



19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA

11 Número de publicación: **2 359 055**

51 Int. Cl.:

C07K 1/00 (2006.01)

C07H 21/04 (2006.01)

C12P 21/06 (2006.01)

C12N 5/00 (2006.01)

A61K 39/00 (2006.01)

A61K 39/395 (2006.01)

A01N 61/00 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Número de solicitud europea: **03752035 .0**

96 Fecha de presentación : **05.09.2003**

97 Número de publicación de la solicitud: **1546182**

97 Fecha de publicación de la solicitud: **29.06.2005**

54

Título: **Composiciones y métodos para el diagnóstico y el tratamiento de tumores.**

30

Prioridad: **11.09.2002 US 410166 P**

45

Fecha de publicación de la mención BOPI:
18.05.2011

45

Fecha de la publicación del folleto de la patente:
18.05.2011

73

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

72

Inventor/es: **Davis, David P.;**
Desauvage, Frederic J.;
Wood, William I. y
Zhang, Zemin

74

Agente: **Ponti Sales, Adelaida**

ES 2 359 055 T3

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

DESCRIPCIÓN

Composiciones y métodos para el diagnóstico y el tratamiento de tumores

5 CAMPO DE LA INVENCION

[0001] La presente invención se refiere a composiciones de materia útiles para el diagnóstico y el tratamiento de tumores en mamíferos y a métodos de utilización de las composiciones de materia para los mismos.

10 ANTECEDENTES DE LA INVENCION

[0002] Los tumores malignos (cánceres) son la segunda causa de muerte en los Estados Unidos, después de las enfermedades del corazón (Boring et al., CA Cancer J Clin., 43:7 [(1993)]. El cáncer se caracteriza por el incremento en el número de células anormales, o neoplásicas, derivadas de un tejido normal que proliferan para formar una masa tumoral, la invasión de tejidos adyacentes por estas células tumorales neoplásicas, y la generación de células malignas que finalmente se extienden a través de la sangre o el sistema linfático hasta nódulos linfáticos regionales y hasta puntos distantes a través de un proceso denominado metástasis. En un estado canceroso, una célula prolifera bajo condiciones en las que no crecerían células normales. El cáncer se manifiesta en una gran variedad de formas, caracterizadas por diferentes grados de invasión y agresividad.

20

[0003] En los intentos por descubrir dianas celulares eficaces para el diagnóstico y la terapia contra el cáncer, los investigadores han buscado identificar polipéptidos que se sobreexpresan específicamente en un tipos particular de célula cancerosa en comparación con una o más células no cancerosas normales. La identificación de dichos polipéptidos de células asociadas a tumores ha proporcionado la capacidad de reconocer específicamente células cancerosas para la destrucción a través de terapias basadas en anticuerpos. En este aspecto, cabe indicar que la terapia basada en anticuerpos se ha demostrado muy eficaz en el tratamiento de ciertos cánceres. Por ejemplo, HERCEPTIN® y RITUXAN® (ambas de Genentech Inc, South San Francisco, California) son anticuerpos que se han utilizado satisfactoriamente para tratar el cáncer de mama y el linfoma de no Hodgkin, respectivamente. Más específicamente, HERCEPTIN® es un anticuerpo monoclonal humanizado derivado de ADN recombinante que se une selectivamente al dominio extracelular del protooncogén del receptor 2 del factor de crecimiento epidérmico humano (HER2). Se observa la sobreexpresión de la proteína HER2 en el 25-30% de cánceres de mama primarios. RITUXAN® es un anticuerpo monoclonal murino/humano quimérico modificado genéticamente dirigido contra el antígeno CD20 hallado en la superficie de linfocitos B normales y malignos.

[0004] En otros intentos por descubrir dianas celulares eficaces para la terapia contra el cáncer, los investigadores han buscado identificar polipéptidos que son sobreexpresados por un tipo particular de célula cancerosa en relación a la expresión normal de polipéptidos en una o más células no cancerosas normales. Se esperaría que la identificación de antagonistas de dichos polipéptidos sobreexpresados sirvieran como agentes terapéuticos eficaces para el tratamiento de dichos cánceres. Además, la identificación de la sobreexpresión de dichos polipéptidos sería útil para el diagnóstico de cánceres particulares en mamíferos.

[0005] Las quinasas que controlan los mecanismos de transducción de señales, el ciclo celular y la muerte celular programada son críticas para la regulación celular. La sobreexpresión o activación de mutaciones de estas quinasas críticas pueden alterar la regulación celular y conducir a la formación de tumores. El veinte por ciento de todos los oncogenes conocidos son proteínas quinasas. La identificación del mecanismo de transducción de señales apropiado y el desarrollo de fármacos para inhibir específicamente estas quinasas oncogénicas ha sido un objetivo principal de la investigación contra el cáncer durante un tiempo. El cribado de alto rendimiento ha conducido a la identificación de moléculas pequeñas con diferentes modos de inhibición, tales como la competición con el sitio de unión a adenosin trifosfato catalítico, la inhibición de la unión a sustrato o la modificación del propio sustrato. Ciertos compuestos son altamente específicos para una única quinasa, mientras que otros pueden inhibir varias quinasas con estructuras de unión similares (Busse et al., Semin Oncol 2001, 28:47-55). Por ejemplo, la tirosina quinasa Bcr-Abl ha sido identificada como factor causante en la leucemia mieloide crónica (CML). La molécula pequeña imatinib mesilato (Novartis Pharmaceuticals Corp, East Hanover, NJ) fue aprobada recientemente para el tratamiento de CML, demostrando que el tratamiento del componente quinasa de un mecanismo de transducción de señales es eficaz en el tratamiento de cáncer. (Griffin J. Semin Oncol 2001, 28:3-8).

[0006] El documento US 2002049180 describe la implicación de TASK110 en ciertos tipos de cáncer, pero no menciona el cáncer pancreático. El documento US 5,885,803 describe la implicación especulativa de proteínas DAPK que incluyen DAPK-5 (sinónimo de TASK120), otra quinasa asociada a tumores o polipéptido "TASK", en una serie de cánceres que incluyen cáncer pancreático.

60

[0007] A pesar de los avances identificados anteriormente en la terapia del cáncer de mamífero, existe una gran necesidad para agentes de diagnóstico y terapéuticos adicionales capaces de detectar la presencia de un tumor en un mamífero y para inhibir de manera eficaz el crecimiento de células neoplásicas, respectivamente. Por consiguiente, un objetivo de la presente invención es identificar polipéptidos que se sobreexpresen en ciertas células cancerosas en comparación con células normales u otras células cancerosas diferentes y utilizar estos polipéptidos y sus ácidos nucleicos codificantes para producir composiciones de materia útiles en el tratamiento terapéutico y la detección diagnóstica del cáncer en mamíferos.

DESCRIPCIÓN RESUMIDA DE LA INVENCION

10

A. Realizaciones

[0008] En la presente memoria, los solicitantes describen por primera vez la identificación de varios polipéptidos celulares (y sus ácidos nucleicos codificantes o fragmentos de los mismos) que son expresados en mayor grado por uno o más tipos de células cancerosas en comparación con uno o más tipos de células no cancerosas normales. Dichos polipéptidos se refieren aquí como polipéptidos quinasa asociados a tumor (**TUMOR-ASSOCIATED KINASE**) (polipéptidos "TASK") y se espera que sirvan como dianas eficaces para la terapia y el diagnóstico contra el cáncer en mamíferos.

[0009] Por consiguiente, en una realización de la presente invención, la presente invención se refiere a una molécula de ácido nucleico aislada que comprende una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido antigénico diana asociado a tumores o fragmento del mismo (un polipéptido "TASK").

[0010] En ciertos aspectos, la molécula de ácido nucleico aislada comprende una secuencia de nucleótidos que tiene por lo menos aproximadamente un 80% de identidad en la secuencia de ácidos nucleicos, alternativamente por lo menos aproximadamente un 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% ó 99% de identidad de la secuencia de ácidos nucleicos con (a) una molécula de ADN que codifica un polipéptido TASK de longitud completa que tiene una secuencia de aminoácidos tal como se describe aquí o cualquier otro fragmento específicamente definido de una secuencia de aminoácidos de polipéptido TASK de longitud completa tal como se describe aquí, o (b) el complemento de la molécula de ADN de (a).

[0011] En otros aspectos, la molécula de ácido nucleico aislada comprende una secuencia de nucleótidos que tiene por lo menos aproximadamente un 80% de identidad en la secuencia de ácidos nucleicos, alternativamente por lo menos aproximadamente un 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% ó 99% de identidad en la secuencia de ácidos nucleicos, con (a) una molécula de ADN que comprende la secuencia codificante de un ADNc del polipéptido TASK de longitud completa tal como se describe aquí o la secuencia codificante de cualquier otro fragmento específicamente definido de la secuencia de aminoácidos del polipéptido TASK de longitud completa tal como se describe aquí o (b) el complemento de la molécula de ADN de (a).

40

[0012] En un aspecto adicional, la presente invención se refiere a una molécula de ácido nucleico aislada que comprende una secuencia de nucleótidos que tiene por lo menos aproximadamente un 80% de identidad en la secuencia de ácidos nucleicos, alternativamente por lo menos aproximadamente un 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% ó 99% de identidad en la secuencia de ácidos nucleicos con una molécula de ADN que codifica el mismo polipéptido maduro codificado por la región codificante de longitud completa de cualquiera de los ADNcs de proteína humanos descritos aquí. En este aspecto, el término "secuencia codificante de longitud completa" se refiere a la secuencia de nucleótidos del ADNc que codifica el polipéptido TASK (que se muestra a menudo entre los codones de inicio y parada, incluyendo ambos, en las figuras que se acompañan)

50

[0013] Otro aspecto de la presente invención se refiere a una molécula de ácido nucleico aislada que comprende una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido TASK que presenta un dominio quinasa inactivado, o es complementaria a dicha secuencia de nucleótidos codificante. Por lo tanto, se contemplan formas catalíticamente inactivas de los polipéptidos TASK descritos aquí.

55

[0014] En otros aspectos, la presente invención se refiere a moléculas de ácido nucleico aisladas que se hibridan a (a) una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido TASK que tiene una secuencia de aminoácidos de longitud completa tal como se describe aquí, o cualquier otro fragmento específicamente definido de una secuencia de aminoácidos del polipéptido TASK de longitud completa tal como se describe aquí, o (b) el complemento de la secuencia de nucleótidos de (a). En este aspecto, una realización de la presente invención se refiere a fragmentos de una secuencia codificante del polipéptido TASK de longitud completa, o el complemento de la misma, tal como se

60

describe aquí, pueden ser útiles como, por ejemplo, sondas de hibridación útiles como, por ejemplo, sondas de diagnóstico, sondas de oligonucleótidos no codificantes, o para codificar fragmentos de un polipéptido TASK de longitud completa que pueden codificar opcionalmente un polipéptido que comprende un sitio de unión para un anticuerpo anti-polipéptido TASK, un oligopéptido de unión a TASK u otra molécula orgánica pequeña que se une a un polipéptido TASK. Dichos fragmentos de ácidos nucleicos tienen normalmente por lo menos aproximadamente 5 nucleótidos de longitud, alternativamente por lo menos aproximadamente 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 35, 40, 45, 50, 55, 60, 65, 70, 75, 80, 83, 90, 95, 100, 105, 110, 115, 120, 125, 130, 135, 140, 145, 150, 155, 160, 165, 170, 175, 180, 185, 190, 195, 200, 210, 220, 230, 240, 250, 260, 270, 280, 290, 300, 310, 320, 330, 340, 350, 360, 370, 380, 390, 400, 410, 420, 430, 440, 450, 460, 470, 480, 490, 500, 510, 520, 530, 540, 550, 560, 570, 580, 590, 600, 610, 620, 630, 640, 650, 660, 670, 680, 690, 700, 710, 720, 730, 740, 750, 760, 770, 780, 790, 800, 810, 820, 830, 840, 850, 860, 870, 880, 890, 900, 910, 920, 930, 940, 950, 960, 970, 980, 990, ó 1000 nucleótidos de longitud, donde en este contexto el término "aproximadamente" significa la longitud de la secuencia de nucleótidos referenciada más o menos un 10% de la longitud referenciada. Cabe indicar que se pueden determinar fragmentos novedosos de una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido TASK de manera rutinaria mediante la alineación de la secuencia de nucleótidos que codifica el polipéptido TASK con otras secuencias de nucleótidos conocidas utilizando cualquiera de un conjunto de programas de alineación de secuencias bien conocidos y determinando qué fragmento o fragmentos de la secuencia de nucleótidos que codifican el polipéptido TASK son nuevos. Se contemplan en la presente invención todos estos fragmentos nuevos de secuencias de nucleótidos que codifican el polipéptido TASK. También se contemplan los fragmentos de polipéptido TASK codificados por estos fragmentos de moléculas nucleótidos, preferiblemente aquellos fragmentos de polipéptido TASK que comprenden un sitio de unión para un anticuerpo anti-TASK, un oligopéptido de unión a TASK u otra molécula orgánica pequeña que se une a un polipéptido TASK

[0015] En otra realización, la presente invención se refiere a un polipéptido TASK aislado codificado por cualquiera de las secuencias de ácidos nucleicos aisladas identificadas anteriormente aquí.

[0016] E un cierto aspecto, la presente invención se refiere a un polipéptido TASK aislado que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene por lo menos aproximadamente un 80% de identidad en la secuencia de aminoácidos, alternativamente por lo menos aproximadamente un 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% ó 99% de identidad en la secuencia de aminoácidos, con un polipéptido TASK que tiene una secuencia de aminoácidos de longitud completa tal como se describe aquí, o una secuencia de aminoácidos codificada por cualquiera de las secuencias de ácidos nucleicos descritas aquí o cualquier otro fragmento de específicamente definido de una secuencia de aminoácidos del polipéptido TASK de longitud completa tal como se describe aquí;

[0017] En un aspecto adicional, la presente invención se refiere a un polipéptido TASK aislado que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene por lo menos aproximadamente un 80% de identidad en la secuencia de aminoácidos, alternativamente por lo menos aproximadamente un 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, ó 99% de identidad en la secuencia de aminoácidos, con una secuencia de aminoácidos codificada por cualquiera de los ADNcs de proteína humanos descritos aquí.

[0018] Otro aspecto de la presente invención se refiere a un polipéptido TASK aislado. Los procesos para producir el mismo también se describen aquí, donde estos procesos comprenden cultivar una célula huésped que comprende un vector que comprende la molécula de ácido nucleico codificante apropiada en condiciones adecuadas para la expresión del polipéptido TASK y recuperar el polipéptido TASK del cultivo celular.

[0019] También se describen aquí vectores que comprenden ADN que codifica cualquiera de los polipéptidos descritos aquí. También se describen aquí células huésped que comprenden cualquiera de dichos vectores. A modo de ejemplo, las células huésped pueden ser células CHO, *E. coli*, o levadura. Se describe también aquí un proceso para producir cualquiera de los polipéptidos descritos aquí y comprende cultivar las células huésped en condiciones adecuadas para la expresión del polipéptido deseado y recuperar el polipéptido deseado del cultivo celular.

[0020] También se describen aquí polipéptidos quiméricos aislados que comprenden cualquiera de los polipéptidos TASK descritos aquí fusionados a un polipéptido heterólogo (no TASK). Ejemplos de dichas moléculas quiméricas comprenden cualquiera de los polipéptidos TASK descritos aquí fusionados a un polipéptido heterólogo, tal como, por ejemplo, una secuencia epítipo etiqueta o una región Fc de una inmunoglobulina.

[0021] En otra realización, la presente invención proporciona la utilización de un anticuerpo que se une, preferiblemente específicamente, a cualquiera de los polipéptidos descritos anterior o posteriormente tal como se definen en las reivindicaciones. Opcionalmente, el anticuerpo es un anticuerpo monoclonal, fragmento de anticuerpo, anticuerpo quimérico, anticuerpo humanizado, anticuerpo de cadena única o anticuerpo que inhibe competitivamente

la unión de un anticuerpo anti-polipéptido TASK a su respectivo epítipo antigénico. Los anticuerpos utilizados en la presente invención se pueden conjugar opcionalmente a un agente inhibidor del crecimiento o un agente citotóxico, tal como una toxina, incluyendo, por ejemplo, un maitansinoide o caliqueamicina, un antibiótico, un isótopo radioactivo, una enzima nucleolítica o similar. Los anticuerpos utilizados en la presente invención se pueden producir
5 opcionalmente en células CHO o células bacterianas y preferiblemente inducen la muerte de una célula a la que se unen. Para fines de diagnóstico, los anticuerpos de la presente invención se pueden marcar para su detección, unirse a un soporte sólido o similar.

[0022] También se describen aquí vectores que comprenden ADN que codifica cualquiera de los anticuerpos
10 descritos aquí. También se describen células huésped que comprenden cualquiera de dichos vectores. A modo de ejemplo, las células huésped pueden ser células CHO, *E. coli*, o levadura. Se describe también un proceso para producir cualquiera de los anticuerpos descritos aquí y comprende cultivar las células huésped en condiciones adecuadas para la expresión del anticuerpo deseado y recuperar el anticuerpo deseado del cultivo celular.

[0023] Otra realización de la presente invención se dirige al uso de un polipéptido TASK tal como se describe aquí, un polipéptido TASK quimérico tal como se describe aquí o un anticuerpo anti-polipéptido TASK tal como se describe aquí, para la preparación de un medicamento útil en el tratamiento de una enfermedad que es sensible al polipéptido TASK, polipéptido TASK quimérico o anticuerpo anti-polipéptido TASK, tal como se define en las reivindicaciones.
15

20

B. Realizaciones adicionales

[0024] Otra realización de la presente invención se dirige a usos médicos que se refieren a un método para matar una célula cancerosa que expresa un polipéptido TASK, donde el método comprende poner en contacto la célula
25 cancerosa con un anticuerpo que se une al polipéptido TASK, dando lugar a la muerte de la célula cancerosa tal como se define en las reivindicaciones. Opcionalmente, el anticuerpo es un anticuerpo monoclonal, fragmento de anticuerpo, anticuerpo quimérico, anticuerpo humanizado, o anticuerpo de cadena única. Los anticuerpos utilizados en los métodos de la presente invención se pueden conjugar opcionalmente a un agente inhibidor del crecimiento o un agente citotóxico, tal como una toxina, incluyendo, por ejemplo, un maitansinoide o caliqueamicina, un antibiótico,
30 un isótopo radioactivo, una enzima nucleolítica o similar. Los anticuerpos utilizados en los métodos de la presente invención se pueden producir opcionalmente en células CHO o células bacterianas.

[0025] Otra realización de la presente invención se dirige a usos médicos que se refieren a un método para inhibir el crecimiento de una célula cancerosa, donde el crecimiento de dicha célula cancerosa es, por lo menos en parte,
35 dependiente del efecto o efectos potenciadores del crecimiento de un polipéptido TASK, donde el método comprende poner en contacto el polipéptido TASK con un anticuerpo, que se une al polipéptido TASK, antagonizando de este modo la actividad potenciadora del crecimiento del polipéptido TASK y, a su vez, inhibir el crecimiento de la célula cancerosa tal como se define en las reivindicaciones. Preferiblemente, el crecimiento de la célula cancerosa es completamente inhibida. Opcionalmente, el anticuerpo es un anticuerpo
40 monoclonal, fragmento de anticuerpo, anticuerpo quimérico, anticuerpo humanizado, o anticuerpo de cadena única. Los anticuerpos utilizados en los métodos de la presente invención se pueden conjugar opcionalmente a un agente inhibidor del crecimiento o un agente citotóxico, tal como una toxina, incluyendo, por ejemplo, un maitansinoide o caliqueamicina, un antibiótico, un isótopo radioactivo, una enzima nucleolítica o similar. Los anticuerpos utilizados en los métodos de la presente invención se pueden producir opcionalmente en células CHO o células bacterianas.
45

[0026] Otra realización de la presente invención se dirige a usos médicos que se refieren a un método de tratamiento terapéutico de un tumor que expresa el polipéptido TASK en un mamífero, donde el método comprende administrar al mamífero una cantidad terapéuticamente eficaz de un anticuerpo, que se une al polipéptido TASK,
50 dando lugar de este modo a un tratamiento terapéutico eficaz del tumor tal como se define en las reivindicaciones. Opcionalmente, el anticuerpo es un anticuerpo monoclonal, fragmento de anticuerpo, anticuerpo quimérico, anticuerpo humanizado, o anticuerpo de cadena única. Los anticuerpos utilizados en los métodos de la presente invención se pueden conjugar opcionalmente a un agente inhibidor del crecimiento o un agente citotóxico, tal como una toxina, incluyendo, por ejemplo, un maitansinoide o caliqueamicina, un antibiótico, un isótopo radioactivo, una enzima nucleolítica o similar. Los anticuerpos utilizados en los métodos de la presente invención se pueden producir
55 opcionalmente en células CHO o células bacterianas.

[0027] Otra realización de la presente invención se dirige a usos médicos que se refieren a un método de tratamiento terapéutico de un tumor en un mamífero, donde el crecimiento de dicho tumor es, por lo menos en parte,
60 dependiente del efecto o efectos potenciadores del crecimiento de un polipéptido TASK, donde el método comprende administrar al mamífero una cantidad terapéuticamente eficaz de un anticuerpo que se une al polipéptido TASK, antagonizando de este modo la actividad potenciadora del crecimiento de dicho polipéptido TASK y dando

lugar a un tratamiento terapéutico eficaz del tumor tal como se define en las reivindicaciones. Opcionalmente, el anticuerpo es un anticuerpo monoclonal, fragmento de anticuerpo, anticuerpo quimérico, anticuerpo humanizado, o anticuerpo de cadena única. Los anticuerpos utilizados en los métodos de la presente invención se pueden conjugar opcionalmente a un agente inhibidor del crecimiento o un agente citotóxico, tal como una toxina, incluyendo, por ejemplo, un maitansinoide o caliqueamicina, un antibiótico, un isótopo radioactivo, una enzima nucleolítica o similar. Los anticuerpos utilizados en los métodos de la presente invención se pueden producir opcionalmente en células CHO o células bacterianas.

[0028] Otra realización de la presente invención se dirige a usos médicos que se refieren a un método para tratar o prevenir un trastorno proliferativo celular asociado con una expresión o actividad alterada, preferiblemente aumentada, de un polipéptido TASK, comprendiendo el método administrar a un sujeto con necesidad de dicho tratamiento una cantidad eficaz de un antagonista de un polipéptido TASK tal como se define en las reivindicaciones. Preferiblemente, el trastorno proliferativo celular es cáncer y el antagonista del polipéptido TASK es un anticuerpo anti-polipéptido TASK, u oligonucleótido no codificante. El tratamiento o prevención eficaz del trastorno proliferativo celular puede ser un resultado de la eliminación directa o inhibición del crecimiento de células que expresan un polipéptido TASK o antagonizando la actividad proliferativa celular de un polipéptido TASK.

[0029] Otra realización de la presente invención se dirige a un método de determinación de la presencia de un polipéptido TASK en una muestra sospechosa de contener el polipéptido TASK, donde el método comprende exponer la muestra a un anticuerpo que se une al polipéptido TASK y determinar la unión del anticuerpo al polipéptido TASK en la muestra, donde la presencia de dicha unión es indicativa de la presencia del polipéptido TASK en la muestra. Opcionalmente, la muestra puede contener células (que pueden ser células cancerosas) sospechosas de expresar el polipéptido TASK tal como se define en las reivindicaciones. El anticuerpo utilizado en el método opcionalmente se puede marcar para su detección, unirse a un soporte sólido, o similar.

[0030] Una realización adicional de la presente invención se refiere a un método de diagnóstico de la presencia de un tumor en un mamífero, donde el método comprende detectar el nivel de expresión de un gen que codifica un polipéptido TASK (a) en una muestra de prueba de células de tejido obtenidas de dicho mamífero, y (b) en una muestra de control de células normales conocidas del mismo origen de tejido, donde un nivel de expresión del polipéptido TASK más elevado en la muestra de prueba, en comparación con la muestra de control, es indicativo de la presencia de un tumor en el mamífero del que se obtuvo la muestra de prueba tal como se define en las reivindicaciones.

[0031] Otra realización de la presente invención se refiere a un método de diagnóstico de la presencia de un tumor en un mamífero, donde el método comprende (a) poner en contacto una muestra de prueba que comprende células de tejido obtenidas del mamífero con un anticuerpo que se une a un polipéptido TASK y (b) detectar la formación de un complejo entre el anticuerpo y el polipéptido TASK en la muestra de prueba, donde la formación de un complejo es indicativo de la presencia de un tumor en el mamífero tal como se define en las reivindicaciones. Opcionalmente, el anticuerpo utilizado se puede marcar para su detección, unirse a un soporte sólido, o similar, y/o la muestra de prueba de células de tejido se obtiene de un individuo sospechoso de tener un tumor canceroso.

[0032] Otras realizaciones adicionales de la presente invención serán evidentes para el experto en la materia tras una lectura de la presente memoria.

45 BREVE DESCRIPCIÓN DE LOS DIBUJOS

[0033]

La Figura 1 muestra una secuencia de nucleótidos (SEC ID NO:1) de un ADNc de TASK110, donde la SEC ID NO:1 es un clon designado aquí como "DNA255289".

La figura 2 muestra la secuencia de aminoácidos (SEC ID No. 2) derivada de la secuencia codificante de SEC ID No: 1 mostrada en la figura 1.

55 La figura 7 muestra el análisis de experimentos Taqman™ realizados sobre TASK110.

Las figuras 9A-9B muestran los resultados de hibridación in situ con TASK110 realizada en una muestra de tumor de pulmón.

60 Las figuras 11A-11(I) muestran la modulación de la expresión de TASK110 en experimentos con siARN.

La figura 14 muestra la amplificación genómica de TASK110 analizada mediante Taqman™.

DESCRIPCIÓN DETALLADA DE LAS REALIZACIONES PREFERIDAS

5 I. Definiciones

- [0034]** Los términos “polipéptido TASK” y “TASK” tal como se utilizan aquí y cuando va seguida inmediatamente por una designación numérica, se refieren a varios polipéptidos, en los que la designación completa (es decir, TASK/número) se refiere a secuencias de polipéptidos específicas tal como se describen aquí. Los términos
- 10 “polipéptido TASK/número” y “TASK/número” donde el término “número” se proporciona como una designación numérica real tal como se utiliza aquí, comprenden polipéptidos de secuencia nativa, variantes de polipéptidos y fragmentos de polipéptidos de secuencia nativa y variantes de polipéptidos (que se definen posteriormente aquí). Los polipéptidos TASK descritos en la presente invención se pueden aislar de un conjunto de fuentes, tales como de tipos de tejido humano y de otras fuentes, o se pueden preparar mediante métodos recombinantes o sintéticos. El
- 15 término “polipéptido TASK” se refiere a cada polipéptido TASK/número individual descrito aquí. Todas las descripciones en esta memoria que se refieren al “polipéptido TASK” se refieren a cada uno de los polipéptidos individualmente, así como de manera conjunta. Por ejemplo, las descripciones de la preparación, purificación, derivación, formación de anticuerpos para o contra, la formación de oligopéptidos de unión a TASK para o contra, la formación de moléculas orgánicas de unión a TASK para o contra, la administración de composiciones que
- 20 contienen, el tratamiento de una enfermedad con, etc., se refieren a cada polipéptido de la invención individualmente. El término “polipéptido TASK” también incluye variantes de polipéptidos TASK/número descritos aquí.
- [0035]** Un “polipéptido TASK de secuencia nativa” comprende un polipéptido que tiene la misma secuencia de
- 25 aminoácidos que el correspondiente polipéptido TASK derivado de la naturaleza. Dichos polipéptidos TASK de secuencia nativa pueden aislarse de la naturaleza o pueden producirse mediante medios recombinantes o sintéticos. El término “polipéptido TASK de secuencia nativa” abarca específicamente las formas truncadas o secretadas naturales del polipéptido TASK específico, formas variantes naturales (por ejemplo, formas cortadas y empalmadas (“spliced”) alternativamente) y variantes alélicas naturales del polipéptido. En varias realizaciones de la invención, los
- 30 polipéptidos TASK de secuencia nativa descritos aquí son polipéptidos de secuencia nativa madura o de longitud completa que comprenden las secuencias de aminoácidos de longitud completa que se muestran en las figuras acompañantes. Los codones de inicio y parada (si se indican) se muestran en negrita y subrayados en las figuras. Los residuos de ácidos nucleicos indicados como una “N” en las figuras acompañantes son cualquier residuo de ácido nucleico. Sin embargo, mientras que se muestra que los polipéptidos TASK descritos en las figuras
- 35 acompañantes se inician con los residuos de metionina denominados aquí como posición 1 de aminoácido en las figuras, es concebible y posible que otros residuos de metionina localizados cadena arriba o cadena abajo de la posición 1 de aminoácidos en las figuras puedan utilizarse como el residuo de aminoácido de partida de los polipéptidos TASK.
- [0036]** “Variante de polipéptido TASK” significa un polipéptido TASK, preferiblemente un polipéptido TASK activo, tal como se define aquí que tiene por lo menos aproximadamente el 80% de identidad en la secuencia de aminoácidos con una secuencia de polipéptido TASK de secuencia nativa de longitud completa tal como se describe aquí, o cualquier otro fragmento de una secuencia de polipéptido TASK de longitud completa tal como se describe aquí
- 40 (tales como las codificadas por un ácido nucleico que representa sólo una parte de la secuencia codificante completa para un polipéptido TASK de longitud completa). Dichas variantes de polipéptido TASK incluyen, por ejemplo, los polipéptidos TASK en donde uno o más residuos de aminoácido se añaden, o eliminan, en el extremo N- o C-terminal de la secuencia de aminoácidos nativa de longitud completa. Generalmente, una variante de polipéptido TASK tendrá por lo menos aproximadamente un 80% de identidad en la secuencia de aminoácidos, alternativamente por lo menos aproximadamente un 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%,
- 50 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, ó 99% de identidad en la secuencia de aminoácidos con una secuencia de un polipéptido TASK de secuencia nativa de longitud completa tal como se describe aquí, o cualquier otro fragmento definido específicamente de una secuencia de polipéptido TASK de longitud completa tal como se describe aquí. Generalmente, los polipéptidos variantes de TASK tienen una longitud de por lo menos aproximadamente 10 aminoácidos, alternativamente de por lo menos aproximadamente 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80, 90, 100, 110, 120, 130,
- 55 140, 150, 160, 170, 180, 190, 200, 210, 220, 230, 240, 250, 260, 270, 280, 290, 300, 310, 320, 330, 340, 350, 360, 370, 380, 390, 400, 410, 420, 430, 440, 450, 460, 470, 480, 490, 500, 510, 520, 530, 540, 550, 560, 570, 580, 590, 600 aminoácidos de longitud, o mas. Opcionalmente, los polipéptidos variantes de TASK tendrán no más de una sustitución de aminoácido conservativo en comparación con la secuencia de polipéptido TASK nativa, alternativamente no más de 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, ó 10 sustituciones de aminoácido conservativo en comparación con
- 60 la secuencia de polipéptido TASK nativa.

[0037] El “porcentaje (%) de identidad en la secuencia de aminoácidos” con respecto a las secuencias del polipéptido TASK identificadas en la presente invención se define como el porcentaje de residuos de aminoácidos en una secuencia candidata que son idénticos con los residuos de aminoácidos en la secuencia de polipéptido TASK específica, después de la alineación de las secuencias y la introducción de espacios, si es necesario, para conseguir el máximo porcentaje de identidad en la secuencia, y sin considerar ninguna sustitución conservativa como parte de identidad en la secuencia. La alineación con el objetivo de determinar el porcentaje de identidad en la secuencia de aminoácidos se puede conseguir de varias maneras que están dentro de la técnica, por ejemplo, utilizando software informático disponible públicamente, tal como software BLAST, BLAST-2, ALIGN, o Megalign (DNASTAR). Los expertos en la materia pueden determinar parámetros apropiados para medir la alineación, incluyendo cualquier algoritmo necesario para conseguir el máximo de alineación sobre la longitud completa de las secuencias que se comparan. Para los objetivos de la presente invención, sin embargo, los valores en % de la identidad en la secuencia de aminoácidos se generan utilizando el programa informático de comparación de secuencias ALIGN-2, en el que el código fuente completo para el programa ALIGN-2 se proporciona en la Tabla 1 siguiente. El programa informático de comparación de secuencias ALIGN-2 era propiedad de Genentech, Inc. y el código fuente mostrado en la Tabla 1 se ha presentado con la documentación del usuario en la U.S. Copyright Office, Washington D.C. 20559, donde está registrado bajo el U.S. Copyright Registration No. TXU510087. El programa ALIGN-2 está disponible públicamente mediante Genentech Inc., South San Francisco, California o se puede compilar a partir del código fuente proporcionado en la Tabla 1 siguiente. El programa ALIGN-2 debería compilarse para su utilización en un sistema operativo UNIX, preferiblemente UNIX V4.0D digital. Todos los parámetros de comparación de las secuencias son fijados en el programa ALIGN-2 y no varían.

[0038] En las situaciones en las que se utiliza ALIGN-2 para la comparación de secuencia de aminoácidos, el % de identidad en la secuencia de aminoácidos de una secuencia de aminoácidos determinada A a, con, o contra una secuencia de aminoácidos determinada B (que se puede escribir alternativamente como una secuencia de aminoácidos determinada A que tiene o comprende un cierto % de identidad en la secuencia de aminoácidos a, con, o contra una secuencia de aminoácidos determinada B) se calcula tal y como se indica a continuación:

$$100 \text{ veces la fracción } X/Y$$

donde X es el número de residuos de aminoácidos identificados como emparejamientos idénticos por el programa de alineación de secuencias ALIGN-2 en dicha alineación del programa de A y B, y donde Y es el número total de residuos de aminoácidos en B. Se comprenderá que cuando la longitud de la secuencia de aminoácidos A no es igual a la longitud de la secuencia de aminoácidos B, el % de identidad en la secuencia de aminoácidos de A a B no será igual al % de identidad en la secuencia de aminoácidos de B a A. Como ejemplos de los cálculos del % de identidad en la secuencia de aminoácidos utilizando este procedimiento. Las Tablas 2 y 3 demuestran cómo calcular el % de identidad en la secuencia de aminoácidos de la secuencia de aminoácidos denominada “Proteína de comparación” con la secuencia de aminoácidos denominada “TASK”, donde “TASK” representa la secuencia de aminoácidos de un polipéptido contra el que el polipéptido “TASK” hipotético de interés, “Proteína de comparación” representa la secuencia de aminoácidos de un polipéptido contra el que se compara el “polipéptido TASK” de interés, y “X”, “Y” y “Z” cada uno representa residuos de aminoácidos hipotéticos diferentes. A menos que se afirme específicamente lo contrario, todos los valores de % de identidad en la secuencia de aminoácidos utilizados aquí se obtienen tal como se describe en párrafo inmediatamente anterior utilizando el programa informático ALIGN-2.

[0039] El “polinucleótido variante de TASK” o “secuencia de ácidos nucleicos variante de TASK” significa una molécula de ácido nucleico que codifica un polipéptido TASK, preferiblemente un polipéptido TASK activo, tal y como se define aquí y que tiene por lo menos aproximadamente un 80% de identidad en la secuencia de ácidos nucleicos con una secuencia de ácidos nucleicos que codifica una secuencia de polipéptido TASK de secuencia nativa y de longitud completa tal y como se describe en la presente invención, o cualquier otro fragmento de una secuencia de polipéptido TASK de longitud completa tal y como se describe en la presente invención (tales como las codificadas por un ácido nucleico que representa sólo una parte de la secuencia codificante completa para un polipéptido TASK de longitud completa). Habitualmente, un polinucleótido variante de TASK tendrá por lo menos aproximadamente un 80% de identidad en la secuencia de ácidos nucleicos, alternativamente por lo menos aproximadamente un 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% ó 99% de identidad en la secuencia de ácidos nucleicos con una secuencia de ácidos nucleicos que codifica una secuencia de polipéptido TASK de secuencia nativa y de longitud completa tal y como se describe en la presente invención, o cualquier otro fragmento de una secuencia de polipéptido TASK de longitud completa tal y como se describe en la presente invención. Las variantes no comprenden la secuencia de nucleótidos nativa.

[0040] Habitualmente, los polinucleótidos variantes de TASK tienen por lo menos aproximadamente 5 nucleótidos de longitud, alternativamente por lo menos aproximadamente 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 35, 40, 45, 50, 55, 60, 65, 70, 75, 80, 85, 90, 95, 100, 105, 110, 115, 120, 125, 130, 135,

140, 145, 150, 155, 160, 165, 170, 175, 180, 185, 190, 195, 200, 210, 220, 230, 240, 250, 260, 270, 280, 290, 300, 310, 320, 330, 340, 350, 360, 370, 380, 390, 400, 410, 420, 430, 440, 450, 460, 470, 480, 490, 500, 510, 520, 530, 540, 550, 560, 570, 580, 590, 600, 610, 620, 630, 640, 650, 660, 670, 680, 690, 700, 710, 720, 730, 740, 750, 760, 770, 780, 790, 800, 810, 820, 830, 840, 850, 860, 870, 880, 890, 900, 910, 920, 930, 940, 950, 960, 970, 980, 990, ó
 5 1000 nucleótidos de longitud, donde en este contexto el término “aproximadamente” significa la longitud de la secuencia de nucleótidos referenciada más o menos un 10% de esa longitud referenciada.

[0041] El “porcentaje (%) de identidad en la secuencia de ácidos nucleicos” con respecto a las secuencias de ácidos nucleicos que codifican el TASK identificadas en la presente invención se define como el porcentaje de nucleótidos
 10 en una secuencia candidata que son idénticos con los nucleótidos en la secuencia de ácidos nucleicos que codifica TASK de interés, después de la alineación de las secuencias y la introducción de espacios, si es necesario, para conseguir el máximo porcentaje de identidad en la secuencia. La alineación con el objetivo de determinar el porcentaje de identidad en la secuencia de ácidos nucleicos se puede conseguir de varias maneras que están dentro de la técnica, por ejemplo, utilizando software informático disponible públicamente, tal como software BLAST,
 15 BLAST-2, ALIGN, o Megalign (DNASTAR). Para los objetivos de la presente invención, sin embargo, los valores en % de la identidad en la secuencia de ácidos nucleicos se generan utilizando el programa informático de comparación de secuencias ALIGN-2, en el que el código fuente completo para el programa ALIGN-2 se proporciona en la Tabla 1 siguiente. El programa informático de comparación de secuencias ALIGN-2 era propiedad de Genentech, Inc. y el código fuente mostrado en la Tabla 1 siguiente se ha presentado con la documentación del usuario en la U.S.
 20 Copyright Office, Washington D.C. 20559, donde está registrado bajo el U.S. Copyright Registration No. TXU510087. El programa ALIGN-2 está disponible públicamente mediante Genentech Inc., South San Francisco, California o se puede compilar a partir del código fuente proporcionado en la Tabla 1 siguiente. El programa ALIGN-2 debería compilarse para su utilización en un sistema operativo UNIX, preferiblemente UNIX V4.0D digital. Todos los parámetros de comparación de las secuencias son fijados en el programa ALIGN-2 y no varían.
 25

[0042] En las situaciones en las que se utiliza ALIGN-2 para las comparaciones de secuencia de ácidos nucleicos, el % de identidad en la secuencia de ácidos nucleicos de una secuencia de ácidos nucleicos determinada C a, con, o
 contra una secuencia de ácidos nucleicos determinada D (que se puede escribir alternativamente como una
 30 secuencia de ácidos nucleicos determinada C que tiene o comprende un cierto % de identidad en la secuencia de ácidos nucleicos a, con, o contra una secuencia de ácidos nucleicos determinada D) se calcula tal y como se indica a continuación:

$$100 \text{ veces la fracción } W/Z$$

35 donde W es el número de nucleótidos identificados como emparejamientos idénticos por el programa de alineación de secuencias ALIGN-2 en dicha alineación del programa de C y D, y donde Z es el número total de nucleótidos en D. Se comprenderá que cuando la longitud de la secuencia de ácidos nucleicos C no es igual a la longitud de la secuencia de ácidos nucleicos D, el % de identidad en la secuencia de ácidos nucleicos de C a D no será igual al % de identidad en la secuencia de ácidos nucleicos de D a C. Como ejemplos de los cálculos del % de identidad en la
 40 secuencia de ácidos nucleicos, las Tablas 4 y 5 demuestran cómo calcular el % de identidad en la secuencia de ácidos nucleicos de la secuencia de ácidos nucleicos denominada “ADN de comparación” con la secuencia de ácidos nucleicos denominada “TASK-DNA”, donde “TASK-DNA” representa una secuencia de ácidos nucleicos hipotética que codifica TASK de interés, “ADN de comparación”, representa la secuencia de nucleótidos de una molécula de ácido nucleico contra la que se compara la molécula de ácido nucleico “TASK-DNA” de interés, y “N”,
 45 “L” y “V” cada uno representa nucleótidos hipotéticos. A menos que se afirme específicamente lo contrario, todos los valores del % de identidad en la secuencia de ácidos nucleicos utilizados aquí se obtienen tal como se describe en párrafo inmediatamente anterior utilizando el programa informático ALIGN-2.

[0043] En otras realizaciones, los polinucleótidos variantes de TASK son moléculas de ácido nucleico que codifican
 50 un polipéptido TASK y que son capaces de hibridarse, preferiblemente bajo condiciones de hibridación y lavado astringentes, a secuencias de nucleótidos que codifican un polipéptido TASK de longitud completa tal como se describe aquí. Los polipéptidos variantes de TASK pueden ser aquellos codificados por un polinucleótido variante de TASK.

[0044] El término “aislado”, cuando se utiliza para describir los diversos polipéptidos TASK descritos en la presente
 55 invención, significa polipéptidos que se han identificado y separado y/o recuperado de un componente de su medio natural. Los componentes contaminantes de su medio natural son materiales que habitualmente interferirían con usos de diagnóstico o terapéutico para el polipéptido, y pueden incluir enzimas, hormonas y otros solutos proteináceos o no proteináceos. En realizaciones preferidas, se purificará el polipéptido (1) hasta un grado suficiente
 60 para obtener por lo menos 15 residuos de una secuencia de aminoácidos N-terminal o interna mediante la utilización de un secuenciador de copa giratoria, o (2) hasta una homogeneidad por SDS-PAGE en condiciones no reductoras

o reductoras utilizando azul de Coomassie o, preferiblemente, tinción con plata. El polipéptido aislado incluye el polipéptido *in situ* en el interior de células recombinantes, ya que por lo menos un componente del medio natural del polipéptido TASK no estará presente. Normalmente, sin embargo, el polipéptido aislado se preparará mediante por lo menos una etapa de purificación.

5

[0045] Un ácido nucleico “aislado” que codifica un polipéptido TASK u otro ácido nucleico que codifica un polipéptido es una molécula de ácido nucleico que se identifica y se separa de por lo menos una molécula de ácido nucleico contaminante con la que está asociada normalmente en el medio natural del ácido nucleico que codifica el polipéptido. Una molécula de ácido nucleico que codifica el polipéptido aislada es una forma o composición diferente de la que se encuentra en la naturaleza. Por lo tanto, las moléculas de ácido nucleico aisladas que codifican un polipéptido se diferencian de la molécula de ácido nucleico específica que codifica un polipéptido tal y como existen en células naturales. Sin embargo, una molécula de ácido nucleico aislada que codifica un polipéptido incluye moléculas de ácido nucleico que codifican el polipéptido contenidas en células que normalmente expresan el polipéptido cuando, por ejemplo, la molécula de ácido nucleico está en una localización cromosómica diferente de la de las células naturales.

[0046] El término “secuencias de control” se refiere a secuencias de ADN necesarias para la expresión de una secuencia codificante unida operativamente en un organismo huésped particular. Las secuencias de control que son adecuadas para procariotas incluyen, por ejemplo, un promotor, opcionalmente una secuencia operadora, y un sitio de unión a ribosoma. Se sabe que las células eucariotas utilizan promotores, señales de poliadenilación y potenciadores.

[0047] Un ácido nucleico está “unido operativamente” cuando está situado en una relación funcional con otra secuencia de ácidos nucleicos. Por ejemplo, el ADN para una presecuencia o secuencia líder secretora está unido operativamente a ADN para un polipéptido si se expresa como una preproteína que participa en la secreción del polipéptido; un promotor o potenciador está unido operativamente a una secuencia codificante si afecta a la transcripción de la secuencia; o un sitio de unión a ribosoma está unido operativamente a una secuencia codificante si está situado para facilitar la traducción. Generalmente, “unido operativamente” significa que las secuencias de ADN que se unen están contiguas y, en el caso de una secuencia líder secretora, contiguas y en fase de lectura. Sin embargo, los potenciadores no tienen que estar contiguos. La unión se realiza mediante la unión en los sitios de restricción convenientes. Si dichos sitios no existen, se utilizan los adaptadores o enlazadores de oligonucleótidos sintéticos según la práctica convencional.

[0048] La “astringencia” de las reacciones de hibridación se puede determinar fácilmente por un experto habitual en la materia, y generalmente es un cálculo empírico dependiente de la longitud de la sonda, la temperatura de lavado, y la concentración de sal. En general, sondas más largas requieren temperaturas más elevadas para una hibridación más correcta, mientras que sondas más cortas necesitan temperaturas más bajas. La hibridación depende generalmente de la capacidad del ADN desnaturalizado para rehibridarse cuando las cadenas complementarias están presentes en un medio por debajo de su temperatura de fusión. Cuanto mayor es el grado de homología deseada entre la sonda y la secuencia de hibridación, mayor es la temperatura relativa que se puede utilizar. Como resultado, se deduce que temperaturas relativas superiores tenderían a hacer las condiciones de reacción más astringentes, mientras que temperaturas inferiores no tanto. Para detalles adicionales y explicaciones de la astringencia de las reacciones de hibridación, ver Ausubel et al., *Current Protocols in Molecular Biology*, Wiley Interscience Publishers, (1995).

45

[0049] “Condiciones astringentes” o “condiciones de astringencia elevada”, tal y como se definen en la presente invención, se pueden identificar por aquéllas que: (1) utilizan una fuerza iónica baja y una temperatura elevada para el lavado, por ejemplo, cloruro sódico 0,015 M/citrato sódico 0,0015 M/dodecil sulfato sódico al 0,1% a 50°C; (2) utilizan durante la hibridación un agente desnaturalizante, tal como formamida, por ejemplo, formamida al 50% (v/v) con albúmina de suero bovino al 0,1%/Ficol al 0,1%/polivinilpirrolidona al 0,1%/tampón de fosfato sódico 50 mM a pH 6,5 con cloruro sódico 750 mM, citrato sódico 75 mM a 42°C; o (3) utilizan formamida al 50%, 5 x SSC (NaCl 0,75 M, citrato sódico 0,075 M), fosfato sódico 50 mM (pH 6,8), pirofosfato sódico al 0,1%, 5 x solución de Denhardt, ADN de esperma de salmón sonicado (50 µg/ml), SDS al 0,1% y sulfato de dextrano al 10% a 42°C, con lavados a 42°C en 0,2 x SSC (cloruro sódico/citrato sódico) y formamida al 50% a 55°C, seguido de un lavado de astringencia elevada de 10 min que consiste en 0,1 x SSC que contiene EDTA a 55°C.

[0050] Las “condiciones moderadamente astringentes” se pueden identificar tal y como se describen en Sambrook y otros, *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, Nueva York: Cold Spring Harbor Press, 1989, e incluyen la utilización de una solución de lavado y condiciones de hibridación (por ejemplo, temperatura, fuerza iónica y % de SDS) menos astringentes que las descritas anteriormente. Un ejemplo de condiciones moderadamente astringentes es la incubación durante toda la noche a 37°C en una solución que comprende: formamida al 20%, 5 x SSC (NaCl 150

60

mM, citrato sódico 15 mM), fosfato sódico 50 mM (pH 7,6), 5 x solución de Denhardt, sulfato de dextrano al 10%, y ADN de esperma de salmón fragmentado desnaturalizado 20 mg/ml, seguido del lavado de los filtros en 1 x SSC a aproximadamente 37-50°C. El experto en la materia sabrá como ajustar la temperatura, la fuerza iónica, etc. necesarias para acomodar factores, tales como la longitud de la sonda y similares.

5

[0051] El término “epítipo etiquetado”, cuando se utiliza en la presente invención, se refiere a un polipéptido quimérico que comprende un polipéptido TASK o un anticuerpo anti-TASK fusionado a un “polipéptido etiqueta”. El polipéptido etiqueta tiene residuos suficientes para proporcionar un epítipo contra el que se puede fabricar un anticuerpo, aunque es suficientemente corto, de manera que no interfiere en la actividad del polipéptido al que se fusiona. El polipéptido etiqueta es también preferiblemente bastante único, de manera que el anticuerpo sustancialmente no reacciona de forma cruzada con otros epítipos. Los polipéptidos etiqueta adecuados tienen generalmente por lo menos seis residuos de aminoácidos y habitualmente entre aproximadamente 8 y 50 residuos de aminoácidos (preferiblemente, entre aproximadamente 10 y 20 residuos de aminoácidos).

[0052] “Activo” o “actividad” para los objetivos de la presente invención se refiere a una forma o formas de un polipéptido TASK que retiene una actividad biológica y/o inmunológica de un polipéptido TASK nativo o natural, donde la actividad “biológica” se refiere a una función biológica (inhibidora o estimuladora) provocada por un polipéptido TASK nativo o natural que es diferente de la capacidad de inducir la producción de un anticuerpo contra un epítipo antigénico que se encuentra en un polipéptido TASK nativo o natural y una actividad “inmunológica” se refiere a la capacidad de inducir la producción de un anticuerpo contra un epítipo antigénico que se encuentra en un polipéptido TASK nativo o natural.

[0053] El término “antagonista” se utiliza en el sentido más amplio, e incluye cualquier molécula que bloquea, inhibe o neutraliza parcial o completamente una actividad biológica de un polipéptido nativo TASK descrito aquí. De manera similar, el término “agonista” se utiliza en el sentido más amplio e incluye cualquier molécula que mimetiza una actividad biológica de un polipéptido TASK nativo descrito aquí. Las moléculas agonistas o antagonistas adecuadas incluyen específicamente los anticuerpos o los fragmentos de anticuerpos, fragmentos o variantes en la secuencia de aminoácidos de polipéptidos TASK nativos, péptidos, oligonucleótidos no codificantes, moléculas orgánicas pequeñas, etc., ya sean agonistas o antagonistas. Los procedimientos para identificar agonistas o antagonistas de un polipéptido TASK pueden comprender poner en contacto un polipéptido TASK con una molécula agonista o antagonista candidata y medir un cambio detectable en una o más actividades biológicas normalmente asociadas con el polipéptido TASK.

[0054] “Tratar” o “tratamiento” o “alivio” se refieren a tanto un tratamiento terapéutico como con medidas profilácticas o preventivas, en las que el objetivo es prevenir o ralentizar (disminuir) la afección o trastorno patológico reconocido. Los necesitados del tratamiento incluyen aquéllos que ya padecen el trastorno, así como aquéllos propensos a padecer el trastorno o aquéllos a los que debe prevenirse el trastorno. Un sujeto o mamífero es “tratado” satisfactoriamente para un cáncer que expresa el polipéptido TASK si, después de recibir una cantidad terapéutica de un anticuerpo anti-TASK, oligopéptido de unión a TASK o molécula orgánica de unión a TASK según los métodos de la presente invención, el paciente muestra una reducción observable y/o medible o ausencia de uno o más de los siguientes: reducción en el número de células cancerosas o ausencia de células cancerosas; reducción en el tamaño del tumor; inhibición (es decir, ralentización en cierto grado y preferiblemente detención) de la infiltración de células cancerosas en órganos periféricos incluyendo la extensión del cáncer a tejido blando y hueso; inhibición (es decir, ralentización en cierto grado y preferiblemente detención) de la metástasis tumoral; inhibición, en cierto grado, del crecimiento tumoral; y/o alivio, en cierto grado, de uno o más de los síntomas asociados con el cáncer específico; morbilidad y mortalidad reducidas, y mejora en cuestiones de calidad de vida. Siempre que el anticuerpo anti-TASK o el oligopéptido de unión a TASK puedan prevenir el crecimiento y/o la citólisis de células cancerosas existentes, pueden ser citostáticos o citotóxicos. La reducción de estos signos o síntomas también puede ser sentida por el paciente.

50

[0055] Los parámetros anteriores para evaluar una tratamiento satisfactorio y una mejora en la enfermedad son fácilmente medibles mediante procedimientos de rutina familiares para el médico. Para la terapia contra el cáncer, se puede medir la eficacia, por ejemplo, mediante la valoración del tiempo hasta la progresión de la enfermedad (TTP) y/o la determinación de la velocidad de respuesta (RR). La metástasis se puede determinar mediante tests de estadificación y mediante escaneo óseo y tests de los niveles de calcio y otras enzimas para determinar la expansión hacia los huesos. Los escaneos CT también se pueden realizar para buscar la expansión hacia la pelvis y los nódulos linfáticos en el área. Los rayos X del pecho y la medición de los niveles de enzimas hepáticas mediante métodos conocidos se utilizan para buscar metástasis hacia pulmones e hígado, respectivamente. Otros métodos de rutina para monitorizar la enfermedad incluyen ultrasonografía transrectal (TRUS) y biopsia con aguja transrectal (TRNB).

60

[0056] Para el cáncer de vejiga, que es un cáncer más localizado, los métodos para determinar el progreso de la enfermedad incluyen la evaluación citológica urinaria mediante citoscopia, monitorización de la presencia de sangre en la orina, visualización del tracto urotelial mediante monografía o un pielograma intravenoso, tomografía computerizada (CT) e imagen por resonancia magnética (MRI). La presencia de metástasis distantes se puede evaluar mediante CT del abdomen, rayos X del pecho u obtención de imágenes por radionucleidos del esqueleto.

[0057] Administración “crónica” se refiere a la administración del agente o agentes de un modo continuo en oposición a un modo agudo, para mantener el efecto (actividad) terapéutica inicial durante un periodo de tiempo largo. Administración “intermitente” es el tratamiento que no se realiza consecutivamente sin interrupción, sino que es más bien cíclico por naturaleza.

[0058] El término “mamífero” con el propósito de tratamiento, o alivio de los síntomas o diagnóstico del cáncer, se refiere a cualquier animal clasificado como un mamífero, incluyendo el hombre, animales domésticos y de granja, y animales del zoo, deportivos o de compañía, tales como perros, gatos, ganado, caballos, ovejas, cerdos, cabras, conejos etc. Preferiblemente, el mamífero es el hombre.

[0059] La administración “en combinación con” uno o más agentes terapéuticos adicionales incluye la administración simultánea (a la vez) y la administración consecutiva en cualquier orden.

[0060] “Portadores”, tal como se utiliza aquí, incluyen los portadores, excipientes o estabilizantes farmacéuticamente aceptables, que no son tóxicos para la célula o para el mamífero que se expone a los mismos en las dosificaciones y concentraciones utilizadas. A menudo, el portador fisiológicamente aceptable es una solución acuosa tamponada de pH. Ejemplos de portadores aceptables fisiológicamente incluyen tampones, tales como fosfato, citrato, y otros ácido orgánicos; antioxidantes incluyendo el ácido ascórbico; polipéptidos de bajo peso molecular (inferiores a aproximadamente 10 residuos); proteínas, tales como albúmina sérica, gelatina o inmunoglobulinas; polímeros hidrofílicos, tales como polivinilpirrolidona; aminoácidos, tales como la glicina, la glutamina, la asparagina, la arginina o la lisina; monosacáridos, disacáridos y otros carbohidratos incluyendo la glucosa, la manosa, o las dextrinas; agentes quelantes, tales como EDTA; alcoholes de azúcar, tales como manitol o sorbitol; contraiones formadores de sales, tales como sodio; y/o tensoactivos no iónicos, tales como TWEENTM, polietilenglicol (PEG) y PLURONICSTM.

[0061] Por “fase sólida” o “soporte sólido” se entiende una matriz no acuosa a la que se puede adherir o unir un anticuerpo, un oligonucleótido de unión a TASK o una molécula orgánica de unión a TASK de la presente invención. Ejemplos de fases sólidas comprendidas en la presente invención incluyen aquellas formadas parcial o completamente de vidrio (por ejemplo, vidrio de poro controlado), de polisacáridos (por ejemplo, agarosa), de poliacrilamidas, de poliestireno, de polivinil alcohol y de siliconas. En ciertas realizaciones, dependiendo del contexto, la fase sólida puede comprender el pocillo de una placa de ensayo; en otras, es una columna de purificación (por ejemplo, una columna de cromatografía por afinidad). Este término también incluye una fase sólida discontinua de partículas discretas, tal como las descritas en la patente de Estados Unidos no. 4.275.149.

[0062] Un “liposoma” es una vesícula pequeña compuesta de varios tipos de lípidos, fosfolípidos y/o tensoactivos que es útil para la liberación de un fármaco (tal como un polipéptido TASK, un anticuerpo para el mismo o un oligopéptido de unión a TASK) a un mamífero. Los componentes del liposoma se disponen habitualmente en una formación de bicapa, similar a la disposición de los lípidos de las membranas biológicas.

[0063] Una molécula “pequeña” o molécula orgánica “pequeña” se define en la presente invención por tener un peso molecular por debajo de aproximadamente 500 Daltons.

