr Gln Asn Met Ser Val Leu Glu Asn His His Trp Arg  
 290 295 300  
 Ser Thr Ile Gly Met Leu Arg Glu Ser Arg Leu Leu Ala His Leu  
 305 310 315  
 Pro Lys Glu Met Thr Gln Asp Ile Glu Gln Gln Leu Gly Ser Leu  
 320 325 330  
 Ile Leu Ala Thr Asp Ile Asn Arg Gln Asn Glu Phe Leu Thr Arg  
 335 340 345  
 Leu Lys Ala His Leu His Asn Lys Asp Leu Arg Leu Glu Asp Ala  
 350 355 360  
 Gln Asp Arg His Phe Met Leu Gln Ile Ala Leu Lys Cys Ala Asp  
 365 370 375  
 Ile Cys Asn Pro Cys Arg Ile Trp Glu Met Ser Lys Gln Trp Ser  
 380 385 390  
 Glu Arg Val Cys Glu Glu Phe Tyr Arg Gln Gly Glu Leu Glu Gln  
 395 400 405  
 Lys Phe Glu Leu Glu Ile Ser Pro Leu Cys Asn Gln Gln Lys Asp  
 410 415 420  
 Ser Ile Pro Ser Ile Gln Ile Gly Phe Met Ser Tyr Ile Val Glu  
 425 430 435  
 Pro Leu Phe Arg Glu Trp Ala His Phe Thr Gly Asn Ser Thr Leu  
 440 445 450  
 Ser Glu Asn Met Leu Gly His Leu Ala His Asn Lys Ala Gln Trp  
 455 460 465  
 Lys Ser Leu Leu Pro Arg Gln His Arg Ser Arg Gly Ser Ser Gly  
 470 475 480  
 Ser Gly Pro Asp His Asp His Ala Gly Gln Gly Thr Glu Ser Glu  
 485 490 495  
 Glu Gln Glu Gly Asp Ser Pro  
 500

<210> 2  
 <211> 885  
 <213> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <223> Incyte ID No: 7476312CD1

<400> 2  
 Met Gly Cys Ala Pro Ser Ile His Val Ser Gln Ser Gly Val Ile  
 1 5 10  
 Tyr Cys Arg Asp Ser Asp Glu Ser Ser Ser Pro Arg Gln Thr Thr  
 15 20 25 30  
 Ser Val Ser Gln Gly Pro Ala Ala Pro Leu Pro Gly Leu Phe Val  
 35 40 45  
 Gln Thr Asp Ala Ala Asp Ala Ile Pro Pro Ser Arg Ala Ser Gly  
 50 55 60  
 Pro Pro Ser Val Ala Arg Val Arg Arg Ala Arg Thr Glu Leu Gly  
 65 70 75

WO 01/98471

PCT/US01/20140

Ser Gly Ser Ser Ala Gly Ser Ala Ala Pro Ala Ala Thr Thr Ser  
 80 85 90  
 Arg Gly Arg Arg Arg His Cys Cys Ser Ser Ala Glu Ala Glu Thr  
 95 100 105  
 Gln Thr Cys Tyr Thr Ser Val Lys Glu Val Ser Ser Ala Glu Val  
 110 115 120  
 Arg Ile Gly Pro Met Arg Leu Thr Gln Asp Pro Ile Gln Val Leu  
 125 130 135  
 Leu Ile Phe Ala Lys Glu Asp Ser Gln Ser Asp Gly Phe Trp Trp  
 140 145 150  
 Ala Cys Asp Arg Ala Gly Tyr Arg Cys Asn Ile Ala Arg Thr Pro  
 155 160 165  
 Glu Ser Ala Leu Glu Cys Phe Leu Asp Lys His His Glu Ile Ile  
 170 175 180  
 Val Ile Asp His Arg Gln Thr Gln Asn Phe Asp Ala Glu Ala Val  
 185 190 195  
 Cys Arg Ser Ile Arg Ala Thr Asn Pro Ser Glu His Thr Val Ile  
 200 205 210  
 Leu Ala Val Val Ser Arg Val Ser Asp Asp His Glu Glu Ala Ser  
 215 220 225  
 Val Leu Pro Leu Leu His Ala Gly Phe Asn Arg Arg Phe Met Glu  
 230 235 240  
 Asn Ser Ser Ile Ile Ala Cys Tyr Asn Glu Leu Ile Gln Ile Glu  
 245 250 255  
 His Gly Glu Val Arg Ser Gln Phe Lys Leu Arg Ala Cys Asn Ser  
 260 265 270  
 Val Phe Thr Ala Leu Asp His Cys His Glu Ala Ile Glu Ile Thr  
 275 280 285  
 Ser Asp Asp His Val Ile Gln Tyr Val Asn Pro Ala Phe Glu Arg  
 290 295 300  
 Met Met Gly Tyr His Lys Gly Glu Leu Leu Gly Lys Glu Leu Ala  
 305 310 315  
 Asp Leu Pro Lys Ser Asp Lys Asn Arg Ala Asp Leu Leu Asp Thr  
 320 325 330  
 Ile Asn Thr Cys Ile Lys Lys Gly Lys Glu Trp Gln Gly Val Tyr  
 335 340 345  
 Tyr Ala Arg Arg Lys Ser Gly Asp Ser Ile Gln Gln His Val Lys  
 350 355 360  
 Ile Thr Pro Val Ile Gly Gln Gly Gly Lys Ile Arg His Phe Val  
 365 370 375  
 Ser Leu Lys Lys Leu Cys Cys Thr Thr Asp Asn Asn Lys Gln Ile  
 380 385 390  
 His Lys Ile His Arg Asp Ser Gly Asp Asn Ser Gln Thr Glu Pro  
 395 400 405  
 His Ser Phe Arg Tyr Lys Asn Arg Arg Lys Glu Ser Ile Asp Val  
 410 415 420  
 Lys Ser Ile Ser Ser Arg Gly Ser Asp Ala Pro Ser Leu Gln Asn  
 425 430 435  
 Arg Arg Tyr Pro Ser Met Ala Arg Ile His Ser Met Thr Ile Glu  
 440 445 450  
 Ala Pro Ile Thr Lys Val Ile Asn Ile Ile Asn Ala Ala Gln Glu  
 455 460 465  
 Asn Ser Pro Val Thr Val Ala Glu Ala Leu Asp Arg Val Leu Glu  
 470 475 480  
 Ile Leu Arg Thr Thr Glu Leu Tyr Ser Pro Gln Leu Gly Thr Lys  
 485 490 495  
 Asp Glu Asp Pro His Thr Ser Asp Leu Val Gly Gly Leu Met Thr  
 500 505 510  
 Asp Gly Leu Arg Arg Leu Ser Gly Asn Glu Tyr Val Phe Thr Lys  
 515 520 525  
 Asn Val His Gln Ser His Ser His Leu Ala Met Pro Ile Thr Ile  
 530 535 540  
 Asn Asp Val Pro Pro Cys Ile Ser Gln Leu Leu Asp Asn Glu Glu

