

(19)



Евразийское  
патентное  
ведомство

(21)

201690855

(13)

A1

## (12) ОПИСАНИЕ ИЗОБРЕТЕНИЯ К ЕВРАЗИЙСКОЙ ЗАЯВКЕ

(43) Дата публикации заявки  
2016.10.31

(51) Int. Cl. A61K 38/17 (2006.01)

(22) Дата подачи заявки  
2014.10.24

### (54) ЭНДОГЛИНОВЫЕ ПЕПТИДЫ ДЛЯ ЛЕЧЕНИЯ ФИБРОЗНЫХ ЗАБОЛЕВАНИЙ

(31) 61/896,002

(32) 2013.10.25

(33) US

(86) PCT/US2014/062147

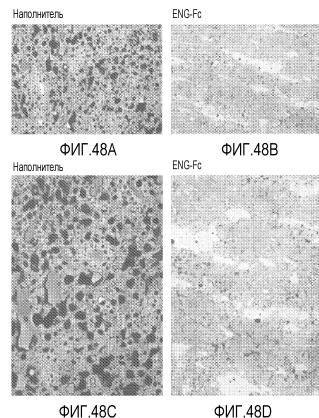
(87) WO 2015/061666 2015.04.30

(71) Заявитель:  
АКСЕЛЕРОН ФАРМА, ИНК. (US)

(72) Изобретатель:  
Гринберг Ася, Кастонгэй Роузлин,  
Вернер Эрик, Кумар Равиндра (US)

(74) Представитель:  
Медведев В.Н. (RU)

(57) В определенных аспектах настояще изобретение относится к неожиданному открытию того, что для лечения фиброзного нарушения можно применять полипептид, содержащий укороченную лиганд-связывающую часть внеклеточного домена эндоглинового (ENG) полипептида.



A1

201690855

201690855

A1

**ЭНДОГЛИНОВЫЕ ПЕПТИДЫ ДЛЯ ЛЕЧЕНИЯ ФИБРОЗНЫХ ЗАБОЛЕВАНИЙ****ПЕРЕКРЕСТНАЯ ССЫЛКА НА РОДСТВЕННЫЕ ЗАЯВКИ**

По настоящей заявке испрашивается приоритет по дате подачи согласно 35 U.S.C. §119 по предварительной патентной заявке США № 61/896002, поданной 25 октября 2013 года и названной *Endoglin Peptides To Treat Fibrotic Diseases*, полное содержание которой включено в настоящее описание посредством ссылки.

**УРОВЕНЬ ТЕХНИКИ**

Фиброз представляет собой образование избытка волокнистой соединительной ткани в органе или ткани. Фиброз может возникать в ответ на физическое или химическое повреждение как часть репаративного или реактивного процесса, также обозначаемого как рубцевание. Фиброз также может возникать в результате патологических аномалий в клетке или ткани без внешнего повреждения. Фиброз приводит к депонированию соединительной ткани, которая может поддерживать гомеостаз ткани и заживление после травмы. Однако избыточный фиброз может приводить к облитерации структуры и затруднять функционирование соответствующего органа или ткани, приводя к фиброзным нарушениям, таким как, например, фиброз печени, легочный фиброз и кистозный фиброз. Как правило, фиброзная ткань не может осуществлять специализированные функции соответствующего органа и не может репарироваться. Таким образом, варианты лечения фиброзных нарушений ограничены подходами замены ткани, такими как трансплантация органа, и паллиативное лечение.

Желательна разработка эффективных композиций и способов ингибиования и лечения фиброза. Они включают способы и композиции, которые могут ингибировать и/или реверсировать избыточный фиброз, ассоциированный с фиброзными нарушениями.

**СУЩНОСТЬ ИЗОБРЕТЕНИЯ**

Некоторые аспекты настоящего изобретения относятся к эндоглиновым (ENG) полипептидам и применению таких эндоглиновых полипептидов для лечения или профилактики фиброзных нарушений. Некоторые варианты осуществления настоящего изобретения относятся к способам лечения или профилактики фиброзного нарушения у

нуждающегося в этом пациента. В некоторых вариантах осуществления способ включает введение пациенту эффективного количества эндоглинового полипептида, представленного в настоящем описании. В некоторых вариантах осуществления используемый эндоглиновый полипептид содержит аминокислотную последовательность, по меньшей мере на 95% идентичную аминокислотам 42-333 SEQ ID NO: 1. В некоторых вариантах осуществления фиброзное нарушение является фиброзом печени, сосудистым фиброзом, легочным фиброзом, фиброзом поджелудочной железы, фиброзом почек, скелетно-мышечным фиброзом, фиброзом сердца, фиброзом кожи, фиброзом глаза, диффузной склеродермией (PSS), хронической реакцией "трансплантат против хозяина", болезнью Пейрони, постцистокопическим стенозом уретры, ретроперитонеальным фиброзом, медиастинальным фиброзом, прогрессирующим массивным фиброзом, пролиферативным фиброзом, нефрогенным системным фиброзом, опухолевым фиброзом, болезнью Дюпюитрена, структурами, фиброзом, индуцируемым радиацией, кистозным фиброзом, плевральным фиброзом, саркоидозом, склеродермией, повреждением/фиброзом спинного мозга, миелофиброзом, рестенозом сосудов, атеросклерозом, инъекционным фиброзом (который может возникать как осложнение внутримышечных инъекций, особенно у детей) или осложнениями пневмокониоза у работников угольной промышленности. В некоторых вариантах осуществления фиброзное нарушение не является миелофиброзом. В некоторых вариантах осуществления фиброз печени является циррозом печени, алкогольным фиброзом печени, повреждением желчных протоков, первичным биллиарным циррозом, инфекционным фиброзом печени, врожденным фиброзом печени или аутоиммунным гепатитом. В некоторых вариантах осуществления инфекционный фиброз печени является бактериально-индукцированным или вирусно-индукцированным. В некоторых вариантах осуществления легочный фиброз является идиопатическим, фармакологически-индукцированным, индуцированным радиацией, хронической обструктивной болезнью легких (COPD) или хронической астмой. В некоторых вариантах осуществления фиброз сердца является эндомиокардиальным фиброзом или идиопатической кардиомиопатией. В некоторых вариантах осуществления фиброз кожи

является склеродермией, посттравматическим, оперативным рубцеванием кожи, келоидами или образованием кожных келоидов. В некоторых вариантах осуществления фиброз глаза является глаукомой, склерозом глаз, рубцеванием конъюнктивы, рубцеванием роговицы или птеригиумом. В некоторых вариантах осуществления ретроперитонеальный фиброз является идиопатическим, фармакологически-индуцированным или индуцированным радиацией. В некоторых вариантах осуществления кистозный фиброз является кистозным фиброзом поджелудочной железы или кистозным фиброзом легких. В некоторых вариантах осуществления инъекционный фиброз возникает как осложнение внутримышечной инъекции.

В некоторых вариантах осуществления эндоглиновый полипептид, применяемый для лечения фиброзного нарушения по настоящему изобретению, не включает последовательность, состоящую из аминокислот 379-430 SEQ ID NO: 1. В некоторых вариантах осуществления эндоглиновый полипептид содержит аминокислотную последовательность, по меньшей мере на 95% идентичную последовательности, начинающейся с аминокислоты, соответствующей любому из положений 26-42 SEQ ID NO: 1 и заканчивающейся аминокислотой, соответствующей любому из положений 333-378 SEQ ID NO: 1. В некоторых вариантах осуществления эндоглиновый полипептид содержит аминокислотную последовательность, по меньшей мере на 95% идентичную аминокислотам 26-346 SEQ ID NO: 1, аминокислотам 26-359 SEQ ID NO: 1 или аминокислотам 26-378 SEQ ID NO: 1. В некоторых вариантах осуществления эндоглиновый полипептид состоит из первой части, состоящей из аминокислотной последовательности, по меньшей мере на 95% идентичной аминокислотам 26-346 SEQ ID NO: 1, аминокислотам 26-359 SEQ ID NO: 1 или аминокислотам 26-378 SEQ ID NO: 1, и второй части, гетерологичной по отношению к SEQ ID NO: 1. В некоторых вариантах осуществления вторая часть эндоглинового полипептида содержит Fc-часть IgG. В некоторых вариантах осуществления эндоглиновый полипептид не включает более 50 последовательных аминокислот из последовательности, состоящей из аминокислот 379-586 SEQ ID NO: 1. В некоторых вариантах осуществления эндоглиновый полипептид является димером или

мультимером более высокого порядка, содержащим два или более эндоцринных полипептида, и, необязательно, может являться гомодимером, гетеродимером, гомомультимером или гетеромультимером.

В некоторых вариантах осуществления эндоцринный полипептид, применяемый для лечения фиброзного нарушения по настоящему изобретению, связывается с BMP-9 человека с равновесной константой диссоциации (KD) менее  $1 \times 10^{-9}$  М или константой скорости диссоциации (kd) менее  $1 \times 10^{-3}$   $\text{с}^{-1}$ . В некоторых вариантах осуществления эндоцринный полипептид связывается с BMP-9 человека с равновесной константой диссоциации (KD) менее  $1 \times 10^{-9}$  М или константой скорости диссоциации (kd) менее  $5 \times 10^{-4}$   $\text{с}^{-1}$ . В некоторых вариантах осуществления эндоцринный полипептид связывается с BMP-10 человека с равновесной константой диссоциации (KD) менее  $1 \times 10^{-9}$  М или константой скорости диссоциации (kd) менее  $5 \times 10^{-3}$   $\text{с}^{-1}$ . В некоторых вариантах осуществления эндоцринный полипептид связывается с BMP-10 человека с равновесной константой диссоциации (KD) менее  $1 \times 10^{-9}$  М или константой скорости диссоциации (kd) менее  $2,5 \times 10^{-3}$   $\text{с}^{-1}$ . Необязательно эндоцринный полипептид, отличающийся любым из указанных выше свойств связывания BMP-9 или BMP-10, является димером или мультимером более высокого порядка. В некоторых вариантах осуществления эндоцринный полипептид не связывается с TGF- $\beta$ 1 человека, TGF- $\beta$ 3 человека, VEGF человека или основным фактором роста фибробластов человека (FGF-2). В некоторых вариантах осуществления эндоцринный полипептид является слитым белком, включающим, помимо части, содержащей аминокислотную последовательность эндоцрина, одну или несколько полипептидных частей, повышающих оно или несколько из: стабильности *in vivo*, времени полужизни *in vivo*, захвата/введения, локализации или распределения в тканях, образования белковых комплексов, таких как димеры или мультимеры, и/или очистки. В некоторых вариантах осуществления эндоцринный полипептид включает часть константного домена иммуноглобулина и/или часть сывороточного альбумина. В некоторых вариантах осуществления эндоцринный полипептид содержит домен Fc иммуноглобулина. В некоторых вариантах осуществления

домен Fc иммуноглобулина соединяют с полипептидной частью ENG с помощью линкера. В некоторых вариантах осуществления линкер состоит из аминокислотной последовательности, состоящей из SEQ ID NO: 31 (TGGG) или GGG. В некоторых вариантах осуществления домены Fc образуют димер. В некоторых вариантах осуществления эндоглиновый полипептид включает один или несколько модифицированных аминокислотных остатка, выбранных из: гликозилированной аминокислоты, пегилированной аминокислоты, фарнезилированной аминокислоты, ацетилированной аминокислоты, биотинилированной аминокислоты, аминокислоты, конъюгированной с остатком липида, и аминокислоты, конъюгированной с органическим дериватизирующим средством.

В некоторых вариантах осуществления эндоглиновый полипептид вводят внутривенно, внутримышечно, внутриартериально, подкожно или перорально.

Настоящее изобретение частично относится к эндоглиновым полипептидам и применению таких эндоглиновых полипептидов в качестве селективных антагонистов BMP9 и/или BMP10. Как представлено в настоящем описании, полипептиды, содержащие часть или весь внеклеточный домен эндоглина (ECD), связываются с BMP9 и BMP10, не демонстрируя существенного связывания с другими членами суперсемейства TGF-бета. В настоящем описании показано, что полипептиды, содержащие часть или весь ECD эндоглина, являются эффективными антагонистами передачи сигнала BMP9 и BMP10 и действуют, ингибируя ангиогенез и рост опухоли *in vivo*. Таким образом, в определенных аспектах настоящее изобретение относится к эндоглиновым полипептидам как антагонистам BMP9 и/или BMP10 для применения в ингибировании ангиогенеза, а также других нарушений, ассоциированных с BMP9 или BMP10, представленных в настоящем описании.

В определенных аспектах настоящее изобретение относится к полипептидам, содержащим укороченный внеклеточный домен эндоглина, для применения в ингибировании ангиогенеза и лечении других BMP9- или BMP10-ассоциированных нарушений. Не будучи связанными каким-либо конкретным механизмом действия, ожидают, что такие

полипептиды будут действовать, связывая BMP9 и/или BMP10 и ингибируя способность этих лигандов образовывать сигнальные комплексы с такими рецепторами, как ALK1, ALK2, ActRIIA, ActRIIB и BMPRII. В определенных вариантах осуществления эндоглиновый полипептид содержит, состоит или, по существу, состоит из аминокислотной последовательности, по меньшей мере на 70%, 80%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% или 100% идентичной последовательности аминокислот 42-333, 26-346, 26-359 или 26-378 последовательности эндоглина человека SEQ ID NO: 1. Эндоглиновый полипептид может содержать, состоять или, по существу, состоять из аминокислотной последовательности, по меньшей мере на 70%, 80%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% или 100% идентичной последовательности аминокислот, начинающейся с любого из положений 26-42 SEQ ID NO: 1 и заканчивающейся любым из положений 333-378 последовательности эндоглина человека SEQ ID NO: 1. Эндоглиновый полипептид может содержать, состоять или, по существу, состоять из полипептида, кодируемого нуклеиновой кислотой, гибридизующейся в менее строгих, строгих или очень строгих условиях с последовательностью, комплементарной нуклеотидной последовательности, выбранной из группы, состоящей из: нуклеотидов 537-1412 SEQ ID NO: 2, нуклеотидов 121-1035 SEQ ID NO: 30, нуклеотидов 121-1074 SEQ ID NO: 26, нуклеотидов 121-1131 SEQ ID NO: 24, нуклеотидов 73-1035 SEQ ID NO: 30, нуклеотидов 73-1074 SEQ ID NO: 26 и нуклеотидов 73-1131 SEQ ID NO: 24. В каждом из перечисленных выше случаев эндоглиновый полипептид можно выбирать так, чтобы он не включал полноразмерный ECD эндоглина (например, эндоглиновый полипептид можно выбирать так, чтобы он не включал последовательность аминокислот 379-430 SEQ ID NO: 1, или их часть, или любую дополнительную часть уникальной последовательности SEQ ID NO: 1). Эндоглиновый полипептид можно использовать в качестве мономерного белка или в димеризованной форме. Эндоглиновый полипептид также можно подвергать слиянию со второй полипептидной частью для получения улучшенных свойств, таких как повышенное время полужизни или более высокая легкость получения или очистки. Слияние может являться прямым, или между эндоглиновым полипептидом

и любой другой частью можно встраивать линкер. Линкер может являться структурированным или неструктуренным и может состоять из 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20, 30, 50 или более аминокислот, необязательно, с относительно свободной вторичной структурой. Линкер может быть богат остатками глицина и пролина и, например, может содержать последовательность из треонина/серина и глицинов (например, TGGG (SEQ ID NO: 31)) или просто один или несколько остатков глицина (например, GGG (SEQ ID NO: 32)). Для повышения времени полужизни эндоглинового полипептида в сыворотке при системном введении (например, внутривенном, интраартериальном и интраперitoneальном введении) особенно пригодным могут являться слияния с Fc-частью иммуноглобулина или соединение с остатком полиоксиэтилена (например, полиэтиленгликоля). В определенных вариантах осуществления слитый белок эндоглин-Fc содержит полипептид, содержащий, состоящий или, по существу, состоящий из аминокислотной последовательности, по меньшей мере на 70%, 80%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% или 100% идентичной последовательности аминокислот, начинающейся с любого из положений 26-42 SEQ ID NO: 1 и заканчивающейся любым из положений 333-378 последовательности эндоглина человека SEQ ID NO: 1, и, необязательно, может не включать полноразмерный ECD эндоглина (например, эндоглиновый полипептид можно выбирать так, чтобы он не включал последовательность аминокислот 379-430 SEQ ID NO: 1 или ее часть, или так, чтобы он не включал какие-либо 5, 10, 20, 30, 40, 50, 52, 60, 70, 100, 150 или 200 или более других аминокислот из любой части эндоглина или любой части аминокислот 379-581 SEQ ID NO: 1), где полипептид является слитым с Fc-частью иммуноглобулина с промежуточным линкером или без него. Эндоглиновый полипептид, включающий слитый белок эндоглин-Fc, может связываться с BMP9 и/или BMP10 с  $K_D$  менее  $10^{-8}$  М,  $10^{-9}$  М,  $10^{-10}$  М,  $10^{-11}$  М или менее или константой диссоциации ( $k_d$ ) менее  $10^{-3}$  с<sup>-1</sup>,  $3 \times 10^{-3}$  с<sup>-1</sup>,  $5 \times 10^{-3}$  с<sup>-1</sup> или  $1 \times 10^{-4}$  с<sup>-1</sup>. Можно выбирать эндоглиновый полипептид, имеющий  $K_D$  к BMP9 меньше  $K_D$  к BMP10, необязательно, меньше в 5, 10, 20, 30, 40 раз или более. Эндоглиновый полипептид может иметь небольшую аффинность или не иметь значительной аффинности к любому или всем

из TGF- $\beta$ 1, - $\beta$ 2 или - $\beta$ 3 и может иметь K<sub>D</sub> к любому или всем из TGF- $\beta$ 1, - $\beta$ 2 или - $\beta$ 3 более 10<sup>-9</sup> М, 10<sup>-8</sup> М, 10<sup>-7</sup> М или 10<sup>-6</sup> М. Эндоглиновый полипептид может являться димером или мультимером более высокого порядка.

Fc-часть можно выбирать таким образом, чтобы она соответствовала организму. Необязательно, Fc-часть является Fc-частью IgG1 человека. Необязательно, слитый белок эндоглин-Fc содержит аминокислотную последовательность любой из SEQ ID NO: 33, 34, 35 или 36. Необязательно, слитый белок эндоглин-Fc является белком, получаемым посредством экспрессии нуклеиновой кислоты любой из SEQ ID NO: 17, 20, 22, 24, 26, 28 или 30 в линии клеток млекопитающего, в частности, линии клеток китайского хомяка (CHO). Эндоглиновый полипептид можно составлять в виде фармацевтического препарата, по существу, апирогенного. Можно получать фармацевтический препарат для системной доставки (например, внутривенной, внутримышечной, интраартериальной или подкожной доставки) или местной доставки (например, в глаз).

Эндоглиновые полипептиды, представленные в настоящем описании, можно использовать совместно или последовательно с одним или несколькими дополнительными терапевтическими средствами, включая, например, антиангиогенные средства, антагонисты VEGF, антитела против VEGF, противоопухолевые композиции, цитотоксические средства, химиотерапевтические средства, противогормональные средства и ингибирующие рост средства. Дополнительные примеры каждой из указанных выше категорий молекул представлены в настоящем описании.

В определенных аспектах настоящее изобретение относится к способам ингибирования ангиогенеза у млекопитающего посредством введения какого-либо из эндоглиновых полипептидов, представленных в настоящем описании в целом или конкретно. Эндоглиновый полипептид можно доставлять местно (например, в глаз) или системно (например, внутривенно, внутримышечно, внутриартериально или подкожно). В определенных вариантах осуществления настоящее изобретение относится к способу ингибирования ангиогенеза в глазу млекопитающего посредством введения эндоглинового полипептида

млекопитающему в место, дистальное относительно глаза, например, посредством системного введения.

В определенных аспектах настоящее изобретение относится к способам лечения опухоли у млекопитающего. Такой способ может включать введение млекопитающему, имеющему опухоль, эффективного количества эндоглинового полипептида. Способ дополнительно может включать введение одного или нескольких дополнительных средств, включая, например, антиангиогенные средства, антагонисты VEGF, антитела против VEGF, противоопухолевые композиции, цитотоксические средства, химиотерапевтические средства, противогормональные средства и ингибирующие рост средства. Опухоль также может являться опухолью, использующей множество проангиогенных факторов, такой как опухоль, резистентная к терапии против VEGF.

В определенных аспектах настоящее изобретение относится к способам лечения пациентов, имеющих нарушение, связанное с BMP9 или BMP10. Примеры таких нарушений представлены в настоящем описании, и, как правило, они могут включать нарушения сосудистого русла, гипертензию и фиброзные нарушения.

В определенных аспектах настоящее изобретение относится к офтальмологическим составам. Такие составы могут содержать эндоглиновый полипептид, представленный в настоящем описании. В определенных аспектах настоящее изобретение относится к способам лечения фиброзного заболевания глаза или заболевания глаза, связанного с ангиогенезом. Такие способы могут включать системное введение или введение в указанный глаз фармацевтического состава, содержащего эффективное количество эндоглинового полипептида, представленного в настоящем описании.

#### КРАТКОЕ ОПИСАНИЕ ЧЕРТЕЖЕЙ

На **фигуре 1** показана нативная аминокислотная последовательность ENG человека, изоформа 1 (L-ENG). Подчеркнуты лидерная последовательность (остатки 1-25) и предсказанный трансмембранный домен (остатки 587-611).

На **фигуре 2** показана нативная нуклеотидная последовательность, кодирующая ENG человека, изоформу 1 (L-ENG).

Подчеркнуты последовательности, кодирующие лидерную последовательность (нуклеотиды 414–488) и предсказанный трансмембранный домен (нуклеотиды 2172–2246).

На **фигуре 3** показана нативная аминокислотная последовательность ENG человека, изоформа 2 (S-ENG). Подчеркнуты лидерная последовательность (остатки 1–25) и предсказанный трансмембранный домен (остатки 587–611). По сравнению с изоформой 1, изоформа 2 имеет более короткий и отличающийся С-конец, но последовательность внеклеточного домена (см. фигуру 9) является идентичной.

На **фигуре 4** показана нативная нуклеотидная последовательность, кодирующая ENG человека, изоформу 2 (S-ENG). Подчеркнуты последовательности, кодирующие лидерную последовательность (нуклеотиды 414–488) и предсказанный трансмембранный домен (нуклеотиды 2172–2246).

На **фигуре 5** показана нативная аминокислотная последовательность ENG мыши, изоформа 1 (L-ENG). Подчеркнуты лидерная последовательность (остатки 1–26) и предсказанный трансмембранный домен (остатки 582–606), а внеклеточный домен зрелого пептида выделен квадратными скобками (см. фигуру 10). Изоформа 3 ENG мыши (инвентарный номер GenBank NM\_001146348) отличается от представленной последовательности только лидерной последовательностью, в которой треонин в положении 23 (выделен) подвергнут делеции и есть замена глицина серином в положении 24 (также выделена).

На **фигуре 6** показана нативная нуклеотидная последовательность, кодирующая ENG мыши, изоформу 1 (L-ENG). Подчеркнуты последовательности, кодирующие лидерную последовательность (нуклеотиды 364–441) и предсказанный трансмембранный домен (нуклеотиды 2107–2181). Нуклеотидная последовательность, кодирующая изоформу 3 ENG мыши (инвентарный номер GenBank NM\_001146348), отличается от представленной последовательности только лидерной последовательностью, особенно в положениях 430–433 (выделены).

На **фигуре 7** показана нативная аминокислотная

последовательность ENG мыши, изоформа 2 (S-ENG). Подчеркнуты лидерная последовательность (остатки 1-26) и предсказанный трансмембранный домен (остатки 582-606). По сравнению с изоформой 1, изоформа 2 имеет более короткий и отличающийся С-конец, но последовательность внеклеточного домена (см. фигуру 10) является идентичной.

На **фигуре 8** показана нативная нуклеотидная последовательность, кодирующая ENG мыши, изоформу 2 (S-ENG). Подчеркнуты последовательности, кодирующие лидерную последовательность (нуклеотиды 364-441) и предсказанный трансмембранный домен (нуклеотиды 2107-2181).

На **фигуре 9** показана аминокислотная последовательность внеклеточного домена ENG человека. Внеклеточные домены двух изоформ человека идентичны по аминокислотной и нуклеотидной последовательности.

На **фигуре 10** показана аминокислотная последовательность внеклеточного домена ENG мыши, на 69% идентичного его аналогу у человека. Внеклеточные домены двух изоформ мыши идентичны по аминокислотной и нуклеотидной последовательности.

На **фигуре 11** показана аминокислотная последовательность домена Fc IgG1 человека. Подчеркнутые остатки являются необязательными участками мутаций, как описано в тексте.

На **фигуре 12** показана укороченная с N-конца аминокислотная последовательность домена Fc IgG1 человека. Подчеркнутые остатки являются необязательными участками мутаций, как описано в тексте.

На **фигуре 13** показана аминокислотная последовательность hENG(26-586)-hFc. Подчеркнут домен ENG, лидерная последовательность ТРА подчеркнута двойной линией, и последовательности линкера приведены жирным шрифтом и выделены.

На **фигуре 14** показана нуклеотидная последовательность, кодирующая hENG(26-586)-hFc. Подчеркнуты нуклеотиды, кодирующие домен ENG, нуклеотиды, кодирующие лидерную последовательность ТРА, подчеркнуты двойной линией, и нуклеотиды, кодирующие последовательности линкера, приведены жирным шрифтом и выделены.

На **фигуре 15** показана аминокислотная последовательность

hENG(26-586)-hFc с укороченным с N-конца доменом Fc. Подчеркнут домен ENG, лидерная последовательность ТРА подчеркнута двойной линией, и последовательности линкера приведены жирным шрифтом и выделены.

На **фигуре 16** показана аминокислотная последовательность mENG(27-581)-mFc. Подчеркнут домен ENG, лидерная последовательность ТРА подчеркнута двойной линией, и последовательности линкера приведены жирным шрифтом и выделены.

На **фигуре 17** показана нуклеотидная последовательность, кодирующая mENG(27-581)-mFc. Подчеркнуты нуклеотиды, кодирующие домен ENG, нуклеотиды, кодирующие лидерную последовательность ТРА, подчеркнуты двойной линией, и нуклеотиды, кодирующие последовательности линкера, приведены жирным шрифтом и выделены.

На **фигуре 18** показано определение характеристик связывания BMP-9 с hENG(26-586)-hFc, как определяли с помощью анализа на основе поверхностного плазмонного резонанса (SPR). Связывание BMP-9 с иммобилизованным hENG(26-586)-hFc оценивали при концентрациях лиганда 0 и 0,01-0,625 нМ (с двукратными повышениями, за исключением 0,3125 нМ) и использовали нелинейную регрессию для определения  $K_D$  как 29 пМ.

На **фигуре 19** показано определение характеристик связывание BMP-10 с hENG(26-586)-hFc, как определяли с помощью анализа на основе SPR. Связывание BMP-10 с иммобилизованным hENG(26-586)-hFc оценивали при концентрациях лиганда 0 и 0,01-1,25 нМ (с двукратными повышениями) и использовали нелинейную регрессию для определения  $K_D$  как 400 пМ.

На **фигуре 20** показан эффект растворимого внеклеточного домена ENG человека, hENG(26-586), в отношении связывания BMP-9 с ALK1. Концентрации hENG(26-586) 0-50 нМ предварительно смешивали с фиксированной концентрацией BMP-9 (10 нМ) и определяли связывание BMP-9 с иммобилизованным ALK1 с помощью анализа на основе SPR. Преобладающий след соответствует отсутствию hENG(26-586), в то время как наименьший след соответствует соотношению ENG:BMP-9 5:1. Связывание BMP-9 с ALK1 ингибировалось растворимым hENG(26-586) в зависимости от концентрации с IC<sub>50</sub> 9,7 нМ.

На **фигуре 21** показан эффект растворимого внеклеточного домена ENG человека, hENG(26-586), в отношении связывания BMP-10 с ALK1. Концентрации hENG(26-586) 0-50 нМ предварительно смешивали с фиксированной концентрацией BMP-10 (10 нМ) и измеряли связывание BMP-10 с иммобилизованным ALK1 с помощью анализа на основе SPR. Преобладающий след соответствует отсутствию hENG(26-586), и наименьший след соответствует соотношению ENG:BMP-10 5:1. Связывание BMP-10 с ALK1 ингибиравалось растворимым hENG(26-586) в зависимости от концентрации с IC<sub>50</sub> 6,3 нМ.

На **фигуре 22** показан эффект mENG(27-581)-hFc в отношении образования тяжа эндотелиальными клетками пупочной вены человека (HUVEC) в культуре. Данные представляют собой средние значения для двух параллельных культур  $\pm$ SD. Индуктор, стимулятор роста эндотелиальных клеток (ECGS), удваивал среднюю длину тяжа по сравнению с отсутствием обработки, и mENG(27-581)-hFc сокращает это повышение на приблизительно 60%. В отсутствие стимуляции (без обработки) mENG(27-581)-hFc имеет низкий эффект.

На **фигуре 23** показан эффект mENG(27-581)-hFc в отношении ангиогенеза, стимулируемого VEGF, в анализе хориоаллантоиновой мембранны куриного яйца (САМ). Данные представляют собой средние значения  $\pm$ SEM; \*p<0,05. Количество дополнительных кровеносных сосудов, индуцируемых обработкой VEGF, снижалось на 65% при конкурентной обработке mENG(27-581)-hFc.

На **фигуре 24** показан эффект обработки mENG(27-581)-mFc в течение 11 дней в отношении ангиогенеза, стимулируемого комбинацией факторов роста (GF) фактора роста эндотелия сосудов (VEGF) и основного фактора роста фибробластов (FGF-2) в анализе ангиореактора мыши. Ангиогенез в единицах относительной флуоресценции  $\pm$ SEM; \*p<0,05. mENG(27-581)-mFc полностью блокировал ангиогенез, стимулируемый GF, в этом анализе *in vivo*.

На **фигуре 25** показана доменная структура слитых конструкций hENG-Fc. Полноразмерный внеклеточный домен ENG (остатки 26-586 в верхней структуре) состоит из орфанного домена и N-концевых и C-концевых доменов zona pellucida (ZP). Под ней представлена

структурой выбранных укороченных вариантов и то, проявляют ли они высокоаффинное связывание (+/-) с BMP-9 и BMP-10 в анализе на основе SPR.

На **фигуре 26** показана аминокислотная последовательность hENG(26-437)-hFc. Подчеркнут домен ENG, лидерная последовательность ТРА подчеркнута двойной линией, и последовательности линкера приведены жирным шрифтом и выделены.

На **фигуре 27** показана нуклеотидная последовательность, кодирующая hENG(26-437)-hFc. Подчеркнуты нуклеотиды, кодирующие домен ENG, нуклеотиды, кодирующие лидерную последовательность ТРА, подчеркнуты двойной линией, и нуклеотиды, кодирующие последовательности линкера, приведены жирным шрифтом и выделены.

На **фигуре 28** показана аминокислотная последовательность hENG(26-378)-hFc с укороченным с N-конца доменом Fc. Подчеркнут домен ENG, лидерная последовательность ТРА подчеркнута двойной линией, и последовательности линкера приведены жирным шрифтом и выделены.

На **фигуре 29** показана нуклеотидная последовательность, кодирующая hENG(26-378)-hFc с укороченным с N-конца доменом Fc. Подчеркнуты нуклеотиды, кодирующие домен ENG, и нуклеотиды, кодирующие последовательности линкера, приведены жирным шрифтом и выделены.

На **фигуре 30** показана аминокислотная последовательность hENG(26-359)-hFc. Подчеркнут домен ENG, лидерная последовательность ТРА подчеркнута двойной линией, и последовательности линкера приведены жирным шрифтом и выделены.