[0064] Una “cantidad eficaz” de un polipéptido, anticuerpo, oligopéptido de unión a TASK, ARN de interferencia de TASK, molécula orgánica de unión a TASK o un agonista o antagonista de los mismos tal como se describe aquí, es una cantidad suficiente para llevar a cabo un objetivo específicamente indicado. Una “cantidad eficaz” puede determinarse empíricamente y de forma rutinaria, en relación al objetivo indicado.

[0065] El término “cantidad terapéuticamente eficaz” se refiere a una cantidad de un anticuerpo, polipéptido, oligopéptido de unión a TASK, ARN de transferencia de TASK, molécula orgánica de unión a TASK u otro fármaco eficaz para “tratar” una enfermedad o trastorno en un sujeto o mamífero. En el caso del cáncer, la cantidad terapéuticamente eficaz del fármaco puede reducir el número de células cancerosas; reducción en el tamaño del tumor; inhibir (es decir, ralentizar en cierto grado y preferiblemente detener) la infiltración de células cancerosas en órganos periféricos; inhibir (es decir, ralentizar en cierto grado y preferiblemente detener) la metástasis tumoral; inhibir, en cierto grado, el crecimiento tumoral; y/o aliviar, en cierto grado, uno o más de los síntomas asociados con el cáncer. Véase la definición de “tratamiento” en la presente invención. Siempre que el fármaco pueda prevenir el crecimiento y/o la citólisis de células cancerosas existentes, puede ser citostático o citotóxico.

[0066] Una “cantidad inhibidora del crecimiento” de un anticuerpo anti-TASK, polipéptido TASK, oligopéptido de unión a TASK, siARN de TASK o molécula orgánica de unión a TASK es una cantidad capaz de inhibir el crecimiento de una célula, especialmente tumoral, por ejemplo, las células cancerosas, ya sea *in vitro* o *in vivo*. Una
5 “cantidad inhibidora del crecimiento” de un anticuerpo anti-TASK, polipéptido TASK, oligopéptido de unión a TASK, siARN de TASK o molécula orgánica de unión a TASK con el propósito de inhibir el crecimiento de células neoplásicas se puede determinar empíricamente y de una manera rutinaria.

[0067] Una “cantidad citotóxica” de un anticuerpo anti-TASK, polipéptido TASK, oligopéptido de unión a TASK, siARN de TASK o molécula orgánica de unión a TASK es una cantidad capaz de causar la destrucción de una
10 célula, especialmente tumoral, por ejemplo las células cancerosas, ya sea *in vitro* o *in vivo*. Una “cantidad citotóxica” de un anticuerpo anti-TASK, polipéptido TASK, oligopéptido de unión a TASK, siARN de TASK o molécula orgánica de unión a TASK con el propósito de inhibir el crecimiento de células neoplásicas se puede determinar empíricamente y de una manera rutinaria.

[0068] El término “anticuerpo” se utiliza en el sentido más amplio y cubre específicamente, por ejemplo, anticuerpos monoclonales anti-TASK individuales (incluyendo agonista, antagonista, y anticuerpos neutralizantes), composiciones de anticuerpos anti-TASK con especificidad poliepitópica, anticuerpos policlonales, anticuerpos anti-TASK de cadena única, y fragmentos de anticuerpos anti-TASK (ver a continuación), siempre y cuando muestren la
15 actividad biológica o inmunológica deseadas. El término “inmunoglobulina” (Ig) se utiliza indistintamente con el anticuerpo de la presente invención.

[0069] Un “anticuerpo aislado” es aquel que se ha identificado y separado y/o recuperado de un componente de su medio natural. Los componentes contaminantes de su medio natural son materiales que habitualmente interferirían
25 con usos de diagnóstico o terapéuticos para el anticuerpo, y pueden incluir enzimas, hormonas y otros solutos proteínicos o no proteínicos. En realizaciones preferidas, se purificará el anticuerpo (1) en más de un 95% en peso del anticuerpo determinado por el método de Lowry, y aún más preferiblemente en más de un 99% en peso, (2) hasta un grado suficiente para obtener por lo menos 15 residuos de una secuencia de aminoácidos N-terminal o interna mediante la utilización de un secuenciador de copa giratoria, o (3) hasta una homogeneidad por SDS-PAGE
30 en condiciones no reductoras o reductoras utilizando azul de Coomassie o, preferiblemente, tinción con plata. El anticuerpo aislado incluye el anticuerpo *in situ* en el interior de células recombinantes, ya que por lo menos un componente del medio natural del anticuerpo no estará presente. Normalmente, sin embargo, el anticuerpo aislado se preparará mediante por lo menos una etapa de purificación.

[0070] La unidad básica del anticuerpo de 4 cadenas es una glicoproteína heterotetramérica compuesta de dos cadenas ligeras (L) idénticas y dos cadenas pesadas (H) idénticas (un anticuerpo IgM consiste en 5, la unidad heterotetramérica básica junto con un polipéptido adicional denominado cadena J y, por tanto, contiene 10 sitios de unión a antígeno, mientras que los anticuerpos IgA secretados pueden polimerizarse para formar ensamblajes polivalentes que comprenden 2-5 de las unidades básicas de 4 cadenas junto con la cadena J). En el caso de las
40 IgGs, la unidad de 4 cadenas es generalmente de aproximadamente 150.00 daltons. Cada cadena L está unida a una cadena H mediante un enlace disulfuro covalente, mientras que las dos cadenas H están unidas entre sí mediante uno o más enlaces disulfuro que dependen del isotipo de cadena H. Cada cadena H y L también tiene puentes disulfuro intracatenarios regularmente separados. Cada cadena H tiene en el extremo N-terminal un dominio variable (V_H) seguido de tres dominios constantes (C_H) para cada una de las cadenas α y γ y cuatro
45 dominios C_H para los isotipos μ y ϵ . Cada cadena L tiene en el extremo N-terminal un dominio variable (V_L) seguido de un dominio constante (C_L) en su otro extremo. El V_L está alineado con el V_H y el C_L está alineado con el primer dominio constante de la cadena pesada (C_{H1}). Se cree que residuos de aminoácidos particulares forman una interfase entre los dominios variables de cadena ligera y cadena pesada. El emparejamiento de un V_H y un V_L juntos forma un único sitio de unión a antígeno. Para la estructura y las propiedades de las diferentes clases de
50 anticuerpos, véase, por ejemplo, Basic and Clinical Immunology, 8ª Edición, Daniel P. Stites, Abba I. Terr y Tristram G. Parslow (eds.), Appleton & Lange, Norwalk, CT, 1994, página 71 y capítulo 6.

[0071] La cadena L de cualquier especie vertebrada se puede asignar a uno de los dos tipos claramente distintos, denominados kappa y lambda, en base a las secuencias de aminoácidos de sus dominios constantes. Dependiendo
55 de la secuencia de aminoácidos del dominio constante de sus cadenas pesadas (C_H), las inmunoglobulinas se pueden asignar a diferentes clases o isotipos. Existen cinco clases de inmunoglobulinas: IgA, IgD, IgE, IgG e IgM, que tienen las cadenas pesadas designadas α , δ , ϵ , γ , y μ , respectivamente. Las clases γ y α se dividen además en subclases en base a diferencias relativamente menores en la secuencia y la función de C_H , por ejemplo, los humanos expresan las siguientes subclases: IgG1, IgG2, IgG3, IgG4, IgA1 e IgA2.

[0072] El término “variable” se refiere al hecho de que ciertas partes de los dominios variables difieren ampliamente
60

en la secuencia entre anticuerpos. El dominio V media en la unión a antígeno y define la especificidad de un anticuerpo particular por su antígeno particular. Sin embargo, la variabilidad no está distribuida uniformemente a lo largo del tramo de 110 aminoácidos de los dominios variables. En cambio, las regiones V consisten en tramos relativamente invariantes denominados regiones armazón (“framework”) (FRs) de 15-30 aminoácidos separadas por 5 regiones más cortas de variabilidad extrema denominadas “regiones hipervariables” que tienen cada una de 9 a 12 aminoácidos de longitud. Los dominios variables de cadenas ligeras y pesadas nativas comprenden cada uno cuatro regiones FR, que adoptan ampliamente una configuración de lámina beta, conectadas mediante tres regiones hipervariables, que forman bucles que conectan, y en algunos casos forman parte de, la estructura de lámina beta. Las regiones hipervariables en cada cadena se mantienen juntas de manera próxima mediante las FR y, con las 10 regiones hipervariables de la otra cadena, contribuyen a la formación del sitio de unión a antígeno de los anticuerpos (ver Kabat et al., *Sequences of Proteins of Immunological Interest* 5th Ed. Public Health Service, National Institutes of Health, Bethesda, MD (1991)). Los dominios constantes no están implicados directamente en la unión de un anticuerpo a un antígeno, pero muestran varias funciones efectoras, tales como la participación del anticuerpo en la citotoxicidad celular dependiente de anticuerpo (ADCC).

15 **[0073]** El término “región hipervariable” cuando se utiliza en la presente invención se refiere a los residuos de aminoácidos de un anticuerpo que son responsables de la unión a antígeno. La región hipervariable comprende generalmente residuos de aminoácidos de una “región determinante de complementariedad” o “CDR” (por ejemplo, aproximadamente los residuos 24-34 (L1), 50-56 (L2) y 89-97 (L3) en el V_L y aproximadamente 1-35 (H1), 50-65 (H2) y 95-102 (H3) en V_H; Kabat et al., *Sequences of Proteins of Immunological Interest*, 5th Ed. Public Health Service, National Institutes of Health, Bethesda, MD. (1991)) y/o aquellos residuos de un “bucle hipervariable” (por ejemplo, los residuos 26-32 (L1), 50-52 (L2) y 91-96 (L3) en el V_L y 26-32 (H1), 53-55 (H2) y 96-101 (H3) en el V_H; Chothia y Lesk J. *Mol. Biol.* 196: 901-917 (1987)).

25 **[0074]** El término “anticuerpo monoclonal”, tal y como se utiliza en la presente invención, se refiere a un anticuerpo obtenido de una población de anticuerpos sustancialmente homogéneos, es decir, los anticuerpos individuales que comprenden la población son idénticos a excepción de posibles mutaciones naturales que pueden estar presentes en cantidades menores. Los anticuerpos monoclonales son altamente específicos, dirigiéndose contra un sitio antigénico único. Además, a diferencia de preparaciones de anticuerpos policlonales que incluyen anticuerpos 30 diferentes dirigidos contra determinantes (epítomos) diferentes, cada anticuerpo monoclonal se dirige contra un determinante único en el antígeno. Además de su especificidad, los anticuerpos monoclonales son ventajosos en que se pueden sintetizar sin estar contaminados por otros anticuerpos. El modificador “monoclonal” no debe interpretarse como que se requiere la producción del anticuerpo mediante cualquier procedimiento particular. Por ejemplo, los anticuerpos monoclonales útiles en la presente invención se pueden fabricar mediante el método del 35 hibridoma descrito por primera vez por Kohler et al., *Nature*, 256:495 (1975), o se pueden fabricar mediante procedimientos de ADN recombinante en células bacterianas, animales o vegetales eucariotas (véase, por ejemplo, la Patente de Estados Unidos No. 4.816.567). Los “anticuerpos monoclonales” también se pueden aislar de las bibliotecas de anticuerpos en fagos utilizando las técnicas descritas en Clackson et al., *Nature*, 352: 624-628 (1991) y Marks et al., *J. Mol. Biol.*, 222: 581-597 (1991), por ejemplo.

40 **[0075]** Entre los anticuerpos monoclonales de la presente invención se incluyen anticuerpos “quiméricos” en los que una parte de la cadena pesada y/o ligera es idéntica con u homóloga a las secuencias correspondientes en anticuerpos derivados de una especie particular o que pertenecen a una clase o subclase de anticuerpo particular, mientras que el resto de cadena o cadenas es idéntico con u homólogo a las secuencias correspondientes en 45 anticuerpos derivados de otras especies o que pertenece a otra clase o subclase de anticuerpo, así como fragmentos de dichos anticuerpos, siempre y cuando muestren la actividad biológica deseada (véase, Patente de Estados Unidos No. 4.816.567; y Morrison et al., *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 81: 6851-6855 (1984)). Los anticuerpos quiméricos de interés en la presente invención incluyen anticuerpos “primatizados” que comprenden secuencias de unión a antígeno del dominio variable derivadas de un primate no humano (por ejemplo, Mono del viejo Mundo, 50 Simio, etc) y secuencias de la región constante humana.

[0076] Un anticuerpo “intacto” es aquel que comprende un sitio de unión a antígeno, así como un C_L y por lo menos los dominios constantes de cadena pesada C_{H1}, C_{H2} y C_{H3}. Los dominios constantes pueden ser dominios constantes de secuencia nativa (por ejemplo, dominios constantes de secuencia nativa humana) o variante en la 55 secuencia de aminoácidos de los mismos. Preferiblemente, el anticuerpo intacto tiene una o más funciones efectoras.

[0077] Los “fragmentos de anticuerpos” comprende una parte de un anticuerpo intacto, preferiblemente la región de unión a antígeno o variable del anticuerpo intacto. Entre los ejemplos de fragmentos de anticuerpo se incluyen los 60 fragmentos Fab, Fab', F(ab')₂ y Fv; diabodies; anticuerpos lineales (véase la Patente de Estados Unidos No. 5.641.870, Ejemplo 2; Zapata et al., *Protein Eng.* 8(10): 1057-1062 [1995]); moléculas de anticuerpo de cadena

única; y anticuerpos multiespecíficos formados a partir de fragmentos de anticuerpos.

- [0078]** La digestión con papaína de anticuerpos produce dos fragmentos de unión a antígeno idénticos, llamados fragmentos “Fab” y un fragmento “Fc” residual, una designación que refleja la capacidad de cristalizar fácilmente. El fragmento Fab consiste en una cadena L completa junto con el dominio de la región variable de la cadena H (V_H) y el primer dominio constante de una cadena pesada (C_{H1}). Cada fragmento de Fab es monovalente con respecto a la unión a antígeno, es decir, presenta un único sitio de unión a antígeno. El tratamiento con pepsina de un anticuerpo produce un único fragmento $F(ab')_2$ grande que corresponde aproximadamente a dos fragmentos de Fab unidos por puentes disulfuro que tienen una actividad de unión a antígeno divalente y aún es capaz de reticular con el antígeno.
- 10 Los fragmentos Fab' difieren de los fragmentos Fab en la adición de una serie de residuos en el extremo carboxi terminal del dominio C_{H1} que incluyen una o más cisteínas de la región bisagra del anticuerpo. Fab'-SH es la denominación en la presente invención para Fab' en el que el residuo o residuos de cisteína de los dominios constantes transportan un grupo tiol libre. Los fragmentos de anticuerpos $F(ab')_2$ se produjeron originalmente como parejas de fragmentos de Fab' que tienen cisteínas bisagras entre ellos. También se conocen otros acoplamientos
- 15 químicos de fragmentos de anticuerpos.
- [0079]** El fragmento Fc comprende las partes carboxi terminales de ambas cadenas H mantenidas juntas mediante enlaces disulfuro. Las funciones efectoras de los anticuerpos se determinan mediante las secuencias en la región Fc, cuya región es también la parte reconocida por receptores Fc (FcR) hallados en ciertos tipos de células.
- 20 **[0080]** “Fv” es el fragmento mínimo de anticuerpo que contiene un sitio completo de unión y reconocimiento de antígeno. Este fragmento consiste en un dímero de un dominio variable de cadena pesada y cadena ligera en asociación estrecha no covalente. A partir del pliegue de estos dos dominios emanan seis bucles hipervariables (3 bucles cada una de las cadenas H y L) que contribuyen con los residuos de aminoácidos para la unión a antígeno y
- 25 que confieren especificidad de unión a antígeno al anticuerpo. Sin embargo, incluso un único dominio variable (o la mitad de una Fv que comprende sólo tres CDRs específicas de antígeno) tiene la capacidad de reconocer y unirse a antígeno, aunque con una menor afinidad que el sitio de unión completo.
- [0081]** “Fv de cadena única”, también abreviado como “sFv” o “scFv” son fragmentos de anticuerpos que comprenden los dominios V_H y V_L del anticuerpo conectados en una única cadena de polipéptido. Preferiblemente, el polipéptido sFv comprende además un polipéptido enlazador entre los dominios V_H y V_L que permite que el sFv forme la estructura deseada para la unión a antígeno. Para una revisión de sFv véase Pluckthun en *The Pharmacology of Monoclonal Antibodies*, vol. 113, Rosenberg y Moore eds., Springer-Verlag, Nueva York, páginas 269-315 (1994); Borrebaeck 1995, infra.
- 30 **[0082]** El término “diabodies” se refiere a pequeños fragmentos de anticuerpos preparados mediante la construcción de fragmentos sFv (véase el párrafo anterior) con enlazadores cortos (aproximadamente 5-10 residuos) entre los dominios V_H y V_L , de manera que se consigue el emparejamiento de los dominios V entre cadenas, pero no intracadenas, dando lugar a un fragmento bivalente, es decir, un fragmento que tiene dos sitios de unión a antígeno.
- 40 Los diabodies biespecíficos son heterodímeros de dos fragmentos de sFv de entrecruce (“crossover”), donde los dominios V_H y V_L de los dos anticuerpos están presentes en diferentes cadenas polipeptídicas. Los diabodies se describen más detalladamente en, por ejemplo, EP 404.097; WO 93/11161; y Hollinger et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 90: 6444-6448 (1993).
- 45 **[0083]** Las formas “humanizadas” de anticuerpos no humanos (por ejemplo, roedor) son anticuerpos quiméricos que contienen una secuencia mínima derivada del anticuerpo no humano. Para la mayor parte, los anticuerpos humanizados son inmunoglobulinas humanas (anticuerpo receptor) donde los residuos de una región hipervariable del receptor se sustituyen por residuos de una región hipervariable de una especie no humana (anticuerpo dador), tal como ratón, rata, conejo o primate no humano que tienen la especificidad de anticuerpo, afinidad y capacidad
- 50 deseadas. En algunos casos, los residuos de la región armazón (“framework”) (FR) de la inmunoglobulina humana se sustituyen por los correspondientes residuos no humanos. Además, los anticuerpos humanizados pueden comprender residuos que no se encuentran ni en el anticuerpo receptor ni en el anticuerpo dador. Estas modificaciones se realizan para refinar adicionalmente la acción del anticuerpo. En general, el anticuerpo humanizado comprenderá sustancialmente todos de por lo menos uno, y habitualmente dos, dominios variables, en
- 55 que todos o sustancialmente todos los bucles hipervariables corresponden a aquellos de una inmunoglobulina no humana y todas o sustancialmente todas las regiones FR son aquellas de una secuencia de inmunoglobulina humana. El anticuerpo humanizado también comprenderá opcionalmente por lo menos una parte de una región constante (Fc) de inmunoglobulina, habitualmente la de una inmunoglobulina humana. Para más detalles, véase Jones et al., *Nature*, 321: 522-525 (1986), Reichmann et al., *Nature* 332: 323-329 (1988); y Presta, *Curr. Op. Struct. Biol.*, 2: 593-596 (1992).
- 60

[0084] Un "anticuerpo dependiente de especie", por ejemplo, un anticuerpo anti-IgE humano de mamífero, es un anticuerpo que tiene una afinidad de unión más fuerte por un antígeno de una primera especie mamífera que la que tiene por un homólogo de ese antígeno de una segunda especie de mamífero. Normalmente, el anticuerpo dependiente de especie "se une específicamente" a un antígeno humano (es decir, tiene un valor de afinidad de unión (Kd) de no más de aproximadamente 1×10^{-7} M, preferiblemente no más de aproximadamente 1×10^{-8} y lo más preferible no más de aproximadamente 1×10^{-9} M), pero presenta una afinidad de unión por un homólogo del antígeno de una segunda especie de mamífero no humana que es por lo menos aproximadamente 50 veces, o por lo menos aproximadamente 500 veces, o por lo menos aproximadamente 1000 veces, más débil que su afinidad de unión por el antígeno humano. El anticuerpo dependiente de especie puede ser cualquiera de los diversos tipos de anticuerpos definidos anteriormente, pero preferiblemente es un anticuerpo humanizado o humano.

[0085] Un "oligopolipéptido de unión a TASK" es un oligopéptido que se une, preferiblemente específicamente, a un polipéptido TASK tal como se describe aquí. Los oligopéptidos de unión a TASK se pueden sintetizar químicamente utilizando una metodología de síntesis de oligopéptidos conocida o se pueden preparar y purificar utilizando tecnología recombinante. Los oligopéptidos de unión a TASK tienen habitualmente por lo menos aproximadamente 5 aminoácidos de longitud, alternativamente por lo menos aproximadamente 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, ó 100 aminoácidos de longitud o más, donde dichos oligopéptidos son capaces de unirse, preferiblemente específicamente, a un polipéptido TASK tal como se describe aquí. Los oligopéptidos de unión a TASK se pueden identificar sin una gran experimentación utilizando técnicas bien conocidas. En este aspecto, cabe indicar que las técnicas para cribar bibliotecas de oligopéptidos para oligopéptidos que son capaces de unirse específicamente a un polipéptido diana son bien conocidas en la técnica (véase, por ejemplo, las Patentes de Estados Unidos Nos. 5,556,762, 5,750,373, 4,708,871, 4,833,092, 5,223,409, 5,403,484, 5,571,689, 5,663,143; Publicación PCT Nos. WO 84/03506 y WO84/03564; Geysen et al., Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A., 81: 3998-4002 (1984); Geysen et al., Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A., 82: 178-182 (1985); Geysen et al., in Synthetic Peptides as Antigens, 130-149 (1986); Geysen et al., J. Immunol. Meth., 102: 259-274 (1987); Schoofs et al., J. Immunol., 140: 611-616 (1988), Cwirla, S. E. et al. (1990) Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 87: 6378; Lowman, H.B. et al. (1991) Biochemistry, 30: 10832; Clackson, T. et al. (1991) Nature, 352: 624; Marks, J. D. et al. (1991). J. Mol. Biol., 222: 581; Kang, A.S. et al. (1991) Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 88: 8363, y Smith, G. P. (1991) Current Opin. Biotechnol., 2: 668).

[0086] Una "molécula orgánica de unión a TASK" es una molécula orgánica diferente de un oligopéptido o anticuerpo tal como se define aquí, que se une, preferiblemente específicamente, a un polipéptido TASK tal como se describe aquí. Las moléculas orgánicas de unión a TASK se pueden identificar y sintetizar químicamente utilizando metodología conocida (véase, por ejemplo, Publicación PCT Nos. WO00/00823 y WO00/39585). Las moléculas orgánicas de unión a TASK tienen habitualmente menos de aproximadamente 2000 daltons de tamaño, alternativamente menos de aproximadamente 1500, 750, 500, 250 ó 200 daltons de tamaño, donde dichas moléculas orgánicas que son capaces de unirse, preferiblemente específicamente, a un polipéptido TASK tal como se describe aquí, se pueden identificar sin una gran experimentación utilizando técnicas bien conocidas. En este aspecto, cabe indicar que las técnicas para cribar bibliotecas de moléculas orgánicas para moléculas que son capaces de unirse específicamente a un polipéptido diana son bien conocidas en la técnica (véase, por ejemplo, Publicación PCT Nos. WO00/00823 y WO00/39585).

[0087] Un "ARN de interferencia" o "ARN de interferencia pequeño (siARN)" es una molécula de ARN de doble cadena que tiene menos de 30 nucleótidos de longitud que reduce la expresión de un gen diana. Un "ARN de interferencia de TASK" o "siARN de TASK" se une, preferiblemente específicamente a un ácido nucleico de TASK y reduce su expresión. Esto significa que la expresión de la molécula TASK es inferior con ARN de interferencia presente en comparación con la expresión de la molécula TASK en el control donde el ARN de interferencia no está presente. Los ARN de interferencias de TASK se pueden identificar y sintetizar utilizando métodos conocidos (Shi Y. Trends in Genetics 19 (1): 9-12 (2003), WO/2003056012 y WO2003064621).

[0088] Un anticuerpo, oligopéptido, siARN, u otra molécula orgánica "que se une" a un antígeno de interés, por ejemplo, un polipéptido antígeno diana asociado a un tumor, es aquel que se une al antígeno con suficiente afinidad, de manera que el anticuerpo, oligopéptido, siARN u otra molécula orgánica es útil como agente de diagnóstico y/o terapéutico en el reconocimiento de una célula o tejido que expresan el antígeno, y no reacciona significativamente de forma cruzada con otras proteínas. En dichas realizaciones, el grado de unión del anticuerpo, oligopéptido, siARN, u otra molécula orgánica a una proteína "no diana" será inferior a aproximadamente un 10% de la unión del anticuerpo, oligopéptido, siARN, u otra molécula orgánica a su proteína diana particular tal como se determina mediante un análisis mediante separador celular activada por fluorescencia (FACS) o radioinmunoprecipitación (RIA). Con respecto a la unión de un anticuerpo, oligopéptido u otra molécula orgánica a una molécula diana, el

término “unión específica” o “que se une específicamente a” o es “específico para” un polipéptido particular o un epítipo en un polipéptido diana particular significa una unión que es diferente de forma medible de una interacción no específica. La unión específica se puede medir, por ejemplo, determinando la unión de una molécula en comparación con la unión de una molécula de control, que generalmente es una molécula de estructura similar que no tiene actividad de unión. Por ejemplo, la unión específica se puede determinar mediante la competición con una molécula de control que es similar a la diana, por ejemplo, un exceso de diana no marcada. En este caso, se indica unión específica si la unión de la diana marcada a una sonda es inhibida competitivamente por un exceso de diana no marcada. El término “unión específica” o “que se une específicamente a” o es “específico para” un polipéptido particular o un epítipo en un polipéptido diana particular tal como se utiliza aquí se pueden mostrar, por ejemplo, mediante una molécula que tiene una Kd para la diana de por lo menos aproximadamente 10^{-4} M, alternativamente por lo menos aproximadamente 10^{-5} M, alternativamente por lo menos aproximadamente 10^{-6} M, alternativamente por lo menos aproximadamente 10^{-7} M, alternativamente por lo menos aproximadamente 10^{-8} M, alternativamente por lo menos aproximadamente 10^{-9} M, alternativamente por lo menos aproximadamente 10^{-10} M, alternativamente por lo menos aproximadamente 10^{-11} M, alternativamente por lo menos aproximadamente 10^{-12} M, o superior. En una realización, el término “unión específica” se refiere a la unión en la que una molécula se une a un polipéptido particular o un epítipo en un polipéptido particular sin unirse específicamente a cualquier otro polipéptido o epítipo en polipéptido.

[0089] Un anticuerpo, oligopéptido, siARN, u otra molécula orgánica que “inhibe el crecimiento de células tumorales que expresan un polipéptido TASK” o un anticuerpo, oligopéptido, siARN u otra molécula orgánica “inhibidora del crecimiento” son aquellos que dan lugar a una inhibición de crecimiento medible de las células cancerosas que expresan o sobreexpresan el polipéptido TASK apropiado. Los anticuerpos anti-TASK, oligopéptidos, siARN o moléculas orgánicas inhibidoras del crecimiento preferidos inhiben el crecimiento de las células tumorales que expresan TASK en más de un 20%, preferiblemente de aproximadamente un 20% a aproximadamente un 50% e incluso, más preferiblemente, en más de un 50%, (por ejemplo, de aproximadamente un 50% a aproximadamente un 100%), en comparación con el control apropiado, siendo habitualmente el control células tumorales no tratadas con el anticuerpo, oligopéptido, siARN u otra molécula orgánica a analizar. En una realización, la inhibición del crecimiento se puede medir a una concentración de anticuerpo de aproximadamente 0,1 a 30 $\mu\text{g/ml}$ o aproximadamente 0,5 nM a 200 nM en cultivo celular, donde la inhibición del crecimiento se determina 1-10 días después de la exposición de las células tumorales al anticuerpo. La inhibición del crecimiento de las células tumorales in vivo se puede determinar de varias maneras, tales como las descritas en la sección de Ejemplos Experimentales siguiente. El anticuerpo es inhibidor del crecimiento in vivo si la administración del anticuerpo anti-TASK a aproximadamente 1 $\mu\text{g/kg}$ hasta aproximadamente 100 mg/kg de peso corporal da lugar a la reducción en el tamaño tumoral o proliferación de células tumorales en aproximadamente 5 días a 3 meses desde la primera administración del anticuerpo, preferiblemente en aproximadamente 5 a 30 días.

[0090] Un anticuerpo, oligopéptido, siARN, u otra molécula orgánica que “induce apoptosis” es aquel que induce la muerte celular programada determinada mediante la unión de annexina V, la fragmentación de ADN, contracción celular, dilatación del retículo endoplasmático, fragmentación celular y/o formación de vesículas de membrana (denominadas cuerpos apoptóticos). La célula es normalmente aquella que sobreexpresa un polipéptido TASK. Preferiblemente, la célula es una célula tumoral, por ejemplo, una célula de próstata, mama, ovario, estómago, endometrio, pulmón, riñón, colón, o vejiga. Existen varios métodos disponibles para evaluar los eventos celulares asociados con la apoptosis. Por ejemplo, la translocación de la fosfatidil serina (PS) se puede medir mediante la unión a annexina; la fragmentación de ADN se puede evaluar a través del “laddering” del ADN; y la condensación nuclear/cromatina junto con la fragmentación de ADN se pueden evaluar mediante cualquier aumento en células hipodiploides. Preferiblemente, el anticuerpo, el oligopéptido u otra molécula orgánica que induce la apoptosis es aquel que da lugar de aproximadamente 2 a 50 veces, preferiblemente de aproximadamente 5 a 50 veces, y aún más preferiblemente de aproximadamente 10 a 50 veces, la inducción de unión a annexina en relación a célula no tratada en un ensayo de unión a annexina.

[0091] Las “funciones efectoras” de anticuerpo se refieren a aquellas actividades biológicas atribuibles a la región Fc (una región Fc de secuencia nativa o una región Fc de una variante en la secuencia de aminoácidos) de un anticuerpo y varían con el isotipo del anticuerpo. Ejemplos de funciones efectoras de anticuerpo incluyen la unión a C1q y la citotoxicidad dependiente de complemento; la unión a receptor de Fc; citotoxicidad mediada por célula dependiente de anticuerpos (ADCC); fagocitosis; subregulación de los receptores de la superficie celular (por ejemplo, receptor de células B); y la activación de células B.

[0092] “Citotoxicidad mediada por células dependiente de anticuerpo” o “ADCC” se refieren a una forma de citotoxicidad en que la Ig secretada unida a receptores de Fc (FcRs) presentes en ciertas células citotóxicas (por ejemplo, células asesinas (“killer”) naturales (NK), neutrófilos, y macrófagos) permite que estas células efectoras citotóxicas se unan específicamente a una célula diana que porta el antígeno y, posteriormente, destruyan la célula

- diana con citotoxinas. Los anticuerpos “arman” las células citotóxicas y son absolutamente necesarias para dicha destrucción. Las células primarias para mediar la ADCC, las células NK, expresan FcγRIII solo, mientras que los monocitos expresan FcγRI, FcγRII y FcγRIII. La expresión de FcR en células hematopoyéticas se resume en la tabla 3 en la página 464 de Ravetch y Kinet, *Annu. Rev. Immunol.*, 9:457-92 (1991). Para determinar la actividad de
- 5 ADCC de una molécula de interés, se puede realizar un ensayo ADCC in vitro, tal como el descrito en las patentes de Estados Unidos 5.500.362 ó 5.821.337. Células efectoras útiles para estos ensayos incluyen células mononucleares de sangre periférica (PBMC) y células asesinas naturales (NK). Alternativamente, o adicionalmente, la actividad de ADCC de la molécula de interés se puede determinar in vivo, por ejemplo en un modelo animal, tal como el descrito en Clynes et al. *PNAS (USA)*, 95:652-656 (1998).
- 10 **[0093]** Los términos “receptor Fc” o “FcR” describen un receptor que se une a la región Fc de un anticuerpo. La FcR preferida es una FcR humana de secuencia nativa. Además, una FcR preferida es aquella que se une a un anticuerpo IgG (un receptor gamma) e incluye receptores de las subclases FcγRI, FcγRII, y FcγRIII, incluyendo variantes alélicas y formas alternativamente empalmadas (“spliced”) de estos receptores. Los receptores FcγRII
- 15 incluyen FcγRIIA (un “receptor de activación”) y FcγRIIB (un “receptor de inhibición”), que tienen secuencias de aminoácidos similares que difieren principalmente en sus dominios citoplásmicos. El receptor de activación FcγRIIA contiene un motivo de activación del inmunoreceptor basado en tirosina (ITAM) en su dominio citoplásmico. El receptor de inhibición FcγRIIB contiene un motivo de inhibición del inmunoreceptor basado en tirosina (ITIM) en su dominio citoplásmico (revisado en Daëron, *Annu. Rev. Immunol.*, 15:203-234 (1997)). Los FcRs se revisan
- 20 en Ravetch and Kinet, *Annu. Rev. Immunol.*, 9:457-92 (1991); Capel et al., *Immunomethods*, 4:25-34 (1994); y de Haas et al., *J. Lab. Clin. Med.*, 126:330-41 (1995). Otros FcRs, incluyendo los que se identifiquen en el futuro, están comprendidos por el término “FcR” aquí. El término también incluye el receptor neonatal, FcRn, que es responsable de la transferencia de IgGs maternas al feto (Guyer et al., *J. Immunol.*, 117:587 (1976); y Kim et al., *J. Immunol.*, 24:249 (1994)).
- 25 **[0094]** “Células efectoras humanas” son leucocitos que expresan uno o más FcRs y realizan funciones efectoras. Preferiblemente, las células expresan por lo menos FcγRIII y realizan la función efectora ADCC. Ejemplos de leucocitos humanos que median la ADCC incluyen células mononucleares de sangre periférica (PBMC), células asesinas naturales (NK), monocitos, células T citotóxicas y neutrófilos; prefiriéndose las células PBMCs y NK. Las
- 30 células efectoras se pueden aislar de una fuente nativa, por ejemplo, de sangre.
- [0095]** “Citotoxicidad dependiente del complemento” o “CDC” se refieren a la lisis de una célula diana en presencia del complemento. La activación del mecanismo de complemento clásico se inicia mediante la unión del primer componente del sistema de complemento (C1q) a anticuerpos (de la subclase apropiada) que están unidos a su
- 35 antígeno afín. Para determinar la activación del complemento se puede realizar un ensayo CDC, por ejemplo tal como se describe en Gazzano-Santoro et al., *J. Immunol. Methods*, 202:163 (1996).
- [0096]** Los términos “cáncer” y “canceroso” se refieren o describen la afección fisiológica en mamíferos que se caracteriza habitualmente por un crecimiento celular no regulado. Entre los ejemplos de cáncer se incluyen, pero no
- 40 se limitan a, carcinoma, linfoma, blastoma, sarcoma y leucemia o tumores linfoides. Ejemplos más particulares de dichos cánceres incluyen cáncer de célula escamosa (por ejemplo, cáncer de célula escamosa epitelial), cáncer de pulmón que incluye cáncer de pulmón de célula pequeña, cáncer de pulmón de célula no pequeña, adenocarcinoma del pulmón y carcinoma escamoso del pulmón, cáncer del peritoneo, cáncer hepatocelular, cáncer gástrico o de estómago que incluye cáncer gastrointestinal, cáncer pancreático, glioblastoma, cáncer cervical, cáncer de ovario,
- 45 cáncer de hígado, cáncer de vejiga, cáncer del tracto urinario, hepatoma, cáncer de mama, cáncer de colon, cáncer rectal, cáncer de vulva, cáncer de tiroides, carcinoma hepático, carcinoma anal, carcinoma de pene, melanoma, mieloma múltiple y linfoma de células B, cáncer de cerebro, así como cáncer de cabeza y cuello, y las metástasis asociadas.
- 50 **[0097]** Los términos “trastorno proliferativo celular” y “trastorno proliferativo” se refieren a trastornos que están asociados con cierto grado de proliferación anormal de células. En una realización, el trastorno proliferativo celular es el cáncer.
- [0098]** “Tumor”, tal como se utiliza aquí, se refiere a todo crecimiento y proliferación de células neoplásicas, tanto
- 55 malignas como benignas y a todas las células y tejidos precancerosos y cancerosos.
- [0099]** Un anticuerpo, oligopéptido u otra molécula orgánica que “induce la muerte celular” es aquel que provoca que una célula viable se convierta en no viable. La célula es aquella que expresa un polipéptido TASK, preferiblemente una célula que sobreexpresa un polipéptido TASK en comparación con una célula normal del mismo tipo de tejido.
- 60 Preferiblemente, la célula es una célula cancerosa, por ejemplo, una célula de mama, ovario, estómago, endometrio, glándula salivar, pulmón, riñón, colon, tiroides, páncreas o vejiga. La muerte celular in vitro se puede determinar en

ausencia de complemento y de células efectoras inmunes para distinguir la muerte celular inducida por la citotoxicidad mediada por células dependiente de anticuerpo (ADCC) o citotoxicidad dependiente de complemento (CDC). De este modo, el ensayo por la muerte celular se puede realizar utilizando suero inactivado por calor (es decir, en ausencia de complemento) y en ausencia de células efectoras inmunes. Para determinar si el anticuerpo, oligopéptido, u otra molécula orgánica es capaz de inducir la muerte celular, la pérdida de la integridad de membrana evaluada mediante la captación de yoduro de propidio (PI), azul de tripano (véase Moore et al. Cytotechnology 17: 1-11 (1995)) o 7AAD se puede evaluar en relación con las células no tratadas. Los anticuerpos, oligopéptidos u otras moléculas orgánicas que inducen la muerte celular preferidas son aquellos que inducen la captación de PI en el ensayo de captación de PI en células BT474.

10

[0100] Una "célula que expresa TASK" es una célula que expresa un polipéptido TASK endógeno o transfectado. Un "cáncer que expresa TASK" es un cáncer que comprende células que tienen un polipéptido TASK. Un "cáncer que expresa TASK" produce opcionalmente niveles suficientes de polipéptido TASK, de manera que un anticuerpo anti-TASK, un oligopéptido u otra molécula orgánica se pueden unir al mismo y tener un efecto terapéutico con respecto al cáncer. En otra realización, un "cáncer que expresa TASK" produce opcionalmente niveles suficientes de polipéptido TASK, de manera que un anticuerpo anti-TASK, un oligopéptido u otra molécula orgánica antagonistas se pueden unir al mismo y tener un efecto terapéutico con respecto al cáncer. Con respecto a esto último, el antagonista puede ser un oligonucleótido no codificante que reduce, inhibe o evita la producción del polipéptido TASK por células tumorales. Un cáncer que "sobreexpresa" un polipéptido TASK es aquel que presenta niveles significativamente más elevados de polipéptido TASK del mismo, en comparación con una célula no cancerosa del mismo tipo de tejido. Dicha sobreexpresión puede estar causada por la amplificación génica o mediante el aumento de la transcripción o la traducción. La sobreexpresión de polipéptido TASK se puede determinar en un ensayo de diagnóstico o pronóstico mediante la evaluación de niveles incrementados de la proteína TASK presente en la célula (por ejemplo, mediante un ensayo de inmunohistoquímica utilizando anticuerpos anti-TASK preparados contra un polipéptido TASK aislado que se puede preparar utilizando tecnología de ADN recombinante a partir de un ácido nucleico aislado que codifica el polipéptido TASK; análisis FACS, etc.). Alternativamente, o adicionalmente, se pueden medir los niveles de ácido nucleico que codifica el polipéptido TASK o ARNm en la célula, por ejemplo, a través de hibridación *in situ* fluorescente utilizando una sonda basada en ácidos nucleicos correspondiente a un ácido nucleico que codifica TASK o el complemento del mismo; (FISH; véase WO98/45479 publicada en octubre 1998), técnicas de transferencia Southern, transferencia Northern en cadena de la polimerasa (PCR), tales como PCR cuantitativa a tiempo real (RT-PCR). A parte de los ensayos anteriores, existen varios ensayos *in vivo* para el técnico experto. Por ejemplo, se pueden exponer células en el cuerpo del paciente a un anticuerpo que es opcionalmente marcado con un marcador detectable, por ejemplo, un isótopo radioactivo, y se puede evaluar la unión del anticuerpo a células en el paciente, por ejemplo, mediante rastreo externo para la radioactividad o mediante en análisis de una biopsia tomada de un paciente previamente expuesto al anticuerpo.

[0101] Tal como se utiliza aquí, el término "inmuno adhesina", designa moléculas de tipo anticuerpo que combinan la especificidad de unión de una proteína heteróloga (una "adhesina") con las funciones efectoras de los dominios constantes de la inmunoglobulina. Estructuralmente, las inmuno adhesinas comprenden la fusión de una secuencia de aminoácidos con la especificidad de unión deseada y que es distinta del sitio de reconocimiento y unión a antígeno de un anticuerpo (es decir es "heteróloga"), y de una secuencia del dominio constante de la inmunoglobulina. La parte de adhesina de una molécula de inmuno adhesina es típicamente una secuencia contigua de aminoácidos que comprende al menos el sitio de unión de un receptor o un ligando. La secuencia del dominio constante de la inmunoglobulina en la inmuno adhesina puede obtenerse a partir de cualquier inmunoglobulina, tal como los subtipos IgG-1, IgG-2, IgG-3 o IgG-4, IgA (incluidos IgA-1 y IgA-2), IgE, IgD o IgM.

[0102] La palabra "marcador", cuando se usa aquí, se refiere a un compuesto o composición detectable que se conjuga directa o indirectamente al anticuerpo, oligopéptido u otra molécula orgánica para generar un anticuerpo, oligopéptido u otra molécula orgánica "marcados". El marcador puede ser detectable por sí mismo (por ejemplo marcadores radioisotópicos o marcadores fluorescentes) o, en el caso del marcador enzimático, pueden catalizar la alteración química de un compuesto o composición sustrato detectables.

[0103] El término "agente citotóxico" tal como se utiliza aquí se refiere a una sustancia que inhibe o previene la función de células y/o causa la destrucción de las células. El término pretende incluir isótopos radioactivos (por ejemplo, At²¹¹, I¹³¹, I¹²⁵, Y⁹⁰, Re¹⁸⁶, Re¹⁸⁸, Sm¹⁵³, Bi²¹², P³² e isótopos radioactivos de Lu), agentes quimioterapéuticos, por ejemplo, metotrexato, adriamicina, vinca alcaloides (vincristina, vinblastina, etopósido), doxorubicina, melfalan, mitomicina C, clorambucilo, daunorubicina, u otros agentes intercalantes, enzimas y fragmentos de los mismos, tales como enzimas nucleolíticos, antibióticos, y toxinas, tales como toxinas de molécula pequeña o toxinas enzimáticamente activas de origen bacteriano, fúngico, vegetal o animal, incluyendo fragmentos y/o variantes de los mismos, y los diversos agentes antitumorales o anticancerosos descritos a continuación. A continuación, se describen otros agentes citotóxicos. Un agente tumoricida causa la destrucción de células

tumorales.

- [0104]** Un “agente inhibidor del crecimiento” cuando se utiliza en la presente invención se refiere a un compuesto o una composición que inhibe el crecimiento de una célula, especialmente una célula cancerosa que expresa TASK, *in vitro* o *in vivo*. De este modo, el agente inhibidor del crecimiento puede ser aquel que reduce significativamente el porcentaje de células que expresan TASK en la fase S. Algunos ejemplos de agentes inhibidores del crecimiento incluyen agentes que bloquean la progresión del ciclo celular (en un punto diferente de la fase S), tales como agentes que inducen la interrupción de G1 y la interrupción de la fase M. Algunos bloqueadores clásicos de fase M incluyen los vincas (vincristina y vinblastina), taxanos, e inhibidores de topoisomerasa II, tales como doxorubicina, epirrubicina, daunorrubicina, etopósido, y bleomicina. Los agentes que interrumpen G1 también afectan a la interrupción de la fase S, por ejemplo, agentes alquilantes de ADN, tales como tamoxifeno, prednisona, dacarbazina, mecloroetamina, cisplatino, metotrexato, 5-fluorouracilo, y ara-C. Puede encontrarse más información en *The Molecular Basis of Cancer*, Mendelsohn y Israel, eds., Capítulo 1, titulado “Cell cycle regulation, oncogens, and antineoplastic drugs” por Murakami et al., (WB Saunders: Filadelfia, 1995), especialmente la página 13. Los taxanos (paclitaxel y docetaxel) son fármacos anticancerosos derivados del tejo. El docetaxel (TAXOTERE®, Rhone-Poulenc Rorer), derivado del tejo europeo es un análogo semisintético del paclitaxel (TAXOL®, Bristol-Myers Squibb). El paclitaxel y el docetaxel promueven el ensamblaje de microtúbulos a partir de dímeros de tubulina y estabilizan los microtúbulos mediante la prevención de la despolimerización, lo que da lugar a la inhibición de la mitosis en células.
- [0105]** “Doxorrubicina” es un antibiótico de antraciclina. El nombre químico completo de la doxorubicina es (8S-cis)-10-[(3-amino-2,3,6-tridesoxi- α -L-lixo-hexapiranosil) oxil]-7,8,9,10-tetrahidro-6,8,11-trihidroxi-8-(hidroxiacetil)-1-metoxi-5,12-naftacenediona.
- [0106]** El término “citoquina” es un término genérico para proteínas liberadas por una población de células que actúan sobre otra célula como mediadores intercelulares. Algunos ejemplos de dichas citoquinas son linfoquinas, monoquinas, y hormonas polipeptídicas tradicionales. Entre las citoquinas se incluyen hormonas del crecimiento, tales como hormona del crecimiento humano, hormona del crecimiento humano N-metionilo, y hormona de crecimiento bovino; hormona paratiroidal; tiroxina; insulina; proinsulina; relaxina; prorrelaxina; hormonas de glicoproteínas, tales como hormona estimulante del folículo (FSH), hormona estimulante de la tiroides (TSH), y hormona luteínica (LH); factor de crecimiento hepático; factor de crecimiento de fibroblastos; prolactina; lactógeno placentario; factor α y β de necrosis tumoral; sustancia inhibidora mulleriana; péptido asociado a gonadotropina de ratón; inhibina; activina; factor de crecimiento endotelial vascular; integrina; trombopoyetina (TPO); factores de crecimiento nervioso, tales como NGF- β ; factor de crecimiento plaquetario; factores de crecimiento transformante (TGFs), tales como TGF- α y TGF- β , factor de crecimiento I y II de tipo insulina; eritropoyetina (EPO); factores osteoinductivos; interferones, tales como interferón- α , β , y γ ; factores estimulantes de colonias (CSFs), tales como macrófago-CSF (M-CSF); granulocito-macrófago-CSF (GM-CSF); y granulocito-CSF (G-CSF); interleuquinas (ILs), tales como IL-1, IL-1 α , IL-2, IL-3, IL-4, IL-5, IL-6, IL-7, IL-8, IL-9, IL-11, IL-12; un factor de necrosis tumoral, tal como TNF- α o TNF- β , y otros factores de polipéptidos que incluyen LIF y ligando kit (LK). Tal y como se utiliza en la presente invención, el término citoquina incluye proteínas de fuentes naturales o de cultivos de células recombinantes y equivalentes biológicamente activos de las citoquinas de secuencia nativa.
- [0107]** El término “prospecto” se utiliza para referirse a las instrucciones incluidas habitualmente en los envases comerciales de los productos terapéuticos que contienen información sobre las indicaciones, utilización, dosis, administración, contraindicaciones y/o avisos con respecto al uso de dichos productos terapéuticos.

45

Tabla 1

```

/*
 *
 * C-C increased from 12 to 15
 * Z is average of EQ
 * B is average of ND
 * match with stop is _M; stop-stop = 0; J (joker) match = 0
 */
#define _M -8 /* value of a match with a stop */

int _day[26][26] = {
/* A B C D E F G H I J K L M N O P Q R S T U V W X Y Z */
/* A */ { 2, 0, -2, 0, 0, -4, 1, -1, -1, 0, -1, -2, -1, 0, _M, 1, 0, -2, 1, 1, 0, 0, -6, 0, -3, 0},
/* B */ { 0, 3, -4, 3, 2, -5, 0, 1, -2, 0, 0, -3, -2, 2, _M, -1, 1, 0, 0, 0, 0, -2, -5, 0, -3, 1},
/* C */ {-2, -4, 15, -5, -5, -4, -3, -3, -2, 0, -5, -6, -5, -4, _M, -3, -5, -4, 0, -2, 0, -2, -8, 0, 0, -5},
/* D */ { 0, 3, -5, 4, 3, -6, 1, 1, -2, 0, 0, -4, -3, 2, _M, -1, 2, -1, 0, 0, 0, -2, -7, 0, -4, 2},
/* E */ { 0, 2, -5, 3, 4, -5, 0, 1, -2, 0, 0, -3, -2, 1, _M, -1, 2, -1, 0, 0, 0, -2, -7, 0, -4, 3},
/* F */ {-4, -5, -4, -6, -5, 9, -5, -2, 1, 0, -5, 2, 0, -4, _M, -5, -5, -4, -3, -3, 0, -1, 0, 0, 7, -5},
/* G */ { 1, 0, -3, 1, 0, -5, 5, -2, -3, 0, -2, -4, -3, 0, _M, -1, -1, -3, 1, 0, 0, -1, -7, 0, -5, 0},
/* H */ {-1, 1, -3, 1, 1, -2, -2, 6, -2, 0, 0, -2, -2, 2, _M, 0, 3, 2, -1, -1, 0, -2, -3, 0, 0, 2},
/* I */ {-1, -2, -2, -2, 2, 1, -3, -2, 5, 0, -2, 2, 2, -2, _M, -2, -2, -2, 1, 0, 0, 4, -5, 0, -1, -2},
/* J */ { 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, _M, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0},
/* K */ {-1, 0, -5, 0, 0, -5, -2, 0, -2, 0, 5, -3, 0, 1, _M, -1, 1, 3, 0, 0, 0, -2, -3, 0, -4, 0},
/* L */ {-2, -3, -6, -4, -3, 2, -4, -2, 2, 0, -3, 6, 4, -3, _M, -3, -2, -3, -3, -1, 0, 2, -2, 0, -1, -2},
/* M */ {-1, -2, -5, -3, -2, 0, -3, -2, 2, 0, 0, 4, 6, -2, _M, -2, -1, 0, -2, -1, 0, 2, -4, 0, -2, -1},
/* N */ { 0, 2, -4, 2, 1, -4, 0, 2, -2, 0, 1, -3, -2, 2, _M, -1, 1, 0, 1, 0, 0, -2, -4, 0, -2, 1},
/* O */ {_M, _M, _M, _M, _M, _M, _M, _M, _M, _M, _M, _M, _M, _M, _M, 0, _M, _M, _M, _M, _M, _M, _M, _M, _M},
/* P */ { 1, -1, -3, -1, -1, -5, -1, 0, -2, 0, -1, -3, -2, -1, _M, 6, 0, 0, 1, 0, 0, -1, -6, 0, -5, 0},
/* Q */ { 0, 1, -5, 2, 2, -5, -1, 3, -2, 0, 1, -2, -1, 1, _M, 0, 4, 1, -1, -1, 0, -2, -5, 0, -4, 3},
/* R */ {-2, 0, -4, -1, -1, -4, -3, 2, -2, 0, 3, -3, 0, 0, _M, 0, 1, 6, 0, -1, 0, -2, 2, 0, -4, 0},
/* S */ { 1, 0, 0, 0, 0, -3, 1, -1, -1, 0, 0, -3, -2, 1, _M, 1, -1, 0, 2, 1, 0, -1, -2, 0, -3, 0},
/* T */ { 1, 0, -2, 0, 0, -3, 0, -1, 0, 0, 0, -1, -1, 0, _M, 0, -1, -1, 1, 3, 0, 0, -5, 0, -3, 0},
/* U */ { 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, _M, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0},
/* V */ { 0, -2, -2, -2, -2, -1, -1, -2, 4, 0, -2, 2, 2, -2, _M, -1, -2, -2, -1, 0, 0, 4, -6, 0, -2, -2},
/* W */ {-6, -5, -8, -7, -7, 0, -7, -3, -5, 0, -3, -2, -4, -4, _M, -6, -5, 2, -2, -5, 0, -6, 17, 0, 0, -6},
/* X */ { 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, _M, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0},
/* Y */ {-3, -3, 0, -4, -4, 7, -5, 0, -1, 0, -4, -1, -2, -2, _M, -5, -4, -4, -3, -3, 0, -2, 0, 0, 10, -4},
/* Z */ { 0, 1, -5, 2, 3, -5, 0, 2, -2, 0, 0, -2, -1, 1, _M, 0, 3, 0, 0, 0, 0, -2, -6, 0, -4, 4}
};

```

Table 1 (cont')

```

/*
*/
#include <stdio.h>
#include <ctype.h>

#define MAXJMP 16      /* max jumps in a diag */
#define MAXGAP 24     /* don't continue to penalize gaps larger than this */
#define JMPS 1024     /* max jmps in an path */
#define MX 4          /* save if there's at least MX-1 bases since last jmp */

#define DMAT 3        /* value of matching bases */
#define DMIS 0        /* penalty for mismatched bases */
#define DINSO 8       /* penalty for a gap */
#define DINS1 1       /* penalty per base */
#define PINSO 8       /* penalty for a gap */
#define PINS1 4       /* penalty per residue */

struct jmp {
    short          n[MAXJMP];      /* size of jmp (neg for dely) */
    unsigned short x[MAXJMP];     /* base no. of jmp in seq x */
};

struct diag {
    int            score;          /* score at last jmp */
    long           offset;        /* offset of prev block */
    short         jmp;            /* current jmp index */
    struct jmp *   jmp;           /* list of jmps */
};

struct path {
    int            spc;            /* number of leading spaces */
    short         n[JMPS];        /* size of jmp (gap) */
    int           x[JMPS];        /* loc of jmp (last elem before gap) */
};

char             *ofile;          /* output file name */
char             *namex[2];      /* seq names: getseqs() */
char             *prog;          /* prog name for err msgs */
char             *seqx[2];       /* seqs: getseqs() */
int              dmax;           /* best diag: nw() */
int              dmax0;          /* final diag */
int              dna;            /* set if dna: main() */
int              endgaps;        /* set if penalizing end gaps */
int              gapx, gapy;     /* total gaps in seqs */
int              len0, len1;     /* seq lens */
int              ngapx, ngapy;   /* total size of gaps */
int              smax;           /* max score: nw() */
int              *xbm;           /* bitmap for matching */
long             offset;        /* current offset in jmp file */
struct           diag           /* holds diagonals */
struct           path           /* holds path for seqs */
                *dx;
                pp[2];

char             *calloc(), *malloc(), *index(), *strcpy();
char             *getseq(), *g_calloc();

```

Table 1 (cont')

```

/* Needleman-Wunsch alignment program
*
* usage: progs file1 file2
* where file1 and file2 are two dna or two protein sequences.
* The sequences can be in upper- or lower-case and may contain ambiguity
* Any lines beginning with ';', '>' or '<' are ignored
* Max file length is 65535 (limited by unsigned short x in the jmp struct)
* A sequence with 1/3 or more of its elements ACGTU is assumed to be DNA
* Output is in the file "align.out"
*
* The program may create a tmp file in /tmp to hold info about traceback.
* Original version developed under BSD 4.3 on a vax 8650
*/
#include "nw.h"
#include "day.h"

static  _dbval[26] = {
1,14,2,13,0,0,4,11,0,0,12,0,3,15,0,0,0,5,6,8,8,7,9,0,10,0
};

static  _pbval[26] = {
1, 2|(1<<('D'-'A'))|(1<<('N'-'A')), 4, 8, 16, 32, 64,
128, 256, 0xFFFFFFFF, 1<<10, 1<<11, 1<<12, 1<<13, 1<<14,
1<<15, 1<<16, 1<<17, 1<<18, 1<<19, 1<<20, 1<<21, 1<<22,
1<<23, 1<<24, 1<<25|(1<<('E'-'A'))|(1<<('Q'-'A'))
};

main(ac, av)                                main
{
    int      ac;
    char    *av[];

    prog = av[0];
    if (ac != 3) {
        fprintf(stderr, "usage: %s file1 file2\n", prog);
        fprintf(stderr, "where file1 and file2 are two dna or two protein sequences\n");
        fprintf(stderr, "The sequences can be in upper- or lower-case\n");
        fprintf(stderr, "Any lines beginning with ';', '>' or '<' are ignored\n");
        fprintf(stderr, "Output is in the file 'align.out'\n");
        exit(1);
    }
    namex[0] = av[1];
    namex[1] = av[2];
    seqx[0] = getseq(namex[0], &flen0);
    seqx[1] = getseq(namex[1], &flen1);
    xbm = (dna)? _dbval : _pbval;

    endgaps = 0;                                /* 1 to penalize endgaps */
    ofile = "align.out";                        /* output file */

    nw();                                       /* fill in the matrix, get the possible jumps */
    readjumps(); /* get the actual jumps */
    print();                                   /* print stats, alignment */

    cleanup(); /* unlink any tmp files */
}