WO 01/98471

PCT/US01/20140

545 550 555  
Ser Trp Asp Phe Asn Ile Phe Glu Leu Glu Ala Ile Thr His Lys  
560 565 570  
Arg Pro Leu Val Tyr Leu Gly Leu Lys Val Phe Ser Arg Phe Gly  
575 580 585  
Val Cys Glu Phe Leu Asn Cys Ser Glu Thr Thr Leu Arg Ala Trp  
590 595 600  
Phe Gln Val Ile Glu Ala Asn Tyr His Ser Ser Asn Ala Tyr His  
605 610 615  
Asn Ser Thr His Ala Ala Asp Val Leu His Ala Thr Ala Phe Phe  
620 625 630  
Leu Gly Lys Glu Arg Val Lys Gly Ser Leu Asp Gln Leu Asp Glu  
635 640 645  
Val Ala Ala Leu Ile Ala Ala Thr Val His Asp Val Asp His Pro  
650 655 660  
Gly Arg Thr Asn Ser Phe Leu Cys Asn Ala Gly Ser Glu Leu Ala  
665 670 675  
Val Leu Tyr Asn Asp Thr Ala Val Leu Glu Ser His His Thr Ala  
680 685 690  
Leu Ala Phe Gln Leu Thr Val Lys Asp Thr Lys Cys Asn Ile Phe  
695 700 705  
Lys Asn Ile Asp Arg Asn His Tyr Arg Thr Leu Arg Gln Ala Ile  
710 715 720  
Ile Asp Met Val Leu Ala Thr Glu Met Thr Lys His Phe Glu His  
725 730 735  
Val Asn Lys Phe Val Asn Ser Ile Asn Lys Pro Met Ala Ala Glu  
740 745 750  
Ile Glu Gly Ser Asp Cys Glu Cys Asn Pro Ala Gly Lys Asn Phe  
755 760 765  
Pro Glu Asn Gln Ile Leu Ile Lys Arg Met Met Ile Lys Cys Ala  
770 775 780  
Asp Val Ala Asn Pro Cys Arg Pro Leu Asp Leu Cys Ile Glu Trp  
785 790 795  
Ala Gly Arg Ile Ser Glu Glu Tyr Phe Ala Gln Thr Asp Glu Glu  
800 805 810  
Lys Arg Gln Gly Leu Pro Val Val Met Pro Val Phe Asp Arg Asn  
815 820 825  
Thr Cys Ser Ile Pro Lys Ser Gln Ile Ser Phe Ile Asp Tyr Phe  
830 835 840  
Ile Thr Asp Met Phe Asp Ala Trp Asp Ala Phe Ala His Leu Pro  
845 850 855  
Ala Leu Met Gln His Leu Ala Asp Asn Tyr Lys His Trp Lys Thr  
860 865 870  
Leu Asp Asp Leu Lys Cys Lys Ser Leu Arg Leu Pro Ser Asp Ser  
875 880 885

<210> 3  
<211> 210  
<212> PRT  
<213> Homo sapiens

<220>  
<221> misc\_feature  
<223> Incyte ID No: 2708696CD1

<400> 3  
Met Ser Ser Thr Ala Ala Phe Tyr Leu Leu Ser Thr Leu Gly Gly  
1 5 10 15  
Tyr Leu Val Thr Ser Phe Leu Leu Leu Lys Tyr Pro Thr Leu Leu  
20 25 30  
His Gln Arg Lys Lys Gln Arg Phe Leu Ser Lys His Ile Ser His  
35 40 45

WO 01/98471

PCT/US01/20140

Arg Gly Gly Ala Gly Glu Asn Leu Glu Asn Thr Met Ala Ala Phe  
 50 55 60  
 Gln His Ala Val Lys Ile Gly Thr Asp Met Leu Glu Leu Asp Cys  
 65 70 75  
 His Ile Thr Lys Asp Glu Gln Val Val Val Ser His Asp Glu Asn  
 80 85 90  
 Leu Lys Arg Ala Thr Gly Val Asn Val Asn Ile Ser Asp Leu Lys  
 95 100 105  
 Tyr Cys Glu Leu Pro Pro Tyr Leu Gly Lys Leu Asp Val Ser Phe  
 110 115 120  
 Gln Arg Ala Cys Gln Cys Glu Gly Lys Asp Asn Arg Ile Pro Leu  
 125 130 135  
 Leu Lys Glu Val Phe Glu Ala Phe Pro Asn Thr Pro Ile Asn Ile  
 140 145 150  
 Asp Ile Lys Val Asn Asn Asn Val Leu Ile Lys Lys Val Ser Glu  
 155 160 165  
 Leu Val Lys Arg Tyr Asn Arg Glu His Leu Thr Val Trp Gly Asn  
 170 175 180  
 Ala Asn Tyr Glu Ile Val Glu Lys Cys Tyr Lys Glu Ala Lys Arg  
 185 190 195  
 Thr Thr His His Val Gln Lys Ser Lys Val Ser His Leu Ala Phe  
 200 205 210

&lt;210&gt; 4

&lt;211&gt; 489

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Homo sapiens

&lt;230&gt;