На **фигуре 31** показана нуклеотидная последовательность, кодирующая hENG(26-359)-hFc. Подчеркнуты нуклеотиды, кодирующие домен ENG, нуклеотиды, кодирующие лидерную последовательность ТРА, подчеркнуты двойной линией, и нуклеотиды, кодирующие последовательности линкера, приведены жирным шрифтом и выделены.

На **фигуре 32** показана аминокислотная последовательность hENG(26-359)-hFc с укороченным с N-конца доменом Fc. Подчеркнут домен ENG, лидерная последовательность ТРА подчеркнута двойной линией, и последовательности линкера приведены жирным шрифтом и

выделены.

На **фигуре 33** показана нуклеотидная последовательность, кодирующая hENG(26-359)-hFc с укороченным с N-конца доменом Fc. Подчеркнуты нуклеотиды, кодирующие домен ENG, нуклеотиды, кодирующие лидерную последовательность ТРА, подчеркнуты двойной линией, и нуклеотиды, кодирующие последовательности линкера, приведены жирным шрифтом и выделены.

На **фигуре 34** показана аминокислотная последовательность hENG(26-346)-hFc с укороченным с N-конца доменом Fc. Подчеркнут домен ENG, лидерная последовательность ТРА подчеркнута двойной линией, и последовательности линкера приведены жирным шрифтом и выделены.

На **фигуре 35** показана нуклеотидная последовательность, кодирующая hENG(26-346)-hFc с укороченным с N-конца доменом Fc. Подчеркнуты нуклеотиды, кодирующие домен ENG, и нуклеотиды, кодирующие последовательности линкера, приведены жирным шрифтом и выделены.

На **фигуре 36** показаны эксклюзионные хроматограммы hENG(26-586)-hFc (A), hENG(26-359)-hFc (B) и hENG(26-346)-hFc (C) после очистки соответствующих белков, полученных из клеток СНО, с помощью аффинной хроматографии с протеином А. Процент выделения мономерного hENG(26-346)-hFc равен таковому в случае hENG(26-586)-hFc. Напротив, выделение мономерного hENG(26-359)-hFc снижалось в присутствие дополнительных высокомолекулярных агрегатов, таким образом, требуя дополнительных способов для достижения чистоты, эквивалентной чистоте для других конструкций.

На **фигуре 37** показано определение кинетических характеристик связывания BMP-9 с hENG(26-586)-hFc (A), hENG(26-359)-hFc (B) и hENG(26-346)-hFc (C), как определяли в анализе на основе SPR. Связывание BMP-9 с иммобилизованными белками, полученными из клеток СНО, оценивали при концентрациях лиганда 0,0195-0,625 нМ с двукратными повышениями RU, единицы ответа. Необходимо отметить более низкие скорости обратной реакции для укороченных вариантов по сравнению с hENG(26-586)-hFc.

На **фигуре 38** показан эффект hENG(26-359)-hFc в отношении

ангиогенеза, стимулируемого VEGF, в анализе SAM. Данные представляют собой средние значения  $\pm$  SEM; \* $p<0,05$ . Количество дополнительных кровеносных сосудов, индуцируемых обработкой VEGF, снижалось на 75% при конкурентной обработке hENG(26-359)-hFc, хотя hENG(26-359)-hFc не связывается с VEGF.

На **фигуре 39** показан эффект обработки hENG(26-346)-hFc в течение 11 дней в отношении ангиогенеза, стимулируемого комбинацией факторов роста (GF) VEGF и FGF-2 в анализе ангиореактора мыши. А. Ангиогенез в единицах относительной флуоресценции  $\pm$  SEM; \* $p<0,05$ . В. Фотографии отдельных ангиореакторов (четыре на мышь), распределенных по исследуемым группам, с образованием кровеносного сосуда, видимым в виде затененных включений. Хотя сам по себе он неспособен связываться с VEGF или FGF-2, в этом анализе *in vivo* hENG(26-346)-hFc полностью блокировал ангиогенез, стимулируемый GF.

На **фигуре 40** показан эффект mENG(27-581)-mFc в отношении роста ксенотрансплантатов опухоли молочной железы 4T1 у мышей. Данные представляют собой средние значения  $\pm$  SEM. Ко дню 24 после имплантации объем опухоли составлял на 45% меньше ( $p<0,05$ ) у мышей, которым вводили mENG(27-581)-mFc, по сравнению с наполнителем.

На **фигуре 41** показан эффект mENG(27-581)-mFc в отношении роста ксенотрансплантатов опухоли Colon-26 у мышей. Обработка mENG(27-581)-mFc ингибировала рост опухоли дозозависимым образом, при этом объем опухоли в группе высокой дозы составлял на приблизительно 70% меньше, чем в случае наполнителя, ко дню 58 после имплантации.

На **фигуре 42** показана печень как % массы тела в модели фиброза печени мыши CCl4 с введением эндоглина (mENG(27-581)-mFc) или без него.

На **фигуре 43** показано окрашивание ткани печени гематоксилин-эозином у ложно-инъецированных мышей (PBS).

На **фигуре 44** показано окрашивание ткани печени гематоксилин-эозином у мышей, которым инъецировали mENG(27-581)-mFc.

На **фигуре 45** показано окрашивание ткани печени трихромом по Массону у мышей с индуцированной СС14.

На **фигуре 46** показано окрашивание ткани печени масляным красным О у СС14-индуцированных мышей, которым инъецировали PBS или mENG(27-581)-mFc. Животные, которым вводили mENG(27-581)-mFc, имели наименьшую процентную долю печеней с обширным положительным окрашиванием масляным красным О.

На **фигуре 47** показаны уровни щелочной фосфатазы в сыворотке у СС14-индуцированных и ложно-индуцированных (оливковым маслом) мышей, которым вводили mENG(27-581)-mFc или PBS. АР в сыворотке была более низкой в когортах, которым вводили эндоглин.

На **фигуре 48** показан эффект введения ENG-Fc в отношении печеночного депонирования липидов у мышей MCDD, модели фиброза печени, вызываемого пищевой недостаточностью метионина и холина. По сравнению с наполнителем (A, C), введение mENG(27-581)-mFc в течение 3 недель значительно снижало печеночное депонирование липидов (B, D) у мышей MCDD. Отложения липидов идентифицировали по интенсивному окрашиванию масляным красным О, растворимым в липидах диазокрасителем. Увеличение в 100 раз (A, B) и 200 раз (C, D).

#### ПОДРОБНОЕ ОПИСАНИЕ ИЗОБРЕТЕНИЯ

##### 1. Обзор

В определенных аспектах настоящее изобретение относится к полипептидам ENG. ENG (также известный как CD105) обозначают как корецептор лигандов суперсемейства трансформирующего фактора роста- $\beta$  (TGF- $\beta$ ), и он участвует в нормальном и патологическом фиброзе и ангиогенезе. Экспрессия ENG является низкой в покоящемся сосудистом эндотелии, но повышающе регулируется в эндотелиальных клетках заживающих ран, развивающихся эмбрионов, воспаленных тканях и солидных опухолях (Dallas et al, 2008, Clin Cancer Res 14:1931-1937). Мыши, гомозиготные по нулевым аллелям ENG, умирают рано в период беременности по причине дефектного развития сосудов (Li et al, 1999, Science 284:1534-1537), в то время как мыши, гетерозиготные по нулевому аллелю ENG, демонстрируют аномалии ангиогенеза во взрослом возрасте (Jerkic et al, 2006, Cardiovasc Res 69:845-854). У людей идентифицированы мутации гена ENG,

являющиеся причиной наследственной геморрагической телеангиэктазии (болезни Рандю-Вебера-Ослера) типа-1 (ННТ-1), аутосомно-доминантной формы сосудистой дисплазии, отличающейся артериовенозными мальформациями, приводящими к прямому току (соединению) артерии с веной (артериовенозному шунту) без участия капиллярного русла (McAllister et al, 1994, Nat Genet 8:345-351; Fernandez-L et al, 2006, Clin Med Res 4:66-78). Типичные симптомы у пациентов с ННТ включают рецидивирующий повторяющийся время от времени эпистаксис, желудочно-кишечное кровотечение, кожные и кожно-слизистые телеангиэктазы и артериовенозные мальформации в легочном, мозговом или печеночном сосудистом русле.

Хотя конкретную роль ENG в фиброзе и ангиогенезе еще предстоит определить, вероятно, она связана со значительной ролью системы передачи сигнала TGF- $\beta$  в этом процессе (Cheifetz et al, 1992, J Biol Chem 267:19027-19030; Pardali et al, 2010, Trends Cell Biol 20:556-567). Примечательно, что экспрессия ENG повышающее регулируется в пролиферирующих клетках эндотелия сосудов в опухолевых тканях (Burrows et al, 1995, Clin Cancer Res 1:1623-1634; Miller et al, 1999, Int J Cancer 81:568-572), и количество экспрессирующих ENG кровеносных сосудов в опухоли отрицательно коррелирует с выживаемостью для широкого диапазона опухолей человека (Fonsatti et al, 2010, Cardiovasc Res 86:12-19). Таким образом, ENG является многообещающей мишенью для антиангиогенной терапии в целом и для злокачественных новообразований в частности (Dallas et al, 2008, Clin Cancer Res 14:1931-1937; Bernabeu et al, 2009, Biochim Biophys Acta 1792:954-973).

Структурно ENG является гомодимерным гликопротеином поверхности клетки. Он принадлежит к семейству белков zona pellucida (ZP) и состоит из короткого С-концевого цитоплазматического домена, одного гидрофобного трансмембранных домена и длинного внеклеточного домена (ECD) (Gougos et al, 1990, J Biol Chem 265:8361-8364). Как определяли с помощью электронной микроскопии, мономерный ECD ENG состоит из двух областей ZP и орфанного домена, локализованного на N-конце (Llorca et al, 2007, J Mol Biol 365:694-705). У людей альтернативный сплайсинг

первичного транскрипта приводит к образованию двух изоформ ENG, одна из которых состоит из 658 остатков (длинная, L, SEQ ID NO: 1), а другая - из 625 остатков (короткая, S, SEQ ID NO: 3), отличающихся только их цитоплазматическим доменом (Bellon et al, 1993, 23:2340-2345; ten Dijke et al, 2008, Angiogenesis 11:79-89). ENG мыши существует в виде трех изоформ: L-ENG (SEQ ID NO: 5), S-ENG (SEQ ID NO: 7) и третьего варианта (изоформы 3) с неизвестным функциональным значением, идентичной L-ENG, за исключением изменений в двух положениях в лидерной последовательности (Perez-Gomez et al, 2005, Oncogene 24:4450-4461). ECD ENG мыши демонстрирует идентичность аминокислот 69% по отношению к таковому в ENG человека, и в нем отсутствует интегриновый мотив взаимодействия Arg-Gly-Asp (RGD), обнаруживаемый в белке человека. Недавно полученные данные позволяют предполагать, что изоформы L-ENG и S-ENG могут играть разные функциональные роли *in vivo* (Blanco et al, 2008, Circ Res 103:1383-1392; ten Dijke et al, 2008, Angiogenesis 11:79-89).

Считают, что в качестве корецептора ENG модулирует ответы других рецепторов на лиганды семейства TGF- $\beta$  без прямого опосредования передачи сигнала самого лиганда. Лиганды семейства TGF- $\beta$ , как правило, передают сигнал посредством связывания с гомодимерным рецептором типа II, запускающим рекрутование и трансфосфорилирование гомодимерного рецептора типа I, таким образом, приводя к фосфорилированию белков Smad, отвечающих за активацию транскрипции конкретных генов (Massague, 2000, Nat Rev Mol Cell Biol 1:169-178). С учетом анализа эктопической клеточной экспрессии, сообщалось, что ENG не может связываться с лигандами самостоятельно, и что для его связывания с TGF- $\beta$ 1, TGF- $\beta$ 3, активином A, морфогенетическим белком кости-2 (BMP-2) и BMP-7 необходимо наличие соответствующего рецептора типа I и/или типа II (Barbara et al, 1999, J Biol Chem 274:584-594). Как бы то ни было, есть доказательство того, что ENG, экспрессируемый клеточной линией фибробластов, может связываться с TGF- $\beta$ 1 (St.-Jacques et al, 1994, Endocrinology 134:2645-2657), и результаты, полученные

недавно с помощью клеток COS, свидетельствуют о том, что трансфицированный полноразмерный ENG может связываться с BMP-9 в отсутствие трансфицированных рецепторов типа I или типа II (Scharpfenecker et al, 2007, J Cell Sci 120:964-972).

В дополнение к изложенному выше, ENG может находиться в растворимой форме *in vivo* в конкретных условиях после протеолитического расщепления полноразмерного мембраносвязанного белка (Hawinkels et al, 2010, Cancer Res 70:4141-4150). Наблюдали повышенные уровни растворимого ENG в кровотоке пациентов со злокачественными новообразованиями и преэкламсией (Li et al, 2000, Int J Cancer 89:122-126; Calabro et al, 2003, J Cell Physiol 194:171-175; Venkatesha et al, 2006, Nat Med 12:642-649; Levine et al, 2006, N Engl J Med 355:992-1005). Хотя роль эндогенного растворимого ENG плохо понятна, предполагают, что белок, соответствующий остаткам 26-437 предшественника ENG (аминокислотам 26-437 SEQ ID NO: 1), действует как скавенджер или ловушка для лигандов семейства TGF- $\beta$  (Venkatesha et al, 2006, Nat Med 12:642-649; WO-2007/143023), из которых лишь TGF- $\beta$ 1 и TGF- $\beta$ 3 специфически вовлечены в этот процесс.

Настоящее изобретение относится к полипептидам, содержащим укороченную часть внеклеточного домена ENG, селективно связывающимся с BMP9 и/или BMP10 и которые могут действовать как антагонисты BMP9 и/или BMP10, имеющим полезные свойства относительно полноразмерного внеклеточного домена и которые можно использовать для ингибирования фиброза. Настоящее изобретение частично относится к особенности физиологических, высокоаффинных лигандов для растворимых полипептидов ENG. Неожиданно, в настоящем описании показано, что растворимые полипептиды ENG обладают высокоспецифичным, высокоаффинным связыванием с BMP-9 и BMP-10, в то же время не проявляя какого-либо значимого связывания с TGF- $\beta$ 1, TGF- $\beta$ 2 или TGF- $\beta$ 3, и, кроме того, в настоящем описании показано, что растворимые полипептиды ENG ингибируют взаимодействие BMP9 и BMP10 с рецепторами типа II, таким образом, ингибируя передачу клеточного сигнала. В описании также показано, что полипептиды ENG

ингибируют фиброз. Кроме того, данные свидетельствуют о том, что полипептид ENG может иметь антиангиогенный эффект несмотря на обнаружение того, что полипептид ENG не проявляет значимое связывание с TGF- $\beta$ 1, TGF- $\beta$ 3, VEGF или FGF-2.

Таким образом, в определенных аспектах настоящее изобретение относится к эндоглиновым полипептидам как антагонистам BMP-9 или BMP-10 для применения в ингибиции какого-либо нарушения, связанного с BMP-9 или BMP-10, в целом и в ингибировании фиброза и/или ангиогенеза в частности, включая VEGF-зависимый ангиогенез и VEGF-независимый ангиогенез. Однако, следует отметить, что ожидают, что антитела против самого ENG будут иметь другие эффекты полипептида ENG. Ожидают, что пан-нейтрализующее антитело против ENG (ингибирующее связывание всех сильных и слабых лигандов) будет ингибировать передачу сигнала таких лигандов через ENG, но не будет ингибировать способность таких лигандов передавать сигнал через другие рецепторы (например, ALK-1, ALK-2, BMPRII, ActRIIA или ActRIIB в случае BMP-9 или BMP-10). Также следует отметить, что, учитывая существование циркулирующих нативных растворимых полипептидов ENG, которые, учитывая представленные в настоящем описании данные, предположительно, действуют как природные антагонисты BMP-9/10, не ясно, будет ли нейтрализующее антитело против ENG, главным образом, ингибировать мембраносвязанную форму ENG (таким образом, действуя как антагонист ENG/BMP-9/10) или растворимую форму ENG (таким образом, действуя как агонист ENG/BMP-9/10). С другой стороны, с учетом настоящего описания, ожидают, что полипептид ENG будет ингибировать все лиганды, с которыми он сильно связывается (включая BMP-9 или BMP-10 в случае конструкций, таких как описанные в примерах), но не будет влиять на лиганды, с которыми он слабо связывается. Таким образом, хотя пан-нейтрализующее антитело против ENG будет блокировать передачу сигнала BMP-9 и BMP-10 через ENG, оно не будет блокировать передачу сигнала BMP-9 или BMP-10 через другой receptor. Кроме того, хотя полипептид ENG может ингибировать передачу сигнала BMP-9 через все рецепторы (включая рецепторы помимо ENG), ожидают, что он будет ингибировать передачу сигнала слабо связывающегося

лиганда через любой рецептор, даже ENG.

Если не указано иначе, белки, представленные в настоящем описании, являются человеческими формами. Ссылки Genbank для белков являются следующими: изоформа 1 ENG человека (L-ENG), NM\_001114753; изоформа 2 ENG человека (S-ENG), NM\_000118; изоформа 1 ENG мыши (L-ENG), NM\_007932; изоформа 2 ENG мыши (S-ENG), NM\_001146350; изоформа 3 ENG мыши, NM\_001146348. Последовательности нативных белков ENG человека и мыши приведены на фигурах 1-8.

Термины, используемые в настоящем описании, как правило, имеют значения, общепринятые в этой области, в контексте настоящего описания и в конкретном контексте, в котором используются каждый термин. Конкретные термины представлены в описании для обеспечения дополнительного руководства для практикующего специалиста в описании композиций и способов, представленных в настоящем описании, и их получении и применении. Объем или значение любого использования термина будут очевидны из конкретного контекста, в котором используются термин.

## **2. Терапевтические способы и применение полипептидов ENG**

### **Фиброз и фиброзные нарушения**

Некоторые аспекты настоящего изобретения основаны на неожиданном наблюдении того, что полипептиды ENG можно применять для ингибиования и/или лечения фиброзных нарушений. Настоящее изобретение относится к способам ингибиования фиброза у млекопитающего посредством введения эффективного количества полипептида ENG, например, полипептида ENG, содержащего аминокислотную последовательность, по меньшей мере на 95% идентичную аминокислотам 42-333 SEQ ID NO: 1, включая слитый белок ENG-Fc или антагонисты нуклеиновой кислоты (например, антисмысловую или миРНК) указанного выше. Эти полипептиды ENG, слитые белки ENG-Fc и антагонисты нуклеиновой кислоты в настоящем описании в совокупности обозначают как "терапевтические средства".

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретение относится к полипептидам ENG и способам применения таких полипептидов, применимых в лечении, ингибиции или профилактике

фиброза. Как применяют в настоящем описании, термин "фиброз" относится к аномальному образованию или развитию избыточной волокнистой соединительной ткани клетками в органе или ткани. Хотя процессы, относящиеся к фиброзу, могут возникать как часть образования нормальной ткани или заживления, дисрегуляция этих процессов может приводить к изменению клеточного состава и избыточному депонированию соединительной ткани, постепенно нарушающему функционирование ткани или органа. Образование волокнистой ткани может являться результатом репаративного или реактивного процесса.

Фиброзные нарушения или состояния, которые можно лечить полипептидами ENG и терапевтическими способами с применением таких полипептидов по настоящему изобретению, включают, в качестве неограничивающих примеров, фибрознопролиферативные нарушения, связанные с сердечно-сосудистыми заболеваниями, такими как заболевание сердца, заболевание мозга и заболевание периферических сосудов, а также систем тканей и органов, включая сердце, кожу, почки, легкие, брюшную полость, кишечник и печень (как описано, например, в Wynn, 2004, Nat Rev 4:583-594, включенном в настоящее описание посредством ссылки). Примеры нарушений, которые можно лечить, включают, в качестве неограничивающих примеров, фиброз почек, включая нефропатии, ассоциированные с травмой/фиброзом, например, хронические нефропатии, ассоциированные с диабетом (например, диабетическую нефропатию), волчанку, склеродермию, гломерулонефрит, фокально-сегментарный гломерулосклероз и IgA-нефропатию; легочный фиброз, например, идиопатический легочный фиброз, фиброз, индуцируемый радиацией, хроническую обструктивную болезнь легких (COPD), склеродермию и хроническую астму; фиброз кишечника, например, склеродермию и фиброз кишечника, индуцированный радиацией; фиброз печени, например, цирроз, алкогольный фиброз печени, повреждение желчных протоков, первичный биллиарный цирроз, фиброз печени, индуцируемый инфекцией или вирусом, врожденный фиброз печени и аутоиммунный гепатит; и другие фиброзные состояния, такие как кистозный фиброз, эндомиокардиальный фиброз, медиастинальный фиброз, плевральный

фиброз, саркоидоз, склеродермия, повреждение/фиброз спинного мозга, миелофиброз, рестеноз сосудов, атеросклероз, кистозный фиброз поджелудочной железы и легких, инъекционный фиброз (который может возникать как осложнение внутримышечных инъекций, особенно у детей), эндомиокардиальный фиброз, идиопатический легочный фиброз, медиастинальный фиброз, миелофиброз, ретроперитонеальный фиброз, прогрессирующий массивный фиброз, осложнение пневмокониоза у работников угольной промышленности и нефрогенный системный фиброз.

Как применяют в настоящем описании, термины "фиброзное нарушение", "фиброзное состояние" и "фиброзное заболевание" взаимозаменяющими используют в отношении нарушения, состояния или заболевания, отличающегося фиброзом. Примеры фиброзных нарушений включают, в качестве неограничивающих примеров, сосудистый фиброз, легочный фиброз (например, идиопатический легочный фиброз), фиброз поджелудочной железы, фиброз печени (например, цирроз), фиброз почек, скелетно-мышечный фиброз, фиброз сердца (например, эндомиокардиальный фиброз, идиопатическую кардиомиопатию), фиброз кожи (например, склеродермию, посттравматическое, оперативное рубцевание кожи, келоиды и образование келоидов кожи), фиброз глаза (например, глаукому, склероз глаз, рубцевание конъюнктивы и роговицы и птеригиум), диффузную склеродермию (PSS), хроническую реакцию "трансплантат против хозяина", болезнь Пейрони, постцистокопический стеноз уретры, идиопатический и фармакологически-индуцированный ретроперитонеальный фиброз, медиастинальный фиброз, прогрессирующий массивный фиброз, пролиферативный фиброз и опухолевый фиброз.

Как применяют в настоящем описании, термин "клетка" относится к любой клетке, подверженной фиброзному ответу, включая, в качестве неограничивающих примеров, отдельные клетки, ткани и клетки в тканях и органах. Как применяют в настоящем описании, термин "клетка" включает саму клетку, а также внеклеточный матрикс (ECM), окружающий клетку. Например, ингибирование фиброзного ответа клетки включает, в качестве неограничивающих примеров ингибирование фиброзного ответа одной или нескольких клеток в легком (или ткани легкого); одной или нескольких клеток в печени

(или ткани печени); одной или нескольких клеток в почке (или ткани почки); одной или нескольких клеток в мышечной ткани; одной или нескольких клеток в сердце (или ткани сердца); одной или нескольких клеток в поджелудочной железе; одной или нескольких клеток в коже; одной или нескольких клеток в кости, одной или нескольких клеток в сосудистом русле, одной или нескольких стволовых клеток или одной или нескольких клеток в глазу.

Способы и композиции по настоящему изобретению можно применять для лечения и/или профилактики фиброзных нарушений. Примеры типов фиброзных нарушений включают, в качестве неограничивающих примеров, сосудистый фиброз, легочный фиброз (например, идиопатический легочный фиброз), фиброз поджелудочной железы, фиброз печени (например, цирроз), фиброз почек, скелетно-мышечный фиброз, фиброз сердца (например, эндомиокардиальный фиброз, идиопатическую кардиомиопатию), фиброз кожи (например, склеродермию, посттравматическое, оперативное рубцевание кожи, келоиды и образование келоидов кожи), фиброз глаза (например, глаукому, склероз глаз, рубцевание конъюнктивы и роговицы и птеригиум), диффузную склеродермию (PSS), хроническую реакцию "трансплантат-против-хозяина", болезнь Пейрони, постцистокопический стеноз уретры, идиопатический и фармакологически-индуцированный ретроперитонеальный фиброз, медиастинальный фиброз, прогрессирующий массивный фиброз, пролиферативный фиброз, опухолевый фиброз, болезнь Дююитрена, структуры и фиброз, индуцируемый радиацией. В конкретном варианте осуществления фиброзное нарушение не является миелофиброзом.

Способы и композиции по настоящему изобретению можно применять для лечения и/или профилактики нарушения печени, проявляющихся фиброзом печени или приводящих к нему, включая неалкогольную жировую болезнь печени (NAFLD), неалкогольный стеатогепатит (NASH) и острые фиброзные нарушения, которые могут являться результатом длительного избыточного потребления алкоголя, холестаза, аутоиммунные болезни печени, избыток железа или меди и хронический вирусный гепатит. NAFLD является результатом метаболических состояний ожирения и диабета типа 2. Пациенты с

NAFLD могут проявлять диапазон гистопатологических признаков, включая отдельного стеатоза (жировой инфильтрации печени) до некровоспаления, часто обозначаемого как NASH. NAFLD и NASH у пациентов могут прогрессировать до состояний фиброза на более поздней стадии, включая фиброз на поздней стадии и цирроз. У пациентов с NASH развивается прогрессирующий фиброз в 25%-50% в течение периода от 4 до 6 лет, и NASH у 15%-25% индивидуумов может прогрессировать до цирроза. Цирроз при NASH является основной причиной трансплантации печени в США и связан с повышенным риском печеночноклеточной карциномы и смертностью среди пациентов, ожидающих трансплантацию печени. Алкоголизм и вирусная инфекция также могут вызывать повреждение печени, прогрессирующее до фиброза печени и цирроза. Можно использовать множество инструментов для оценки состояния печени и прогрессирования фиброзного заболевания. Биопсия печени позволяет оценивать гистологические свойства ткани печени, включая окрашивание на коллаген и количественный анализ уровней коллагена в ткани, а также уровней липидов в случае стеатоза. Шкала активности NAFLD (NAS) представляет собой балльную оценку и является суммой отдельных баллов для стеатоза (0-3), баллонной дистрофии гепатоцитов (0-2) и лобуллярного воспаления (0-3), при этом большинство пациентов с NASH имеют баллы NAS  $\geq 5$ . См. Kleiner et al. Design and validation of a histological scoring system for nonalcoholic fatty liver disease. Hepatology 41(6), 1313-1321 (2005). Сывороточные маркеры включают маркеры функции печени, АЛТ и АСТ, и маркеры образования внеклеточного матрикса, маркеры фибролитического процесса, маркеры деградации внеклеточного матрикса и конкретные цитокины.

Настоящее изобретение относится к применению полипептидов ENG в комбинации с одними или несколькими другими способами лечения. Таким образом, в дополнение к применению полипептидов ENG, по отношению к индивидууму также можно использовать один или несколько "стандартных" способов терапии для лечения фиброзных нарушений. Например, полипептиды ENG можно вводить в комбинации с (т.е. совместно с) цитотоксинами, иммуносупрессорными средствами,

радиотоксичными средствами и/или терапевтическими антителами. Конкретные котерапевтические средства, предусматриваемые в настоящем изобретении, включают, в качестве неограничивающих примеров, стероиды (например, кортикостероиды, такие как преднизон), иммunoсупрессорные и/или противовоспалительные средства (например, гамма-интерферон, циклофосфамид, азатиоприн, метотрексат, пеницилламин, циклоспорин, колхицины, антитимоцитарный глобулин, миофенолат мофетил и гидроксихлорохин), цитотоксические лекарственные средства, блокаторы кальциевых каналов (например, нифедипин), ингибиторы ангиотензин-превращающего фермента (ACE), парааминобензойную кислоту (PABA), диметилсульфоксид, ингибиторы трансформирующего фактора роста-бета (TGF- $\beta$ ), ингибиторы интерлейкина-5 (ИЛ-5) и пан-ингибиторы каспаз.

Дополнительные противофиброзные средства, которые можно использовать в комбинации с полипептидами ENG, включают, в качестве неограничивающих примеров, лектины (как описано, например, в патенте США №: 7026283, содержание которого включено в настоящее описание посредством ссылки в полном объеме), а также противофиброзные средства, описываемые Wynn et al (2007, J Clin Invest 117:524-529, содержание которого включено в настоящее описание посредством ссылки в полном объеме). Например, дополнительные противофиброзные средства и способы терапии включают, в качестве неограничивающих примеров, различные противоноспалительные/иммunoсупрессорные/цитотоксические лекарственные средства (включая колхицин, азатиоприн, циклофосфамид, преднизон, талидомид, пентоксифиллин и теофиллин), модификаторы передачи сигнала TGF- $\beta$  (включая релаксин, SMAD7, HGF, и BMP7, а также ингибиторы TGF- $\beta$ 1, TGF $\beta$ RI, TGF $\beta$ RII, EGR-I и CTGF), цитокин и антагонисты рецепторов цитокинов (ингибиторы ИЛ-1 $\beta$ , ИЛ-5, ИЛ-6, ИЛ-13, ИЛ-21, ИЛ-4R, ИЛ-13R $\alpha$ 1, ГМ-КСФ, ФНО, онкостатина M, WlSP-I и PDGF), цитокины и хемокины (ИФН $\gamma$ , ИФН $\alpha/\beta$ , ИЛ-12, ИЛ-10, HGF, CXCL10 и CXCL11), антагонисты хемокинов (ингибиторы CXCL1, CXCL2, CXCL12, CCL2, CCL3, CCL6, CCL17 и CCL18), антагонисты

рецепторов хемокинов (ингибиторы CCR2, CCR3, CCR5, CCR7, CXCR2 и CXCR4), антагонисты TLR (ингибиторы TLR3, TLR4 и TLR9), антагонисты ангиогенеза (VEGF-специфические антитела и заместительная терапия аденоzindezaminazой), гипотензивные лекарственные средства (бета-блокаторы и ингибиторы ANG 11, ACE и альдостерона), вазоактивные вещества (антагонисты рецептора ET-1 и бозентан), ингибиторы ферментов, синтезирующих и процессирующих коллаген (ингибиторы пролилгидроксилазы), антагонисты В-клеток (ритуксимаб), антагонисты интегринов/молекул адгезии (молекулы, блокирующие интегрины  $\alpha 1\beta 1$  и  $\alpha v\beta 6$ , а также ингибиторы интегрин-зависимых киназ и антитела против ICAM-I и VCAM-I), проапоптотические лекарственные средства, направленные против миофибробластов, ингибиторы MMP (ингибиторы MMP2, MMP9 и MMP12), и ингибиторы TIMP (антитела против TIMP-1).

Полипептид ENG и котерапевтическое средство или котерапию можно использовать в одном составе или раздельно. В случае раздельного введения полипептид ENG можно вводить до, после или одновременно с котерапевтическим средством или котерапией. Одно средство может предшествовать или следовать после введения другого средства через интервалы в диапазоне от минут до недель. В вариантах, осуществления в которых индивидууму раздельно вводят два или более различных типа терапевтических средств, как правило, будут обеспечивать, чтобы между временем каждой доставки не прошел значительный период времени, таким образом, чтобы эти разные типы средств все равно были способны иметь преимущественно комбинированный эффект в отношении тканей или клеток-мишеней.

### **Ангиогенез**

Ангиогенез, процесс образования новых кровеносных сосудов, критичен при многих нормальных и аномальных физиологических состояниях. В нормальных физиологических условиях у людей и животных ангиогенез происходит в конкретных и ограниченных ситуациях. Например, в норме ангиогенез наблюдают при заживлении ран, эмбриональном развитии и образовании *corpus luteum*, эндометрия и плаценты.