```

Table 1 (cont')

```

/* do the alignment, return best score: main()
* dna: values in Fitch and Smith, PNAS, 80, 1382-1386, 1983
* pro: PAM 250 values
* When scores are equal, we prefer mismatches to any gap, prefer
* a new gap to extending an ongoing gap, and prefer a gap in seqx
* to a gap in seq y.
*/
nw()
{
    char      *px, *py;          /* seqs and ptrs */
    int       *ndely, *dely;     /* keep track of dely */
    int       ndelx, delx; /* keep track of delx */
    int       *tmp;             /* for swapping row0, row1 */
    int       mis;              /* score for each type */
    int       ins0, ins1; /* insertion penalties */
    register  id;               /* diagonal index */
    register  ij;               /* jmp index */
    register  *col0, *coll;     /* score for cur, last row */
    register  xx, yy;           /* index into seqs */

    dx = (struct diag *)g_calloc("to get diags", len0+len1+1, sizeof(struct diag));

    ndely = (int *)g_calloc("to get ndely", len1+1, sizeof(int));
    dely = (int *)g_calloc("to get dely", len1+1, sizeof(int));
    col0 = (int *)g_calloc("to get col0", len1+1, sizeof(int));
    coll = (int *)g_calloc("to get coll", len1+1, sizeof(int));
    ins0 = (dna)? DINS0 : PINS0;
    ins1 = (dna)? DINS1 : PINS1;

    smax = -10000;
    if (endgaps) {
        for (col0[0] = dely[0] = -ins0, yy = 1; yy <= len1; yy++) {
            col0[yy] = dely[yy] = col0[yy-1] - ins1;
            ndely[yy] = yy;
        }
        col0[0] = 0; /* Waterman Bull Math Biol 84 */
    }
    else
        for (yy = 1; yy <= len1; yy++)
            dely[yy] = -ins0;

    /* fill in match matrix
    */
    for (px = seqx[0], xx = 1; xx <= len0; px++, xx++) {
        /* initialize first entry in col
        */
        if (endgaps) {
            if (xx == 1)
                coll[0] = delx = -(ins0+ins1);
            else
                coll[0] = delx = col0[0] - ins1;
            ndelx = xx;
        }
        else {
            coll[0] = 0;
            delx = -ins0;
            ndelx = 0;
        }
    }
}

```


Table 1 (cont')

...aw

```

for (py = seqx[1], yy = 1; yy <= len1; py++, yy++) {
  mis = col0[yy-1];
  if (dna)
    mis += (xbrn[*px-'A']&xbrn[*py-'A'])? DMAT : DMIS;
  else
    mis += _day[*px-'A'][*py-'A'];

  /* update penalty for del in x seq;
   * favor new del over ongong del
   * ignore MAXGAP if weighting endgaps
   */
  if (endgaps || ndely[yy] < MAXGAP) {
    if (col0[yy] - ins0 >= dely[yy]) {
      dely[yy] = col0[yy] - (ins0+ins1);
      ndely[yy] = 1;
    } else {
      dely[yy] -= ins1;
      ndely[yy]++;
    }
  } else {
    if (col0[yy] - (ins0+ins1) >= dely[yy]) {
      dely[yy] = col0[yy] - (ins0+ins1);
      ndely[yy] = 1;
    } else
      ndely[yy]++;
  }

  /* update penalty for del in y seq;
   * favor new del over ongong del
   */
  if (endgaps || ndelx < MAXGAP) {
    if (col1[yy-1] - ins0 >= delx) {
      delx = col1[yy-1] - (ins0+ins1);
      ndelx = 1;
    } else {
      delx -= ins1;
      ndelx++;
    }
  } else {
    if (col1[yy-1] - (ins0+ins1) >= delx) {
      delx = col1[yy-1] - (ins0+ins1);
      ndelx = 1;
    } else
      ndelx++;
  }

  /* pick the maximum score; we're favoring
   * mis over any del and delx over dely
   */

```

Table 1 (cont')

...nw

```

id = xx - yy + len1 - 1;
if (mis >= delx && mis >= dely[yy])
    coll[yy] = mis;
else if (delx >= dely[yy]) {
    coll[yy] = delx;
    ij = dx[id].ijmp;
    if (dx[id].jp.n[0] && (!dna || (ndelx >= MAXJMP
    && xx > dx[id].jp.x[ij]+MCX) || mis > dx[id].score+DINSO)) {
        dx[id].ijmp++;
        if (++ij >= MAXJMP) {
            writejmps(id);
            ij = dx[id].ijmp = 0;
            dx[id].offset = offset;
            offset += sizeof(struct jmp) + sizeof(offset);
        }
    }
    dx[id].jp.n[ij] = ndelx;
    dx[id].jp.x[ij] = xx;
    dx[id].score = delx;
}
else {
    coll[yy] = dely[yy];
    ij = dx[id].ijmp;
    if (dx[id].jp.n[0] && (!dna || (ndely[yy] >= MAXJMP
    && xx > dx[id].jp.x[ij]+MCX) || mis > dx[id].score+DINSO)) {
        dx[id].ijmp++;
        if (++ij >= MAXJMP) {
            writejmps(id);
            ij = dx[id].ijmp = 0;
            dx[id].offset = offset;
            offset += sizeof(struct jmp) + sizeof(offset);
        }
    }
    dx[id].jp.n[ij] = -ndely[yy];
    dx[id].jp.x[ij] = xx;
    dx[id].score = dely[yy];
}
if (xx == len0 && yy < len1) {
    /* last col
    */
    if (endgaps)
        coll[yy] = ins0+ins1*(len1-yy);
    if (coll[yy] > smax) {
        smax = coll[yy];
        dmax = id;
    }
}
}
if (endgaps && xx < len0)
    coll[yy-1] = ins0+ins1*(len0-xx);
if (coll[yy-1] > smax) {
    smax = coll[yy-1];
    dmax = id;
}
tmp = col0; col0 = coll; coll = tmp;
}
(void) free((char *)ndely);
(void) free((char *)dely);
(void) free((char *)col0);
(void) free((char *)coll);
}

```

Table 1 (cont')

```

/*
 *
 * print() - only routine visible outside this module
 *
 * static:
 * getmat() - trace back best path, count matches: print()
 * pr_align() - print alignment of described in array p[]: print()
 * dumpblock() - dump a block of lines with numbers, stars: pr_align()
 * nums() - put out a number line: dumpblock()
 * putline() - put out a line (name, [num], seq, [num]): dumpblock()
 * stars() - put a line of stars: dumpblock()
 * stripname() - strip any path and prefix from a seqname
 */

#include "nw.h"

#define SPC      3
#define P_LINE  256 /* maximum output line */
#define P_SPC   3   /* space between name or num and seq */

extern  _day[26][26];
int     olen;      /* set output line length */
FILE    *fx;       /* output file */

print()
{
    int     lx, ly, firstgap, lastgap; /* overlap */

    if ((fx = fopen(ofile, "w")) == 0) {
        fprintf(stderr, "%s: can't write %s\n", prog, ofile);
        cleanup(1);
    }
    fprintf(fx, "<first sequence: %s (length = %d)\n", namex[0], len0);
    fprintf(fx, "<second sequence: %s (length = %d)\n", namex[1], len1);
    olen = 60;
    lx = len0;
    ly = len1;
    firstgap = lastgap = 0;
    if (dmax < len1 - 1) { /* leading gap in x */
        pp[0].spc = firstgap = len1 - dmax - 1;
        ly -= pp[0].spc;
    }
    else if (dmax > len1 - 1) { /* leading gap in y */
        pp[1].spc = firstgap = dmax - (len1 - 1);
        lx -= pp[1].spc;
    }
    if (dmax0 < len0 - 1) { /* trailing gap in x */
        lastgap = len0 - dmax0 - 1;
        lx = lastgap;
    }
    else if (dmax0 > len0 - 1) { /* trailing gap in y */
        lastgap = dmax0 - (len0 - 1);
        ly = lastgap;
    }
    getmat(lx, ly, firstgap, lastgap);
    pr_align();
}

```

print

Table 1 (cont')

```

/*
 * trace back the best path, count matches
 */
static
getmat(lx, ly, firstgap, lastgap)                                getmat
      int      lx, ly;
      int      firstgap, lastgap;
/* "core" (minus endgaps) */
/* leading trailing overlap */
{
      int      nm, i0, i1, siz0, siz1;
      char     outx[32];
      double   pct;
      register n0, n1;
      register char *p0, *p1;

/* get total matches, score
 */
      i0 = i1 = siz0 = siz1 = 0;
      p0 = seqx[0] + pp[1].spc;
      p1 = seqx[1] + pp[0].spc;
      n0 = pp[1].spc + 1;
      n1 = pp[0].spc + 1;

      nm = 0;
      while ( *p0 && *p1 ) {
          if (siz0) {
              p1++;
              n1++;
              siz0--;
          }
          else if (siz1) {
              p0++;
              n0++;
              siz1--;
          }
          else {
              if (xbrn[*p0-'A']&xbrn[*p1-'A'])
                  nm++;
              if (n0++ == pp[0].x[i0])
                  siz0 = pp[0].n[i0++];
              if (n1++ == pp[1].x[i1])
                  siz1 = pp[1].n[i1++];
              p0++;
              p1++;
          }
      }

/* pct homology:
 * if penalizing endgaps, base is the shorter seq
 * else, knock off overhangs and take shorter core
 */
      if (endgaps)
          lx = (len0 < len1)? len0 : len1;
      else
          lx = (lx < ly)? lx : ly;
      pct = 100.*((double)nm)/(double)lx;
      fprintf(tx, "\n");
      fprintf(tx, "<%d match%sin an overlap of %d: %.2f percent similarity\n",
              nm, (nm == 1)? "" : "es", lx, pct);
}

```

Table 1 (cont')

```

fprintf(fx, "<gaps in first sequence: %d", gapx);
if (gapx) {
    (void) sprintf(outx, "(%d %s%s)",
        ngapx, (dna)? "base":"residue", (ngapx == 1)? "" : "s");
    fprintf(fx, "%s", outx);

    fprintf(fx, ", gaps in second sequence: %d", gapy);
    if (gapy) {
        (void) sprintf(outx, "(%d %s%s)",
            ngapy, (dna)? "base":"residue", (ngapy == 1)? "" : "s");
        fprintf(fx, "%s", outx);
    }
    if (dna)
        fprintf(fx,
            "\n<score: %d (match = %d, mismatch = %d, gap penalty = %d + %d per base)\n",
            smax, DMAT, DMIS, DINSO, DINS1);
    else
        fprintf(fx,
            "\n<score: %d (Dayhoff PAM 250 matrix, gap penalty = %d + %d per residue)\n",
            smax, PINSO, PINS1);
    if (endgaps)
        fprintf(fx,
            "<endgaps penalized. left endgap: %d %s%s, right endgap: %d %s%s\n",
            firstgap, (dna)? "base" : "residue", (firstgap == 1)? "" : "s",
            lastgap, (dna)? "base" : "residue", (lastgap == 1)? "" : "s");
    else
        fprintf(fx, "<endgaps not penalized\n");
}

static      nm;           /* matches in core -- for checking */
static      lmax;        /* lengths of stripped file names */
static      ij[2];       /* jmp index for a path */
static      nc[2];       /* number at start of current line */
static      ni[2];       /* current elem number -- for gapping */
static      siz[2];
static char *ps[2];      /* ptr to current element */
static char *po[2];      /* ptr to next output char slot */
static char out[2][P_LINE]; /* output line */
static charstar[P_LINE]; /* set by stars() */

/*
 * print alignment of described in struct path pp[]
 */
static
pr_align()
{
    int      nm;          /* char count */
    int      more;
    register i;
    for (i = 0, lmax = 0; i < 2; i++) {
        nm = stripname(name[i]);
        if (nm > lmax)
            lmax = nm;
        nc[i] = 1;
        ni[i] = 1;
        siz[i] = ij[i] = 0;
        ps[i] = secp[i];
        po[i] = out[i];
    }
}

```

...getmat

pr_align

Table 1 (cont')

```

for (nn = nm = 0, more = 1; more; ) {
    for (i = more = 0; i < 2; i++) {
        /*
         * do we have more of this sequence?
         */
        if (!*ps[i])
            continue;

        more++;

        if (pp[i].spc) { /* leading space */
            *po[i]++ = ' ';
            pp[i].spc--;
        }
        else if (siz[i]) { /* in a gap */
            *po[i]++ = '-';
            siz[i]--;
        }
        else { /* we're putting a seq element
            */
            *po[i] = *ps[i];
            if (islower(*ps[i]))
                *ps[i] = toupper(*ps[i]);
            po[i]++;
            ps[i]++;

            /*
             * are we at next gap for this seq?
             */
            if (ni[i] == pp[i].x[ij[i]]) {
                /*
                 * we need to merge all gaps
                 * at this location
                 */
                siz[i] = pp[i].n[ij[i]++]++;
                while (ni[i] == pp[i].x[ij[i]])
                    siz[i] += pp[i].n[ij[i]++];
            }
            ni[i]++;
        }
    }
    if (++nn == olen || !more && nn) {
        dumpblock();
        for (i = 0; i < 2; i++)
            po[i] = out[i];
        nn = 0;
    }
}

/*
 * dump a block of lines, including numbers, stars: pr_align()
 */
static
dumpblock()
{
    register i;

    for (i = 0; i < 2; i++)
        *po[i]-- = '\0';
}

```

...pr_align

dumpblock

Table 1 (cont')

```

(void) puts('\n', fx);
for (i = 0; i < 2; i++) {
    if (*out[i] && (*out[i] != '*' || *(po[i]) != '*')) {
        if (i == 0)
            nums(i);
        if (i == 0 && *out[1])
            stars0;
        putline(i);
        if (i == 0 && *out[1])
            fprintf(fx, star);
        if (i == 1)
            nums(i);
    }
}

/*
 * put out a number line: dumpblock0
 */
static
nums(ix)
int    ix;        /* index in out[] holding seq line */
{
    char    nline[P_LLINE];
    register    i, j;
    register char    *pn, *px, *py;

    for (pn = nline, i = 0; i < lmax + P_SPC; i++, pn++)
        *pn = '\0';
    for (i = nc[ix], py = out[ix]; *py; py++, pn++) {
        if (*py == '*' || *py == '\0')
            *pn = '\0';
        else {
            if (i % 10 == 0 || (i == 1 && nc[ix] != 1)) {
                j = (i < 0) ? -i : i;
                for (px = pn; j; j /= 10, px--)
                    *px = j % 10 + '0';
                if (i < 0)
                    *px = '-';
            }
            else
                *pn = '\0';
            i++;
        }
    }
    *pn = '\0';
    nc[ix] = i;
    for (pn = nline; *pn; pn++)
        (void) puts(*pn, fx);
    (void) puts('\n', fx);
}

/*
 * put out a line (name, [num], seq, [num]): dumpblock0
 */
static
putline(ix)
int    ix;

```

...dumpblock

nums

putline

Table 1 (cont')

```

int          i;
register char *px;

for (px = namex[ix], i=0; *px && *px != '\0'; px++, i++)
    (void) puts(*px, fx);
for (; i < lmax+P_SPC; i++)
    (void) puts(' ', fx);

/* these count from 1:
 * ni[] is current element (from 1)
 * nc[] is number at start of current line
 */
for (px = out[ix]; *px; px++)
    (void) puts(*px&0x7F, fx);
(void) puts('\n', fx);
}

/*
 * put a line of stars (seqs always in out[0], out[1]): dumpblockO
 */
static
stars()
{
    int          i;
    register char *p0, *p1, cx, *px;

    if (!*out[0] || (*out[0] == '' && *(po[0]) == '') ||
        !*out[1] || (*out[1] == '' && *(po[1]) == ''))
        return;

    px = star;
    for (i = lmax+P_SPC; i; i--)
        *px++ = ' ';

    for (p0 = out[0], p1 = out[1]; *p0 && *p1; p0++, p1++) {
        if (isalpha(*p0) && isalpha(*p1)) {
            if (xbrm[*p0-'A'] && xbrm[*p1-'A']) {
                cx = ' ';
                nm++;
            }
            else if ((l dna && _day[*p0-'A'][*p1-'A'] > 0))
                cx = ' ';
            else
                cx = ' ';
        }
        else
            cx = ' ';
        *px++ = cx;
    }
    *px++ = '\n';
    *px = '\0';
}
}

```

...putline

stars

Table 1 (cont')

```
/*
 * strip path or prefix from pn, return len: pr_align0
 */
static
stripname(pn)                                stripname
char *pn; /* file name (may be path) */
{
    register char *px, *py;
    py = 0;
    for (px = pn; *px; px++)
        if (*px == '/')
            py = px + 1;
    if (py)
        (void) strcpy(pn, py);
    return(strlen(pn));
}
```

Table 1 (cont²)

```

/*
 * cleanup() - cleanup any tmp file
 * getseq() - read in seq, set dna, len, maxlen
 * g_malloc() - calloc() with error checkin
 * readjumps() - get the good jumps, from tmp file if necessary
 * writejumps() - write a filled array of jumps to a tmp file: nw()
 */
#include "nw.h"
#include <sys/file.h>

char    *jname = "/tmp/homgXXXXXX";    /* tmp file for jumps */
FILE    *fj;

int     cleanup();                    /* cleanup tmp file */
long    lseek();

/*
 * remove any tmp file if we blow
 */
cleanup(i)                                cleanup
{
    int    i;
    if (fj)
        (void) unlink(jname);
    exit(i);
}

/*
 * read, return ptr to seq, set dna, len, maxlen
 * skip lines starting with ';', '<', or '>'
 * seq in upper or lower case
 */
char    *
getseq(file, len)                                getseq
{
    char    *file;    /* file name */
    int     *len;    /* seq len */

    {
        char    line[1024], *pseq;
        register char    *px, *py;
        int     natgc, tlen;
        FILE    *fp;

        if ((fp = fopen(file, "r")) == 0) {
            fprintf(stderr, "%s: can't read %s\n", prog, file);
            exit(1);
        }
        tlen = natgc = 0;
        while (fgets(line, 1024, fp)) {
            if (*line == ';' || *line == '<' || *line == '>')
                continue;
            for (px = line; *px != '\n'; px++)
                if (!isupper(*px) || islower(*px))
                    tlen++;
        }
        if ((pseq = malloc((unsigned)(tlen+6))) == 0) {
            fprintf(stderr, "%s: malloc() failed to get %d bytes for %s\n", prog, tlen+6, file);
            exit(1);
        }
        pseq[0] = pseq[1] = pseq[2] = pseq[3] = '\0';
    }
}

```

Table 1 (cont')

```

py = pseq + 4;
*len = tlen;
rewind(fp);

while (fgets(line, 1024, fp)) {
    if (*line == ';' || *line == '<' || *line == '>')
        continue;
    for (px = line; *px != '\n'; px++) {
        if (isupper(*px))
            *py++ = *px;
        else if (islower(*px))
            *py++ = toupper(*px);
        if (index("ATGCU", *(py-1)))
            natgc++;
    }
    *py++ = '\0';
    *py = '\0';
    (void) fclose(fp);
    dna = natgc > (tlen/3);
    return(pseq+4);
}

char *
g_alloc(msg, nx, sz)
char *msg;          /* program, calling routine */
int nx, sz;        /* number and size of elements */
{
    char *px, *calloc();

    if ((px = calloc((unsigned)nx, (unsigned)sz)) == 0) {
        if (*msg) {
            fprintf(stderr, "%s: g_alloc() failed %s (n=%d, sz=%d)\n", prog, msg, nx, sz);
            exit(1);
        }
    }
    return(px);
}

/*
 * get final jmps from dx[] or tmp file, set pp[], reset dmax: main0
 */
readjmps()
{
    int fd = -1;
    int siz, i0, i1;
    register i, j, xx;

    if (f) {
        (void) fclose(f);
        if ((fd = open(jname, O_RDONLY, 0)) < 0) {
            fprintf(stderr, "%s: can't open() %s\n", prog, jname);
            cleanup(1);
        }
    }
    for (i = i0 = i1 = 0, dmax0 = dmax, xx = len0; ; i++) {
        while (1) {
            for (j = dx[dmax].ijmp; j >= 0 && dx[dmax].jp.x[j] >= xx; j--)

```

...getseq

g_alloc

readjmps

Table 1 (cont')

...readjumps

```

if (j < 0 && dx[dmax].offset && fj) {
    (void) lseek(fd, dx[dmax].offset, 0);
    (void) read(fd, (char *)&dx[dmax].jp, sizeof(struct jmp));
    (void) read(fd, (char *)&dx[dmax].offset, sizeof(dx[dmax].offset));
    dx[dmax].ijmp = MAXJMP-1;
}
else
    break;
}
if (i >= JMPS) {
    fprintf(stderr, "%s: too many gaps in alignment\n", prog);
    cleanup(1);
}
if (j >= 0) {
    siz = dx[dmax].jp.n[j];
    xx = dx[dmax].jp.x[j];
    dmax += siz;
    if (siz < 0) { /* gap in second seq */
        pp[1].n[i1] = -siz;
        xx += siz;
        /* jd = xx - yy + len1 - 1
        */
        pp[1].x[i1] = xx - dmax + len1 - 1;
        gapy++;
        ngapy -= siz;
/* ignore MAXGAP when doing endgaps */
        siz = (-siz < MAXGAP || endgaps)? -siz : MAXGAP;
        i1++;
    }
    else if (siz > 0) { /* gap in first seq */
        pp[0].n[i0] = siz;
        pp[0].x[i0] = xx;
        gapx++;
        ngapx += siz;
/* ignore MAXGAP when doing endgaps */
        siz = (siz < MAXGAP || endgaps)? siz : MAXGAP;
        i0++;
    }
}
else
    break;
}

/* reverse the order of jumps
*/
for (j = 0, i0--; j < i0; j++, i0--) {
    i = pp[0].n[j]; pp[0].n[j] = pp[0].n[i0]; pp[0].n[i0] = i;
    i = pp[0].x[j]; pp[0].x[j] = pp[0].x[i0]; pp[0].x[i0] = i;
}
for (j = 0, i1--; j < i1; j++, i1--) {
    i = pp[1].n[j]; pp[1].n[j] = pp[1].n[i1]; pp[1].n[i1] = i;
    i = pp[1].x[j]; pp[1].x[j] = pp[1].x[i1]; pp[1].x[i1] = i;
}
if (fd >= 0)
    (void) close(fd);
if (fj) {
    (void) unlink(jname);
    fj = 0;
    offset = 0;
}
}

```

Table 1 (cont')

```

/*
 * write a filled jmp struct offset of the prev one (if any): nwo
 */
writejumps(ix)
{
    int ix;
    char *mktemp0;
    if (!fj) {
        if (mktemp(jname) < 0) {
            fprintf(stderr, "%s: can't mktemp0 %s\n", prog, jname);
            cleanup(1);
        }
        if ((fj = fopen(jname, "w")) == 0) {
            fprintf(stderr, "%s: can't write %s\n", prog, jname);
            exit(1);
        }
    }
    (void) fwrite((char *)&dx[ix].jp, sizeof(struct jmp), 1, fj);
    (void) fwrite((char *)&dx[ix].offset, sizeof(dx[ix].offset), 1, fj);
}

```

writejumps

Tabla 2

TASK	XXXXXXXXXXXXXXXXXXXX	(Longitud = 15 aminoácidos)
Proteína de comparación	XXXXXXXXYYYYYYY	(Longitud = 12 aminoácidos)

% de identidad en la secuencia de aminoácidos =

(el número de residuos de aminoácidos que se emparejan de forma idéntica entre las dos secuencias de polipéptidos según se determina mediante ALIGN-2) dividido por (el número total de residuos de aminoácidos del polipéptido TASK) =

5 dividido por 15 = 33,3%

Tabla 3

TASK	XXXXXXXXXX	(Longitud = 10 aminoácidos)
Proteína de comparación	XXXXXXXXYYYYZZY	(Longitud = 15 aminoácidos)

% de identidad en la secuencia de aminoácidos =

10 (el número de residuos de aminoácidos que se emparejan de forma idéntica entre las dos secuencias de polipéptidos según se determina mediante ALIGN-2) dividido por (el número total de residuos de aminoácidos del polipéptido TASK) =

5 dividido por 10 = 50%

Tabla 4

TASK-DNA	NNNNNNNNNNNNNN	(Longitud = 14 nucleótidos)
ADN de comparación	NNNNNNLLLLLLLLL	(Longitud = 16 nucleótidos)

% de identidad de secuencia de ácidos nucleicos =

(el número de nucleótidos que se emparejan de forma idéntica entre las dos secuencias de ácidos nucleicos según se determina mediante ALIGN-2) dividido por (el número total de nucleótidos de la secuencia de ácidos nucleicos de TASK-DNA) =

20 6 dividido por 14 = 42,9%

Tabla 5

TASK-DNA	NNNNNNNNNNNN	(Longitud = 12 nucleótidos)
ADN de comparación	NNNNLLLVV	(Longitud = 9 nucleótidos)

% de identidad de secuencia de ácidos nucleicos =

25 (el número de nucleótidos que se emparejan de forma idéntica entre las dos secuencias de ácidos nucleicos según se determina mediante ALIGN-2) dividido por (el número total de nucleótidos de la secuencia de ácidos nucleicos de TASK-ADN) =

4 dividido por 12 = 33,3%

II. Composiciones y métodos de la invención

30 A. Anticuerpos anti-TASK

[0108] En una realización, la presente invención se refiere a anticuerpos anti-TASK que pueden ser útiles como agentes terapéuticos y/o de diagnóstico. Entre los anticuerpos de ejemplo se incluyen anticuerpos policlonales, monoclonales, humanizados, biespecíficos y heteroconjugados.

1. Anticuerpos policlonales

[0109] Los anticuerpos policlonales se desarrollan preferiblemente en animales mediante inyecciones múltiples subcutáneas (sc) o intraperitoneales (ip) del antígeno pertinente y un adyuvante. Puede ser útil conjugar el antígeno pertinente (especialmente cuando se utilizan péptidos sintéticos) a una proteína que es inmunogénica en la especie a inmunizar. Por ejemplo, el antígeno se puede conjugar a la hemocianina de la lapa californiana (KLH), albúmina de suero, tiroglobulina bovina o inhibidor de tripsina de soja utilizando un agente bifuncional o derivatizante, por ejemplo, éster de maleimidobenzoil sulfosuccinimida (conjugación a través de residuos de cisteína), N-hidroxisuccinimida (a través de residuos de lisina), glutaraldehído, anhídrido succínico, SOCl₂, o R¹N=C=NR, donde R y R¹ son grupos alquilo diferentes.

[0110] Los animales se inmunizan contra el antígeno, conjugados inmunogénicos o derivados mediante la combinación de, por ejemplo, 100 µg o 5 µg de la proteína o conjugado (para conejos o ratones, respectivamente) con 3 volúmenes de adyuvante completo de Freund y la inyección intradérmica de la solución en múltiples sitios. Un mes más tarde, los animales se refuerzan con 1/5 a 1/10 de la cantidad original de péptido o conjugado en adyuvante completo de Freund mediante inyección subcutánea en múltiples sitios. De siete a catorce días más tarde los animales sangran y el suero se analiza por el título de anticuerpo. Los animales se refuerzan hasta que el título

se estabiliza. Los conjugados también se pueden producir en cultivos de células recombinantes como fusiones de proteínas. Además, se utilizan de forma adecuada agentes de agregación, tales como el alumbre, para potenciar la respuesta inmune.

5 2. Anticuerpos monoclonales

[0111] Los anticuerpos monoclonales se pueden producir utilizando el método del hibridoma descrito por primera vez por Kohler et al., *Nature* 256:495 (1975) o se pueden producir mediante métodos de ADN recombinante (Patente de Estados Unidos No. 4.816.567).

10

[0112] En el método del hibridoma, un ratón u otro animal huésped apropiado, tal como un hámster, se inmunizan como se ha descrito anteriormente para conseguir linfocitos que producen o son capaces de producir anticuerpos que se unirán específicamente a la proteína utilizada para la inmunización. Alternativamente, los linfocitos se pueden inmunizar *in vitro*. Después de la inmunización, los linfocitos se aíslan y se fusionan a continuación con una línea celular de mieloma utilizando un agente de fusión adecuado, tal como polietilenglicol, para formar una célula de hibridoma (Goding, *Monoclonal Antibodies: Principles and Practice*, páginas 59-103 (Academia Press. 1986)).

15

[0113] Las células de hibridoma preparadas de esta manera se siembran y se desarrollan en un medio de cultivo adecuado que contiene preferiblemente una o más sustancias que inhiben el crecimiento o la supervivencia de las células de mieloma parentales no fusionadas (también referidas como compañeras de fusión). Por ejemplo, si las células de mieloma parentales carecen de la enzima hipoxantina guanina fosforibosil transferasa (HGPRT o HPRT), el medio de cultivo selectivo para los hibridomas incluirán habitualmente hipoxantina, aminopterina y timidina (medio HAT), cuyas sustancias evitan el crecimiento de células deficientes de HGPRT.

20

[0114] Las células de mieloma compañeras de fusión preferidas son aquellas que se fusionan de manera eficaz, contribuyen a una producción estable a un nivel elevado de anticuerpo por las células seleccionadas productoras de los anticuerpos, y son sensibles a un medio selectivo que se selecciona contra las células parentales no fusionadas. Entre las líneas de células de mieloma preferidas están las líneas de mieloma murinas, tales como las derivadas de tumores de ratón MOPC-21 y MPC-11 disponibles en el Salk Institute Cell Distribution Center, San Diego, California USA, y las células SP-2 y derivadas, por ejemplo células X63-Ag8-653, disponibles en la American Type Culture Collection, Manassas, Virginia, Estados Unidos. También se han descrito líneas de células de mieloma humano y de heteromieloma de ratón-humano para la producción de anticuerpos monoclonales humanos (Kozbor, *J. Immunol.* 133: 3001 (1984); y Brodeur et al., *Monoclonal Antibody Production Techniques and Applications*, páginas 51-63 (Marcel Dekker, Inc., Nueva York, 1987)).

25

30

35

[0115] Se analiza el medio de cultivo en el que crecen las células de hibridoma para la producción de anticuerpos monoclonales dirigidos contra el antígeno. Preferiblemente, la especificidad de unión de anticuerpos monoclonales producidos por células de hibridoma se determina mediante inmunoprecipitación o mediante un ensayo de unión *in vitro*, tal como radioinmunoensayo (RIA) o ensayo inmunoabsorbente unido a enzima (ELISA).

40

[0116] La afinidad de unión del anticuerpo monoclonal se puede determinar, por ejemplo, mediante análisis Scatchard de Munson et al., *Anal. Biochem.*, 107:220 (1980).

[0117] Después de identificar las células de hibridoma que producen anticuerpos de la especificidad, afinidad y/o actividad deseadas, los clones se pueden subclonar mediante procedimientos de dilución limitante y se pueden desarrollar mediante métodos estándar (Goding, *Monoclonal Antibodies: Principles and Practice*, páginas 59-103 (Academia Press, 1986)). Entre los medios de cultivo adecuados para este objetivo se incluyen, por ejemplo, medio D-MEM o medio RPM1-1640. Además, las células de hibridoma se pueden desarrollar *in vivo* como tumores ascíticos en un animal, por ejemplo, mediante inyección i.p. de las células en los ratones.

45

50

[0118] Los anticuerpos monoclonales secretados por los subclones se separan de forma adecuada del medio de cultivo, fluido ascítico, o suero mediante procedimientos de purificación de anticuerpos convencionales, tales como, por ejemplo, cromatografía de afinidad (por ejemplo, utilizando proteína A o proteína G-Sefarosa) o cromatografía de intercambio iónico, cromatografía de hidroxilapatita, electroforesis en gel, diálisis, etc.

55

[0119] El ADN que codifica los anticuerpos monoclonales se aísla fácilmente y se secuencia utilizando procedimientos convencionales (por ejemplo, utilizando sondas de oligonucleótidos que son capaces de unirse específicamente a genes que codifican las cadenas pesada y ligera de anticuerpos murinos). Las células de hibridoma sirven como una fuente preferida de dicho ADN. Una vez aislado, el ADN se puede colocar en vectores de expresión, que a continuación se transfectan en células huésped, tales como células *E. coli*, células COS de simios, células de ovario de hámster chino (CHO), o células de mieloma que de ningún otro modo producen proteína

60

anticuerpo, para obtener la síntesis de anticuerpos monoclonales en las células huésped recombinantes. Entre los artículos de revisión sobre la expresión recombinante en bacterias de ADN que codifican el anticuerpo se incluyen Skerra et al., *Curr. Opinión in Immunol.*, 5:256-262 (1993) y Plückthun, *Immunol Revs.*, 130:151-188 (1992).

5 **[0120]** En una realización adicional, los anticuerpos o fragmentos de anticuerpos monoclonales se pueden aislar de bibliotecas de anticuerpos en fagos generados utilizando las técnicas descritas en McCafferty et al., *Nature*, 348: 552-554 (1990). Clackson et al., *Nature*, 352: 624-628 (1991) y Marks et al., *J. Mol. Biol.*, 222: 581-597 (1991) describen el aislamiento de anticuerpos murinos y humanos, respectivamente, utilizando bibliotecas de fagos. Las posteriores publicaciones describen la producción de anticuerpos humanos de afinidad elevada (rango de nM) mediante intercambio de cadenas (Marks et al., *Biol. Technology*, 10:779-783 (1992)), así como la infección combinatoria y la recombinación *in vivo* como estrategia para construir bibliotecas de fagos muy grandes (Waterhouse et al., *Nuc. Acids. Res.*, 21: 2265-2266 (1993)). De este modo, estas técnicas son alternativas viables a las técnicas convencionales de hibridomas de anticuerpos monoclonales para el aislamiento de anticuerpos monoclonales.

10
15 **[0121]** El ADN que codifica el anticuerpo se puede modificar para producir polipéptidos anticuerpo quiméricos o de fusión, por ejemplo, mediante la sustitución de las secuencias de los dominios constantes de cadena pesada y ligera (C_H y C_L) humanos por las secuencias murinas homólogas (Patente de Estados Unidos No. 4.816.567; Morrison et al. *Proc. Natl Acad. Sci. USA*, 81:6851 (1984)), o mediante la fusión de la secuencia codificante de inmunoglobulina con toda o parte de la secuencia codificante de un polipéptido que no es inmunoglobulina (polipéptido heterólogo). Las secuencias de polipéptidos que no son inmunoglobulinas se pueden sustituir por los dominios constantes de un anticuerpo o se sustituyen por los dominios variables de un sitio de combinación a antígeno de un anticuerpo para crear un anticuerpo divalente quimérico que comprende un sitio de combinación a antígeno que tiene especificidad por un antígeno y otro sitio de combinación a antígeno que tiene especificidad por un antígeno diferente.

25
3. Anticuerpos humanos y humanizados

[0122] Los anticuerpos anti-TASK de la presente invención pueden comprender además anticuerpos humanizados o anticuerpos humanos. Las formas humanizadas de anticuerpos no humanos (por ejemplo, murinos) son inmunoglobulinas quiméricas, cadenas de inmunoglobulinas o fragmentos de las mismas (tales como Fv, Fab, Fab', F(ab')₂ u otras subsecuencias de unión a antígeno de los anticuerpos) que contienen una secuencia mínima derivada de inmunoglobulina no humana. Entre los anticuerpos humanizados se incluyen inmunoglobulinas humanas (anticuerpo receptor) en las que los residuos de una región determinante de complementariedad (CDR) del receptor se sustituyen por residuos de una CDR de una especie no humana (anticuerpo dador), tal como ratón, rata o conejo que tienen la especificidad, afinidad y capacidad deseadas. En algunos casos, los residuos del armazón ("framework") de Fv de la inmunoglobulina humana se sustituyen por los residuos no humanos correspondientes. Los anticuerpos humanizados también pueden comprender residuos que no se encuentran ni en el anticuerpo receptor ni en las secuencias de la CDR o el armazón importados. En general, el anticuerpo humanizado comprenderá sustancialmente todos de por lo menos uno, y habitualmente dos, dominios variables, en los que todas o sustancialmente todas las regiones CDR corresponden a las de una inmunoglobulina no humana y todas o sustancialmente todas las regiones de FR son las de una secuencia consenso de inmunoglobulina humana. El anticuerpo humanizado óptimamente también comprenderá por lo menos una parte de una región constante de inmunoglobulina (Fc), habitualmente la de una inmunoglobulina humana [Jones et al., *Nature*, 321: 522-525 (1986); Riechmann et al., *Nature*, 332 : 323-329 (1988); y Presta, *Curr. Op. Struct. Biol.*, 2: 593-596 (1992)].

45
50 **[0123]** Los métodos para humanizar anticuerpos no humanos son conocidos en la técnica. En general, un anticuerpo humanizado tiene uno o más residuos de aminoácidos introducidos en el mismo a partir de una fuente que es no humana. Estos residuos de aminoácidos no humanos se denominan frecuentemente como residuos "importados", que habitualmente se obtienen de un dominio variable "importado". La humanización se puede realizar esencialmente siguiendo el método de Winter y colaboradores (Jones et al., *Nature*, 321: 522-525 (1986); Riechmann et al., *Nature*, 332: 323-327 (1988); Verhoeven et al., *Science*, 239: 1534-1536 (1988)), mediante la sustitución de secuencias de CDRs o CDR de roedor por las secuencias correspondientes de un anticuerpo humano. Por consiguiente, dichos anticuerpos "humanizados" son anticuerpos quiméricos (Patente de Estados Unidos No. 4.816.567) en los que sustancialmente menos de un dominio variable humano intacto se ha sustituido por la secuencia correspondiente de una especie no humana. En la práctica, los anticuerpos humanizados son habitualmente anticuerpos humanos en los que algunos residuos de CDR y posiblemente algunos residuos de FR se sustituyen por residuos de sitios análogos en anticuerpos de roedores.

60 **[0124]** La elección de dominios variables humanos, tanto ligeros como pesados, para utilizar en la fabricación de los anticuerpos humanizados es muy importante para reducir la antigenicidad y la respuesta HAMA (anticuerpo anti-ratón de humano) cuando el anticuerpo pretende utilizarse para uso terapéutico humano. Según el método

- denominado “mejor-ajuste”, la secuencia del dominio variable de un anticuerpo de roedor se criba frente a toda la biblioteca de secuencias de dominios variables humanos conocidos. Se identifica el dominio V humano de la secuencia humana que está más próximo a la del roedor y se acepta la región de armazón (FR) humana en el mismo para el anticuerpo humanizado (Sims et al., *J. Immunol.*, 151: 2296 (1993); Chothia et al., *J. Mol. Biol.*, 196: 901 (1987)). Otro método utiliza una región de armazón particular derivada de la secuencia consenso de todos los anticuerpos humanos de un subgrupo particular de cadenas ligeras o pesadas. La misma región de armazón se puede utilizar para varios anticuerpos humanizados diferentes (Carter et al., *Proc. Natl Acad. Sci. USA*, 89: 4285 (1992); Presta et al., *J. Immunol.*, 151: 2623 (1993)).
- 10 **[0125]** Es también importante que los anticuerpos se humanicen manteniendo una afinidad elevada por el antígeno y otras propiedades biológicas favorables. Para conseguir este objetivo, según un método preferido, los anticuerpos humanizados se preparan mediante un proceso de análisis de las secuencias parentales y varios productos humanizados conceptuales utilizando modelos tridimensionales de las secuencias parentales y humanizadas. Los modelos tridimensionales de inmunoglobulinas están disponibles normalmente y son familiares para los expertos en la materia. Existen programas informáticos que muestran y visualizan probables estructuras conformacionales tridimensionales de secuencias de inmunoglobulinas candidatas seleccionadas. La observación de estas visualizaciones permite el análisis de la probable función de los residuos en el funcionamiento de la secuencia de inmunoglobulina candidata, es decir, el análisis de residuos que influyen en la capacidad de la inmunoglobulina candidata para unirse a su antígeno. De esta manera, los residuos de FR se pueden seleccionar y combinar a partir de secuencias receptoras e importadas, de manera que se consigue la característica del anticuerpo deseado, tal como una mayor afinidad para el antígeno o antígenos diana. En general, los residuos de la región hipervariable están directamente y más sustancialmente implicados en la influencia sobre la unión al antígeno.
- 15 **[0126]** Se contemplan varias formas de un anticuerpo anti-TASK humanizado. Por ejemplo, el anticuerpo humanizado puede ser un fragmento de anticuerpo, tal como Fab, que está conjugado opcionalmente con uno o más agentes citotóxicos con el fin de generar un inmunoconjugado. Alternativamente, el anticuerpo humanizado puede ser un anticuerpo intacto, tal como un anticuerpo IgG1 intacto.
- 20 **[0127]** Como alternativa a la humanización, se pueden generar anticuerpos humanos. Por ejemplo, ahora es posible producir animales transgénicos (por ejemplo ratones) que son capaces, tras inmunización, de producir un repertorio completo de anticuerpos humanos en ausencia de producción de inmunoglobulina endógena. Por ejemplo, se ha descrito que la eliminación homocigótica del gen de la región de unión (J_H) de la cadena pesada del anticuerpo en ratones mutantes quiméricos y en la línea germinal da lugar a la inhibición completa de la producción de anticuerpos endógenos. La transferencia del grupo de genes de inmunoglobulina de línea germinal humana en dichos ratones mutantes en la línea germinal dará lugar a la producción de anticuerpos humanos tras la estimulación con antígenos. Ver, por ejemplo Jakobovits et al., *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 90, 2551-255 (1993); Jakobovits et al., *Nature* 362, 255-258 (1993); Bruggermann et al., *Year in Immuno.*, 7: 33 (1993); y las Patentes de Estados Unidos 5.545.806, 5.569.825 y 5.591.669 (todas de GenPharm); 5.547.807; y WO 97/17852.
- 30 **[0128]** Alternativamente, la tecnología de expresión de fagos (McCafferty et al., *Nature* 348, 552-553 [1990]) se puede utilizar para producir anticuerpos y fragmentos de anticuerpos humanos *in vitro*, a partir de repertorios de genes de dominio variable (V) de inmunoglobulina de donantes no inmunizados. Según esta técnica, los genes del dominio V de anticuerpo se clonan en el marco en un gen de proteína de recubrimiento principal o secundario de un bacteriófago filamentoso, tal como M13 o fd, y se expresan como fragmentos de anticuerpos funcionales sobre la superficie de la partícula del fago. Debido a que la partícula filamentosa contiene una copia de ADN de cadena sencilla del genoma del fago, las selecciones basadas en las propiedades funcionales del anticuerpo también dan lugar a la selección del gen que codifica el anticuerpo que presenta esas propiedades. De este modo, el fago mimetiza algunas de las propiedades de la célula B. La expresión en fagos se puede realizar en una variedad de formatos; para su revisión ver, por ejemplo, Johnson, Kevin S. y Chiswell, David J., *Current Opinion in Structural Biology* 3, 564-571 (1993). Se pueden usar varias fuentes de segmentos de genes V para la expresión en fagos. Clackson et al., *Nature* 352, 624-628 (1991) aislaron un conjunto diverso de anticuerpos de anti-oxazolona a partir de una pequeña biblioteca combinatoria aleatoria de genes V derivados de bazos de ratones inmunizados. Se puede construir un repertorio de genes V a partir de donantes humanos no inmunizados y se pueden aislar anticuerpos para un conjunto diverso de antígenos (incluyendo auto-antígenos) esencialmente siguiendo las técnicas descritas por Marks et al., *J. Mol. Biol.* 222, 581-597 (1991), o Griffith et al., *EMBO J.* 12, 725-734 (1993). Véase también las Patentes de Estados Unidos Nos. 5.565.332 y 5.573.905.
- 40 **[0129]** Tal como se ha descrito anteriormente, también se pueden generar anticuerpos humanos por células B activadas *in vivo* (véase las Patentes de Estados Unidos 5.567.610 y 5.229.275).
- 45 **[0129]** Tal como se ha descrito anteriormente, también se pueden generar anticuerpos humanos por células B activadas *in vivo* (véase las Patentes de Estados Unidos 5.567.610 y 5.229.275).
- 50 **[0129]** Tal como se ha descrito anteriormente, también se pueden generar anticuerpos humanos por células B activadas *in vivo* (véase las Patentes de Estados Unidos 5.567.610 y 5.229.275).
- 55 **[0129]** Tal como se ha descrito anteriormente, también se pueden generar anticuerpos humanos por células B activadas *in vivo* (véase las Patentes de Estados Unidos 5.567.610 y 5.229.275).
- 60 **[0129]** Tal como se ha descrito anteriormente, también se pueden generar anticuerpos humanos por células B activadas *in vivo* (véase las Patentes de Estados Unidos 5.567.610 y 5.229.275).
4. Fragmentos de anticuerpos

[0130] En ciertas circunstancias, existen ventajas al utilizar fragmentos de anticuerpos, en lugar de anticuerpos completos. El menor tamaño de los fragmentos permite una depuración rápida y puede conducir a un mejor acceso a los tumores sólidos.

5 **[0131]** Se han desarrollado varias técnicas para la producción de fragmentos de anticuerpos. Habitualmente, estos fragmentos se derivaban mediante la digestión proteolítica de anticuerpos intactos (véase, por ejemplo, Morimoto et al., *Journal of Biochemical and Biophysical Methods* 24:107-117 (1992) y Brennan et al., *Science* 229:81 (1985)). Sin embargo, estos fragmentos se pueden producir actualmente directamente mediante células huésped recombinantes. Los fragmentos de anticuerpos Fab, Fv y ScFv se pueden todos expresar en y secretarse de *E. coli*, permitiendo así
 10 la producción simple de grandes cantidades de estos fragmentos. Los fragmentos de anticuerpos se pueden aislar a partir de las bibliotecas de anticuerpos en fagos descritas anteriormente. Alternativamente, los fragmentos Fab'-SH se pueden recuperar directamente de *E. coli* y pueden acoplarse químicamente para formar fragmentos F(ab')₂ (Carter et al., *Bio/Technology* 10:163-167 (1992)). Según otra estrategia, los fragmentos F(Ab')₂ se pueden aislar directamente del cultivo de células huésped recombinantes. Los fragmentos Fab y F(ab')₂ con una mayor vida media
 15 in vivo que comprenden residuos de epítipo de unión a receptor salvaje se describen en la Patente de Estados Unidos No. 5.869.046. Otras técnicas para la producción de fragmentos de anticuerpos serán evidentes para el técnico de la materia. En otras realizaciones, el anticuerpo de elección es un fragmento Fv de cadena sencilla (scFv). Véase WO 93/16185; Patente de Estados Unidos No. 5.571.894; y Patente de Estados Unidos No. 5.587.458. Fv y sFv son las únicas especies con sitios de combinación intactos carentes de regiones constantes; de este modo, son adecuadas para una unión no específica reducida durante el uso in vivo. Las proteínas de fusión con sFv se pueden construir para producir la fusión de una proteína efectora en el extremo amino o carboxi de un sFv. Véase, *Antibody Engineering*, ed. Borrebaeck, supra. El fragmento de anticuerpo también puede ser un "anticuerpo lineal", por ejemplo, tal como se describe en la Patente de Estados Unidos No. 5.641.870, por ejemplo. Dichos
 20 fragmentos de anticuerpos lineales pueden ser monoespecíficos o biespecíficos.

25

5. Anticuerpos biespecíficos

[0132] Los anticuerpos biespecíficos son anticuerpos que tienen especificidades de unión con por lo menos dos epítopos diferentes. Los anticuerpos biespecíficos de ejemplo se pueden unir a dos epítopos diferentes de una proteína TASK tal como se describe aquí. Otros de dichos anticuerpos pueden combinar un sitio de unión a TASK con un sitio de unión para otra proteína. Alternativamente, un brazo anti-TASK puede combinarse con un brazo que se une a una molécula inductora en un leucocito, tal como una molécula receptora de células T (por ejemplo, CD3) o receptores Fc para IgG (Fc γ R), tales como Fc γ RI (CD64), Fc γ RII (CD32) y Fc γ RIII (CD16) con el fin de centrar y localizar los mecanismos de defensa celulares en la célula que expresa TASK. Estos anticuerpos biespecíficos
 35 también se pueden utilizar para localizar agentes citotóxicos en células que expresan TASK. Estos anticuerpos poseen un brazo de unión a TASK y un brazo que se une al agente citotóxico (por ejemplo, saporina, anti-interferón- α , alcaloide vinca, cadena A de ricina, metotrexato o hapteno con isótopo radioactivo). Los anticuerpos biespecíficos se pueden preparar como anticuerpos de longitud completa o fragmentos de anticuerpos (por ejemplo, anticuerpos biespecíficos F(ab')₂).

40

[0133] WO 96/16673 describe un anticuerpo biespecífico anti-ErbB2/anti-Fc γ RIII y la Patente de Estados Unidos 5.837.234 describe un anticuerpo biespecífico anti-ErbB2/anti-Fc γ RI. En WO98/02463 se muestra un anticuerpo biespecífico anti-ErbB2/Fc α . La Patente de Estados Unidos No. 5.821.337 describe un anticuerpo biespecífico anti-ErbB2/anti-CD3.

45

[0134] Los procedimientos para realizar anticuerpos biespecíficos son conocidos en la técnica. La producción habitual de anticuerpos biespecíficos de longitud completa se basa en la coexpresión de dos pares de cadena pesada-cadena ligera de inmunoglobulina, donde las dos cadenas tienen diferentes especificidades (Milstein et al., *Nature*, 305:537-539 (1983)). Debido a la variedad aleatoria de cadenas pesadas y ligeras de inmunoglobulina, estos
 50 hibridomas (cuadromas) producen una mezcla potencial de 10 moléculas de anticuerpos diferentes, de las cuales sólo una tiene la estructura biespecífica correcta. La purificación de la molécula correcta, que se realiza habitualmente mediante etapas de cromatografía de afinidad, es bastante incómoda y los rendimientos de producto son bajos. En WO 93/08829 y en Trauneker et al., *EMBO J.*, 10:3655-3659 (1991) se describen procesos similares.

55 **[0135]** Según una estrategia diferente, los dominios variables de anticuerpos con las especificidades de unión deseadas (sitios de combinación anticuerpo-antígeno) se fusionan a secuencias del dominio constante de inmunoglobulina. La fusión se produce preferiblemente con un dominio constante de cadena pesada de la inmunoglobulina, que comprende por lo menos parte de las regiones bisagra, C_H2 y C_H3. Se prefiere que la primera región constante de cadena pesada (C_H1) contenga el sitio necesario para la unión a cadena ligera, presente en por lo menos una de las fusiones. Los ADNs que codifican las fusiones de la cadena pesada de inmunoglobulina y, si se desea, la cadena ligera de inmunoglobulina, se insertan en vectores de expresión separados y se cotransfectan en
 60

una célula huésped adecuada. Esto proporciona una mayor flexibilidad en el ajuste de las proporciones mutuas de los tres fragmentos de polipéptido en realizaciones cuando las proporciones desiguales de las tres cadenas de polipéptido utilizadas en la construcción proporcionan el rendimiento óptimo del anticuerpo biespecífico deseado. Sin embargo, es posible insertar las secuencias codificantes de dos o las tres cadenas de polipéptido en un único vector de expresión cuando la expresión de por lo menos dos cadenas de polipéptido en proporciones iguales da lugar a rendimientos elevados o cuando las proporciones no tienen un efecto significativo en el rendimiento de la combinación de cadenas deseadas.

5 [0136] En una realización preferida de esta estrategia, los anticuerpos biespecíficos están compuestos de una cadena pesada de inmunoglobulina híbrida con una primera especificidad de unión en un brazo, y una pareja de
10 cadena pesada-cadena ligera de inmunoglobulina híbrida (que proporciona una segunda especificidad de unión) en el otro brazo. Se observó que esta estructura asimétrica facilita la separación del compuesto biespecífico deseado de combinaciones de cadenas de inmunoglobulinas no deseadas, ya que la presencia de una cadena ligera de
15 inmunoglobulina en sólo una mitad de la molécula biespecífica proporciona una manera sencilla de separación. Esta estrategia se describe en WO 94/04690. Para más detalles sobre la generación de anticuerpos biespecíficos véase, por ejemplo, Suresh et al., *Methods in Enzymology* 121:210 (1986).

[0137] Según otra estrategia descrita en la Patente de Estados Unidos No. 5.731.168, se puede diseñar la interfase entre una pareja de moléculas de anticuerpos para maximizar el porcentaje de heterodímeros que se recuperan de
20 cultivos de células recombinantes. La interfase preferida comprende por lo menos una parte del dominio C_H3. En este método, una o más cadenas laterales de aminoácidos pequeños de la interfase de la primera molécula de anticuerpo se sustituyen por cadenas laterales más grandes (por ejemplo, tirosina o triptófano). Se crean "cavidades" compensatorias de tamaño idéntico o similar a la cadena o cadenas laterales grandes en la interfase de la segunda
25 molécula de anticuerpo mediante la sustitución de cadenas laterales de aminoácidos grandes por más pequeñas (por ejemplo, alanina o treonina). Esto proporciona un mecanismo para aumentar el rendimiento del heterodímero sobre otros productos finales no deseados, tales como homodímeros.

[0138] Entre los anticuerpos biespecíficos se incluyen anticuerpos reticulados o "heteroconjugados". Por ejemplo, uno de los anticuerpos en el heteroconjugado se puede acoplar a avidina, y el otro a biotina. Dichos anticuerpos se
30 han propuesto, por ejemplo, para dirigir las células del sistema inmune a células no deseadas (Patente de Estados Unidos No. 4.676.980) y para el tratamiento de la infección por VIH (WO 91/00360, WO 92/200373 y EP 03089). Los anticuerpos heteroconjugados se pueden fabricar utilizando cualquier método de reticulación conveniente. Los agentes de reticulación adecuados son bien conocidos en la técnica y se describen en la Patente de Estados Unidos No. 4.676.980 junto con un grupo de técnicas de reticulación.

[0139] Las técnicas para generar anticuerpos biespecíficos a partir de fragmentos de anticuerpos también se han descrito en la literatura. Por ejemplo, se pueden preparar anticuerpos biespecíficos utilizando enlaces químicos. Brennan et al., *Science*, 229: 81 (1985) describen un procedimiento en el que anticuerpos intactos se descomponen
35 proteolíticamente para generar fragmentos F(ab')₂. Estos fragmentos se reducen en presencia del agente complejante de ditiol, arsenito sódico, para estabilizar los ditioles vecinales y evitar la formación de enlaces disulfuro intermoleculares. A continuación, los fragmentos Fab' generados se convierten en derivados de tionitrobenzoato (TNB). Uno de los derivados de Fab'-TNB se reconvierte a continuación en Fab'-tiol mediante la reducción con mercaptoetilamina y se mezcla con una cantidad equimolar del otro derivado de Fab'-TNB para formar el anticuerpo biespecífico. Los anticuerpos biespecíficos producidos se pueden utilizar como agentes para la inmovilización
40 selectiva de enzimas.

[0140] El reciente progreso ha facilitado la recuperación directa de fragmentos Fab'-SH de *E. coli*, que se pueden acoplar químicamente para formar anticuerpos biespecíficos. Shalaby et al., *J. Exp. Med*, 175: 217-225 (1992) describen la producción de una molécula de anticuerpo biespecífico F(ab')₂ completamente humanizado. Cada
50 fragmento de Fab' se secretó por separado de *E. coli* y se sometió a un acoplamiento químico dirigido *in vitro* para formar el anticuerpo biespecífico. El anticuerpo biespecífico formado de esta manera era capaz de unirse a células que sobreexpresaban el receptor ErbB2 y células T humanas normales, así como de desencadenar la actividad lítica de linfocitos citotóxicos humanos contra dianas de tumores de mama humanos.

[0141] Se han descrito también varias técnicas para fabricar y aislar fragmentos de anticuerpos biespecíficos directamente de cultivos de células recombinantes. Por ejemplo, se han producido anticuerpos biespecíficos utilizando cremalleras de leucina. Kostelny et al., *J. Immunol.* 148(5): 1547-1553 (1992). Los péptidos cremallera de leucina de las proteínas Fos y Jun se unieron a las partes de Fab' de dos anticuerpos diferentes mediante fusión
55 génica. Los homodímeros de anticuerpos se redujeron en la región bisagra para formar monómeros y, a continuación, se reoxidaron para formar los heterodímeros de anticuerpos. Este procedimiento también se puede utilizar para la producción de homodímeros de anticuerpos. La tecnología de "diabody" descrita por Hollinger et al.,
60

Proc. Natl. Acad. Sci. USA 90: 6444-6448 (1993) ha proporcionado un mecanismo alternativo para fabricar fragmentos de anticuerpos biespecíficos. Los fragmentos comprenden un V_H conectado a un V_L mediante un enlazador que es demasiado corto para permitir el emparejamiento entre los dos dominios en la misma cadena. Por consiguiente, los dominios V_H y V_L de un fragmento se fuerzan a emparejarse con los dominios V_L y V_H complementarios de otro fragmento, formando así dos sitios de unión a antígeno. También se ha descrito otra estrategia para fabricar fragmentos de anticuerpos biespecíficos mediante la utilización de dímeros de Fv de cadena sencilla (sFv). Véase Gruber et al., *J. Immunol.*, 152:5368 (1994).

[0142] Se consideran los anticuerpos con más de dos valencias. Por ejemplo, se pueden preparar anticuerpos triespecíficos. Tutt et al., *J. Immunol.* 147:60 (1991).

6. Anticuerpos heteroconjugados

[0143] Los anticuerpos heteroconjugados también se encuentran dentro del alcance de la presente invención. Los anticuerpos heteroconjugados están compuestos de dos anticuerpos unidos covalentemente. Dichos anticuerpos se han propuesto, por ejemplo, para dirigir células del sistema inmune a células no deseadas [Patente de Estados Unidos No. 4.676.980] y para el tratamiento de la infección por VIH [WO 91/00360: WO 92/200373; EP 03089]. Se contempla que los anticuerpos se pueden preparar *in vitro* utilizando procedimientos conocidos en la química sintética de proteínas, incluyendo los que implican agentes de reticulación. Por ejemplo, las inmunotoxinas se pueden construir utilizando una reacción de intercambio de disulfuro o mediante la formación de un enlace tioéter. Entre los ejemplos de reactivos adecuados para este objetivo se incluyen el iminotiolato y metil-4-mercaptobutirimidato y los descritos, por ejemplo, en la Patente de Estados Unidos No. 4.676.980.