&lt;231&gt; misc\_feature

&lt;232&gt; Incyte ID No: 5390038CD1

&lt;400&gt; 4

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

WO 01/98471

PCT/US01/20140

215 220 225  
Phe Gly Glu Pro Asp Ser Thr Gly His Arg Tyr Gly Pro Glu Ser  
230 235 240  
Pro Glu Arg Arg Glu Met Val Arg Gln Val Asp Arg Thr Val Gly  
245 250 255  
Tyr Leu Arg Glu Ser Ile Ala Arg Asn His Leu Thr Asp Arg Leu  
260 265 270  
Asn Leu Ile Ile Thr Ser Asp His Gly Met Thr Thr Val Asp Lys  
275 280 285  
Arg Ala Gly Asp Leu Val Glu Thr His Lys Phe Pro Asn Phe Thr  
290 295 300  
Phe Arg Asp Ile Glu Phe Glu Leu Leu Asp Tyr Gly Pro Asn Gly  
305 310 315  
Met Leu Leu Pro Lys Glu Gly Arg Leu Glu Lys Val Tyr Asp Ala  
320 325 330  
Leu Lys Asp Ala His Pro Lys Leu His Val Tyr Lys Lys Glu Ala  
335 340 345  
Phe Pro Glu Ala Phe His Tyr Ala Asn Asn Pro Arg Val Thr Pro  
350 355 360  
Leu Leu Met Tyr Ser Asp Leu Gly Tyr Val Ile His Gly Arg Ile  
365 370 375  
Asn Val Gln Phe Asn Asn Gly Glu His Gly Phe Asp Asn Lys Asp  
380 385 390  
Met Asp Met Lys Thr Ile Phe Arg Ala Val Gly Pro Ser Phe Arg  
395 400 405  
Ala Gly Leu Glu Val Glu Pro Phe Glu Ser Val His Val Tyr Glu  
410 415 420  
Leu Met Cys Arg Leu Leu Gly Ile Val Pro Glu Ala Asn Asp Gly  
425 430 435  
His Leu Ala Thr Leu Leu Pro Met Leu His Thr Glu Ser Ala Leu  
440 445 450  
Pro Pro Asp Gly Arg Pro Thr Leu Leu Pro Lys Gly Arg Ser Ala  
455 460 465  
Leu Pro Pro Ser Ser Arg Pro Leu Leu Val Met Gly Leu Leu Gly  
470 475 480  
Thr Val Ile Leu Leu Ser Glu Val Ala  
485

<210> 5  
<211> 1802  
<212> DNA  
<213> Homo sapiens

<220>  
<221> misc feature  
<223> Incyte ID No: 7476201C51

<400> 5  
tggtacagta ccagtttctc accagagaga aacctagggg agtgaatgc tctcgtcggc 60  
agtgtttgtg gaggccctga agagacagg aggttgggcc agcctggagg aggottgtct 120  
ttccgaagct ggagaggatc ttacgggggg ttgccttttc cctgcctggg aagaatttcc 180  
ccgtgggtag cagcagcagc agcagcagaa gcagaacag cagcagcagc aacagcagca 240  
gcagcagcag caccaccacc accactacct cctcttctgg ggcacagac agaatgcctg 300  
tgctagagcg ctatttccac ccagcagagc taggcaggag gtggacaggc ccagaaggig 360  
tgctgccttc ctcccggga agccggccgg ggtccagca gggcccgctg ccctgggact 420  
tgccagagat galcaggatg gtaaacctgg ttggaaatc caaaagtgg ctgcaggcga 480  
ccaaacagag aggcattctg gacaatgaag atgctctccg cagctttccc ggagatatac 540  
gactcagggg ccagcagggg gttgtgctg aagcctggg ctctacccca ttcattgact 600  
tcgcctactt taccagtaaa acatctccag gggagctgg caccagaaa sagtgnaaa 660  
gactattaag ctttcaaaa tacttccatg catcaggct gcttctgga abttaccac 720  
aagccctctc gcccttgcct gabaagact acctggaca agcaaggcat atgctctcca 780  
aagtgggaat gtggattttt gaacttttct tgtttgatcg cttgacaaat ggaacagcc 840  
tggtaacact gttgtgcctc ctcttcaata cccctggact cttccacct tccaagttag 900

WO 01/98471

PC/T/US01/20140

```

atattgtgac cttacaacga tttttagtea lggttcaaga agattaccac agccaaaacc 960
cgtatcacaa tgcgtttoac gcagccgacg tcacccaggc catgcaactgc taactgaaag 1020
agcraaagct tgcagctcic ctccagcctc tggacatcat gcttggactg ctgctgcaag 1080
cagcacacga lglggaccac ccagggttga accagocatt ttgatataaa actaaccaac 1140
atcttgcana cctataticag aataigtctg tgcctggagaa tcatcactgg agatctacaa 1200
tlngcalgtc tccgaataca aggcctcttg ccaatctgoc aaaggaatg scacagpata 1260
tgaacagca gctgggctcc ttgatcttgg caacagacat caacagpccg aatlgatitt 1320
tgaacagat tgaagctaac ctccacata aagacttaag actggagat gcacagpaca 1380
ggcaatttat gcttongate gcttgaagt gtgctgaal tgcactctc tgtagatctc 1440
gggagatgag caagcagtg agtgaaggg tctatgaaga attctacag caagytgaac 1500
ttgaacagaa attgnaactg gaactcagtc ctctctgta tcaacagana gatttccatc 1560
ctagatataca aattggcttc atgagctaca tctggagacc gctcttccgg gaatggycac 1620
atttcaaggg taacagcanc ctgtcggaga acatgctggg ccactctgca cacaacaagg 1680
cccagtgaaa gagcctgttg cccagggcag acagaagcag gggcagcagt ggcagcgggc 1740
ctgaccacga ccacgcagcc caaggyactg agagcuaaga gcaggaaggc gacagccctc 1800
ag 1802

```

```

<210> 6
<211> 1802
<212> DNA
<213> Homo sapiens

```

```

<220>
<221> misc_feature
<223> incyte ID No: 7476312CE1

```

```

<400> 6
ggcggggggg ggcggggggg ggagccgggc cgggggatgg gctgcgcccc cagcatccat 60
gtctcggcag ggcgggtgat ctactgcggg gactcggagc agtccagctc gcccccgcaq 120
accaccagag tglgpcaggg ccggcggcga cccctggccc gctctcttgt ccagaccgac 180
gctcgggggg ccatcccccc gagccacgca tccggacccc ccagcgttagc ccgctccggc 240
agggccggca ccagactggc cagcggtagc agcggggggt ccagcggccc cggcgggacc 300
accacagagg gccggggggg ccactgctgc gctggggccc agcccgagac tccagactgc 360
tacaaccagc tgaagcaggt gctctctgag gactcggcga tccggcccat gagactgagc 420
cagaccctca ttcaagtttt gctgatcttt gcaagggag atagtcagag ccatgcttcc 480
tggatggccc ggcagcagagc tggttataga tgaatatttg ctggactcc agagtcagcc 540
cttgaatgct ttcttgataa gcatcatgaa attatgttaa ttgatcatag acaactcag 600
aacctcgatg cagaagcagc gtgcaggctc atccgggcca caaatccctc cagacacacg 660
gtgatctcag cagtggcttc gcgagtatcg gatgacatg aagaggctc agtctctctc 720
ctctcccaag caggcttcaa caggagattt atggagata gcagcataat tgettgctat 780
aatgaaactg ttcaaalaga acatggggaa gttcgtccc agttcaaat acgggctctg 840
aatlcagtgL ttacagcatt agatcaactg catgagccca tagaataaac aagcgtgac 900
cagggatcc agtatgctaa cccagccttc gaaggatga tgggtcacca caaagytgag 960
ctctcgggaa aagaactcgc tgatctgccc aaaaagcaba agaacggggc agactctctc 1020
gacacatca atcaatgcat caagaaagga agggawtggc agggatctt ctatgcaga 1080
cggaaatccg yggacagcat ccaacagcac gtgaagatca ccccgatgat tggccaaga 1140
gggaaatla ggcattttgt ctctctcaag aactctggt gtaccactga caatataag 1200
cagattccca agattcctg tgaattcagga gacaattctc agacagcgcc tcatlctatc 1260
agataaaga acaggggaaa agagtccatt gactgaaat cgatctctc tccagcagct 1320
gatgcacaa gccctgcagaa tctctgctat ccgtccatgg cgggatcca ctccatgacc 1380
atcgaggctc ccatcacaaa ygttataaat ataactaatg cagcccaaga aaaaaccca 1440
gtcacagtac cggagaccct ggacagagtt ctagagattt tacggaccac agaactgtac 1500
tccctcagc tgggtaccaa agtgaagat cccacaccca gtgatcttct tggaggctg 1560
atcactgagc gcttngagaag actgtcagga aecggatag tgtttactaa gaatgtgac 1620
cagactcaca gtcactctgc aatgcaata accatcaatg atgtlcccc ttgatctctc 1680
ccatcacttg ataatgggga gagtgggac ttcaacatct ttgaattgga agccattag 1740
cataaagge catlgtlta tctgggctta aagctctctc ctgggttgg agtatgtga 1800
tttlltaaat gttctgaac cactctcgg gnttggctcc aagtgtctya agcactctac 1860
cactcttcca atgctacca caactcacc ctctgtgccc acgtctctga cgtccagct 1920
ttctttctg gaaaggaag agtaaaagga agctctctc agttggatga ggtgcaacc 1980
ctaatgtctg ccaagctcca tgcgtggat caccgggaa gacccaactc tttctctgc 2040
aatggcggaa gtgagcttgc tgtctctcac aatgacactg ctgtctctgga gactcaccac 2100
accgcccagg ccttccagct cncggtcaag gacccaat gcaacatttt caagatatt 2160