Нежелательный или неправильно регулируемый ангиогенез

возникает при многих нарушениях, при которых аномальный рост эндотелия может вызывать патологический процесс или участвовать в нем. Например, ангиогенез участвует в росте многих опухолей. Нерегулируемый ангиогенез вовлечен в такие патологические процессы, как ревматоидный артрит, ретинопатии, гемангиомы и псориаз. Различные патологические состояния, при которых имеет место нерегулируемый ангиогенез, классифицируют как заболевания, ассоциированные с ангиогенезом.

Считают, что контролируемый и неконтролируемый ангиогенез происходит схожим образом. Капилляры, главным образом, состоят из эндотелиальных клеток и перицитов, окруженных базальной мембраной. Ангиогенез начинается с эрозии базальной мембраны ферментами, высвобождаемыми эндотелиальными клетками и лейкоцитами. Затем эндотелиальные клетки, выстилающие просвет кровеносных сосудов, выступают через базальную мембрану. Ангиогенные факторы заставляют эндотелиальные клетки мигрировать через эродированную базальную мембрану. Мигрирующие клетки образуют "отросток", выступающий из родительского кровеносного сосуда, где эндотелиальные клетки подвергаются митозу и пролиферируют. Эндотелиальные отростки соединяются друг с другом с образованием капиллярных петель, создавая новый кровеносный сосуд.

Доказано, что средства, ингибирующие ангиогенез, являются эффективными в лечении множества нарушений. Avastin<sup>TM</sup> (бевацизумаб), моноклональное антитело, связывающееся с фактором роста эндотелия сосудов (VEGF), используют в лечении множества злокачественных новообразований. Доказано, что Macugen<sup>TM</sup>, аптамер, связывающийся с VEGF, является эффективным в лечении неоваскулярной (влажной) возрастной дегенерации желтого пятна. Антагонисты пути передачи сигнала SDF/CXCR4 ингибируют неоваскуляризацию опухоли и эффективны против злокачественного новообразования в моделях на мышах (Guleng et al. Cancer Res. 2005 Jul 1;65(13):5864-71). В лечении различных типов опухолей в качестве антиангийогенных средств используют множество, так называемых, многоцелевых ингибиторов тирозинкиназ, включая вандетаниб, сунитиниб, акситиниб, сорафениб, ваталаниб и пазопаниб. Талидомид и

родственные соединения (включая помалидомид и леналидомид) демонстрируют благоприятные эффекты в лечении злокачественных новообразований, и хотя молекулярный механизм действия неясен, ингибирование ангиогенеза, по-видимому, является важным компонентом противоопухолевого эффекта (см., например, Dredge et al. *Microvasc Res.* 2005 Jan; 69(1-2):56-63). Хотя многие антиангиогенные средства обладают эффектом в отношении ангиогенеза независимо от затронутой ткани, другие ангиогенные средства, как правило, могут иметь ткане-специфичный эффект.

Настоящее изобретение относится к способам и композициям для лечения или профилактики состояний нерегулируемого ангиогенеза, включая неопластические и ненеопластические нарушения. Кроме того, изобретение относится к способам и композициям для лечения или профилактики конкретных сердечно-сосудистых нарушений. Кроме того, настоящее изобретение относится к способам лечения нарушений, ассоциированных с активностью BMP9 и/или BMP10.

Настоящее изобретение относится к способам ингибирования ангиогенеза у млекопитающего посредством введения индивидууму эффективного количества полипептида ENG, включая слитый белок ENG-Fc или антагонисты нуклеиновых кислот (например, антисмысловой или миРНК) указанного выше, в совокупности обозначаемых в настоящем описании как "терапевтические средства". Представленные данные конкретно указывают на то, что антиангиогенные терапевтические средства, представленные в настоящем описании, можно применять для ингибирования ангиогенеза, ассоциированного с опухолями. Ожидают, что эти терапевтические средства также будут применимы в ингибировании ангиогенеза в глазу.

Заболевания, ассоциированные с ангиогенезом, включают, в качестве неограничивающих примеров, ангиогенез-зависимое злокачественное новообразование, включая, например, солидные опухоли, гемобластозы, такие как лейкозы, и опухолевые метастазы; доброкачественные опухоли, например гемангиомы, невриномы слухового нерва, нейрофибромы, трахомы и пиогенные грануллемы; ревматоидный артрит; псориаз; рубеоз; болезнь Рандю-Вебера-Ослера; ангиогенез миокарда; неоваскуляризацию бляшек; телеангиэктузию;

гемофилический артрит и ангиофиброму.

В частности, полипептидные терапевтические средства по настоящему изобретению применимы для лечения или профилактики злокачественного новообразования (опухоли) и, в частности, таких злокачественных новообразований, о которых известно, что они основаны на ангиогенных процессах для поддержания роста. В отличие от большинства антиангиогенных средств, полипептиды ENG влияют на ангиогенез, индуцируемый множеством факторов. Это весьма актуально в случае злокачественных новообразований, где злокачественное новообразование часто имеет множество факторов, поддерживающих ангиогенез в опухоли. Таким образом, терапевтические средства, представленные в настоящем описании, будут особенно эффективными в лечении опухолей, резистентных к лечению лекарственным средством, направленным против отдельного ангиогенного фактора (например, бевацизумабом, направленным против VEGF), а также могут являться особенно эффективными в комбинации с другими антиангиогенными соединениями, действующим за счет другого механизма.

Дисрегуляция ангиогенеза может приводить ко многим нарушениям, которые можно лечить композициями и способами по изобретению. Эти нарушения включают неопластические и ненеопластические состояния. Термины "злокачественное новообразование" и "злокачественный" относятся к физиологическому состоянию у млекопитающих, как правило, отличающемуся повышающе регулируемым ростом/пролиферацией клеток. Примеры злокачественного новообразования или неопластических нарушений включают, в качестве неограничивающих примеров, карциному, лимфому, бластому, саркому и лейкоз. Более конкретные примеры таких злокачественных новообразований включают плоскоклеточный рак, мелкоклеточный рак легких, немелкоклеточный рак легких, аденоракиному легкого, плоскоклеточную карциному легкого, рак брюшины, печеночно-клеточный рак, злокачественные новообразования желудочно-кишечного тракта, рак поджелудочной железы, глиобластому, рак шейки матки, рак яичников, рак печени, рак мочевого пузыря, гепатому, рак молочной железы, рак толстого кишечника, колоректальный рак, карциному эндометрия или тела матки, карциному слюнной железы, рак

почки, рак предстательной железы, рак женских наружных половых органов, рак щитовидной железы, печеночную карциному, рак желудка, меланому и различные типы рака головы и шеи, включая плоскоклеточный рак головы и шеи. Другие примеры неопластических нарушений и родственных состояний включают карциномы пищевода, текомы, арренобластомы, гиперплазию эндометрия, эндометриоз, фибросаркомы, хориокарциному, назофарингеальную карциному, ларингеальные карциномы, гепатобластому, саркому Капоши, карциномы кожи, гемангиому, кавернозную гемангиому, гемангиобластому, ретинобластому, астроцитому, глиобластому, шванному, олигодендроглиому, медуллобластому, нейробластому, рабдомиосаркому, остеогенную саркому, лейомиосаркомы, карциномы мочевыводящих путей, опухоль Вильмса, почечноклеточную карциному, карциному предстательной железы, аномальную пролиферацию сосудов, ассоциированную с факоматозом, и синдром Мейгса. Злокачественное новообразование, в частности, поддающееся лечению терапевтическими средствами, представленными в настоящем описании, может отличаться одним или несколькими из следующего: злокачественное новообразование имеет ангиогенную активность, повышенные уровни ENG, определяемые в опухоли или сыворотке, повышенные уровни экспрессии или биологической активности BMP-9 или BMP-10, метастазирует или имеет риск метастазирования, или любую их комбинацию.

Ненеопластические нарушения с нерегулируемым ангиогенезом, поддающиеся лечению полипептидами ENG, применимыми в изобретении, включают, в качестве неограничивающих примеров, нежелательную или аномальную гипертрофию, артрит, ревматоидный артрит, псориаз, псориатические бляшки, саркоидоз, атеросклероз, атеросклеротические бляшки, диабетические и другие пролиферативные ретинопатии, включая синдром Терри, ретролентальную фиброплазию, неоваскулярную глаукому, возрастную дегенерацию желтого пятна, диабетический отек желтого пятна, неоваскуляризацию роговицы, неоваскуляризация трансплантата роговицы, отторжение трансплантата роговицы, неоваскуляризацию сетчатки/сосудистой оболочки, неоваскуляризацию радужки (рубеоз), болезнь неоваскуляризации

глаза, рестеноз сосудов, артериовенозные мальформации (AVM), менингиому, гемангиому, ангиофиброму, гиперплазию щитовидной железы (включая болезнь Грейвса), трансплантацию роговицы и другой ткани, хроническое воспаление, воспаление легких, острое повреждение легких/ARDS, сепсис, первичную легочную гипертензию, злокачественные легочные выпоты, отек мозга (например, ассоциированный с острым инсультом/закрытой черепно-мозговой травмой/травмой), синовиальное воспаление, образование паннуса при RA, оссифицирующий миозит, гипертрофический остеогенез, остеоартрит, рефрактерный асцит, поликистоз яичников, эндометриоз, заболевания с образованием полостей, заполненных жидкостью (панкреатит, компартмент-синдром, ожоги, заболевание кишечника), фиброз матки, преждевременные роды, хроническое воспаление, такое как IBD (болезнь Крона и язвенный колит), отторжение аллотрансплантата почки, воспалительное заболевание кишечника, нефротический синдром, нежелательное или аномальное разрастание тканевых масс (не злокачественных), гемофилический артрит, гипертрофические рубцы, ингибирование роста волос, болезнь Рандю-Вебера-Ослера, пиогенную гранулему, ретролентальную фиброплазию, склеродермию, трахому, сращения сосудов, синовит, дерматит, преэкламсию, асциты, перикардиальный выпот (такой как ассоциированный с перикардитом) и плевральный выпот. Дополнительные примеры таких нарушений включают эпителиальные или сердечные нарушения.

В определенных вариантах осуществления таких способов одно или несколько полипептидных терапевтических средств можно вводить совместно (одновременно) или в разные моменты времени (последовательно). Кроме того, полипептидные терапевтические средства можно вводить с другим типом соединений для лечения злокачественного новообразования или для ингибирования ангиогенеза.

В определенных вариантах осуществления рассматриваемые способы по настоящему изобретению можно применять в отдельности. Альтернативно, рассматриваемые способы можно применять в комбинации с другими общепринятыми подходами противоопухолевой

терапии, направленными на лечение или профилактику пролиферативных нарушений (например, опухоли). Например, такие способы можно применять в профилактике злокачественного новообразования, профилактике рецидива злокачественного новообразования и метастазирования после хирургического вмешательства, и в качестве адъюванта в другой общепринятой терапии злокачественного новообразования. В настоящем описании признают, что можно повышать эффективность общепринятых способов терапии злокачественных новообразований (например, химиотерапии, лучевой терапии, фототерапии, иммунотерапии и хирургии), применяя рассматриваемое полипептидное терапевтическое средство.

Показано, что широкий спектр общепринятых соединений имеет противоопухолевую активность. Эти соединения используют в качестве фармацевтических средств в химиотерапии для уменьшения размеров солидных опухолей, профилактике метастазирования и дальнейшего роста или снижения количества злокачественных клеток при лейкозах или злокачественных новообразованиях костного мозга. Хотя химиотерапия эффективна в лечении различных типов злокачественных новообразований, многие противоопухолевые соединения индуцируют нежелательные побочные эффекты. Показано, что при комбинировании двух или более разных способов лечения, они могут действовать синергично и делать возможным снижение дозы каждого из лекарственных средств, таким образом, снижая вредные побочные эффекты, вызываемые каждым соединением при более высоких дозах. В других случаях, злокачественные новообразования, рефрактерные к лечению, могут отвечать на комбинированное лечение двумя или более разными способами лечения.

При одновременном или последовательном введении терапевтического средства, представленного в настоящем описании, в комбинации с другим общепринятым противоопухолевым средством, такое терапевтическое средство может повышать терапевтический эффект противоопухолевого средства или преодолевать резистентность клеток к такому противоопухолевому средству. Это делает возможным снижение дозы противоопухолевого средства, таким образом, снижая нежелательные побочные эффекты, или восстанавливает эффективность

противоопухолового средства в резистентных клетках.

По настоящему изобретению антиангиогенные средства, представленные в настоящем описании, можно применять в комбинации с другими композициями и способами лечения заболеваний. Например, опухоль можно общепринято лечить посредством хирургического вмешательства, лучевой или химиотерапии в комбинации с полипептидом ENG, а затем можно вводить полипептид ENG пациенту для увеличения периода покоя микрометастазов и для стабилизации любой остаточной первичной опухоли.

В этой области идентифицированы и известны многие антиангиогенные средства, включая приведенные в настоящем описании и, например, в Carmeliet and Jain, *Nature* 407:249-257 (2000); Ferrara et al., *Nature Reviews:Drug Discovery*, 3:391-400 (2004) и Sato Int. J. Clin. Oncol, 8:200-206 (2003). Также см. патентную заявку США № US20030055006. В одном из вариантов осуществления полипептид ENG применяют в комбинации с нейтрализующим антителом против VEGF (или фрагментом), и/или другим антагонистом VEGF, или антагонистом рецептора VEGF, включая, в качестве неограничивающих примеров, например, растворимый рецептор VEGF (например, VEGFR-1, VEGFR-2, VEGFR-3, фрагменты нейропилинов (например, NRP1, NRP2)), аптамеры, способные блокировать VEGF или VEGFR, нейтрализующие антитела против VEGFR, низкомолекулярные ингибиторы тирозинкиназ VEGFR (RTK), антисмысловые стратегии для VEGF, рибозимы против VEGF или рецепторов VEGF, варианты антагонистов VEGF и любые их комбинации. Альтернативно или дополнительно, в дополнение к антагонисту VEGF и другому средству пациенту можно совместно вводить, необязательно, два или более ингибиторов ангиогенеза. В определенном варианте осуществления в комбинации с полипептидом ENG, антагонистом VEGF и антиангиогенным средством можно вводить одно или несколько дополнительных терапевтических средств, например, противоопухолевых средств.

Термины "VEGF" и "VEGF-A" взаимозаменяемо используют в отношении фактора роста эндотелия сосудов из 165 аминокислот и родственных факторов роста эндотелия сосудов из 121, 145, 183, 189 и 206 аминокислот, как описано в Leung et al. *Science*, 246:1306

(1989), Houck et al. Mol Endocrinol, 5:1806 (1991) и Robinson & Stringer, J Cell Sci, 144(5):853-865 (2001), вместе с его природными аллельными и процессированными формами.

Термин "антагонист VEGF" относится к молекуле, способной нейтрализовать, блокировать, ингибировать, отменять, снижать или противодействовать активностям VEGF, включая его связывание с одним или несколькими рецепторами VEGF. Антагонисты VEGF включают антитела против VEGF и их антигенсвязывающие фрагменты, молекулы рецепторов и производные, специфически связывающиеся с VEGF, таким образом, блокируя его связывание с одним или несколькими рецепторами, антителами против рецепторов VEGF и антагонистами рецепторов VEGF, такими как низкомолекулярные ингибиторы тирозинкиназ VEGFR, и слитые белки, например, VEGF-Trap (Regeneron), VEGF121-гелонин (Peregrine). Антагонисты VEGF также включают варианты антагонистов VEGF, антисмысловые молекулы против VEGF, аптамеры РНК и рибозимы против VEGF или рецепторов VEGF.

"Антитело против VEGF" является антителом, связывающимся с VEGF с достаточной аффинностью и специфичностью. Антитело против VEGF можно использовать в качестве терапевтического средства для таргетной терапии и противодействия заболеваниям или состояниям, в которые вовлечена активность VEGF. См., например, патенты США №№ 6582959 6703020; WO98/45332; WO96/30046; WO94/10202, WO2005/044853; ЕР 0666868B1; патентные заявки США №№ 20030206899, 20030190317, 20030203409, 20050112126, 20050186208 и 20050112126; Popkov et al, Journal of Immunological Methods 288:149-164 (2004); и WO2005012359. Антитело против VEGF, как правило, не будет связываться ни с другими гомологами VEGF, такими как VEGF-B или VEGF-C, ни с другими факторами роста, такими как PlGF, PDGF или bFGF. Антитело против VEGF "бевацизумаб (BV)", также известное как "rhuMAb VEGF" или "Avastin®", является рекомбинантным гуманизированным моноклональным антителом против VEGF, полученным согласно Presta et al. Cancer Res. 57:4593-4599 (1997). Оно содержит мутантные каркасные области IgG1 человека и антигенсвязывающие определяющие комплементарность области из моноклонального антитела мыши против hVEGF A.4.6.1, блокирующего

связывание VEGF человека с его рецепторами. Приблизительно 93% аминокислотной последовательности бевацизумаба, включая большую часть каркасных областей, получают из IgG1 человека, и приблизительно 7% последовательности получают из антитела мыши A4.6.1. Бевацизумаб имеет молекулярную массу приблизительно 149000 Да и является гликозилированным. Бевацизумаб и другие гуманизированные антитела против VEGF, включая фрагмент антитела против VEGF "ранибизумаб", также известный как "Lucentis®", дополнительно описывают в патенте США № 6884879, выданном 26 февраля 2005 года.

Термин "противоопухолевая композиция" относится к композиции, применимой в лечении злокачественного новообразования, содержащей по меньшей мере одно активное терапевтическое средство, например, "противоопухолевое средство". Примеры терапевтических средств (противоопухолевых средств, также обозначаемых в настоящем описании как "противоопухолевое средство") включают, в качестве неограничивающих примеров, например, химиотерапевтические средства, ингибирующие рост средства, цитотоксические средства, средства, используемые в лучевой терапии, антиангиогенные средства, апоптотические средства, антитубулиновые средства, токсины, и другие средства для лечения злокачественных новообразований, например, нейтрализующее антитело против VEGF, антагонист VEGF, средства против HER-2, против CD20, антагонист рецептора эпидермального фактора роста (EGFR) (например, ингибитор тирозинкиназ), ингибитор HER1/EGFR, эрлотиниб, ингибитор COX-2 (например, целекоксиб), интерфероны, цитокины, антагонисты (например, нейтрализующие антитела), связывающиеся с одним или несколькими из ErbB2, ErbB3, ErbB4 или рецепторов VEGF, ингибиторы тирозинкиназ рецепторов тромбоцитарного фактора роста (PDGF) и/или фактора стволовых клеток (SCF) (например, иматиниба мезилат (Gleevec® Novartis)), TRAIL/Apo2L и другие биоактивные и органические химические средства, и т.д.

"Ангиогенный фактор или средство" является фактором роста, стимулирующим развитие кровеносных сосудов, например, стимулирующим ангиогенез, рост эндотелиальных клеток, стабильность

кровеносных сосудов и/или васкулогенез и т.д. Например, ангиогенные факторы включают, в качестве неограничивающих примеров, VEGF и членов семейства VEGF, PlGF, семейство PDGF, семейство фактора роста фибробластов (FGF), лиганды TIE (ангиопоэтины), эфрины, ANGPTL3, ALK-1, и т.д. Они также будут включать факторы, усиливающие заживление ран, такие как гормон роста, инсулиноподобный фактор роста-I (IGF-I), VIGF, эпидермальный фактор роста (EGF), CTGF и членов его семейства и TGF- $\alpha$  и TGF- $\beta$ . См., например, Klagsbrun and D'Amore, Annu. Rev. Physiol., 53:217-39 (1991); Streit and Detmar, Oncogene, 22:3172-3179 (2003); Ferrara & Alitalo, Nature Medicine 5(12): 1359-1364 (1999); Tonini et al., Oncogene, 22:6549-6556 (2003) (например, таблицу 1, в которой приведены ангиогенные факторы); и Sato Int. J. Clin. Oncol., 8:200-206 (2003).

Термин "антиангигенное средство" или "ингибитор ангиогенеза" относится к низкомолекулярному веществу, полинуклеотиду (включая, например, ингибиторную РНК (РНКи или миРНК)), полипептид, выделенный белок, рекомбинантный белок, антитело или его конъюгаты или слитые белки, прямо или косвенно ингибирующие ангиогенез, васкулогенез или нежелательную проницаемость сосудов. Например, антиангигенное средство является антителом или другим антагонистом ангиогенного средства, как определено выше, например, антителами против VEGF, антителами против рецепторов VEGF, низкомолекулярными соединениями, блокирующим передачу сигнала рецепторами VEGF (например, PTK787/ZK2284, SU6668, SUTENT®/SU 11248 (сунитиниб малат), AMG706 или описываемые, например, в международной патентной заявке № WO2004/113304). Антиангигенные средства также включают нативные ингибиторы ангиогенеза, например, ангиостатин, эндостатин и т.д. См., например, Klagsbrun and D'Amore, Annu. Rev. Physiol., 53:217-39 (1991); Streit and Detmar, Oncogene, 22:3172-3179 (2003) (например, таблицу 3, в которой представлена антиангигенная терапия при злокачественной меланоме); Ferrara & Alitalo, Nat Med 5(12): 1359-1364 (1999); Tonini et al, Oncogene, 22:6549-6556 (2003) (например, таблицу 2,

в которой приведены ангиогенные факторы); и Sato Int. J. Clin. Oncol., 8:200-206 (2003) (например, в таблице 1 приведены антиангиогенные средства, используемые в клинических испытаниях).

В определенных аспектах изобретения другие терапевтические средства, применимые для комбинированной противоопухолевой терапии с помощью полипептида ENG, включают другие способы терапии злокачественных новообразований: например, хирургическое вмешательство, цитотоксические средства, способы лучевой терапии, включающие облучение или введение радиоактивных веществ, химиотерапевтические средства, противогормональные средства, ингибирующие рост средства, противоопухолевые композиции и лечение противоопухолевыми средствами, приведенными в настоящем описании и известными в этой области, или их комбинации.

Как применяют в настоящем описании, термин "цитотокическое средство" относится к веществу, ингибирующему или предотвращающему функционирование клеток и/или вызывающему деструкцию клеток. Термин предназначен для включения радиоактивных изотопов (например, At<sup>211</sup>, I<sup>131</sup>, I<sup>125</sup>, Y<sup>90</sup>, Re<sup>186</sup>, Re<sup>188</sup>, Sm<sup>153</sup>, Bi<sup>212</sup>, P<sup>32</sup> и радиоактивных изотопов Lu), химиотерапевтических средств, например, метотрексата, адриамицина, алкалоидов барвинка (винкристина, винбластина, этопозида), доксорубицина, мелфалана, митомицина С, хлорамбуцила, даунорубицина или других интеркаляторов, ферментов и их фрагментов, таких как нуклеолитические ферменты, антибиотики и токсины, такие как низкомолекулярные токсины или ферментативно-активные токсины бактериального, грибкового, растительного или животного происхождения, включая их фрагменты и/или варианты, и различные противоопухолевые или противораковые средства, описываемые ниже. Другие цитотоксические средства описаны ниже. Туморицидное средство вызывает деструкцию опухолевых клеток.

"Химиотерапевтическое средство" является химическим соединением, применимым в лечении злокачественного новообразования. Примеры химиотерапевтических средств включают алкилирующие средства, такие как тиотепа и СУТОХАН® циклофосфамид; алкилсульфонаты, такие как бусульфан, импросульфан и пипосульфан;

азиридины, такие как бензодопа, карбоквон, метуредопа и уредопа; этиленимины и метиламеламины, включая алтретамин, триэтиленмеламин, триэтиленфосфорамид, триэтилентиофосфаорамид и триметилоломеламин; ацетогенины (особенно буллатацин и буллатацинол); дельта-9-тетрагидроканнабиол (дронабинол, MARINOL®); бета-лапахон; лапахол; колхицины; бетулиновую кислоту; камптотецин (включая синтетический аналог топотекан (HYCAMTIN®), СРТ-11 (иринотекан, CAMPTOSAR®), ацетилкамптотецин, скополетин и 9-аминокамптотецин); бриостатин; каллистатин; СС-1065 (включая его синтетические аналоги адозелезин, карзелезин и бизелезин); подофильтоксин; подофилинновую кислоту; тенипозид; криптофицины (в частности, криптофицин 1 и криптофицин 8); доластатин; дуокармицин (включая синтетические аналоги, KW-2189 и СВ1-TM1); элеутеробин; панкратистатин; саркодиктин; спонгистатин; азотистые иприты, такие как хлорамбуцил, хлорнафазин, хлорфосфамид, эстромустин, ифосфамид, мехлоретамин, гидрохлорид оксида мехлоретамина, мелфалан, новэмбихин, фенестерин, преднимустин, трофосфамид, урацилипрат; нитрозомочевины, такие как кармустин, хлорзотоцин, фотемустин, ломустин, нимустин и ранимустин; антибиотики, такие как ендиновые антибиотики (например, калихимицин, в частности, калихеамицин гамма II и калихеамицин омега II (см., например, Agnew, Chem Intl. Ed. Engl., 33: 183-186 (1994)); динемицин, включая динемицин A; эсперамицин; а также неокарциностатин хромофор и родственные хромопротеиновые хромофоры ендиновых антибиотиков), аклациномизины, актиномицин, антрамицин, азасерин, блеомицины, кактиномицин, карабицин, карминомицин, карцинофилин, хромомицины, дактиномицин, даунорубицин, деторубицин, 6-диазо-5-оксо-1-норлейцин, доксорубицин ADRIAMYCIN® (включая морфолино-доксорубицин, цианоморфолино-доксорубицин, 2-пирролино-доксорубицин и дезоксидоксорубицин), эпирубицин, эзорубицин, идарубицин, марселломицин, митомицины, такие как митомицин С, миофеноловая кислота, ногаламицин, оливомицины, пепломицин, порфиromицин, пуромицин, квеламицин, родорубицин, стрептонигрин, стрептозоцин, туберцидин, убенимекс, зиностатин,

зорубицин; антиметаболиты, такие как метотрексат и 5-фторурацил (5-FU); аналоги фолиевой кислоты, такие как деноптерин, метотрексат, птероптерин, триметрексат; аналоги пурина, такие как флударабин, 6-меркаптопурин, тиамиприн, тиогуанин; аналоги пиримидина, такие как анцитабин, азацитидин, 6-азауридин, кармофур, цитарабин, дидезоксиуридин, доксифлуридин, эноцитабин, флоксуридин; андрогены, такие как калустерон, пропионат дромостанолона, эпitiостанол, мепитиостан, тестолактон; антиадреналовые средства, такие как аминоглутетимид, митотан, трилостан; производное фолиевой кислоты, такое как фолиновая кислота; ацеглатон; альдофосфамид гликозид; аминолевулиновая кислота; энилурацил; амсакрин; бестрабуцил; бисантрен; эдатраксат; дефофамин; демеколцин; диазиквон; элфорнитин; ацетат эллиптиния; эпотилон; этоглуцид; нитрат галлия; гидроксимочевина; лентинан; лонидамин; майтанзиноиды, такие как майтанзин и ансамитоцины; митогуазон; митоксантрон; мопиданмол; нитраерин; пентостатин; фенамет; пирапубицин; лозоксантрон; 2-этилгидразид; прокарбазин; полисахаридный комплекс PSK® (JHS Natural Products, Eugene, OR); разоксан; ризоксин; сизофиран; спирогерманий; тенуазоновую кислоту; триазиквон; 2,2',2"-трихлортриэтиламин; трихотецины (в частности, токсин Т-2, верракурин А, роридин А и ангидин); уретан; виндезин (ELDISINE®, FILDESIN®); дакарбазин; манномустин; митобронитол; митолактол; пипоброман; гацитозин; арабинозид ("Ara-C"); тиотепа; таксоиды, например, TAXOL® паклитаксел (Bristol-Myers Squibb Oncology, Princeton, N.J.), ABRAXANE™ без кремофора, состав сконструированных альбуминовых наночастиц паклитаксела (American Pharmaceutical Partners, Schaumberg, Illinois), и TAXOTERE® доксетаксел (Rhône-Poulenc Rorer, Antony, France); хлорамбуцил; гемцитабин (GEMZAR®); 6-тиогуанин; меркаптопурин; метотрексат; аналоги платины, такие как цисплатин и карбоплатин; винblastин (VELBAN®); платину; этопозид (VP-16); ифосфамид; митоксантрон; винкристин (ONCOVIN®); оксалиплатин; лейковорин; винорелбин (NAVELBINE®); новантрон; эдатраксат; дауномицин; аминоптерин; ибандронат; ингибитор топоизомераз RFS 2000;

дифторметилорнитин (DMFO); ретиноиды, такие как ретиноевая кислота; капецитабин (XELODA®); фармацевтически приемлем соли, кислоты или производные любого из указанных выше; а также комбинации двух или более из указанных выше, такие как CHOP, аббревиатура для комбинированной терапии циклофосфамидом, доксорубицином, винкристином и преднизолоном, и FOLFOX, аббревиатура для схемы лечения оксалиплатином (ELOXATIN™) в комбинации с 5-FU и лейковорином.

В определение также включены противогормональные средства, регулирующие, снижающие, блокирующие или ингибирующие эффекты гормонов, которые могут стимулировать рост злокачественного новообразования, и зачастую находятся в форме системного или общего лечения. Они могут сами являться гормонами. Примеры включают антиэстрогены и селективные модуляторы рецепторов эстрогена (SERM), включая, например, тамокси芬 (включая NOLVADEX® тамокси芬), EVISTA® ралокси芬, дролокси芬, 4-гидрокситамокси芬, триокси芬, кеокси芬, LY117018, онапристон и FARESTON® тореми芬; антипрогестероны; ингибиторы рецепторов эстрогена (ERD); средства, супрессирующие или прекращающие работу яичников, например, агонисты гонадолиберина (LHRH), такие как LUPRON® и ELIGARD® лейпролида ацетат, гозерелина ацетат, бусерелина ацетат и трипторелин; другие антиандрогены, такие как флутамид, нилутамид, бикалутамид; и ингибиторы ароматазы, ингибирующие фермент ароматазу, регулирующую продукцию эстрогена в надпочечниках, такие как, например, 4(5)-имидаZолы, аминоглютетимид, MEGASE® мегестрола ацетат, AROMASIN® экземестан, форместанин, фадрозол, RIVISOR® ворозол, FEMARA® летrozол, и ARIMIDEX® анастrozол. Кроме того, такое определение химиотерапевтических средств включает бисфосфонаты, такие как клодронат (например, BONEFOS® или OSTAC®), DIDROCAL® этидронат, NE-58095, ZOMETA® золедроновую кислоту/золедронат, FOSAMAX® аледронат, AREDIA® памидронат, SKELID® тилудронат, или ACTONEL® ризедронат; а также троксасцитабин (аналог нуклеозида цитозина 1,3-

диоксолан); антисмыловые олигонуклеотиды, в частности, ингибирующие экспрессию генов пути передачи сигнала, участвующего в аномальной клеточной пролиферации, такие как, например, РКС-альфа, Raf, H-Ras и рецептор эпидермального фактора роста (EGF-R); вакцины, такие как вакцина THERATOPE®, и генотерапевтические вакцины, например, вакцина ALLOVECTIN®, вакцина LEUVECTIN® и вакцина VAXID®; ингибитор топоизомеразы 1 LURTOTECAN®, ABARELIX® rmRH; лапатиниб дитозилат (двойной низкомолекулярный ингибитор тирозинкиназ ErbB-2 и EGFR, также известный как GW572016); и фармацевтически приемлемые соли, кислоты или производные любого из указанных выше.