7. Anticuerpos multivalentes

[0144] Un anticuerpo multivalente se puede internalizar (y/o catabolizar) más rápido que un anticuerpo bivalente por una célula que expresa un antígeno al que se unen los anticuerpos. Los anticuerpos de la presente invención pueden ser anticuerpos multivalentes (que son diferentes de los de la clase IgM) con tres o más sitios de unión a antígeno (por ejemplo, anticuerpos tetravalentes), que se pueden producir fácilmente mediante expresión recombinante de ácido nucleico que codifica las cadenas polipeptídicas del anticuerpo. El anticuerpo multivalente puede comprender un dominio de dimerización y tres o más sitios de unión a antígeno. El dominio de dimerización preferido comprende (o consiste en) una región Fc o una región bisagra. En este escenario, el anticuerpo comprenderá una región Fc y tres o más sitios de unión a antígeno amino terminales a la región Fc. El anticuerpo multivalente preferido de la presente invención comprende (o consiste en) tres a aproximadamente ocho, pero preferiblemente cuatro, sitios de unión a antígeno. El anticuerpo multivalente comprende por lo menos una cadena polipeptídica (y preferiblemente dos cadenas polipeptídicas), donde la cadena o cadenas polipeptídicas comprenden dos o más dominios variables. Por ejemplo, la cadena o cadenas polipeptídicas pueden comprender VD1-(X1)n-VD2-(X2)n-Fc, donde VD1 es un primer dominio variable, VD2 es un segundo dominio variable, Fc es una cadena polipeptídica de una región Fc, X1 y X2 representan un aminoácido o un polipéptido, y n es 0 ó 1. Por ejemplo, la cadena o cadenas polipeptídicas pueden comprender: VH-CH1-enlazador flexible-VH-CH1-cadena de región Fc; o VH-CH1-VH-CH1-cadena de región Fc. El anticuerpo multivalente de la presente invención comprende preferiblemente además por lo menos dos (y preferiblemente cuatro) polipéptidos del dominio variable de cadena ligera. El anticuerpo multivalente de la presente invención puede comprender, por ejemplo, de aproximadamente dos a aproximadamente ocho polipéptidos del dominio variable de cadena ligera. Los polipéptidos del dominio variable de cadena ligera contemplados aquí comprenden un dominio variable de cadena ligera y, opcionalmente, además, comprenden un dominio CL.

8. Diseño de la función efectora

[0145] Se puede desear modificar el anticuerpo de la presente invención con respecto a la función efectora, por ejemplo, con el fin de aumentar la citotoxicidad mediada por célula dependiente de antígeno (ADCC) y/o citotoxicidad dependiente de complemento (CDC) del anticuerpo. Esto se puede conseguir mediante la introducción de una o más sustituciones de aminoácidos en una región Fc del anticuerpo. Alternativamente o adicionalmente, el residuo o residuos de cisteínas se pueden introducir en la región Fc, permitiendo de esta manera la formación de enlaces disulfuro entre cadenas en esta región. El anticuerpo homodimérico generado de esta manera puede mejorar la capacidad de internalización y/o incrementar la citólisis mediada por el complemento y la citotoxicidad celular dependiente del anticuerpo (ADCC). Véase Caron et al., *J. Exp. Med.*, 176: 1191-1195 (1992) y Shopes, *J. Immunol.*, 148: 2918-2922 (1992). Los anticuerpos homodiméricos con una actividad anti-tumoral aumentada también se pueden preparar utilizando entrecruzadores heterobifuncionales tal y como se describe en Wolf et al. *Cancer Research*, 53: 2560-2565 (1993). Alternativamente, se puede diseñar un anticuerpo para que tenga regiones Fc duales y, de esta manera, pueda aumentar la lisis por complemento y las capacidades de ADCC. Véase,

Stevenson et al., *Anti-Cancer Drug Design*, 3:219-230 (1989). Para aumentar la vida media en suero del anticuerpo, se puede incorporar un epítipo de unión al receptor salvaje en el anticuerpo (especialmente un fragmento de anticuerpo) tal como se describe en la Patente de Estados Unidos 5,739,277, por ejemplo. Tal como se utiliza aquí, el término "epítipo de unión al receptor salvaje" se refiere a un epítipo de la región Fc de una molécula IgG (por ejemplo, IgG₁, IgG₂, IgG₃ o IgG₄) que es responsable del incremento de la vida media en suero *in vivo* de la molécula IgG.

9. Inmunoconjugados

- 10 **[0146]** La presente invención también se refiere a inmunoconjugados que comprenden un anticuerpo conjugado a un agente citotóxico, tal como un agente quimioterapéutico, un agente inhibidor del crecimiento, una toxina (por ejemplo, una toxina enzimáticamente activa de origen bacteriano, fúngico, vegetal o animal, o fragmentos de la misma), o un isótopo radioactivo (es decir, un radioconjugado).
- 15 **[0147]** Anteriormente se han descrito agentes quimioterapéuticos útiles para la generación de dichos inmunoconjugados. Entre las toxinas enzimáticamente activas y fragmentos de las mismas que se pueden utilizar se incluyen la cadena A de difteria, fragmentos activos no enlazantes de la toxina de difteria, cadena A de exotoxina (de *Pseudomonas aeruginosa*), cadena A de ricina, cadena A de abrina, cadena A de modeccina, alfa-sarcina, proteínas de *Aleurites fordii*, proteínas de diantina, proteínas de *Phytolaca americana* (PAPI, PAPII, y PAP-S), inhibidor de momordica charantia, curcina, crotina, inhibidor de sapaonaria officinalis, gelonina, mitogelina, restrictocina, fenomicina, enomicina, y los tricotecenos. Existe un conjunto de radionucleidos disponibles para la producción de anticuerpos radioconjugados. Algunos ejemplos son ²¹²Bi, ¹³¹I, ¹³¹In, ⁹⁰Y y ¹⁸⁶Re. Los conjugados del anticuerpo y el agente citotóxico se fabrican utilizando un conjunto de agentes bifuncionales acopladores de proteínas, tales como N-succinimidil-3-(2-piridilditiol)propionato (SPDP), iminotiolano (IT), derivados bifuncionales de imidoésteres (tales como dimetil adipimidato HCl), ésteres activos (tales como disuccinimidil suberato), aldehídos (tales como glutaraldehído), compuestos bis-azido (tales como bis(p-azidobenzoil)hexanodiamina), derivados de bis-diazonio (tales como bis-(p-diazoniobenzoil)-etilendiamina), diisocianatos (tales como toluen 2,6-diisocianato) y compuestos de flúor bis-activos (tales como 1,5-difluoro-2,4-dinitrobenzeno). Por ejemplo, se puede preparar una inmunotoxina de ricina tal y como se describe en Vitella *et al.*, *Science*, 238: 1098 (1987). El ácido 1-isotiocianatobencil-3-metildietilen triaminopentaacético (MX-DTPA) marcado con carbono 14 es un ejemplo de agente quelante para la conjugación de radionucleótidos al anticuerpo. Véase WO94/11026.

25 **[0148]** También se contemplan en la presente invención conjugados de un anticuerpo y una o más toxinas de molécula pequeña, tales como caliqueamicina, maitansinoides, un tricoteno y CC1065 y los derivados de estas
35 toxinas que tiene actividad de toxina.

Maitansina y maitansinoides

40 **[0149]** En una realización preferida, se conjuga un anticuerpo anti-TASK (longitud completa o fragmentos) de la presente invención a una o más moléculas maitansinoides.

45 **[0150]** Los maitansinoides son inhibidores mitotóticos que actúan inhibiendo la polimerización de tubulina. La maitansina se aisló por primera vez del arbusto *Maytenus serrata* del África del este (Patente de Estados Unidos No. 3,896,111). Posteriormente, se descubrió que ciertos microbios también producen maitansinoides, tales como maitansinol y ésteres de C-3 maitansinol (Patente de Estados Unidos No. (4,151,042). El maitansinol sintético y derivados y análogos del mismo se describen, por ejemplo, en las Patentes de Estados Unidos Nos. 4,137,230; 4,248,870; 4,256,746; 4,260,608; 4,265,814; 4,294,757; 4,307,016; 4,308,268; 4,308,269; 4,309,428; 4,313,946; 4,315,929; 4,317,821; 4,322,348; 4,331,598; 4,361,650; 4,364,866; 4,424,219; 4,450,254; 4,362,663; y 4,371,533.

50 Conjugados maitansinoide-anticuerpo

[0151] En un intento por mejorar su índice terapéutico, la maitansina y los maitansinoides se han conjugado a anticuerpos que se unen específicamente a antígenos de células tumorales. Los inmunoconjugados que contienen maitansinoides y su uso terapéutico se describen, por ejemplo, en las Patentes de Estados Unidos Nos. 5,208,020, 55 5,416,064 y la Patente Europea EP 0 425 235 B1. Liu et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 93: 8618-8623 (1996) describieron inmunoconjugados que comprenden un maitansinoide designado como DM1 unido al anticuerpo monoclonal C242 dirigido contra el cáncer colorectal humano. Se observó que el conjugado era altamente citotóxico hacia las células del cáncer de colon cultivadas y mostró actividad antitumoral en un ensayo de crecimiento de tumores *in vivo*. Chari et al., Cancer Research 52: 127-131 (1992) describen inmunoconjugados en los que se
60 conjugó un maitansinoide a través de un enlace disulfuro al anticuerpo murino A7 que se une a un antígeno en

líneas celulares de cáncer de colon humano, o a otro anticuerpo monoclonal murino TA.1 que se une al oncogén HER-2/*neu*. La citotoxicidad del conjugado TA.1-maitansinoide se ensayó *in vitro* en la línea de células de cáncer de mama humano SK-BR-3, que expresa 3×10^5 antígenos de la superficie de HER-2 por célula. El fármaco conjugado consiguió un grado de citotoxicidad similar al del fármaco maitansinoide libre, que se podía incrementar mediante el
 5 incremento del número de moléculas de maitansinoide por molécula de anticuerpo. El conjugado A7-maitansinoide mostró una citotoxicidad sistémica baja en ratones.

Conjugados (inmunoconjugados) de anticuerpo anti-polipéptido TASK-maitansinoide

10 **[0152]** Los conjugados de anticuerpo anti-TASK-maitansinoide se preparan mediante la unión química de un anticuerpo anti-TASK a una molécula maitansinoide sin disminuir significativamente la actividad biológica del anticuerpo o la molécula maitansinoide. Un promedio de 3-4 moléculas de maitansinoide conjugadas por molécula de anticuerpo han mostrado eficacia en el aumento de la citotoxicidad de células diana sin afectar negativamente a la función o solubilidad del anticuerpo, aunque se esperaría que incluso una molécula de toxina/anticuerpo
 15 aumentara la citotoxicidad sobre el uso de anticuerpo desnudo. Los maitansinoides son bien conocidos en la técnica y se pueden sintetizar mediante técnicas conocidas o aislarse de fuentes naturales. Se describen maitansinoides adecuados, por ejemplo, en la Patente de Estados Unidos No. 5,208,020 y en las otras publicaciones de patente y no patente referidas anteriormente aquí. Los maitansinoides preferidos son maitansinol y análogos de maitansinol modificados en el anillo aromático o en otras posiciones de la molécula de maitansinol, tales como varios ésteres de
 20 maitansinol.

[0153] Existen muchos grupos enlazadores conocidos en la técnica para fabricar conjugados anticuerpo-maitansinoide, incluyendo, por ejemplo, los descritos en la Patente de Estados Unidos No. 5,208,020 o Patente EP 0 425 235 B1, y Chari et al., *Cancer Research* 52: 127-131 (1992). Los grupos enlazadores incluyen grupos disulfuro,
 25 grupos tioéter, grupos lábiles ácidos, grupos fotolábiles, grupos lábiles peptidasa o grupos lábiles esterasa, tal como se describe en las patentes identificadas anteriormente, siendo preferidos los grupos disulfuro y tioéter.

[0154] Los conjugados del anticuerpo y el maitansinoide se pueden fabricar utilizando una variedad de agentes de acoplamiento de proteínas bifuncionales, tales como N-succinimidil-3-(2-piridilditio) propionato (SPDP), succinimidil-
 30 4-(N-maleimidometil) ciclohexano-1-carboxilato, iminotiolano (IT), derivados bifuncionales de imidoésteres (tales como, dimetil adipimidato HCl), ésteres activos (tales como disuccinimidil suberato), aldehídos (tales como glutaraldehído), compuestos bis-azido (tales como bis (p-azidobenzoil) hexanodiamina), derivados de bis-diazonio (tales como, bis-(p-diazoniobenzoil)-etilendiamina), diisocianatos (tales como toluen 2,6-diisocianato), y compuestos de flúor bis-activos (tales como 1,5-difluoro-2,4-dinitrobenzeno). Los agentes de acoplamiento particularmente
 35 preferidos incluyen N-succinimidil-3-(2-piridilditio) propionato (SPDP) (Carlsson et al., *Biochem. J.* 173: 723-737 [1978]), y N-succinimidil-4-(2-piridilil)pentanoato (SPP) para proporcionar un enlace disulfuro.

[0155] El enlazador se puede unir a la molécula de maitansinoide en varias posiciones, dependiendo del tipo de enlace. Por ejemplo, un enlace éster puede estar formado por la reacción con un grupo hidroxilo utilizando técnicas de acoplamiento convencionales. La reacción puede tener lugar en la posición C-3 que tiene un grupo hidroxilo, la
 40 posición C-14 modificada con hidroximetilo, la posición C-15 modificada con un grupo hidroxilo, y la posición C-20 que tiene un grupo hidroxilo. En una realización preferida, el enlace se forma en la posición C-3 de maitansinol o un análogo de maitansinol.

45 Caliqueamicina

[0156] Otro inmunoconjugado de interés comprende un anticuerpo anti-TASK conjugado a una o más moléculas de caliqueamicina. La familia de antibióticos de caliqueamicina es capaz de producir roturas de ADN de doble cadena a concentraciones subpicomolares. Para la preparación de conjugados de la familia de caliqueamicina, véase las
 50 Patentes de Estados Unidos Nos. 5,712,374; 5,714,586; 5,739,116; 5,767,285; 5,770,701; 5,770,710; 5,773,001; y 5,877,296 (todas de la American Cyanamid Company). Entre los análogos estructurales de caliqueamicina que se pueden utilizar se incluyen, pero sin limitación, γ_1^1 , α_2^1 , α_3^1 , N-acetil- γ_1^1 , PSAG, y θ_1^1 (Hinman et al, *CancerRes* 53: 3336-3342 (1993); Lode et al., *Cancer Research* 58: 2925-2928 (1998) y las patentes de Estados Unidos mencionadas anteriormente de American Cyanamid). Otro fármaco antitumoral al que el anticuerpo se puede
 55 conjugar es QFA, un antifolato. Tanto la caliqueamicina como QFA tienen sitios intracelulares de acción y no atraviesan fácilmente la membrana plasmática. Por lo tanto, la captación celular de estos agentes a través de la internalización mediada por anticuerpos aumenta ampliamente sus efectos citotóxicos.

Otros agentes citotóxicos

- [0157]** Otros agentes antitumorales que se pueden conjugar a los anticuerpos anti-TASK de la presente invención incluyen BCNU, estreptoicina, vincristina y 5-fluorouracilo, la familia de agentes conocida colectivamente como complejo LL-E33288 descrita en las Patentes de Estados Unidos Nos. 5,053,394, 5,770,710, así como esperamicinas (patente de Estados Unidos 5,877,296).
- [0158]** Entre las toxinas enzimáticamente activas y fragmentos de las mismas que se pueden utilizar se incluyen la cadena A de difteria, fragmentos activos no enlazantes de toxina de difteria, cadena A de exotoxina (de *Pseudomonas aeruginosa*), cadena A de ricina, cadena A de abrina, cadena A de modeccina, alfa-sarcina, proteínas de *Aleurites fordii*, proteínas de diantina, proteínas de *Phytolaca americana* (PAPI, PAPII, y PAPS), inhibidor de momordica charantia, curcina, crotina, inhibidor de sapaonaria officinalis, gelonina, mitogelina, restrictocina, fenomicina, enomicina, y los tricotecenos. Véase, por ejemplo, WO 93/21232 publicada el 28 de octubre de 1993.
- [0159]** La presente invención contempla además un inmunoconjugado formado entre un anticuerpo y un compuesto con actividad nucleolítica (por ejemplo, una ribonucleasa o una ADN endonucleasa, tal como una desorribonucleasa; ADNasa).
- [0160]** Para la destrucción selectiva del tumor, el anticuerpo puede comprender un átomo altamente radioactivo. Existe un conjunto de isótopos radioactivos disponibles para la producción de anticuerpos anti-TASK radioconjugados. Algunos ejemplos incluyen At^{211} , I^{131} , I^{125} , Y^{90} , Re^{186} , Re^{188} , Sm^{153} , Bi^{212} , P^{32} , Pb^{212} e isótopos radioactivos de Lu. Cuando se utiliza el conjugado para el diagnóstico, puede comprender un átomo radioactivo para estudios centellográficos, por ejemplo Tc^{99m} o I^{123} , o un marcador de spin para la obtención de imágenes por resonancia magnética nuclear (RMN) (también conocida como imagen por resonancia magnética, mri), tal como yodo-123, de nuevo, yodo-131, indio-111, fluor-19, carbono-13, nitrógeno-15, oxígeno-17, gadolinio, manganeso o hierro.
- [0161]** Los radiomarcadores u otros marcadores se pueden incorporar en el conjugado de varias maneras conocidas. Por ejemplo, el péptido se puede biosintetizar o se puede sintetizar mediante la síntesis química de aminoácidos utilizando precursores de aminoácidos adecuados que implican, por ejemplo, fluor-19 en lugar de hidrógeno. Los marcadores, tales como, Tc^{99m} o I^{123} , Re^{186} , Re^{188} e In^{111} se pueden unir mediante un residuo de cisteína en el péptido. El ytrio-90 se puede unir mediante un residuo de lisina. El método de IODOGEN (Fraker et al (1978) Biochem. Biophys. Res. Commun. 80:49-57) se puede utilizar para incorporar yodo-123. "Monoclonal antibodies in Immunoscintigraphy" (Chatal, CRC Press 1989) describe otros métodos en detalle.
- [0162]** Los conjugados del anticuerpo y el agente citotóxico se pueden fabricar utilizando un conjunto de agentes bifuncionales acopladores de proteínas, tales como N-succinimidil-3-(2-piridilditiol)propionato (SPDP), succinimidil-4-(N-maleimidometil)-ciclohexano-1-carboxilato, iminotiolano (IT), derivados bifuncionales de imidoésteres (tales como dimetil adipimidato HCl), ésteres activos (tales como disuccinimidil suberato), aldehídos (tales como glutaraldehído), compuestos bis-azido (tales como bis(p-azidobenzoil)hexanodiamina), derivados de bis-diazonio (tales como bis-(p-diazoniobenzoil)-etilendiamina), diisocianatos (tales como toluen 2,6-diisocianato) y compuestos de flúor bis-activos (tales como 1,5-difluoro-2,4-dinitrobenzoceno). Por ejemplo, se puede preparar una inmunotoxina de ricina tal y como se describe en Vitetta et al., Science, 238: 1098 (1987). El ácido 1-isotiocianatobencil-3-metildietil triaminopentaacético (MX-DTPA) marcado con carbono 14 es un ejemplo de agente quelante para la conjugación de radionucleótidos al anticuerpo. Véase WO94/11026. El enlazador puede ser un "enlazador separable" que facilita la liberación del fármaco citotóxico en la célula. Por ejemplo, se puede utilizar un enlazador lábil en ácido, un enlazador sensible a peptidasa, un enlazador fotolábil, un enlazador dimetilo o un enlazador que contiene disulfuro (Chari et al. Cancer Research 52: 127-131 [1992]; Patente de Estados Unidos No. 5,208,020).
- [0163]** Alternativamente, se puede fabricar una proteína de fusión que comprende el anticuerpo anti-TASK y agente citotóxico, por ejemplo, mediante técnicas recombinantes o síntesis de péptidos. La longitud del ADN puede comprender regiones respectivas que codifican las dos partes del conjugado ya sea adyacentes entre sí o separadas por una región que codifica un péptido enlazador que no destruye las propiedades deseadas del conjugado.
- [0164]** En otra realización, el anticuerpo se puede conjugar a un "receptor" (tal como estreptavidina) para su utilización en el pre-reconocimiento de tumores donde se administra el conjugado anticuerpo-receptor al paciente, seguido de la extracción del conjugado no unido de la circulación utilizando un agente depurador y, a continuación, la administración de un "ligando" (por ejemplo, avidina) que se conjuga a un agente citotóxico (por ejemplo, un radionucleido).

10. Inmunoliposomas

[0165] Los anticuerpos anti-TASK descritos en la presente invención también se pueden formular como inmunoliposomas. Un "liposoma" es una vesícula pequeña compuesta de varios tipos de lípidos, fosfolípidos y/o tensoactivo que es útil para la liberación de un fármaco a un mamífero. Los componentes del liposoma están dispuestos habitualmente en una formación de bicapa, similar a la disposición de los lípidos de las membranas biológicas. Los liposomas que contienen el anticuerpo se preparan mediante métodos conocidos en la técnica, tales como los descritos en Epstein et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 82: 3688 (1985); Hwang et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 77: 4030 (1980); Pat. de Estados Unidos Nos. 4.485.045 y 4.544.545; y WO97/38731 publicada el 23 de octubre de 1997. Liposomas con mayor tiempo de circulación se describen en la Patente de Estados Unidos No. 5.013.556.

[0166] Se pueden generar liposomas particularmente útiles mediante el método de evaporación de fase inversa con una composición de lípidos que comprende fosfatidilcolina, colesterol y fosfatidiletanolamina derivatizada con PEG (PEG-PE). Los liposomas se extruyen a través de filtros de tamaño de poro definido para producir liposomas con el diámetro deseado. Los fragmentos Fab' del anticuerpo de la presente solicitud se pueden conjugar con los liposomas tal como se describe en Martin et al. J. Biol. Chem. 257: 286-288 (1982) a través de una reacción de intercambio de disulfuro. En el liposoma está contenido opcionalmente un agente quimioterapéutico. Véase Gabizon et al. J. National Cancer Inst. 81(19) 1484 (1989).

20

B. Oligopéptidos de unión a TASK

[0167] Los oligopéptidos de unión a TASK son oligopéptidos que se unen, preferiblemente específicamente, a un polipéptido TASK tal como se describe aquí. Los oligopéptidos de unión a TASK se pueden sintetizar químicamente utilizando la metodología de síntesis de oligopéptidos conocida o se pueden preparar y purificar utilizando tecnología recombinante. Los oligopéptidos de unión a TASK tienen habitualmente por lo menos aproximadamente 5 aminoácidos de longitud, alternativamente por lo menos aproximadamente 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, ó 100 aminoácidos de longitud o más, donde dichos oligopéptidos son capaces de unirse, preferiblemente específicamente, a un polipéptido TASK tal como se describe aquí. Los oligopéptidos de unión a TASK se pueden identificar sin una gran experimentación utilizando técnicas conocidas. En este aspecto, cabe indicar que las técnicas para cribar bibliotecas de oligopéptidos para oligopéptidos que son capaces de unirse específicamente a un polipéptido diana son bien conocidas en la técnica (véase, por ejemplo, las patentes de Estados Unidos Nos. 5,556,762, 5,750,373, 4,708,871, 4,833,092, 5,223,409, 5,403,484, 5,571,689, 5,663,143; Publicación PCT Nos. WO 84/03506 y WO84/03564; Geysen et al., Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A., 81: 3998-4002 (1984); Geysen et al., Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A., 82: 178-182 (1985); Geysen et al., in Synthetic Peptides as Antigens, 130-149 (1986); Geysen et al., J. Immunol. Meth., 102: 259-274 (1987); Schoofs et al., J. Immunol., 140: 611-616 (1988), Cwirla, S. E. et al. (1990) Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 87: 6378; Lowman, H.B. et al. (1991) Biochemistry, 30: 10832; Clackson, T. et al. (1991) Nature, 352: 624; Marks, J. D. et al. (1991), J. Mol. Biol., 222: 581; Kang, A.S. et al. (1991) Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 88: 8363, y Smith, G. P. (1991) Current Opin, Biotechnol., 2: 668).

[0168] En este aspecto, la expresión en bacteriófagos (fagos) es una técnica bien conocida que permite cribar bibliotecas grandes de oligopéptidos para identificar el miembro o miembros de estas bibliotecas que son capaces de unirse específicamente a un polipéptido diana. La expresión en fago es una técnica por la cual se expresan variantes de polipéptidos como proteínas de fusión a la proteína de recubrimiento en la superficie de partículas de bacteriófagos (Scott, J.K. y Smith, G. P. (1990) Science, 249: 386). La utilidad de la expresión en fagos radica en el hecho de que grandes bibliotecas de variantes de proteínas seleccionadas al azar (o ADNcs clonados al azar) se pueden separar rápida y eficazmente en las secuencias que se unen a una molécula diana con gran afinidad. La expresión de bibliotecas de péptidos (Cwirla, S. E. et al. (1990) Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 87: 6378) o proteínas (Lowman, H.B. et al. (1991) Biochemistry, 30: 10832; Clackson, T. et al. (1991) Nature, 352: 624; Marks, J. D. et al. (1991), J. Mol. Biol., 222: 581; Kang, A.S. et al. (1991) Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 88: 8363) en fagos se ha utilizado para cribar millones de polipéptidos u oligopéptidos en aquellos con propiedades de unión específicas (Smith, G. P. (1991) Current Opin. Biotechnol., 2: 668). La separación de la bibliotecas en fagos de mutantes aleatorios requiere una estrategia para construir y propagar un gran número de variantes, un procedimiento para la purificación por afinidad utilizando el receptor diana, y un medio de evaluación de los resultados de enriquecimientos de unión. Patentes de Estados Unidos nos. 5,223,409, 5,403,484, 5,571,689, y 5,663,143.

[0169] Aunque la mayoría de métodos de expresión en fago han utilizado sistemas de expresión en fago filamentoso, también son conocidos los sistemas de expresión en fago lamboide (WO 95/34683; U.S. 5,627,024),

sistema de expresión en fago T4 (Ren et al., Gene, 215: 439; Zhu Z. (1997), CAN 33: 534; Jiang J. et al. (1997), can 128:44380; Ren Z-J et al. (1997) CAN 127:215644; Ren, Z-J. (1996) Protein Sci., 5: 1833; Efimov, V.P. et al. (1995), Virus Genes, 10: 173) y sistemas de expresión en fago T7 (Smith, G.P. y Scott, J.K. (1993) Methods in Enzymology, 217: 228-257 (1993); U.S. 5,766,905).

5

[0170] Actualmente se han desarrollado muchas otras mejoras y variaciones del concepto básico de expresión en fagos. Estas mejoras aumentan la capacidad de los sistemas de expresión para cribar bibliotecas de péptidos para unirse a moléculas diana seleccionadas y para expresar proteínas funcionales con el potencial de cribar estas proteínas por las propiedades deseadas. Se han desarrollado dispositivos de reacción combinatoria para las reacciones de expresión en fagos (WO 98/14277) y se han utilizado bibliotecas de expresión en fagos para analizar y controlar interacciones bimoleculares (WO 98/20169; WO 98/20159) y propiedades de péptidos helicoidales obligados (WO 98/20036). WO 97/35196 describe un método para aislar un ligando de afinidad en el que se pone en contacto una biblioteca de expresión en fagos con una solución en la que el ligando se unirá a una molécula diana y una segunda solución en la que el ligando de afinidad no se unirá a la molécula diana, para aislar selectivamente los ligandos de unión. WO 97/46251 describe un método para la bioadsorción ("biopanning") de una biblioteca de expresión en fagos aleatoria con un anticuerpo purificado por afinidad y a continuación el aislamiento del fago de unión, seguido de un proceso de microadsorción ("micropanning") utilizando pocillos de microplacas para aislar el fago de unión con afinidad elevada. También se ha descrito el uso de proteína A de *Staphylococcus aureus* como etiqueta de afinidad (Li et al. (1998) Mol Biotech., 9: 187). WO 97/47314 describe el uso de bibliotecas de sustracción de sustrato para distinguir las especificidades de enzima utilizando una biblioteca combinatoria que puede ser una biblioteca de expresión en fagos. En WO 97/094446 se describe un método para seleccionar enzimas adecuadas para su uso en detergentes utilizando la expresión en fagos. Métodos adicionales de selección de proteínas de unión específica se describen en las Patentes de Estados Unidos Nos. 5,498,538,5,432,018, y WO 98/15833.

25

[0171] Los métodos de generación de bibliotecas de péptidos y cribado de estas bibliotecas también se describen en las Patentes de Estados Unidos Nos. 5,723,286, 5,432,018, 5,580,717, 5,427,908, 5,498,530, 5,770,434, 5,734,018, 5,698,426, 5,763,192, y 5,723,323.

30 C. Moléculas orgánicas de unión a TASK

[0172] Las moléculas orgánicas de unión a TASK son moléculas orgánicas diferentes de oligopéptidos o anticuerpos tal como se definen aquí, que se unen, preferiblemente específicamente, a un polipéptido TASK tal como se describe aquí. Las moléculas orgánicas de unión a TASK se pueden identificar y sintetizar químicamente utilizando metodología conocida (véase, por ejemplo, Publicación PCT Nos. WO00/00823 y WO00/39585). Las moléculas orgánicas de unión a TASK tienen habitualmente menos de aproximadamente 2000 daltons de tamaño, alternativamente menos de aproximadamente 1500, 750, 500, 250 ó 200 daltons de tamaño, donde dichas moléculas orgánicas que son capaces de unirse, preferiblemente específicamente, a un polipéptido tal como se describe aquí, se pueden identificar sin una gran experimentación utilizando técnicas conocidas. En este aspecto, cabe indicar que las técnicas para cribar bibliotecas de moléculas orgánicas en moléculas que son capaces de unirse a un polipéptido diana son conocidas en la técnica (véase, por ejemplo, la Publicación PCT Nos. WO00/00823 y WO00/39585). Las moléculas orgánicas de unión a TASK pueden ser, por ejemplo, aldehídos, cetonas, oximas, hidrazonas, semicarbazonas, carbazidas, aminas primarias, aminas secundarias, aminas terciarias, hidrazinas N-sustituidas, hidrazidas, alcoholes, éteres, tioles, tioéteres, disulfuros, ácidos carboxílicos, ésteres, amidas, ureas, carbamatos, carbonatos, cetales, tiocetales, acetales, haluros de arilo, sulfonatos de arilo, haluros de alquilo, sulfonatos de alquilo, compuestos aromáticos, compuestos heterocíclicos, anilinas, alquenos, alquinos, dioles, amino alcoholes, oxazolidinas, oxazolininas, tiazolidinas, tiazolininas, enaminas, sulfonamidas, epóxidos, aziridinas, isocianatos, cloruros de sulfonilo, compuestos diazo, cloruros de ácido o similares.

50 D. Cribado de anticuerpos anti-TASK, oligopéptidos de unión a TASK y moléculas orgánicas de unión a TASK con las propiedades deseadas.

[0173] Las técnicas para generar anticuerpos, oligopéptidos y moléculas orgánicas que se unen a polipéptidos TASK se han descrito anteriormente. Se pueden seleccionar además anticuerpos, oligopéptidos u otras moléculas orgánicas con ciertas características biológicas, según se desee.

[0174] Los efectos inhibidores del crecimiento de un anticuerpo anti-TASK, oligopéptido u otra molécula orgánica de la invención se pueden valorar mediante los métodos conocidos en la técnica, por ejemplo, utilizando células que expresan un polipéptido TASK endógenamente o tras la transfección con el gen de TASK. Por ejemplo, las líneas de células tumorales y las células transfectadas con TASK apropiadas se pueden tratar con un anticuerpo monoclonal anti-TASK, oligopéptido u otra molécula orgánica de la invención a varias concentraciones durante unos días (por

60

ejemplo, 2-7 días) y se pueden teñir con violeta cristal o MTT o analizarse mediante algún otro ensayo colorimétrico. Otro método de medición de la proliferación sería mediante la comparación de la captación de ³H-timidina por las células tratadas en presencia o ausencia de un anticuerpo anti-TASK, oligopéptido de unión a TASK o molécula orgánica de unión a TASK de la invención. Después del tratamiento, las células se recogen y se cuantifica la cantidad de radioactividad incorporada en el ADN en un contador de centelleo. Los controles positivos apropiados incluyen el tratamiento de una línea celular seleccionada con un anticuerpo inhibidor del crecimiento conocido por inhibidor el crecimiento de esa línea celular. La inhibición del crecimiento de las células tumorales *in vivo* se puede determinar de varias maneras conocidas en la técnica. Preferiblemente, la célula tumoral es la que sobreexpresa un polipéptido TASK. Preferiblemente, el anticuerpo anti-TASK, oligopéptido de unión a TASK o molécula orgánica de unión a TASK inhibirán la proliferación celular de una célula tumoral que expresa TASK *in vitro* o *in vivo* en aproximadamente 25-100% en comparación con la célula tumoral no tratada, más preferiblemente, en aproximadamente 30-100%, e incluso más preferiblemente en aproximadamente 50-100% ó 70-100%, en una realización, a una concentración de anticuerpo de aproximadamente 0,5 a 30 µg/ml. La inhibición del crecimiento se puede medir a una concentración de anticuerpo de aproximadamente 0,5 a 30 µg/ml o aproximadamente 0,5 nM a 200 nM en cultivo celular, donde la inhibición del crecimiento se determina 1-10 días después de la exposición de las células tumorales al anticuerpo. El anticuerpo es inhibidor del crecimiento *in vivo* si la administración del anticuerpo anti-TASK de aproximadamente 1 µg/kg a aproximadamente 100 mg/kg de peso corporal da lugar a la reducción del tamaño tumoral o la reducción de la proliferación de células tumorales dentro de aproximadamente 5 días a 3 meses desde la primera administración del anticuerpo, preferiblemente dentro de aproximadamente 5 a 30 días.

[0175] Para seleccionar un anticuerpo anti-TASK, oligopéptido de unión a TASK o molécula orgánica de unión a TASK que inducen la muerte celular, se pueden evaluar la pérdida de integridad de la membrana indicada mediante, por ejemplo, la captación de yoduro de propidio (PI), azul de tripano o 7AAD en relación al control. Se puede realizar un ensayo de captación de PI en ausencia de complemento y células efectoras inmunes. Las células tumorales que expresan el polipéptido TASK se incuban con medio solo o medio que contiene el anticuerpo anti-TASK (por ejemplo, a aproximadamente 10 µg/ml), un oligopéptido de unión a TASK o una molécula orgánica de unión a TASK apropiados. Las células se incuban durante un periodo de 3 días. Tras cada tratamiento, las células se lavan y se fraccionan en tubos 12 x 75 de tapón colador de 35 mm (1 ml por tubo, 3 tubos por grupo de tratamiento) para la extracción de grupos de células. A continuación, los tubos reciben PI (10 µg/ml). Las muestras se pueden analizar utilizando un citómetro de flujo FACSCAN® y el software FACSCONVERT® CellQuest (Becton Dickinson). Los anticuerpos anti-TASK, oligopéptidos de unión a TASK o moléculas de unión a TASK que inducen estadísticamente niveles significativos de la muerte celular determinada mediante la captación de PI se pueden seleccionar como anticuerpos anti-TASK, oligopéptidos de unión a TASK o moléculas orgánicas de unión a TASK inductoras de la muerte celular.

[0176] Para cribar anticuerpos, oligopéptidos u otras moléculas orgánicas que se unen a un epítipo en un polipéptido TASK unido por un anticuerpo de interés, se puede realizar un ensayo de bloqueo cruzado de rutina, tal como el descrito en *Antibodies, A Laboratory Manual*, Cold Spring Harbor Laboratory, Ed Harlow and David Lane (1988). Este ensayo se puede utilizar para determinar si un anticuerpo, oligopéptido u otra molécula orgánica de análisis se unen al mismo sitio o epítipo que un anticuerpo anti-TASK conocido. Alternativa o adicionalmente, la localización del epítipo se realiza mediante métodos conocidos en el sector. Por ejemplo, la secuencia del anticuerpo se puede mutagenizar mediante, por ejemplo, rastreo de alanina, para identificar residuos de contacto. El anticuerpo mutante se analiza inicialmente por su unión con anticuerpo policlonal para asegurar el pliegue correcto. En un método diferente, se pueden utilizar péptidos correspondientes a diferentes regiones de un polipéptido TASK en ensayos de competición con los anticuerpos de análisis o con un anticuerpo de análisis y un anticuerpo con un epítipo caracterizado o conocido.

E. Terapia de profármaco mediada por enzimas dependiente de anticuerpo (ADEPT)

[0177] Los anticuerpos de la presente invención también se pueden utilizar en ADEPT mediante la conjugación del anticuerpo a una enzima activadora de profármaco que convierte un profármaco (por ejemplo, un agente quimioterapéutico peptídico, véase WO 81/01145) en un fármaco anticanceroso activo. Véase, por ejemplo, WO 88/07378 y la Patente de Estados Unidos No. 4.975.278.

[0178] El componente enzimático del inmunocombinado útil para ADEPT incluye cualquier enzima capaz de actuar en un profármaco de manera que lo convierte en su forma citotóxica más activa.

[0179] Entre las enzimas que son útiles en el procedimiento de la presente invención se incluyen, pero no se limitan a, fosfatasa alcalina útil para convertir profármacos que contienen fosfato en fármacos libres; arilsulfatasa útil para convertir profármacos que contienen sulfato en fármacos libres; citosina desaminasa útil para convertir 5-fluorocitosina no tóxica en el fármaco anticanceroso, 5-fluorocitilo; proteasas, tales como serratia proteasa,

termolisina, subtilisina, carboxipeptidasas y catepsinas (tales como catepsinas B y L), que son útiles para convertir profármacos que contienen péptidos en fármacos libres; D-alanilcarboxipeptidasas, útiles para convertir profármacos que contienen sustituyentes de D-aminoácidos; enzimas que dividen los carbohidratos, tales como β -galactosidasa y neuraminidasa útiles para convertir profármacos glicosilados en fármacos libres; β -lactamasa útil para convertir fármacos derivatizados con β -lactamas en fármacos libres; y penicilin amidasa, tales como penicilin V amidasa o penicilin G amidasa, útiles para convertir fármacos derivatizados en sus nitrógenos amina con grupos fenoxiacetilo o fenilacetilo, respectivamente, en fármacos libres. Alternativamente, los anticuerpos con actividad enzimática, también conocidos en la técnica como "abzimas" se pueden utilizar para convertir los profármacos de la solicitud en fármacos activos libres (véase, por ejemplo, Massey *Nature* 328: 457-458 (1987)). Los conjugados anticuerpo-abzima se pueden preparar tal y como se ha descrito en la presente invención para la liberación de la abzima a una población de células tumorales.

[0180] Las enzimas de la presente invención se pueden unir covalentemente a los anticuerpos anti-TASK mediante técnicas bien conocidas en el sector, tales como la utilización de los reactivos de entrecruzamiento heterobifuncionales descritos anteriormente. Alternativamente, las proteínas de fusión que comprenden por lo menos la región de unión a antígeno de un anticuerpo de la invención unida a por lo menos una parte funcionalmente activa de una enzima de la invención se pueden construir utilizando técnicas de ADN recombinante bien conocidas en el sector (véase, por ejemplo, Neuberger et al., *Nature* 312: 604-608 (1984)).

20 F. Polipéptidos TASK de longitud completa

[0181] La presente invención también describe secuencias de nucleótidos recientemente identificadas y aisladas que codifican polipéptidos a los que se hace referencia en la presente solicitud como polipéptidos TASK. En particular, se han identificado y aislado los ADNc (parciales y de longitud completa) que codifican varios polipéptidos TASK, tal y como se describe con mayor detalle en los posteriores ejemplos.

[0182] Tal y como se describe en los Ejemplos posteriores, se han descrito varios clones de ADNc. Las secuencias de aminoácidos previstas se pueden determinar a partir de las secuencias de nucleótidos utilizando la técnica rutinaria. Para los polipéptidos TASK y los ácidos nucleicos codificantes descritos en la presente invención, en algunos casos, los solicitantes han identificado lo que se cree que son los mejores marcos de lectura identificables con la información de la secuencia disponible en el momento.

G. Variantes de anticuerpo anti-TASK y polipéptido TASK

[0183] Además de los anticuerpos anti-TASK y los polipéptidos TASK de secuencia nativa y de longitud completa descritos en la presente invención, se contempla que se pueden preparar variantes de anticuerpo anti-TASK y polipéptido TASK. Las variantes de anticuerpo anti-TASK y polipéptido TASK se pueden preparar introduciendo cambios de nucleótidos apropiados en el ADN codificante y/o mediante la síntesis del polipéptido o anticuerpo deseados. Los expertos en la materia entenderán que los cambios de aminoácidos pueden alterar los procesos post-traduccionales del anticuerpo anti-TASK o el polipéptido TASK, tales como el cambio del número o la posición de los sitios de glicosilación o la alteración de las características de anclamiento a la membrana.

[0184] Las variaciones en los anticuerpos anti-TASK y polipéptidos TASK descritos en la presente invención, se pueden realizar, por ejemplo, utilizando cualquiera de las técnicas y directrices para mutaciones conservativas y no conservativas establecidas, por ejemplo, en la Patente de Estados Unidos No. 5.364.934. Las variaciones pueden ser una sustitución, una eliminación o una inserción de uno o más codones que codifican el anticuerpo o el polipéptido que dan lugar a un cambio en la secuencia de aminoácidos en comparación con el anticuerpo o polipéptido de secuencia nativa. Opcionalmente, la variación es por sustitución de por lo menos un aminoácido por cualquier otro aminoácido en uno o más de los dominios del anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK. Al determinar qué residuo de aminoácido se puede insertar, sustituir o eliminar sin afectar de forma adversa la actividad deseada, se puede encontrar una guía mediante la comparación de la secuencia del anticuerpo anti-TASK o el polipéptido TASK con la de las moléculas de proteínas conocidas homólogas y minimizando el número de cambios en la secuencia de aminoácidos realizados en regiones con elevada homología. Las sustituciones de aminoácidos pueden ser el resultado de la sustitución de un aminoácido por otro aminoácido que tienen una estructura y/o propiedades químicas similares, tales como la sustitución de una leucina por una serina, es decir, sustituciones conservativas de aminoácidos. Las inserciones o eliminaciones pueden estar opcionalmente en el intervalo de aproximadamente 1 a 5 aminoácidos. La variación permitida se puede determinar realizando sistemáticamente inserciones, eliminaciones o sustituciones de aminoácidos en la secuencia y analizando en las variantes resultantes la actividad mostrada por la secuencia nativa de longitud completa o madura.

[0185] En la presente invención se proporcionan fragmentos de anticuerpo anti-TASK y polipéptido TASK. Dichos

fragmentos pueden estar truncados en el extremo N-terminal o C-terminal, o pueden carecer de residuos internos, por ejemplo, cuando se comparan con un anticuerpo o proteína nativa de longitud completa. Ciertos fragmentos carecen de residuos de aminoácidos que no son esenciales para una actividad biológica deseada del anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK.

5

[0186] Los fragmentos del anticuerpo anti-TASK y polipéptido TASK se pueden preparar mediante cualquiera de un conjunto de técnicas convencionales. Los fragmentos de péptidos deseados se pueden sintetizar químicamente. Un enfoque alternativo implica la generación de fragmentos de anticuerpo o polipéptido mediante digestión enzimática, por ejemplo, tratando la proteína con una enzima conocida por dividir proteínas en los sitios definidos por residuos de aminoácidos concretos o mediante la digestión del ADN con enzimas de restricción adecuadas y el aislamiento del fragmento deseado. Otra técnica adecuada implica el aislamiento y la amplificación de un fragmento de ADN que codifica un fragmento de anticuerpo o polipéptido deseado mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Los oligonucleótidos que definen los extremos deseados del fragmento de ADN se utilizan en los cebadores en los extremos 5' y 3' en la PCR. Preferiblemente, los fragmentos de anticuerpo anti-TASK y polipéptido TASK comparten por lo menos una actividad biológica y/o inmunológica con el anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK nativos descritos aquí.

[0187] En realizaciones particulares, las sustituciones conservativas de interés se muestran en la Tabla 6 bajo el encabezamiento de "sustituciones preferidas". Si dichas sustituciones dan lugar a un cambio en la actividad biológica, entonces se introducen cambios más sustanciales denominados ejemplos de sustituciones en la Tabla 6 o, tal como se describe posteriormente en referencia a clases de aminoácidos, y se criban los productos.

20

Tabla 6

Residuo original	Ejemplos de sustituciones	Substituciones preferidas
Ala (A)	val; leu; ile	val
Arg (R)	lys; gln; asn	lys
Asn (N)	gln; his; lys; arg	gln
Asp (U)	glu;	glu
Cys(C)	ser;	ser
Gln(Q)	asn;	asn
Glu(E)	asp	asp
Gly(G)	pro; ala	ala
His(H)	asn; gln; lys; arg	arg
Ile(I)	leu; val; met; ala; phe; norleucina	leu
Leu(L)	Norleucina; ile; val; met; ala; phe	ile
Lys(K)	arg; gln; asn	arg
Met(M)	leu; phe; ile	leu
Phe(F)	leu; val; ile; ala; tyr	leu
Pro(P)	ala	ala
Ser(S)	thr	thr
Thr(T)	ser	ser
Trp(W)	tyr; phe	tyr
Tyr(Y)	trp; phe; thr; ser	phe
Val(V)	ile; leu; met; phe; ala; norleucina	leu

25

[0188] Las modificaciones sustanciales en la función o identidad inmunológica del anticuerpo anti-TASK o el polipéptido TASK se realizan mediante la selección de sustituciones que difieren significativamente en su efecto de mantener (a) la estructura del esqueleto del polipéptido en el área de la sustitución, por ejemplo, como una conformación de hélice o lámina, (b) la carga o hidrofobicidad de la molécula en el sitio diana, o (c) el volumen de la cadena lateral. Los residuos naturales se dividen en grupos basados en propiedades comunes de la cadena lateral:

30

(1) hidrofóbico: norleucina, met, ala, val, leu, ile;

(2) hidrofílico neutro: cys, ser, thr;

(3) ácido: asp, glu;

(4) básico: asn, gln, his, lys, arg;

35

(5) residuos que influyen en la orientación de la cadena: gly, pro; y

(6) aromáticos: trp, tyr, phe.

[0189] Las sustituciones no conservativas comprenderán el intercambio de un miembro de una de estas clases por otra clase. Dichos residuos sustituidos también se pueden introducir en sitios de sustitución conservativa o, más

preferiblemente, en los sitios restantes (no conservados)

- [0190]** Las variaciones se pueden realizar utilizando procedimientos conocidos en la técnica tales como la mutagénesis mediada por oligonucleótidos (dirigida de sitio), el rastreo de alanina, y mutagénesis por PCR. Para fabricar el ADN variante del anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK se puede llevar a cabo sobre el ADN clonado una mutagénesis dirigida de sitio [Carter et al., Nucl. Acids. Res., 13: 4331 (1986); Zoller et al., Nucl. Acids. Res., 10: 6487 (1987)], mutagénesis de cassette [Wells et al., Gene, 34 315 (1985)], mutagénesis de selección de restricción [Wells et al., Philos. Trans. R. Soc. London SerA, 317:415 (1986)] u otras técnicas conocidas.
- 5
- [0191]** El análisis de aminoácidos por rastreo también se puede realizar para identificar uno o más aminoácidos a lo largo de una secuencia contigua. Entre los aminoácidos de rastreo preferidos están los aminoácidos relativamente pequeños y neutros. Entre dichos aminoácidos se incluyen alanina, glicina, serina y cisteína. La alanina es habitualmente un aminoácido de rastreo preferido de este grupo ya que elimina la cadena lateral más allá del carbono beta y es menos probable que altere la conformación de la cadena principal de la variante [Cunningham y Wells, Science, 244:1081-1085 (1989)]. La alanina es también habitualmente preferida ya que es el aminoácido más habitual. Además, se encuentra frecuentemente tanto en posiciones escondidas como expuestas [Creighton, The Proteins, (W.H. Freeman and Co., N.Y.), Chothia, J. Mol. Biol., 150:1 (1976)]. Si la sustitución de alanina no produce cantidades adecuadas de variante, se puede utilizar un aminoácido isotérico.
- 10
- [0192]** También se puede sustituir, generalmente por serina, cualquier residuo de cisteína no implicado en el mantenimiento de la conformación correcta del anticuerpo anti-TASK o el polipéptido TASK para mejorar la estabilidad oxidativa de la molécula y evitar la reticulación aberrante. En cambio, se pueden añadir el enlace o enlaces de cisteína al anticuerpo anti-TASK o el polipéptido TASK para mejorar su estabilidad (particularmente cuando el anticuerpo es un fragmento de anticuerpo, tal como un fragmento Fv).
- 15
- [0193]** Un tipo particularmente preferido de variante por sustitución implica la sustitución de uno o más residuos de la región hipervariable de un anticuerpo parental (por ejemplo, un anticuerpo humanizado o humano). En general, la variante o variantes resultantes seleccionadas para el desarrollo posterior tendrán propiedades biológicas mejoradas en relación con el anticuerpo parental del cual se generan. Una manera conveniente para generar dichas variantes por sustitución implica la maduración por afinidad utilizando la expresión en fagos. Brevemente, se mutan varios sitios de la región hipervariable (por ejemplo, 6-7 sitios) para generar todas las posibles sustituciones amino en cada sitio. Las variantes de anticuerpo generadas de esta manera se expresan de manera monovalente a partir de partículas de fagos filamentosos como fusiones al producto del gen III de M13 empaquetado en cada partícula. A continuación, las variantes expresadas en el fago se criban por su actividad biológica (por ejemplo, afinidad de unión) tal como se describe en la presente invención. Con el fin de identificar los sitios candidatos de la región hipervariable para la modificación, se puede aplicar la mutagénesis por rastreo de alanina para identificar residuos de la región hipervariable que contribuyen significativamente a la unión a antígeno. Alternativamente, o adicionalmente, puede ser beneficioso analizar una estructura del cristal del complejo antígeno-anticuerpo para identificar los puntos de contacto entre el anticuerpo y el polipéptido TASK humano. Dichos residuos de contacto y residuos próximos son candidatos para la sustitución según las técnicas elaboradas en la presente invención. Una vez se generan dichas variantes, el panel de variantes se somete a cribado tal como se describe en la presente invención y se pueden seleccionar anticuerpos con propiedades superiores en uno o más ensayos relevantes para un desarrollo posterior.
- 20
- [0194]** Las moléculas de ácido nucleico que codifican las variantes en la secuencia de aminoácidos del anticuerpo anti-TASK se preparan mediante una serie de procedimientos conocidos en la técnica. Estos procedimientos incluyen, pero no se limitan a, el aislamiento de una fuente natural (en el caso de variantes en las secuencias de aminoácidos naturales) o la preparación por mutagénesis mediada por oligonucleótidos (o dirigida de sitio), la mutagénesis de PCR y la mutagénesis de cassette de una variante preparada anteriormente o una versión no variante del anticuerpo anti-TASK.
- 25
- 30
- 35
- 40
- 45
- 50

H. Modificaciones de anticuerpos anti-TASK y polipéptidos TASK

- [0195]** Las modificaciones covalentes de los anticuerpos anti-TASK y polipéptidos TASK están incluidas en el alcance de la presente invención. Un tipo de modificación covalente incluye la reacción de residuos de aminoácidos marcados de un anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK con un agente derivatizante orgánico que es capaz de reaccionar con cadenas laterales seleccionadas o los residuos N- o C-terminales del anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK. La derivatización con agentes bifuncionales es útil, por ejemplo, para reticular el anticuerpo anti-TASK o el polipéptido TASK con una matriz o superficie de soporte insoluble en agua para su utilización en el procedimiento para purificar anticuerpos anti-TASK, y viceversa. Entre los agentes entrecruzadores utilizados habitualmente se incluyen, por ejemplo, 1,1-bis(diazoacetil)-2-feniletano, glutaraldehído, ésteres de N-
- 55
- 60

hidroxisuccinimida, por ejemplo, ésteres con ácido 4-azido salicílico, imidoésteres homobifuncionales, incluyendo ésteres disuccinimidílicos, tales como 3,3'-ditiobis(succinimidilpropionato), maleimidias bifuncionales, tales como bis-N-maleimido-1,8-octano y agentes, tales como metil-3-[(p-azidofenil)ditio]propioimidato.

- 5 **[0196]** Otras modificaciones incluyen la desamidación de residuos glutamínico y asparagínico a los correspondientes residuos glutámico y aspártico, respectivamente, la hidroxilación de prolina y lisina, la fosforilación de grupos hidroxilo de residuos de serilo o treonilo, la metilación de los grupos α -amino de las cadenas laterales de lisina, arginina e histidina [T.E. Creighton, *Proteins: Structure and Molecular Properties*, W.H. Freeman & Co., San Francisco, páginas 79-86 (1983)], acetilación de la amina N-terminal, y la amidación de cualquier grupo carboxilo C-terminal.
- 10 **[0197]** Otro tipo de modificación covalente del anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK incluido en el alcance de la presente invención comprende la alteración del patrón de glicosilación nativo del anticuerpo o polipéptido. Por "alteración del patrón de glicosilación nativo" para los objetivos de la presente invención se pretende indicar la eliminación de uno o más grupos carbohidratos hallados en el anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK de
- 15 secuencia nativa (mediante la eliminación del sitio de glicosilación subyacente o mediante la eliminación de la glicosilación por medios químicos y/o enzimáticos), y/o la adición de uno o más sitios de glicosilación que no están presentes en el anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK de secuencia nativa. Además, la expresión incluye cambios cualitativos en la glicosilación de las proteínas nativas, implicando un cambio en la naturaleza y proporciones de los diversos grupos de carbohidrato presentes.
- 20 **[0198]** La glicosilación de anticuerpos y otros polipéptidos es habitualmente por unión a N o unión a O. La unión a N se refiere a la unión del grupo carbohidrato a la cadena lateral de un residuo de asparagina. Las secuencias tripéptido asparagina-X-serina y asparagina-X-treonina, donde X es cualquier aminoácido excepto prolina, son las secuencias de reconocimiento para la unión enzimática del grupo carbohidrato a la cadena lateral de asparagina. De
- 25 este modo, la presencia de cualquiera de estas secuencias tripéptido en un polipéptido crea un potencial sitio de glicosilación. La glicosilación por unión a O se refiere a la unión de uno de los azúcares N-acetilgalactosamina, galactosa o xilosa a un hidroxiaminoácido, más habitualmente serina o treonina, aunque también se pueden utilizar 5-hidroxiprolina o 5-hidroxilisina.
- 30 **[0199]** La adición de sitios de glicosilación al anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK se puede realizar convenientemente alterando la secuencia de aminoácidos, de manera que contiene una o más de las secuencias tripéptido descritas anteriormente (para sitios de glicosilación unidos a N). La alteración se puede realizar, por ejemplo, mediante la adición de, o la sustitución por, uno o más residuos de serina o treonina a la secuencia del anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK original (para sitios de glicosilación unidos a O). La secuencia de
- 35 aminoácidos del anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK puede alterarse opcionalmente a través de los cambios a nivel de ADN, particularmente mediante la mutación del ADN que codifica el anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK en bases preseleccionadas, de manera que los codones que se generan se traducirán en los aminoácidos deseados.
- 40 **[0200]** Otros medios para aumentar el número de grupos carbohidrato en el anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK es mediante acoplamiento químico o enzimático de glicósidos al polipéptido. Dichos procedimientos están descritos en la técnica, por ejemplo, en WO 87/05330 publicada el 11 de septiembre de 1987, y en Aplin y Wriston, *CRC Crit. Rev. Biochem.*, 259-306 (1981).
- 45 **[0201]** La eliminación de grupos carbohidrato presentes en el anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK se puede realizar química o enzimáticamente o mediante sustitución mutacional de codones que codifican los residuos de aminoácidos que actúan como dianas para la glicosilación. Las técnicas de desglicosilación química son conocidas en la técnica y están descritas, por ejemplo, por Hakimuddin, et. al. *Arch. Biochem. Biophys.*, 259:52 (1987) y por Edge, et al. *Anal. Biochem.*, 118:131 (1981). La división enzimática de grupos carbohidrato en los polipéptidos se
- 50 puede conseguir mediante la utilización de un conjunto de endo- y exoglicosidasas tal y como se describe en Thotakura et al. *Meth. Enzymol.*, 138:350 (1987).
- [0202]** Otro tipo de modificación covalente de anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK comprende la unión del anticuerpo o polipéptido a uno del conjunto de polímeros no proteínicos, por ejemplo, polietilenglicol (PEG),
- 55 polipropilenglicol o polioxialquilenos, de la forma establecida en las Patentes de Estados Unidos Nos: 4.640.835; 4.496.689; 4.301.144; 4.670.417; 4.791.192 ó 4.179.337. El anticuerpo o polipéptido pueden también encapsularse en microcápsulas preparadas, por ejemplo, mediante técnicas de coacervación o por polimerización interfacial, (por ejemplo, hidroximetilcelulosa o microcápsulas de gelatina y microcápsulas de poli-(metilmetacrilato) respectivamente), en sistemas de liberación de fármacos coloidales (por ejemplo, liposomas, microesferas de albúmina, microemulsiones, nanopartículas y nanocápsulas) o en macroemulsiones. Dichas técnicas se describen
- 60 en Remington's *Pharmaceutical Sciences*, 16th edition, Oslo, A. ed. (1980).