```

WO 01/98471

PC/US01/20140

```

ggcaggagcc attatggaac gctgagccag gctattattg acatgggttt ggcacacag 2270
atgcaaaaac accttgaacc tptgaaLaag tbtggaaaca gcatacaaaa gccaaatggca 2280
gctngatbtg aaaggagoga ctgtgatgag aacccctctg ggaagacctt cactgaaaac 2340
caaatctctg caaaacgcat gatgattaaq tglgctgacg tggcaaaccc atgcccctcc 2400
ttggacctgt ccatlgaabg gytctggagc atctctgagg agtattttgc acagactgat 2460
gaagagaaga gacagggrat accctgggtg atgcccaggt ttgacdgaaa taactgtagc 2520
atccccaaqt clcagatctc tttcattggc taactcataa cagcaatgtt tgatgctctg 2580
gatgcccttg caccatctgc agccctgatg caacatltgg ctgacaanta caaacatggg 2640
aagcacactg atgacctaaa gtgcaaaagt ttgaggcttc catctgacag caaaagccaa 2700
gccacagagg gggcctcttg accgacaagc gacactgtga atccagtag cgtaaacaaq 2760
aggcctctct ttctaagtao aatgacaggt attggtgaaq gagctaattg ttaataattg 2820
acctgaaac atlcaagttc ccaaaattca ttcttagaaa gttatgttcc atgaagaaaa 2880
aatalatgtc tttgaaatac ttaaagacag aaaaaaact tggcaaaetc ctltgctctg 2940
cftgcaclcl gyltaacctt gtaaatccac ggagctggtt cactgtaact agcaggccac 3000
agaaagcaaa gctctggtgc ctgtgagctc atctcccagg atggtgacta agtagcttag 3060
ctagtatca gctcaatcck laccataaaa gctcacttg ctgtttagct tgactgtttc 3120
cctcaagAAC atgatctga aggtctcaca aggaacttat ctgacaagat ttactcaaga 3180
aaaaaaaaaa asgacataaa ataugcuaa caactaggac caaattacag ataaactagt 3240
tagcttcaaa gctctatagc ctacatggtt ctctcggccc atggtatgac acctaaagtca 3300
geacacagcc ttggctggtg ggtgcccctc ctgactggtt atcagcagc tglgtaacec 3360
ctltcctgba aaaggggttc atnttaaaaa agtcatccat gctcagagaa aaagtggcat 3420
ttcatctttg gggaaatccat gaggctcctt tatlctctgc tcaagagagc agcccagagg 3480
cactacaaca agtattata: aaaagccat aaattgaat gccctggac aagcttttct 3540
taaaaaaaaa aaaaaaaag: ttaatacat gtttaaaatt tttatnaaaa tccaaatttt 3600
cggggtgata gccacggcag tt 3622

```

```

<310> 7
<211> 730
<212> DNA
<213> Homo sapiens

```

```

<220>
<221> misc_feature
<223> Incyte ID No: 2700696CB1

```

```

<400> 7
ccgcagcggg gttcagaggg cccgggggtg ggagacVtec cacacggtya ctgagatgtc 60
gtccactggg gctttttaac ttctctctac gctaggagga taacttggta cctccttctt 120
attgcttaaa taaccgacct tgcctgacca gagaagaag cagcgatlcc taagtaaaaca 180
cctctctaac cgggaggtg ctggagaaa lltggaaat acasbgcan cctltcagca 240
tgcggttaaA atcggaactg atatgctaga attgactgc catatacaaa agatgaaaca 300
agtctagtg taacatgatg agaatctaaa gaggcnaact ggggtcaatg taacactctc 360
tgatccaaa taactgtgag tcccaccotta ccttggcnaa ctggatgtct caittcaag 420
agcatgccag agtgaaagaa aagataaacg aattccatta ctgaaggag tlttttaggc 480
ctttccaaac actcccatta acatgatcat caaagtcaac acaatgtgc tgattaaaga 540
ggtttcagag ttggtgaagc gylalaatag agaaacotta acagtgtagg gtaatgccaa 600
ttatgaaatt gtgaaaggt gctacaagaa ggtcaaaaga acccaacac atgtccagaa 660
gtcaaaagtt tctcaactgg ctctctgctc tcttaactaat gaggaagct tigttygac 720
acctaaactgc 730

```

```

<210> 8
<211> 1713
<212> DNA
<213> Homo sapiens

```

```

<220>
<221> misc_feature
<223> Incyte ID No: 5390030CB1

```

```

<400> 8
ggggtggcac tgacaaggct ggggagccca ctcccaggtg tegaccagg gatgtgcaca 60
gccacatccc aaaggccgac ggggttagat cagcccgggt gacctggga ctttgtctc 120
ctnggcagga gccagcctcg tgcacctgtg gtgctgtgco atctggaagg cccagcatga 180