Как применяют в настоящем описании, термин "ингибирующее рост средство" относится к соединению или композиции, ингибирующей рост клетки *in vitro* или *in vivo*. Таким образом, ингибирующее рост средство может являться средством, значительно снижающим процентную долю клеток в S-фазе. Примеры ингибирующих рост средств включают средства, блокирующие прохождение клеточного цикла (в ином месте, чем S-фаза), такие как средства индуцирующие арест клеточного цикла в G1-фазе и в M-фазе. Классические блокаторы M-фазы включают алкалоиды барвинка (винクリстин и винбластин), таксаны и ингибиторы топоизомеразы II, такие как доксорубицин, эпирубицин, даунорубицин, этопозид и блеомицин. Средства, вызывающие арест клеточного цикла в G1-фазе также приводят к аресту клеточного цикла в S-фазе, например, ДНК-алкилирующие средства, такие как тамоксифен, преднизон, дакарбазин, мехлоретамин, цисплатин, метотрексат, 5-фторурацил и ara-C. Дополнительную информацию можно найти в The Molecular Basis of Cancer, Mendelsohn and Israel, eds., Chapter 1, названной "Cell cycle regulation, oncogenes, and antineoplastic drugs" Murakami et al. (WB Saunders: Philadelphia, 1995), в частности р. 13. Таксаны (паклитаксел и доцетаксел) являются противоопухолевыми лекарственными средствами, получаемыми из тисового дерева. Доцетаксел (TAXOTERE®, Rhone-Poulenc Rorer), получаемый из тиса европейского, является полусинтетическим аналогом паклитаксела

(TAXOL®, Bristol-Myers Squibb). Паклитаксел и доцетаксел стимулируют сборку микротрубочек из димеров тубулина и стабилизируют микротрубочки, предотвращая деполимеризацию, что приводит к ингибированию митоза в клетках.

Кроме того, индивидуумам, о которых известно, что они имеют высокий риск развития новых и рецидивирующих злокачественных новообразований, профилактически можно вводить средства, ингибирующие ангиогенез. Таким образом, аспект настоящего изобретения включает способы профилактики злокачественного новообразования у индивидуума, включающие введение индивидууму эффективного количества полипептида ENG и/или его производного или другого средства по настоящему изобретению, ингибирующего ангиогенез.

Конкретные нормальные физиологические процессы также ассоциированы с ангиогенезом, например, овуляция, менструация и плацентация. Белки по настоящему изобретению, ингибирующие ангиогенез, применимы в лечении заболевания с избыточной или аномальной стимулацией эндотелиальных клеток. Эти заболевания включают, в качестве неограничивающих примеров, спайки в желудочно-кишечном тракте, атеросклероз, склеродермию и гипертрофические рубцы, т.е. келоиды. Они также применимы в лечении заболеваний, включающих ангиогенез как патологическое следствие, таких как болезнь кошачьих царалин (*Rochele minalia quintosa*) и язвы (*Helicobacter pylori*).

Общие белки, ингибирующие ангиогенез, можно использовать в качестве противозачаточных средств, снижая или предотвращая васкуляризацию матки, необходимую для имплантации эмбриона. Таким образом, настоящее изобретение относится к эффективному способу контроля рождаемости, когда женщине вводят количество ингибиторного белка, достаточное для предотвращения имплантации эмбриона. В одном из аспектов способа контроля рождаемости количество ингибирующего белка, достаточное для блокирования имплантации эмбриона, вводят до или после полового акта и оплодотворения, таким образом, предоставляемый эффективный способ контроля рождаемости, возможно способ, "используемый на следующее

утро". Хотя и не желая быть связанными этим утверждением, полагают, что ингибиование васкуляризации эндометрия матки препятствует имплантации бластоцисты. Аналогичное ингибиование васкуляризации слизистой оболочки маточной трубы препятствует имплантации бластоцисты, предотвращая возникновение внематочной беременности. Способы введения могут включать, в качестве неограничивающих примеров, пилюли, инъекции (внутривенные, подкожные, внутримышечные), суппозитории, вагинальные губки, вагинальные тампоны и внутриматочные контрацептивы. Также считают, что введение средств по настоящему изобретению, ингибирующих ангиогенез, будет препятствовать нормальной повышенной васкуляризации плаценты, а также развитию сосудов в успешно имплантировавшейся бластоцисте и развитию эмбриона и плода.

В глазу ангиогенез ассоциирован, например, с диабетической ретинопатией, синдромом Терри, дегенерацией желтого пятна, отторжением трансплантата роговицы, неоваскулярной глаукомой и ретролентальной фиброплазией. Терапевтические средства, представленные в настоящем описании, можно вводить интраокулярно или посредством другого местного введения в глаз. Другие заболевания, ассоциированные с ангиогенезом в глазу, включают в качестве неограничивающих примеров, эпидемический кератоконъюнктивит, дефицит витамина А, излишнее ношение контактных линз, атопический кератит, верхний лимбальный кератит, птеригиум, сухой кератоконъюнктивит, синдром Шегрена, розацеа, фликтенулез, сифилис, микобактериальную инфекцию, липидную дегенерацию, химические ожоги, бактериальные язвы, грибковые язвы, инфекции, вызванные вирусом простого герпеса, опоясывающий лишай, инфекции, вызванные простейшими, саркому Капоши, язву Мурена, краевую дегенерацию роговицы Терьена, краевой кератолиз, ревматоидный артрит, системную красную волчанку, полиартериит, травму, грануллематоз Вегенера, склерит, синдром Стивенса-Джонсона, пемфигоид, радиальную кератотомию, отторжение трансплантата роговицы, серповидноклеточную анемию, саркоид, эластическую псевдоксантому, болезнь Педжета, окклюзию вен, окклюзию артерий, обструктивное заболевание сонных артерий (carotid obstructive

disease), хронический увеит/витреит, микобактериальные инфекции, болезнь Лайма, системную красную волчанку, синдром Терри, болезнь Илза, болезнь Бехчета, инфекции, вызывающие ретинит или хориоидит, предполагаемый глазной гистоплазмоз, болезнь Беста, миопию, ямки диска зрительного нерва, болезнь Штаргардта, промежуточный увеит, хроническое отслоение сетчатки, синдром повышенной вязкости крови, токсоплазмоз, осложнения после травмы и лазерной обработки. Другие заболевания включают, в качестве неограничивающих примеров, заболевания, ассоциированные с рубеозом (неоваскуляризацией угла передней камеры), и заболевания, вызываемые аномальной пролиферацией сосудисто-волокнистой или волокнистой ткани, включая все формы пролиферативной витреоретинопатии.

Состояния глаза можно подвергать лечению или профилактике, например, посредством системной, местной, внутриглазной инъекции терапевтического средства или посредством введения устройства с замедленным высвобождением, высвобождающего терапевтическое средство. Терапевтическое средство можно доставлять в фармацевтически приемлемом офтальмологическом наполнителе, таким образом, что соединение поддерживает в контакте с поверхностью глаза в течение достаточного периода времени, чтобы позволять соединению проникать через роговицу и внутренние области глаза, например, переднюю камеру, заднюю камеру, стекловидное тело, водянистую влагу, жидкую часть стекловидного тела, роговицу, радужку/ресничное тело, хрусталик, сосудистую оболочку глаза/сетчатку и склеру. Фармацевтически приемлемый офтальмологический наполнитель, например, может являться мазью, растительным маслом или инкапсулирующим материалом. Альтернативно, терапевтические средства по настоящему изобретению можно инъецировать напрямую в стекловидное тело и водянистую влагу. Кроме того, альтернативно, соединения можно вводить системно, например, посредством внутривенной инфузии или инъекции, для лечения глаза.

Можно вводить одно или несколько терапевтических средств. Способы по настоящему изобретению также включают совместное введение с другими лекарственными средствами, используемыми для

лечения состояний глаза. При введении нескольких средств или комбинации средств и лекарственных средств, введение можно осуществлять одновременно или последовательно. Терапевтические средства и/или лекарственные средства можно вводить различными путями введения или одним и тем же путем введения. В одном из вариантов осуществления терапевтическое средство и лекарственное средство вводят вместе с офтальмологическим фармацевтическим составом.

В одном из вариантов осуществления терапевтическое средство применяют для лечения заболевания, ассоцииированного с ангиогенезом в глазу, посредством конкурентного введения с другими лекарственными средствами, блокирующими ангиогенез с помощью фармакологических механизмов. Лекарственные средства, которые можно вводить одновременно с терапевтическим средством по настоящему изобретению, включают, в качестве неограничивающих примеров, пегаптаниб (*Macugen™*), ранибизумаб (*Lucentis™*), скваламина лактат (*Evizor™*), гепараназу и глюкокортикоиды (например, триамцинолон). Один из вариантов осуществления относится к способу лечения заболевания, ассоцииированного с ангиогенезом, посредством введения офтальмологического фармацевтического состава, содержащего по меньшей мере одно терапевтическое средство, представленное в настоящем описании, и по меньшей мере одно из следующих лекарственных средств: пагаптаниб (*Macugen™*), ранибизумаб (*Lucentis™*), скваламина лактат (*Evizor™*), гепараназу и глюкокортикоиды (например, триацинолон).

#### **Другие заболевания или нарушения**

В некоторых вариантах осуществления полипептиды ENG можно применять для лечения пациента, страдающего сердечно-сосудистым нарушением или состоянием, ассоциированным с BMP-9 или BMP-10, но не обязательно с сопутствующим ангиогенезом. Неограничивающие примеры нарушений этого типа включают заболевание сердца (включая заболевание миокарда, инфаркт миокарда, стенокардию и заболевание клапанов сердца); заболевание почек (включая хроническое воспаление клубочков, диабетическую почечную недостаточность и

ассоциированное с волчанкой воспаление почек); нарушения кровяного давления (включая системный и легочный типы); нарушения, ассоциированные с атеросклерозом или другими типами артериосклероза (включая инсульт, геморрагический инсульт, субарахноидальное кровотечение, стенокардию и почечный артериосклероз); тромботические нарушения (включая тромбоз сосудов головного мозга, легочный тромбоз, тромботический некроз кишечника); осложнения диабета (включая диабетическую ретинопатию, диабетическую нефропатию, диабетическую полинейропатию, диабетическую гангрену и связанные с диабетом хронические инфекции); воспалительные нарушения сосудов (системную красную волчанку, ревматизм суставов, воспаление артерий суставов, крупноклеточное воспаление артерий, болезнь Кавасаки, болезнь Такаясу, синдром Чарга-Стресса и болезнь Шенлейн-Геноха); и нарушения сердца, такие как врожденное заболевание сердца, кардиомиопатия (например, дилатационная, гипертрофическая, рестриктивная кардиомиопатия) и застойная сердечная недостаточность. Полипептид ENG можно вводить индивидууму в отдельности или в комбинации с одним или несколькими средствами или способами терапии, например, терапевтическими средствами, применимыми для лечения BMP-9/10-ассоциированных сердечно-сосудистых нарушений и/или состояний. В одном из вариантов осуществления второе средство или способ терапии выбран из одного или нескольких из: ангиопластики, бета-блокаторов, гипотензивных средств, кардиотонических средств, антитромботических средств, вазодилататоров, антагонистов гормонов, антагонистов эндотелина, блокаторов кальциевых каналов, ингибиторов фосфодиэстеразы, антагонистов ангиотензина типа 2 и/или блокаторов/ингибиторов цитокинов.

В других вариантах осуществления полипептиды ENG могут быть применимы в лечении воспалительных нарушений или состояний, вероятно, связанных с BMP9, но еще не указанных выше. Примеры нарушений включают заболевание печени (включая острый гепатит, хронический гепатит и цирроз); торакальный или абдоминальный отек; хроническое заболевание поджелудочной железы; аллергии (включая

аллергический ринит, астму, бронхит и атопический дерматит); болезнь Альцгеймера; синдром Рейно и диффузный склероз.

### **3. Составы и эффективные дозы**

Терапевтические средства, представленные в настоящем описании, можно составлять в фармацевтических композициях. Фармацевтические композиции для применения по настоящему изобретению можно составлять общепринятым образом с использованием одного или нескольких физиологически приемлемых носителей или эксципиентов. Такие составы, как правило, будут, по существу, апирогенными, в соответствии с большинством нормативных требований.

В определенных вариантах осуществления терапевтический способ по настоящему изобретению включает системное или местное введение композиции в виде имплантата или устройства. При введении терапевтическая композиция для применения по настоящему изобретению находится в апирогенной, физиологически приемлемой форме. Терапевтически применимые средства, иные, чем антагонисты передачи сигнала ENG, которые, необязательно, также можно включать в композицию, как описано выше, можно вводить одновременно или последовательно с рассматриваемыми соединениями (например, полипептидами ENG) в способах, представленных в настоящем описании.

Как правило, белковые терапевтические средства, представленные в настоящем описании, будут вводить парентерально и, в частности, внутривенно или подкожно. Фармацевтические композиции, подходящие для парентерального введения, могут содержать один или несколько полипептидов ENG в комбинации с одним или несколькими фармацевтически приемлемыми стерильными изотоническими водными или неводными растворами, дисперсиями, суспензиями или эмульсиями или стерильными порошками, которые можно восстанавливать в стерильные инъецируемые растворы или растворы непосредственно перед использованием, которые могут содержать антиоксиданты, буферы, бактериостатические средства, растворы, делающие состав изотоническим по отношению к крови предполагаемого реципиента, или супендирующие средства или

загустители. Примеры подходящих водных и неводных носителей, которые можно использовать в фармацевтических композициях по настоящему изобретению, включают воду, этанол, полиолы (такие как глицерин, пропиленгликоль, полиэтиленгликоль и т.п.) и их подходящие смеси, растительные масла, такие как оливковое масло, и инъецируемые органические сложные эфиры, такие как этилолеат. Можно поддерживать подходящую текучесть, например, используя материалы для покрытия, такие как лецитин, поддерживая необходимый размер частиц в случае дисперсий и используя поверхностно-активные вещества.

В одном из вариантов осуществления полипептиды ENG, представленные в настоящем описании, вводят в офтальмологическом фармацевтическом составе. В некоторых вариантах осуществления офтальмологический фармацевтический состав является стерильным водным раствором, предпочтительно, с подходящей концентрацией для инъекции, или мазью. Такие мази, как правило, содержат один или несколько полипептидов ENG, представленных в настоящем описании, растворенных или суспендированных в стерильной фармацевтически приемлемой мазевой основе, такой как основа минеральное масло-белый вазелин. В композициях мазей в состав также можно включать безводный ланолин. В такие композиции мазей также предпочтительно добавляют тиомерсал или хлорбутанол в качестве противомикробных средств. В одном из вариантов осуществления стерильный водный раствор является таким, как описано в патенте США № 6071958.

Настоящее изобретение относится к составам, которые можно варировать по включению кислот и оснований для корректировки pH и буферных средств для поддержания pH в узком диапазоне. В состав можно добавлять дополнительные лекарственные средства. Они включают, в качестве неограничивающих примеров, пагаптаниб, гепараназу, ранибизумаб или глюкокортикоиды. Офтальмологический фармацевтический состав по настоящему изобретению получают посредством асептических манипуляций, или осуществляют стерилизацию на подходящей стадии получения.

Композиции и составы, при желании, могут находиться в упаковке или дозирующем устройстве, которое может содержать одну

или несколько стандартных лекарственных форм, содержащих активный ингредиент. Например, упаковка может содержать металлическую фольгу или полимерную пленку, такая как блистерная упаковка. Упаковку или дозирующее устройство можно дополнить инструкциями по введению.

#### **4. Растворимые полипептиды ENG**

За исключением конкретных условий, природные белки ENG являются трансмембранными белками, при этом часть белка расположена вне клетки (внеклеточная часть), и часть белка расположена внутри клетки (внутриклеточная часть). Аспекты настоящего изобретения включают полипептиды, содержащие часть внеклеточного домена (ECD) ENG.

В определенных вариантах осуществления настоящее изобретение относится к полипептидам ENG. Полипептиды ENG могут включать полипептид, состоящий из или содержащий аминокислотную последовательность, по меньшей мере на 90% идентичную и, необязательно, по меньшей мере на 95%, 96%, 97%, 98%, 99% или 100% идентичную укороченному домену ECD природного полипептида ENG, С-конец которого приходится на любую из аминокислот 333-378 SEQ ID NO: 1, и где полипептид не включает последовательность, состоящую из аминокислот 379-430 SEQ ID NO: 1. Необязательно, полипептид ENG не включает более 5 последовательных аминокислот или более 10, 20, 30, 40, 50, 52, 60, 70, 80, 90, 100, 150 или 200 или более последовательных аминокислот из последовательности, состоящей из аминокислот 379-586 SEQ ID NO: 1, или последовательности, состоящей из аминокислот 379-581 SEQ ID NO: 1. Непроцессированный полипептид ENG может включать или исключать любую сигнальную последовательность, а также любую последовательность, N-концевую по отношению к сигнальной последовательности. Как подробно представлено в настоящем описании, N-конец зрелого (процессированного) полипептида ENG может приходиться на любую из аминокислот 26-42 SEQ ID NO: 1. Примеры зрелых полипептидов ENG включают аминокислоты 25-377 SEQ ID NO: 23, аминокислоты 25-358 SEQ ID NO: 25 и аминокислоты 25-345 SEQ ID NO: 29. Аналогично, полипептид ENG может содержать полипептид, кодируемый нуклеотидами

73-1131 SEQ ID NO: 24, нуклеотидами 73-1074 SEQ ID NO: 26 или нуклеотидами 73-1035 SEQ ID NO: 30, или их молчащими вариантами или нуклеиновыми кислотами, гибридизующимися с последовательностью, комплементарной им, в строгих условиях гибридизации (как правило, такие условия известны в этой области, но могут включать, например, гибридизацию в 50% об./об. формамиде, 5-кратном SSC, 2% масс./об. блокирующем средстве, 0,1% N-лаурилсаркозине и 0,3% SDS при 65°C в течение ночи и промывку, например, 5-кратным SSC при приблизительно 65°C). Таким образом, термин "полипептид ENG" включает выделенные внеклеточные части полипептидов ENG, их варианты (включая варианты, содержащие, например, не более 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20, 25, 30 или 35 замен аминокислот в последовательности, соответствующей аминокислотам 26-378 SEQ ID NO: 1), их фрагменты и слитые белки, содержащие что-либо из указанного выше, но в каждом случае, предпочтительно, любой из указанных выше полипептидов ENG будет сохранять значительную аффинность к BMP-9 и/или BMP-10. Как правило, полипептид ENG будут конструировать растворимыми в водных растворах при биологически значимых температурах, уровнях pH и осмолярности.

Данные, представленные в настоящем описании, свидетельствуют о том, что Fc-слитые белки, содержащие более короткие, укороченные с C-конца варианты полипептидов ENG, не проявляют значительного связывания с TGF- $\beta$ 1 и TGF- $\beta$ 3, но, вместо этого, проявляют более высокоаффинное связывание с BMP-9, со значимо меньшей скоростью диссоциации по сравнению с ENG(26-437)-Fc или Fc-слитым белком, содержащим полноразмерный ENG ECD. Конкретно, обнаруживали, что все укороченные с C-конца варианты, заканчивающиеся аминокислотами 378, 359 и 346 SEQ ID NO: 1, связываются с BMP-9 со значимо более высокой аффинностью (и связываются с BMP-10 с не меньшей аффинностью) по сравнению с ENG(26-437) или ENG(26-586). Однако, связывание с BMP-9 и BMP-10 полностью нарушалось более обширными укорочениями C-конца до аминокислот 332, 329 или 257. Таким образом, ожидают, что все полипептиды ENG, заканчивающиеся между

аминокислотой 333 и аминокислотой 378, будут активными, но конструкции, заканчивающиеся аминокислотами 346 и 359 или между ними, могут являться наиболее активными. Предсказывали, что формы, заканчивающиеся аминокислотами 360 и 378 или между ними, имеют тенденцию к промежуточной аффинности связывания лиганда, показанной ENG(26-378). Ожидают улучшений в других ключевых параметрах в случае конкретных конструкций, заканчивающихся аминокислотами 333 и 378 или между ними, с учетом улучшений экспрессии белка и времени полуыведения, наблюдавшихся в случае ENG(26-346)-Fc по сравнению со слитыми белками, содержащими полноразмерный ECD ENG (см. примеры). Желательным может являться использование любого из этих укороченных вариантов в зависимости от клинических или экспериментальных условий.

Ожидают, что на N-конце полипептид ENG, начинающийся с аминокислоты 26 (начального глутамата) SEQ ID NO: 1 или перед ней, будет сохранять активность связывания лиганда. Как представлено в настоящем описании, N-концевое укорочение до аминокислоты 61 SEQ ID NO: 1 устраняет связывание лиганда, как и более обширные укорочения N-конца. Однако, как дополнительно представлено в настоящем описании, консенсусное моделирование первичных последовательностей ENG свидетельствует о том, что упорядоченная вторичная структура в области, определяемой аминокислотами 26-60 SEQ ID NO: 1, ограничена бета-тяжем из четырех остатков, с высокой достоверностью предсказанным в положениях 42-45 SEQ ID NO: 1, и бета-тяжем из двух остатков, с очень низкой достоверностью предсказанным в положениях 28-29 SEQ ID NO: 1. Таким образом, активный полипептид ENG, предпочтительно, будет начинаться с (или до) аминокислоты 26 или с любой из аминокислот 27-42 SEQ ID NO: 1.

В совокупности, активная часть полипептида ENG может содержать аминокислотные последовательности 26-333, 26-334, 26-335, 26-336, 26-337, 26-338, 26-339, 26-340, 26-341, 26-342, 26-343, 26-344, 26-345 или 26-346 SEQ ID NO: 1, а также варианты этих последовательностей, начинающиеся с любой из аминокислот 27-42 SEQ ID NO: 1. Примеры полипептидов ENG содержат аминокислотные последовательности 26-346, 26-359 и 26-378 SEQ ID NO: 1. Также

включены варианты в этих диапазонах, в частности, варианты, имеющие по меньшей мере 80%, 85%, 90%, 95% или 99% идентичности по отношению к соответствующей части SEQ ID NO: 1. Полипептид ENG может не включать последовательность, состоящую из аминокислот 379-430 SEQ ID NO: 1.

Как описано выше, настоящее изобретение относится к полипептидам ENG, имеющим конкретную степень идентичности или схожести последовательности по отношению к природному полипептиду ENG. Для определения процента идентичности двух аминокислотных последовательностей, их выравнивают в целях оптимального сравнения (например, можно включать пропуски в одной или обеих первой и второй аминокислотной последовательности или последовательности нуклеиновой кислоты для оптимального выравнивания, и в целях сравнения можно не принимать во внимание негомологичные последовательности). Затем сравнивают аминокислотные остатки в соответствующих положениях аминокислот. Если положение в первой последовательности занято тем же аминокислотным остатком, что и соответствующее положение во второй последовательности, то молекулы являются идентичными в этом положении (как применяют в настоящем описании, "идентичность" аминокислоты эквивалентна "гомологии" аминокислоты). Процент идентичности между двумя последовательностями является функцией количества идентичных положений, общих для последовательностей, принимая во внимание количество пропусков и длину каждого пропуска, который необходимо включать для оптимального выравнивания двух последовательностей.

Сравнение последовательностей и определение процента идентичности и схожести двух последовательностей можно осуществлять с использованием математического алгоритма. (Computational Molecular Biology, Lesk, A. M., ed., Oxford University Press, New York, 1988; Biocomputing: Informatics and Genome Projects, Smith, D. W., ed., Academic Press, New York, 1993; Computer Analysis of Sequence Data, Part 1, Griffin, A. M., and Griffin, H. G., eds., Humana Press, New Jersey, 1994; Sequence Analysis in Molecular Biology, von Heijne, G., Academic Press, 1987; и Sequence Analysis Primer, Gribskov, M. and Devereux, J.,

eds., M Stockton Press, New York, 1991).

В одном из вариантов осуществления процент идентичности двух аминокислотных последовательностей определяют с использованием алгоритма Needleman и Wunsch (J Mol. Biol. (48):444-453 (1970)), включенного в программу GAP в пакете программ GCG (доступном на <http://www.gcg.com>). В конкретном варианте осуществления в программе GAP используют следующие параметры: матрицу Blosum 62 или матрицу PAM250, штраф за открытие пропуска 16, 14, 12, 10, 8, 6 или 4 и штраф за удлинение пропуска 1, 2, 3, 4, 5 или 6. В еще одном варианте осуществления процент идентичности двух нуклеотидных последовательностей определяют с использованием программы GAP в пакете программ GCG (Devereux, J., et al., Nucleic Acids Res. 12(1):387 (1984)) (доступном на <http://www.gcg.com>). Примеры параметров включают использование матрицы NWSgapdna.CMP, штрафа за открытие пропуска 40, 50, 60, 70 или 80 и штрафа за удлинение пропуска 1, 2, 3, 4, 5 или 6. Если не указано иначе, процент идентичности двух аминокислотных последовательностей следует определять с помощью программы GAP с использованием матрицы Blosum 62, штрафа за открытие пропуска 10 и штрафа за удлинение пропуска 3, и если с помощью такого алгоритма нельзя вычислить желаемый процент идентичности, необходимо выбирать подходящую альтернативу, представленную в настоящем описании.

В другом варианте осуществления процента идентичности двух аминокислотных последовательностей определяют с использованием алгоритма E. Myers и W. Miller (CABIOS, 4:11-17 (1989)), включенного в программу ALIGN (версии 2.0), с использованием таблицы веса остатков PAM120, штрафа за удлинение пропуска 12 и штрафа за открытие пропуска 4.

Другой вариант осуществления для определения лучшего общего выравнивания между двумя аминокислотными последовательностями можно определять с использованием компьютерной программы FASTDB на основе алгоритма Brutlag et al. (Comp. App. Biosci., 6:237-245 (1990)). При выравнивании последовательностей запрашиваемая и рассматриваемая последовательности являются аминокислотными последовательностями. Результат указанного глобального

выравнивания последовательностей представлен в терминах процента идентичности. В одном из вариантов осуществления идентичность аминокислотных последовательностей определяют с использованием компьютерной программы FASTDB на основе алгоритма Brutlag *et al.* (*Comp. App. Biosci.*, 6:237-245 (1990)). В конкретном варианте осуществления параметры, используемые для вычисления процента идентичность и схожести выравниваемых аминокислот, включают: матрица=PAM 150, размер участка максимального совпадения=2, штраф за несовпадение=1, штраф за соединение=20, длина группы рандомизации=0, граничный балл=1, штраф за открытие пропуска=5 и штраф за удлинение пропуска=0,05.

В определенных вариантах осуществления полипептид ENG связывается с BMP-9 и BMP-10, и полипептид ENG не демонстрирует значительного связывания с TGF- $\beta$ 1 или TGF- $\beta$ 3. Связывание можно оценивать с использованием очищенных белков в растворе или в системе поверхностного плазмонного резонанса, такой как система Biacore™. Можно выбирать полипептиды ENG, проявляющие антиангиогенную активность. Биологические анализы на активность ингибирования ангиогенеза включают анализ хориоаллантоиновой мембранны куриного яйца (CAM), анализ ангиореактора мыши и анализы для измерения эффекта введения выделенных или синтезированных белков в отношении имплантированных опухолей. Анализ CAM, анализ ангиореактора мыши и другие анализы описаны в примерах.

Полипептиды ENG дополнительно могут включать какую-либо из различных лидерных последовательностей на N-конце. Такая последовательность будет позволять пептидам экспрессироваться и воздействовать на путь секреции в эукариотической системе. См., например, Ernst *et al.*, патент США № 5082783 (1992). Альтернативно, нативную сигнальную последовательность ENG можно использовать для воздействия на экструзию из клетки. Возможные лидерные последовательности включают меллитин пчелы медоносной, TPA и нативные лидерные последовательности (SEQ ID NO: 13-15, соответственно). Примеры слитых белков ENG-FC, включающих лидерную последовательность TPA, включают SEQ ID NO: 23, 25, 27 и 29. Процессинг сигнальных пептидов может варьироваться, помимо других

переменных факторов, в зависимости от выбранной лидерной последовательности, используемого типа клеток и условий культивирования, и, таким образом, конкретные N-концевые участки инициации транскрипции в случае зрелых полипептидов ENG могут сдвигаться на 1, 2, 3, 4 или 5 аминокислот в направлении N-конца или C-конца. Примеры зрелых слитых белков ENG-Fc включают SEQ ID NO: 33-36, как представлено ниже с подчеркнутой частью полипептида ENG.