[0203] El anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK de la presente invención también se pueden modificar de manera que forme moléculas quiméricas que comprenden un anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK fusionados a otro polipéptido o secuencia de aminoácidos heterólogo.

5

[0204] En una realización, dicha molécula quimérica comprende una fusión del anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK con un polipéptido etiqueta que proporciona un epítipo al que se puede unir selectivamente un anticuerpo anti-etiqueta. El epítipo-etiqueta se sitúa generalmente en el extremo amino o carboxilo terminal del anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK. La presencia de dichas formas epítipo etiquetadas del anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK se pueden detectar utilizando un anticuerpo contra el polipéptido etiqueta. Además, la disposición del epítipo etiqueta permite que el anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK se purifique fácilmente mediante purificación por afinidad utilizando un anticuerpo anti-etiqueta u otro tipo de matriz de afinidad que se une al epítipo etiqueta. En la técnica se conocen varios polipéptidos etiqueta y sus respectivos anticuerpos. Entre los ejemplos se incluyen etiquetas de poli-histidina (poli-his) o poli-histidina-glicina (poli-his-gly); el polipéptido etiqueta de gripe HA y su anticuerpo 12C45 [Field et al., *Mol. Cell. Biol.*, 8: 2159-2165 (1988)]; la etiqueta c-myc y los anticuerpos 8F9, 3C7, 6E10, G4, B7 y 9E10 de la misma [Evan et al., *Molecular and Cellular Biology*, 5: 3610-3616 (1985)]; y la etiqueta de glicoproteína D (gD) del virus del Herpes Simplex y su anticuerpo [Paborsky et al., *Protein Engineering*, 3 (6): 547-553 (1990)]. Entre otros polipéptidos etiqueta se incluyen el péptido Flag [Hopp et al., *BioTechnology*, 6: 1204-1210 (1988)]; el péptido epítipo KT3 [Martin et al., *Science*, 255: 192-194 (1992)]; un péptido epítipo de α -tubulina [Skinner et al., *J. Biol. Chem.*, 266: 15163-15166 (1991)]; y el péptido etiqueta de la proteína T7 del gen 10 [Lutz-Freyemuth et al., *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 87: 6393-6397 (1990)].

[0205] En una realización alternativa, la molécula quimérica puede comprender una fusión del anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK con una inmunoglobulina o una región particular de una inmunoglobulina. Para una forma bivalente de la molécula quimérica (también referida como "inmunoadhesina"), dicha fusión podría ser a la región Fc de una molécula de IgG. En una realización particularmente preferida, la fusión de inmunoglobulina incluye la bisagra, CH₂ y CH₃, o la bisagra, regiones CH₁, CH₂ y CH₃ de una molécula de IgG1. Para la producción de fusiones de inmunoglobulinas, véase también la Patente de Estados Unidos No. 5.428.130 concedida el 27 de junio de 1995.

30 I. Preparación de anticuerpos anti-TASK y polipéptidos TASK

[0206] La siguiente descripción se refiere principalmente a la producción de anticuerpos anti-TASK y polipéptidos TASK mediante el cultivo de células transformadas o transfectadas con un vector que contiene ácido nucleico que codifica el anticuerpo anti-TASK y polipéptido TASK. Naturalmente, se prevé que se puedan utilizar procedimientos alternativos, que se conocen bien en la técnica, para preparar los anticuerpos anti-TASK y polipéptidos TASK. Por ejemplo, la secuencia de aminoácidos apropiada, o partes de la misma, se pueden producir mediante síntesis directa de péptidos utilizando técnicas de fase sólida [véase, por ejemplo, Stewart et al., *Solid-Phase Peptide Synthesis*, W.H. Freeman Co., San Francisco, CA (1969); Merrifield, J. *Am. Chem. Soc.*, 85: 2149-2154 (1963)]. La síntesis de proteínas *in vitro* se puede realizar utilizando técnicas manuales o mediante automatización. La síntesis automatizada se puede realizar, por ejemplo, utilizando un Applied Biosystems Peptide Synthesizer (Foster City, CA) utilizando las instrucciones del fabricante. Se pueden sintetizar químicamente por separado varias partes del anticuerpo anti-TASK o el polipéptido TASK y combinarse utilizando procedimientos químicos o enzimáticos para producir el anticuerpo anti-TASK o el polipéptido TASK deseado.

45 1. Aislamiento del ADN que codifica un anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK

[0207] El ADN que codifica el anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK se puede obtener a partir de una biblioteca de ADNc preparada a partir de tejido que se cree que posee el ARNm del anticuerpo anti-TASK o el polipéptido TASK y lo expresa a un nivel detectable. Por consiguiente, el ADN del anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK humano se puede obtener convenientemente a partir de una biblioteca de ADNc preparada a partir de tejido humano. El gen que codifica el anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK también se puede obtener a partir de una biblioteca genómica o mediante métodos de síntesis conocidos (por ejemplo, síntesis de ácidos nucleicos automatizada).

[0208] Las bibliotecas se pueden cribar con sondas (tales como oligonucleótidos de por lo menos aproximadamente 20-80 bases) diseñados para identificar el gen de interés o la proteína codificada por el mismo. El cribado del ADNc o biblioteca genómica con la sonda seleccionada se puede realizar utilizando procedimientos estándar, tal como se describe en Sambrook et al., *Molecular Cloning: A Laboratory Manual* (New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989). Un medio alternativo para aislar el gen que codifica el anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK es utilizar la metodología de PCR [Sambrook et al., *supra*; Dieffenbach et al., *PCR Primer: A Laboratory Manual* (Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1995)].

- [0209]** Las técnicas para cribar una biblioteca de ADNc son bien conocidas. Las secuencias de oligonucleótidos seleccionadas como sondas deberían ser de longitud suficiente y suficientemente inequívoca que se minimizan los falsos positivos. El oligonucleótido está preferiblemente marcado de manera que se puede detectar tras la hibridación a ADN en la biblioteca que se criba. Los procedimientos de marcado son bien conocidos en la técnica, e incluyen la utilización de radiomarcadores como ATP marcado con ^{32}P , biotilación o marcaje enzimático. Las condiciones de hibridación, incluyendo la astringencia moderada y la astringencia elevada, se proporcionan en Sambrook et al., supra.
- 10 **[0210]** Las secuencias identificadas en dichos procedimientos de cribado de bibliotecas se pueden comparar y alinear con otras secuencias conocidas depositadas y disponibles en bases de datos públicos, tales como el Banco de Genes u otras bases de datos privadas de secuencias. La identidad de secuencia (a nivel de aminoácido o nucleótido) en las regiones definidas de la molécula o a lo largo de la secuencia de longitud completa se puede determinar utilizando procedimientos conocidos en la técnica y tal y como se describen en la presente invención.
- 15 **[0211]** El ácido nucleico que tiene la secuencia de codificación de la proteína se puede obtener mediante el cribado del ADNc seleccionado o las bibliotecas genómicas utilizando la secuencia de aminoácidos deducida descrita en la presente invención por primera vez, y, si es necesario, utilizando procedimientos convencionales de extensión con cebadores tal y como se describe en Sambrook et al., supra, para detectar precursores y procesando intermedios de ARNm que no se han transcrito de forma inversa en ADNc.

2. Selección y transformación de células huésped

- [0212]** Las células huésped se transfectan o transforman con vectores de expresión o clonación descritos en la presente invención para la producción de anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK y se cultivan en medios nutrientes convencionales modificados para que sean adecuados para inducir promotores, seleccionar transformantes, o amplificar los genes que codifican las secuencias deseadas. Las condiciones de cultivo, tales como el medio, la temperatura, el pH y similares, se pueden seleccionar por un experto en la materia sin una experimentación excesiva. En general, los principios, protocolos y técnicas prácticas para maximizar la productividad de cultivos celulares se pueden encontrar en Mammalian Cell Biotechnology: a Practical Approach, M. Butler, ed. (IRL Press, 1991) y Sambrook et al., supra.

- [0213]** Los procedimientos de transfección de células eucariotas y transformación de células procariotas son conocidos por el experto en la materia, por ejemplo, CaCl_2 , CaPO_4 , mediados por liposomas y electroporación. Dependiendo de la célula huésped utilizada, la transformación se realiza utilizando técnicas estándar adecuadas a dichas células. El tratamiento con calcio que utiliza cloruro cálcico, tal y como se describe en Sambrook et al., supra, o la electroporación se utilizan generalmente para procariotas. La infección con *Agrobacterium tumefaciens* se utiliza para la transformación de ciertas células vegetales, tal como describe Shaw et al., Gene, 23:315 (1983) y WO 89/05859 publicada el 29 de junio de 1989. Para las células de mamíferos sin dichas paredes celulares, se puede utilizar el procedimiento de precipitación con fosfato cálcico de Graham y van der Eb, Virology, 52: 456-457 (1978). En la Patente de Estados Unidos No. 4.399.216 se han descrito aspectos generales de transfecciones de sistemas de células huésped de mamíferos. Las transformaciones en levadura se llevan a cabo habitualmente según el procedimiento de Van Solingen et al., J. Bact., 130: 946 (1977) y Hsiao et al., Proc. Natl. Acad. Sci. (USA), 76: 3829 (1979). Sin embargo, también se pueden utilizar otros procedimientos para introducir ADN en células, tales como mediante microinyección nuclear, electroporación, fusión de protoplasto bacteriano con células intactas, o policonaciones, por ejemplo, polibreno, poliornitina. Para varias técnicas para transformar células de mamífero, ver Keown et al., Methods in enzymology, 185:527-537 (1990) y Manssur et al., Nature, 336. 348-352 (1988).

- [0214]** Entre las células huésped adecuadas para la clonación o expresión del ADN en los vectores de la presente invención se incluyen células procariotas, levadura, o eucariotas superiores. Entre las procariotas adecuadas se incluyen, pero no se limitan a, eubacterias, tales como organismos Gram-negativo o Gram-positivo, por ejemplo, Enterobacteriaceae, tal como *E. coli*. Varias cepas de *E. coli* están disponibles públicamente, tales como la cepa de *E. coli* K12 MM294 (ATCC 31.446); *E. coli* X1776 (ATCC 31.537); cepa de *E. coli* W3110 (ATCC 27.325) y cepa de *E. coli* K5772 (ATCC 53.635). Entre otras células huésped procariotas adecuadas se incluyen Enterobacteriaceae, tales como *Escherichia*, por ejemplo, *E. coli*, *Enterobacter*, *Erwinia*, *Klebsiella*, *Proteus*, *Salmonella*, por ejemplo, *Salmonella typhimurium*, *Serratia*, por ejemplo, *Serratia marcescans*, y *Shigella*, así como *Bacilli*, tal como *B. subtilis* y *B. licheniformis* (por ejemplo, *B. licheniformis* 41P descrito en DD 266.710 publicada el 12 de abril de 1989), *Pseudomonas*, tal como *P. aeruginosa*, y *Streptomyces*. Estos ejemplos son más ilustrativos que limitantes. La cepa W3110 es un huésped o huésped parental particularmente preferible ya que es una cepa de huésped habitual para fermentaciones de productos de ADN recombinante. Preferiblemente, la célula huésped secreta cantidades mínimas de enzimas proteolíticas. Por ejemplo, la cepa W3110 se puede modificar para realizar una mutación genética en los

- genes que codifican proteínas endógenas al huésped, con ejemplos de dichos huéspedes incluyendo la cepa de *E. coli* W3110 1A2, que tiene el genotipo completo *tonA*; la cepa de *E. coli* W3110 9E4, que tiene el genotipo completo *tonA ptr3*; la cepa de *E. coli* W3110 27C7 (ATCC 55.244), que tiene el genotipo completo *tonA ptr3 phoA E15 (argF-lac) 169 degP ompT kan^r*; la cepa de *E. coli* W3110 37D6, que tiene el genotipo completo *tonA ptr3 phoA E15 (argF-lac) 169 degP ompT rbs7 ilvG kan^r*; la cepa de *E. coli* W3110 40B4, que es una cepa 37D6 con una mutación de eliminación *degP* no resistente a kanamicina; y una cepa de *E. coli* que tiene proteasa periplásmica mutante descrita en la Patente de Estados Unidos No. 4.946.783 concedida el 7 de agosto de 1990. Alternativamente, son adecuados procedimientos de clonación *in vitro*, por ejemplo, PCR u otras reacciones de ácido nucleico polimerasa.
- 10 **[0215]** El anticuerpo de longitud completa, fragmentos de anticuerpo y proteínas de fusión de anticuerpos se pueden producir en bacterias, en particular cuando no son necesarias la glicosilación y la función efectora de Fc, tal como cuando el anticuerpo terapéutico se conjuga a un agente citotóxico (por ejemplo, una toxina) y el inmunoconjugado por sí mismo muestra eficacia en la destrucción de la célula tumoral. Los anticuerpos de longitud completa presentan una vida media mayor en la circulación. La producción en *E. coli* es más rápida y más rentable. Para la expresión de
- 15 fragmentos de anticuerpo y polipéptidos en bacterias, véase, por ejemplo, la Patente de Estados Unidos 5,648,237 (Carter et. al.), la Patente de Estados Unidos 5,789,199 (Joly et al.), y la Patente de Estados Unidos 5,840,523 (Simmons et al.) que describen la región de iniciación de la traducción (TIR) y las secuencias señal para optimizar la expresión y secreción. Después de la expresión, se aísla el anticuerpo de la pasta celular de *E. coli* en una fracción soluble y se puede purificar a través de, por ejemplo, una columna de proteína A o G, dependiendo del isotipo. La
- 20 purificación final se puede llevar a cabo de forma similar al proceso para purificar el anticuerpo expresado en, por ejemplo, células CHO.
- [0216]** Además de los procariotas, los microbios eucariotas, tales como hongos filamentosos o levaduras, son huéspedes de clonación o expresión adecuados para vectores que codifican el anticuerpo anti-TASK o polipéptido
- 25 TASK. El *Saccharomyces cerevisiae* es un microorganismo huésped eucariótico inferior utilizado habitualmente. Otros incluyen *Schizosaccharomyces pombe* (Beach and Nurse, Nature, 290: 140 [1981]; EP 139.383 publicada el 2 de mayo de 1985); huéspedes *Kluyveromyces* (Patente de Estados Unidos No. 4.943.529; Fleer et al., Bio/Technology, 9:968-975 (1991)) tal como, por ejemplo, *K. lactis* (MW98-8C, CBS683, CBS574; Louvencourt et al. J. Bacteriol., 737 [1983]), *K. fragilis* (ATCC 12.424), *K. bulgaricus* (ATCC 16.045), *K. wickerhamii* (ATCC 24.178), *K.*
- 30 *waltii* (ATCC 56.500), *K. drosophilum* (ATCC 36.906; Van den Berg et al., Bio/Technology, 8:135(1990)), *K. thermotolerans* y *K. marxianus*; *yarrowia* (EP 402.226); *Pichia pastoris* (EP 183.070; Sreekrishna et al., J. Basic. Microbiol. 28:265-278 [1988]); *Candida*; *Trichoderma recai* (EP 244.234); *Neurospora crassa* (Case et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 76:5259-5263 [1979]); *Schwanniomyces*, tales como *Schwanniomyces occidentalis* (EP 394.538, publicada el 31 de octubre de 1990); y hongos filamentosos, tales como, por ejemplo, *Neurospora*, *Penicillium*,
- 35 *Tolyocladium* (WO 91/00357 publicada el 10 de enero de 1991), y huéspedes *Aspergillus*, tales como *A. nidulans* (Ballance et al., Biochem. Biophys. Res. Commun., 112:284-289 [1983]; Tilbum et al., Gene, 26:205-221 [1983]; Yelton et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 81: 1470-1474 [1984]) y *A. Niger* (Kelly y Hynes, EMBO J., 4:475-479 [1985]). Las levaduras metilotróficas son adecuadas en la presente invención e incluyen, pero no se limitan a, levadura capaz del crecimiento en metanol seleccionada del género que consiste en *Hansenula*, *Candida*,
- 40 *Kloeckera*, *Pichia*, *Saccharomyces*, *Torulopsis*, y *Rhodotorula*. Una lista de especies específicas que son ejemplos de esta clase de levaduras se puede encontrar en C. Anthony, The Biochemistry of Methylotrrophs, 269 (1982).
- [0217]** Las células huésped adecuadas para la expresión de anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK glicosilados se derivan de organismos multicelulares. Entre los ejemplos de células de invertebrados se incluyen células de
- 45 insectos, tales como *Drosophila* S2 y *Spodoptera Sf9*, así como células vegetales, tales como cultivos celulares de algodón, maíz, patata, soja, petunia, tomate y tabaco. Se han modificado numerosas cepas baculovíricas y variantes y las correspondientes células huéspedes de insecto permisivas de huéspedes, tales como *Spodoptera frugiperda* (oruga), *Aedes aegypti* (mosquito), *Aedes albopictus* (mosquito), *Drosophila melanogaster* (mosca de la fruta), y *Bombyx mori*. Una serie de cepas víricas para la transfección están públicamente disponibles, por ejemplo, la
- 50 variante L-1 de *Autographa californica* NPV y la cepa Bm-5 de *Bombyx mori* NPV, y dichos virus se pueden utilizar como el virus según la presente invención, particularmente para la transfección de células de *Spodoptera frugiperda*.
- [0218]** Sin embargo, el mayor interés ha estado en las células de vertebrados, y la propagación de células de vertebrados en un cultivo (cultivo de tejidos) se ha convertido en un procedimiento rutinario. Entre los ejemplos de
- 55 líneas celulares de huéspedes mamíferos útiles están la línea CV1 de riñón de mono transformada por SV40 (COS-7, ATCC CRL 1651); línea de riñón de embrión humano (células 293 ó 293 subclonadas para el crecimiento en cultivo de suspensión, Graham et al., J. Gen Virol., 36:59 (1977)); células de riñón de hámster bebé (BHK, ATCC CCL 10); células de ovario de hámster chino/DHFR (CHO, Urlaub et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 77:4216 (1980)); células de sertoli de ratón (TM4, Mather, Biol. Reprod., 23:243-251 (1980)); células de riñón de mono (CV1 ATCC CCL 70); células de riñón de mono verde africano (VERO-76, ATCC CRL-1587); células de carcinoma cervical humano (HELA, ATCC CCL2); células de riñón canino (MDCK, ATCC CCL34); células de hígado de rata
- 60

búfalo (BRL 3A, ATCC CRL 1442); células de pulmón humano (W138, ATCC CCL 75); células de hígado humano (Hep G2, HB 8065); tumor mamario de ratón (MMT 060562, ATCC CCL51); células TRI (Mather et al., *Annals N.Y. Acad Sci.* 383: 44-68 (1982)); células MRC 5; células FS4 y una línea de hepatoma humano (Hep G2). Las células huésped se transforman con los vectores de expresión o clonación descritos anteriormente para la producción del anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK y se cultivan en un medio con nutrientes habituales modificado según sea apropiado para inducir promotores, seleccionar transformantes, o amplificar los genes que codifican las secuencias deseadas.

3. Selección e utilización de un vector replicable

10

[0219] El ácido nucleico (por ejemplo, ADNc o ADN genómico), que codifica el anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK se puede insertar en un vector replicable para la clonación (amplificación del ADN) o para la expresión. Existen varios vectores disponibles públicamente. El vector puede estar, por ejemplo, en forma de plásmido, cósmido, partícula viral, o fago. La secuencia de ácidos nucleicos apropiada se puede insertar en el vector mediante una serie de procedimientos. En general, el ADN se inserta en un sitio o sitios de endonucleasa de restricción apropiados utilizando técnicas conocidas en el sector. Los componentes de los vectores incluyen generalmente, pero no se limitan a, una o más secuencias señal, un origen de replicación, uno o más genes marcadores, un elemento potenciador, un promotor y una secuencia de terminación de la transcripción. La construcción de vectores adecuados que contienen uno o más de estos componentes utiliza técnicas de unión estándar que son conocidas por un experto en la materia.

20

[0220] El polipéptido TASK se puede producir recombinantemente no sólo directamente, sino también como un polipéptido de fusión con un polipéptido heterólogo, que puede ser una secuencia señal u otro polipéptido que tiene un sitio de división específico en el extremo N-terminal de la proteína o polipéptido maduros. En general, la secuencia señal puede ser un componente del vector, o puede ser una parte del ADN que codifica el anticuerpo anti-TASK. La secuencia señal puede ser una secuencia señal procarionta seleccionada, por ejemplo, del grupo de secuencias líderes de la fosfatasa alcalina, penicilinas, lpp o enterotoxina II estable térmicamente. Para la secreción en levaduras, la secuencia señal puede ser, por ejemplo, la secuencia líder de invertasa de levadura, la secuencia líder del factor alfa (incluyendo las secuencias líder del factor α de *Saccharomyces* y *Kluyveromyces*, la última descrita en la Patente de Estados Unidos No. 5.010.182), o la secuencia líder de fosfatasa ácida, la secuencia líder de *C. Albicans* glucoamilasa (EP 362.179 publicada el 4 de abril de 1990) o la señal descrita en WO 90/13646, publicada el 15 de noviembre de 1990. En la expresión de células de mamíferos, las secuencias señal de mamíferos se pueden utilizar para dirigir la secreción de la proteína, tales como secuencias señal de polipéptidos secretados de la misma especie o especies relacionadas, así como secuencias líderes secretoras virales.

35

[0221] Tanto los vectores de expresión como de clonación contienen una secuencia de ácidos nucleicos que permite la replicación del vector en una o más células huésped seleccionadas. Dichas secuencias son conocidas para un conjunto de bacterias, levadura, y virus. El origen de la replicación del plásmido pBR322 es adecuado para la mayoría de bacterias gram-negativas, el origen del plásmido 2 μ es adecuado para la levadura, y orígenes virales varios (SV40, polioma, adenovirus, VSV o BPV) son útiles para vectores de clonación en células de mamíferos.

40

[0222] Los vectores de clonación y expresión contendrán habitualmente un gen de selección, también denominado como marcador seleccionable. Los genes de selección habituales codifican proteínas que (a) confieren resistencia a antibióticos u otras toxinas, por ejemplo, ampicilina, neomicina, metotrexato o tetraciclina, (b) complementan las deficiencias auxotróficas, o (c) suministran nutrientes críticos no disponibles del medio complejo, por ejemplo, el gen que codifica la D-alanina racemasa para *Bacilli*.

45

[0223] Un ejemplo de marcadores seleccionables adecuados para células de mamíferos son aquéllos que permiten la identificación de células competentes para captar el ácido nucleico que codifica el anticuerpo anti-TASK o el polipéptido TASK, tal como DHFR o timidina quinasa. Una célula huésped apropiada cuando se utiliza DHFR de tipo salvaje es la línea de células CHO deficiente en actividad de DHFR, preparada y propagada tal y como se describe por Urlaub et al., *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 77:4216 (1980). Un gen de selección adecuado para su utilización en la levadura es el gen *trp1* presente en el plásmido de la levadura YRp7 [Stinchcomb et al., *Nature*, 282:39 (1979); Kingsman et al., *Gene*, 7:141 (1979); Tschemper et al., *Gene*, 10:157 (1980)]. El gen *trp1* proporciona un marcador de selección para una cepa mutante de levadura que carece de la capacidad de crecer en triptófano, por ejemplo, ATCC No. 44076 o PEP4-1 [Jones, *Genetics*, 85:12 (1977)].

50

55

[0224] Los vectores de clonación y expresión contienen habitualmente un promotor unido operativamente a la secuencia de ácido nucleico que codifica el anticuerpo anti-TASK o el polipéptido TASK para dirigir la síntesis de ARNm. Son conocidos promotores reconocidos por un conjunto de células huésped potenciales. Entre los promotores adecuados para utilizar con huéspedes procariontas se incluyen los sistemas de promotores de β -

60

lactamasa y lactosa [Chang et al., *Nature*, 275:615 (1978); Goeddel et al., *Nature*, 281:544 (1979)], fosfatasa alcalina, un sistema de promotor de triptófano (trp) [Goeddel, *Nucleic Acids Res.*, 8:4057 (1980); EP 36.776], y promotores híbridos, tales como el promotor tac [deBoer et al., *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 80:21-25 (1983)]. Los promotores para utilizar en sistemas bacterianos también contendrán una secuencia de Shine-Dalgarno (S.D.) unida
5 operativamente al ADN que codifica el anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK.

[0225] Entre los ejemplos de secuencias promotoras adecuadas para su utilización con huéspedes de levadura se incluyen promotores para 3-fosfoglicerato quinasa [Hitzeman et al., *J. Biol. Chem.*, 255:2073 (1980)] u otros enzimas glucolíticos [Hess et al., *J. Adv. Enzyme Reg.*, 7:149 (1968); Holland, *Biochemistry*, 17:4900 (1978)], tal como
10 enolasa, gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa, hexoquinasa, piruvato descarboxilasa, fosfofructoquinasa, glucosa-6-fosfato isomerasa, 3-fosfoglicerato mutasa, piruvato quinasa, triosafosfato isomerasa, fosfoglucosa isomerasa y glucoquinasa.

[0226] Otros promotores de levaduras, que son promotores inducibles que tienen la ventaja adicional de una
15 transcripción controlada por las condiciones de crecimiento, son las regiones promotoras para alcohol deshidrogenasa 2, isocitocromo C, fosfatasa ácida, enzimas degradativas asociadas con el metabolismo del nitrógeno, metalotioneína, gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa, y enzimas responsables de la utilización de maltosa y galactosa. Los vectores y promotores adecuados para la utilización en la expresión en levaduras se describen en detalle en EP 73.657.

[0227] La transcripción del anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK a partir de vectores en células huésped de
20 mamíferos está controlada, por ejemplo, mediante promotores obtenidos de los genomas de virus, tales como virus del polio, virus de la viruela aviar (Patente UK 2.211.504 publicada el 5 de julio de 1989), adenovirus (tal como el Adenovirus 2), el virus de papiloma bovino, virus del sarcoma aviar, citomegalovirus, un retrovirus, virus de la
25 hepatitis-B y virus de simio 40 (SV40), de promotores de mamíferos heterólogos, por ejemplo, el promotor de actina o un promotor de inmunoglobulina, y de promotores de choque térmico, siempre y cuando dichos promotores sean compatibles con los sistemas de células huésped.

[0228] Se puede incrementar la transcripción de un ADN que codifica el anticuerpo anti-TASK o el polipéptido TASK
30 mediante eucariotas superiores mediante la inserción de una secuencia de potenciador en el vector. Los potenciadores son elementos que actúan en cis de ADN, habitualmente aproximadamente de 10 a 300 pb, que actúan en un promotor para aumentar su transcripción. Actualmente se conocen muchas secuencias de potenciadores de genes de mamíferos (globina, elastasa, albúmina, α -fetoproteína e insulina). Habitualmente, sin embargo, se utilizará un potenciador de un virus de célula eucariota. Entre los ejemplos se incluyen el potenciador
35 de SV40 en la cara tardía del origen de replicación (pb 100-270), el potenciador de promotor temprano de citomegalovirus, el potenciador de polio en la cara tardía del origen de replicación, y los potenciadores de adenovirus. El potenciador se puede cortar y empalmar ("splice") en el vector en una posición 5' ó 3' con respecto a la secuencia codificante del anticuerpo anti-TASK o el polipéptido TASK, pero se sitúa preferiblemente en un sitio 5' con respecto al promotor.

[0229] Los vectores de expresión utilizados en células huéspedes eucariotas (levadura, hongos, insectos, plantas,
40 animales, humanos, o células nucleadas de otros organismos multicelulares) también contendrán secuencias necesarias para la terminación de la transcripción y para la estabilización del ARNm. Dichas secuencias están disponibles habitualmente de las regiones no traducidas 5' y, ocasionalmente 3', de ADNs o ADNcs eucariotas o
45 virales. Estas regiones contienen segmentos de nucleótidos transcritos como fragmentos poliadenilados en la parte no traducida del ARNm que codifica el anticuerpo anti-TASK o el polipéptido TASK.

[0230] En Gething et al., *Nature*, 293:620-625 (1981); Mantei et al., *Nature*, 281:40-46 (1979); EP 117.060 y EP
50 117.058 se describen adicionalmente otros procedimientos, vectores, y células huésped adecuados para la adaptación a la síntesis del anticuerpo anti-TASK o el polipéptido TASK en cultivos de células de vertebrados recombinantes.

4. Cultivo de células huésped

[0231] Las células huésped utilizadas para producir el anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK de la presente
55 invención se pueden cultivar en un conjunto de medios. Los medios comercialmente disponibles, tales como F10 de Ham (sigma), Medio Mínimo Esencial ((MEM), (Sigma), RPMI-1640 (Sigma) y Medio de Eagle Modificado por Dulbecco ((DMEM), Sigma) son adecuados para cultivar células huésped. Además, cualquiera de los medios descritos en Ham et al., *Meth. Enz.*, 58: 44 (1979), Barnes et al., *Anal. Biochem.* 102: 255 (1980), Patente de
60 Estados Unidos Nos. 4,767,704; 4,657,866; 4,927,762; 4,560,655; o 5,122,469; WO 90/03430; WO 87/00195; o la Patente de Estados Unidos Re. 30,985 se pueden utilizar como medios de cultivo para las células huésped.

Cualquiera de estos medios se puede complementar, según sea necesario, con hormonas y/u otros factores de crecimiento (tales como insulina, transferrina o factor de crecimiento epidérmico), sales (tales como cloruro sódico, calcio, magnesio y fosfato), tampones (tales como HEPES), nucleótidos (tales como adenosina y timidina), antibióticos (tales como el fármaco GENTAMICINATM), elementos traza (definidos como compuestos inorgánicos presentes normalmente a concentraciones finales en el rango micromolar) y la glucosa o una fuente de energía equivalente. También se puede incluir cualquier otro complemento necesario en las concentraciones apropiadas que serían conocidas por un experto en la materia. Las condiciones de cultivo, tales como la temperatura, el pH y similares, son las utilizadas previamente con la célula huésped seleccionada para la expresión y será evidente para el experto en la materia.

10

5. Detección de la amplificación/expresión de los genes

[0232] La amplificación y/o expresión de los genes se puede medir en una muestra directamente, por ejemplo, mediante transferencia Southern convencional, transferencia Northern convencional para cuantificar la transcripción de ARNm [Thomas, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 77:5201-5205 (1980)], transferencia de puntos (análisis de ADN), o hibridación *in situ*, utilizando una sonda marcada apropiadamente, basada en las secuencias proporcionadas en la presente invención. Alternativamente, se pueden utilizar anticuerpos que pueden reconocer dobles cadenas específicas, incluyendo dobles cadenas de ADN, dobles cadenas de ARN, dobles cadenas híbridas de ADN-ARN o dobles cadenas de ADN-proteína. Los anticuerpos a su vez se pueden marcar y el ensayo se puede llevar a cabo cuando la doble cadena está unida a una superficie, de manera que tras la formación de la doble cadena en la superficie, se puede detectar la presencia de anticuerpos unidos a la doble cadena.

15

20

[0233] La expresión génica, alternativamente, se puede medir mediante procedimientos inmunológicos, tales como tinción inmunohistoquímica de células o secciones de tejido y el ensayo de cultivo de células o fluidos corporales, para cuantificar directamente la expresión del producto génico. Los anticuerpos útiles para la tinción inmunohistoquímica y/o el ensayo de fluidos de muestra pueden ser monoclonales o policlonales, y se pueden preparar en cualquier mamífero. Convenientemente, los anticuerpos se pueden preparar contra un polipéptido TASK de secuencia nativa o contra un péptido sintético basado en las secuencias de ADN proporcionadas en la presente invención o contra una secuencia exógena fusionada a ADN de TASK y que codifican un epítipo de anticuerpo específico.

25

30

6. Purificación de anticuerpo anti-TASK y polipéptido TASK

[0234] Las formas de anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK se pueden recuperar del medio de cultivo o de los lisatos de células huésped. Si está unido a membrana, se puede liberar de la membrana utilizando una solución de detergente adecuada (por ejemplo, Triton X-100) o mediante división enzimática. Las células utilizadas en la expresión del anticuerpo anti-TASK y polipéptido TASK se pueden romper mediante diversos medios físicos o químicos, tales como ciclos de congelación-descongelación, sonicación, destrucción mecánica, o agentes para lisar células.

35

40

[0235] Se puede desear purificar el anticuerpo anti-TASK y el polipéptido TASK a partir de proteínas o polipéptidos de células recombinantes. Los siguientes procedimientos son ejemplos de procedimientos de purificación adecuados: mediante fraccionamiento en una columna de intercambio iónico; precipitación con etanol; HPLC de fase inversa; cromatografía sobre sílice o una resina de intercambio catiónico, tal como DEAE; "cromatofocusing"; SDS-PAGE; precipitación con sulfato amónico; filtración en gel utilizando, por ejemplo, Sephadex G-75; columnas de proteína A sefarosa para eliminar contaminantes, tales como IgG, y columnas quelantes de metales para unir formas etiquetadas con epítipo del anticuerpo anti-TASK y el polipéptido TASK. Se pueden utilizar varios métodos de purificación de proteínas y dichos métodos son conocidos en la técnica y se describen, por ejemplo, en Deutscher, *Methods in Enzymology*, 182 (1990); Scopes, *Protein Purification: Principles and Practice*, Springer-Verlag, Nueva York (1982). La etapa o etapas de purificación seleccionadas dependerán, por ejemplo, de la naturaleza del proceso de producción utilizado y el anticuerpo anti-TASK o polipéptido TASK concreto producido.

45

50

[0236] Cuando se utilizan técnicas recombinantes, el anticuerpo se puede producir intracelularmente, en el espacio periplásmico, o se secreta directamente en el medio. Si el anticuerpo se produce intracelularmente, como primera etapa, se elimina el debris particulado, ya sean células huésped o fragmentos lisados, por ejemplo, mediante centrifugación o ultrafiltración. Carter et al., *Bio/Technology* 10:163-167 (1992) describen un procedimiento para aislar anticuerpos que se secretan al espacio periplásmico de *E. coli*. Brevemente, la pasta celular se descongela en presencia de acetato sódico (pH 3,5), EDTA y fluoruro de fenilmetilsulfonil (PMSF) durante aproximadamente 30 minutos. La debris celular se puede eliminar mediante centrifugación. Cuando el anticuerpo se secreta en el medio, los sobrenadantes de dichos sistemas de expresión en general se concentran en primer lugar utilizando un filtrador de concentración de proteínas disponible comercialmente, por ejemplo, una unidad de ultrafiltración Amicon o

55

60

Millipore Pellicon. Se puede incluir un inhibidor de proteasa, tal como PMSF, en cualquiera de las etapas anteriores para inhibir la proteólisis y se pueden incluir antibióticos para prevenir el crecimiento de contaminantes extraños.

- [0237]** La composición de anticuerpos preparada a partir de las células se puede purificar utilizando, por ejemplo, 5 cromatografía de hidroxapatita, electroforesis en gel, diálisis, y cromatografía de afinidad, siendo la cromatografía de afinidad la técnica de purificación preferida. La adecuación de la proteína A como ligando de afinidad depende de la especie y el isotipo de cualquier dominio Fc de inmunoglobulina que está presente en el anticuerpo. La proteína A se puede utilizar para purificar anticuerpos que se basan en cadenas pesadas $\gamma 1$, $\gamma 2$ o $\gamma 4$ humanas (Lindmark et al., J. Immunol. Meth. 62: 1-13 (1983)). La proteína G se recomienda para todos los isotipos de ratón y para $\gamma 3$ humana 10 (Guss et al., EMBO J. 5: 1565-1575 (1986)). La matriz a la que se une el ligando de afinidad es frecuentemente agarosa, pero hay otras matrices disponibles. Las matrices mecánicamente estables, tales como vidrio de poro controlado o poli(estirenodivinil)benceno permiten velocidades de flujo más elevadas y tiempos de procesamiento más cortos que los conseguidos con agarosa. Cuando el anticuerpo comprende un dominio C_{H3} , la resina Bakerbond ABX™ (J. T. Baker, Phillipsburg, NJ) es útil para la purificación. Otras técnicas para la purificación de proteínas, tales 15 como el fraccionamiento en una columna de intercambio iónico, precipitación con etanol, HPLC de Fase Inversa, cromatografía en sílice, cromatografía en heparina SEPHAROSE™, cromatografía en una resina de intercambio aniónica o catiónica (tal como una columna de ácido poliaspártico), cromatofoco ("chromatofocusing"), SDS-PAGE y precipitación con sulfato de amonio también están disponibles dependiendo del anticuerpo a recuperar.
- 20 **[0238]** Tras la etapa o etapas de purificación preliminares, la mezcla que comprende el anticuerpo de interés y contaminantes se puede someter a una cromatografía de interacción hidrofóbica de pH bajo utilizando un tampón de elución a un pH entre aproximadamente 2,5 y 4,5, preferiblemente se realiza a concentraciones bajas de sal (por ejemplo, de aproximadamente 0-0,25 M de sal).

25 J. Formulaciones farmacéuticas

- [0239]** Las formulaciones terapéuticas de los anticuerpos anti-TASK, oligopéptidos de unión a TASK, siARN de TASK, moléculas orgánicas de unión a TASK y/o polipéptidos TASK se preparan para su almacenamiento mediante la mezcla del anticuerpo, polipéptido, oligopéptido, siARN o molécula orgánica que tienen el grado deseado de 30 pureza con portadores, excipientes o estabilizantes opcionales farmacéuticamente aceptables (*Remington's Pharmaceutical Sciences* 16ª Edición, Osol, A. Ed. (1980)), en forma de formulaciones liofilizadas o soluciones acuosas. Los portadores, excipientes o estabilizantes aceptables son no tóxicos para los receptores en las dosis y concentraciones utilizadas, e incluyen tampones, tales como acetato, Tris, fosfato, citrato y otros ácidos orgánicos; antioxidantes que incluyen ácido ascórbico y metionina; conservantes (tales como, cloruro de octadecildimetilbencil 35 amonio; cloruro de hexametonio; cloruro de benzalconio, cloruro de benzetonio; fenol, alcohol butílico o bencílico; alquil parabens, tales como metil o propil paraben; catecol; resorcinol; ciclohexanol; 3-pentanol; y m-cresol); polipéptidos de peso molecular bajo (inferior a aproximadamente 10 residuos); proteínas, tales como albúmina de suero, gelatina, o inmunoglobulinas; polímeros hidrofílicos, tales como polivinilpirrolidona; aminoácidos, tales como glicina, glutamina, asparagina, histidina, arginina o lisina; monosacáridos, disacáridos y otros carbohidratos que 40 incluyen glucosa, manosa o dextrinas; agentes quelantes, tales como EDTA; tonificantes, tales como trehalosa y cloruro sódico; azúcares, tales como sacarosa, manitol, trehalosa o sorbitol; tensoactivos, tales como polisorbato; contraiones formadores de sales, tales como sodio; complejos de metales (por ejemplo, complejos de Zn-proteína); y/o tensoactivos no iónicos, tales como TWEEN™, PLURONICS™ o polietilenglicol (PEG). El anticuerpo comprende preferiblemente el anticuerpo a una concentración entre 5 y 200 mg/ml, preferiblemente entre 10 y 100 mg/ml.
- 45 **[0240]** La formulación de la presente invención también puede contener más de un compuesto activo, según sea necesario, para la enfermedad concreta a tratar, preferiblemente aquellos con actividades complementarias que no afectan de forma adversa entre sí. Por ejemplo, además del anticuerpo anti-TASK, oligopéptido de unión a TASK, siARN de TASK o molécula orgánica de unión a TASK, puede ser deseable incluir en la formulación un anticuerpo 50 adicional, por ejemplo, un segundo anticuerpo anti-TASK que se une a un epítipo diferente en el polipéptido TASK, o un anticuerpo para alguna otra diana, tal como un factor de crecimiento que afecta al crecimiento del cáncer concreto. Alternativamente, o adicionalmente, la composición puede comprender además un agente quimioterapéutico, un agente citotóxico, una citoquina, un agente inhibidor del crecimiento, un agente anti-hormonal, y/o un cardioprotector. Dichas moléculas están presentes de forma adecuada combinadas en cantidades que son 55 eficaces para el objetivo pretendido.

- [0241]** Los principios activos también pueden estar contenidos en microcápsulas preparadas, por ejemplo, mediante técnicas de coacervación o mediante polimerización entre fases, por ejemplo, hidroximetilcelulosa o microcápsulas de gelatina y microcápsulas de poli(metilmetacrilato), respectivamente, en sistemas de liberación de fármacos 60 coloidales (por ejemplo, liposomas, microesferas de albúmina, microemulsiones, nanopartículas y nanocápsulas) o en macroemulsiones. Dichas técnicas se describen en *Remington's Pharmaceutical Sciences* 16ª Edición, Osol, A.

Ed. (1980).

[0242] Se pueden preparar preparaciones de liberación controlada. Entre los ejemplos adecuados de preparaciones de liberación controlada se incluyen matrices semipermeables de polímeros hidrofóbicos sólidos que contienen el anticuerpo, cuyas matrices están en forma de artículos conformados, por ejemplo, películas o microcápsulas. Entre los ejemplos de matrices de liberación controlada se incluyen poliésteres, hidrogeles (por ejemplo, poli(2-hidroxietilmetacrilato) o poli(vinilalcohol)), poliláctidos (Patente de Estados Unidos No. 3.773.919), copolímeros de ácido L-glutámico y γ -etil-L-glutamato, copolímeros de etileno-acetato de vinilo no degradables, copolímeros de ácido láctico-ácido glicólico degradables, tales como el LUPRON DEPOT™ (microesferas inyectables compuestas de copolímero de ácido láctico-ácido glicólico y acetato de leuprolide) y ácido poli-D(-)-3-hidroxitúrico.

[0243] Las formulaciones a utilizar para la administración in vivo deben ser estériles. Esto se consigue fácilmente mediante la filtración a través de membranas de filtración estériles.

15 K. Diagnóstico y tratamiento con anticuerpos Anti-TASK, oligopéptidos de unión a TASK, siARN de TASK y moléculas orgánicas de unión a TASK

[0244] Para determinar la expresión de TASK en el cáncer, están disponibles varios ensayos de diagnóstico. En una realización, la sobreexpresión del polipéptido TASK puede analizarse mediante inmunohistoquímica (IHC). Las secciones de tejido bañadas en parafina de una biopsia de tumor pueden someterse al ensayo IHC y acordarse unos criterios de intensidad de tinción de la proteína TASK tal y como se indica a continuación:

Valoración 0 – no se observa tinción o se observa una tinción de membrana en menos del 10% de células tumorales.

25 Valoración 1+ - se detecta una tinción de membrana débil/apenas perceptible en más del 10% de las células tumorales. Las células sólo se tiñen en parte de sus membranas.

30 Valoración 2+ - se observa una tinción de membrana completa de débil a moderada en más del 10% de las células tumorales.

Valoración 3+ - se observa una tinción de membrana completa de moderada a fuerte en más del 10% de las células tumorales.

35 **[0245]** Los tumores con una valoración 0 ó 1+ para la expresión de polipéptido TASK pueden caracterizarse como que no sobreexpresan TASK, mientras que los tumores con resultados 2+ o 3+ pueden caracterizarse como que sobreexpresan TASK.

40 **[0246]** Alternativamente, o adicionalmente, pueden realizarse ensayos FISH tal como el INFORM® (vendido por Ventana, Arizona) o PATHVISION® (Vysis, Illinois) en tejido tumoral fijado a formalina y bañado en parafina para determinar el grado (si lo hay) de sobreexpresión de TASK en el tumor.

45 **[0247]** Puede evaluarse la amplificación o la sobreexpresión de TASK utilizando un ensayo de diagnóstico *in vivo*, por ejemplo, mediante la administración de una molécula (como un anticuerpo, un oligopéptido o una molécula orgánica) que se une a la molécula a detectar y que está marcado con una etiqueta detectable (por ejemplo, un isótopo radioactivo o un marcador fluorescente) y el rastreo externo del paciente para la localización del marcador.

50 **[0248]** Tal y como se describe anteriormente, los anticuerpos anti-TASK, oligopéptidos y moléculas orgánicas tienen varias aplicaciones no terapéuticas. Los anticuerpos anti-TASK, oligopéptidos y moléculas orgánicas de la presente invención pueden ser útiles para el diagnóstico y determinación del estadio de cánceres que expresan los polipéptidos TASK (por ejemplo, en radioimagen). Los anticuerpos, oligopéptidos y moléculas orgánicas también son útiles para la purificación o la inmunoprecipitación de polipéptido TASK a partir de células, para la detección y la cuantificación de polipéptido TASK *in vitro*, por ejemplo, en un ELISA o una transferencia Western, para matar y eliminar células que expresan TASK de una población de células mezcladas como una etapa en la purificación de las otras células.

60 **[0249]** Actualmente, dependiendo del estadio del cáncer, el tratamiento del cáncer implica una o una combinación de las siguientes terapias: cirugía para eliminar el tejido canceroso, radioterapia, y quimioterapia. La terapia con anticuerpo anti-TASK, oligopéptido, siARN o molécula orgánica puede ser deseable especialmente en pacientes ancianos que no toleran bien la toxicidad y los efectos secundarios de la quimioterapia y en enfermedad metastásica donde la radioterapia tiene una utilidad limitada. Los anticuerpos anti-TASK, oligopéptidos, siARN y moléculas

- orgánicas que reconocen tumores de la presente invención son útiles para aliviar los cánceres que expresan TASK tras su diagnóstico inicial de la enfermedad o durante la recaída. Para aplicaciones terapéuticas, el anticuerpo anti-TASK, oligopéptido, siARN o molécula orgánica pueden utilizarse solos, o en terapia de combinación con, por ejemplo, hormonas, antiangiogénos, o compuestos radiomarcados, o con cirugía, crioterapia, y/o radioterapia. El
- 5 tratamiento con anticuerpo anti-TASK, oligopéptido, siARN o molécula orgánica puede administrarse conjuntamente con otras formas de terapia convencional, ya sea consecutivamente con, terapia pre- o post-convencional. Se utilizan fármacos quimioterapéuticos, tales como TAXOTERE® (docetaxel), TAXOL® (paclitaxel), estramustina y mitoxantrona, en el tratamiento del cáncer, en concreto, en pacientes con riesgo. En los métodos actuales de la invención para tratar o aliviar el cáncer, a los pacientes de cáncer se les puede administrar anticuerpo anti-TASK,
- 10 oligopéptido, siARN o molécula orgánica conjuntamente con el tratamiento con uno o más de los agentes quimioterapéuticos anteriores. En concreto, se contempla la terapia de combinación con paclitaxel y derivados modificados (ver, por ejemplo, EP0600517). Se administrará el anticuerpo anti-TASK, oligopéptido, siARN o molécula orgánica con una dosis terapéuticamente efectiva del agente quimioterapéutico. En otra realización, se administra el anticuerpo anti-TASK, oligopéptido, siARN o molécula orgánica conjuntamente con quimioterapia para
- 15 potenciar la actividad y la eficacia del agente quimioterapéutico, por ejemplo, paclitaxel. La Physicians' Desk Reference (PDR) describe dosis de estos agentes que han sido utilizados en el tratamiento de varios cánceres. El régimen de dosificación y la dosis de estos fármacos quimioterapéuticos anteriormente mencionados que son efectivos terapéuticamente dependerán del cáncer concreto que se trata, la extensión de la enfermedad y otros factores familiares para los médicos expertos en la materia y pueden ser determinados por el médico.
- 20
- [0250]** Se puede administrar al paciente un conjugado que comprende un anticuerpo anti-TASK, oligopéptido, siARN o molécula orgánica conjugados con un agente citotóxico. Preferiblemente, el inmunconjugado unido a la proteína TASK es internalizado por la célula, dando lugar a una eficacia terapéutica incrementada del inmunconjugado en la citólisis de la célula cancerosa a la que se une. En una realización preferente, el agente citotóxico reconoce o
- 25 interfiere con el ácido nucleico en la célula cancerosa. Anteriormente se han descrito ejemplos de dichos agentes citotóxicos y se incluyen maitansinoides, caliqueamicinas, ribonucleasas y ADN endonucleasas.
- [0251]** Se administran los anticuerpos anti-TASK, oligopéptidos, siARN, moléculas orgánicas o conjugados a toxina de los mismos a un paciente humano, según los procedimientos conocidos, tales como administración intravenosa,
- 30 por ejemplo, como un bolo o mediante infusión continua durante un periodo de tiempo, por vía intramuscular, intraperitoneal, intracerebrospinal, subcutánea, intraarticular, intrasinovial, intratecal, oral, tópica, o inhalación. Se prefiere la administración intravenosa o subcutánea del anticuerpo, oligopéptido, o molécula orgánica.
- [0252]** Otros regímenes terapéuticos pueden combinarse con la administración del anticuerpo anti-TASK, oligopéptido, o molécula orgánica. La administración combinada incluye la co-administración, utilizando formulaciones separadas o una formulación farmacéutica única, y la administración consecutiva en cualquier orden, donde preferiblemente hay un periodo de tiempo en el que ambos (o todos) los agentes activos ejercen simultáneamente sus actividades biológicas. Preferiblemente, dicha terapia combinada da lugar a un efecto
- 35 terapéutico sinérgico.
- 40
- [0253]** También puede ser deseable combinar la administración del anticuerpo o anticuerpos anti-TASK, oligopéptidos, o moléculas orgánicas con la administración de un anticuerpo dirigido contra otro antígeno tumoral asociado con el cáncer concreto.
- 45 **[0254]** En otra realización, el tratamiento terapéutico implica la administración combinada de un anticuerpo anti-TASK (o anticuerpos), oligopéptidos o moléculas orgánicas y uno o más agentes quimioterapéuticos o agentes inhibidores del crecimiento, incluyendo la coadministración de cócteles de diferentes agentes quimioterapéuticos. Entre los agentes quimioterapéuticos se incluyen fosfato de estramustina, prednimustina, cisplatino, 5-fluorouracilo, melfalano, ciclofosfamida, hidroxurea e hidroxureataxanos (tales como, paclitaxel y doxetaxel) y/o antibióticos de
- 50 antraciclina. La preparación y pautas de dosificación para dichos agentes quimioterapéuticos se pueden utilizar según las instrucciones de los fabricantes o tal como se determina empíricamente por el técnico en la materia. La preparación y pautas de dosificación para dicha quimioterapia también se describen en Chemotherapy Service Ed., M.C. Perry, Williams & Wilkins, Baltimore, MD (1992).
- 55 **[0255]** El anticuerpo, oligopéptido o molécula orgánica se pueden combinar con un compuesto anti-hormonal, por ejemplo, un compuesto anti-estrógeno, tal como tamoxifeno; una anti-progesterona, tal como onapristona (véase, EP 616 812); o un anti-andrógeno, tal como flutamida, en dosis conocidas para dichas moléculas. Cuando el cáncer a tratar es un cáncer independiente de andrógeno, el paciente puede haber sido sometido previamente a terapia anti-andrógeno y, después de que el cáncer se convierta en independiente de andrógeno, se puede administrar al
- 60 paciente el anticuerpo anti-TASK, oligopéptido o molécula orgánica (y opcionalmente otros agentes tal como se describen en la presente invención).

- [0256]** A veces, puede ser beneficioso coadministrar también un cardioprotector (para evitar o reducir la disfunción miocardiaca asociada con la terapia) o una o más citoquinas al paciente. Además de los regímenes terapéuticos anteriores, el paciente se puede someter a una extracción quirúrgica de células cancerosas y/o terapia de radiación, antes, simultáneamente o posteriormente a la terapia con anticuerpos, oligopéptidos o moléculas orgánicas. Las dosis adecuadas para cualquiera de los agentes coadministrados anteriores son aquellas utilizadas actualmente y pueden disminuir debido a la acción combinada (sinergia) del agente y el anticuerpo anti-TASK, oligopéptido o molécula orgánica.
- 10 **[0257]** Para la prevención o el tratamiento de la enfermedad, la dosis y el modo de administración serán elegidos por el médico según criterios conocidos. La dosis apropiada de anticuerpo, oligopéptido o molécula orgánica dependerá del tipo de enfermedad a tratar, tal y como se ha definido anteriormente, la gravedad y la evolución de la enfermedad, si el anticuerpo, oligopéptido o molécula orgánica se administran con objetivos de prevención o terapéuticos, terapia previa, el historial clínico del paciente y la respuesta al anticuerpo, oligopéptido o molécula orgánica y el criterio del médico responsable. El anticuerpo, oligopéptido o molécula orgánica se administran de forma adecuada al paciente de una vez o durante una serie de tratamientos. Preferiblemente, el anticuerpo, oligopéptido o molécula orgánica se administran mediante infusión intravenosa o mediante inyecciones subcutáneas. Dependiendo del tipo y gravedad de la enfermedad, aproximadamente de 1 $\mu\text{g}/\text{kg}$ hasta 50 mg/kg de peso corporal (por ejemplo, aproximadamente 0,1-15 mg/kg/dosis) de anticuerpo puede ser una dosis candidata inicial para la administración al paciente, ya sea, mediante, por ejemplo, mediante una o más administraciones separadas, o mediante infusión continua. Una pauta de dosificación puede comprender administrar una dosis de carga inicial de aproximadamente 4 mg/kg, seguido de una dosis de mantenimiento semanal de aproximadamente 2 mg/kg del anticuerpo anti-TASK. Sin embargo, pueden ser útiles otras pautas de dosificación. Una dosis diaria habitual podría variar desde, aproximadamente, 1 $\mu\text{g}/\text{kg}$ a 100 mg/kg o más, dependiendo de los factores mencionados anteriormente. Para administraciones repetidas durante varios días o más, dependiendo de la enfermedad, el tratamiento se mantiene hasta que tiene lugar la desaparición deseada de los síntomas de la enfermedad. El progreso de esta terapia se puede monitorizar fácilmente mediante técnicas y ensayos convencionales y en base a criterios conocidos para el médico u otras personas expertas.
- 20 **[0258]** A parte de la administración de la proteína anticuerpo al paciente, la presente solicitud contempla la administración del anticuerpo mediante terapia génica. Dicha administración de ácido nucleico que codifica el anticuerpo esta comprendida por la expresión "administrar una cantidad terapéuticamente eficaz de un anticuerpo". Véase, por ejemplo, WO96/07321 publicada el 14 de marzo de 1996 que se refiere al uso de la terapia génica para generar anticuerpos intracelulares.
- 30 **[0259]** Existen dos estrategias principales para introducir el ácido nucleico (opcionalmente contenido en un vector) en las células del paciente; *in vivo* y *ex vivo*. Para la liberación *in vivo*, el ácido nucleico se inyecta directamente en el paciente, normalmente en el punto donde se necesita el anticuerpo. Para el tratamiento *ex vivo*, se extraen las células del paciente, el ácido nucleico se introduce en estas células aisladas y se administran las células modificadas al paciente, ya sea directamente o, por ejemplo, encapsuladas en membranas porosas que se implantan en el paciente (véase, por ejemplo, las Patentes de Estados Unidos Nos. 4.892.538 y 5.283.187). Existen una serie de técnicas disponibles para introducir ácidos nucleicos en células viables. Las técnicas varían dependiendo de si el ácido nucleico se transfiere en células cultivadas *in vitro*, o *in vivo* en las células del huésped pretendido. Las técnicas adecuadas para la transferencia de ácido nucleico en células de mamíferos *in vitro* incluyen el uso de liposomas, electroporación, microinyección, fusión celular, DEAE-dextrano, el método de precipitación con fosfato de calcio, etc. Un vector utilizado normalmente para la liberación *ex vivo* del gen es un vector retroviral.
- 35 **[0260]** Entre las técnicas actuales de transferencia de ácido nucleico *in vivo* preferidas se incluyen la transfección con vectores virales (tales como adenovirus, virus del herpes simplex I, o virus adenoasociados) y sistemas basados en lípidos (lípidos útiles para la transferencia mediada por lípidos del gen son, por ejemplo, DOTMA, DOPE y DC-Chol). Para una revisión de los protocolos de marcaje génico y terapia génica actualmente conocidos, véase Anderson et al., Science 256: 808-813 (1992). Véase también WO 93/25673 y las referencias citadas en la misma.
- 40 **[0261]** Los anticuerpos anti-TASK de la invención pueden estar en las diferentes formas comprendidas por la definición de "anticuerpo" de la presente invención. De este modo, los anticuerpos incluyen anticuerpos de longitud completa o intactos, fragmentos de anticuerpos, variantes de anticuerpo o aminoácidos de secuencia nativa, anticuerpos humanizados, quiméricos o de fusión, inmunconjugados y fragmentos funcionales de los mismos. En los anticuerpos de fusión, se fusiona una secuencia de anticuerpo a una secuencia de polipéptido heteróloga. Los anticuerpos se pueden modificar en la región Fc para proporcionar las funciones efectoras deseadas. Tal como se describe en detalle en las secciones de la presente invención, con las regiones Fc apropiadas, el anticuerpo desnudo unido en la superficie celular puede inducir citotoxicidad, por ejemplo, a través de la citotoxicidad celular
- 45
- 50
- 55
- 60

dependiente de anticuerpo (ADCC) o mediante el reclutamiento de complemento en citotoxicidad dependiente de complemento, o algún otro mecanismo. Alternativamente, se pueden utilizar algunas otras regiones Fc cuando es deseable eliminar o reducir la función efectora para minimizar los efectos secundarios o las complicaciones terapéuticas.