```

WO 01/98471

PC/T/US01/20140

```

gaggcctggc cgtcctcctc actgtggtc tggccacgct cctggctccc ggggcgggg 240
caecygtaca asgtcagggc tcccagaaca agctgctcct ggtgtccttc gacggctcc 300
gctggaacta cgaccaggat ctggacaccc ccaacctgga cggcatggcc cggagcgggg 360
tgaaggcaag ctacatgacc cccgcctttg taccatgac gacccctgc cacttcacc 420
tgaatccagg caatatatc gagaacacag ggttggttca ccaacgtac tacaacacca 480
ccagcaaggt gaagctgccc taccacgaca cgttggcat ccaggagtg tgggacagg 540
gcagcgtgac cctctggatc acagcccgaa ggcaggact caggcctgg cctctcttc 600
accggggcgg gaacgtccac tactaagggg tggctgtgac cctggacccg aagaagcga 660
tggcacacaa ctacaaaaat gagacgggat ggaagcggaa cctgcacaa gtcattgct 720
ggttcacaga ggaggacctg gatctgggtc cactctactt ccgggaccc gactccacc 780
gcccacagta cggccccagc tcccggaga gggaggagat ggtggggcag ttggaccya 840
ccctgggcta cctccggggc agcatcggcc gcaaccacct cacagaccg ctaaccctga 900
tcatcacatc cgaaccaggc atgacgacc tggacaacag gctggggac ctggttgaat 960
tccacaagtt ccccaacttc acctccagg acatccagtt tgagctcctg gactcggac 1020
caacagggat gctgctcctc aaugaaggga gctgggaga ggtgtacgat gctcgaag 1080
accgccccc caagctccac gtctacaaga gggaggctt cccggagcc tctactacy 1140
ccaacacccc caggttcaca cccctgctga tgtacagcga ccttggctac gtcctccatg 1200
gggaattba cgtccagttc acaaatggg agcccgctt tgaacaacag tacatgaca 1260
tgaagacacat ctccggctg gttggccctc gcttcaggc ggcctggag ctgggacct 1320
ttgagagcgt caaggtgac gactctatgt cccgctgct ggcctcgtg ccgagccca 1380
agctgggca cctgctact ctgctgccca tggctgcac agaatctct ctcccgctg 1440
atggaaggcc tactctcctg cccaaggca gatctgctc ccgcccagc agcaggcccc 1500
tctctgtgat gggactgctg ggaaccgtga ttctctgtc tgggctgca taacgcccc 1560
tggctcaagg aagcccgcg gagctgcctg caggcctgg ccggctgtct cgtgctgat 1620
cctgtcgtgt cgggacgga cctgctctc ccagcttatc ccaggtcaga ggtgctatg 1680
cactgtcccc ggcagccca acccctgaaa aak 1713

```

## 【国際公開パンフレット(コレクトバージョン)】

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

CORRECTED VERSION

(19) World Intellectual Property Organization  
International Bureau(43) International Publication Date  
27 December 2001 (27.12.2001)

PCT

(10) International Publication Number  
WO 01/98471 A2

- (51) International Patent Classification: C12N 9/00  
Nardiner, K. [US/AU]. 890 Davis Street #205, San Leandro, CA 94577 (US).
- (21) International Application Number: PCT/US01/26140
- (22) International Filing Date: 21 June 2001 (21.06.2001)
- (25) Filing Language: English
- (26) Publication Language: English
- (30) Priority Data:  
69215741 22 June 2000 (22.06.2000) US  
69218234 14 July 2000 (14.07.2000) US  
69241100 16 October 2000 (16.10.2000) US
- (71) Applicant (for all designated States except US): INCVTE GENOMICS, INC. [US/US]; 3160 Foner Drive, Palo Alto, CA 94304 (US).
- (72) Inventors; and  
Inventors/Applicants (for US only): THORNTON, Michael [US/US]; 9 Meadow Road, Woodside, CA 94062-3872 (US); DING, Li [CN/US]; 3353 Alma Street #146, Palo Alto, CA 94306 (US); PATTERSON, Chandra [US/US]; 490 Sherwood Way #1, Menlo Park, CA 94025 (US); YAO, Monique, G. [US/US]; 111 Frederick Court, Mountain View, CA 94043 (US); TRIBOULEY, Catherine, M. [FR/US]; 1121 Tennessee Street #5, San Francisco, CA 94107 (US); LAI, Preeti [IN/US]; P.O. Box 5124, Santa Clara, CA 95056 (US); HAFALIA, April, J., A. [US/US]; 2227 Calle de Primavera, Santa Clara, CA 95045 (US); BAUGHN, Mariah, R. [US/US]; 14244 Santiago Road, San Leandro, CA 94577 (US); RAMKUMAR, Jayalaxmi [IN/US]; 34359 Maybird Circle, Fremont, CA 94535 (US); LU, Yan [CN/US]; 3885 Curtin Way, Palo Alto, CA 94303 (US); WALLA,
- (74) Agents: HAMILLET-COX, Diana et al.; Incyte Genomics, Inc., 3160 Foner Drive, Palo Alto, CA 94304 (US).
- (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, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NO, NZ, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZA, ZW.
- (84) Designated States (regional): ARIPO patent (GH, GM, KE, US, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, 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, LU, MC, NL, PT, SE, TR), OAPI patent (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).
- Published:  
without international search report and to be republished upon receipt of that report  
— with sequence listing part of description published separately in electronic form and available upon request from the International Bureau
- (48) Date of publication of this corrected version: 14 February 2002
- (15) Information about Correction:  
see PCT Gazette No. 07/2002 of 14 February 2002, Section II
- For two-letter codes and other abbreviations, refer to the "Guidance Notes on Codes and Abbreviations" appearing at the beginning of each regular issue of the PCT Gazette.

WO 01/98471 A2

(54) Title: PHOSPHODIESTERASES

(57) Abstract: The invention provides human phosphodiesterases (HPDE) and polynucleotides which identify and encode HPDE. The invention also provides expression vectors, host cells, antibodies, agonists, and antagonists. The invention also provides methods for diagnosing, treating, or preventing disorders associated with aberrant expression of HPDE.