ENG (26-378) -hFc человека (укороченный Fc)

ETVHCD LQPGPERDE VTYTTSQVSK GCVAQAPNAI LEVHVLFLEF PTGPSQLELT  
LQASKQNGTW PREVLLVLSV NSSVFLHLQA LGIPLHLAYN SSLVTFQEPP GVNTTELPSC  
PKTQILEWAA ERGPITSAAE LNDPQSILLR LGQAQGSLSF CMLEASQDMG RTLEWRPRTP  
ALVRGCHLEG VAGHKEAHIL RVLPGHSAGP RTVTVKVELS CAPGDLDLAVL ILQGPPYVSW  
LIDANHNMQI WTTGEYSFKI FPEKNIRGFK LPDTPQGLLG EARMLNASIV ASFVELPLAS  
IVSLHASSCG GRLQTSPAPI QTTPPKDTCS PELLMSLIQT KCADDAMTLV LKKELVATGG  
GTHTCPPCPA PELLGGPSVF LFPPPKDTL MISRTPEVTC VVVDVSHEPD EVKFNWYVDG  
VEVHNAKTKP REEQYNSTYR VVSVLTVLHQ DWLNGKEYKC KVSNKALPAP IEKTISKAKG  
QPREPQVYTL PPSREEMTKN QVSLTCLVKKG FYPSDIAVEW ESNGQPENNY KTPPVLDSD  
GSFFFLYSKLT VDKSRWQQGN VFSCSVMHEA LHNHYTQKSL SLSPGK (SEQ ID NO: 33)

ENG (26-359) -hFc человека

ETVHCD LQPGPERDE VTYTTSQVSK GCVAQAPNAI LEVHVLFLEF PTGPSQLELT  
LQASKQNGTW PREVLLVLSV NSSVFLHLQA LGIPLHLAYN SSLVTFQEPP GVNTTELPSC  
PKTQILEWAA ERGPITSAAE LNDPQSILLR LGQAQGSLSF CMLEASQDMG RTLEWRPRTP  
ALVRGCHLEG VAGHKEAHIL RVLPGHSAGP RTVTVKVELS CAPGDLDLAVL ILQGPPYVSW  
LIDANHNMQI WTTGEYSFKI FPEKNIRGFK LPDTPQGLLG EARMLNASIV ASFVELPLAS  
IVSLHASSCG GRLQTSPAPI QTTPPKDTCS PELLMSLITG GGPKSCDKTH TCPPCPAPEL  
LGGPSVFLFP PKPKDTLMIS RTPEVTCVVV DVSHEDEVK FNWYVDGVEV HNAKTKPREE  
QYNSTYRVVS VLTVLHQDWL NGKEYKCKVS NKALPAPIEK TISKAKGQPR EPQVYTLPPS  
REEMTKNQVS LTCLVKGFYP SDIAVEWESN GQPENNYKTT PPVLDSDGSF FLYSKLTVDK  
SRWQQGNVFS CSVMHEALHN HYTQKSLSL PGK (SEQ ID NO: 34)

ENG (26-359) -hFc человека (укороченный Fc)

ETVHCD LQPGPERDE VTYTTSQVSK GCVAQAPNAI LEVHVLFLEF PTGPSQLELT  
LQASKQNGTW PREVLLVLSV NSSVFLHLQA LGIPLHLAYN SSLVTFQEPP GVNTTELPSC  
PKTQILEWAA ERGPITSAAE LNDPQSILLR LGQAQGSLSF CMLEASQDMG RTLEWRPRTP  
ALVRGCHLEG VAGHKEAHIL RVLPGHSAGP RTVTVKVELS CAPGDLDLAVL ILQGPPYVSW

LIDANHNMQI WTTGEYSFKI FPEKNIRGFK LPDTPQGLLG EARMLNASIV ASFVELPLAS  
IVSLHASSCG GRLQTSPAPI QTTPPKDTCS PELLMSLITG GGTHTCPPCP APPELLGGPSV  
FLFPPPKPKDT LMISRTPEVT CVVVDVSHED PEVKFNWYVD GVEVHNNAKTK PREEQYNSTY  
RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKALPA PIEKTISKAK GQPREPQVYT LPPSREEMTK  
NQVSLTCLVK GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTTPPVLDs DGSFFLYSKL TVDKSRWQQG  
NVFSCSVMHE ALHNHYTQKS LSLSPGK (SEQ ID NO: 35)

ENG (26-346) -hFc человека (укороченный Fc)

ETVHCD LQPVGPERDE VTYTTSQVSK GCVAQAPNAI LEVHVLFLEF PTGPSQLELT  
LQASKQNGTW PREVLLVLSV NSSVFLHLQA LGIPLHLAYN SSLVTFQEPP GVNTTELPsf  
PKTQILEWAA ERGPITSAAE LNDPQSILLR LGQAQGSLSF CMLEASQDMG RTLEWRPRTP  
ALVRGCHLEG VAGHKKEAHIL RVLPGHSAGP RTVTVKVELS CAPGDLDABL ILQGPPYVSW  
LIDANHNMQI WTTGEYSFKI FPEKNIRGFK LPDTPQGLLG EARMLNASIV ASFVELPLAS  
IVSLHASSCG GRLQTSPAPI QTTPPTGGGT HTCPCPAPE LLGGPSVFLF PPCKPKDTLMi  
SRTPEVTCVV VDVSHEDPEV KFNWYVDGVE VHNAKTKPRE EQYNSTYRVV SVLTVLHQDW  
LNGKEYKCKV SNKALPAPIE KTISKAKGQP REPOVYTLPP SREEMTKNQV SLTCLVKGFY  
PSDIAVEWES NGQPENNYKT TPPVLDSDGS FFLYSKLTVd KSRWQQGNVF SCSVMEALH  
NHYTQKSLSL SPGK (SEQ ID NO: 36)

В определенных вариантах осуществления в настоящем изобретении предусмотрены конкретные мутации полипептидной ENG таким образом, что изменяют гликозилирование полипептида. Можно выбирать такие мутации таким образом, чтобы встраивать или удалять один или несколько участков гликозилирования, таких как О-связанные или N-связанные участки гликозилирования. Как правило, аспарагин-связанные участки распознавания гликозилирования содержат трипептидную последовательность, аспарагин-X-треонин (или аспарагин-X-серин) (где "X" является любой аминокислотой), специфически распознаваемую соответствующими клеточными ферментами гликозилирования. Изменение также можно осуществлять посредством добавления или замены одного или нескольких остатков серина или треонина в последовательность полипептида ENG дикого типа (в случае О-связанных участков гликозилирования). Множество замен или делеций аминокислот в одном или обоих первом или третьем положениях аминокислот участка распознавания гликозилирования (и/или deleция аминокислоты во втором положении) приводит к отсутствию гликозилирования в модифицированной трипептидной

последовательности. Другими способами повышения количества молекул углеводов на полипептиде ENG является химическое или ферментативное присоединение гликозидов к полипептиду ENG. В зависимости от используемого способа присоединения, сахара можно присоединять к (а) аргинину и гистидину; (б) свободным карбоксильным группам; (с) свободным сульфогидрильным группам, таким как группы цистеина; (д) свободным гидроксильным группам, таким как группы серина, треонина или гидроксипролина; (е) ароматическим остаткам, таким как фенилаланин, тирозин или триптофан; или (ф) амидной группе глутамина. Эти способы описаны в WO 87/05330, опубликованном 11 сентября 1987 года, и Aplin and Wriston (1981) CRC Crit. Rev. Biochem., pp. 259-306, включенных в настоящее описание посредством ссылок. Удаление одной или нескольких молекул углеводов, присутствующих на полипептиде ENG, можно осуществлять химически и/или ферментативно. Химическое дегликозилирование может включать, например, подвергание полипептида ENG воздействию соединения трифторметансульфоновой кислоты или эквивалентного соединения. Эта обработка приводит к расщеплению большинства или всех сахаров, за исключением соединяющего сахара (*N*-ацетилглюкозамина или *N*-ацетилгалактозамина), одновременно оставляя аминокислотную последовательность интактной. Химическое дегликозилирование дополнительно описано Hakimuddin et al. (1987) Arch. Biochem. Biophys. 259:52 и Edge et al. (1981) Anal. Biochem. 118:131. Ферментативное расщепление молекул углеводов на полипептидах ENG можно осуществлять с использованием различных эндо- и экзо-гликозидаз, как описано Thotakura et al. (1987) Meth. Enzymol. 138:350. Последовательность полипептида ENG при необходимости можно корректировать в зависимости от типа используемой системы экспрессии, т.к. все из клеток млекопитающих, дрожжей, насекомых и растений могут встраивать различные профили гликозилирования, на которые может влиять аминокислотная последовательность пептида. В основном, полипептиды ENG для применения у людей будут экспрессироваться в линии клеток млекопитающих, обеспечивающей правильное гликозилирование, такой как линии клеток HEK293 или

СНО, хотя ожидают, что другие экспрессирующие линии клеток млекопитающих, линии дрожжевых клеток со сконструированными ферментами гликозилирования и клетки насекомых также будут применимыми.

В настоящем изобретении дополнительно предусмотрен способ получения мутантов, в частности, наборов комбинаторных мутантов полипептида ENG, а также укороченные мутанты; совокупности комбинаторных мутантов особенно применимы для идентификации функционального варианта последовательности. Целью скрининга таких комбинаторных библиотек может являться получение, например, вариантов полипептида ENG, которые могут действовать как агонисты или антагонисты, или альтернативно, которые вместе обладают новыми активностями. Ниже представлены различные анализы для скрининга, и такие анализы можно использовать для оценки вариантов. Например, вариант полипептида ENG можно подвергать скринингу на способность связываться с лигандом ENG для предотвращения связывания лиганда ENG с полипептидом ENG или для противодействия передачи сигнала, вызываемой лигандом ENG. Активность полипептида ENG или его вариантов также можно тестировать в клеточном анализе или анализе *in vivo*, в частности, любом из анализов, описываемых в примерах.

Можно получать варианты, полученные комбинаторно, имеющие селективную или, как правило, повышенную активность относительно полипептида ENG, содержащего внеклеточный домен природного полипептида ENG. Аналогично, с помощью мутагенеза можно получать варианты, имеющие время полужизни в сыворотке, значительно отличающееся от соответствующего полипептида ENG дикого типа. Например, измененный белок можно делать более стабильным или менее стабильным к протеолитической деградации или другим процессам, приводящим к деструкции или иной элиминации или инактивации нативного полипептида ENG. Такие варианты и кодирующие их гены можно использовать для изменения уровней полипептидов ENG посредством модуляции времени полужизни полипептидов ENG. Например, короткое время полужизни может приводить к более времененным биологическим эффектам и делать возможным более жесткий контроль уровней рекомбинантного полипептида ENG у пациента. В

слитый белок Fc можно встраивать мутации в линкере (при его наличии) и/или Fc-части для изменения времени полужизни белка.

Можно получать комбинаторную библиотеку с помощью вырожденной библиотеки генов, кодирующих библиотеку полипептидов, каждый из которых включает, по меньшей мере, часть потенциальных последовательностей полипептида ENG. Например, смесь синтетических олигонуклеотидов можно ферментативно лигировать в последовательности генов таким образом, что вырожденный набор потенциальных нуклеотидных последовательностей полипептида ENG экспрессируется в виде отдельных полипептидов, или альтернативно, в виде набора более крупных сливных белков (например, в случае фагового дисплея).

Существует множество способов, с помощью которых можно получать библиотеку потенциальных вариантов полипептидов ENG из вырожденной олигонуклеотидной последовательности. Химический синтез вырожденной последовательности гена можно осуществлять с помощью автоматизированного ДНК-синтезатора, а затем синтетические гены можно лигировать в подходящий вектор для экспрессии. Синтез вырожденных олигонуклеотидов хорошо известен в этой области (см. например, Narang, SA (1983) Tetrahedron 39:3; Itakura et al., (1981) Recombinant DNA, Proc. 3rd Cleveland Sympos. Macromolecules, ed. AG Walton, Amsterdam: Elsevier pp273-289; Itakura et al., (1984) Annu. Rev. Biochem. 53:323; Itakura et al., (1984) Science 198:1056; Ike et al., (1983) Nucleic Acid Res. 11:477). Такие способы используют для прямой оценки других белков (см., например, Scott et al., (1990) Science 249:386-390; Roberts et al., (1992) PNAS USA 89:2429-2433; Devlin et al., (1990) Science 249: 404-406; Cwirla et al., (1990) PNAS USA 87: 6378-6382; а также патенты США №№: 5223409, 5198346 и 5096815).

Альтернативно, можно использовать другие формы мутагенеза для получения комбинаторной библиотеки. Например, варианты полипептида ENG можно получать и выделять из библиотеки посредством скрининга с использованием, например, аланин-сканирующего мутагенеза и т.п. (Ruf et al., (1994) Biochemistry 33:1565-1572; Wang et al., (1994) J. Biol. Chem. 269:3095-3099; Balint et al., (1993) Gene 137:109-

118; Grodberg et al., (1993) Eur. J. Biochem. 218:597-601; Nagashima et al., (1993) J. Biol. Chem. 268:2888-2892; Lowman et al., (1991) Biochemistry 30:10832-10838; и Cunningham et al., (1989) Science 244:1081-1085), линкер-сканирующего мутагенеза (Gustin et al., (1993) Virology 193:653-660; Brown et al., (1992) Mol. Cell Biol. 12:2644-2652; McKnight et al., (1982) Science 232:316); насыщающего мутагенеза (Meyers et al., (1986) Science 232:613); ПЦР-мутагенеза (Leung et al., (1989) Method Cell Mol Biol 1:11-19) или случайного мутагенеза, включая химический мутагенез, и т.д. (Miller et al., (1992) A Short Course in Bacterial Genetics, CSHL Press, Cold Spring Harbor, NY; и Greener et al., (1994) Strategies in Mol Biol 7:32-34). Линкер-сканирующий мутагенез, в частности, в комбинаторных условиях, является привлекательным способом идентификации укороченных (биоактивных) форм полипептидов ENG.

В этой области известен широкий диапазон способов скрининга продуктов генов комбинаторных библиотек, полученных с помощью точечных мутаций и укорочений, и, в связи с этим, скрининга библиотек кДНК на продукты генов, имеющие конкретное свойство. Такие способы, как правило, можно будет адаптировать для быстрого скрининга библиотек генов, полученных посредством комбинаторного мутагенеза полипептидов ENG. Наиболее широко используемые способы скрининга больших библиотек генов, как правило, включают клонирование библиотеки генов в реплицируемые экспрессирующие векторы, трансформации соответствующих клеток с получением библиотеки векторов и экспрессию комбинаторных генов в условиях, в которых определение желаемой активности способствует относительно легкому выделению вектора, кодирующего ген, продукт которого определяли. Предпочтительные анализы включают анализы связывания лиганда ENG и анализы лиганд-опосредованной передачи сигнала в клетке.

В определенных вариантах осуществления полипептиды ENG по настоящему изобретению дополнительно могут содержать посттрансляционные модификации в дополнение к любым, от природы присутствующим в полипептидах ENG. Такие модификации включают, в

качестве неограничивающих примеров, ацетилирование, карбоксилирование, гликозилирование, фосфорилирование, липидизацию, пегилирование (полиэтиленгликолем) и ацилирование. В результате модифицированные полипептиды ENG могут содержать неаминокислотные элементы, такие как полиэтиленгликоли, липиды, поли- или моносахарид и фосфаты. Эффекты таких неаминокислотных элементов в отношении функциональности полипептида ENG можно тестировать, как представлено в настоящем описании, для других вариантов полипептида ENG. Когда полипептид ENG продуцируется в клетках посредством расщепления образующейся формы полипептида ENG, посттрансляционный процессинг также может быть важен для правильного фолдинга и/или функционирования белка. Различные клетки (такие как CHO, HeLa, MDCK, 293, WI38, NIH-3T3 или HEK293) имеют конкретный клеточный аппарат и характерные механизмы для таких посттрансляционных активностей, и их можно выбирать для обеспечения правильной модификации и процессинга полипептидов ENG.

В определенных аспектах функциональные варианты или модифицированные формы полипептидов ENG включают слитые белки, имеющие, по меньшей мере, часть полипептидов ENG и один или несколько слитых доменов. Хорошо известные примеры таких слитых доменов включают, в качестве неограничивающих примеров, полигистидин, Glu-Glu, глутатион-S-трансферазу (GST), тиоредоксин, протеин A, протеин G, константную область тяжелой цепи иммуноглобулина (Fc), мальтозо-связывающий белок (MBP) или сывороточный альбумин человека. Слитый домен можно выбирать таким образом, чтобы он придавал желательную активность. Например, некоторые слитые домены особенно пригодны для выделения слитых белков посредством аффинной хроматографии. В целях аффинной очистки используют соответствующие матрицы для аффинной хроматографии, такие как глутатион-, амилаза- и никель- или кобальт-конъюгированные смолы. Многие из таких матриц доступны в форме "набора", такие как система очистки Pharmacia GST и система QIAexpress™ (Qiagen), применимые с партнерами по слиянию с (HIS<sub>6</sub>). В качестве другого примера, слитый домен можно выбирать таким образом, чтобы он облегчал определение полипептидов ENG. Примеры

таких доменов для определения включают различные флуоресцентные белки (например, GFP), а также "эпитопные метки", как правило, являющиеся короткими пептидными последовательностями, для которых доступно специфическое антитело. Хорошо известные эпитопные метки, для которых легкодоступны специфические моноклональные антитела, включают метки FLAG, гемагглютинина вируса гриппа (HA) и с-мус. В некоторых случаях слитые домены имеют участок расщепления протеазой, такой как в случае фактора Ха или тромбина, позволяющей соответствующей протеазе частично расщеплять слитые белки и, таким образом, высвобождать из них рекомбинантные белки. Затем высвобожденные белки можно отделять от слитого домена с помощью последующего хроматографического расщепления. В конкретных предпочтительных вариантах осуществления полипептид ENG подвергают слиянию с доменом, стабилизирующим полипептид ENG *in vivo* (домен - "стабилизатор"). Термин "стабилизирующий" означает что-либо, повышающее время полужизни в сыворотке, независимо от того, является ли это результатом снижения деструкции, снижения выведения почками или другого фармакокинетического эффекта. Известно, что слияние с Fc-частью иммуноглобулина придает желаемые фармакокинетические свойства широкому диапазону белков. Аналогично, слияние с сывороточным альбумином человека может придавать желаемые свойства. Другие типы слитых доменов, которые можно выбирать, включают домены мультимеризации (например, димеризации, тетramerизации) и функциональные домены.

В качестве конкретных примеров, настоящее изобретение относится к слитым белкам, содержащим варианты полипептидов ENG, слитые с одной из двух последовательностей домена Fc (например, SEQ ID NO: 11, 12). Необязательно, домен Fc имеет одну или несколько мутаций в таких остатках, как Asp-265, Lys-322 и Asn-434 (пронумерованных согласно соответствующему полноразмерному IgG). В конкретных случаях мутантный домен Fc, имеющий одну или несколько из этих мутаций (например, мутацию Asp-265), имеет сниженную способность к связыванию с рецептором Fc $\gamma$  относительно домена Fc дикого типа. В других случаях мутантный домен Fc, имеющий одну или несколько из этих мутаций (например, мутацию Asn-434), имеет

повышенную способность к связыванию с Fc-рецептором, связанным с МНС класса I, (FcRN) относительно домена Fc дикого типа.

Следует понимать, что различные элементы слитых белков можно располагать любым образом, соответствующим желаемой функциональности. Например, полипептид ENG можно помещать на С-конец гетерологичного домена, или, альтернативно, гетерологичный домен можно помещать на С-конец полипептида ENG. Домен полипептида ENG и гетерологичный домен могут не являться смежными в слитом белке, и на С- или N-конец домена или между доменами можно включать дополнительные домены или аминокислотные последовательности.

Как применяют в настоящем описании, термин "домен Fc иммуноглобулина" или просто "Fc" следует понимать как означающий карбокси-концевую часть константной области цепи иммуноглобулина, предпочтительно - константной области тяжелой цепи иммуноглобулина или ее части. Например, Fc-область иммуноглобулин может содержать 1) домен CH1, домен CH2 и домен CH3, 2) домен CH1 и домен CH2, 3) домен CH1 и домен CH3, 4) домен CH2 и домен CH3 или 5) комбинацию двух или более доменов и шарнирной области иммуноглобулина. В предпочтительном варианте осуществления Fc-область иммуноглобулина содержит, по меньшей мере, шарнирную область иммуноглобулина, домен CH2 и домен CH3, и, предпочтительно, в ней отсутствует домен CH1.

В одном из вариантов осуществления классом иммуноглобулина, из которого получают константную область тяжелой цепи, является IgG (Ig $\gamma$ ) (подклассы  $\gamma$  1, 2, 3 или 4). Можно использовать другие классы иммуноглобулина, IgA (Ig $\alpha$ ), IgD (Ig $\delta$ ), IgE (Ig $\varepsilon$ ) и IgM (Ig $\mu$ ). Выбор подходящей константной области тяжелой цепи иммуноглобулина подробно описан в патентах США №№ 5541087 и 5726044. Считают, что выбор конкретных последовательностей константной области тяжелой цепи иммуноглобулина из конкретных классов и подклассов иммуноглобулинов для достижения конкретного результата находится в пределах знаний в этой области. Часть конструкции ДНК, кодирующей область Fc иммуноглобулина, предпочтительно, содержит, по меньшей мере, часть шарнирного

домена, и предпочтительно - по меньшей мере, часть домена СН<sub>3</sub> Fc гамма или гомологичных доменов в любом из IgA, IgD, IgE или IgM.

Кроме того, предполагают, что замена или делеция аминокислот в константных областях тяжелой цепи иммуноглобулина может быть применима в практическом осуществлении способов и композиций, представленных в настоящем описании. Одним из примеров будет встраивание замен аминокислот в верхнюю область СН2 для получения варианта Fc со сниженной аффинностью к Fc-рецепторам (Cole et al. (1997) J. Immunol. 159:3613).

В определенных вариантах осуществления настоящее изобретение относится к выделенным и/или очищенным формам полипептидов ENG, выделенным или иным образом, по существу, не содержащим (например, по меньшей мере на 80%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98% или 99% не содержащим) другие белки и/или другие виды полипептидов ENG. Как правило, полипептиды ENG будут получать посредством экспрессии из рекомбинантных нуклеиновых кислот.

В определенных вариантах осуществления изобретение включает нуклеиновые кислоты, кодирующие растворимые полипептиды ENG, содержащие кодирующую последовательность для внеклеточной части белка ENG. В дополнительных вариантах осуществления настоящего изобретение также относится к клетке-хозяину, содержащей такие нуклеиновые кислоты. Клетка-хозяин может являться любой прокариотической или эукариотической клеткой. Например, полипептид по настоящему изобретению можно экспрессировать в бактериальных клетках, таких как *E. coli*, клетках насекомых (например, с использованием бакуловирусной системы экспрессии), дрожжах или клетках млекопитающих. Другие подходящие клетки-хозяева известны специалистам в этой области. Таким образом, некоторые варианты осуществления настоящего изобретения дополнительно относятся к способам получения полипептидов ENG. Установлено, что слитые белки ENG-Fc, приведенные в SEQ ID NO: 25 и 29 и экспрессируемые в клетках СНО, имеют мощную антиangiогенную активность.

##### **5. Нуклеиновые кислоты, кодирующие полипептиды ENG**

В определенных аспектах настоящее изобретение относится к выделенным и/или рекомбинантным нуклеиновым кислотам, кодирующими

любые из полипептидов ENG, включая фрагменты, функциональные варианты и слитые белки, представленные в настоящем описании. Например, SEQ ID NO: 2 и 4 кодируют длинную и короткую изоформы, соответственно, нативного полипептида-предшественника ENG человека, в то время как SEQ ID NO: 30 кодирует один вариант внеклеточного домена ENG, слитого с доменом Fc IgG1. Рассматриваемые нуклеиновые кислоты могут являться одноцепочечными или двухцепочечными. Такие нуклеиновые кислоты могут являться молекулами ДНК или РНК. Эти нуклеиновые кислоты можно использовать, например, в способах получения полипептидов ENG или непосредственно в качестве терапевтических средств (например, в подходах антисмысловой, РНКи- или генотерапии).

Следует понимать, что в определенных аспектах рассматриваемые нуклеиновые кислоты, кодирующие полипептиды ENG, дополнительно включают нуклеиновые кислоты, являющиеся вариантами SEQ ID NO: 24, 26, 28 или 30. Варианты нуклеотидных последовательностей включают последовательности, отличающиеся одной или несколькими заменами, вставками или делециями нуклеотидов, такие как аллельные варианты.

В определенных вариантах осуществления настоящего изобретение относится к выделенным или рекомбинантным последовательностям нуклеиновой кислоты, по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% или 100% идентичным SEQ ID NO: 24, 26, 28 или 30. Специалисту в этой области будет понятно, что последовательности нуклеиновой кислоты, комплементарные SEQ ID NO: 24, 26, 28 или 30, и варианты SEQ ID NO: 24, 26, 28 или 30 также входят в объем настоящего изобретения. В дополнительных вариантах осуществления последовательности нуклеиновой кислоты по настоящему изобретению могут являться выделенными, рекомбинантными и/или слитыми с гетерологичной нуклеотидной последовательностью или находиться в библиотеке ДНК.

В других вариантах осуществления нуклеиновые кислоты по настоящему изобретению также включают нуклеотидные последовательности, в очень строгих условиях гибридизующиеся с нуклеотидными последовательностями, приведенными в SEQ ID NO: 24, 26, 28 или 30, последовательностями, комплементарными SEQ ID NO:

24, 26, 28 или 30, или их фрагментами. Как указано выше, специалисту в этой области будет понятно, что можно варьировать соответствующую строгость условий, способствующих гибридизации ДНК. Например, можно осуществлять гибридизацию в 6,0-кратном хлориде натрия/цитрате натрия (SSC) при приблизительно 45°C с последующей промывкой 2,0-кратным SSC при 50°C. Например, концентрацию соли на этапе промывки можно выбирать из условий от низкой строгости при приблизительно 2,0-кратном SSC при 50°C до высокой строгости при приблизительно 0,2-кратном SSC при 50°C. Кроме того, температуру на этапе промывки можно повышать с условий с низкой строгостью при комнатной температуре приблизительно 22°C до условий с высокой строгостью при приблизительно 65°C. Можно варьировать температуру и концентрацию соли или можно поддерживать постоянную температуру или концентрацию соли, одновременно меняя другую переменную. В одном из вариантов осуществления настоящего изобретение относится к нуклеиновым кислотам, гибридизующимся в условиях с низкой строгостью при 6-кратном SSC при комнатной температуре с последующей промывкой в 2-кратном SSC при комнатной температуре.

Выделенные нуклеиновые кислоты, отличающиеся от нуклеиновых кислот, приведенных SEQ ID NO: 24, 26, 28 или 30, по причине вырожденности генетического кода, также входят в объем настоящего изобретения. Например, ряд аминокислот обозначен несколькими триплетами. Кодоны, обозначающие одну и ту же аминокислоту, или синонимичные кодоны (например, CAU и CAC являются синонимичными кодонами для гистидина) могут приводить к "молчащим" мутациям, не влияющим на аминокислотную последовательность белка. Однако, ожидают, что в клетках млекопитающих будут существовать полиморфизмы последовательности ДНК, приводящие к изменениям в аминокислотных последовательностях рассматриваемых белков. Специалисту в этой области будет понятно, что эти изменения одного или нескольких нуклеотидов (до приблизительно 3-5% нуклеотидов) нуклеиновых кислот, кодирующих конкретный белок, могут существовать у индивидуумов указанных видов как результат

природных аллельных вариантов. Любое и все такие изменения нуклеотидов и образующиеся полиморфизмы аминокислот входят в объем настоящего изобретения.

В определенных вариантах осуществления рекомбинантные нуклеиновые кислоты по настоящему изобретению могут быть функционально связаны с одной или несколькими регуляторными нуклеотидными последовательностями в экспрессионной конструкции. Регуляторные нуклеотидные последовательности, как правило, будут соответствовать клетке-хозяину, используемой для экспрессии. В этой области известно множество типов соответствующих экспрессионных векторов и подходящих регуляторных последовательностей для различных клеток-хозяев. Как правило, указанные одна или несколько регуляторных нуклеотидных последовательностей могут включать, в качестве неограничивающих примеров, промоторные последовательности, лидерные или сигнальные последовательности, участки связывания рибосомы, последовательности инициации и терминации транскрипции, последовательности инициации и терминации трансляции и последовательности энхансеров или активаторов. Конститутивные или индуцибельные промоторы, известные в этой области, включены в настоящее изобретение. Промоторы могут являться природными промоторами или гибридными промоторами, в которых комбинируют элементы нескольких промоторов. Экспрессионная конструкция может присутствовать в клетке на эпизоме, такая как плазмида, или экспрессионную конструкцию можно встраивать в хромосому. В предпочтительном варианте осуществления экспрессионный вектор содержит ген селективного маркера, делающий возможной селекцию трансформированных клеток-хозяев. Гены селективных маркеров хорошо известны в этой области и будут варьироваться в зависимости от используемой клетки-хозяина.

В определенных аспектах настоящего изобретения рассматриваемую нуклеиновую кислоту представляют в экспрессионном векторе, содержащем нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид ENG, и функционально связанную по меньшей мере с одной регуляторной

последовательностью. Регуляторные последовательности известны в этой области, и их выбирают для воздействия на экспрессию полипептида ENG. Таким образом, термин "регуляторная последовательность" включает промоторы, энхансеры и другие элементы контроля экспрессии. Примеры регуляторных последовательностей описаны в Goeddel; *Gene Expression Technology: Methods in Enzymology*, Academic Press, San Diego, CA (1990). Например, в этих векторах для экспрессии последовательностей ДНК, кодирующих полипептид ENG, можно использовать любую из широкого спектра последовательностей контроля экспрессии, контролирующих экспрессию последовательности ДНК при функциональной связи с ней. Такие применимые последовательности контроля экспрессии, включают, например, ранние и поздние промоторы SV40, промотор tet, предранний промотор аденоовириуса или цитомегаловириуса, промоторы RSV, систему lac, систему trp, систему TAC или TRC, промотор T7, экспрессия которого регулируется РНК-полимеразой T7, основные области оператора и промотора фага лямбда, контрольные области белка оболочки fd, промотор 3-фосфоглицераткиназы или других гликолитических ферментов, промоторы кислой фосфатазы, например, Pho5, промоторы факторов  $\alpha$ -скрещивания дрожжей, полигедроновый промотор бакуловириусной системы и другие последовательности, о которых известно, что они контролируют экспрессию генов прокариотических или эукариотических клеток или их вирусов, и различные их комбинации. Следует понимать, что дизайн экспрессирующего вектора может зависеть от таких факторов как выбор клетки-хозяина, подлежащей трансформации, и/или типа белка, экспрессия которого является желательной. Кроме того, также необходимо принимать во внимание копийность вектора, способность контролировать эту копийность и экспрессию любого другого белка, кодируемого вектором.

Рекомбинантную нуклеиновую кислоту, включенную в настоящее изобретение, можно получать посредством лигирования клонированного гена или его части, в вектор, подходящий для экспрессии в прокариотических клетках, эукариотических клетках (дрожжей, птиц, насекомых или млекопитающих) или и тех, и других. Средства

экспрессии для получения рекомбинантного полипептида ENG включают плазмиды и другие векторы. Например, подходящие векторы включают плазмиды следующих типов: плазмиды, полученные из pBR322, плазмиды, полученные из pEMBL, плазмиды, полученные из pEX, плазмиды, полученные из pVTac, и плазмиды, полученные из pUC, для экспрессии в прокариотических клетках, таких как *E. coli*.

Некоторые векторы для экспрессии в клетках млекопитающих содержат прокариотические последовательности для облегчения размножения вектора в бактериях и одну или несколько эукариотических единиц транскрипции, экспрессирующихся в эукариотических клетках. Векторы, полученные из pcDNAI/amp, pcDNAI/neo, pRc/CMV, pSV2 gpt, pSV2neo, pSV2-dhfr, pTk2, pRSVneo, пMSG, pSVT7, pko-neo и pHug, являются примерами векторов для экспрессии в клетках млекопитающих, подходящих для трансфекции эукариотических клеток. Некоторые из этих векторов модифицируют с использованием последовательностей из бактериальных плазмид, таких как pBR322, для облегчения репликации и селекции по резистентности к лекарственному средству в прокариотических и эукариотических клетках. Альтернативно, для транзиторной экспрессии белков в эукариотических клетках можно использовать производные вирусов, таких как вирус папилломы крупного рогатого скота (BPV-1) или вирус Эпштейна-Барр (pHEBo, производное pREP и p205). Примеры других вирусных (включая ретровирусных) систем экспрессии можно найти ниже в описании систем доставки для генотерапии. В этой области хорошо известны различные способы, используемые в получении плазмид и трансформации организмов-хозяев. Другие подходящие системы экспрессии для прокариотических и эукариотических клеток, а также общие рекомбинантные способы см. в *Molecular Cloning A Laboratory Manual*, 3rd Ed., ed. by Sambrook, Fritsch and Maniatis (Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2001). В некоторых случаях, желательной может являться экспрессия рекомбинантных полипептидов с использованием бакуловирусной системы экспрессии. Примеры таких бакуловирусных систем экспрессии включают векторы, полученные из pVL ( такие как pVL1392, pVL1393 и pVL941), векторы, полученные из pAcUW ( такие как pAcUW1), и

векторы, полученные из pBlueBac (такие как  $\beta$ -gal-содержащие pBlueBac III).

В предпочтительном варианте осуществления для получения рассматриваемых полипептидов ENG в клетках CHO будут конструировать вектор, такой как вектор Pcmv-Script (Stratagene, La Jolla, Calif.), векторы pcDNA4 (Invitrogen, Carlsbad, Calif.) и векторы pCI-neo (Promega, Madison, Wisc.). Как будет очевидно, рассматриваемые генные конструкции можно использовать, чтобы вызывать экспрессию рассматриваемых полипептидов ENG в клетках, выращиваемых в культуре, например, для получения белков, включающих слитые белки или варианты белков, для очистки.

Настоящее изобретение также относится к клетке-хозяину, трансфицированной с использованием рекомбинантного гена, включающего кодирующую последовательность (например, SEQ ID NO: 24, 26, 28 или 30) для одного или нескольких рассматриваемых полипептидов ENG. Клетка-хозяин может являться любой прокариотической или эукариотической клеткой. Например, полипептид ENG, представленный в настоящем описании, можно экспрессировать в бактериальных клетках, таких как *E. coli*, клетках насекомых (например, с использованием бакуловирусной системы экспрессии), дрожжах или клетках млекопитающих. Специалистам в этой области известны другие подходящие клетки-хозяева.