5

[0262] En una realización, el anticuerpo compite por la unión o por unirse sustancialmente al mismo epítipo que los anticuerpos de la invención. También se contemplan los anticuerpos que tienen características biológicas de los presentes anticuerpos anti-TASK de la invención, específicamente incluyendo el reconocimiento de tumores *in vivo* y cualquier inhibición de proliferación celular o características citotóxicas.

10

[0263] Los métodos para producir los anticuerpos anteriores se describen en detalle aquí.

[0264] Los presentes anticuerpos anti-TASK, oligopéptidos, siARN o moléculas orgánicas son útiles para tratar un cáncer que expresa TASK o aliviar uno o más síntomas del cáncer en un mamífero. Dicho cáncer incluye cáncer de próstata, cáncer del tracto urinario, cáncer de pulmón, cáncer de mama, cáncer de colon, cáncer colorrectal y cáncer de ovario, más específicamente, adenocarcinoma de próstata, carcinomas de células renales, adenocarcinomas colorrectales, adenocarcinomas de pulmón, carcinomas de células escamosas de pulmón, y mesotelioma pleural. Los cánceres comprenden cánceres metastáticos de cualquiera de los anteriores. El anticuerpo, oligopéptido, siARN o molécula orgánica son capaces de unirse a por lo menos una parte de las células cancerosas que expresan el polipéptido TASK en el mamífero. En una realización preferida, el anticuerpo, oligopéptido, siARN o molécula orgánica son eficaces para destruir o eliminar células tumorales que expresan TASK o para inhibir el crecimiento de dichas células tumorales, *in vitro* o *in vivo*, tras la unión al polipéptido TASK en la célula. Dicho anticuerpo incluye un anticuerpo anti-TASK desnudo (no conjugado a ningún agente). Los anticuerpos desnudos que tienen propiedades citotóxicas o de inhibición del crecimiento celular se pueden aprovechar adicionalmente con un agente citotóxico para hacerlos incluso más potentes en la destrucción de células tumorales. Las propiedades citotóxicas se pueden conferir a un anticuerpo anti-TASK mediante, por ejemplo, la conjugación del anticuerpo con un agente citotóxico, para formar un inmunocombinado tal como se describe aquí. El agente citotóxico o el agente inhibidor del crecimiento es preferiblemente una molécula pequeña. Son preferibles las toxinas tales como caliqueamicina o un maitansinoide y análogos o derivados de las mismas.

30

[0265] En la presente invención se describe una composición que comprende un anticuerpo anti-TASK, oligopéptido, siARN o molécula orgánica de la invención y un portador. Para los objetivos del tratamiento del cáncer, las composiciones se pueden administrar al paciente con necesidad de dicho tratamiento, donde la composición puede comprender uno o más anticuerpos anti-TASK presentes como un inmunocombinado o como el anticuerpo desnudo. Las composiciones pueden comprender estos anticuerpos, oligopéptidos, siARN o moléculas orgánicas en combinación con otros agentes terapéuticos, tales como agentes citotóxicos o inhibidores del crecimiento, incluyendo agentes quimioterapéuticos. También se describen formulaciones que comprenden un anticuerpo anti-TASK, oligopéptido, siARN o molécula orgánica de la invención y un portador. La formulación puede ser una formulación terapéutica que comprende un portador farmacéuticamente aceptable.

40

[0266] Otro aspecto se refiere a ácidos nucleicos aislados que codifican los anticuerpos anti-TASK. Se comprenden ácidos nucleicos que codifican las cadenas H y L y especialmente los residuos de la región hipervariable, cadenas que codifican el anticuerpo de secuencia nativa, así como variantes, modificaciones y versiones humanizadas del anticuerpo.

45

[0267] La presente invención también se refiere a métodos útiles para tratar un cáncer que expresa el polipéptido TASK o que alivia uno o más síntomas del cáncer en un mamífero, que comprende administrar una cantidad terapéuticamente eficaz de un anticuerpo anti-TASK al mamífero. Las composiciones terapéuticas de anticuerpo se pueden administrar a corto plazo (agudo) o de forma crónica, o intermitente según indique el médico. Además, se proporcionan métodos de inhibición del crecimiento y citólisis de una célula que expresa el polipéptido TASK.

50

[0268] También se describen en la presente invención kits y artículos de fabricación que comprenden por lo menos un anticuerpo anti-TASK, oligopéptido, siARN o molécula orgánica. Los kits que contienen anticuerpos anti-TASK, oligopéptidos, siARN o moléculas orgánicas son útiles, por ejemplo, para ensayos de citólisis de células TASK, para la purificación o inmunoprecipitación de polipéptido TASK a partir de las células. Por ejemplo, para el aislamiento y purificación de TASK, el kit puede contener un anticuerpo anti-TASK, oligopéptido o molécula orgánica acoplados a esferas (por ejemplo, esferas de sefarosa). Los kits se pueden disponer conteniendo los anticuerpos, oligopéptidos, o moléculas orgánicas para la detección y cuantificación de TASK *in vitro*, por ejemplo, en un ELISA o una transferencia Western. Dicho anticuerpo, oligopéptido, o molécula orgánica útil para la detección se pueden disponer con un marcador, tal como un fluorescente o radiomarcador.

60

L. Artículos de fabricación y kits

[0269] También se describe en la presente invención un artículo de fabricación que contiene materiales útiles para el tratamiento del cáncer que expresa anti-TASK. El artículo de fabricación comprende un recipiente y una etiqueta o prospecto en el recipiente o asociado con el mismo. Entre los recipientes adecuados se incluyen, por ejemplo, botellas, viales, jeringas, etc. Los recipientes pueden estar formados de una variedad de materiales, tales como vidrio o plástico. El recipiente contiene una composición que es eficaz para el tratamiento del cáncer y puede tener un puerto de acceso estéril (por ejemplo, el recipiente puede ser una bolsa o vial de solución intravenosa que tiene un tapón penetrable por una aguja de inyección hipodérmica). Por lo menos un agente activo en la composición es un anticuerpo anti-TASK, oligopéptido, o molécula orgánica de la invención. La etiqueta o prospecto indica que la composición se utiliza para el tratamiento del cáncer. La etiqueta o prospecto comprenderán además instrucciones para administrar una composición con el anticuerpo, el oligopéptido, o molécula orgánica al paciente con cáncer. Adicionalmente, el artículo de fabricación puede comprender además un segundo recipiente que comprende un tampón farmacéuticamente aceptable, tal como agua bacteriostática para inyección (BWFI), una solución salina tamponada con fosfato, solución de Ringer y solución de dextrosa. Puede incluir también otros materiales deseables desde un punto de vista comercial y del usuario, incluyendo otros tampones, diluyentes, filtros, agujas y jeringas.

[0270] También se describen kits que son útiles para varios objetivos, por ejemplo, para ensayos para citólisis de células que expresan TASK, para la purificación o inmunoprecipitación de polipéptidos TASK a partir de células. Para el aislamiento y purificación de polipéptido TASK, el kit puede contener un anticuerpo anti-TASK, oligopéptido, siARN o molécula orgánica acoplados a esferas (por ejemplo, esferas de sefarsa). Los kits se pueden disponer conteniendo los anticuerpos, oligopéptidos, o moléculas orgánicas para la detección y cuantificación de polipéptido TASK *in vitro*, por ejemplo, en un ELISA o una transferencia Western. Como con el artículo de fabricación, el kit comprende un recipiente y una etiqueta o prospecto en o asociados con el recipiente. El recipiente contiene una composición que comprende por lo menos un anticuerpo anti-TASK, oligopéptido, o molécula orgánica de la invención. Se pueden incluir recipientes adicionales que contienen, por ejemplo, diluyentes, tampones y anticuerpos de control. La etiqueta o prospecto pueden proporcionar una descripción de la composición, así como instrucciones para el uso *in vitro* o de diagnóstico pretendido.

30 M. Usos para polipéptidos TASK y ácidos nucleicos que codifican el polipéptido TASK

[0271] Las secuencias de nucleótidos (o su complemento) que codifican polipéptidos TASK tienen varias aplicaciones en el sector de la biología molecular, incluyendo usos como sondas de hibridación, en mapeo cromosómico y génico y en la generación de ARN anti-sentido, siARN y sondas de ADN. El ácido nucleico que codifica TASK también será útil para la preparación de polipéptidos TASK mediante las técnicas recombinantes descritas en la presente invención, en la que estos polipéptidos TASK pueden ser útiles, por ejemplo, en la preparación de anticuerpos anti-TASK tal y como se describe en la presente invención.

[0272] El gen TASK de secuencia nativa y longitud completa, o partes del mismo, puede utilizarse como sondas de hibridación para una biblioteca de ADNc para aislar el ADNc de TASK de longitud completa o para aislar otros ADNcs (por ejemplo, los que codifican variantes naturales de TASK o TASK de otras especies) que tienen una identidad de secuencia deseada con la secuencia de TASK nativa descrita en la presente invención. Opcionalmente, la longitud de las sondas será de aproximadamente 20 hasta aproximadamente 50 bases. Las sondas de hibridación pueden derivarse de regiones por lo menos parcialmente nuevas de la secuencia de nucleótidos nativa de longitud completa en las que se pueden determinar estas regiones sin demasiada experimentación o a partir de secuencias genómicas incluyendo promotores, elementos potenciadores e intrones de TASK de secuencia nativa. A modo de ejemplo, un procedimiento de cribado comprenderá el aislamiento de la región codificante del gen de TASK utilizando la secuencia de ADN conocida para sintetizar una sonda seleccionada de aproximadamente 40 bases. Las sondas de hibridación pueden marcarse mediante una serie de marcadores, incluyendo radionucleótidos como el ³²P o ¹⁵S, o marcadores enzimáticos tales como la fosfatasa alcalina acoplada a la sonda mediante sistemas de acoplamiento de avidina/biotina. Las sondas que tienen una secuencia complementaria con aquellas del gen de TASK de la presente invención se pueden utilizar para cribar bibliotecas de ADNc humano, ADN genómico o ARNm para determinar a qué miembros de dichas bibliotecas se hibrida la sonda. En los Ejemplos de más adelante se describen técnicas de hibridación con mayor detalle. Cualquiera de las secuencias EST descritas en la presente solicitud pueden emplearse de forma similar como sondas, utilizando los procedimientos descritos en la presente invención.

[0273] Otros fragmentos útiles de los ácidos nucleicos que codifican TASK incluyen oligonucleótidos antisentido (no codificante) o sentido que comprenden una secuencia de ácido nucleico de cadena sencilla (ya sea ARN o ADN) capaz de unirse a las secuencias de ARNm de TASK diana (sentido) o de ADN de TASK (antisentido). Los oligonucleótidos antisentido o sentido, según la presente invención, comprenden un fragmento de la región que

codifica del ADN de TASK. Dicho fragmento generalmente comprende por lo menos aproximadamente 14 nucleótidos, preferiblemente desde aproximadamente 14 hasta 30 nucleótidos. La capacidad de derivar un oligonucleótido antisentido o un sentido, en base a una secuencia de ADNc que codifica una proteína determinada se describe en, por ejemplo, Stein y Cohen (Cancer Res, 48:2659,1988) y van der Krol et al. (BioTechniques 6:958, 5 1988).

[0274] La unión de oligonucleótidos antisentido o sentido a las secuencias de ácido nucleico diana da lugar a la formación de cadenas dobles que bloquean la transcripción o la traducción de la secuencia diana mediante uno de varios medios, incluyendo la mayor degradación de las cadenas dobles, la finalización prematura de la transcripción o la traducción, o por otros medios. Dichos procedimientos están comprendidos por la presente invención. De este modo, los oligonucleótidos antisentido pueden utilizarse para bloquear la expresión de las proteínas TASK, en las que esas proteínas TASK pueden jugar un papel en la inducción del cáncer en mamíferos. Los oligonucleótidos antisentido o sentido comprenden además oligonucleótidos que tienen esqueletos de azúcar-fosfodiéster modificados (u otros enlaces de azúcar, como los descritos en WO 91/06629) y en los cuales dichos enlaces de 15 azúcar son resistentes a nucleasas endógenas. Dichos oligonucleótidos con enlaces de azúcar resistentes son estables *in vivo* (es decir, son capaces de resistir la degradación enzimática), pero mantienen la especificidad de secuencia para ser capaz de unirse a las secuencias de nucleótidos diana.

[0275] Otros ejemplos de oligonucleótidos sentido o antisentido incluyen aquellos oligonucleótidos que se unen covalentemente a grupos orgánicos, tales como los descritos en WO 90/10048, y otros grupos que incrementan la afinidad del oligonucleótido por una secuencia de ácido nucleico diana, como por ejemplo poli-(L-lisina). Además, pueden unirse agentes intercalantes, tales como la elipticina, y agentes alquilantes o complejos metálicos a los oligonucleótidos sentido o antisentido para modificar especificidades de unión del oligonucleótido antisentido o sentido por la secuencia de nucleótidos diana.

[0276] Pueden introducirse oligonucleótidos sentido o antisentido dentro de una célula que contiene la secuencia de ácidos nucleicos diana mediante cualquier método de transferencia de genes, incluyendo, por ejemplo, transfección de ADN mediada por CaPO_4 , electroporación, o mediante el uso de vectores de transferencia de genes, tales como el virus Epstein-Barr. En un procedimiento preferido, se inserta un oligonucleótido antisentido o sentido dentro de un vector retroviral adecuado. Se pone en contacto una célula que contiene la secuencia de ácidos nucleicos diana con el vector retroviral recombinante, ya sea *in vivo* o *ex vivo*. Los vectores retrovirales adecuados incluyen, pero sin limitación, aquellos derivados del retrovirus murino M-MuLV, N2 (un retrovirus derivado de M-MuLV), o los vectores de copia doble denominados DCT5A, DCT5B y DCT5C (ver WO 90/13641).

[0277] También pueden introducirse oligonucleótidos sentido o antisentido dentro de una célula que contiene la secuencia de nucleótidos diana mediante la formación de un conjugado con una molécula de unión a ligando, tal y como se describe en WO 91/04753. Las moléculas de unión a ligando incluyen, pero sin limitación, receptores de superficie celular, factores de crecimiento, otras citocinas, u otros ligandos que se unen a receptores de la superficie celular. Preferentemente, la conjugación de la molécula de unión a ligando no interfiere sustancialmente con la capacidad de la molécula de unión a ligando de unirse a su molécula o receptor correspondiente, o de bloquear la entrada de oligonucleótido sentido o antisentido o su versión conjugada dentro de la célula.

[0278] De modo alternativo, un oligonucleótido sentido o antisentido puede introducirse dentro de una célula que contenga la secuencia de ácido nucleico diana mediante la formación de un complejo oligonucleótido-lípido, tal y como se describe en WO 90/10448. Preferentemente el complejo oligonucleótido sentido o antisentido-lípido se disocia dentro de la célula por una lipasa endógena.

[0279] Las moléculas de ARN o ADN antisentido o sentido tienen generalmente por lo menos aproximadamente 5 nucleótidos de longitud, de modo alternativo por lo menos aproximadamente 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 35, 40, 45, 50, 55, 60, 65, 70, 75, 80, 85, 90, 95, 100, 105, 110, 115, 120, 125, 130, 135, 140, 145, 150, 155, 160, 165, 170, 175, 180, 185, 190, 195, 200, 210, 220, 230, 240, 250, 260, 270, 280, 290, 300, 310, 320, 330, 340, 350, 360, 370, 380, 390, 400, 410, 420, 430, 440, 450, 460, 470, 480, 490, 500, 510, 520, 530, 540, 550, 560, 570, 580, 590, 600, 610, 620, 630, 640, 650, 660, 670, 680, 690, 700, 710, 720, 730, 740, 750, 760, 770, 780, 790, 800, 810, 820, 830, 840, 850, 860, 870, 880, 890, 900, 910, 920, 930, 940, 55 950, 960, 970, 980, 990, o 1000 nucleótidos de longitud, donde en este contexto el término "aproximadamente" significa la longitud de secuencia de nucleótidos referida más o menos un 10% de la longitud de referencia.

[0280] De modo alternativo, puede generarse un ARN de doble cadena. Los ARNs de doble cadena que tienen menos de 30 nucleótidos de longitud inhibirán la expresión de genes específicos cuando se introducen en una célula. Este mecanismo se conoce como interferencia mediada por ARN (ARNi) y los ARNs pequeños (menos de 30 nucleótidos) utilizados como reactivo son conocidos como siARNs. Pueden identificarse y sintetizarse los ARN que

interfieren en TASK utilizando procedimientos conocidos (Shi Y., Trends in Genetics 19(1):9-12 (2003), WO/2003056012 y WO2003064621). Los siARNs son útiles para reducir la cantidad de expresión génica en condiciones en las que una reducción en la expresión del gen diana aliviaría la enfermedad o el trastorno.

5 **[0281]** Las sondas también pueden emplearse en técnicas de PCR para generar un grupo de secuencias para la identificación de secuencias que codifican TASK estrechamente relacionadas.

[0282] También pueden utilizarse secuencias de nucleótidos que codifican una TASK para construir sondas de hibridación para localizar el gen que codifica esa TASK y para el análisis genético de individuos con trastornos
10 genéticos. Las secuencias de nucleótidos proporcionadas en la presente invención pueden localizarse en un cromosoma y en regiones específicas de un cromosoma utilizando técnicas conocidas, como por ejemplo la hibridación *in situ*, análisis de unión contra marcadores cromosómicos conocidos, y el cribado por hibridación con bibliotecas.

15 **[0283]** Cuando las secuencias que codifican para TASK codifican una proteína que se une a otra proteína (ejemplo, cuando la TASK es un receptor), puede utilizarse la TASK en ensayos para identificar las otras proteínas o moléculas implicadas en la interacción de la unión. Mediante dichos procedimientos, pueden identificarse inhibidores de la interacción de la unión receptor/ligando. También pueden utilizarse proteínas implicadas en dichas interacciones de unión para cribar inhibidores o agonistas de péptidos o moléculas pequeñas de la interacción de
20 unión. Además, puede utilizarse el TASK receptor para aislar un ligando o ligandos correlativos. Pueden diseñarse ensayos de cribado para hallar compuestos principales que mimetizan la actividad biológica de una TASK nativa o un receptor para TASK. Dichos ensayos de cribado incluirán ensayos susceptibles de cribado de alto rendimiento de bibliotecas químicas, haciendo que sean especialmente adecuados para identificar candidatos de fármacos de molécula pequeña. Las moléculas pequeñas contempladas incluyen compuestos sintéticos orgánicos o inorgánicos.
25 Pueden realizarse los ensayos en una serie de formatos, incluyendo ensayos de unión proteína-proteína, ensayos de cribado bioquímico, inmunoensayos y ensayos basados en células, que están bien caracterizados en el sector.

[0284] También pueden utilizarse ácidos nucleicos que codifican TASK o sus formas modificadas para generar animales transgénicos o animales "knock out" que, a su vez, son útiles en el desarrollo y el cribado de reactivos
30 terapéuticamente útiles. Un animal transgénico (por ejemplo, un ratón o una rata) es un animal que tiene células que contienen un transgén, el cual se introdujo en el animal o en un progenitor del animal en una fase prenatal, por ejemplo, embrionaria. Un transgén es un ADN el cual está integrado dentro del genoma de una célula a partir de la cual se desarrolla un animal transgénico. En una realización, puede utilizarse el ADNc que codifica TASK para clonar el ADN genómico que codifica TASK de acuerdo con las técnicas establecidas y las secuencias genómicas
35 utilizadas para generar animales transgénicos que contienen células que expresan ADN que codifica TASK. Los procedimientos para la generación de animales transgénicos, en concreto animales tales como ratones o ratas, se han convertido en convencionales en el sector y están descritos, por ejemplo, en las Patentes de U.S. N°s 4,736,866 y 4,870,009. Habitualmente, las células concretas serían marcadas para la incorporación de transgén de TASK con potenciadores específicos de tejido. Los animales transgénicos que incluyen una copia de un transgén que codifica
40 TASK introducida en la línea germinal del animal en una fase embrionaria pueden utilizarse para examinar el efecto de la expresión incrementada de ADN que codifica TASK. Pueden utilizarse dichos animales como animales de muestra para reactivos pensados para proporcionar protección frente a, por ejemplo, estados patológicos asociados con su sobreexpresión. Según este aspecto de la invención, se trata a un animal con el reactivo y una incidencia reducida del estado patológico, en comparación con los animales no tratados que llevan el transgén, indicaría una
45 intervención terapéutica potencial para el estado patológico.

[0285] De modo alternativo, pueden utilizarse homólogos de TASK no humano para construir un animal "knock out" con TASK que tiene un gen defectuoso o alterado que codifica TASK como resultado de la recombinación homóloga
50 entre el gen endógeno que codifica TASK y el ADN genómico alterado que codifica TASK introducido en una célula madre embrionaria del animal. Por ejemplo, puede utilizarse el ADNc que codifica TASK para clonar ADN genómico que codifica TASK de acuerdo con las técnicas establecidas. Puede suprimirse una parte del ADN genómico que codifica TASK o sustituirse por otro gen, como por ejemplo un gen que codifica un marcador seleccionable que puede utilizarse para monitorizar la integración. Habitualmente, se incluyen diversas kilobases del ADN flanqueante no alterado (en los extremos 5' y 3') en el vector [ver por ejemplo, Thomas y Capecchi, Cell, 51:503 (1987) para una
55 descripción de vectores de recombinación homóloga]. Se introduce el vector en una línea de células madre embrionarias (por ejemplo, mediante electroporación) y se seleccionan células en las que el ADN introducido se ha recombinado homológamente con ADN endógeno [ver por ejemplo, Li et al., Cell, 69:915 (1992)]. A continuación se inyectan las células seleccionadas en un blastocisto de un animal (por ejemplo, un ratón o una rata) para formar quimeras de agregación [ver por ejemplo, Bradley, en Teratocarcinomas and Embryonic Stem Cells: A Practical
60 Approach, E. J. Robertson, ed. (IRL, Oxford, 1987), págs. 113-152]. A continuación, puede implantarse un embrión quimérico en un animal de acogida hembra pseudopreñado y se hace nacer el embrión para crear un animal "knock

out". Puede identificarse la progenie que alberga el ADN homológamente recombinado en sus células germinales mediante técnicas estándar y utilizarse para criar animales en los que todas las células del animal contienen el ADN homológamente recombinado. Pueden caracterizarse animales knockout por ejemplo, por su capacidad de defenderse contra ciertos estados patológicos y por su desarrollo en estados patológicos debido a la ausencia del polipéptido TASK.

[0286] También puede utilizarse el ácido nucleico que codifica los polipéptidos TASK en terapia génica. En aplicaciones de terapia génica, se introducen genes en células con el objetivo de lograr la síntesis *in vivo* de un producto genético terapéuticamente eficaz, por ejemplo para el reemplazo de un gen defectuoso. La "terapia génica" incluye tanto terapia génica convencional en la que se logra un efecto duradero mediante un único tratamiento, como la administración de agentes terapéuticos génicos, lo cual implica la administración de una vez o repetida de un ADN o ARNm terapéuticamente eficaz. Pueden utilizarse ARNs y ADNs antisentido como agentes terapéuticos para bloquear la expresión de ciertos genes *in vivo*. Se ha observado que los oligonucleótidos cortos antisentido pueden importarse en células en las que actúan como inhibidores, a pesar de sus bajas concentraciones intracelulares causadas por su captación limitada por parte de la membrana celular. (Zamecnik et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 83:4143-4146 [1986]). Pueden modificarse los oligonucleótidos para potenciar su captación, por ejemplo mediante la sustitución de sus grupos fosfodiéster cargados negativamente por grupos no cargados.

[0287] Existe una variedad de técnicas disponibles para introducir ácidos nucleicos en células viables. Las técnicas varían dependiendo de si se transfiere el ácido nucleico en células cultivadas *in vitro*, o *in vivo* en las células del huésped previsto. Las técnicas adecuadas para la transferencia de ácido nucleico en células de mamífero *in vitro* incluyen el uso de liposomas, electroporación, microinyección, fusión celular, DEAE-dextrano, el procedimiento de precipitación con fosfato cálcico, etc. Las técnicas de transferencia de genes *in vivo* preferentes en la actualidad incluyen la transfección con vectores virales (habitualmente retrovirales) y la transfección mediada por proteína-liposoma de la cubierta viral (Dzau et al., Trends in Biotechnology 11, 205-210 [1993]). En algunas situaciones es deseable proporcionar la fuente de ácido nucleico con un agente que reconoce las células diana, como por ejemplo un anticuerpo específico para una proteína de membrana de la superficie celular o la célula diana, un ligando para un receptor en la célula diana, etc. Cuando se emplean liposomas, pueden utilizarse proteínas que se unen a una proteína de membrana de la superficie celular asociada con la endocitosis para el reconocimiento y/o para facilitar la captación, por ejemplo, proteínas de la cápside o fragmentos de las mismas trópicas para un tipo de célula concreto, anticuerpos para proteínas que experimentan internalización en el ciclo, proteínas que dirigen la localización intracelular y aumentan la vida media intracelular. La técnica de endocitosis mediada por receptor está descrita, por ejemplo, por Wu et al., J. Biol. Chem. 262, 4429-4432 (1987); y Wagner et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 87, 3410-3414 (1990). Para una revisión de los protocolos de marcaje génico y terapia génica, véase Anderson et al., Science 256, 808-813 (1992).

[0288] Las moléculas de ácido nucleico que codifican los polipéptidos TASK o fragmentos de los mismos descritos en la presente invención son útiles para la identificación del cromosoma. En este aspecto, existe una necesidad actual de identificar nuevos marcadores cromosómicos, ya que actualmente hay disponibles relativamente pocos reactivos de marcaje cromosómico. Puede utilizarse cada molécula de ácido nucleico de TASK de la presente invención como un marcador cromosómico.

[0289] También pueden utilizarse de modo diagnóstico los polipéptidos TASK y las moléculas de ácido nucleico para la tipificación de tejido, donde los polipéptidos TASK de la presente invención pueden expresarse diferencialmente en un tejido en comparación con otro, preferiblemente en un tejido enfermo en comparación con un tejido normal del mismo tipo de tejido. Las moléculas de ácido nucleico de TASK serán útiles en la generación de sondas para PCR, análisis Northern, análisis Southern y análisis Western.

[0290] En la presente invención se describen procedimientos de cribado de compuestos para identificar aquellos que mimetizan el polipéptido TASK (agonistas) o previenen el efecto del polipéptido TASK (antagonistas). Se diseñan ensayos de cribado para candidatos a fármaco antagonista para identificar compuestos que se unen o forman complejos con los polipéptidos TASK codificados por los genes identificados en la presente invención, o en cualquier caso, interfieren con la interacción de los polipéptidos codificados con otras proteínas celulares, incluyendo por ejemplo, la inhibición de la expresión de polipéptido TASK de las células. Dichos ensayos de cribado incluirán ensayos susceptibles para cribado de alto rendimiento de bibliotecas químicas, haciéndolos particularmente apropiados para identificar candidatos de fármacos de molécula pequeña.

[0291] Pueden realizarse los ensayos en una serie de formatos, incluyendo los ensayos de unión proteína-proteína, los ensayos de cribado bioquímico, los inmunoensayos, y los ensayos basados en células, que están bien caracterizadas en el sector.

[0292] Todos los ensayos para antagonistas tienen en común que requieren que el candidato de fármaco entre en contacto con un polipéptido TASK codificado por un ácido nucleico identificado en la presente invención bajo condiciones y durante un tiempo suficiente para permitir que estos dos componentes interactúen.

5 **[0293]** En ensayos de unión, la interacción es la unión y el complejo formado puede aislarse o detectarse en la mezcla de reacción. En una realización particular, el polipéptido TASK codificado por el gen identificado en la presente invención o el candidato de fármaco se inmovilizan en una fase sólida, por ejemplo, en una placa de microtitulación, mediante uniones covalentes o no covalentes. La unión no covalente se lleva a cabo generalmente mediante el recubrimiento de la superficie sólida con una solución del polipéptido TASK y secado. De modo
10 alternativo, un anticuerpo inmovilizado, por ejemplo, un anticuerpo monoclonal, específico para el polipéptido TASK para ser inmovilizado, puede utilizarse para anclarlo a una superficie sólida. El ensayo se realiza mediante la adición del componente no inmovilizado, el cual puede marcarse mediante un marcador detectable, al componente inmovilizado, por ejemplo, la superficie cubierta que contiene el componente anclado. Cuando se completa la
15 reacción, se eliminan los componentes que no han reaccionado, por ejemplo, mediante lavado, y se detectan los complejos anclados en la superficie sólida. Cuando el componente originalmente no inmovilizado lleva un marcador detectable, la detección del marcador inmovilizado en la superficie indica que se produjo la formación de complejo. Cuando el componente originalmente no inmovilizado no lleva un marcador, la formación de complejo puede detectarse, por ejemplo, mediante el uso de un anticuerpo marcado que se une específicamente al complejo inmovilizado.

20

[0294] Si el compuesto candidato interactúa con un polipéptido TASK concreto codificado por un gen identificado en la presente invención, pero no se une al mismo, puede ensayarse su interacción con este polipéptido mediante procedimientos bien conocidos para la detección de interacciones proteína-proteína. Dichos ensayos incluyen enfoques tradicionales, tales como, por ejemplo, reticulación, co-inmunoprecipitación, y co-purificación a través de
25 gradientes o columnas cromatográficas. Además, pueden monitorizarse las interacciones proteína-proteína mediante el uso de un sistema genético basado en levadura descrito por Fields y colaboradores (Fields y Song, Nature (London), 340:245-246-(1989); Chien et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 88:9578-9582 (1991)) tal y como se ha descrito por Chevray y Pathans, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 89: 5789-5793 (1991). Muchos activadores transcripcionales, tales como el GAL4 de levadura, consisten en dos dominios modulares físicamente diferenciados,
30 uno que actúa como el dominio de unión a ADN, el otro que funciona como el dominio de activación de la transcripción. El sistema de expresión de levadura descrito en las publicaciones anteriores (generalmente referido como el "sistema de dos híbridos") se aprovecha de esta propiedad, y utiliza dos proteínas híbridas, una en la que la proteína diana se fusiona al dominio de unión a ADN de GAL4, y otra, en la que las proteínas activantes del candidato se fusionan al dominio de activación. La expresión de un gen informador GAL1-*lacZ* bajo el control de un
35 promotor activado por GAL4 depende de la reconstitución de la actividad de GAL4 a través de la interacción proteína-proteína. Las colonias que contienen polipéptidos que interactúan se detectan con un sustrato cromogénico para β -galactosidasa. Un kit completo (MATCHMAKER™) para identificar interacciones proteína-proteína entre dos proteínas específicas utilizando la técnica de dos híbridos está disponible comercialmente gracias a Clontech. Este sistema también puede extenderse para localizar dominios de proteínas implicados en
40 interacciones de proteínas específicas, así como señalar los residuos de aminoácidos que son cruciales para estas interacciones.

[0295] Los compuestos que interfieren en la interacción de un gen que codifica un polipéptido TASK identificado en la presente invención y otros componentes intra- o extracelulares pueden evaluarse de la siguiente manera:
45 normalmente se prepara una mezcla de reacción que contiene el producto del gen y el componente intra- o extracelular bajo unas condiciones y durante un tiempo que permiten la interacción y la unión de los dos productos. Para analizar la capacidad de un compuesto candidato para inhibir la unión, la reacción se desarrolla en ausencia y en presencia del compuesto de prueba. Además, se puede añadir un placebo a una tercera mezcla de reacción para servir como control positivo. Se monitoriza la unión (formación de complejo) entre el compuesto de prueba y el
50 componente intra- o extracelular presente en la mezcla tal y como se ha descrito anteriormente en la presente invención. La formación de un complejo en la reacción o reacciones de control, pero no en la mezcla de reacción que contiene el compuesto de prueba, indica que el compuesto de prueba interfiere con la interacción del compuesto de prueba y su pareja de reacción.

55 **[0296]** Para analizar antagonistas, puede añadirse el polipéptido TASK a una célula junto con el compuesto que va a cribar por una actividad concreta y la capacidad del compuesto de inhibir la actividad de interés en presencia del polipéptido TASK indica que el compuesto es un antagonista para el polipéptido TASK. De modo alternativo, pueden detectarse antagonistas mediante la combinación del polipéptido TASK y un antagonista potencial con receptores o receptores recombinantes de polipéptido TASK unidos a membrana bajo condiciones apropiadas para un ensayo de
60 inhibición competitiva. El polipéptido TASK puede marcarse, por ejemplo mediante radioactividad, de manera que el número de moléculas de polipéptido TASK unidas puedan utilizarse para determinar la efectividad del antagonista

- potencial. Preferiblemente, se emplea la clonación de expresión en la que se prepara el ARN poliadenilado a partir de una célula sensible al polipéptido TASK y se divide en grupos una biblioteca de ADNc creada a partir de este ARN y se utiliza para transfectar células COS u otras células que no son sensibles al polipéptido TASK. Las células transfectadas que crecen en portaobjetos de vidrio se exponen al polipéptido TASK marcado. El polipéptido TASK puede marcarse mediante un conjunto de medios incluyendo yodación o inclusión de un sitio de reconocimiento para una proteína quinasa específica de sitio. Después de la fijación y la incubación, se someten los portaobjetos a un análisis autoradiográfico. Se identifican los grupos positivos y se preparan subgrupos y se re-transfectan utilizando un subgrupo interactivo y un proceso de cribado, produciendo finalmente un solo clon que codifica el receptor putativo.
- 5
- 10 **[0297]** Como enfoque alternativo para la identificación de uniones, el polipéptido TASK marcado puede enlazarse por fotoafinidad con la membrana celular o extraer preparaciones que expresan la molécula receptora. Se resuelve mediante PAGE el material reticulado y se expone a una película de rayos X. El complejo marcado que contiene las proteínas unidas puede escindirse, separarse en fragmentos de péptidos, y someterse a una microsecuenciación de proteínas. Se utilizaría la secuencia de aminoácidos obtenida de la microsecuenciación para diseñar un conjunto de sondas de oligonucleótidos degenerados para cribar una biblioteca de ADNc para identificar el gen que codifica la pareja de unión putativa.
- 15
- 20 **[0298]** En otro ensayo para antagonistas, se incubaría células de mamífero o una preparación de membranas que expresan el receptor con polipéptido TASK marcado en presencia del compuesto candidato. A continuación, podría medirse la capacidad del compuesto de aumentar o bloquear esta interacción.
- 25 **[0299]** Más ejemplos específicos de antagonistas potenciales incluyen un oligonucleótido que se une a las fusiones de inmunoglobulina con polipéptido TASK, y, en concreto, anticuerpos que incluyen, sin limitación, anticuerpos poli- y monoclonales y fragmentos de anticuerpos, anticuerpos de cadena única, anticuerpos anti-idiotípicos, y versiones quiméricas o humanizadas de dichos anticuerpos o fragmentos, así como anticuerpos humanos y fragmentos de anticuerpo. De forma alternativa, un antagonista potencial puede ser una proteína estrechamente relacionada, por ejemplo, una forma mutada del polipéptido TASK que reconoce el receptor pero que no transmite efecto, inhibiendo de ese modo competitivamente la acción del polipéptido TASK.
- 30
- 35 **[0300]** Otro antagonista potencial de polipéptido TASK es una construcción de ARN o ADN antisentido preparada utilizando tecnología antisentido, en la que, por ejemplo, una molécula de ARN o ADN antisentido actúa para bloquear directamente la traducción de ARNm mediante la hibridación a ARNm marcado y la prevención de la traducción de proteínas. Puede utilizarse tecnología antisentido para controlar la expresión génica a través de la formación de una triple hélice o ARN o ADN antisentido, ambos procedimientos basados en la unión de un polinucleótido a ADN o ARN. Por ejemplo, la parte codificante en 5' de la secuencia de polinucleótidos que codifica los polipéptidos TASK maduros en la presente invención, se utiliza para diseñar un oligonucleótido de ARN antisentido de desde aproximadamente 10 hasta 40 pares de bases en longitud. Se diseña un oligonucleótido de ADN para que sea complementario a una región del gen implicado en la transcripción (triple hélice - ver Lee et al., Nucl. Acids Res., 6:3073 (1979); Cooney et al., Science, 241: 456 (1988); Dervan et al., Science, 251:1360 (1991)), evitando de este modo la transcripción y la producción del polipéptido TASK. El oligonucleótido de ARN antisentido se hibrida al ARNm *in vivo* y bloquea la traducción de la molécula de ARNm en el polipéptido TASK (antisentido - Okano, Neurochem., 56:560 (1991); Oligodeoxynucleotides as Antisense Inhibitors of Gene Expression (CRC Press: Boca Raton, FL, 1988). Los oligonucleótidos descritos anteriormente también pueden liberarse a las células, de manera que el ADN o ARN antisentido puede expresarse *in vivo* para inhibir la producción del polipéptido TASK. Cuando se utiliza el ADN antisentido, se prefieren oligodesoxirribonucleótidos derivados del sitio de inicio de la traducción, por ejemplo, entre aproximadamente las posiciones -10 y +10 de la secuencia de nucleótidos del gen diana.
- 40
- 45
- 50 **[0301]** Los antagonistas potenciales incluyen moléculas pequeñas que se unen al sitio activo, u otro sitio de unión relevante del polipéptido TASK, bloqueando de este modo la actividad biológica normal del polipéptido TASK. Ejemplos de moléculas pequeñas incluyen, pero sin limitación, péptidos pequeños o moléculas de tipo péptido, preferiblemente péptidos solubles, y compuestos orgánicos o inorgánicos sintéticos no peptídicos.
- 55 **[0302]** Las ribozimas son moléculas de ARN enzimático capaces de catalizar el corte específico de ARN. Las ribozimas actúan mediante una hibridación específica de secuencia al ARN diana complementario, seguido de corte endonucleolítico. Los sitios de corte específicos de ribozima en una diana de ARN potencial se pueden identificar mediante técnicas conocidas. Para detalles adicionales ver, por ejemplo, Rossi, Current Biology, 4:469-471 (1994), y publicación PCT N° WO 97/33551 (publicado el 18 de septiembre de 1997).
- 60

[0303] Las moléculas de ácido nucleico en formación de triple hélice utilizadas para inhibir la transcripción deben ser de cadena única y estar compuestas de desoxinucleótidos. La composición de bases de estos oligonucleótidos se diseña de manera que favorece la formación de triple hélice mediante las normas de emparejamiento de bases de Hoogsteen, que generalmente requieren grupos considerables de purinas o pirimidinas en una cadena de una doble
5 cadena. Para más detalles ver, por ejemplo, publicación PCT N° WO 97/33551, *supra*.

[0304] Estas moléculas pequeñas pueden identificarse mediante uno o más de los ensayos de cribado descritos anteriormente en la presente invención y/o mediante cualquiera de las otras técnicas de cribado bien conocidas por los expertos en la materia.

10 **[0305]** El ácido nucleico que codifica el polipéptido TASK aislado puede utilizarse en la presente invención para producir recombinantemente el polipéptido TASK utilizando técnicas bien conocidas en el sector y tal y como se describen en la presente invención. A su vez, los polipéptidos TASK producidos pueden emplearse para la generación de anticuerpos anti-TASK utilizando técnicas bien conocidas en el sector y tal y como se describen en la
15 presente invención.

[0306] Los anticuerpos que se unen específicamente a un polipéptido TASK identificados en la presente invención, así como otras moléculas identificadas mediante los ensayos de cribado descritos antes en la presente invención, se pueden administrar para el tratamiento de varios trastornos, incluyendo cáncer, en forma de composiciones
20 farmacéuticas.

[0307] Los anticuerpos de internalización son preferidos ya que el polipéptido TASK es intracelular. No obstante, también pueden utilizarse lipofecciones o liposomas para liberar el anticuerpo, o un fragmento de anticuerpo, en las células. Cuando se utilizan fragmentos de anticuerpo, se prefiere el fragmento inhibidor más pequeño que se une
25 específicamente al dominio de unión de la proteína diana. Por ejemplo, en base a las secuencias de región variable de un anticuerpo, pueden diseñarse moléculas de péptido que retienen la capacidad de unirse a las secuencias de proteínas diana. Dichos péptidos pueden sintetizarse químicamente y/o producirse mediante tecnología de ADN recombinante. Ver, por ejemplo, Marasco et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 90: 7889-7893 (1993).

30 **[0308]** La formulación de la presente invención también puede contener más de un compuesto activo según sea necesario para la indicación concreta que se está tratando, preferiblemente aquellos con actividades complementarias que no afectan de manera adversa entre sí. De modo alternativo, o adicionalmente, la composición puede comprender un agente que mejora su función, como, por ejemplo, un agente citotóxico, citoquina, agente
35 quimioterapéutico, o agente inhibidor del crecimiento. Dichas moléculas están presentes adecuadamente en combinación en cantidades que son eficaces para el propósito pretendido.

[0309] Los siguientes ejemplos se muestran sólo con fines ilustrativos, y no se pretende que limiten de ningún modo el alcance de la presente invención.

40 Ejemplos

[0310] Los reactivos comercialmente disponibles a los que se hace referencia en los ejemplos se utilizaron según las instrucciones del fabricante a menos que se indicara lo contrario. La fuente de las células identificadas en los siguientes ejemplos y a lo largo de la memoria por los números de acceso ATCC es de la American Type Culture
45 Collection, Manassas, VA.

Ejemplo 1: Perfil de expresión en tejidos utilizando GeneExpress®

[0311] Se analizó una base de datos privada que contenía información de la expresión génica
50 (GeneExpress®, GeneLogic Inc., Gaithersburg, MD) en un intento por identificar polipéptidos (y sus ácidos nucleicos codificantes), cuya expresión se favorece significativamente en un tejido o tejidos tumorales particulares de interés en comparación con otros tumor o tumores y/o tejidos normales. Específicamente, se realizó un análisis de la base de datos GeneExpress® utilizando el software disponible de Gene Logic Inc., Gaithersburg, MD, para su uso con la base de datos GeneExpress® o con el software privado escrito y desarrollado en Genentech, Inc. para su uso con la
55 base de datos GeneExpress®. La tasa de positivos en el análisis se basa en varios criterios incluyendo, por ejemplo, la especificidad de tejido, la especificidad de tumor y el nivel de expresión en tejidos esenciales normales y/o tejidos proliferativos normales. A continuación se indica una lista de moléculas cuyo perfil de expresión de tejidos determinado a partir de un análisis de la base de datos GeneExpress® pone de manifiesto una expresión en tejido elevada y un favorecimiento significativo de la expresión en un tumor o tumores específicos en comparación con otro
60 tumor o tumores y/o tejidos normales y opcionalmente una expresión relativamente baja en tejidos esenciales normales y/o tejidos proliferativos normales. Por tanto, las moléculas indicadas a continuación son polipéptidos diana

excelentes para el diagnóstico y la terapia del cáncer en mamíferos.

Resultados

5 [0312]

Molécula	favorecimiento de la expresión en:	en comparación con
DNA255289 (TASK110)	tumor de mama	tejido de mama normal
DNA255289 (TASK110)	tumor de colon	tejido de colon normal
DNA255289 (TASK110)	tumor de pulmón	tejido de pulmón normal
DNA255289 (TASK110)	tumor de linfóide	tejido de linfóide normal
DNA255289 (TASK110)	tumor de ovario	tejido de ovario normal
DNA297288 (TASK119)	tumor de mama	tejido de mama normal
DNA297288 (TASK119)	tumor de riñón	tejido de riñón normal
DNA297288 (TASK119)	tumor de colon	tejido de colon normal
DNA151475 (TASK120)	tumor de riñón	tejido de riñón normal
DNA151475 (TASK120)	tumor de mama	tejido de mama normal
DNA151475 (TASK120)	tumor de pulmón	tejido de pulmón normal

Ejemplo 2: Análisis de TASKs mediante Taqman™

10 **[0313]** Como estudio inicial, se analizó mediante Taqman™ la expresión de TASK110 y TASK119 en bibliotecas de ADNc humano preparadas a partir de líneas celulares normales, así como tumorales. Se utilizaron cincuenta nanogramos de cada biblioteca de ADNc. Se utilizaron los siguientes cebadores en el análisis Taqman. TASK110

Cebador directo: 5'AGAAGTGTGCCAGCTTCAA 3' (SEC ID NO:7)

15

Cebador inverso: 5'CTAGATAGGATGTCTTCCACTAATCTTT 3' (SEC ID NO:8)

Sonda: 5'CCAGGCATCGCCCTTAAGCC 3'(SEC ID NO:9)

20 TASK119

Cebador directo: 5' TGCCAACAGTGGATTGAGTT 3' (SEC ID NO:10)

Cebador inverso: 5' TGAAGGTTTGGCTCAGTTCA 3' (SEC ID NO:11)

25

Sonda: 5' TAGCTCCAAGCCTTCTCCTGCCTC 3' (SEC ID NO:12)

30 **[0314]** La reacción TaqMan™ es una técnica basada en PCR fluorescente que utiliza la actividad de 5' exonucleasa de la enzima Taq ADN polimerasa para controlar la amplificación a tiempo real. Se utilizan dos cebadores de oligonucleótidos para generar un amplicón típico de una reacción de PCR. Se diseña un tercer oligonucleótido, o sonda, para detectar la secuencia de nucleótidos localizada entre los dos cebadores de PCR. La sonda no es extendible por la enzima Taq ADN polimerasa, y se marca con un colorante fluorescente informador y un colorante fluorescente desactivador. Cualquier emisión inducida por láser del colorante informador es desactivada por el colorante desactivador cuando los dos colorantes se encuentran próximos al estar en la sonda. Durante la reacción de amplificación, la enzima Taq ADN polimerasa divide la sonda de una forma dependiente de la plantilla. Los fragmentos de la sonda resultantes se disocian en solución y la señal del colorante informador liberado está libre del efecto desactivador del segundo fluoróforo. Se libera una molécula del colorante informador para cada nueva molécula sintetizada y la detección del colorante informador no desactivado proporciona la base para la interpretación cuantitativa de los datos. Los resultados de la reacción Taq Man™ se describen en unidades delta (Δ) Ct. Los datos del ensayo TaqMan™ se expresan inicialmente como Ct, o ciclo umbral. Éste se define como el ciclo en el que la señal informadora se acumula por encima del nivel base de fluorescencia. Los valores ΔCt se utilizan como medida cuantitativa del número relativo de copias de partida de una secuencia diana particular en una muestra de ácido nucleico cuando se comparan los resultados del cáncer con los resultados de humano normal. Una unidad corresponde a 1 ciclo de PCR o aproximadamente a una amplificación relativa de 2 veces en relación al normal, dos unidades corresponden a una amplificación de 4 veces, 3 unidades corresponden a 8 veces y así sucesivamente.

Resultados

[0315] Los resultados del análisis Taqman™ de TASK110 normalizado frente a la expresión de un gen de control se muestran en la figura 7. En esta figura, la expresión de TASK110 en las líneas de células tumorales PANC-1 (páncreas), BT549 (mama), Hela (cerviz), 786-O (riñón), 293 (riñón) y HEPG2 (hígado) se representa para cada tipo de célula en cuadrados. La expresión en líneas tumorales se representa en relación a la expresión en tejido de mama y ovario normal, se representa por rombos. El resultado es que la TASK110 se sobreexpresa de forma elevada en líneas celulares PANC-1 (páncreas) y BT549 (mama) y se sobreexpresa en líneas celulares de carcinoma cervical (Hela) y líneas celulares de tumor de riñón (786-O y 293).

[0316] Los resultados del análisis Taqman™ de TASK119 normalizado frente a la expresión de un gen de control se muestran en la figura 8. Esta figura muestra la expresión de TASK119 en las líneas de células tumorales 786-O (riñón), A498 (riñón), HepG2 (hígado), 293 (riñón), Colo201 (colon), PANC-1 (páncreas) y Hela (cervix). TASK119 se sobreexpresa de forma elevada en líneas celulares de riñón (786-O, A498 y 293) y la línea celular del hígado HepG2.

[0317] El ensayo Taqman™ se ha utilizado ampliamente y satisfactoriamente para caracterizar genes implicados en el desarrollo del cáncer. La sobreexpresión de proto-oncogenes se estudió en un conjunto de tumores humanos y se considera en general que tiene una importancia etiológica, en el diagnóstico y el pronóstico. Los ejemplos de la utilidad de Taqman™ se muestran en las siguientes publicaciones: Pennica et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA., 95(25): 14717-14722 (1998) and Bieche et al., Int. J. Cancer 78:661-666 (1998). Por lo tanto, dada la sobreexpresión de TASK110 y TASK119 en líneas de células cancerosas, estas moléculas serían útiles como herramientas de diagnóstico para determinar los aspectos etiológicos, de diagnóstico y pronóstico del cáncer, y los antagonistas de TASK110 y TASK119 serían útiles en el alivio del cáncer.

Ejemplo 3: Hibridación *in situ* de TASK

[0318] La hibridación *in situ* es una técnica potente y versátil para la detección y localización de secuencias de ácidos nucleicos en preparaciones de células o tejidos. Puede ser útil, por ejemplo, para identificar sitios de expresión génica, analizar la distribución en el tejido de la transcripción, identificar y localizar la infección viral, seguir los cambios en la síntesis de ARNm específico y ayudar en la localización en los cromosomas.

[0319] La hibridación *in situ* se realizó siguiendo una versión optimizada del protocolo por Lu y Gillett, Cell Vision 1: 169-176 (1994), utilizando ribosondas marcadas con ³³P generadas por PCR. Brevemente, se seccionaron tejidos humanos bañados en parafina y fijados a formalina, se desparafinaron, se desproteinaron en proteinasa K (20 g/ml) durante 15 minutos a 37°C, y se procesaron posteriormente para una hibridación *in situ* tal y como se describe por Lu y Gillett, *supra*. Se generó una ribosonda no codificante marcada con [³³P] UTP a partir de un producto de PCR diseñado para promotores de T3 y T7 ARN polimerasa en cualquier extremo y se hibridó a los tejidos a 55°C durante toda la noche. Los portaobjetos se sumergieron en una emulsión nuclear de rastreo Kodak NTB2 y se expusieron durante 4 semanas.

Síntesis de ribosondas

[0320] Se secaron con concentradores centrífugos de tipo Speed-Vac 6,0 µl (125 mCi) de ³³P-UTP (Amersham BF 1002, SA < 2000 Ci/mol). A cada tubo que contenía α-³³P-UTP secado, se añadieron los siguientes ingredientes: 2,0 µl 5x de tampón de transcripción; 1,0 µl de DTT (100 mM); 2,0 µl de mezcla de NTP (2,5 mM: 10 µl; cada uno de 10 mM de GTP, CTP y ATP + 10 µl de H₂O); 1,0 µl de UTP (50 µM); 1,0 µl RNAsina; 1,0 µl de molde de ADN (1 µg); 1,0 µl de H₂O.

[0321] Los tubos se incubaron a 37°C durante una hora. Se añadieron 1,0 µl de RQ1 ADNasa, seguido de incubación a 37°C durante 15 minutos. Se añadieron 90 µl de TE (Tris 10 mM pH 7,6/1 mM EDTA pH 8,0), y la mezcla se pipeteó sobre papel DE81. La solución remanente se cargó en una unidad de ultrafiltración Microcon-50, y se centrifugó en una Centrífuga Heraeus Sepatech 28RS a 12.000 rpm (6 minutos). La unidad de filtración se invirtió sobre un segundo tubo y se centrifugó a 3500 rpm (3 minutos). Después de la centrifugación final de recuperación, se añadieron 100 µl de TE. A continuación, se pipeteó 1 µl del producto final sobre papel DE81 y se contaron en 6 ml de Biofluor II en un contador de centelleo Beckman LS 5000 TD.

[0322] La sonda se extendió sobre un gel de TBE/urea. Se añadieron 1-3 µl de la sonda o 5 µl de ARN MrkII a 3 µl de tampón de carga. Después de calentar sobre un bloque de calor a 95°C durante 3 minutos, la sonda se colocó inmediatamente sobre hielo. Los pocillos del gel se nivelaron, se cargó la muestra y se operó a 180-245 voltios durante 45 minutos. El gel se envolvió en un envoltorio de plástico y se expuso a una película XAR con una pantalla

intensificadora en un congelador a -70°C desde una hora hasta toda la noche.

Hibridación

- 5 **[0323]** *Pretratamiento de las secciones congeladas.* Los portaobjetos se extrajeron del congelador, se colocaron sobre bandejas de aluminio y se descongelaron a temperatura ambiente durante 5 minutos. Las bandejas se colocaron en una incubadora a 55°C durante cinco minutos para reducir la condensación. Los portaobjetos se fijaron durante 10 minutos en paraformaldehído al 4% sobre hielo en la campana de extracción, y se lavaron en 0,5 x SSC durante 5 minutos a temperatura ambiente (25 ml 20 x SSC + 975 ml H_2O SQ). Después de la desprotección en
- 10 0,5 $\mu\text{g}/\text{ml}$ de proteinasa K durante 10 minutos a 37°C (12,5 μl de 10 mg/ml de reserva en 250 ml de tampón de ARNasa sin ARNasa precalentado), las secciones se lavaron en 0,5 x SSC durante 10 minutos a temperatura ambiente. Las secciones se deshidrataron en etanol al 70%, 95%, 100% durante 2 minutos cada una.

- [0324]** *Pretratamiento de las secciones bañadas en parafina.* Los portaobjetos se desparafinaron a través de tres cambios de xileno, etanol al 100% y se rehidrató mediante gradientes de etanol con respecto a agua, se colocaron en H_2O SQ, y se enjuagaron dos veces en 2 x SSC a temperatura ambiente, durante 5 minutos cada vez. Las secciones se desproteccionaron en 20 $\mu\text{g}/\text{ml}$ de proteinasa K (500 μl de 10 mg/ml en 250 ml de tampón de ARNasa sin ARNasa; 37°C , 15 minutos) para tejido de embrión humano, u 8 x proteinasa K (100 μl en 250 ml de tampón de ARNasa, 37°C , 30 minutos) para tejidos en formalina. El posterior enjuague en 0,5 x SSC y deshidratación se
- 20 llevaron a cabo tal y como se ha descrito anteriormente.

- [0325]** *Prehibridación.* Los portaobjetos se dispusieron en una caja de plástico recubierta por tampón Box (4 x SSC, formamida al 50%). El papel de filtro se saturó. El tejido se cubrió con 50 μl de tampón de hibridación (sulfato de dextrano al 50%, formamida al 50%, 2X SSC) y se incubó a 42°C durante 1-4 horas.
- 25

- [0326]** *Hibridación.* Se calentaron a 95°C durante 3 minutos 1,0 x 10^6 cpm de sonda y 1,0 μl de ARNt (50 mg/ml reserva) por portaobjeto. Los portaobjetos se enfriaron sobre hielo, y se añadieron 48 μl de tampón de hibridación a la mezcla de sonda/ARNt por portaobjeto. Después de centrifugar, se añadieron 50 μl de una mezcla de ^{33}P a 50 μl de prehibridación en el portaobjetos. Los portaobjetos se incubaron durante toda la noche a 55°C .
- 30

- [0327]** *Lavados.* El lavado se realizó 2 veces durante 10 minutos con 2 x SSC, EDTA a temperatura ambiente (400 ml de 20 x SSC + 16 ml de EDTA 0,25 M, $V_f=4$ L), seguido de un tratamiento con ARNasaA a 37°C durante 30 minutos (500 μl de 10 mg/ml en 250 ml de tampón de ARNasa = 20 $\mu\text{g}/\text{ml}$). Los portaobjetos se lavaron 2 veces durante 10 minutos con 2 x SSC, EDTA a temperatura ambiente. Las condiciones de lavado de astringencia fueron
- 35 las siguientes: 2 horas a 55°C , 0,1 x SSC, EDTA (20 ml 20 x SSC + 16 ml de EDTA, $V_f=4$ L).