## 【国際公開パンフレット(コレクトバージョン)】

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

(19) World Intellectual Property Organization  
International Bureau(43) International Publication Date  
27 December 2001 (27.12.2001)

PCT

(10) International Publication Number  
WO 01/098471 A3

- (51) International Patent Classification: **C12N 15/55**, 97/6, C12Q 1/68, C07K 16/10, G01N 33/50, 33/53, A61K 38/46
- (21) International Application Number: PCT/US01/20149
- (22) International Filing Date: 21 June 2001 (21.06.2001)
- (25) Filing Language: English
- (26) Publication Language: English
- (30) Priority Data:  
60/213,741 22 June 2000 (22.06.2000) US  
60/218,224 14 July 2000 (14.07.2000) US  
60/241,160 16 October 2000 (16.10.2000) US
- (71) Applicant (for all designated States except US): **INCYTE GENOMICS, INC.** [US/US]; 3150 Parker Drive, Palo Alto, CA 94304 (US).
- (72) Inventors; and  
(75) Inventors/Applicants (for US only): **THORSTON, Michael** [US/US]; 9 Medway Road, Woodside, CA 94062 2612 (US); **DING, Li** [CN/US]; 3353 Alma Street #146, Palo Alto, CA 94306 (US); **PATTERSON, Chandra** [US/US]; 490 Sherwood Way #1, Merid Park, CA 94025 (US); **YAO, Monique, G.** [US/US]; 111 Frederick Court, Mountain View, CA 94043 (US); **TRIBOULEY, Catherine, M.** [FR/US]; 1121 Tennessee Street #5, San Francisco, CA 94107 (US); **LAL, Freed** [IN/US]; P.O. Box 5174, Santa Clara, CA 95056 (US); **MAFALIA, April, J., A.** [US/US]; 2227 Calle de Primavera, Santa Clara, CA 95045 (US); **BAUGHN, Mariah, R.** [US/US]; 14244 Scatigo Road, San Leandro, CA 94577 (US); **RAMKUMAR, Jayashree** [IN/US]; 3-559 Maybird Circle, Fremont, CA 94555 (US); **LU, Yan** [CN/US]; 3885 Camino Way, Palo Alto, CA 94303 (US); **WALJA, Narinder, K.** [US/US]; 890 Davis Street, #205, San Leandro, CA 94577 (US).
- (74) Agents: **HAMLET-COX, Diana et al.**; Incyte Genomics, Inc., 3160 Parker Drive, Palo Alto, CA 94304 (US).
- (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, ES, FI, GB, GD, GR, GT, HK, HU, 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, NI, NO, NZ, PE, PG, PH, PT, RO, RU, SD, SE, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZA, ZW.
- (84) Designated States (regional): ARIPO patent (GI, GM, KE, LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZW), Eurasia 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, LU, MC, NL, PT, SE, TR), OAPI patent (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GW, ML, MR, NE, NG, TD, TG).
- Published: with international search report
- (88) Date of publication of the international search report: 27 February 2003
- (15) Information about Correction:  
Previous Correction: see PCT Gazette No. 07/2003 of 14 February 2003, See Item II  
*For two-letter codes and other abbreviations, refer to the "Glossary Notes on Codes and Abbreviations" appearing at the beginning of each regular issue of the PCT Gazette.*



WO 01/098471 A3

(54) Title: HUMAN PHOSPHODIESTERASES

(57) Abstract: The invention provides human phosphodiesterases (HPDE) and polypeptides which identify and encode HPDE. The invention also provides expression vectors, host cells, antibodies, agonists, and antagonists. The invention also provides methods for diagnosing, treating, or preventing disorders associated with aberrant expression of HPDE.

## 【国際調査報告】

INTERNATIONAL SEARCH REPORT		International Application No. PCT/US 01/29140
<b>A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER</b> IPC 7 C12H15/55 C12N9/16 C12Q1/68 C07K16/40 G01N33/50 G01H33/53 A61K38/46		
According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC		
<b>B. FIELDS SEARCHED</b> Minimum documentation searched (classification system followed by class/cation symbols) IPC 7 C12H C12Q C07K G01N A61K		
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) BIOSIS, EPO-Internal, SEQUENCE SEARCH		
<b>C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT</b>		
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	SASAKI TAKASHI ET AL: "Identification of human PDE7B, a cAMP-specific phosphodiesterase." BIOCHEMICAL AND BIOPHYSICAL RESEARCH COMMUNICATIONS, vol. 271, no. 3, 19 May 2000 (2000-05-19), pages 575-583, XP002151411 ISSN: 0006-291X the whole document ---	1-12, 45, 49
A	LOUGHNEY K AND FERGUSON K: "Identification and quantification of PDE isoenzymes and subtypes by molecular biological methods" PHOSPHODIESTERASE INHIBITORS, XX, XX, 1996, pages 1-19, XP002105161 the whole document --- -/-	
<input checked="" type="checkbox"/> Further documents are listed in the combination of box C.		
<input checked="" type="checkbox"/> 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 doubt on priority claim(s) or which is cited to establish the prior art status of another claim or other novel feature(s) thereof "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 emphasize the progress or history underlying the invention "X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or nonobvious if said to involve an inventive step when the document is taken alone "Y" document cited as relevant to 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 "A" document member of the same patent family		
Date of the actual completion of the international search		Date of mailing of the international search report
12 June 2002		11. 09. 2002
Name and mailing address of the ISA European Patent Office, P. B. 5818 Boissières 2 NL - 2200 HV Rijswijk Tel: (+31) 70 340-2000, Tx: 31 651 000 01, Fax: (+31) 70 340-3010		Authorized officer Lejeune, R

Form PCT/ISA/210 (second sheet) July 2002

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No.  
PCT/US 01/20140

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 00 77226 A (KAPELLER LIBERMANN ROSARA ;WHITE DAVID (US); ROBISON KEITH E (US);) 21 December 2000 (2000-12-21) SEQ ID 1 and 2 claims 1-25 ---	1-45,49
P,X	EP 1 018 559 A (PFIZER LTD ;PFIZER (US)) 12 July 2000 (2000-07-12) SEQ ID 5 and 6 ---	1-12,45, 49
E	WO 01 62940 A (KIUXEN FRANZ WERNER ;MERCK PATENT GMBH (DE); HENTSCH BERND (DE)) 30 August 2001 (2001-08-30) SEQ ID 1 and 2 -----	1-12,45, 49

Form P/23: 04/2010 (continuation of annex 2000) (July 2009)

INTERNATIONAL SEARCH REPORT		International application No. PCT/US 01/20140
<b>Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)</b>		
This International Search Report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:		
1.	<input checked="" type="checkbox"/>	Claims Nos.: because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely: see FURTHER INFORMATION sheet PCT/ISA/210
2.	<input checked="" type="checkbox"/>	Claims Nos.: 20,21,23,24 (all partially) because they relate to parts of the International Application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful International Search can be carried out, specifically: see FURTHER INFORMATION sheet PCT/ISA/210
3.	<input type="checkbox"/>	Claims Nos.: because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).
<b>Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)</b>		
This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:		
see additional sheet		
1.	<input type="checkbox"/>	As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this International Search Report covers all searchable claims.
2.	<input type="checkbox"/>	As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3.	<input type="checkbox"/>	As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this International Search Report covers only those claims for which fees were paid, specifically claim Nos.:
4.	<input checked="" type="checkbox"/>	No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this International Search Report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.: 1-44 (partially); 45,49 (completely)
Remark on Protest		<input type="checkbox"/> The additional search fees were accompanied by the applicant's protest. <input type="checkbox"/> No protest accompanied the payment of additional search fees.