Таким образом, настоящее изобретение дополнительно относится к способам получения рассматриваемых полипептидов ENG. Например, клетку-хозяина, трансфицированную с использованием экспрессирующего вектора, кодирующего полипептид ENG, можно культивировать в подходящих условиях, чтобы сделать возможной экспрессию полипептида ENG. Полипептид ENG может секретироваться, и его можно выделять из смеси клеток и среды, содержащей полипептид ENG. Альтернативно, полипептид ENG может оставаться в цитоплазме или мембранный фракции, и клетки собирают, лизируют и выделяют белок. Культура клеток включает клетки-хозяева, среды и другие побочные продукты. Подходящие среды для культивирования клеток хорошо известны в этой области. Рассматриваемые полипептиды ENG можно выделять из среды для культивирования клеток, клеток-

хозяев или и того, и другого известными в этой области способами очистки белков, включая ионообменную хроматографию, эксклюзионную хроматографию, ультрафильтрацию, электрофорез, иммуноаффинную очистку с использованием антител, специфичных для конкретных эпитопов полипептидов ENG, и аффинную очистку с использованием средства, связывающегося с доменом, слитым с полипептидом ENG (например, для очистки слитого белка ENG-Fc можно использовать колонку с протеином A). В предпочтительном варианте осуществления полипептид ENG является слитым белком, содержащим домен, облегчающий его очистку. Например, очистку можно осуществлять посредством серии этапов хроматографии на колонках, включая, например, три или более из следующего, в любом порядке: хроматографию с протеином A, хроматографию с Q-сефарозой, хроматографию с фенилсефарозой, эксклюзионную хроматографию и катионаобменную хроматографию. Очистку можно завершать вирусной фильтрацией и заменой буфера.

В другом варианте осуществления слитый ген, кодирующий лидерную последовательность для очистки, такую как поли-(His) / последовательность участка расщепления энтерокиназой на N-конце желаемой части рекомбинантного полипептида ENG, может делать возможной очистку экспрессируемого слитого белка посредством аффинной хроматографии с использованием  $\text{Ni}^{2+}$ -смолы. Затем лидерную последовательность для очистки можно удалять посредством обработки энтерокиназой для получения очищенного полипептида ENG (например, см. Hochuli et al., (1987) *J. Chromatography* 411:177; и Janknecht et al., *PNAS USA* 88:8972).

Способы получения слитых генов хорошо известны. По существу, соединение различных фрагментов ДНК, кодирующих различные последовательности полипептида, осуществляют общепринятыми способами с использованием тупых концов или ступенчатых разрывов для лигирования, расщепления рестрикционными ферментами для получения соответствующих концов, заполнения липких концов при необходимости, обработки щелочной фосфатазой во избежание нежелательного соединения и ферментативного лигирования. В другом варианте осуществления слитый ген можно синтезировать

общепринятыми способами, включая использование автоматизированных ДНК-синтезаторов. Альтернативно, можно осуществлять ПЦР-амплификацию фрагментов гена с использованием якорных праймеров, при этом между двумя последовательными фрагментами генов образуются комплементарные липкие концы, которые затем можно отжигать для получения последовательности химерного гена (см., например, *Current Protocols in Molecular biology*, eds. Ausubel et al., John Wiley & Sons: 1992).

Примеры категорий соединений нуклеиновых кислот, являющихся антагонистами ENG, BMP-9 или BMP-10, включают антисмыловые нуклеиновые кислоты, конструкции РНКи и каталитические конструкции нуклеиновых кислот. Соединение нуклеиновой кислоты может являться одно- или двухцепочечным. Двухцепочечное соединение также может включать области липких концов или некомплémentарности, где одна или другая цепь является одноцепочечной. Одноцепочечное соединение может включать области самокомплémentарности, что означает, что соединение образует, так называемую, "шпильку" или структуру "стебель-петля", с областью с двухцепочечной структурой. Соединение нуклеиновой кислоты может содержать нуклеотидную последовательность, комплементарную области, состоящей из не более 1000, не более 500, не более 250, не более 100 или не более 50, 35, 30, 25, 22, 20 или 18 нуклеотидов полноразмерной последовательности нуклеиновой кислоты ENG или последовательность нуклеиновой кислоты лиганда. Предпочтительно, область комплементарности будет составлять по меньшей мере 8 нуклеотидов, и необязательно, по меньшей мере 10 или по меньшей мере, 15 нуклеотидов, и необязательно от 15 до 25 нуклеотидов. Область комплементарности может приходиться на инtron, кодирующую последовательность или некодирующую последовательность целевого транскрипта, такого как часть кодирующей последовательности. Как правило, соединение нуклеиновой кислоты будет иметь длину от приблизительно 8 до приблизительно 500 нуклеотидов или пар оснований в длину, и, необязательно, длина будет составлять от приблизительно 14 до приблизительно 50 нуклеотидов. Нуклеиновая кислота может являться ДНК (в частности для применения в качестве

антисмысловой), РНК или гибридом РНК:ДНК. Любая цепь может включать смесь ДНК и РНК, а также модифицированные формы, которые нелегко классифицировать как ДНК или РНК. Аналогично, двухцепочечное соединение может являться ДНК:ДНК, ДНК:РНК или РНК:РНК, и любая цепь также может включать смесь ДНК и РНК, а также модифицированные формы, которые нелегко классифицировать как ДНК или РНК. Соединение нуклеиновой кислоты может включать любую из множества модификаций, включая одну или несколько модификаций остова (сахар-фосфатной части природной нуклеиновой кислоты, включающей межнуклеотидные связи) или части оснований (пуриновой или пиримидиновой части природной нуклеиновой кислоты). Соединение антисмысловой нуклеиновой кислоты, предпочтительно, будет иметь длину от приблизительно 15 до приблизительно 30 нуклеотидов и, зачастую, будет содержать одну или несколько модификаций для улучшения характеристик, таких как стабильность в сыворотке, в клетке или в месте, в которое соединение, вероятно, будут доставлять, таком как желудок в случае перорально доставляемых соединений и легкое для ингаляционных соединений. В случае конструкции РНКи, цепь, комплементарная целевому транскрипту, как правило, будет являться РНК или ее модификацией. Другая цепь может являться РНК, ДНК или любым другим вариантом. Дуплексная часть двухцепочечной или одноцепочечной "шпильки" конструкции РНКи, предпочтительно, будет иметь длину от 18 до 40 нуклеотидов и, необязательно, от приблизительно 21 до 23 нуклеотидов, при условии, что она служит субстратом для Dicer. Каталитические или ферментативные нуклеиновые кислоты могут являться рибозимами или ДНК-ферментами, а также могут содержать модифицированные формы. Соединения нуклеиновых кислот могут ингибировать экспрессию мишени приблизительно на 50%, 75%, 90% или более при контакте с клетками в физиологических условиях и в концентрации, когда нонсенс- или смысловой контроль имеет небольшой эффект или не имеет эффекта. Предпочтительными концентрациями для тестирования эффекта соединений нуклеиновых кислот являются 1, 5 и 10 микромоль. Соединения нуклеиновых кислот также можно тестировать на эффекты, например, в отношении ангиогенеза.

## 6. Изменения Fc-слитых белков

Изобретение дополнительно относится к слитым белкам ENG-Fc со сконструированными Fc-областями или вариантами Fc-областей. Такие антитела и Fc-слитые белки могут быть применимы, например, в модуляции эффекторных функций, таких как антиген-зависимая цитотоксичность (ADCC) и комплементзависимая цитотоксичность (CDC). Кроме того, модификации могут улучшать стабильность антител и слитых белков Fc. Варианты аминокислотной последовательности антител и слитых белков Fc получают посредством включения соответствующих изменений нуклеотидов в ДНК или посредством пептидного синтеза. Такие варианты включают, например, делеции, и/или инсерции, и/или замены остатков в аминокислотных последовательностях антител и Fc-слитых белков, представленных в настоящем описании. Любую комбинацию делеции, инсерции и замены осуществляют на конечной конструкции, при условии, что конечная конструкция обладает желаемыми характеристиками. Изменения аминокислот также могут изменять посттрансляционный процессинг антител и Fc-слитых белков, такие как изменения количества или положения участков гликозилирования.

Можно получать антитела и Fc-слитые белки со сниженной эффекторной функцией, включая изменения в аминокислотную последовательность, включая, в качестве неограничивающих примеров, мутацию Ala-Ala, описанную Bluestone et al. (см. WO 94/28027 и WO 98/47531; также см. Xu et al. 2000 Cell Immunol 200; 16-26). Таким образом, в определенных вариантах осуществления для снижения или устранения эффекторной функции можно использовать антитела и Fc-слитые белки по настоящему изобретению с мутациями в константной области, включая мутацию Ala-Ala. По этим вариантам осуществления антитела и Fc-слитые белки могут содержать мутацию в аланин в положении 234, или мутацию в аланин в положении 235, или их комбинацию. В одном из вариантов осуществления антитело или Fc-слитый белок содержит каркас IgG4, где мутация Ala-Ala будет означать мутации из фенилаланина в аланин в положении 234 и/или мутацию из лейцина в аланин в положении 235. В другом варианте осуществления антитело или Fc-слитый белок содержит каркас IgG1,

где мутация Ala-Ala будет означать мутации из лейцина в аланин в положении 234 и/или мутацию из лейцина в аланин в положении 235. Антитело или Fc-слитый белок альтернативно или дополнительно могут нести другие мутации, включая точечную мутацию K322A в домене CH2 (Hezareh et al. 2001 J Virol. 75: 12161-8).

В конкретных вариантах осуществления антитело или Fc-слитый белок можно модифицировать для повышения или ингибирования обусловленной комплементом цитотоксичности (CDC). Модулированной активности CDC можно достигать посредством включения одной или нескольких замен, инсерций или делеций аминокислот в Fc-область (см., например, патент США № 6194551). Альтернативно или дополнительно, в Fc-область можно встраивать остатки цистеина, таким образом, делая возможным образование межцепочечной дисульфидной связи в этой области. Полученное таким образом гомодимерное антитело может иметь улучшенную или сниженную способность к интернализации и/или повышенное или сниженное обусловленное комплементом уничтожение клеток. См. Caron et al., J. Exp. Med. 176:1191-1195 (1992) и Shopes, B. J. Immunol. 148:2918-2922 (1992), WO99/51642, Duncan & Winter Nature 322: 738-40 (1988); патент США № 5648260; патент США № 5624821 и WO94/29351.

#### ПРИМЕРЫ

В целом, описанное изобретение будет более понятным со ссылкой на следующие примеры, включенные исключительно в целях иллюстрирования конкретных вариантов осуществления и вариантов осуществления настоящего изобретения и не предназначенные для ограничения изобретения.

#### **Пример 1: Экспрессия слитого белка, содержащего полноразмерный внеклеточный домен ENG человека**

Авторы настоящего изобретения конструировали растворимый сливый белок эндоглина (ENG) (hENG(26-586)-hFc), в котором полноразмерный внеклеточный домен (ECD) ENG человека (**фигура 9**, SEQ ID NO: 9) присоединяли к домену Fc IgG1 человека (**фигура 11**, SEQ ID NO: 11) с минимальным линкером между этими доменами. hENG(26-586)-hFc экспрессировали посредством транзиторной

трансфекции в клетках HEK 293. В кратком изложении, клетки HEK 293 подготавливали в спиннере емкостью 500-мл при  $6 \times 10^5$  клеток/мл в средах FreeStyle (Invitrogen) объемом 250 мл и выращивали в течение ночи. На следующий день эти клетки обрабатывали комплексом ДНК:PEI (1:1) при 0,5 мкг/мл конечной концентрации ДНК. Через 4 часа добавляли 250 мл среды и выращивали клетки в течение 7 дней. Кондиционированные среды собирали посредством центрифугирования клеток и концентрировали. Для экспрессии в клетках СНО конструкции полипептида ENG трансфицировали в линию клеток СНО DUKX B11. Клоны подвергали селекции метотрексатом (MTX), как правило, при начальной концентрации 5 нМ или 10 нМ, и, необязательно, с последующей амплификацией в 50 нМ MTX для повышения экспрессии. Высокоэкспрессирующийся клон можно идентифицировать посредством клонирования способом разведений и адаптировать для выращивания в бессывороточной супензии для получения кондиционированных сред для очистки. Необязательно, в вектор можно включать универсальный хроматинраскрывающий элемент (UCOE) для облегчения экспрессии. См., например, Cytotechnology. 2002 Jan;38(1-3):43-6.

Можно использовать три разные лидерные последовательности:

(i) Меллитина пчелы медоносной (HBML): MKFLVNVALVFMVVYISYIYA (SEQ ID NO: 13)

(ii) Тканевого активатора плазминогена (TPA): MDAMKRLCCVLLCGAVFVSP (SEQ ID NO: 14)

(iii) Нативного ENG человека: MDRGTLPLAVALLLASCSLSPTSLA (SEQ ID NO: 15)

В выбранной форме hENG(26-586)-hFc используют лидерную последовательность TPA, она имеет непроцессированную аминокислотную последовательность, представленную на **фигуре 13** (SEQ ID NO: 16), и кодируется нуклеотидной последовательностью, представленной на **фигуре 14** (SEQ ID NO: 17). Авторы настоящего изобретения также предусмотрели альтернативную последовательность hENG(26-586)-hFc с лидерной последовательностью TPA (**фигура 15**, SEQ ID NO: 18), содержащей укороченный с N-конца домен hFc (**фигура 12**, SEQ ID NO: 12), присоединенный к hENG(26-586) через linker TGGG. Очистку осуществляли различными способами, включая,

например, фильтрацию кондиционированных сред с последующей хроматографией с протеином A, элюированием с глициновым буфером с низким pH (3,0), нейтрализацией образца и диализом против PBS. Чистоту образцов оценивали посредством аналитической эксклюзионной хроматографии, электрофореза в ПААГ в присутствие SDS, окрашивания серебром и вестерн-блоттинга. С помощью анализа зрелого белка подтверждали ожидаемую N-концевую последовательность.

**Пример 2: Экспрессия слитого белка, содержащего полноразмерный внеклеточный домен ENG мыши**

Авторы настоящего изобретения конструировали растворимый слитый белок ENG мыши (mENG(27-581)-mFc), в котором полноразмерный внеклеточный домен ENG мыши (**фигура 10**, SEQ ID NO: 10) подвергали слиянию с доменом Fc IgG<sub>2a</sub> мыши с минимальными линкерами между эти доменами. mENG(27-581)-mFc экспрессировали посредством транзиторной трансфекции в клетки HEK 293.

В выбранной форме mENG(27-581)-mFc использовали лидерную последовательность TPA, она имеет непроцессированную аминокислотную последовательность, представленную на **фигуре 16** (SEQ ID NO: 19) и кодируется нуклеотидной последовательностью, представленной на **фигуре 17** (SEQ ID NO: 20). Очистку осуществляли посредством фильтрации кондиционированных сред из трансфицированных клеток HEK 293 с последующей хроматографией с протеином A. Чистоту образцов оценивали посредством аналитической эксклюзионной хроматографии, электрофореза в ПААГ в присутствие SDS, окрашивания серебром и анализа вестерн-блоттинга.

**Пример 3: Селективное связывание BMP-9/BMP-10 с белками, содержащими полноразмерный внеклеточный домен ENG**

Считают, что рассматриваемый в качестве корецептора ENG функционирует, облегчая связывание TGF-β1 и -3 с мультибелковыми комплексами рецепторов типа I и типа II. Для исследования возможности прямого связывания лиганда выделенным ENG авторы настоящего изобретения использовали методологию поверхностного плазмонного резонанса (SPR) (инструмент Biacore™) для скрининга на связывание иммобилизованных белков, содержащих полноразмерный внеклеточный домен ENG, с различными растворимыми лигандами

семейства TGF- $\beta$  человека.

Лиганд	Связывание конструкции		
	hENG (26-586)-hFc*	hENG (26-586) **	mENG (27-581)-hFc***
hBMP-2	-	-	-
hBMP-2/7	-	-	-
hBMP-7	-	-	-
hBMP-9	++++	++++	++++
hBMP-10	++++	++++	++++
hTGF- $\beta$ 1	-	-	-
hTGF- $\beta$ 2	-	-	-
hTGF- $\beta$ 3	-	-	-
hАктивин А	-	-	-

\* [hBMP-9], [hBMP-10]=2,5 нМ; все другие лиганды тестировали при 100 нМ

\*\* [hBMP-9], [hBMP-10]=2,5 нМ; все другие лиганды тестировали при 25 нМ

\*\*\* [hBMP-9], [hBMP-10]=0,5 нМ; [hTGF- $\beta$ 1], [hTGF- $\beta$ 2], [hTGF- $\beta$ 3]=10 нМ; все другие лиганды тестировали при 25 нМ

Как показано в этой таблице, аффинность связывания с hENG (26-586)-hFc являлась высокой (+++,  $K_D < 1$  нМ) для hBMP-9 и hBMP-10, как оценивали при низких концентрациях лиганда. Даже при концентрации в 40 раз выше связывание TGF- $\beta$ 1, TGF- $\beta$ 2, TGF- $\beta$ 3, активина А, BMP-2 и BMP-7 с hENG (26-586)-hFc являлось неопределенным (-). В случае этой последней группы лигандов примечательно отсутствие прямого связывания с выделенным слитым белком ENG, т.к. показано, что мультибелковые комплексы рецепторов типа I и типа II лучше связываются с большинством из них в присутствие ENG, чем в его отсутствие. Как дополнительно показано в таблице выше, аналогичные результаты получали при скрининге лигандов на их способность связываться с иммобилизованным hENG (26-586) (R&D Systems, кат. №1097-EN), вариантом человека без домена Fc, или их способность связываться с иммобилизованным mENG (27-581)-hFc (R&D Systems, кат. №1097-EN).

№1320-EN), состоящим из внеклеточного домена ENG мыши (остатки 27-581), присоединенного к домену Fc IgG<sub>1</sub> человека через последовательность линкера из шести остатков (IEGRMD). Определение характеристик с помощью SPR (фигуры 18, 19) показало, что иммобилизованный hENG(26-586)-hFc связывается с растворимым BMP-9 с K<sub>D</sub> 29 нМ, а растворимый BMP-10 - с K<sub>D</sub> 400 нМ. Таким образом, селективное высокоаффинное связывание с BMP-9 и BMP-10 является ранее неизвестным свойством внеклеточного домена ENG, являющимся общим для различных видов.

**Пример 4: Растворимый внеклеточный домен hENG ингибитирует связывание BMP-9/BMP-10 с ALK1 и другими родственными рецепторами**

BMP-9 и BMP-10 являются высокоаффинными лигандами для рецептора ALK1 типа I (киназы, подобной рецептору активина 1). Для определения эффекта растворимого hENG(26-586) (R&D Systems, кат. №1097-EN) в отношении связывания BMP-9 и BMP-10 с ALK1 использовали анализ на основе SPR. ALK1-hFc иммобилизовали, а затем подвергали воздействию растворов, содержащих растворимый hENG(26-586), предварительно смешанный с BMP-9 в различных соотношениях. Как показано на **фигуре 20**, растворимый hENG(26-586) ингибировал связывание BMP-9 с ALK1-Fc в зависимости от концентрации с IC<sub>50</sub> менее 10 нМ. Аналогичные результаты получали с использованием BMP-10 (**фигура 21**). Различные эксперименты показали, что растворимый hENG(26-586) не связывает ALK1 и, таким образом, не ингибирует связывание лиганда с ALK1 с помощью этого механизма. Фактически, дополнительные эксперименты на основе SPR показали, что растворимый hENG(26-586) не связывается ни с рецепторами ALK2-ALK7 типа I, ни с рецепторами типа II, такими как рецептор активина IIA, рецептор активина IIB, рецептор морфогенетического белка кости II и рецептор TGF-β II. Эти результаты представляют собой дополнительное доказательство того, что ENG ингибирует связывание BMP-9 и BMP-10 с ALK1, главным образом, посредством прямого взаимодействия с этими лигандами.

В совокупности, эти данные свидетельствуют о том, что растворимые химерные белки ENG-Fc, а также нехимерный растворимый ENG можно использовать в качестве антагонистов передачи сигнала

BMP-9 и BMP-10 через множество путей передачи сигнала, включая ALK1.

**Пример 5: Эффект mENG(27-581)-hFc в отношении эндотелиальных клеток пупочной вены человека (HUVEC) в культуре**

Авторы настоящего изобретения исследовали ангиогенный эффект mENG(27-581)-hFc в системе культивирования на основе HUVEC. HUVEC культивировали на полимеризованном субстрате Matrigel, и эффект тестируемых образцов в отношении образования трубок из эндотелиальных клеток (тяжей) оценивали посредством фазово-контрастной микроскопии через 12 часов воздействия. Тяжи, имеющие ширину в одну клетку и по меньшей мере три ветви, идентифицировали визуально и использовали компьютеризированный анализ изображений для определения общей длины таких тяжей. Средние значения основаны на двух параллельных лунках планшета для культивирования на условие эксперимента, при этом каждую лунку охарактеризовывали как среднее для трех полей наблюдения. По сравнению с базовыми условиями (без обработки) сильный индуктор, стимулятор роста эндотелиальных клеток (ECGS, 0,2 мкг/мл), приводил к удвоению средней длины тяжа (**фигура 22**). mENG(27-581)-hFc (R&D Systems, кат. №1320-EN; 10 мкг/мл) снижал это повышение приблизительно на 60%, эффект, специфичный для условий стимуляции, т.к. одна и та же концентрация mENG(27-581)-hFc имела небольшой эффект в отсутствие ECGS (**фигура 22**). Эти результаты свидетельствуют о том, что слитый белок ENG-Fc может ингибировать агрегацию эндотелиальных клеток в условиях иной стимуляции в модели ангиогенеза в культуре клеток.

**Пример 6: ENG-Fc ингибирует индуцируемый VEGF ангиогенез в анализе хориоаллантоиновой мембранны куриного яйца (САМ)**

Систему анализа хориоаллантоиновой мембранны куриного яйца (САМ) использовали для исследования эффектов слитого белка ENG-Fc в отношении ангиогенеза. В кратком изложении, оплодотворенные эмбрионы курицы возрастом девять дней держали в инкубаторе для яиц при контролируемой температуре (37°C) и влажности (60%). Скорлупу яйца размягчали спиртом, делали небольшое отверстие для создания "пузыря" между мембраной скорлупы и САМ и удаляли для создания окна, располагающегося над видимыми кровеносными сосудами.

Небольшие фильтровальные диски обрабатывали VEGF (50 нг ежедневно) в присутствие или отсутствие белка mENG(27-581)-hFc (R&D Systems, кат. №1320-EN; 14 мкг ежедневно), растворенного в буфере (рН 7,4) содержащем 0,01 М НЕРСЕ, 0,5 М NaCl, 3 мМ ЭДТА, 0,005% об./об. поверхностно-активного вещества Р20 и 0,5 мг/мл бычьего сывороточного альбумина. Затем фильтровальные диски, содержащие тестируемый образец, вставляли в отверстие и соединяли с САМ. Яйца (n=8 на группу) обрабатывали свежим тестируемым образцом ежедневно в течение трех дней и на четвертый день визуально определяли количество кровеносных сосудов, связанных с фильтровальным диском, с использованием лампы для яиц.

Как и ожидали, обработка VEGF в анализе САМ значительно повышала количество кровеносных сосудов по сравнению с наполнителем. Количество дополнительных кровеносных сосудов, индуцируемых с помощью обработки VEGF, снижалось на 65% при конкурентной обработке mENG(27-581)-hFc (**фигура 23**). Исследования с использованием SPR показали, что VEGF не связывается с mENG(27-581)-mFc, и, таким образом, эффекты mENG(27-581)-hFc в отношении ангиогенеза в настоящем эксперименте с САМ не являлись результатом прямого взаимодействия между слитым белком и VEGF. Изложенные выше результаты свидетельствуют о том, что ENG-Fc может значительно ингибировать хорошо известный ангиогенный эффект VEGF в модели *in vivo* без контакта с самим VEGF.

#### **Пример 7: Эффект mENG(27-581)-mFc в отношении ангиогенеза в анализе ангиореактора мыши**

Эффекты слитого белка ENG-Fc в отношении ангиогенеза дополнительно исследовали в анализе ангиореактора мыши, также известного как прямой анализ ангиогенеза *in vivo* (DIVAA™; Guedez et al., 2003, Am J Pathol 162:1431-1439), который осуществляли по инструкциям производителя (Trevigen®). В кратком изложении, полые цилиндры, полученные из силикона, подходящего для имплантации, и закрытые с одного конца, наполняли 20 мкл экстракта базальной мембранны (BME), предварительного смешанного с комбинацией основного фактора роста фибробластов (FGF-2, 1,8 г) и VEGF (600 нг) или без нее. После желирования BME ангиореакторы подкожно

имплантировали бестимусным мышам (четыре на мышь). Мышам ежедневно вводили mENG(27-581)-mFc (10 мг/кг, s.c.) или наполнитель (Tris-забуференный физиологический раствор) в течение 11 дней, после чего мышам инъецировали декстран, меченный флуоресцеинизотиоцианатом (FITC), (20 мг/кг, i.v.) и умерщвляли их через 20 мин. Удаляли ангиореакторы и количественно анализировали количество FITC-декстрина, содержащегося в каждом из них, с помощью флуоресцентного спектрофотометра для чтения планшетов (Infinite® M200, Tecan) при возбуждении 485 нм/эмиссии 520 нм в качестве индекса образования кровеносных сосудов. Как показано на **фигуре 24**, добавление FGF-2 и VEGF к BME приводило к значительному повышению васкуляризации в ангиореакторах по завершении исследования, в то время как конкурентное введение mENG(27-581)-mFc полностью предотвращало это повышение. Эти результаты, полученные в системе млекопитающего, дополняют результаты, полученные с использованием описываемого выше анализа SAM, и демонстрируют антиангиогенную активность слитых белков ENG-Fc, включающих полноразмерный внеклеточный домен ENG, *in vivo*.

**Пример 8: Экспрессия вариантов с укороченным внеклеточным доменом hENG**

Авторы настоящего изобретения получали растворимые слитые белки ENG, в которых укороченные варианты ECD ENG человека подвергали слиянию с доменом Fc IgG1 человека с минимальным линкером. Эти варианты приведены ниже, и структуры выбранных вариантов схематически представлены на **фигуре 25**.

	Конструкция человека	Транзиторная экспрессия	Очищенный	Стабильная Экспрессия (клетки СНО)
Полноразмерный	hENG (26-586) -hFc	HEK 293	Да	Да
Карбокси-концевые укорочения	hENG (26-581) -hFc	HEK 293	Да	Нет
	hENG (26-437) -hFc	HEK 293	Да	Нет
	hENG (26-378) -hFc	HEK 293	Да	Нет
	hENG (26-359) -hFc	HEK 293	Да	Да
	hENG (26-346) -hFc	HEK 293	Да	Да
	hENG (26-332) -hFc	HEK 293	Да	Нет
	hENG (26-329) -hFc	HEK 293	Да	Нет
	hENG (26-257) -hFc	HEK 293	Да	Нет
АМИНО-концевые укорочения	hENG (360-586) -hFc	HEK 293	Да	Нет
	hENG (438-586) -hFc	HEK 293	Да	Нет
	hENG (458-586) -hFc	COS	Нет	Нет
Двойные укорочения	hENG (61-346) -hFc	HEK 293	Да	Нет
	hENG (129-346) -hFc	HEK 293	Да	Нет
	hENG (133-346) -hFc	HEK 293	Да	Нет
	hENG (166-346) -hFc	HEK 293	Да	Нет
	hENG (258-346) -hFc	HEK 293	Да	Нет
	hENG (360-581) -hFc	HEK 293	Да	Нет
	hENG (360-457) -hFc	COS	Нет	Нет
	hENG (360-437) -hFc	COS	Нет	Нет
	hENG (458-581) -hFc	COS	Нет	Нет

Эти варианты экспрессировали посредством транзиторной трансфекции в клетках HEK 293 или клетках COS, как указано.

В выбранной форме hENG(26-437)-hFc использовали лидерную последовательность TPA, она имеет непроцессированную аминокислотную последовательность, представленную на **фигуре 26** (SEQ ID NO: 21), и кодируется нуклеотидной последовательностью, представленной на **фигуре 27** (SEQ ID NO: 22). В выбранной форме hENG(26-378)-hFc также использовали лидерную последовательность TPA, она имеет непроцессированную аминокислотную последовательность, представленную на **фигуре 28** (SEQ ID NO: 23), кодируется нуклеотидной последовательностью, представленной на **фигуре 29** (SEQ ID NO: 24). В выбранной форме hENG(26-359)-hFc также использовали лидерную последовательность TPA, она имеет непроцессированную аминокислотную последовательность, представленную на **фигуре 30** (SEQ ID NO: 25), кодируется нуклеотидной последовательностью, представленной на **фигуре 31** (SEQ ID NO: 26). Авторы настоящего изобретения также предусмотрели альтернативную последовательность hENG(26-359)-hFc с лидерной последовательностью TPA (**фигура 32**, SEQ ID NO: 27), содержащую укороченный с N-конца домен hFc (**фигура 12**, SEQ ID NO: 12), присоединенный к hENG(26-359) с помощью линкера TGGG. Нуклеотидная последовательность, кодирующая этот альтернативный белок hENG(26-359)-hFc, представлена на **фигуре 33** (SEQ ID NO: 28). В выбранной форме hENG(26-346)-hFc использовали лидерную последовательность TPA, она имеет непроцессированную аминокислотную последовательность, представленную на **фигуре 34** (SEQ ID NO: 29) содержащую укороченный с N-конца домен hFc, кодируется нуклеотидной последовательностью, представленной на **фигуре 35** (SEQ ID NO: 30).

Выбранные варианты hENG-hFc, каждый с укороченным с N-конца доменом Fc (SEQ ID NO: 12), стабильно экспрессировали в клетках СНО (описанными выше способами) и очищали от кондиционированных сред посредством фильтрации и хроматографии с протеином A. С помощью анализа зрелого белка, экспрессируемого в клетках СНО, подтверждали ожидаемую N-концевую последовательность hENG(26-359)-

hFc и hENG(26-346)-hFc. Учитывая выход белка (неккорректированный по различиям в теоретической молекулярной массе), hENG(26-346)-hFc (90 мг/л) превосходил hENG(26-359)-hFc (9 мг/л) и полноразмерный hENG(26-586)-hFc (31 мг/л). Как показано на **фигуре 36**, при анализе этих очищенных образцов посредством эксклюзионной хроматографии определяли качество белка hENG(26-346)-hFc (на 96% мономерного) как превосходящее качество белка hENG(26-359)-hFc (на 84% мономерного) и эквивалентное качеству белка hENG(26-586)-hFc (на 96% мономерного). Таким образом, в случае более высоких уровней высокомолекулярных агрегатов необходимо использование дополнительных этапов очистки для hENG(26-359)-hFc по сравнению с hENG(26-346)-hFc.

**Пример 9: Высокоаффинное связывание BMP-9/BMP-10 с укороченными вариантами hENG-hFc**

Авторы настоящего изобретения использовали способ SPR для скрининга следующих вариантов белка hENG-hFc на высокоаффинное связывание с BMP-9 и BMP-10 человека. В этих экспериментах, иммобилизованные белки hENG-hFc подвергали воздействию растворимого BMP-9 или BMP-10 по 100 нМ каждого.