- [0328]** Los estudios humanos se realizaron utilizando una sonda contra los segmentos 3' de TASK110, TASK119 y TASK120. Los cebadores de PCR se diseñaron para amplificar las partes del gen que pueden servir como plantillas para la transcripción in vitro de ribosondas complementarias de cadena sencilla marcadas radioactivamente (^{33}P).
- 40 Las ribosondas de sentido (control) se generan mediante la transcripción utilizando T7 ARN polimerasa que reconoce una secuencia de 27 nucleótidos para el promotor de T7 añadido sobre el extremo 5' del cebador superior de PCR. Las ribosondas no codificantes (antisentido) (experimental) se generan mediante la transcripción utilizando T3 ARN polimerasa que reconoce una secuencia de 27 nucleótidos para el promotor T3 añadido al extremo 5' del cebador inferior de PCR. Las sondas de TASK utilizadas en el estudio se indican a continuación:
- 45

50 **TASK110**
 5' CGCCAAATCGTTACTACTACCCCTCAAAGCTAGAAACCAGTGCCTGAAAGAACTCCAATTAAAAATACCAGT
 AAATTCAACAGGAACAGACAAGTTAATGACAGGTGTCATTAGCCCTGAGAGCGGTGCCGCTCAGTGAATTGGA
 TCTCAACCAAGCACATATGGAGGAGACTCCAAAAAGAAAGGGAGCCAAAGTGTTTGGGAGCCTTCAAAGGGGGTT
 GGATAAGGTTATCACTGTGCTCACCAGGAGCAAAAGGAAGGGTCTGCCAGAGACGGGCCAGAAAGACTAAAGCT
 55 TCACTATAATGTGACTACAAGTATAGTGAATCCAGATCAACTGTTGAATGAAATAATGTCTATTCTTCCAAA
 GAAGCATGTTGACTTTGTACAAAAGGGTTATCACTGAAAGTGTCAAACACAGTCAGATTTTGGAAAGTGACAAT
 GCAATTTGAATTAGAAGTGTGCCAGCTTCAAACCCGATGTGGTGGTATCAGGAGGCAGCGG 3' (SEQ ID
 NO: 13)

60

TASK119

5 5' GGATTCTAATACGACTCACTATAGGGCCCGCCACCGTATCCCTGAGCCTGAGGCTGCCGTGCTCTCCGCCAG
 ATGGCCACCGCCCTGGCGCACTGTACCAGCACGGTCTGGTCTGCGTGATCTCAAGCTGTGCTCGCTTGTCTTC
 GCTGACCGTGAGAGGAAGAAGCTGGTGTGGAGAACCTGGAGGACTCCTGCGTGTGACTGGGCCAGATGATTCC
 CTGTGGGACAAGCACGCGTGCCAGCCTACGTGGGACCTGAGATACTCAGCTCACGGGCCTCATACTCGGGCAAG
 GCAGCCGATGTCTGGAGCCTGGGCGTGGCGCTCTTACCATGCTGGCCGGCCACTACCCCTCCAGGACTCGGAG
 10 CCTGTCTGCTCTTCCGGCAAGATCCGCCCGGGGCTACGCCCTTGCCTGCAGGCCTCTCGGCCCTGCCCGCTGT
 CTGGTTCGCTGCCTCCTTCGTGGGAGCCAGCTGAACGGCTCACAGCCACAGGCATCCTCCTGCACCCCTGGCTG
 CGACAGGACCCGATGCCCTTAGCTCCAACCCGATTCCTTTAGTGAGGGTTAATTCATAG 3' (SEQ ID
 NO: 14)

TASK120

15 5' GGGTGGCGAGCTGTTTGACCGCATCATGGAGCGCGCTCCTACACAGAGAAGGATGCCAGCCATCTGGTGGGT
 CAGGTCTTGGCGCCGTCTCTACCTGCACAGCCTGGGGATCGTGCACCGGGACCTCAAGCCCCAAAACCTCTGT
 TATGCCACGCCCTTGGAGACTCGAAGATCATGGTCTCTGACTTTGGACTCTCCAAAATCCAGGCTGGGAACATG
 CTAGGCACCGCCTGTGGGACCCCTGGATATGTGGCCCCAGAGCTCTTGGAGCAGAAAACCCCTACGGGAAGGCCGTA
 GATGTGTGGGCCCTGGGCGTCACTCTCTACATCTGTGTGTGGGTACCCCCCTTCTACGACGAGAGCGACCCCT
 20 GAGCTCTTCAGCCAGATCCTGAGGGCCAGCTATGAGTTTGACTCTCCTTTCTGGGATGACATCTCAGAATCAGCC
 AAAGACTTCATCCGGCACCTTCTGGAGCGAGACCCCCAGAAGAGGTTACCTGCCAACAGGCCTTGGGGCACCTT
 TGGATCTCTGGGGACACAGCCTTCGACAGGGACATCTTAGGCTCTGTCTCAGTGAGCAGATCCGGAAGAACTTTGCT
 CGGACACACTGGAAGCGAGCCTTCAATGCCACCTCCTTCCTGC 3' (SEQ ID NO:15)

25 Resultados

Resultados in situ de TASK110

30 **[0329]** El análisis realizado *in situ* utilizando sondas TASK110 sobre tumores pancreáticos muestran una señal débilmente positiva en adenocarcinoma pancreático ductal invasivo. Los otros casos, así como los tejidos pancreáticos benignos son negativos. El análisis de un panel de tejidos tumorales muestran una señal positiva en: adenocarcinomas colorrectales, adenocarcinomas endometriales, carcinomas de células transicionales, linfomas malignos, melanomas malignos, cánceres de pulmón, tumores de ovario, adenocarcinomas pancreáticos y cáncer de mama. Las células H322 son fuertemente positivas, las células MDA231 y MDA453 son débilmente positivas y las células A549 y SK-MES son negativas. Existe una señal positiva en adenocarcinomas de pulmón, carcinomas de células escamosas de pulmón y carcinomas neuroendocrinos, siendo el tejido de pulmón normal sistemáticamente negativo. Se observa una señal positiva en el adenocarcinoma colorrectal, cáncer gástrico, carcinoma de esófago, adenocarcinoma metastásico, adenocarcinoma pancreático, siendo los tejidos de la mucosa gastrointestinal, pancreática e hígado benignos sistemáticamente negativos. Una sección del apéndice muestra una señal positiva en un centro germinal. Un panel multitumoral proporcionado por el NCI muestra una señal positiva para TASK110 en: 35 cáncer de pulmón, tumor de colon, tumor de mama, melanoma maligno, linfoma maligno y tumor de ovario. Un representante de TASK110 que se sobreexpresa en el tumor de pulmón se muestra en la figura 9A que es una fotografía en campo brillante que muestra la morfología del tejido y la figura 9B que muestra la hibridación *in situ*. Estos resultados indican que TASK110 es útil en el diagnóstico de ciertos tipos de tumores y que los antagonistas de 45 TASK110 serían útiles en el alivio de tumor, especialmente de mama, melanoma maligno, tumores de colon y pulmón.

Resultados in situ de TASK119

50 **[0330]** El análisis realizado *in situ* utilizando sondas TASK119 presentaba una fuerte señal en adenocarcinoma colorrectal primario, carcinomas de células renales, y una señal débil en muestras de cáncer de mama. En apoyo de los resultados de Taqman™, el análisis *in situ* realizado sobre tejido de riñón normal fue negativo (datos no mostrados). Estos resultados indican que TASK119 es útil en el diagnóstico de ciertos tipos de tumores y los antagonistas de TASK119 serían útiles en el alivio del cáncer, especialmente adenocarcinoma colorrectal y 55 carcinoma de células renales.

Resultados in situ de TASK120

60 **[0331]** En tejidos normales la hibridación es débil sobre las estructuras de la mucosa del riñón y se interpreta como una señal de fondo no específica. El análisis *in situ* del riñón muestra que los carcinomas de células renales son positivos y que la intensidad de la señal tiende a ser intensa. En carcinomas de células claras del riñón, que es el

tipo más común de tumor del riñón, son positivos para la hibridación a TASK120. La línea celular A498 produce una señal débil, las líneas celulares 786-O, TK10, CAKI-1, ACHN, PC-3 y SN12C son negativas. Una sección de control positivo (HP-1739, carcinoma de células renales) es positiva. Un representante de la sobreexpresión de TASK120 en el cáncer de riñón se muestra en la figura 10A que es una fotografía en campo brillante que muestra la morfología del tejido y la figura 10B que muestra la hibridación in situ. Esto indica que en ciertos tumores del riñón, la TASK120 se sobreexpresa y es útil como marcador de diagnóstico y los antagonistas para TASK120 serían útiles en el alivio en el tumor de riñón.

EJEMPLO 4: Modulación de la expresión de TASK mediante siARN

10

[0332] Los siARNs han demostrado ser útiles como herramienta en estudios de modulación de la expresión génica donde han fallado los antagonistas tradicionales tales como moléculas pequeñas o anticuerpos. (Shi Y., Trends in Genetics 19(1):9-12 (2003)). Los ARNs de cadena doble sintetizados in vitro que tienen de 21 a 23 nucleótidos de longitud pueden actuar como ARNs de interferencia (ARNis) y pueden inhibir específicamente la expresión génica (Fire A., Trends in Genetics 391; 806-810 (1999)). Estos ARNs actúan mediante degradación mediadora de sus ARNs diana. Sin embargo, dado que tienen menos de 30 nucleótidos de longitud, no desencadenan un mecanismo de defensa antiviral celular. Dichos mecanismos incluyen la producción de interferones, y una desactivación general de la síntesis proteica de la célula huésped. De un modo práctico, los siARNs pueden sintetizarse y a continuación clonarse en vectores de ADN. Dichos vectores pueden transfectarse y hacer que expresen los siARN a niveles elevados. Se utiliza el nivel elevado de expresión de siARN para "knockout" o reducir significativamente la cantidad de proteína producida en una célula, y de este modo es útil en experimentos donde se cree que la sobreexpresión de una proteína está relacionada con un trastorno, tal como el cáncer. Las TASKs son quinasas intracelulares y se observó la sobreexpresión de TASK mediante Taqman™ e in situ. Por tanto, los siARNs son antagonistas útiles para proteínas TASK.

25 Resultados

TASK110

[0333] La línea celular de cáncer pancreático, PANC-1 se utilizó en este conjunto de experimentos ya que sobreexpresa TASK endógenamente. Se transfectaron células PANC-1 utilizando oligonucleótidos de ARN de 21 unidades de doble cadena dirigidos contra TASK110 (siTASK110), proteína de fluorescencia verde (siGFP) o transfectado por simulación ("mock"). Estos oligonucleótidos se indican a continuación. oligonucleótidos de siRNA:

35 **[0334]**

TASK110

r(CAGGCAAACAAUGGAGGAU)TT = sentido (SEC ID N°:16)

TTr(GUCCGUUUGUUACCUCCUA) = antisentido (SEC ID N°:17)

siGFP

40

GCAAGCUGACCCUGAAGUUCAU = sentido (SEC ID N°:18)

GCCGUUCGACUGGGACUUCAAG= antisentido (SEC ID N°:19)

[0335] Se recogió el ARN los 3 días después de la transfección y se determinó el nivel relativo de mensaje de TASK110 vs mensaje de gen control mediante PCR cuantitativa (TaqMan™). Esto se muestra gráficamente en la Figura 11A. Los datos demuestran que el uso de siARN redujo significativamente la expresión de TASK110.

[0336] Se utilizaron en el ensayo de proliferación los oligonucleótidos de siARNs que mostraron eficacia en la transfección. En este ensayo, se transfectaron las células PANC-1 con siTASK110, siGFP o por simulación. Para analizar la supervivencia y la proliferación celular se utilizó el ensayo de viabilidad de MTT en el que la reducción de la sal de tetrazolio, bromuro de 3-(4,5-dimetiltiazol-2-il)-2,5-difenil tetrazolio (MTT), produce un producto de formazán azul, que puede leerse mediante un espectrofotómetro. Se realizó un ensayo de viabilidad de MTT para determinar los niveles de proliferación de cada una de las transfecciones durante un periodo de dos semanas. Tal y como se muestra en la Figura 11B, las células transfectadas con siTASK110 tuvieron una valoración proliferativa muy inferior durante los 6 días de cultivo, y permanecieron inferiores a los controles hasta el Día 14.

55

[0337] En paralelo con este ensayo, se transfectaron las células PANC-1 utilizando las mismas construcciones y se sometieron a un ensayo de crecimiento en agar blando. Después de 17 días de crecimiento en agar blando, se contaron las colonias y las células transfectadas con siTASK110 crecieron más lentamente que cualquiera de las células de control tal y como se muestra en la Figura 11C.

60

[0338] Se valoró en ensayos de transformación estándar el efecto del “knockdown” de TASK110 mediado por siARN en las líneas de células tumorales 293 (riñón) y BT459 (mama). Se transfectaron las células con lo siguiente: simulación (“mock”), oligonucleótidos de ARN de 21 unidades de doble cadena dirigidos contra TASK110 (siTASK110 1, 2 o 3, con siTASK110(2) idéntico a siTASK110 utilizado en el experimento con células PANC-1 anterior) o GFP (siGFP).
oligonucleótidos de ARN de siTASK110

[0339]

10 *siTASK110 (1)*
r(AACCCAAGGGUAACAAGGA)TT = sentido (SEC ID N°:20)
TTr(UUGGGUJCCCAUUGUUCU) = antisentido (SEC ID N°:21)
siTASK110 (2)
r(CAGGCAAACAAUGGAGGAU)TT = sentido (SEC ID N°:22)
TTr(GUCCGUUUGUUACCUCUA) = antisentido (SEC ID N°:23)
15 *siTASK110 (3)*
r(UACUCACUACGCCAAAUUCG)TT = sentido (SEC ID N°:24)
TTr(AUGAGUGAUGCGGUUUAGC) = antisentido (SEC ID N°:25)
siTASK110 (C) (+ control)
r(CAGGCAAGCGGUGGAGGAT)TT = sentido (SEC ID NO:26)
20 TTr(GUCCGUUCGCCACCUCUA) = antisentido (SEC ID NO:27)

[0340] En la Figura 11D y la Figura 11E, se recogieron las células HEK293 3 días después de la transfección y se realizó una transferencia Western en proteína total igualmente cargada utilizando un anticuerpo anti-TASK1 10 policlonal (Figura 11D). A continuación, se cuantificó el nivel relativo de TASK110 utilizando la banda p90 para normalizar la carga (Figura 11E). Este resultado muestra que mientras todos los siARNs reducen la cantidad de producción de proteína TASK110, el siARN de TASK110(2) es la más inhibidora.

[0341] La Figura 11F y la Figura 11G muestran experimentos de siARN que se realizaron en paralelo veinticuatro horas después de la transfección. Se pusieron en placas las células HEK293 (Figura 11F) o BT549 (Figura 11G) a 2500 células por pocillo de una placa de 96 pocillos y se cuantificó la proliferación mediante un ensayo MTT. Estos resultados muestran la correlación con los resultados de la transferencia Western, cuanto más disminuye el nivel de proteína, mayor es la inhibición del crecimiento celular. Un ejemplo de esto se observa en el caso de siTASK110 (2), que tiene la supresión más robusta de TASK110 mostrada en el carril 3 de la Figura 11D y la mayor reducción en proliferación celular en ambas líneas celulares.

[0342] La Figura 11H y la Figura 11(I) muestran un ensayo en agar blando de células HEK293 o BT549 transfectadas con siARNs de TASK. Las células se pusieron en placas en agar blando por triplicado y se contaron las cantidades de colonias formadas después de 14-28 días y los datos se presentan como el número de colonias viables relativas al número de células puestas en las placas.

[0343] Estos datos muestran que los siARNs pueden “knockdown” o reducir la expresión de proteínas TASK. La reducción se muestra mediante la reducción de la proteína en las transferencias Western. La reducción de siARN de proteínas TASK durante un periodo de tiempo da lugar a la reducción de la proliferación celular en líneas de células cancerosas. Por tanto, siARN es útil en la reducción de las proteínas TASK y la reducción en el nivel de proteínas TASK causa una reducción en la proliferación de las líneas de células cancerosas. Debido a que el cáncer es un trastorno proliferativo celular, estos resultados muestran que los antagonistas de polipéptidos TASK serían útiles en la reducción del crecimiento de células cancerosas. La reducción del crecimiento de células cancerosas sería útil en el alivio del cáncer en mamíferos.

50 *TASK119*

[0344] Se valoró el efecto de “knockdown” antisentido y “knockdown” mediado por siARN de TASK119 en la línea celular de tumor de riñón 786-O. Para el “knowckdown” antisentido, se transfectaron células con un vector vacío (vector) o una construcción antisentido de TASK119 (TASK119.AS) y a continuación se seleccionaron con Puomicina 1 µg/ml durante 19 días. A continuación, estos grupos estables de células se pusieron en placas en agar blando. Para el “knockdown” de siARN, se transfectaron células con lo siguiente: simulación (“mock”), un oligonucleótido de ARN de 21 unidades de doble cadena dirigido contra TASK119 (siTASK119) o GFP (siGFP).
Oligonucleótidos de siRNA:

60 **[0345]***siTASK119*

r(GCCUGAGGCUGCCGUGCUC)TT = sentido (SEC ID N°:28)
 TTr(CGGACUCCGACGGCACGAG) = antisentido (SEC ID N°:29)
siGFP

5 GCAAGCUGACCCUGAAGUUCAU = sentido (SEC ID N°:30)
 GCCGUUCGACUGGGACUUCAAG= antisentido (SEC ID N°:31)
 TASK119 (AS)

Se realizó el experimento antisentido mediante la expresión del ADNc de TASK119 de longitud completa (Figura 3, SEC ID N°:3) en la dirección no codificante (antisentido).

10 **[0346]** Venticuatro horas después de la transfección, las células se colocaron en placas en agar blando. En ambos experimentos, se cuantificó el número de colonias viables después de 17 días. Los datos se presentan como el porcentaje de colonias viables de pocillos triplicados, y esto se muestra en la Figura 12. El resultado es la reducción en el crecimiento en agar blando de las células tumorales de riñón 786-0 debido a la reducción de la expresión de TASK119.

15 **[0347]** Estos datos demuestran que los siARNs para polipéptidos TASK reducen el crecimiento de células cancerosas in vitro. Dado que el cáncer es un trastorno proliferativo celular, este resultado demuestran que los antagonistas de polipéptidos TASK son útiles en la reducción del crecimiento de células del cáncer. La reducción del crecimiento de células de cáncer sería útil en el alivio del cáncer.

20 TASK120

25 **[0348]** Se calculó el efecto del “knockdown” de TASK120 mediado por siARN en las líneas celulares tumorales de riñón A498 mediante un ensayo de crecimiento de transfección/agar blando. Se transfectaron las células con lo siguiente: simulación (“mock”), o uno de los tres oligonucleótidos de ARN de 21 unidades de doble cadena dirigidos contra TASK120 (siTASK120 1, 2, 3).
 Oligonucleótidos de siRNA

[0349]

30 *siTASK120 (1):*
 r(CCUCCUGUAUGCCACGCC)TT = sentido (SEC ID N°:32)
 TTr(GGAGGACAUACGGUGCGGG) = antisentido (SEC ID N°:33)
siTASK120 (2):
 35 r(CGAGAGCGACCCUGAGCUC)TT = sentido (SEC ID N°:34)
 TTr(GCUCUCGCGUGGGACUCGAG) = antisentido (SEC ID N°:35)
siTASK120 (3):
 r(GCUAUGAGUUUGACUCUCC)TT = sentido (SEC ID N°:36)
 TTr(CGAUACUCAAACUGAGAGG) = antisentido (SEC ID N°:37)

40 **[0350]** Venticuatro horas después de la transfección las células se colocaron en placas en agar blando por triplicado y se contó el número de colonias formadas después de 28 días. Los datos se presentan en la Figura 13 como el número de colonias viables en relación con el número de células colocadas en placas. Se recogió el ARN 3 días después de la transfección, confirmando una disminución del 80-90% en mensaje de TASK120 en relación con los niveles de simulación (“mock”) (datos no mostrados).

45 **[0351]** Estos datos muestran que la disminución de la expresión de un polipéptido TASK tiene el efecto de reducir el crecimiento celular en agar blando. Por tanto, los antagonistas que reducirían el nivel de polipéptidos TASK en una célula serían útiles en el retraso del crecimiento de células cancerosas. Dado que el cáncer es un trastorno proliferativo celular, la reducción de la proliferación celular es útil en el alivio del cáncer.

50 EJEMPLO 5: Amplificación génica de TASK110

55 **[0352]** Este ejemplo muestra que el gen de TASK110 se amplifica en el genoma de ciertas líneas celulares. La amplificación se asocia con la sobreexpresión del producto génico, indicando que los polipéptidos son dianas útiles para la intervención terapéutica en ciertos cánceres tales como cáncer pancreático, cáncer de riñón, cáncer de colon, cáncer de pulmón, cáncer de mama y otros cánceres. Los agentes terapéuticos pueden tomar la forma de antagonistas de polipéptidos de TASK110, por ejemplo, anticuerpos quiméricos murino-humano, humanizados o humanos, o moléculas orgánicas pequeñas contra el polipéptido de TASK110.

60 **[0353]** Se aisló el ADN genómico de una variedad de líneas de células cancerosas. Se cuantificó el ADN de forma precisa, por ejemplo, fluorométricamente. Como control negativo, se aisló el ADN de las células de individuos sanos

normales que se agruparon y utilizaron como controles de ensayo para la copia del gen en individuos sanos. Se utilizaron el ensayo de 5' nucleasa (por ejemplo, TaqMan™) y la PCR cuantitativa a tiempo real (por ejemplo, ABI Prizm 7700 Sequence Detection System™ (Perkin Elmer, Applied Biosystems Division, Foster City, CA)), para encontrar genes potencialmente amplificados en ciertos cánceres. Se utilizaron los resultados para determinar si el ADN que codifica TASK110 está sobre-representado en cualquiera de las líneas celulares de cáncer que se cribaron.

[0354] Los resultados del TaqMan™ se describen en unidades delta (Δ) Ct. Una unidad corresponde a 1 ciclo de PCR o aproximadamente una amplificación de 2 veces en relación a lo normal, dos unidades corresponde a 4 veces, 3 unidades a una amplificación de 8 veces y así sucesivamente. Se obtuvo la cuantificación utilizando cebadores y una sonda fluorescente TaqMan™ derivada de un gen que codificaba TASK-110. Son preferentes para el cebador y la derivación de la sonda las regiones de TASK110 que más probablemente contienen secuencias únicas de ácido nucleico y que menos probablemente presentan intrones desunidos ("spliced out"), por ejemplo regiones 3' no traducidas. Las secuencias para los cebadores y las sondas (sondas directas e inversas) utilizadas para el análisis de amplificación de genes fueron tal y como se indica:

TASK110 (1)

Cebador directo: 5'AGAAGTGTGCCAGCTTCAAA 3' (SEC ID N°:38)

Cebador inverso: 5'CTAGATAGGATGTCTTCCACTAATCTTT 3' (SEC ID N°:39)

Sonda: 5'CCAGGCATCGCCCTTAAGCC 3' (SEC ID N°:40)

TASK110 (i2)

Cebador directo: 5'CAAAGTTTGAGATACTASKCATGGTT 3' (SEC ID N°:41)

Cebador inverso: 5'CAAGCCAAATTTTCTAGAAGTT 3' (SEC ID N°:42)

Sonda: 5'TCCTTCAGCTAGACATTGGATAACAAGCAGC 3' (SEC ID N°:43)

GAPDH

Cebador directo: 5'GAAGGTGAAGGTCGGAGTC 3' (SEC ID N°:44)

Cebador inverso: 5'GAAGATGGTGATGGGATTTTC 3' (SEC ID N°:45)

Sonda: 5'CAAGCTCCCGTTCTCAGCC 3' (SEC ID N°:46)

SPF31

Cebador directo: 5'GCACCTTAGGAAGCCCCTTC 3' (SEC ID N°:47)

Cebador inverso: 5'TCCCTGTCTTASCTGGGCCTT 3' (SEC ID N°:48)

Sonda: 5'CTCGCTTCTGGGTGTCTCCCTTC 3' (SEC ID N°:49)

HMAD2

Cebador directo: 5'GGTTGGACAAAGTASKTAACTCAGATGG 3' (SEC ID N°:50)

Cebador inverso: 5'GACTTGATTGGTGAAGCTTTASKGACA 3' (SEC ID N°:51)

Sonda: 5'ATCCCTTCAGTGCGTTGCTCAAGC 3' (SEC ID N°:52)

[0355] La reacción del ensayo de 5' nucleasa es una técnica basada en PCR fluorescente que utiliza la actividad de 5' exonucleasa de la enzima Taq ADN polimerasa para controlar la amplificación a tiempo real. Se utilizan dos cebadores de oligonucleótidos para generar un amplicón típico de una reacción de PCR. Se diseña un tercer oligonucleótido, o sonda, para detectar la secuencia de nucleótidos localizada entre los dos cebadores de PCR. La sonda no es extendible por la enzima Taq ADN polimerasa, y se marca con un colorante fluorescente informador y un colorante fluorescente desactivador. Cualquier emisión inducida por láser del colorante informador es desactivada por el colorante desactivador cuando los dos colorantes se encuentran próximos al estar en la sonda. Durante la reacción de amplificación, la enzima Taq ADN polimerasa divide la sonda de una forma dependiente de la plantilla. Los fragmentos de la sonda resultantes se disocian en solución y la señal del colorante informador liberado está libre del efecto desactivador del segundo fluoróforo. Se libera una molécula del colorante informador para cada nueva molécula sintetizada y la detección del colorante informador no desactivado proporciona la base para la interpretación cuantitativa de los datos.

[0356] El procedimiento de 5' nucleasa se desarrolla en un dispositivo de PCR cuantitativo a tiempo real, tal como el ABI Prism 7700 Sequence Detection. El sistema consiste en un termociclador, un láser, una cámara de dispositivo acoplado por carga (CCD) y un ordenador. El sistema amplifica muestras en un formato de 96 pocillos en un termociclador. Durante la amplificación, la señal fluorescente inducida por láser se recoge a tiempo real a través de cables de fibra óptica para los 96 pocillos y se detecta en el CCD. El sistema incluye software para desarrollar el instrumento y para analizar los datos.

[0357] Los datos del ensayo de la 5' nucleasa se expresan inicialmente como Ct, o ciclo umbral. Éste se define como el ciclo en el que la señal informadora se acumula por encima del nivel base de fluorescencia. Los valores Δ Ct se utilizan como medida cuantitativa del número relativo de copias de partida de una secuencia diana particular en una muestra de ácido nucleico cuando se comparan los resultados del ADN del cáncer con los resultados de ADN humano normal.

Preparación de ADN:

- 5 **[0358]** Se preparó el ADN a partir de líneas celulares cultivadas, tumores primarios, y sangre humana normal. Se realizó el aislamiento utilizando un kit de purificación, conjunto de tampones y proteasa de Qiagen™, según las instrucciones del fabricante y la siguiente descripción.

Lisis de cultivo celular:

- 10 **[0359]** Se lavaron las células y se tripsinizaron a una concentración de $7,5 \times 10^8$ por punta y se agruparon mediante centrifugación a 1000 rpm durante 5 minutos a 4°C, seguido de un nuevo lavado con 1/2 volumen de PBS y recentrifugación. Se lavaron los residuos celulares una tercera vez, se recogieron las células suspendidas y se lavaron 2x con PBS. A continuación, las células se suspendieron en 10 ml de PBS. Se equilibró el tampón C1 a 4°C. Se diluyó la proteasa de Qiagen™ en 6,25 ml de ddH₂O fría hasta una concentración final de 20 mg/ml y se equilibró a 4°C. Se preparó 10 ml de Tampón G2 mediante la dilución de la reserva de ARNasa A de Qiagen (100 mg/ml) hasta una concentración final de 200 µg/ml.

- 20 **[0360]** A continuación se añadieron Tampón C1 (10 ml, 4°C) y ddH₂O (40 ml, 4°C) a los 10 ml de suspensión celular, se mezclaron mediante inversión y se incubaron en hielo durante 10 minutos. Se agruparon los núcleos celulares mediante centrifugación en un rotor de cubeta de balanceo Beckman a 2500 rpm a 4°C durante 15 minutos. Se descartó el sobrenadante y se suspendieron los núcleos con un agitador en 2 ml de Tampón C1 (a 4°C) y 6 ml ddH₂O, seguido de una segunda centrifugación a 4°C a 2500 rpm durante 15 minutos. A continuación, se resuspendieron los núcleos en el tampón residual utilizando 200 µl por punta. Se añadió tampón G2 (10 ml) a los núcleos suspendidos mientras se aplicaba agitación moderada. Al finalizarse la adición de tampón, se aplicó agitación vigorosa durante 30 segundos. Se añadió proteasa de Qiagen™ (200 µl, preparada tal y como se indicó anteriormente) y se incubó a 50°C durante 60 minutos. Se repitieron la incubación y la centrifugación hasta que los lisatos eran claros (por ejemplo, incubando 30-60 minutos adicionales, centrifugación a 3000 x g durante 10 min., 4°C).

30 *Purificación de lisatos aclarados:*

(1) Aislamiento de ADN genómico:

- 35 **[0361]** Se equilibró ADN genómico (1 muestra por preparación de punta maxi) con 10 ml de tampón QBT. Se equilibró el tampón de elución QF a 50°C. Se centrifugaron las muestras durante 30 segundos, a continuación se cargaron en puntas equilibradas y se drenaron por gravedad. Se lavaron las puntas con 2 x 15 ml de tampón QC. Se eluyó el ADN en 30 ml de tubos de Corex silanizados de autoclave con 15 ml de tampón QF (50°C). Se añadió isopropanol (10,5 ml) a cada muestra, se cubrieron los tubos con Parafilm™ y se mezclaron mediante inversión repetida hasta que el ADN precipitó. Se agruparon las muestras mediante centrifugación en el rotor de SS-34 a 15.000 rpm durante 10 minutos a 4°C.

- 45 Se marcó la localización del residuo celular, se descartó el sobrenadante, y se añadieron 10 ml de etanol al 70% (4°C). Se agruparon otra vez las muestras mediante centrifugación en el rotor SS-34 a 10.000 rpm durante 10 minutos a 4°C. Se marcó la localización del residuo celular y se descartó el sobrenadante. A continuación, se colocaron los tubos en su lado en una rejilla se secado y se secaron durante 10 minutos a 37°C, teniendo cuidado de no reseca las muestras.

- 50 **[0362]** Después del secado, se disolvieron los residuos celulares en 1,0 ml de TE (pH 8,5) y se colocaron a 50°C durante 1-2 horas. Se mantuvieron las muestras durante toda la noche a 4°C mientras la disolución continuaba. A continuación, se transfirió la solución de ADN a tubos de 1,5 ml con una aguja de calibre 26 en una jeringa de tuberculina. Se repitió la transferencia 5 veces con el objetivo de cortar el ADN. A continuación, se colocaron las muestras a 50°C durante 1-2 horas.

(2) Cuantificación de ADN genómico y preparación para el ensayo de amplificación de genes:

- 55 **[0363]** Se cuantificaron los niveles de ADN en cada tubo mediante espectrofotometría A260/ A280 estándar en una dilución 1:20 (5 µl de ADN + 95 µl de ddH₂O) utilizando las cubetas de cuarzo de 0,1 ml en el espectrofotómetro Beckman DU640™. Las proporciones A260/A280 estaban en el intervalo de 1,8-1,9. A continuación, se diluyó cada muestra de ADN adicionalmente hasta aproximadamente 200 ng/ml en TE (pH 8,5). Si el material original estaba altamente concentrado (aproximadamente 700 ng/µl), se colocaba a 50°C durante varias horas hasta la resuspensión.

[0364] A continuación, se realizó la cuantificación fluorimétrica del ADN en el material diluido (20-600 ng/ml) utilizando las pautas del fabricante tal y como se modifican más adelante. Esto se consiguió dejando que un fluorómetro Hoeffler DyNA Quant 200™ se calentara durante aproximadamente 15 minutos. Se diluyó la solución de trabajo de colorante Hoechst (#H33258, 10 µl, preparado dentro de las 12 horas de uso) en 100 ml de tampón 1 x TNE. Se llenó una cubeta de 2 ml con la solución para el fluorómetro, se colocó en la máquina, y se puso a cero la máquina. Se añadió pGEM 3Zf(+) de Promega™ (2 µl) a 2 ml de solución para el fluorómetro y se calibró a 200 unidades. A continuación, se analizaron 2 µl adicionales de ADN de pGEM 3Zf(+) y se confirmó la lectura a 400 +/- 10 unidades. A continuación, se leyó cada muestra por lo menos por triplicado. Cuando se descubrió que 3 muestras estaban dentro del 10% de cada una, se obtuvo su promedio y se utilizó este valor como el valor de cuantificación.

[0365] A continuación, se utilizó la concentración determinada fluorométricamente para diluir cada muestra hasta 10 ng/µl en ddH₂O. Esto se realizó simultáneamente en todas las muestras de plantilla durante un ensayo de placa única TaqMan™, y con material suficiente para realizar 500-1000 ensayos. Se evaluaron las muestras por triplicado con cebadores y sonda Taqman™, y genes de control en una placa única con ADN humano normal y controles no de plantilla. Se utilizaron las muestras diluidas siempre que el valor de CT de ADN humano normal sustraído del ADN de prueba sea +/- 1 Ct. Se guardó el ADN genómico diluido y calificado en lotes en alícuotas de 1,0 ml a -80°C. Se guardaron a 4°C las alícuotas que se utilizaron posteriormente en el ensayo de amplificación génica. Cada alícuota de 1 ml es suficiente para 8-9 placas o 64 pruebas.

20

Resultados

[0366] Se calculó el número de copias relativo de TASK110 en una PCR cuantitativa utilizando cebadores y sonda específicos para el exón 18 (TASK110(1)) e intrón 2 (TASK110(i2)) del gen de TASK110. En la Figura 14 se describen los valores del número de amplificaciones para TASK110 en la línea celular de cáncer de mama BT549, la línea celular de cáncer de riñón 786 y la línea celular de cáncer de páncreas PANC-1. Se utilizaron los genes de control GAPDH, RPL19, SPF31 y hMAD2 para establecer la línea base de amplificación en un valor de 1, y se amplificó TASK110 significativamente en células PANC-1 cuando se valoró frente a esta línea base.

[0367] El ensayo Taqman™ se ha utilizado ampliamente y satisfactoriamente para caracterizar genes implicados en el desarrollo del cáncer. La sobreexpresión de proto-oncogenes se estudió en un conjunto de tumores humanos y se considera en general que tiene una importancia etiológica, en el diagnóstico y el pronóstico. Los ejemplos de la utilidad de Taqman™ se muestran en las siguientes publicaciones: Pennica et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA., 95(25): 14717-14722 (1998) and Bieche et al., Int. J. Cancer 78:661-666 (1998). Debido a que la amplificación de TASK110 tiene lugar en células derivadas de un tumor pancreático, es altamente probable que juegue un papel significativo en la formación de tumores y/o el crecimiento de tumores. Como resultado, los antagonistas dirigidos contra la proteína TASK110 sería útiles en el alivio del cáncer.

Ejemplo 6: Utilización de TASK como sonda de hibridación

40

[0368] El siguiente procedimiento describe el uso de una secuencia de nucleótidos que codifica TASK como sonda de hibridación para, por ejemplo, el diagnóstico de la presencia de un tumor en un mamífero.

[0369] El ADN que comprende la secuencia codificante del TASK de longitud completa o maduro tal como se describe aquí, también se puede utilizar como sonda para cribar los ADNs homólogos (tales como aquéllos que codifican variantes naturales de TASK) en bibliotecas de ADNc de tejido humano o bibliotecas genómicas de tejido humano.

[0370] La hibridación y el lavado de filtros que contienen cualquier ADN de biblioteca se realizan según las siguientes condiciones de elevada astringencia. La hibridación de la sonda derivada de TASK radiomarcada a los filtros se realiza en una solución al 50% de formamida, 5x SSC, SDS al 0,1%, pirofosfato de sodio al 0,1%, 50 mM de fosfato de sodio, pH 6,8, 2x de solución de Denhardt, y sulfato de dextrano al 10% a 42°C durante 20 horas. El lavado de los filtros se realiza en una solución acuosa de 0,1x SSC y SDS al 0,1% a 42°C.

[0371] A continuación, se pueden identificar los ADNs que tienen una identidad de secuencia deseada con el ADN que codifica TASK de secuencia nativa y longitud completa utilizando las técnicas estándar conocidas en el sector.

Ejemplo 7: Expresión de polipéptido de TASK en *E.coli*

[0372] Este ejemplo ilustra la preparación de una forma no glicosilada de TASK mediante la expresión recombinante en *E. coli*.

60

[0373] La secuencia de ADN que codifica TASK se amplifica inicialmente utilizando cebadores de PCR seleccionados. Los cebadores deberían contener sitios para las enzimas de restricción que se correspondan con los sitios para enzimas de restricción en el vector de expresión seleccionado. Se puede utilizar un conjunto de vectores de expresión. Un ejemplo de vector adecuado es el pBR322 (derivado del *E. coli*, véase Bolivar et.al., Gene, 2:95 (1977)) que contiene genes para la resistencia a la ampicilina y la tetraciclina. El vector se digiere con una enzima de restricción y se desfosforila. A continuación, las secuencias amplificadas por PCR se unen en el vector. El vector preferiblemente incluirá secuencias que codifican un gen resistente a un antibiótico, un promotor *trp*, una secuencia líder poli-His (incluyendo los primeros seis codones STII, secuencia poli-His, y sitio de división para la enteroquinasa), la región codificante de TASK, el terminador transcripcional lambda, y un gen *argU*.

[0374] A continuación, la mezcla de unión se utiliza para transformar una cepa seleccionada de *E. coli* utilizando los procedimientos descritos en Sambrook et. al., *supra*. Los transformantes se identifican por su capacidad para crecer en placas de LB y, a continuación, se seleccionan las colonias resistentes a los antibióticos. El ADN plasmídico se puede aislar y confirmar mediante el análisis de restricción y la secuenciación del ADN.

[0375] Los clones seleccionados se pueden desarrollar durante toda la noche en un medio de cultivo líquido tal como el caldo LB suplementado con antibióticos. El cultivo de toda la noche se puede utilizar posteriormente para inocular un cultivo a mayor escala. A continuación, las células se desarrollan hasta una densidad óptica deseada, durante la cual el promotor de la expresión se activa.

[0376] Después de cultivar las células durante muchas más horas, las células se pueden recoger mediante centrifugación. El residuo de células obtenido mediante la centrifugación se puede solubilizar utilizando diversos agentes conocidos en la técnica, y, a continuación, la proteína TASK solubilizada se puede purificar utilizando una columna quelante de metal en condiciones que permiten la unión fuerte de la proteína.

[0377] El TASK se puede expresar en *E. coli* en una forma etiquetada con poli-His utilizando el procedimiento siguiente. El ADN que codifica TASK se amplifica inicialmente utilizando cebadores de PCR seleccionados. Los cebadores contendrán sitios para enzimas de restricción que corresponden con los sitios de enzimas de restricción en el vector de expresión seleccionado, y otras secuencias útiles que proporcionan un inicio de traducción eficiente y fiable, una purificación rápida en una columna quelante de metales y la eliminación proteolítica con enteroquinasa. Las secuencias etiquetadas con poli-His amplificadas por PCR se ligan a continuación en un vector de expresión, que se utiliza para transformar un huésped de *E. coli* basado en la cepa 52 (W3110 *fuhA(tonA)lon galE rpoHts(htpRts) clpP(lacIq)*). Los transformantes se desarrollan en primer lugar en LB que contiene carbenicilina 50 mg/ml a 30°C con agitación hasta alcanzar una D.O. de 3-5 a 600 nm. A continuación, los cultivos se diluyen 50-100 veces en medio CRAP (preparado mezclando 3,57 g de (NH₄)₂SO₄, 0,71 g de citrato sódico·2H₂O, 1,07 g de KCl, 5,36 g de extracto de levadura Difco, 5,36 g de Sheffield hycase SF en 500 ml de agua, así como MPOS 110 mM, pH 7,3, glucosa al 0,55% (p/v) y MgSO₄ 7 mM) y se desarrollan durante aproximadamente 20-30 horas a 30°C con agitación. Se toman muestras para verificar la expresión mediante análisis de SDS-PAGE, y se centrifuga todo el cultivo para sedimentar las células. Los sedimentos celulares se congelan hasta la purificación y renaturalización.

[0378] La pasta de *E. coli* de fermentaciones de 0,5-1 L (6-10 g de residuo) se resuspende en 10 volúmenes (p/v) en guanidina 7 M, Tris 20 mM, tampón pH 8. Se añaden sulfito sódico sólido y tetratiónato sódico hasta concentraciones finales de 0,1 M y 0,02M, respectivamente, y la solución se agita durante toda la noche a 4°C. Esta etapa da como resultado una proteína desnaturalizada con todos los residuos de cisteína bloqueados por la sulfitización. La solución se centrifuga a 40.000 rpm en una ultracentrífuga Beckman durante 30 min. El sobrenadante se diluye con 3-5 volúmenes de tampón de columna quelante de metales (guanidina 6M, Tris 20 mM, pH 7,4) y se filtra a través de filtros de 0,22 micras para purificar. El extracto purificado se carga en una columna quelante Qiagen de Ni²⁺-NTA de 5 ml equilibrada en el tampón de la columna quelante de metal. La columna se lava con tampón adicional que contiene imidazol 50 mM (Calbiochem, grado Utrol), pH 7,4. La proteína se eluye con tampón que contiene imidazol 250 mM. Las fracciones que contienen la proteína deseada se agrupan y guardan a 4°C. La concentración de proteínas se estima por su absorbancia a 280 nm utilizando el coeficiente de extinción calculado en base a su secuencia de aminoácidos.

[0379] Las proteínas se renaturalizan diluyendo la muestra lentamente en tampón de renaturalización preparado fresco que consiste en: Tris 20 mM, pH 8,6; NaCl 0,3 M; urea 2,5 M; cisteína 5 mM, glicina 20 mM y EDTA 1 mM. Los volúmenes de renaturalización se eligen para que la concentración final se encuentre entre 50 y 100 microgramos/ml. La solución de renaturalización se agita suavemente a 4°C durante 12-36 horas. La reacción de renaturalización se desactiva mediante la adición de TFA hasta una concentración final de 0,4% (pH de aproximadamente 3). Antes de una purificación adicional de la proteína, la solución se filtra a través de un filtro de 0,22 micras y se añade acetonitrilo hasta una concentración final de 2-10%. La proteína renaturalizada se

cromatografía en una columna de fase inversa Poros R1/H con un tampón móvil de TFA al 0,1% con elución con un gradiente de acetonitrilo del 10 al 80%. Se analizan alícuotas de fracciones con una absorbancia A_{280} en geles de poli(acrilamida)-SDS y se agrupan las fracciones que contienen la proteína renaturalizada homogénea. En general, las muestras renaturalizadas de manera adecuada de la mayoría de proteínas se eluyen a las concentraciones más

5 bajas de acetonitrilo, ya que estas muestras son las más compactas con sus interiores hidrofóbicos resguardados de la interacción con la resina de fase inversa. Las muestras agregadas se eluyen normalmente a concentraciones de acetonitrilo superiores. Además de separar las formas mal plegadas de las proteínas de la forma deseada, la etapa de fase inversa también elimina la endotoxina de las muestras.

10 **[0380]** Las fracciones que contienen el polipéptido TASK plegado deseado se agrupan y se elimina el acetonitrilo con una corriente suave de nitrógeno dirigida a la solución. Las proteínas se formulan en Hepes 20 mM, pH 6,8 con cloruro sódico 0,14 M y manitol al 4% mediante diálisis o mediante filtración en gel utilizando resinas Superfine G25 (Pharmacia) equilibradas en el tampón de formulación y filtradas de forma estéril.

15 **[0381]** Algunos de los polipéptidos TASK descritos aquí se han expresado de manera satisfactoria y purificado utilizando esta técnica o técnicas.

Ejemplo 8: Expresión de TASK en células de mamíferos

20 **[0382]** Este ejemplo ilustra la preparación de una forma potencialmente glicosilada de TASK mediante la expresión recombinante en células de mamíferos.

[0383] El vector pRK5 (véase, EP 307.247 publicada el 15 de marzo de 1989) se utiliza como vector de expresión. Opcionalmente, el ADN de TASK se liga en el pRK5 con enzimas de restricción seleccionadas para permitir la

25 inserción del ADN de TASK utilizando procedimientos de unión tales como los descritos en Sambrook et. al., *supra*. El vector resultante se denomina pRK5-TASK.

[0384] En una realización, las células huésped seleccionadas pueden ser células 293. Las células 293 humanas (ATCC CCL 1573) se desarrollan hasta la confluencia en placas de cultivo de tejidos en un medio tal como DMEM

30 suplementado con suero de ternera fetal y opcionalmente, componentes nutricionales y/o antibióticos. Se mezclan aproximadamente 10 μ g de ADN de pRK5-[TASK] con aproximadamente 1 μ g de ADN que codifica el gen de ARN VA [Thimmappaya et. al., *Cell*, 31:543 (1982)] y se disuelve en 500 μ l de Tris-HCl 1 mM, EDTA 0,1 mM, CaCl_2 0,227 M. A esta mezcla se le añade, gota a gota, 500 μ l de HEPES 50 mM (pH 7,35), NaCl 280 mM, NaPO_4 1,5 mM, y se deja formar un precipitado durante 10 minutos a 25°C. El precipitado se suspende y se añade a las células 293 y se

35 deja reposar durante aproximadamente cuatro horas a 37°C. El medio de cultivo se aspira y se añaden 2 ml de glicerol al 20% en PBS durante 30 segundos. A continuación, las células 293 se lavan con medio sin suero, se añade medio fresco y las células se incuban durante aproximadamente 5 días.

[0385] Aproximadamente 24 horas después de las transfecciones, el medio de cultivo se extrae y se reemplaza por

40 medio de cultivo (solo) o medio de cultivo que contiene 200 μ Ci/ml de ^{35}S -cisteína y 200 μ Ci/ml de ^{35}S - metionina. Tras una incubación de 12 horas, se recoge el medio condicionado, se concentra en un filtro de centrifugación y se carga en un gel SDS al 15%. El gel procesado puede secarse y exponerse a una película durante un período de tiempo concreto para revelar la presencia del polipéptido TASK. Los cultivos que contienen células transfectadas pueden experimentar una incubación adicional (en medio sin suero) y el medio se examina en bioensayos concretos.

45 **[0386]** En una técnica alternativa, se puede introducir TASK en células 293 transitoriamente utilizando el procedimiento del sulfato de dextrano descrito por Sompanyrac et. al., *Proc. Natl. Acad. Sci.*, 12: 1575 (1981). Las células 293 se desarrollan hasta la máxima densidad en un matraz giratorio y se añaden 700 μ g de ADN de pRK5-TASK. En primer lugar, las células se concentran a partir del matraz giratorio mediante centrifugación y se lavan con

50 PBS. El precipitado de ADN-dextrano se incuba en el residuo celular durante cuatro horas. Las células se tratan con glicerol al 20% durante 90 segundos, se lavan con medio de cultivo de tejido, y se reintroducen en el matraz giratorio que contiene el medio de cultivo de tejidos, 5 μ g/ml de insulina bovina y 0,1 μ g/ml de transferrina bovina. Después de aproximadamente cuatro días, el medio condicionado se centrifuga y se filtra para eliminar las células y restos celulares. La muestra que contiene el TASK expresado se puede concentrar a continuación y purificar mediante

55 cualquier procedimiento seleccionado, tal como la diálisis y/o cromatografía en columna.

[0387] En otra realización, puede expresarse TASK en células CHO. El vector pRK5-TASK puede transfectarse en células CHO utilizando reactivos conocidos, tales como CaPO_4 o DEAE-dextrano. Tal y como se ha descrito

60 anteriormente, los cultivos celulares pueden incubarse, y el medio puede sustituirse por medio de cultivo (solo) o medio que contiene un radiomarcador, tal como ^{35}S -metionina. Después de determinar la presencia del polipéptido TASK, el medio de cultivo puede sustituirse por medio sin suero. Preferiblemente, los cultivos se incuban durante

aproximadamente 6 días y, a continuación, se recoge el medio condicionado. A continuación, el medio que contiene el TASK expresado puede concentrarse y purificarse mediante cualquier procedimiento seleccionado.

[0388] El TASK etiquetado con epítipo puede expresarse también en células CHO huéspedes. El TASK puede subclonarse fuera del vector pRK5. El inserto del subclón puede someterse a PCR para fusionarse en el marco con una etiqueta epítipo seleccionada, tal como una etiqueta de poli-His en un vector de expresión de Baculovirus. El inserto de TASK etiquetado con poli-His puede subclonarse a continuación en un vector dirigido por SV40 que contiene un marcador de selección, tal como DHFR, para seleccionar clones estables. Finalmente, las células CHO pueden transfectarse (tal como se ha descrito anteriormente) con el vector dirigido por SV40. El marcaje puede realizarse, tal como se ha descrito anteriormente, para verificar la expresión. El medio de cultivo que contiene el TASK etiquetado con poli-His expresado puede a continuación concentrarse y purificarse mediante cualquier procedimiento seleccionado, tal como mediante cromatografía de afinidad de quelato con Ni^{2+} .

[0389] TASK también se puede expresar en células CHO y/o COS mediante un procedimiento de expresión transitoria o en células CHO mediante otro procedimiento de expresión estable.

[0390] La expresión estable en células CHO se realiza utilizando el siguiente procedimiento. Las proteínas se expresan como una construcción IgG (inmoadhesina), en la que las secuencias codificantes de las formas solubles (por ejemplo, los dominios extracelulares) de las proteínas respectivas se fusionan a una secuencia de región constante de IgG1 que contiene la bisagra, CH2 y los dominios de CH2 y/o es una forma etiquetada de poli-His.

[0391] Tras la amplificación por PCR, los ADN respectivos se subclonan en un vector de expresión de CHO utilizando técnicas estándar descritas en Ausubel et. al., Current Protocols of Molecular Biology, Unidad 3.16, John Wiley and Sons (1997). Los vectores de expresión de CHO se construyen para tener sitios de restricción 5' y 3' compatibles del ADN de interés para permitir el traslado adecuado de los de ADNc. El vector utilizado para la expresión en las células CHO es tal y como se describe en Lucas et. al., Nucl. Acid Res. 24:9 (1774-1779 (1996), y utiliza el promotor/potenciador temprano de SV40 para dirigir la expresión del ADNc de interés y la dihidrofolato reductasa (DHFR). La expresión de DHFR permite la selección para el mantenimiento estable del plásmido tras la transfección.

[0392] Se introducen doce microgramos del ADN plasmídico deseado en aproximadamente 10 millones de células CHO utilizando reactivos de transfección Superfect® (Quiagen), Dosper® o Fugene® (Boehringer Mannheim) disponibles comercialmente. Las células se desarrollan tal y como se describe en Lucas et. al., *supra*. Se congelan aproximadamente 3×10^7 células en una ampolla para el crecimiento y producción posterior tal y como se describe a continuación.

[0393] Las ampollas que contienen el ADN plasmídico se descongelan mediante la colocación en un baño de agua y se mezclan mediante agitación. El contenido se pipetea en un tubo de centrifuga que contiene 10 mL de medio y se centrifuga a 1000 rpm durante 5 minutos. El sobrenadante se aspira y las células se resuspenden en 10 ml de medio selectivo (PS20 filtrado a 0,2 μ m con suero bovino fetal al 5% dialfiltrado a 0,2 μ m). A continuación, las células se fraccionan en un agitador de 100 mL que contiene 90 mL de medio selectivo. Después de 1-2 días, las células se transfieren a un agitador de 250 mL lleno con 150 mL de medio de crecimiento selectivo y se incuban a 37°C. Después de otros 2-3 días, se siembran 3×10^5 células/mL en agitadores de 250 mL, 500 mL y 2000 mL. El medio celular se cambia por medio fresco mediante centrifugación y resuspensión en el medio de producción. Aunque se puede utilizar cualquier medio de CHO adecuado, en realidad se puede utilizar un medio de producción descrito en la patente de Estados Unidos No. 5.122.469, concedida el 16 de junio de 1992. En un agitador de producción de 3L se siembra a razón de $1,2 \times 10^6$ células/ml. En el día 0, se determina el número de células y el pH. En el día 1, se toman muestras del agitador y se inicia el burbujeo con aire filtrado. En el día 2, se toman muestras del agitador, la temperatura se cambia a 33°C, y se añaden 30 mL de glucosa 500 g/L y 0,6 mL de antiespuma al 10% (por ejemplo, emulsión de polidimetilsiloxano al 35%, Dow Corning 365 Medical Grade Emulsion). Durante toda la producción, el pH se ajusta según la necesidad manteniéndose en valores alrededor de 7,2. Después de 10 días, o hasta que la viabilidad cae por debajo del 70%, el cultivo celular se recoge mediante centrifugación y se filtra a través de un filtro de 0,22 μ m. El filtrado se guardó a 4°C o se cargó inmediatamente en columnas para la purificación.

[0394] Para las construcciones etiquetadas de poli-his, las proteínas se purifican utilizando una columna de Ni^{2+} -NTA (Qiagen). Antes de la purificación, se añade imidazol al medio condicionado hasta una concentración de 5 mM. El medio condicionado se bombea en una columna de 6 ml de Ni^{2+} -NTA equilibrada en HEPES 20 mM, pH 7,4, tampón que contiene NaCl 0,3 M e imidazol 5 mM a una velocidad de flujo de 4-5 ml/min a 4°C. Tras cargarse, la columna se lava con un tampón de equilibrio adicional y la proteína se eluye con tampón de equilibrio que contiene imidazol 0,25 M. La proteína altamente purificada se desala posteriormente en un tampón de almacenamiento que contiene HEPES

10 mM, NaCl 0,14 M y manitol al 4%, pH 6,8, con una columna G25 Superfine (Pharmacia) de 25 ml y se guarda a -80°C.

5 **[0395]** Las construcciones de inmunoadhesina (que contiene Fc) se purifican a partir del medio condicionado tal y como se indica a continuación. El medio condicionado se bombea en una columna de Proteína A (Pharmacia) de 5 ml que ha sido equilibrada en un tampón de fosfato sódico 20 mM, pH 6,8. Después de cargarse, la columna se lava ampliamente con tampón de equilibrio antes de la elución con ácido cítrico 100 mM, pH 3,5. La proteína eluída se neutraliza inmediatamente recogiendo fracciones de 1 ml en tubos que contienen 275 µL de tampón Tris 1M, pH 9. La proteína altamente purificada se desala posteriormente en un tampón de almacenamiento, tal como el descrito
10 anteriormente para las proteínas etiquetadas con poli-his. La homogeneidad se valora mediante geles de poliacrilamida SDS y mediante la secuenciación de los aminoácidos N-terminales mediante degradación Edman.

[0396] Algunos de los polipéptidos TASK descritos aquí se han expresado de manera satisfactoria y purificado utilizando esta técnica o técnicas.

15 Ejemplo 9: Expresión de TASK en levadura

[0397] El siguiente procedimiento describe la expresión recombinante de TASK en levadura.

20 **[0398]** En primer lugar, los vectores de expresión de levadura se construyen para la producción o secreción intracelular de TASK a partir del promotor ADH2/GAPDH. El ADN que codifica TASK y el promotor se insertan en los sitios para enzimas de restricción adecuados en el plásmido seleccionado para dirigir la expresión intracelular de TASK. Para la secreción, el ADN que codifica TASK puede clonarse en el plásmido seleccionado, junto con el ADN que codifica el promotor ADH2/GAPDH, un péptido señal de mamífero, o, por ejemplo, una secuencia señal/líder
25 secretora del factor alfa o invertasa de levadura, y secuencias enlazadoras (si se necesitan) para la expresión de TASK.

[0399] Las células de levadura, tales como la cepa AB110 de la levadura, pueden a continuación transformarse con los plásmidos de expresión descritos anteriormente y cultivarse en medios de fermentación seleccionados. Los
30 sobrenadantes de levadura transformados pueden analizarse mediante precipitación con ácido tricloroacético al 10% y una separación mediante SDS-PAGE, seguido de la tinción de los geles con azul de Coomassie.

[0400] El TASK recombinante puede aislarse posteriormente y purificarse mediante la extracción de las células de levadura del medio de fermentación por centrifugación y, a continuación, la concentración del medio utilizando filtros
35 de cartucho específicos. El concentrado que contiene TASK puede purificarse adicionalmente utilizando resinas de cromatografía en columna seleccionadas.

[0401] Algunos de los polipéptidos TASK descritos aquí se han expresado y purificado de manera satisfactoria utilizando esta técnica o técnicas.

40 Ejemplo 10: Expresión de TASK en células de insectos infectadas de Baculovirus

[0402] El siguiente procedimiento describe la expresión recombinante de TASK en células de insectos infectadas de Baculovirus.

45 **[0403]** La secuencia que codifica TASK se fusiona en dirección 5' de un epítipo etiqueta contenido en un vector de expresión de baculovirus. Dichas epítipo etiquetas incluyen etiquetas de poli-His y etiquetas de inmunoglobulina (como las regiones Fc de IgG). Pueden utilizarse un conjunto de plásmidos, incluyendo plásmidos derivados de los plásmidos disponibles comercialmente, tales como pVL1393 (Novagen). Brevemente, la secuencia que codifica
50 TASK, la parte deseada de la secuencia codificante de TASK, o la secuencia que codifica la proteína madura, se amplifican mediante PCR con cebadores complementarios a las regiones 5' y 3'. El cebador 5' puede incorporar sitios para enzimas de restricción flanqueantes (seleccionados). El producto se digiere a continuación con las enzimas de restricción seleccionadas y se subclona en el vector de expresión.

55 **[0404]** El baculovirus recombinante se genera mediante la cotransfección del plásmido anterior y el ADN del virus BaculoGold™ (Pharming) en células de *Spodoptera frugiperda* ("Sf9") (ATCC CRL 1711) utilizando lipofectina (disponible comercialmente de GIBCO-BRL). Después de 4-5 días de incubación a 28°C, los virus liberados se recogen y se utilizan para amplificaciones adicionales. La infección viral y la expresión de la proteína se realizan tal y como se describe en O'Reilly et. al., Baculovirus expression vectors: A Laboratory Manual, Oxford: Oxford
60 University Press (1994).