International Application No. PCT/US 01/20140

FURTHER INFORMATION CONTINUED FROM PCT/ISA/ 210

## Continuation of Box I.1

Although claims 21 and 24 are directed to a method of treatment of the human/animal body, the search has been carried out and based on the alleged effects of the compound/composition, as far as these were searchable (see further remark).  
Although claims 32 and 34 are directed to a diagnostic method practised on the human/animal body, the search has been carried out and based on the alleged effects of the compound/composition.

## Continuation of Box I.2

Claims Nos.: 20,21,23,24 (all partially)

Claims 20,21,23,24 refer to an antagonist or agonist of the HPDE without giving a true technical characterization. Moreover, no such compounds are defined in the application. In consequence, the scope of said claims is ambiguous and vague, and their subject matter is not sufficiently disclosed and supported.

No search can be carried out for such speculative claims whose wording is, in fact a mere recitation of the results to be achieved.  
A partial search has been carried out as far as the antagonist/agonist is an antibody to HPDE.

The applicant's attention is drawn to the fact that claims, or parts of claims, relating to inventions in respect of which no international search report has been established need not be the subject of an international preliminary examination (Rule 66.1(e) PCT). The applicant is advised that the EPO policy when acting as an International Preliminary Examining Authority is normally not to carry out a preliminary examination on matter which has not been searched. This is the case irrespective of whether or not the claims are amended following receipt of the search report or during any Chapter II procedure.

International Application No. PCT/US 01/20146

FURTHER INFORMATION CONTINUED FROM PCT/ISA/ 210

This International Searching Authority found multiple (groups of) inventions in this international application, as follows:

1. Claims: 45, 49 (all completely), 1-44 (all partially)

Human phosphodiesterase with SEQ ID 1, encoding polynucleotides, expression vectors, host cells, antibodies and methods of diagnosis and treatment of disorders related with said phosphodiesterase.

2. Claims: 46, 50 (all completely), 1-44 (all partially)

Human phosphodiesterase with SEQ ID 2, encoding polynucleotides, expression vectors, host cells, antibodies and methods of diagnosis and treatment of disorders related with said phosphodiesterase.

3. Claims: 47, 51 (all completely), 1-44 (all partially)

Human phosphodiesterase with SEQ ID 3, encoding polynucleotides, expression vectors, host cells, antibodies and methods of diagnosis and treatment of disorders related with said phosphodiesterase.

4. Claims: 48, 52 (all completely), 1-44 (all partially)

Human phosphodiesterase with SEQ ID 4, encoding polynucleotides, expression vectors, host cells, antibodies and methods of diagnosis and treatment of disorders related with said phosphodiesterase.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT  
Information on patent family members

International Application No.  
PCT/US 01/20140

Patent document cited in search report	Publication date	Parent family member(s)	Publication date
WO 0077226 A	21-12-2000	US 6146876 A	14-11-2000
		AU 5608000 A	02-01-2001
		EP 1192261 A1	03-04-2002
		WO 0077226 A1	21-12-2000
EP 1018559 A	12-07-2000	EP 1018559 A1	12-07-2000
		JP 2000197494 A	18-07-2000
WO 0162940 A	30-08-2001	WO 0162940 A2	30-08-2001

## フロントページの続き

(51) Int.Cl. <sup>7</sup>	F I	テーマコード(参考)
A 6 1 P 27/02	A 6 1 P 27/02	4 B 0 6 5
A 6 1 P 29/00	A 6 1 P 29/00	4 C 0 8 4
A 6 1 P 37/06	A 6 1 P 37/06	4 C 0 8 5
A 6 1 P 43/00	A 6 1 P 43/00	1 0 5 4 H 0 4 5
C 0 7 K 16/40	A 6 1 P 43/00	1 0 7
C 1 2 N 1/15	C 0 7 K 16/40	
C 1 2 N 1/19	C 1 2 N 1/15	
C 1 2 N 1/21	C 1 2 N 1/19	
C 1 2 N 5/10	C 1 2 N 1/21	
C 1 2 N 9/16	C 1 2 N 9/16	C
C 1 2 P 21/02	C 1 2 P 21/02	C
C 1 2 P 21/08	C 1 2 P 21/08	
C 1 2 Q 1/02	C 1 2 Q 1/02	
C 1 2 Q 1/68	C 1 2 Q 1/68	A
G 0 1 N 33/15	G 0 1 N 33/15	Z
G 0 1 N 33/50	G 0 1 N 33/50	Z
G 0 1 N 33/53	G 0 1 N 33/53	D
G 0 1 N 33/566	G 0 1 N 33/53	M
	G 0 1 N 33/53	N
	G 0 1 N 33/566	
	C 1 2 N 5/00	A
	A 6 1 K 37/02	

(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, 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, 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, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZA, ZW

- (72) 発明者 ディング、リー  
アメリカ合衆国カリフォルニア州 9 4 3 0 6 ・ パロアルト ・ # 1 4 6 ・ アルマストリート 3 3 5 3
- (72) 発明者 アービズ、チャンドラ・エス  
アメリカ合衆国カリフォルニア州 9 5 1 2 5 ・ サンノゼ ・ モロッコドライブ 1 7 0 6
- (72) 発明者 ヤオ、モニック・ジー  
アメリカ合衆国カリフォルニア州 9 4 0 4 3 ・ マウンテンビュー ・ フレデリックコート 1 1 1
- (72) 発明者 トリボレー、キャサリン・エム  
アメリカ合衆国カリフォルニア州 9 4 1 0 7 ・ サンフランシスコ ・ # 5 ・ テネシーストリート 1 1 2 1
- (72) 発明者 ラル、ブリーティ  
アメリカ合衆国カリフォルニア州 9 5 0 5 6 ・ サンタクララ ・ ピーオーボックス 5 1 2 4
- (72) 発明者 ハファリア、エープリル・ジェイ・エイ  
アメリカ合衆国カリフォルニア州 9 5 0 4 5 ・ サンタクララ ・ コーレデプリマベラ 2 2 2 7
- (72) 発明者 ボーグン、マライア・アール  
アメリカ合衆国カリフォルニア州 9 4 5 7 7 ・ サンレアンドロ ・ サンティアゴロード 1 4 2 4 4
- (72) 発明者 ランクマール、ジャヤラクシミ  
アメリカ合衆国カリフォルニア州 9 4 5 5 5 ・ フレモント ・ メイバードサークル 3 4 3 5 9