	Конструкция человека	Связывание с hBMP-9 и hBMP-10
Полноразмерный	hENG(26-586)-hFc	++++
Карбокси-концевые укорочения	hENG(26-581)-hFc	++++
	hENG(26-437)-hFc	++++
	hENG(26-378)-hFc	++++
	hENG(26-359)-hFc	++++
	hENG(26-346)-hFc	++++
	hENG(26-332)-hFc	-
	hENG(26-329)-hFc	-
Амино-концевые укорочения	hENG(360-586)-hFc	-
	hENG(438-586)-hFc	-
	hENG(458-586)-hFc	-

Двойные укорочения	hENG (61-346) -hFc	-
	hENG (129-346) -hFc	-
	hENG (133-346) -hFc	-
	hENG (166-346) -hFc	-
	hENG (258-346) -hFc	-
	hENG (360-581) -hFc	-
	hENG (360-457) -hFc	-
	hENG (360-437) -hFc	-
	hENG (458-581) -hFc	-

++++ KD<1 нМ

- Связывание неопределено

Как указано выше в таблице, высокоаффинное связывание с BMP-9 и BMP-10 наблюдали только для полноразмерной конструкции и для таких укороченных с С-конца вариантов, как hENG(26-346)-hFc. Высокоаффинное связывание с BMP-9 и BMP-10 было утрачено для всех протестированных N-концевых укорочений более чем на 61 аминокислот.

Панель лигандов подвергали скринингу на потенциальное связывание с укороченными с С-конца вариантами hENG(26-346)-hFc, hENG(26-359)-hFc и hENG(26-437)-hFc. Высокоаффинное связывание этих трех белков являлось селективным для BMP-9 и BMP-10. Ни hENG(26-346)-hFc, ни hENG(26-359)-hFc, ни hENG(26-437)-hFc не проявляли детектируемое связывание с BMP-2, BMP-7, TGF- $\beta$ 1, TGF- $\beta$ 2, TGF- $\beta$ 3 или активином А даже при высоких концентрациях лиганда.

Лиганд	Связывание конструкции		
	hENG (26-346) - hFc*	hENG (26-359) - hFc**	hENG (26-437) - hFc**
hBMP-2	-	-	-
hBMP-2/7	-	-	-
hBMP-7	-	-	-
hBMP-9	++++	++++	++++
hBMP-10	++++	++++	++++
hTGF- $\beta$ 1	-	-	-

hTGF- $\beta$ 2	-	-	-
hTGF- $\beta$ 3	-	-	-
hАктивин А	-	-	-

\* [hBMP-9], [hBMP-10]=5 нМ; [hTGF- $\beta$ 3]=50 нМ; все другие лиганды тестировали при 100 нМ

\*\* [hBMP-9], [hBMP-10]=5 нМ; [hTGF- $\beta$ 3]=50 нМ; все другие лиганды тестировали при 100 нМ

++++ KD<1 нМ

- Связывание неопределено

Авторы настоящего изобретения использовали способ SPR для сравнения кинетики связывания BMP-9 с пятью конструкциями: hENG(26-586)-hFc, hENG(26-437)-hFc, hENG(26-378)-hFc, hENG(26-359)-hFc и hENG(26-346)-hFc. На **Фигуре 37** показаны кривые связывания для нескольких конструкций, и в таблице ниже приведены вычисленные значения равновесной константы диссоциации и констант скорости диссоциации ( $k_d$ ). Аффинность BMP-9 человека к hENG(26-359)-hFc или hENG(26-346)-hFc (с  $K_D$  в нижнем пикомолярном диапазоне) была на порядок выше, чем в случае полноразмерной конструкции. Для ловушек лигандов, таких как ENG-Fc, крайне желательно проявлять относительно низкую скорость диссоциации лиганда, поэтому десятикратное улучшение (снижение) скорости диссоциации BMP-9 в случае hENG(26-346)-hFc по сравнению с полноразмерной конструкцией является особенно примечательным.

Лиганд	Конструкция	$K_D$ ( $\times 10^{-12}$ М)	$k_d$ ( $\times 10^{-4}$ с $^{-1}$ )
hBMP-9	hENG(26-586)-hFc*	33	25
	hENG(26-437)-hFc**	19	14
	hENG(26-378)-hFc**	6,7	3,4
	hENG(26-359)-hFc*	4,2	3,5
	hENG(26-346)-hFc*	4,3	2,4

\* белок, полученный из клеток СНО

\*\* белок, полученный из клеток НЕК293

Как показано ниже, каждый из укороченных вариантов также связывался с BMP-10 с более высокой аффинностью и с лучшей

кинетикой по сравнению с полноразмерной конструкцией. Тем не менее, укороченные варианты отличались по их степени предпочтительности для BMP-9 по сравнению с BMP-10 (с учетом соотношения  $K_D$ ), при этом hENG(26-346)-hFc демонстрировал наибольший дифференциал, а hENG(26-437)-hFc – наименьший. Это различие в степени предпочтительности лиганда среди укороченных вариантов потенциально может отражаться в значимых различиях их активности *in vivo*.

Лиганд	Конструкция	$K_D$ ( $\times 10^{-12}$ М)	$k_d$ ( $\times 10^{-4}$ С $^{-1}$ )
hBMP-10	hENG(26-586)-hFc*	490	110
	hENG(26-437)-hFc**	130	28
	hENG(26-378)-hFc**	95	19
	hENG(26-359)-hFc*	86	23
	hENG(26-346)-hFc*	140	28

\* белок, полученный из клеток СНО

\*\* белок, полученный из клеток НЕК293

Представленные выше результаты свидетельствуют о том, что слитые белки, содержащие конкретные укороченные с С-конца варианты ECD hENG, демонстрируют высокоаффинное связывание с BMP-9 и BMP-10, но не с различными другими лигандами семейства TGF- $\beta$ , включая TGF- $\beta$ 1 и TGF- $\beta$ 3. В частности, укороченные варианты hENG(26-359)-hFc, hENG(26-346)-hFc и hENG(26-378)-hFc демонстрируют более высокую аффинность связывания при равновесии и улучшенные кинетические свойства в случае BMP-9 по сравнению с полноразмерной конструкцией hENG(26-586)-hFc и укороченным вариантом hENG(26-437)-hFc.

#### Пример 10: Прогнозирование вторичной структуры N-концевой области ENG

Как описано выше, обнаруживали, что N-концевые укорочения, такие короткие, как 36 аминокислоты (hENG(61-346)-hFc), устраняют связывание лиганда с полипептидами ENG. Для прогнозирования эффекта даже более коротких N-концевых укорочений в отношении связывания лиганда вторичную структуру орфанного домена эндоглина человека предсказывали путем вычислений с использованием

модифицированного Psipred версии 3 (Jones, 1999, J Mol Biol 292:195–202). Анализ показал, что упорядоченная вторичная структура в области полипептида ENG, определяемая аминокислотами 26–60 SEQ ID NO: 1, ограничена бета-тяжем из четырех остатков, предсказанным с высокой достоверностью в положениях 42–45 SEQ ID NO: 1, и бета-тяжем из двух остатков, предсказанным с очень низкой достоверностью в положениях 28–29 SEQ ID NO: 1. Таким образом, варианты полипептида ENG, начинающиеся с аминокислот 27 или 28 и, необязательно, начинающиеся с любой из аминокислот 29–42 SEQ ID NO: 1, вероятно, сохраняют важные элементы и связывание лиганда.

**Пример 11: Активность вариантов ENG-Fc в клеточном анализе**

Для определения активности, с которой слитые белки hENG-hFc ингибируют передачу сигнала BMP-9 и BMP-10, использовали анализ репортерного гена в клетках A204. Этот анализ основан на линии клеток рабдомиосаркомы человека, трансфицированных с использованием pGL3 BRE-люцифераза-репортерной плазиды (Korchynskyi et al, 2002, J Biol Chem 277: 4883–4891), а также репортерной плазиды Renilla (pRLCMV-люцифераза) для контроля эффективности трансфекции. В BMP-чувствительных генах (содержащих промотор Id1) присутствуют мотивы BRE, поэтому этот вектор общепринято используют в случае факторов передачи сигнала через Smad1 и/или Smad5. В отсутствие слитых белков ENG-Fc BMP-9 и BMP-10 дозозависимым образом стимулируют передачу сигнала в клетках A204.

В первый день анализа клетки A204 (инвентарный номер ATCC®: HTB-82™; депонент: DJ Giard) распределяли в 48-луночные планшеты при  $10^5$  клеток на лунку. На следующий день раствор, содержащий 12 мкг pGL3 BRE-люциферазы, 0,1 мкг pRLCMV-люциферазы, 30 мкл Fugene 6 (Roche Diagnostics) и 970 мкл OptiMEM (Invitrogen), преинкубировали в течение 30 мин при комнатной температуре перед добавлением к 24 мл буфера для анализа (среды МакКоя, дополненной 0,1% BSA). Эту смесь наносили на высеванные клетки (500 мкл/лунку) для инкубации в течение ночи при 37°C. На третий день удаляли среду и заменяли ее тестируемыми веществами (250 мкл/лунку), разведенными в буфере для анализа. После инкубации в течение ночи

при 37°C клетки промывали, лизировали пассивным буфером для лизиса (Promega E1941) и замораживали при -70°C. Перед анализом планшеты нагревали до комнатной температуры с осторожным встряхиванием. Лизаты клеток переносили в двух параллелях на планшет для считывания хемилюминесценции (96-луночный) и анализировали в люминометре с реагентами из системы Dual-Luciferase Reporter Assay system (Promega E1980) для определения нормированной активности люциферазы.

Результаты свидетельствуют о том, что белки hENG-hFc являются мощными ингибиторами клеточной передачи сигнала, опосредуемой BMP-9 и BMP-10. Как показано в таблице ниже, полноразмерная конструкция hENG(26-586)-hFc ингибирует передачу сигнала BMP-9 и BMP-10 со значениями IC<sub>50</sub> в субнаномолярном и нижнем наномолярном диапазонах, соответственно. Кроме того, укороченные варианты hENG(26-359)-hFc и hENG(26-346)-hFc являлись более мощными, чем hENG(26-586)-hFc.

Конструкция	IC <sub>50</sub> (нМ)	
	hBMP-9	hBMP-10
hENG(26-586)-hFc	0,26	7,9
hENG(26-359)-hFc	0,16	3,5
hENG(26-346)-hFc	0,19	4,6

**Пример 12: Укороченный вариант hENG(26-359)-hFc ингибирует индуцируемый VEGF ангиогенез в анализе CAM**

Авторы настоящего изобретения исследовали эффекты укороченного варианта hENG(26-359)-hFc в отношении ангиогенеза в той же системе анализа CAM, которая описана в примере 6, в которой VEGF используют для индукции ангиогенеза. Количество дополнительных кровеносных сосудов, индуцируемых обработкой VEGF (50 нг ежедневно), снижали на 75% посредством конкурентной обработки hENG(26-359)-hFc (SEQ ID NO: 25; 20 мкг ежедневно) (фигура 38). С помощью исследований на основе SPR подтверждали, что VEGF не связывается с hENG(26-359)-hFc, и, таким образом, эффекты этого варианта в отношении ангиогенеза в настоящем эксперименте CAM не являлись результатом прямого взаимодействия

между слитым белком и VEGF. Необходимо отметить, что в случае hENG(26-359)-hFc доза 10 мкг соответствует дозе 14 мкг, используемой в случае более длинных конструкций ENG-Fc, тестируемых в примере 6, с учетом теоретической молекулярной массы каждой конструкции. Таким образом, укороченный вариант hENG(26-359)-hFc демонстрировал эквивалентную, если не более высокую, эффективность ингибиования индуцируемого VEGF ангиогенеза по сравнению с конструкциями ENG с полноразмерным ECD (**фигура 23**) в той же системе анализа.

**Пример 13: Укороченный вариант hENG(26-346)-hFc ингибирует ангиогенез в анализе ангиореактора мыши**

Укороченный вариант hENG(26-346)-hFc тестировали в том же анализе ангиореактора мыши, который описан в примере 7. Ангиореакторы подкожно имплантировали бестимусным мышам (четыре на мышь) и мышам ежедневно вводили hENG(26-346)-hFc (10 мг/кг, s.c.) или наполнитель (Tris-забуференный физиологический раствор) в течение 11 дней, после чего мышам инъецировали декстран, меченный флуоресцеинизотиоцианатом (FITC), (20 мг/кг, i.v.) и умерщвляли их через 20 мин. Затем измеряли количество FITC-декстрана, содержащегося в каждом ангиореакторе, в качестве индекса образования кровеносных сосудов. Как показано на **фигуре 39**, добавление факторов роста (GF) FGF-2 и VEGF в ангиореакторы приводило к значительному повышению васкуляризации, в то время как конкурентное введение hENG(26-346)-hFc полностью предотвращало это повышение. В исследованиях на основе SPR подтверждалось, что hENG(26-346)-hFc не связывается ни с FGF-2, ни с VEGF, таким образом, исключая возможность того, что эффекты hENG(26-346)-hFc в отношении индуцируемого ангиогенеза в настоящем эксперименте являлись результатом прямого взаимодействия между слитым белком и FGF-2 или VEGF. Эти результаты, полученные с помощью системы анализа млекопитающего, дополняют результаты, полученные для укороченного варианта hENG(26-359)-hFc в анализе САМ (пример 12). В совокупности, они демонстрируют антиангиогенную активность слитых белков ENG-Fc, включающих предпочтительные укорочения внеклеточного домена ENG, *in vivo*.

**Пример 14: Большее время полужизни укороченного варианта hENG(26-346)-hFc *in vivo***

Авторы настоящего изобретения осуществляли модифицированное исследование фармакокинетики для определения общего времени полуыведения hENG(26-346)-hFc и сравнивали его с таковым для полноразмерного белка mENG(27-581)-mFc. Белок hENG(26-346)-hFc флуоресцентно метили красителем Alexa Fluor® 750 с использованием набора для быстрого мечения антитела SAIVI™ (визуализации небольших животных *in vivo*) по инструкциям производителя (Invitrogen™). Меченный белок отделяли от свободной метки посредством эксклюзионной хроматографии. Бестимусным мышам ( $n=3$ , 17-20 г) инъецировали меченный hENG(26-346)-hFc (2 мг/кг, s.c.) и осуществляли визуализацию всего тела посредством системы визуализации IVIS (Xenogen®/Caliper Life Sciences) для определения уровней слитого белка через 2, 4, 6, 8, 24, 32, 48 и 72 часа после инъекции. Среднее время полуыведения hENG(26-346)-hFc составляло 26,5 часа, что составляет на 20% больше, чем время полужизни mENG(27-581)-mFc 22 часа, определенное в аналогичном исследовании.

**Пример 15: Эффект белков ENG-Fc в отношении роста опухоли в моделях ксенотрансплантата мыши**

Белки ENG-Fc тестировали на двух разных моделях ксенотрансплантатов мыши для определения того, могут ли эти белки ингибировать рост опухоли. В первом эксперименте бестимусным мышам в возрасте 6 недель подкожно инъецировали  $10^6$  клеток карциномы молочной железы 4T1 (инвентарный номер ATCC®: CRL-2539™; депонент: BA Pulaski). Мышам ( $n=10$  на группу) ежедневно вводили (s.c.) дозу mENG(27-581)-mFc (10 мг/кг) или наполнителя (Tris-забуференного физиологического раствора). Опухоли измеряли вручную с помощью штангенциркуля с цифровой индикацией и вычисляли объем опухоли по формуле: объем = 0,5 (длина) (ширина<sup>2</sup>). Как показано на **фигуре 40**, введение mENG(27-581)-mFc снижало объем опухоли на 45% по сравнению с наполнителем ко дню 24 после имплантации.

Слитые белки ENG-Fc также тестировали на модели ксенотрансплантата карциномы Colon-26. Мышам BALB/c в возрасте 7

недель подкожно инъецировали  $1,5 \times 10^6$  клеток карциномы Colon-26 (инвентарный номер ATCC®: CRL-2638™; депонент: N Restifo). Мышам ( $n=10$  на группу) ежедневно вводили (s.c.) дозу mENG (27-581)-mFc (1, 10 или 30 мг/кг) или наполнителя (Tris-забуференного физиологического раствора). Объем опухоли определяли, как описано выше. Как показано на **фигуре 41**, введение mENG (27-581)-mFc вызывало дозозависимое снижение объема опухоли со снижениями на 55% и приблизительно 70% по сравнению с наполнителем в дозах 10 мг/кг и 30 мг/кг, соответственно, ко дню 58 после имплантации. Таким образом, mENG (27-581)-mFc значительно замедлял рост двух разных типов опухолей в моделях ксенотрансплантах мыши, что соответствует указанной выше антиangiогеной активности слитых белков, включающих полноразмерный внеклеточный домен ENG мыши (примеры 5-7). В предварительном эксперименте укороченный вариант hENG (26-346) также замедлял рост опухоли по сравнению с наполнителем в модели ксенотранспланта Colon-26, что соответствует антиangiогеной активности этого варианта в анализе аngioreактора мыши (пример 13).

В совокупности, указанные выше результаты свидетельствуют о том, что слитые белки, содержащие полноразмерный ECD ENG, и их конкретные укороченные варианты демонстрируют высокоаффинное связывание с BMP-9 и BMP-10, но не с множеством других лигандов семейства TGF $\beta$ , включая TGF $\beta$ -1 и TGF $\beta$ -3. Эти полипептиды ENG могут ингибировать ангиогенез и рост опухоли в модельных системах и, таким образом, иметь потенциал для лечения пациентов с нежелательным ангиогенезом, включая пациентов со злокачественными новообразованиями. По сравнению с конструкциями, содержащими полноразмерный ECD ENG, укороченные полипептиды ENG hENG (26-346)-hFc и/или hENG (26-359)-hFc демонстрировали более высокую активность и улучшенные свойства в отношении нескольких других ключевых параметров (см. общую таблицу ниже).

Параметр		Полипептид ECD в слитом белке (полученный из клеток СНО)		
		Полноразмерный ECD – 26-586 человека или 27-581 мыши	26-359 человека	26-346 человека
Экспрессия	Количество	31 мг/л	9 мг/л	90 мг/л
	Качество	на 96% мономерный	на 84% мономерный	на 96% мономерный
Аффинность связывания ( $K_D$ )	BMP-9	33 пМ	4,2 пМ	4,3 пМ
	BMP-10	490 пМ	86 пМ	140 пМ
Скорость диссоциации ( $k_d$ )	BMP-9	$25 \times 10^{-4} \text{ с}^{-1}$	$3,5 \times 10^{-4} \text{ с}^{-1}$	$2,4 \times 10^{-4} \text{ с}^{-1}$
	BMP-10	$110 \times 10^{-4} \text{ с}^{-1}$	$23 \times 10^{-4} \text{ с}^{-1}$	$28 \times 10^{-4} \text{ с}^{-1}$
Активность ( $IC_{50}$ в клеточном анализе)	BMP-9	0,26 нМ	0,16 нМ	0,19 нМ
	BMP-10	7,9 нМ	3,5 нМ	4,6 нМ
Время полуыведения		22 часа	---	26,5 часа
Антиangiогенная активность	HUVEC	Да	---	---
	CAM	ингибиование 65%	ингибиование 75%	---
	Ангиореактор	ингибиование 100%	---	ингибиование 100%
Противоопухоловая активность	Опухоль 4T1	Да	---	---
	Опухоль Colon-26	Да Дозозависимая	---	Да

--- Не исследовали

Вариант hENG(26-346)-hFc, в частности, обладал лучшей комбинацией свойств с более высокой активностью, более высокой аффинностью связывания, более медленной скоростью диссоциации, большим временем полувыведения и лучшей продукцией белка, чем конструкции с ECD полноразмерным ENG. В качестве ловушек для лигандов, укороченные полипептиды ENG, предпочтительно, должны проявлять низкую скорость диссоциации лиганда, т.к. крайне желательным является десятикратное снижение скорости диссоциации BMP-9 в случае hENG(26-346)-hFc по сравнению с полноразмерной конструкцией. Вариант hENG(26-378)-hFc демонстрировал свойства связывания BMP-9 (аффинность и скорость диссоциации) в промежутке между hENG(26-346)-hFc и hENG(26-359)-hFc, с одной стороны, и hENG(26-437)-hFc, с другой стороны, при этом hENG(26-378) больше похож на более короткие конструкции.

**Пример 16: Лечение с использованием белков ENG-Fc в модели фиброза печени мыши**

Эффективность белков ENG-Fc в лечении фиброза оценивали в модели фиброза печени мыши, вызванного CCL4 (тетрахлоридом углерода). В этом исследовании использовали пятьдесят мышей. Самцов и самок мышей A/J возрастом приблизительно 14 недель на начало эксперимента (день 0) подвергали акклиматизации в лаборатории в течение по меньшей мере 48 часов. Животных проверяли ежедневно в течение эксперимента и умерщвляли при наблюдении любых признаков заболеваемости, летальности и токсичности тестируемого образца.

Животным вводили дозу 1 мл/кг 50% СС14 в оливковом масле через желудочный зонд дважды в неделю для индукции фиброза печени. Животным вводили дозы mENG(27-581)-mFc в течение 13 недель, как описано в таблица ниже.

Группа	N	Фиброз печени	Лечение	Доза	Частота	Введение
1	20	СС14+Оливковое масло	PBS	Равный объем	В.И.В.	I.P.
2	20	СС14+Оливковое масло	мю-эндоглин	10 мг/кг	Т.И.В.	I.P.

3	5	Оливковое масло	PBS	Равный объем	B.I.W.	I.P.
4	5	Оливковое масло	мю-эндоглин	10 мг/кг	T.I.W.	I.P.

Животных анализировали на предмет изменений массы тела (BW), массы печени, внешнего вида печени и гистологию. В день 0, день 28, день 56 и день 90 животных подвергали ЯМР-сканированию. Животных умерщвляли в день 45 или 90 с использованием CO<sub>2</sub>. Для анализа сыворотки животных не кормили за 12 часов до умерщвления и забора сыворотки. Цельную кровь собирали для анализа функции печени, и печень каждого животного собирали и взвешивали. Половину печени помещали в картридж с 10% формалином и быстро замораживали долю печени в жидким азоте.

Лечение mENG(27-581)-mFc не влияло на массу печени (измеряемую как процентную долю массы тела) в течение 13 недель (фигура 42). Через 13-недельный период введения животных умерщвляли и срезы печени окрашивали гематоксилином-эозином и трихромом по Массону (фигуры 43-45). Подвергнутые лечению животные демонстрировали значительно меньший фиброз относительно неподвергнутых лечению животных (фигура 45). Кроме того, при окрашивании масляным красным О выявляли, что лечение mENG(27-581)-mFc приводило к снижению накопления жировых отложений в ткани печени, что, зачастую, является предшественником повреждения печени и фиброзного депонирования (фигура 46). Кроме того, по-видимому, лечение mENG(27-581)-mFc снижало баллонную дегенерацию гепатоцитов, ассоцииированную с апоптозом и наблюданную в связи с воспалением печени. Уровни щелочной фосфатазы в сыворотке были меньше в когортах, подвергнутых лечению эндоглином, по сравнению с неподвергнутыми лечению (фигура 47). В совокупности, эти данные свидетельствуют о том, что лечение mENG(27-581)-mFc может снижать повреждение печени в этой модели фиброза печени мыши, и, таким образом, по-видимому, белки ENG-Fc применимы в лечении фиброзных нарушений печени, включая цирроз и возможные печеночноклеточные

карциномы.

**Пример 17: Эффект белка ENG-Fc в пищевой модели фиброза печени мыши**

Эффективность белков ENG-Fc также оценивали на модели неалкогольного стеатогепатита (NASH) мыши, вызываемого метионином и пищевой недостаточностью холина (MCDD). Мышей C57BL/6 дикого типа держали на стандартной диете или диете, включающей большое количество сахарозы (40%) и жира (10%), но с недостатком метионина и холина, важных для β-окисления в печени и продукции липопротеина очень низкой плотности (Takahashi et al., 2012, World J Gastroenterol 18:2300-2308). В результате мыши с MCDD демонстрировали жировые отложения, считающиеся предшественниками повреждения печени и фиброзного депонирования (Corbin et al., 2012, Curr Opin Gastroenterol 28:159-165). В возрасте 12 недель мышей сажали на соответствующие диеты и начинали интраперитонеальное введение mENG(27-581)-mFc (10 мг/кг) или наполнителя (n=10 на группу) дважды в неделю в течение 3 недель. По завершении введения доз мышей умерщвляли и срезы печени окрашивали масляным красным O, растворимым в липидах диазокрасителем, для оценки степени депонирования липидов.

Как и ожидали, у мышей, которых кормили стандартным кормом, наблюдали лишь небольшие липидные отложения в ткани печени (данные не представлены), в то время как мыши с MCDD демонстрировали множество больших липидных отложений, в совокупности занимающих значительную часть общей площади ткани (фигура 48A, С). У мышей с MCDD лечение mENG(27-581)-mFc значительно снижало липидные отложения в печени по сравнению с наполнителем (фигура 48). Хотя эндогенный TGFβ в значительной степени участвует в прогрессировании заболевания печени (Dooley et al., 2012, Cell Tissue Res 347:245-256), Fc-слипый белок, содержащий рецептор TGFβ типа II и связывающийся с TGFβ с высокой аффинностью, имеет небольшой эффект в отношении накопления липидных отложений в печени (данные не представлены). Как описано в примере 3, mENG(27-581)-mFc и

другие белки ENG-Fc не связываются ни с TGF $\beta$ 1, TGF $\beta$ 2, ни с TGF $\beta$ 3, поэтому биологическая активность mENG(27-581)-Fc у мышей с MCDD не является результатом ингибиования передачи сигнала этими лигандами. В совокупности, эти результаты свидетельствуют о том, что mENG(27-581)-Fc может значительно снижать депонирование липидов в модели на мышах, в которой недостаточность питательных веществ, в конечном итоге, приводит к фиброзу и неалкогольному стеатогепатозу, таким образом, представляя дополнительное доказательство того, что белки ENG-Fc, по-видимому, применимы в лечении фиброза печени.

#### ВКЛЮЧЕНИЕ ПОСРЕДСТВОМ ССЫЛКИ

Все публикации и патенты, упомянутые в настоящем описании, таким образом, включены посредством ссылки в полном объеме, как если бы каждая отдельная публикация или патент были конкретно и отдельно указаны как включенные посредством ссылок. В случае конфликта, настоящая заявка, включая любые определения в настоящем описании, будет обладать приоритетом.

#### ЭКВИВАЛЕНТЫ

Хотя конкретные варианты осуществления настоящего изобретения подробно представлены в настоящем описании, изложенное выше описание является иллюстративным, а не ограничивающим. Многие варианты изобретения будут очевидны специалистам в этой области при рассмотрении настоящего описания и представленной ниже формулы изобретения. Полный объем изобретения необходимо определять со ссылкой на формулу изобретения вместе с полным объемом эквивалентов и описание вместе с такими вариантами.

СПИСОК ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ

<110> Acceleron Pharma, Inc.  
<120> ЭНДОГЛИНОВЫЕ ПЕПТИДЫ ДЛЯ ЛЕЧЕНИЯ ФИБРОЗНЫХ ЗАБОЛЕВАНИЙ  
<130> A0904.70009W000  
<140> PCT/US2014/062147  
<141> 2014-10-24  
<150> US 61/896,002  
<151> 2013-10-25  
<160> 36  
<170> PatentIn version 3.5  
<210> 1  
<211> 658  
<212> PRT  
<213> Homo sapiens  
<400> 1

Met Asp Arg Gly Thr Leu Pro Leu Ala Val Ala Leu Leu Leu Ala Ser  
1 5 10 15

Cys Ser Leu Ser Pro Thr Ser Leu Ala Glu Thr Val His Cys Asp Leu  
20 25 30

Gln Pro Val Gly Pro Glu Arg Gly Glu Val Thr Tyr Thr Thr Ser Gln  
35 40 45

Val Ser Lys Gly Cys Val Ala Gln Ala Pro Asn Ala Ile Leu Glu Val  
50 55 60

His Val Leu Phe Leu Glu Phe Pro Thr Gly Pro Ser Gln Leu Glu Leu  
65 70 75 80

Thr Leu Gln Ala Ser Lys Gln Asn Gly Thr Trp Pro Arg Glu Val Leu  
85 90 95

Leu Val Leu Ser Val Asn Ser Ser Val Phe Leu His Leu Gln Ala Leu  
100 105 110

Gly Ile Pro Leu His Leu Ala Tyr Asn Ser Ser Leu Val Thr Phe Gln  
115 120 125

Glu Pro Pro Gly Val Asn Thr Thr Glu Leu Pro Ser Phe Pro Lys Thr  
130 135 140

Gln Ile Leu Glu Trp Ala Ala Glu Arg Gly Pro Ile Thr Ser Ala Ala  
145 150 155 160

Glu Leu Asn Asp Pro Gln Ser Ile Leu Leu Arg Leu Gly Gln Ala Gln  
165 170 175

Gly Ser Leu Ser Phe Cys Met Leu Glu Ala Ser Gln Asp Met Gly Arg  
180 185 190

Thr Leu Glu Trp Arg Pro Arg Thr Pro Ala Leu Val Arg Gly Cys His  
195 200 205

Leu Glu Gly Val Ala Gly His Lys Glu Ala His Ile Leu Arg Val Leu  
210 215 220

Pro Gly His Ser Ala Gly Pro Arg Thr Val Thr Val Lys Val Glu Leu  
225 230 235 240

Ser Cys Ala Pro Gly Asp Leu Asp Ala Val Leu Ile Leu Gln Gly Pro  
245 250 255

Pro Tyr Val Ser Trp Leu Ile Asp Ala Asn His Asn Met Gln Ile Trp  
260 265 270

Thr Thr Gly Glu Tyr Ser Phe Lys Ile Phe Pro Glu Lys Asn Ile Arg  
275 280 285

Gly Phe Lys Leu Pro Asp Thr Pro Gln Gly Leu Leu Gly Glu Ala Arg  
290 295 300

Met Leu Asn Ala Ser Ile Val Ala Ser Phe Val Glu Leu Pro Leu Ala  
305 310 315 320

Ser Ile Val Ser Leu His Ala Ser Ser Cys Gly Gly Arg Leu Gln Thr  
325 330 335

Ser Pro Ala Pro Ile Gln Thr Thr Pro Pro Lys Asp Thr Cys Ser Pro  
340 345 350

Glu Leu Leu Met Ser Leu Ile Gln Thr Lys Cys Ala Asp Asp Ala Met  
355 360 365

Thr Leu Val Leu Lys Lys Glu Leu Val Ala His Leu Lys Cys Thr Ile  
370 375 380

Thr Gly Leu Thr Phe Trp Asp Pro Ser Cys Glu Ala Glu Asp Arg Gly  
385 390 395 400

Asp Lys Phe Val Leu Arg Ser Ala Tyr Ser Ser Cys Gly Met Gln Val  
405 410 415

Ser Ala Ser Met Ile Ser Asn Glu Ala Val Val Asn Ile Leu Ser Ser  
420 425 430

Ser Ser Pro Gln Arg Lys Lys Val His Cys Leu Asn Met Asp Ser Leu  
435 440 445

Ser Phe Gln Leu Gly Leu Tyr Leu Ser Pro His Phe Leu Gln Ala Ser  
450 455 460

Asn Thr Ile Glu Pro Gly Gln Gln Ser Phe Val Gln Val Arg Val Ser  
465 470 475 480

Pro Ser Val Ser Glu Phe Leu Leu Gln Leu Asp Ser Cys His Leu Asp  
485 490 495

Leu Gly Pro Glu Gly Gly Thr Val Glu Leu Ile Gln Gly Arg Ala Ala  
500 505 510

Lys Gly Asn Cys Val Ser Leu Leu Ser Pro Ser Pro Glu Gly Asp Pro  
515 520 525

Arg Phe Ser Phe Leu Leu His Phe Tyr Thr Val Pro Ile Pro Lys Thr  
530 535 540

Gly Thr Leu Ser Cys Thr Val Ala Leu Arg Pro Lys Thr Gly Ser Gln  
545 550 555 560