[0405] A continuación, el TASK etiquetado con poli-His expresado puede purificarse, por ejemplo, mediante cromatografía de afinidad de Ni²⁺-quelato tal y como se indica a continuación. Los extractos se preparan a partir de las células recombinantes de Sf9 infectadas del virus tal y como se ha descrito por Rupert et. al., *Nature*, **362**: 175-179 (1993). Brevemente, las células Sf9 se lavan, se resuspenden en el tampón de sonicación (25 ml de HEPES, pH 7,9; MgCl₂ 12,5 mM; EDTA 0,1 mM; glicerol al 10%; NP-40 al 0,1%; KCl 0,4 M), y se sonican dos veces durante 20 segundos en hielo. Los sonicados se depuran por centrifugación, y el sobrenadante se diluye 50 veces en el tampón de carga (fosfato 50 mM, NaCl 300 mM, glicerol al 10%, pH 7,8) y se filtra a través de un filtro de 0,45 µm. Se prepara una columna de agarosa Ni²⁺-NTA (comercialmente disponible de Qiagen) con un volumen de lecho de 5 ml, se lava con 25 ml de agua y se equilibra con 25 ml del tampón de carga. El extracto celular filtrado se carga en la columna a 0,5 ml por minuto. La columna se lava hasta la línea base a A₂₈₀ con el tampón de carga, en cuyo punto se inicia la recogida de la fracción. A continuación, la columna se lava con un tampón de lavado secundario (fosfato 50 mM; NaCl 300 mM, glicerol al 10%, pH 6,0), que eluye la proteína no unida específicamente. Después de alcanzar la línea base a A₂₈₀ de nuevo, la columna se desarrolla con un gradiente de 0 a 500 mM de imidazol en el tampón de lavado secundario. Se recogen fracciones de un ml y se analizan mediante SDS-PAGE y tinción con plata o transferencia Western con Ni²⁺-NTA-conjugado a fosfatasa alcalina (Qiagen). Las fracciones que contienen el TASK etiquetado con His₁₀ eluido se agrupan y se dializan contra el tampón de carga.

[0406] Alternativamente, la purificación del TASK etiquetado con IgG (o con Fc) puede realizarse usando técnicas de cromatografía conocidas, incluyendo, por ejemplo, cromatografía en columna con Proteína A o proteína G.

[0407] Algunos de los polipéptidos TASK descritos aquí se han expresado y purificado de manera satisfactoria utilizando esta técnica o técnicas.

Ejemplo 11: Preparación de anticuerpos que se unen a TASK

[0408] Este ejemplo ilustra la preparación de anticuerpos monoclonales que pueden unirse específicamente a TASK.

[0409] Las técnicas para producir los anticuerpos monoclonales son conocidas en el sector y están descritas, por ejemplo, en Goding, *supra*. Entre los inmunógenos que se pueden utilizar se incluyen TASK purificado, proteínas de fusión que contienen TASK y células que expresan TASK recombinante en la superficie celular. La selección del inmunógeno puede realizarse según el técnico en la materia sin una gran experimentación.

[0410] Los ratones, tales como Balb/c, se inmunizan con el inmunógeno de TASK emulsionado en adyuvante completo de Freund y se inyecta subcutáneamente o intraperitonealmente en una cantidad de 1–100 microgramos. Alternativamente, el inmunógeno se emulsiona en el adyuvante de MPL-TDM (Ribi Immunochemical Research, Hamilton, MT) y se inyecta en las bases de las patas traseras del animal. A continuación, los ratones inmunizados se refuerzan 10 a 12 días después con inmunógeno adicional emulsionado en el adyuvante seleccionado. A continuación, durante diversas semanas, los ratones también se pueden reforzar con inyecciones de inmunización adicionales. Las muestras de suero se pueden obtener periódicamente de los ratones mediante muestras de sangre retro-orbital para ser analizadas en ensayos ELISA para detectar anticuerpos anti-TASK.

[0411] Después de detectar un título de anticuerpo adecuado, a los animales "positivos" para anticuerpos se les puede inyectar una inyección intravenosa final de TASK. De tres a cuatro días más tarde, los ratones se sacrifican y se recogen las células del bazo. A continuación, las células del bazo se fusionan (usando polietilenglicol al 35%) a una línea celular de mieloma murino seleccionada, tal como la P3X63AgU.1, disponible de ATCC, No. CRL 1597. Las fusiones generan células de hibridoma que se pueden colocar a continuación en placas de cultivo de tejido de 96 pocillos que contienen un medio HAT (hipoxantina, aminopterina y timidina) para inhibir la proliferación de células no fusionadas, híbridos de mieloma e híbridos de células de bazo.

[0412] Las células de hibridomas se cribarán en un ELISA para la reactividad contra TASK. La determinación de células de hibridomas "positivas" que secretan los anticuerpos monoclonales deseados contra TASK está dentro de la técnica.

[0413] Las células de hibridomas positivas se pueden inyectar intraperitonealmente en ratones singéneos Balb/c para producir fluidos ascíticos que contienen los anticuerpos monoclonales anti-TASK. Alternativamente, las células de hibridoma pueden desarrollarse en matraces o en botellas en rodillo de cultivos de tejidos. La purificación de los anticuerpos monoclonales producidos en los fluidos ascíticos se puede realizar usando precipitación con sulfato de amonio, seguido por cromatografía de exclusión en gel. Alternativamente, puede usarse la cromatografía por afinidad basada en la unión del anticuerpo a la proteína A o la proteína G.

[0414] Los anticuerpos dirigidos contra algunos de los polipéptidos TASK descritos aquí se pueden producir satisfactoriamente utilizando esta técnica o técnicas.

Ejemplo 12: Purificación de polipéptidos TASK utilizando anticuerpos específicos

- [0415]** Los polipéptidos TASK nativos o recombinantes se pueden purificar mediante una variedad de técnicas estándar en las técnicas de purificación de proteínas. Por ejemplo, se purifica el polipéptido pro-TASK, el polipéptido TASK maduro, o el polipéptido pre-TASK mediante cromatografía de inmovilización usando anticuerpos específicos para el polipéptido TASK de interés. En general, se construye una columna de inmovilización por acoplamiento covalente de anticuerpo anti-polipéptido TASK a una resina cromatográfica activada.
- 10 **[0416]** Las inmunoglobulinas policlonales se preparan a partir de sueros inmunes mediante precipitación con sulfato de amonio o mediante purificación en la Proteína A inmovilizada (Pharmacia LKB Biotechnology, Piscataway, N.J). Así mismo, los anticuerpos monoclonales se preparan a partir de los fluidos ascíticos de ratón mediante la precipitación con sulfato de amonio o cromatografía en Proteína A inmovilizada. La inmunoglobulina parcialmente purificada se une covalentemente a una resina cromatográfica, tal como la SEPHAROSE™ activada con CnBr
- 15 (Pharmacia LKB Biotechnology). El anticuerpo se acopla a la resina, la resina se bloquea y la resina derivada se lava de acuerdo con las instrucciones del fabricante.
- [0417]** Dicha columna de inmovilización se utiliza en la purificación del polipéptido TASK mediante la preparación de una fracción a partir de células que contienen polipéptido TASK en una forma soluble. Esta preparación se deriva por solubilización de toda la célula o de una fracción subcelular obtenida mediante centrifugación diferencial por adición de detergente o mediante otros procedimientos conocidos en la técnica. Alternativamente, el polipéptido TASK soluble que contiene una secuencia señal puede secretarse en una cantidad útil en el medio en el que crecen las células.
- 20
- 25 **[0418]** Una preparación que contiene polipéptido TASK soluble se pasa por la columna de inmovilización, y la columna se lava en condiciones que permiten la absorción preferencial del polipéptido TASK (por ejemplo, tampones de fuerza iónica elevada en presencia de detergente). A continuación, la columna se eluye en condiciones que interrumpen la unión anticuerpo/polipéptido TASK (por ejemplo, un tampón de pH bajo, tal como aproximadamente un pH de 2-3, o una alta concentración de caótopo, tal como urea o ión tiocianato), y se recoge el
- 30 polipéptido TASK.

Ejemplo 13: Cribado de fármacos

- [0419]** La presente invención es particularmente útil para cribar compuestos mediante la utilización de polipéptidos TASK o fragmentos de unión de los mismos en cualquiera de un conjunto de técnicas de cribado de fármacos. El polipéptido TASK o el fragmento utilizado en dicha prueba puede estar libre en solución, fijado a un soporte sólido, adsorbido en una superficie celular o situado intracelularmente. Un procedimiento de cribado de fármacos utiliza células huésped eucariotas o procariotas, las cuales se transforman de forma estable con ácidos nucleicos recombinantes que expresan el polipéptido TASK o un fragmento. Los fármacos se criban contra dichas células transformadas en ensayos de unión competitiva. Dichas células, tanto en forma viable como fija, se pueden utilizar para ensayos de unión estándar. Se puede medir, por ejemplo, la formación de complejos entre el polipéptido TASK o un fragmento y el agente que se está probando. Alternativamente, se puede examinar la disminución en la formación del complejo entre el polipéptido TASK y su célula diana o receptores diana causada por el agente que se está probando.
- 35
- 40
- 45 **[0420]** De este modo, la presente invención proporciona procedimientos de cribado para fármacos o cualquier otro agente que pueda afectar una enfermedad o un trastorno asociados al polipéptido TASK. Estos procedimientos comprenden poner en contacto dicho agente con un polipéptido TASK o fragmento del mismo y el ensayo (I) de la presencia de un complejo entre el agente y el polipéptido TASK o un fragmento, o (II) de la presencia de un complejo
- 50 entre el polipéptido TASK o un fragmento y la célula, mediante procedimientos bien conocidos en la técnica. En dichos ensayos de unión competitiva, el polipéptido TASK o un fragmento están normalmente marcados. Después de una incubación adecuada, el polipéptido TASK o un fragmento libres se separan de la forma unida, y la cantidad de marcador libre o no complejado es una medida de la capacidad del agente concreto para unirse al polipéptido TASK o para interferir en el complejo polipéptido TASK/célula.
- 55
- [0421]** Otra técnica para el cribado de fármacos proporciona un cribado de alto rendimiento de compuestos que tienen una afinidad de unión adecuada a un polipéptido y se describe en detalle en WO 84/03564, publicado el 13 de septiembre de 1984. Brevemente, se sintetizan una gran cantidad de compuestos de diferentes péptidos pequeños de prueba en un sustrato sólido, tal como agujas de plástico o alguna otra superficie. Tal y como se aplica a un
- 60 polipéptido TASK, los compuestos de péptidos de prueba se hacen reaccionar con polipéptido TASK y se lavan. Se detecta el polipéptido TASK unido mediante procedimientos bien conocidos en la técnica. El polipéptido TASK

purificado también puede recubrirse directamente en placas para utilizar en las técnicas de cribado de fármacos mencionadas anteriormente. Además, se pueden utilizar anticuerpos no neutralizantes para capturar el péptido e inmovilizarlo en el soporte sólido.

5 **[0422]** La presente invención también contempla la utilización de ensayos de cribado de fármacos competitivos en los que los anticuerpos neutralizantes capaces de unirse a polipéptidos TASK compiten específicamente con un compuesto de prueba para unirse a un polipéptido TASK o fragmentos del mismo. De esta manera, pueden utilizarse los anticuerpos para detectar la presencia de cualquier péptido que comparta uno o más determinantes antigénicos con el polipéptido TASK.

10

Ejemplo 14: Cribado de tumores

[0423] Los antagonistas para polipéptidos TASK se pueden determinar in vivo mediante un modelo de ratón desnudo. Las células de mamífero se pueden transfectar con cantidades suficientes de plásmido que expresa polipéptido TASK para generar niveles elevados de polipéptido TASK en la línea celular. Se puede inyectar subcutáneamente un número conocido de células sobreexpresantes en el costado de los ratones desnudos. Después de un tiempo suficiente para que crezca un tumor y se haga visible y medible (habitualmente 2-3 mm de diámetro), los ratones se pueden tratar con el potencial antagonista de TASK. Para determinar si tuvo lugar un efecto beneficioso, se mide el tumor en milímetros con calibradores Vernier y se calcula el volumen del tumor: peso del tumor = (longitud x anchura²)/2 (Geran, et al., (1972) Cancer Chemotherapy Rep., 3 1-104). El modelo de tumor de ratón desnudo es un ensayo reproducible para valorar las velocidades de crecimiento de tumores y la reducción de la velocidad de crecimiento de tumores por un posible agente antitumoral de una forma dependiente con la dosis. Como ejemplo, se observó que el compuesto 317615-HCL, un inhibidor de Proteína Quinasa C β candidato, presentaba un efecto antitumoral utilizando este modelo (Teicher et al.,(2002) Can Chemo Pharm 49: 69-77)

25

[0424] La descripción anterior se considera suficiente para que un experto en la materia pueda realizar la invención. La presente invención no se limita en su alcance en las construcciones depositadas, ya que la realización depositada pretende ser una muestra individual de ciertos aspectos de la invención y cualquier construcción que sea funcionalmente equivalente se encuentran en el alcance de la presente invención. El depósito de material de la presente invención no constituye la admisión de que la presente descripción escrita contenida sea inadecuada para permitir la puesta en práctica de cualquier aspecto de la invención, incluyendo el modo óptimo de la misma, ni debe interpretarse que el alcance de las reivindicaciones se limita a las ilustraciones específicas que se representan. De hecho, varias modificaciones de la invención, además de las mostradas y descritas aquí, serán evidentes para los expertos en la materia a partir de la descripción anterior y se encuentran dentro del alcance de las reivindicaciones adjuntas.

35

REIVINDICACIONES

1. Antagonista de TASK110 para utilizar en un método de inhibición del crecimiento de una célula de cáncer pancreático que expresa un polipéptido que tiene por lo menos un 80% de identidad en la secuencia de aminoácidos
5 con:
- (a) la secuencia de aminoácidos mostrada en la figura 2 (SEC ID No.2); o
 - (b) una secuencia de aminoácidos codificada por una secuencia de nucleótidos que comprende la secuencia de nucleótidos mostrada en la figura 1 (SEC ID No. 1)
- 10 comprendiendo dicho método poner en contacto dicha célula cancerosa con dicho antagonista de TASK110, donde dicho antagonista de TASK110 es un anticuerpo que se une a dicho polipéptido, un oligonucleótido no codificante o un siARN.
2. Antagonista de TASK110 para utilizar en un método de tratamiento de un mamífero que tiene un tumor pancreático que comprende células que expresan un polipéptido que tiene por lo menos un 80% de identidad en la
15 secuencia de aminoácidos con:
- (a) la secuencia de aminoácidos mostrada en la figura 2 (SEC ID No.2);
 - (b) una secuencia de aminoácidos codificada por una secuencia de nucleótidos que comprende la secuencia de nucleótidos mostrada en la figura 1 (SEC ID No. 1);
- 20 comprendiendo dicho método administrar a dicho mamífero una cantidad terapéuticamente eficaz de dicho antagonista de TASK110, donde dicho antagonista de TASK110 es un anticuerpo que se une a dicho polipéptido, un oligonucleótido no codificante o un siARN.
3. Antagonista según la reivindicación 1 o la reivindicación 2, en el que dicho anticuerpo se conjuga a un agente inhibidor del crecimiento.
25
4. Antagonista según la reivindicación 1 o la reivindicación 2, en el que dicho anticuerpo se conjuga a un agente citotóxico.
5. Antagonista según la reivindicación 4, en el que dicho agente citotóxico se selecciona del grupo que consiste en
30 toxinas, antibióticos, isótopos radioactivos y enzimas nucleolíticas.
6. Antagonista según la reivindicación 5, en el que el agente citotóxico es una toxina.
7. Antagonista según la reivindicación 6, en el que la toxina se selecciona del grupo que consiste en maitansinoide y
35 caliqueamicina.
8. Antagonista según la reivindicación 6, en el que la toxina es un maitansinoide.
9. Antagonista según la reivindicación 1 o la reivindicación 2, en el que dicha célula cancerosa se expone además a
40 un tratamiento con radiación o un agente quimioterapéutico.
10. Antagonista según la reivindicación 1, en el que dicha célula cancerosa sobreexpresa dicho polipéptido en comparación con una célula normal del mismo origen de tejido.
- 45 11. Método de determinación de la presencia de un polipéptido en una muestra sospechosa de contener dicho polipéptido, en el que dicho polipéptido tiene por lo menos un 80% de identidad en la secuencia de aminoácidos con:
- (a) la secuencia de aminoácidos mostrada en la figura 2 (SEC ID No.2); o
 - (b) una secuencia de aminoácidos codificada por una secuencia de nucleótidos que comprende la secuencia de nucleótidos mostrada en la figura 1 (SEC ID No. 1);
- 50 comprendiendo dicho método exponer dicha muestra a un anticuerpo que se une a dicho polipéptido y determinar la unión de dicho anticuerpo a dicho polipéptido en dicha muestra, en el que dicha muestra comprende una célula pancreática sospechosa de expresar dicho polipéptido.
12. Método según la reivindicación 11, en el que dicha célula es una célula cancerosa.
55
13. Método según la reivindicación 11, en el que dicho anticuerpo está marcado de manera detectable.
14. Método de diagnóstico de la presencia de un tumor pancreático en un mamífero, comprendiendo dicho método detectar el nivel de expresión de un gen que codifica un polipéptido que tiene por lo menos un 80% de identidad en
60 la secuencia de aminoácidos con:
- (a) la secuencia de aminoácidos mostrada en la figura 2 (SEC ID No.2); o

- (b) una secuencia de aminoácidos codificada por una secuencia de nucleótidos que comprende la secuencia de nucleótidos mostrada en la figura 1 (SEC ID No. 1), en una muestra de prueba de células de tejido pancreático obtenidas de dicho mamífero y en una muestra de control de células normales conocidas del mismo origen de tejido, en el que un nivel más elevado de la expresión de un gen que codifica dicho polipéptido en la muestra de prueba, en comparación con la muestra de control, es indicativo de la presencia de tumor en el mamífero del cual se obtuvo la muestra de prueba.
- 5
15. Método según la reivindicación 14, en el que la etapa de detectar el nivel de expresión de un gen que codifica dicho polipéptido comprende utilizar un oligonucleótido en una hibridación *in situ* o análisis RT-PCR.
- 10
16. Método de diagnóstico de la presencia de un tumor pancreático en un mamífero, comprendiendo dicho método poner en contacto un anticuerpo que se une a un polipéptido que tiene por lo menos un 80% de identidad en la secuencia de aminoácidos con:
- 15 (a) la secuencia de aminoácidos mostrada en la figura 2 (SEC ID No.2); o
- (b) una secuencia de aminoácidos codificada por una secuencia de nucleótidos que comprende la secuencia de nucleótidos mostrada en la figura 1 (SEC ID No. 1), con una muestra de prueba de células de tejido pancreático obtenidas de dicho mamífero y con una muestra de control de células normales conocidas del mismo origen de tejido; y detectar la formación de un complejo entre dicho anticuerpo y dicho polipéptido en la muestra de prueba y en la muestra de control, en el que la formación de una mayor cantidad de complejo en la muestra de prueba en comparación con la muestra de control es indicativa de la presencia de un tumor en dicho mamífero.
- 20
17. Método según la reivindicación 16, que comprende utilizar dicho anticuerpo en un análisis inmunohistoquímico.
18. Método según la reivindicación 16, en el que dicho anticuerpo está marcado de forma detectable.
- 25
19. Método según la reivindicación 16, en el que dicha muestra de prueba de células de tejido se obtiene de un individuo sospechoso de tener un tumor canceroso.

FIGURA 1

TTGGCGGGCGGAAGCGGCCACAACCCGGCGATCGAAAAGATTCCTTAGGAACGCCGTACCA
 GCCGCGTCTCTCAGGACAGCAGGCCCTGTCTTCTGTTCGGGCGCCGCTCAGCCGTGCC
 TCCGCCCCCTCAGGTTCTTTTTCTAATTCCAAATAAACTTGCAAGAGGACTATGAAAGATT
 ATGATGAACCTCTCAAATAATTATGAATTACATGAAACTATTGGGACAGGTGGCTTTGCAA
 AGGTCAAACCTGCCTGCCATATCCTTACTGGAGAGATGGTAGCTATAAAAAATCATGGATA
 AAAACACACTAGGGAGTGATTTGCCCGGATCAAACCGGAGATTGAGGCCCTGAAGAACC
 TGAGACATCAGCATATATGTCAACTCTACCATGTGCTAGAGACAGCCAACAAAATATTCA
 TGGTCTTGAGTACTGCCCTGGAGGAGAGCTGTTTGAATAATAATTTCCAGGATCGCC
 TGTGAGAAGAGGAGACCCGGGTTGTCTTCCGTGAGATAGTATCTGCTGTGTGCTTATGTGC
 ACAGCCAGGGCTATGCTCACAGGGACCTCAAGCCAGAAAATTTGCTGTTTGATGAATATC
 AATAATTAAGCTGATTGACTTTGGTCTCTGTGCAAAAACCAAGGGTAACAAGGATTACC
 ATCTACAGACATGCTGTGGGAGTCTGGCTTATGCAGCACCTGAGTTAATACAAGGCAAAT
 CATATCTTGGATCAGAGGCAGATGTTTGGAGCATGGGCATACTGTTATATGTTCTTATGT
 GTGGATTTCTACCATTTGATGATGATAATGTAATGGCTTTATACAAGAAGATTATGAGAG
 GAAAAATATGATGTTCCCAAGTGGCTCTCTCCAGTAGCATTCTGCTTCTTCAACAAAATGC
 TGCAGGTGGACCCAAAGAAACGGATTTCTATGAAAAATCTATTGAACCATCCCTGGATCA
 TGCAAGATTACAACATCCTGTTGAGTGGCAAAGCAAGAATCCTTTTATTACCTCGATG
 ATGATTGCGTAAACAGAACCTTCTGTACATCACAGAAACAACAGGCAACAATGGAGGATT
 TAATTTCACTGTGGCAGTATGATCACCTCACGGCTACCTATCTTCTGCTTCTAGCCAAGA
 AGGCTCGGGGAAAACAGTTCGTTAAGGCTTTCTTCTTCTCCTGTGGACAAGCCAGTG
 CTACCCCATTCACAGACATCAAGTCAAATAATTGGAGTCTGGAAGATGTGACCCGAAGTG
 AAAAAATTTATGTGGCGGGATTAATAGACTATGATTGGTGTGAAGATGATTTATCAACAG
 GTGCTGCTACTCCCAGAACATCACAGTTTACCAAGTACTGGACAGAATCAAATGGGGTGG
 AATCTAAATCATTAACCTCAGCCTTATGCAGAACACCTGCAAATAAATTAAGAACAAG
 AAAATGTATATACTCCTAAGTCTGCTGTAAAGAATGAAGAGTACTTTATGTTTCTGAGC
 CAAAGACTCCAGTTAATAAGAACCAGCATAAGAGAGAAATACTCACTACGCCAAATCGTT
 AACTACACCCTCAAAGCTAGAAACCAGTGCCTGAAAGAAACTCCAATTAATAATACCAG
 TAAATTC AACAGGAACAGACAAGTTAATGACAGGTGTCATTAGCCCTGAGAGGCGGTGCC
 GCTCAGTGGAAATGGATCTCAACCAAGCACATATGGAGGAGACTCCAAAAGAAAGGGAG
 CCAAAGTGTTTGGGAGCCTTGAAAGGGGGTTGGATAAGGTTATCACTGTGCTCACCAGGA
 GCAAAGGAAGGGTTCTGCCAGAGACGGGCCAGAAAGCTAAAGCTTCACTATAATGTGA
 CTACAACCTAGATTAGTGAATCCAGATCAACTGTTGAATGAAATAATGTCTATTCTTCAA
 AGAAGCATGTTGACTTTGTACAAAAGGGTTATACACTGAAGTGTCAAACACAGTCAGATT
 TTGGGAAAGTGACAATGCAATTTGAATTAGAAGTGTGCCAGCTTCAAAAACCCGATGTGG
 TGGGTATCAGGAGGCAGCGCTTAAGGGCGATGCCTGGGTTTACAAAAGATTAGTGGAA
 ACATCCTATCTAGCTGCAAGGTATAATTGATGGATTCTTCCATCCTGCCGGATGAGTGTG
 GGTGTGATACAGCCTACATAAAGACTGTTATGATCGCTTTGATTTTAAAGTTCATTGGAA
 CTACCAACTTGTCTTAAAGAGCTATCTTAAGACCAATATCTCTTGTTTTTAAACAAA
 GATATTATTTTGTGTATGAATCTAAATCAAGCCCATCTGTATTATGTTACTGTCTTTTT
 TAATCATGTGGTFTTGTATATTAATAATTGTTGACTTCTTAGATTCACTTCCATATGTG
 AATGTAAGCTCTTAACATATGTCTCTTTGTAATGTGTAATTTCTTCTGAAATAAAACCAT
 TTGTGAATAT

FIGURA 2

5 MKDYDELLKYYELHETIGTGGFAKVKLACHILTGEMVAIKIMDKNTLGSDLPRIKTEIEA
 LKNLRHQHICQLYHVLETANKIFMVLEYCPGGELFDYIISQDRLSEETRVVFRQIVSAV
 AYVHSQGYAHRDLKPENLLFDEYHKLKLI DFGLCAKPKGNKDYHLQTCGSLAYAPELI
 QGKSYLGSEADVWSMGILLVLMCGFLPFDDDNVMALYKKIMRGKYDVPKWLSFSSILLL
 10 QQMLQVDPKKRISMKNLLNHPWIMQDYNYPVEWQSKNPFHLDDDCVTELSVHHRNNRQT
 MEDLISLWQYDHLTATYLLLLLAKKARGKPVRLRLSSFS CGQASATPFTDIKSNNWSLEDV
 TASDKNYVAGLIDYDWCEDDLSTGAATPRTSQFTKYWTESNGVESKSLTPALC RTPANKL
 KNKENVYTPKSAVKNEEYFMFPEPKTPVNKNQH KREILTTPNRYTTPSKARNQCLKETPI
 15 KIPVNSTGTDKLMTGVIS PERRCRSVELDLNQA HMEETPKRKGAKVFGSLE RGLDKVITV
 LTRSKRKG SARDGPRRLKLHYNVT TTRLVNP DQLLNEIMSILPKKHVDFVQGYTLKCQT
 QSDFGKVTMQFELEV CQLQKPDVVGIRRQRLKGD AWVYKRLVEDILSSCKV

- 20 Sitio de N-glicosilación
 354-357
 485-488
 562-565
 Sitio de fosforilación de proteína quinasa dependiente de AMPc y CMPC
- 25 250-253
 546-549
 Sitio de fosforilación de tirosina quinasa
 2-10
 421-427
- 30 630-638
 Sitio de N-miristoilación
 340-345
 Señal de reconocimiento de microcuerpos C-terminales
 649-652
- 35 Patrón de cremalleras de leucina
 165-186
 Firma de sitio activo de serina/treonina proteínas quinazas
 128-140
 Dominio de tirosina quinasa
- 40 11-263
 Dominio 1 asociado con quinasa
 602-651

FIGURA 7

Datos de expresión de TASK110

5 Muestras de tumores vs líneas celulares

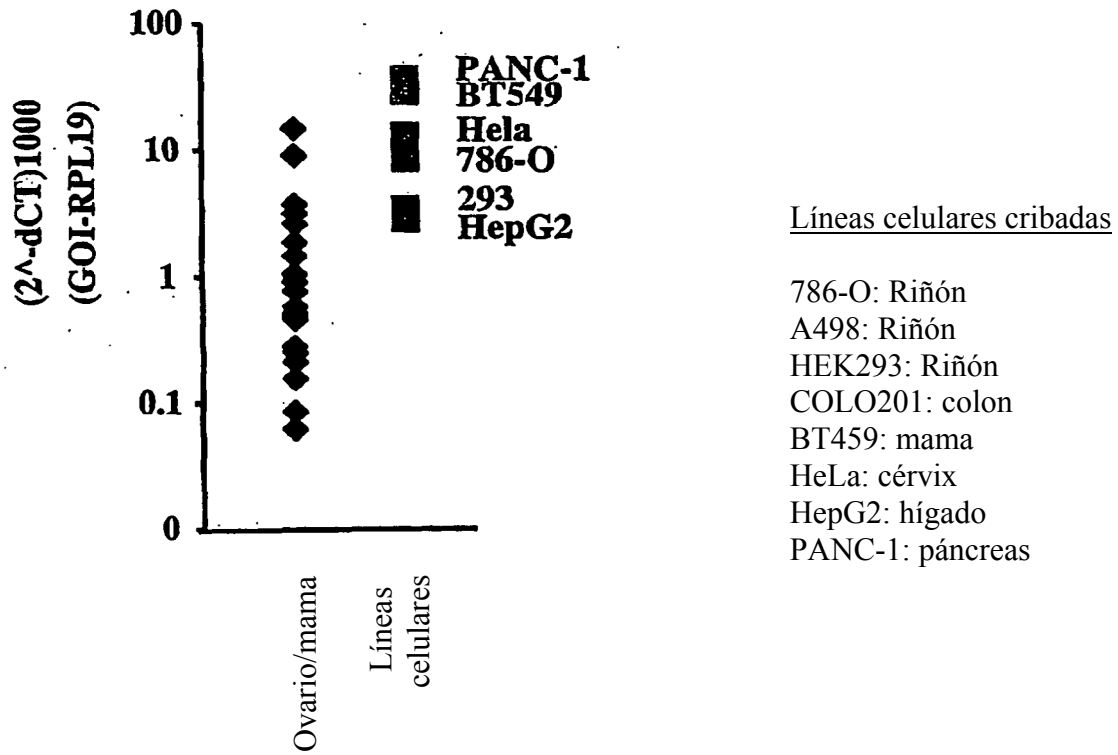


FIGURA 9A

5

Cáncer de pulmón in situ

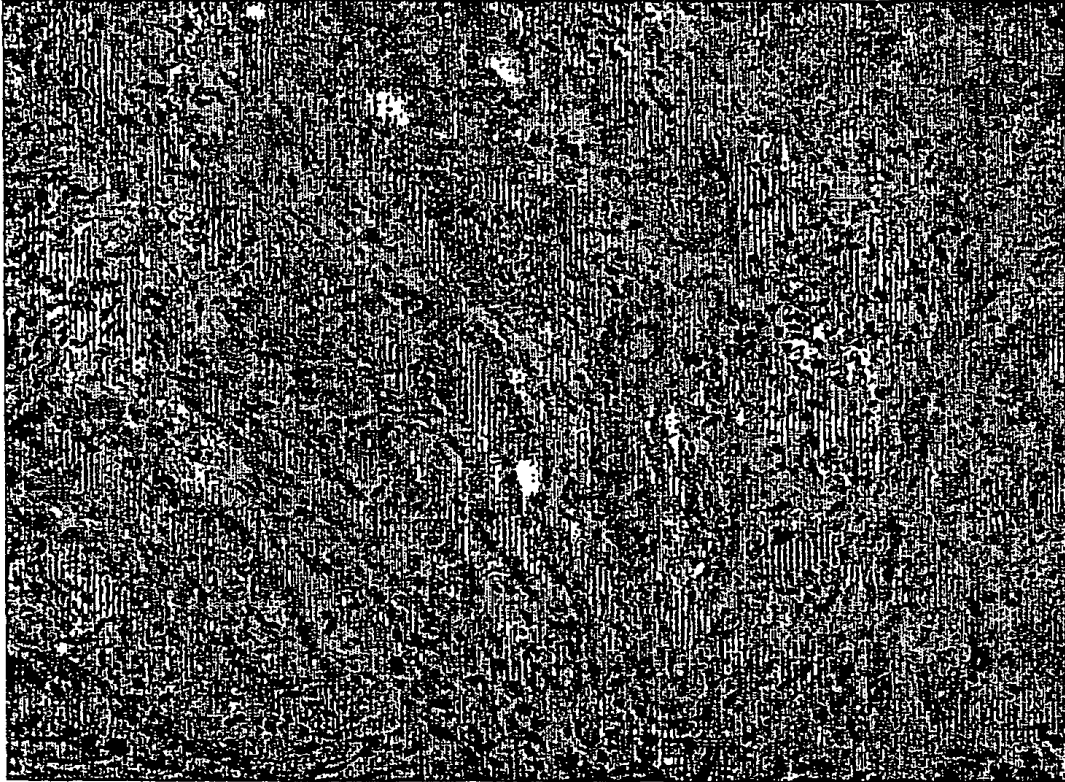


FIGURA 9B

5

Cáncer de pulmón in situ

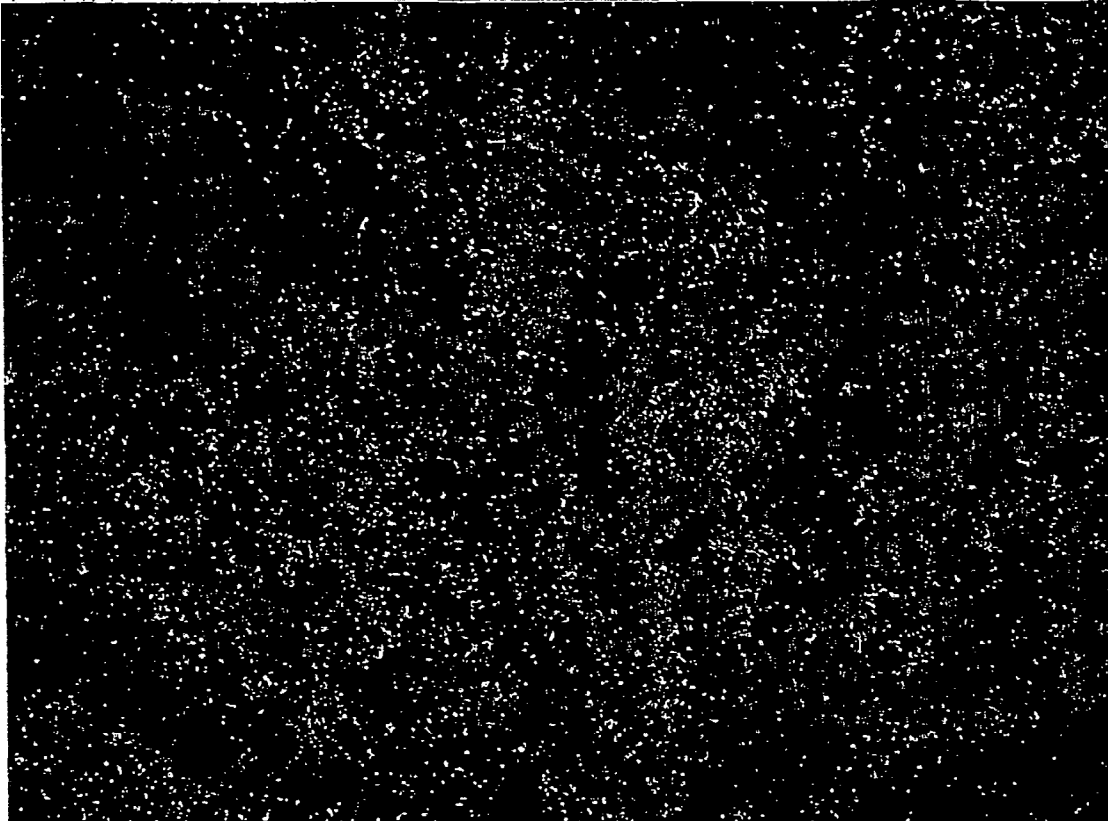


FIGURA 11A

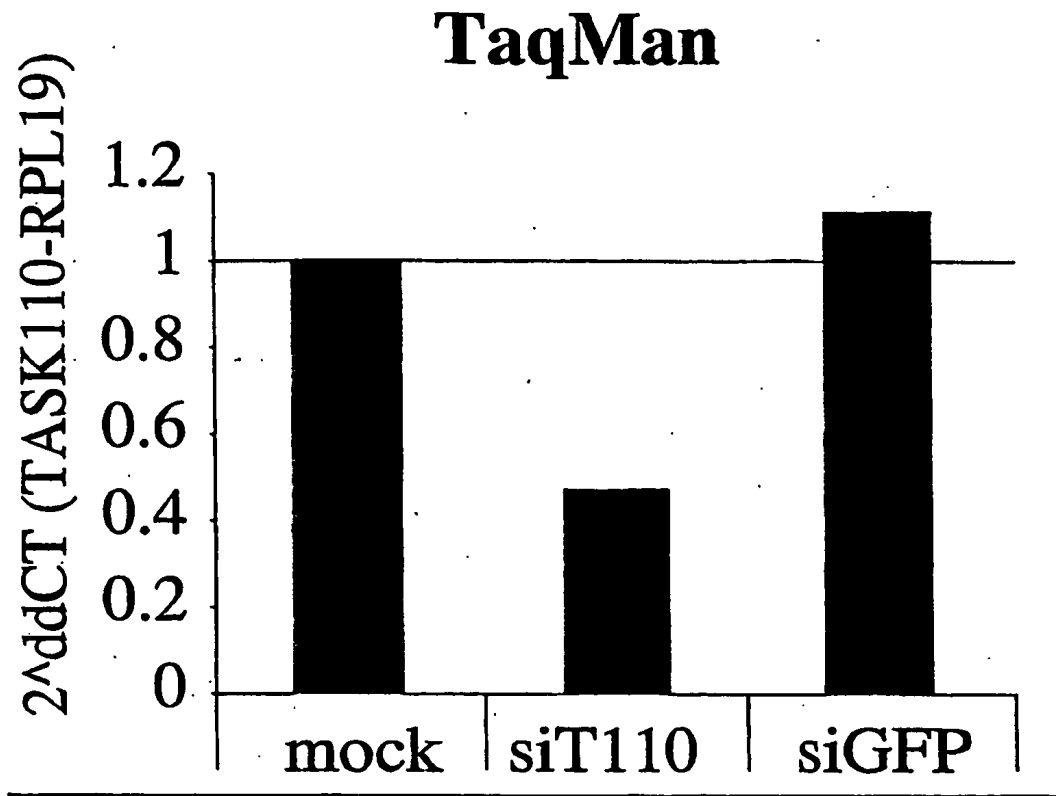


FIGURA 11B

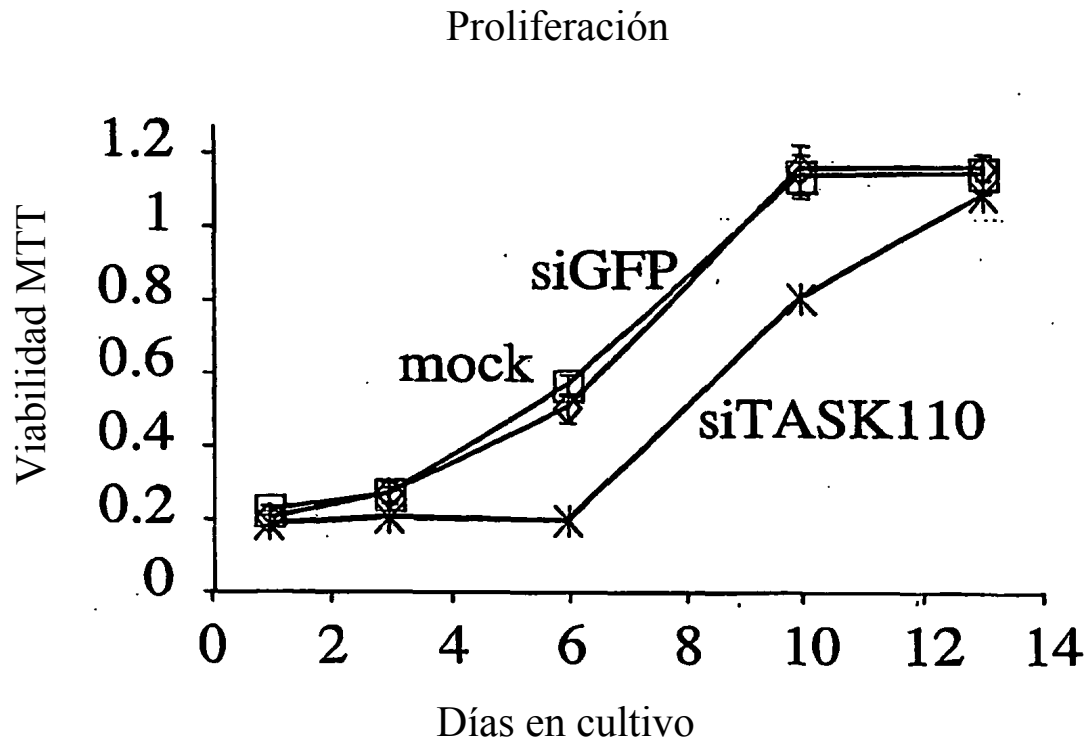


FIGURA 11C

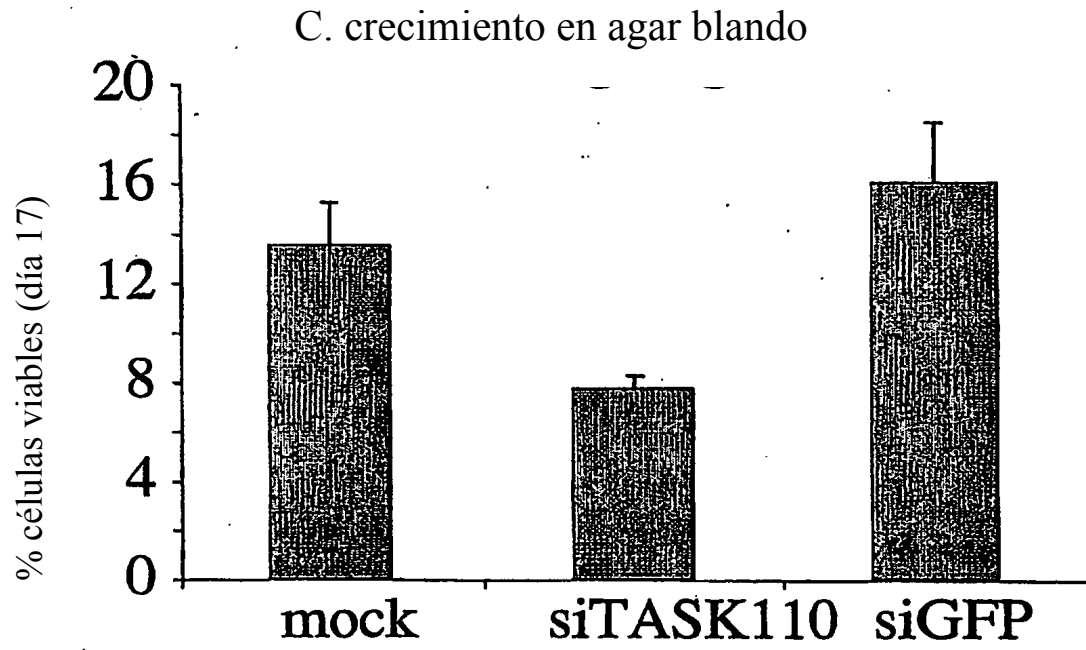


FIGURA 11D

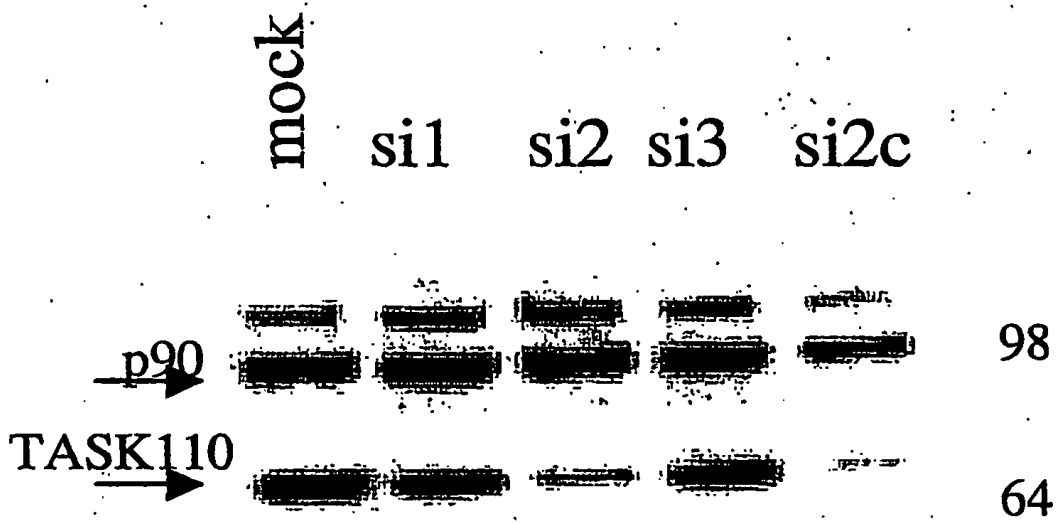


FIGURA 11E

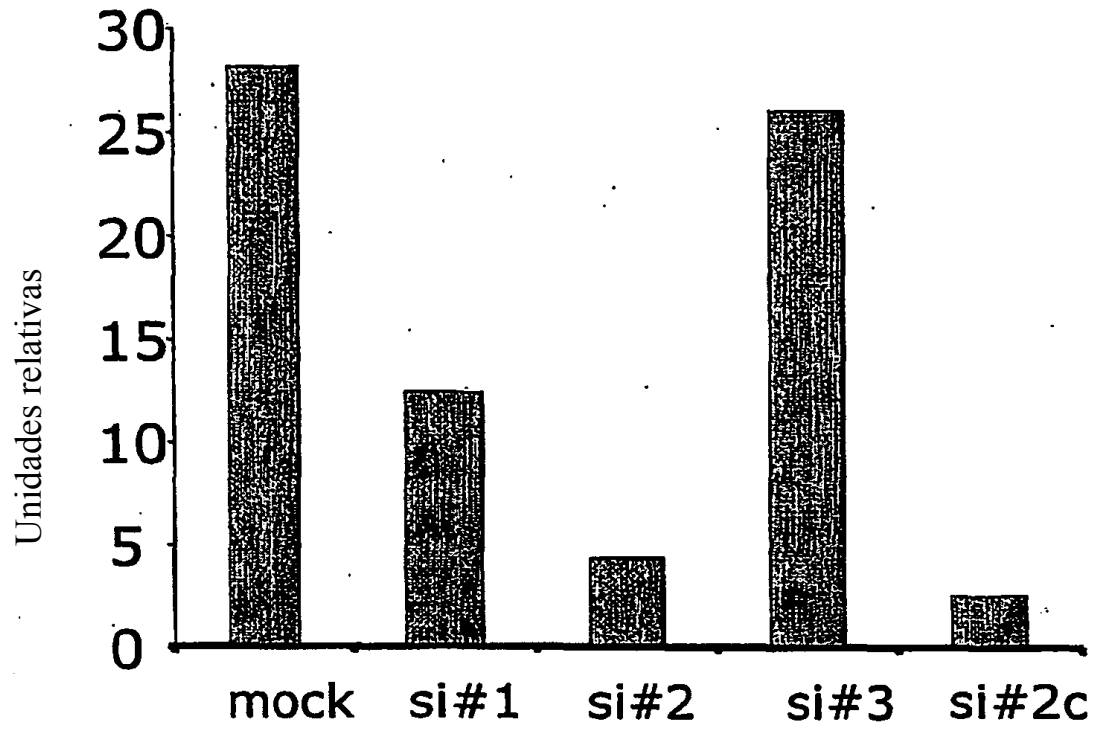


FIGURA 11F

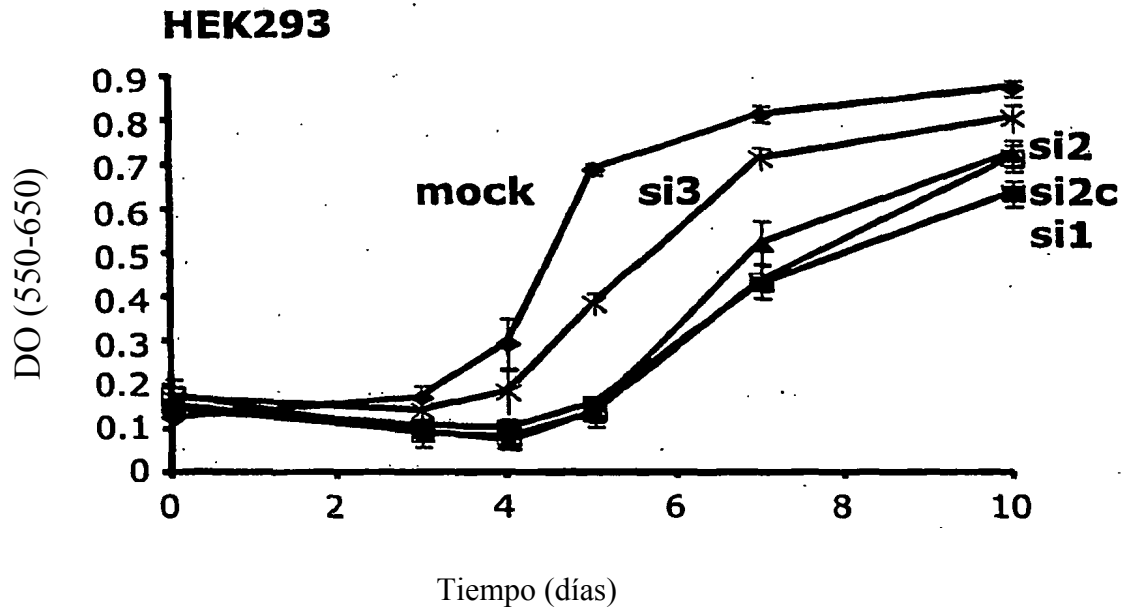


FIGURA 11G

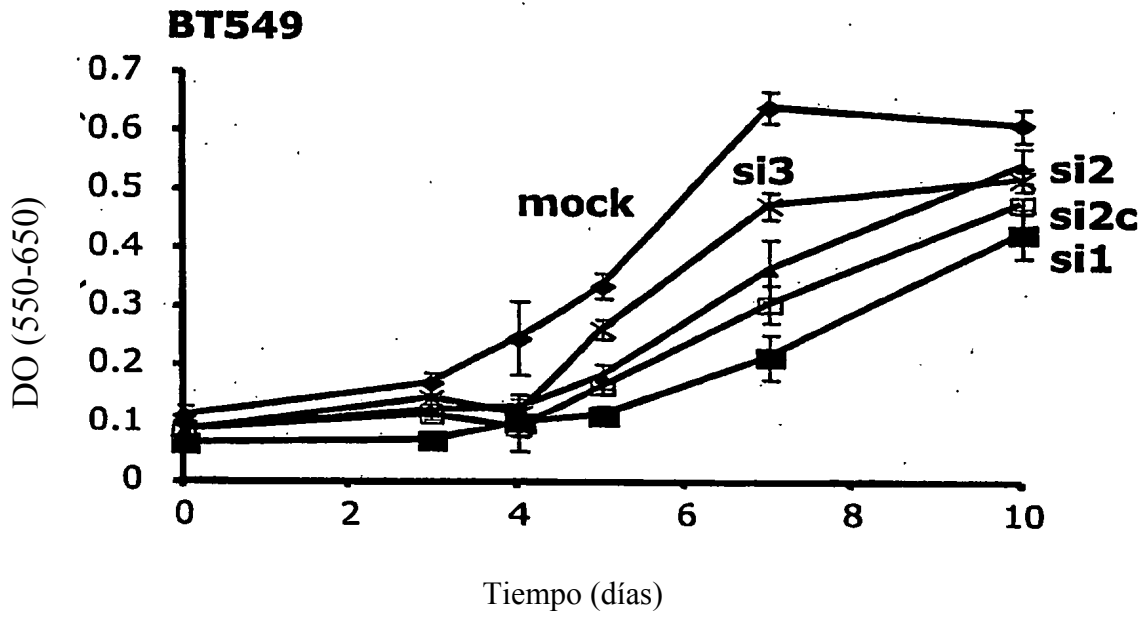


FIGURA 11H

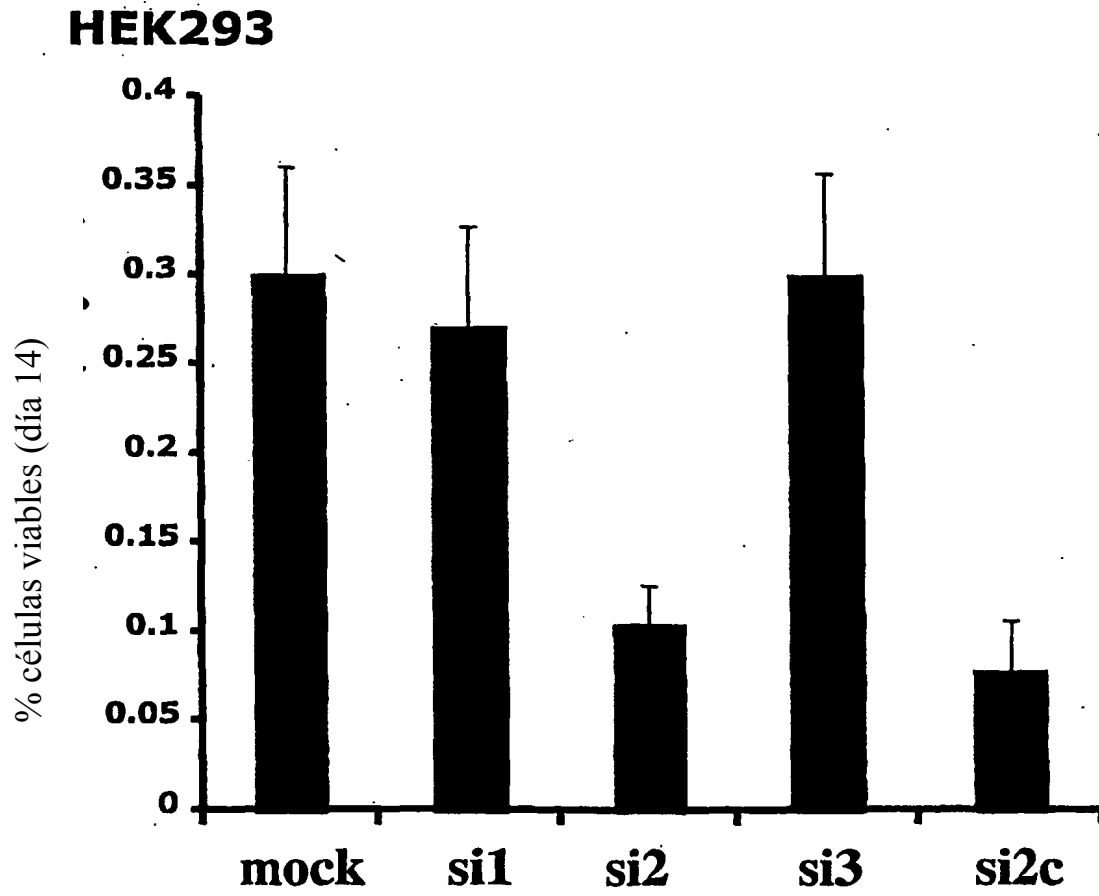


FIGURA 11I

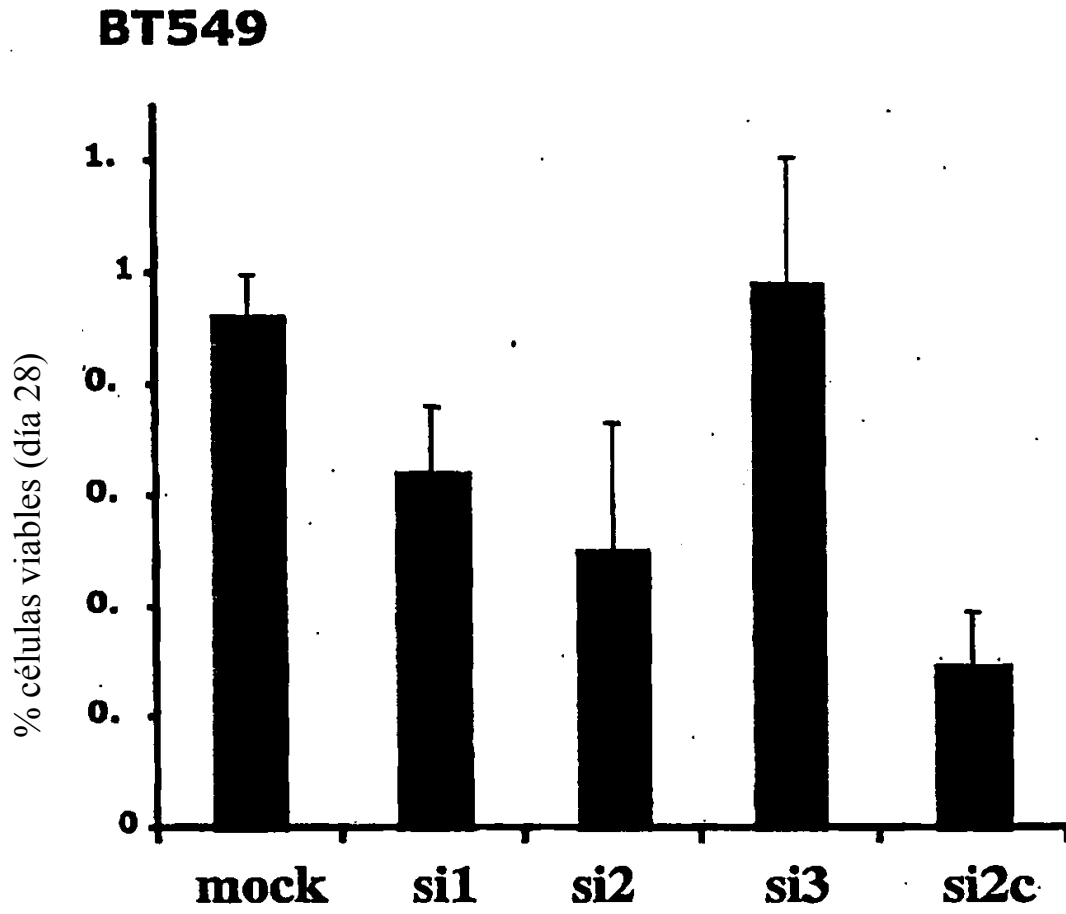


FIGURA 14

5

Diferencia (veces) en TASK110 (genómico) en relación a 4 genes de control