(72)発明者 リュ、ヤン

アメリカ合衆国カリフォルニア州 9 4 3 0 3 ・ パロアルト ・ コリーナウェイ 3 8 8 5

(72)発明者 チョーラ、ナリンダー・ケイ

アメリカ合衆国カリフォルニア州 9 4 5 8 7 ・ ユニオンシティ ・ # 7 1 2 ・ ユニオンスクエア 3  
3

F ターム(参考) 2G045 AA34 AA35 BB14 BB48 BB51 CB01 DA13 DA36 FA16 FA29  
FB02 FB03 FB12 GC15  
4B024 AA01 AA11 BA11 CA04 DA02 DA05 DA06 DA11 DA12 EA04  
GA11 HA12 HA15  
4B050 CC03 DD07 LL01 LL03  
4B063 QA19 QA20 QQ08 QQ13 QQ43 QR08 QR42 QR56 QS25 QS34  
QX02  
4B064 AG26 AG27 CA10 CA20 CC24 DA01 DA13  
4B065 AA01X AA57X AA72X AA90X AA93Y AB01 BA02 CA31 CA44 CA46  
4C084 AA02 AA07 BA02 BA08 BA22 CA18 CA53 DC22 NA14 ZA01  
ZA33 ZA36 ZA59 ZB08 ZB11 ZB21 ZB22 ZC19 ZC20  
4C085 AA13 AA14 BB11 BB41 BB43 CC02 CC07 CC08 CC21 DD23  
DD62 DD63 EE01  
4H045 AA10 AA11 AA20 AA30 BA10 CA40 DA75 DA76 DA89 EA20  
EA50 FA72 FA74

專利名稱(譯)	磷酸二酯酶		
公開(公告)号	<a href="#">JP2004512019A</a>	公開(公告)日	2004-04-22
申請号	JP2002504620	申請日	2001-06-21
[標]申請(專利權)人(譯)	洞察Genomics公司		
申請(專利權)人(譯)	洞察基因组公司		
[標]發明人	ソーントンマイケル ディングリー アービズチャンドラエス ヤオモニークジー トリボレーキャサリーンエム ラルプリーティ ハファリアエープリルジェイエイ ボーグンマライアール ランクマールジャヤラクシミ リュヤン チョーラナリンダーケイ		
發明人	ソーントン、マイケル ディング、リー アービズ、チャンドラ・エス ヤオ、モニーク・ジー トリボレー、キャサリーン・エム ラル、プリーティ ハファリア、エープリル・ジェイ・エイ ボーグン、マライア・アール ランクマール、ジャヤラクシミ リュ、ヤン チョーラ、ナリンダー・ケイ		
IPC分類号	G01N33/50 A61K38/00 A61K39/395 A61P9/00 A61P25/00 A61P27/02 A61P29/00 A61P37/06 A61P43/00 C07K16/40 C12N1/15 C12N1/19 C12N1/21 C12N5/10 C12N9/16 C12N15/09 C12N15/55 C12P21/02 C12P21/08 C12Q1/02 C12Q1/68 G01N33/15 G01N33/53 G01N33/566		
CPC分類号	A61K38/00 A61P25/00 A61P27/02 A61P29/00 C12N9/16		
FI分類号	C12N15/00.ZNA.A A61K39/395.D A61K39/395.P A61P9/00 A61P25/00 A61P27/02 A61P29/00 A61P37/06 A61P43/00.105 A61P43/00.107 C07K16/40 C12N1/15 C12N1/19 C12N1/21 C12N9/16.C C12P21/02.C C12P21/08 C12Q1/02 C12Q1/68.A G01N33/15.Z G01N33/50.Z G01N33/53.D G01N33/53.M G01N33/53.N G01N33/566 C12N5/00.A A61K37/02		
F-TERM分類号	2G045/AA34 2G045/AA35 2G045/BB14 2G045/BB48 2G045/BB51 2G045/CB01 2G045/DA13 2G045/DA36 2G045/FA16 2G045/FA29 2G045/FB02 2G045/FB03 2G045/FB12 2G045/GC15 4B024/AA01 4B024/AA11 4B024/BA11 4B024/CA04 4B024/DA02 4B024/DA05 4B024/DA06 4B024/DA11 4B024/DA12 4B024/EA04 4B024/GA11 4B024/HA12 4B024/HA15 4B050/CC03 4B050/DD07 4B050/LL01 4B050/LL03 4B063/QA19 4B063/QA20 4B063/QQ08 4B063/QQ13 4B063/QQ43 4B063/QR08 4B063/QR42 4B063/QR56 4B063/QS25 4B063/QS34 4B063/QX02 4B064/AG26 4B064/AG27 4B064/CA10 4B064/CA20 4B064/CC24 4B064/DA01 4B064/DA13 4B065/AA01X 4B065/AA57X 4B065/AA72X 4B065/AA90X 4B065/AA93Y 4B065/AB01 4B065/BA02 4B065/CA31 4B065/CA44 4B065/CA46 4C084/AA02 4C084/AA07 4C084/BA02 4C084/BA08 4C084/BA22 4C084/CA18 4C084/CA53 4C084/DC22 4C084/NA14 4C084/ZA01 4C084/ZA33 4C084/ZA36 4C084/ZA59 4C084/ZB08 4C084/ZB11 4C084/ZB21 4C084/ZB22 4C084/ZC19 4C084/ZC20 4C085/AA13 4C085/AA14 4C085/BB11 4C085/BB41		

4C085/BB43 4C085/CC02 4C085/CC07 4C085/CC08 4C085/CC21 4C085/DD23 4C085/DD62 4C085/DD63 4C085/EE01 4H045/AA10 4H045/AA11 4H045/AA20 4H045/AA30 4H045/BA10 4H045/CA40 4H045/DA75 4H045/DA76 4H045/DA89 4H045/EA20 4H045/EA50 4H045/FA72 4H045/FA74

优先权 60/213741 2000-06-22 US  
60/218234 2000-07-14 US  
60/241100 2000-10-16 US

外部链接 [Espacenet](http://Espacenet)

摘要(译)

本发明提供了人磷酸二酯酶 ( HPDE ) 和鉴定和编码HPDE的多核苷酸。 本发明还提供表达载体， 宿主细胞， 抗体， 激动剂和拮抗剂。 本发明还提供了用于诊断， 治疗或预防与HPDE异常表达有关的疾病的方法。

表1

核苷酸 ID	核苷酸 ID	核苷酸 ID	核苷酸 ID	核苷酸 ID
7476201	7476201	7476201	7476201	7476201
7476212	7476212	7476212	7476212	7476212
2706636	2706636	2706636	2706636	2706636
6390036	6390036	6390036	6390036	6390036