Asp Gln Glu Val His Arg Thr Val Phe Met Arg Leu Asn Ile Ile Ser  
565 570 575

Pro Asp Leu Ser Gly Cys Thr Ser Lys Gly Leu Val Leu Pro Ala Val  
580 585 590

Leu Gly Ile Thr Phe Gly Ala Phe Leu Ile Gly Ala Leu Leu Thr Ala  
595 600 605

Ala Leu Trp Tyr Ile Tyr Ser His Thr Arg Ser Pro Ser Lys Arg Glu  
610 615 620

Pro Val Val Ala Val Ala Ala Pro Ala Ser Ser Glu Ser Ser Ser Thr  
625 630 635 640

Asn His Ser Ile Gly Ser Thr Gln Ser Thr Pro Cys Ser Thr Ser Ser  
645 650 655

Met Ala

<210> 2  
<211> 2030  
<212> ДНК  
<213> Homo sapiens

<400> 2  
cctgccactg gacacaggat aaggcccagc gcacaggccc ccacgtggac agcatggacc 60  
gcggcacgct ccctctggct gttgccctgc tgctggccag ctgcagcctc agccccacaa 120  
gtcttgcaga aacagtccat tgtgaccttc agcctgtggg ccccgagagg ggcgaggtga 180  
catataccac tagccaggtc tcgaagggct gcgtggctca ggccccaat gccatccttg 240  
aagtccatgt cctcttcctg gagttcccaa cgggcccgtc acagctggag ctgactctcc 300  
aggcatccaa gcaaaatggc acctggcccc gagaggtgct tctggtcctc agtgtaaaca 360  
gcagtgtctt cctgcatctc caggccctgg gaatccact gcacttggcc tacaattcca 420  
gcctggtcac cttccaagag ccccccgggg tcaacaccac agagctgcca tccttccca 480  
agacccagat ctttgagttgg gcagctgaga ggggccccat cacctctgct gctgagctga 540  
atgaccccca gagcatcctc ctccgactgg gccaagccca ggggtcactg tccttctgca 600  
tgctggaagc cagccaggac atggggcgca cgctcgagtg gcggccgcgt actccagcct 660  
tggtccgggg ctgccacttg gaaggcgtgg ccggccacaa ggaggcgcac atcctgaggg 720  
tcctgcccggg ccactcggcc gggcccccga cggtgacggt gaaggtggaa ctgagctgcf 780  
caccggggta tctcgatgcc gtcctcatcc tgcagggtcc cccctacgtg tcctggctca 840  
tcgacgccaa ccacaacatg cagatctgga ccactggaga atactccttc aagatcttc 900  
cagagaaaaa cattcgtggc ttcaagctcc cagacacacc tcaaggcctc ctggggagg 960  
cccgatgct caatgccagc attgtggcat cttcggtgg a gctaccgctg gccagcattg 1020  
tctcaattca tgcctccagc tgcgggtggta ggctgcagac ctcacccgca ccgatccaga 1080  
ccactcctcc caaggacact ttagcccg agctgctcat gtccttgatc cagacaaagt 1140  
gtgccgacga cgccatgacc ctggtactaa agaaagagct tggcgcgcattt ttgaagtgca 1200  
ccatcacggg cctgacccctc tgggacccca gctgtgaggc agaggacagg ggtgacaagt 1260  
ttgtcttgcg cagtgcattac tccagctgtg gcatgcaggt gtcagcaagt atgatcagca 1320  
atgaggcgggt ggtcaatatac ctgtcgagct catcaccaca gcgaaaaaaag gtgcactgccc 1380  
tcaacatgga cagcctctct ttccagctgg gcctctaccc cagcccacac ttccctccagg 1440  
cctccaacac catcgagccg gggcagcaga gcttttgca ggtcagagtg tccccatccg 1500  
tctccgagtt cctgctccag ttagacagct gccacccgtt gtcggggcctt gaggaggca 1560  
ccgtggaaact catccagggc cggcggccaa agggcaactg tggcgcgcattt ttgaagtgca 1620  
gccccgaggg tgacccgcgc ttccagcttc tcctccactt ctacacagta cccataccca 1680  
aaaccggcac cctcagctgc acgtagccc tgcgtcccaa gaccgggtct caagaccagg 1740

aagtccatag	gactgtcttc	atgcgcttga	acatcatcag	ccctgacctg	tctggttgca	1800
caagcaaagg	cctcgtcctg	cccggcgtgc	tgggcacac	cttgggtgcc	ttcctcatcg	1860
gggcctgct	cactgctgca	ctctggtaca	tctactcgca	cacgcgttcc	cccagcaagc	1920
gggagccgt	ggtggcggtg	gctgccccgg	cctcctcgga	gagcagcagc	accaaccaca	1980
gcatgggag	cacccagagc	accccctgct	ccaccagcag	catggcatag		2030

<210> 3  
<211> 625  
<212> PRT  
<213> Homo sapiens

<400> 3

Met	Asp	Arg	Gly	Thr	Leu	Pro	Leu	Ala	Val	Ala	Leu	Leu	Leu	Ala	Ser
1															15

Cys	Ser	Leu	Ser	Pro	Thr	Ser	Leu	Ala	Glu	Thr	Val	His	Cys	Asp	Leu
															30
20															

Gln	Pro	Val	Gly	Pro	Glu	Arg	Gly	Glu	Val	Thr	Tyr	Thr	Thr	Ser	Gln
															35
35															40

Val	Ser	Lys	Gly	Cys	Val	Ala	Gln	Ala	Pro	Asn	Ala	Ile	Leu	Glu	Val
															50
															55
															60

His	Val	Leu	Phe	Leu	Glu	Phe	Pro	Thr	Gly	Pro	Ser	Gln	Leu	Glu	Leu
															65
															70
															75
															80

Thr	Leu	Gln	Ala	Ser	Lys	Gln	Asn	Gly	Thr	Trp	Pro	Arg	Glu	Val	Leu
															85
															90
															95

Leu	Val	Leu	Ser	Val	Asn	Ser	Ser	Val	Phe	Leu	His	Leu	Gln	Ala	Leu
															100
															105
															110

Gly	Ile	Pro	Leu	His	Leu	Ala	Tyr	Asn	Ser	Ser	Leu	Val	Thr	Phe	Gln
															115
															120
															125

Glu	Pro	Pro	Gly	Val	Asn	Thr	Thr	Glu	Leu	Pro	Ser	Phe	Pro	Lys	Thr
															130
															135
															140

Gln	Ile	Leu	Glu	Trp	Ala	Ala	Glu	Arg	Gly	Pro	Ile	Thr	Ser	Ala	Ala
															145
															150
															155
															160

Glu	Leu	Asn	Asp	Pro	Gln	Ser	Ile	Leu	Leu	Arg	Leu	Gly	Gln	Ala	Gln
															165
															170
															175

Gly Ser Leu Ser Phe Cys Met Leu Glu Ala Ser Gln Asp Met Gly Arg

180                    185                    190  
Thr Leu Glu Trp Arg Pro Arg Thr Pro Ala Leu Val Arg Gly Cys His  
195                    200                    205  
  
Leu Glu Gly Val Ala Gly His Lys Glu Ala His Ile Leu Arg Val Leu  
210                    215                    220  
  
Pro Gly His Ser Ala Gly Pro Arg Thr Val Thr Val Lys Val Glu Leu  
225                    230                    235                    240  
  
Ser Cys Ala Pro Gly Asp Leu Asp Ala Val Leu Ile Leu Gln Gly Pro  
245                    250                    255  
  
Pro Tyr Val Ser Trp Leu Ile Asp Ala Asn His Asn Met Gln Ile Trp  
260                    265                    270  
  
Thr Thr Gly Glu Tyr Ser Phe Lys Ile Phe Pro Glu Lys Asn Ile Arg  
275                    280                    285  
  
Gly Phe Lys Leu Pro Asp Thr Pro Gln Gly Leu Leu Gly Glu Ala Arg  
290                    295                    300  
  
Met Leu Asn Ala Ser Ile Val Ala Ser Phe Val Glu Leu Pro Leu Ala  
305                    310                    315                    320  
  
Ser Ile Val Ser Leu His Ala Ser Ser Cys Gly Gly Arg Leu Gln Thr  
325                    330                    335  
  
Ser Pro Ala Pro Ile Gln Thr Thr Pro Pro Lys Asp Thr Cys Ser Pro  
340                    345                    350  
  
Glu Leu Leu Met Ser Leu Ile Gln Thr Lys Cys Ala Asp Asp Ala Met  
355                    360                    365  
  
Thr Leu Val Leu Lys Lys Glu Leu Val Ala His Leu Lys Cys Thr Ile  
370                    375                    380  
  
Thr Gly Leu Thr Phe Trp Asp Pro Ser Cys Glu Ala Glu Asp Arg Gly  
385                    390                    395                    400  
  
Asp Lys Phe Val Leu Arg Ser Ala Tyr Ser Ser Cys Gly Met Gln Val  
405                    410                    415  
  
Ser Ala Ser Met Ile Ser Asn Glu Ala Val Val Asn Ile Leu Ser Ser  
420                    425                    430  
  
Ser Ser Pro Gln Arg Lys Lys Val His Cys Leu Asn Met Asp Ser Leu

435

440

445

Ser Phe Gln Leu Gly Leu Tyr Leu Ser Pro His Phe Leu Gln Ala Ser  
450 455 460

Asn Thr Ile Glu Pro Gly Gln Gln Ser Phe Val Gln Val Arg Val Ser  
465 470 475 480

Pro Ser Val Ser Glu Phe Leu Leu Gln Leu Asp Ser Cys His Leu Asp  
485 490 495

Leu Gly Pro Glu Gly Gly Thr Val Glu Leu Ile Gln Gly Arg Ala Ala  
500 505 510

Lys Gly Asn Cys Val Ser Leu Leu Ser Pro Ser Pro Glu Gly Asp Pro  
515 520 525

Arg Phe Ser Phe Leu Leu His Phe Tyr Thr Val Pro Ile Pro Lys Thr  
530 535 540

Gly Thr Leu Ser Cys Thr Val Ala Leu Arg Pro Lys Thr Gly Ser Gln  
545 550 555 560

Asp Gln Glu Val His Arg Thr Val Phe Met Arg Leu Asn Ile Ile Ser  
565 570 575

Pro Asp Leu Ser Gly Cys Thr Ser Lys Gly Leu Val Leu Pro Ala Val  
580 585 590

Leu Gly Ile Thr Phe Gly Ala Phe Leu Ile Gly Ala Leu Leu Thr Ala  
595 600 605

Ala Leu Trp Tyr Ile Tyr Ser His Thr Arg Glu Tyr Pro Arg Pro Pro  
610 615 620

Gln  
625

<210> 4

<211> 1931

<212> ДНК

<213> Homo sapiens

<400> 4

cctgccactg gacacaggat aaggcccagc gcacaggccc ccacgtggac agcatggacc 60  
gcggcacgct ccctctggct gttgccctgc tgctggccag ctgcagcctc agccccacaa 120  
gtcttgcaga aacagtccat tgtgaccttc agcctgtggg ccccgagagg ggcgaggtga 180  
catataccac tagccaggtc tcgaagggtc gcgtggctca ggccccaaat gccatccttg 240

aagtccatgt	cctcttcctg	gagttcccaa	cgggcccgtc	acagctggag	ctgactctcc	300
aggcatccaa	gcaaaaatggc	acctggcccc	gagaggtgct	tctggtcctc	agtgtaaaca	360
gcagtgtctt	cctgcatctc	cagccctgg	aatccact	gcacttggcc	tacaattcca	420
gcctggtcac	cttccaagag	cccccgaaaa	tcaacaccac	agagctgcc	tccttcccc	480
agaccagat	ccttgagtgg	gcagctgaga	ggggcccat	cacctctgct	gctgagctga	540
atgaccccca	gagcatcctc	ctccgactgg	gccaaagccc	ggggtcactg	tccttctgca	600
tgcttggaa	cagccaggac	atggggcga	cgctcgagt	gccccgcgt	actccagcct	660
tttgtccgggg	ctgccacttg	gaaggcgtgg	ccggccacaa	ggaggcgcac	atcctgaggg	720
tcctgcccgg	ccactcgcc	ggggcccgga	cggtgacgg	gaaggtggaa	ctgagctg	780
caccggggaa	tctcgatgcc	gtcctcatcc	tgcagggtcc	cccctacgt	tcctggctca	840
tcgacgccaa	ccacaacatg	cagatctgga	ccactggaga	atactccttc	aagatcttc	900
cagagaaaaa	cattcgtggc	ttcaagctcc	cagacacacc	tcaaggcctc	ctgggggagg	960
cccgatgct	caatgccagc	attgtggcat	cttcggtgg	gctaccgct	gccagcatt	1020
tctcaattca	tgcctccagc	tgcgtggta	ggctgcagac	ctcacccgca	ccgatccaga	1080
ccactcctcc	caaggacact	tgttagccgg	agctgctcat	gtccttgatc	cagacaaagt	1140
tgccgacga	cgcgcgtacc	ctgtactaa	agaaagagct	tgttgcgc	ttgaagtgc	1200
ccatcacggg	cctgaccc	tgggacccca	gctgtgaggc	agaggacagg	ggtgacaagt	1260
ttgtcttgcg	cagtgtttac	tccagctgt	gcatgcagg	gtcagcaagt	atgatcagca	1320
atgaggcgg	ggtcaatatac	ctgtcgagct	catcaccaca	gccccaaaaag	gtgcactg	1380
tcaacatgga	cagcctct	ttcagctgg	gcctctac	cagcccacac	ttcctccagg	1440
cctccaaacac	catcgagcc	gggcagcaga	gctttgtg	ggtcagagtg	tccccatcc	1500
tctccgagtt	cctgctccag	ttagacagct	gccacctgg	cttggggcct	gagggaggca	1560
ccgtggaact	catccagg	cggcgccca	agggcaact	tgtgagcct	ctgtccccaa	1620
gccccgaggg	tgacccgcgc	ttcagcttcc	tcctccactt	ctacacagta	cccataccca	1680
aaaccggcac	cctcagctgc	acggtagccc	tgcgtccaa	gaccgggtct	caagaccagg	1740
aagtccatag	gactgtttc	atgcgttga	acatcatcag	ccctgacct	tctgggtg	1800
caagcaaagg	cctcgtcctg	cccgcgtgc	tgggcatcac	cttgggtg	ttcctcatcg	1860
gggcctgct	cactgctgca	ctctggtaca	tctactcg	cacgcgtgag	tacccaggc	1920
ccccacagt	g					1931

<210> 5  
 <211> 653  
 <212> PRT  
 <213> Mus musculus

<400> 5

Met Asp Arg Gly Val Leu Pro Leu Pro Ile Thr Leu Leu Phe Val Ile  
1 5 10 15

Tyr Ser Phe Val Pro Thr Thr Gly Leu Ala Glu Arg Val Gly Cys Asp  
20 25 30

Leu Gln Pro Val Asp Pro Thr Arg Gly Glu Val Thr Phe Thr Thr Ser  
35 40 45

Gln Val Ser Glu Gly Cys Val Ala Gln Ala Ala Asn Ala Val Arg Glu  
50 55 60

Val His Val Leu Phe Leu Asp Phe Pro Gly Met Leu Ser His Leu Glu  
65 70 75 80

Leu Thr Leu Gln Ala Ser Lys Gln Asn Gly Thr Glu Thr Gln Glu Val  
85 90 95

Phe Leu Val Leu Val Ser Asn Lys Asn Val Phe Val Lys Phe Gln Ala  
100 105 110

Pro Glu Ile Pro Leu His Leu Ala Tyr Asp Ser Ser Leu Val Ile Phe  
115 120 125

Gln Gly Gln Pro Arg Val Asn Ile Thr Val Leu Pro Ser Leu Thr Ser  
130 135 140

Arg Lys Gln Ile Leu Asp Trp Ala Ala Thr Lys Gly Ala Ile Thr Ser  
145 150 155 160

Ile Ala Ala Leu Asp Asp Pro Gln Ser Ile Val Leu Gln Leu Gly Gln  
165 170 175

Asp Pro Lys Ala Pro Phe Leu Cys Leu Pro Glu Ala His Lys Asp Met  
180 185 190

Gly Ala Thr Leu Glu Trp Gln Pro Arg Ala Gln Thr Pro Val Gln Ser  
195 200 205

Cys Arg Leu Glu Gly Val Ser Gly His Lys Glu Ala Tyr Ile Leu Arg  
210 215 220

Ile Leu Pro Gly Ser Glu Ala Gly Pro Arg Thr Val Thr Val Met Met  
225 230 235 240

Glu Leu Ser Cys Thr Ser Gly Asp Ala Ile Leu Ile Leu His Gly Pro

245                    250                    255

Pro Tyr Val Ser Trp Phe Ile Asp Ile Asn His Ser Met Gln Ile Leu  
260                    265                    270

Thr Thr Gly Glu Tyr Ser Val Lys Ile Phe Pro Gly Ser Lys Val Lys  
275                    280                    285

Gly Val Glu Leu Pro Asp Thr Pro Gln Gly Leu Ile Ala Glu Ala Arg  
290                    295                    300

Lys Leu Asn Ala Ser Ile Val Thr Ser Phe Val Glu Leu Pro Leu Val  
305                    310                    315                    320

Ser Asn Val Ser Leu Arg Ala Ser Ser Cys Gly Gly Val Phe Gln Thr  
325                    330                    335

Thr Pro Ala Pro Val Val Thr Thr Pro Pro Lys Asp Thr Cys Ser Pro  
340                    345                    350

Val Leu Leu Met Ser Leu Ile Gln Pro Lys Cys Gly Asn Gln Val Met  
355                    360                    365

Thr Leu Ala Leu Asn Lys Lys His Val Gln Thr Leu Gln Cys Thr Ile  
370                    375                    380

Thr Gly Leu Thr Phe Trp Asp Ser Ser Cys Gln Ala Glu Asp Thr Asp  
385                    390                    395                    400

Asp His Leu Val Leu Ser Ser Ala Tyr Ser Ser Cys Gly Met Lys Val  
405                    410                    415

Thr Ala His Val Val Ser Asn Glu Val Ile Ile Ser Phe Pro Ser Gly  
420                    425                    430

Ser Pro Pro Leu Arg Lys Lys Val Gln Cys Ile Asp Met Asp Ser Leu  
435                    440                    445

Ser Phe Gln Leu Gly Leu Tyr Leu Ser Pro His Phe Leu Gln Ala Ser  
450                    455                    460

Asn Thr Ile Glu Leu Gly Gln Gln Ala Phe Val Gln Val Ser Val Ser  
465                    470                    475                    480

Pro Leu Thr Ser Glu Val Thr Val Gln Leu Asp Ser Cys His Leu Asp  
485                    490                    495

Leu Gly Pro Glu Gly Asp Met Val Glu Leu Ile Gln Ser Arg Thr Ala

500	505	510
Lys Gly Ser Cys Val Thr Leu Leu Ser Pro Ser Pro Glu Gly Asp Pro		
515	520	525
Arg Phe Ser Phe Leu Leu Arg Val Tyr Met Val Pro Thr Pro Thr Ala		
530	535	540
Gly Thr Leu Ser Cys Asn Leu Ala Leu Arg Pro Ser Thr Leu Ser Gln		
545	550	555
560		
Glu Val Tyr Lys Thr Val Ser Met Arg Leu Asn Ile Val Ser Pro Asp		
565	570	575
Leu Ser Gly Lys Gly Leu Val Leu Pro Ser Val Leu Gly Ile Thr Phe		
580	585	590
Gly Ala Phe Leu Ile Gly Ala Leu Leu Thr Ala Ala Leu Trp Tyr Ile		
595	600	605
Tyr Ser His Thr Arg Gly Pro Ser Lys Arg Glu Pro Val Val Ala Val		
610	615	620
Ala Ala Pro Ala Ser Ser Glu Ser Ser Ser Thr Asn His Ser Ile Gly		
625	630	635
640		
Ser Thr Gln Ser Thr Pro Cys Ser Thr Ser Ser Met Ala		
645	650	
<210> 6		
<211> 1965		
<212> ДНК		
<213> Mus musculus		
<400> 6		
agcatggacc gtggcgtgct ccctctgcc attaccctgc tgtttgtcat ctatacgctt 60		
gtacccacaa caggtctcgc agaaagagtc ggctgtgatc tacagcctgt ggaccccaca 120		
aggggtgagg tgacgtttac caccagccag gtctccgagg gctgtgttagc tcaggctgcc 180		
aatgctgtgc gtgaagtcca cgttctttc ctggattttc ccggaatgct gtcacatctg 240		
gagctgactc ttcaggcatc caagaaaaat ggcacggaga cccaggaggt gttcctggtc 300		
ctcgtttca aaaaaatgt ctgcgtgaag ttccaggccc cgaaaatccc attgcacttg 360		
gcctacgact ccagcctgggt catttccaa ggacagccaa gagtcaacat cacagtgcta 420		
ccatccctta cctccaggaa acagatcctc gactggcag ccaccaaggg cgccatcacc 480		
tcgatagcag cactggatga cccccaaagc atcgtcctcc agttgggcca agacccaaag 540		
gcaccattct tgtgcttgcc agaagctcac aaggacatgg gcgccacact tgaatggcaa 600		

ccacgagccc	agaccccagt	ccaaagctgt	cgcttggaaag	gtgtgtctgg	ccacaaggag	660
gcctacatcc	tgaggatcct	gccaggttct	gaggccgggc	cccgacgggt	gaccgtaatg	720
atggaactga	gttgcacatc	tggggacgcc	attctcatcc	tgcacatggtcc	tccatatgtc	780
tcctggttca	tcgacatcaa	ccacagcatg	cagatcttga	ccacaggtga	atactccgtc	840
aagatcttgc	caggaagcaa	ggtcaaaggc	gtggagctcc	cagacacacacc	ccaaggcctg	900
atagcggagg	cccgcaagct	caatgccagc	attgtcacct	cctttgtaga	gctccctctg	960
gtcagcaatg	tctccctgag	ggcctccagc	tgcgggttgt	tgttccagac	caccctgca	1020
cccgttgtga	ccacacctcc	caaggacaca	tgcagccccg	tgctactcat	gtccctgatc	1080
cagccaaagt	gtggcaatca	ggtcatgact	ctggcactca	ataaaaaaaca	cgtgcagact	1140
ctccagtgc	ccatcacagg	cctgactttc	tgggactcca	gctgccaggc	tgaagacact	1200
gacgaccatc	ttgtcctgag	tagcgcctac	tccagctgcg	gcatgaaagt	gacagccat	1260
gtggcagca	atgaggtgat	catcagttc	ccgtcaggct	caccaccact	tcggaaaaag	1320
gtacagtgc	tcgacatgga	cagcctctcc	ttccagctgg	gcctctaccc	cagccgcac	1380
ttcctccagg	catccaacac	catcgaacta	ggccagcagg	cttcgtaca	ggtgagcgtg	1440
tctccattga	cctctgaggt	cacagtccag	ctagatagct	gccatctgga	cttggggccc	1500
gaaggggaca	tggtggaact	catccagagc	cgaacagcca	agggcagctg	tgtgaccttg	1560
ctgtctccaa	gccctgaagg	tgacccacgc	ttcagcttcc	tcctccgggt	ctacatggtg	1620
cccacaccca	ccgctggcac	cctcagttgc	aacttagctc	tgcgccttag	cacccctgtcc	1680
caggaagtct	acaagacagt	ctccatgcgc	ctgaacatcg	tcagccctga	cctgtctgg	1740
aaaggccttg	tcctgcctc	tgtactgggt	atcaccttg	gtgccttcct	gattggggcc	1800
ctgctcacag	ctgcactctg	gtacatctat	tctcacacac	gtggcccccag	caagcgggag	1860
cccgttgtgg	cagtggctgc	cccgccctcc	tctgagagca	gcagtagccaa	ccacagcatc	1920
gggagcaccc	agagcacccc	ctgctccacc	agcagcatgg	cgtag		1965

<210> 7  
 <211> 641  
 <212> PRT  
 <213> Mus musculus

<400> 7

Met	Asp	Arg	Gly	Val	Leu	Pro	Leu	Pro	Ile	Thr	Leu	Leu	Phe	Val	Ile
1				5				10					15		

Tyr	Ser	Phe	Val	Pro	Thr	Thr	Gly	Leu	Ala	Glu	Arg	Val	Gly	Cys	Asp
							20					25		30	

Leu Gln Pro Val Asp Pro Thr Arg Gly Glu Val Thr Phe Thr Ser

35

40

45

Gln Val Ser Glu Gly Cys Val Ala Gln Ala Ala Asn Ala Val Arg Glu  
50 55 60

Val His Val Leu Phe Leu Asp Phe Pro Gly Met Leu Ser His Leu Glu  
65 70 75 80

Leu Thr Leu Gln Ala Ser Lys Gln Asn Gly Thr Glu Thr Gln Glu Val  
85 90 95

Phe Leu Val Leu Val Ser Asn Lys Asn Val Phe Val Lys Phe Gln Ala  
100 105 110

Pro Glu Ile Pro Leu His Leu Ala Tyr Asp Ser Ser Leu Val Ile Phe  
115 120 125

Gln Gly Gln Pro Arg Val Asn Ile Thr Val Leu Pro Ser Leu Thr Ser  
130 135 140

Arg Lys Gln Ile Leu Asp Trp Ala Ala Thr Lys Gly Ala Ile Thr Ser  
145 150 155 160

Ile Ala Ala Leu Asp Asp Pro Gln Ser Ile Val Leu Gln Leu Gly Gln  
165 170 175

Asp Pro Lys Ala Pro Phe Leu Cys Leu Pro Glu Ala His Lys Asp Met  
180 185 190

Gly Ala Thr Leu Glu Trp Gln Pro Arg Ala Gln Thr Pro Val Gln Ser  
195 200 205

Cys Arg Leu Glu Gly Val Ser Gly His Lys Glu Ala Tyr Ile Leu Arg  
210 215 220

Ile Leu Pro Gly Ser Glu Ala Gly Pro Arg Thr Val Thr Val Met Met  
225 230 235 240

Glu Leu Ser Cys Thr Ser Gly Asp Ala Ile Leu Ile Leu His Gly Pro  
245 250 255

Pro Tyr Val Ser Trp Phe Ile Asp Ile Asn His Ser Met Gln Ile Leu  
260 265 270

Thr Thr Gly Glu Tyr Ser Val Lys Ile Phe Pro Gly Ser Lys Val Lys  
275 280 285

Gly Val Glu Leu Pro Asp Thr Pro Gln Gly Leu Ile Ala Glu Ala Arg

	290	295	300												
Lys	Leu	Asn	Ala	Ser	Ile	Val	Thr	Ser	Phe	Val	Glu	Leu	Pro	Leu	Val
305											315				320
Ser	Asn	Val	Ser	Leu	Arg	Ala	Ser	Ser	Cys	Gly	Gly	Val	Phe	Gln	Thr
		325							330					335	
Thr	Pro	Ala	Pro	Val	Val	Thr	Thr	Pro	Pro	Lys	Asp	Thr	Cys	Ser	Pro
						340			345					350	
Val	Leu	Leu	Met	Ser	Leu	Ile	Gln	Pro	Lys	Cys	Gly	Asn	Gln	Val	Met
							355		360					365	
Thr	Leu	Ala	Leu	Asn	Lys	Lys	His	Val	Gln	Thr	Leu	Gln	Cys	Thr	Ile
					370		375				380				
Thr	Gly	Leu	Thr	Phe	Trp	Asp	Ser	Ser	Cys	Gln	Ala	Glu	Asp	Thr	Asp
						385			395					400	
Asp	His	Leu	Val	Leu	Ser	Ser	Ala	Tyr	Ser	Ser	Cys	Gly	Met	Lys	Val
					405				410					415	
Thr	Ala	His	Val	Val	Ser	Asn	Glu	Val	Ile	Ile	Ser	Phe	Pro	Ser	Gly
					420			425						430	
Ser	Pro	Pro	Leu	Arg	Lys	Lys	Val	Gln	Cys	Ile	Asp	Met	Asp	Ser	Leu
							435		440					445	
Ser	Phe	Gln	Leu	Gly	Leu	Tyr	Leu	Ser	Pro	His	Phe	Leu	Gln	Ala	Ser
						450		455			460				
Asn	Thr	Ile	Glu	Leu	Gly	Gln	Gln	Ala	Phe	Val	Gln	Val	Ser	Val	Ser
						465		470			475				480
Pro	Leu	Thr	Ser	Glu	Val	Thr	Val	Gln	Leu	Asp	Ser	Cys	His	Leu	Asp
						485			490					495	
Leu	Gly	Pro	Glu	Gly	Asp	Met	Val	Glu	Leu	Ile	Gln	Ser	Arg	Thr	Ala
						500			505					510	
Lys	Gly	Ser	Cys	Val	Thr	Leu	Leu	Ser	Pro	Ser	Pro	Glu	Gly	Asp	Pro
						515		520				525			
Arg	Phe	Ser	Phe	Leu	Leu	Arg	Val	Tyr	Met	Val	Pro	Thr	Pro	Thr	Ala
						530		535			540				
Gly	Thr	Leu	Ser	Cys	Asn	Leu	Ala	Leu	Arg	Pro	Ser	Thr	Leu	Ser	Gln

545 550 555 560

Glu Val Tyr Lys Thr Val Ser Met Arg Leu Asn Ile Val Ser Pro Asp  
565 570 575

Leu Ser Gly Lys Gly Leu Val Leu Pro Ser Val Leu Gly Ile Thr Phe  
580 585 590

Gly Ala Phe Leu Ile Gly Ala Leu Leu Thr Ala Ala Leu Trp Tyr Ile  
595 600 605

Tyr Ser His Thr Arg Glu Tyr Pro Lys Pro Pro Pro His Ser His Ser  
610 615 620

Lys Arg Ser Gly Pro Val His Thr Thr Pro Gly His Thr Gln Trp Ser  
625 630 635 640

Leu

<210> 8  
<211> 1929  
<212> ДНК  
<213> Mus musculus

<400> 8  
agcatggacc gtggcgtgct ccctctgccc attaccctgc tgtttgcatt ctatacgctt 60  
gtacccacaa caggtctcgc agaaagagtc ggctgtgatc tacagcctgt ggaccccaca 120  
aggggtgagg tgacgtttac caccagccag gtctccgagg gctgtgttagc tcaggctgcc 180  
aatgctgtgc gtgaagtcca cgttctttc ctggattttc ccggaaatgct gtcacatctg 240  
gagctgactc ttcaggcatc caagcaaaat ggcacggaga cccaggaggt gttcctggtc 300  
ctcggttcga acaaaaatgt cttcgtgaag ttccaggccc cgaaaatccc attgcacttg 360  
gcctacgact ccagcctgggt catttccaa ggacagccaa gagtcaacat cacagtgcata 420  
ccatccctta cctccaggaa acagatcctc gactggcag ccaccaaggg cgccatcacc 480  
tcgatagcag cactggatga cccccaaagc atcgtcctcc agttgggcca agacccaaag 540  
gcaccattct tgtgcttgcc agaagctcac aaggacatgg gcgccacact tgaatggcaa 600  
ccacgagccc agaccccaagt ccaaagctgt cgcttggaaag gtgtgtctgg ccacaaggag 660  
gcctacatcc tgaggatcct gccaggttct gaggccgggc cccggacggg gaccgtaatg 720  
atggaactga gttgcacatc tggggacgccc attctcatcc tgcattgtcc tccatatgtc 780  
tcctgggttca tcgacatcaa ccacagcatg cagatctga ccacaggtga atactccgtc 840  
aagatctttc caggaagcaa ggtcaaaggc gtggagctcc cagacacacacc ccaaggcctg 900  
atagcggagg cccgcaagct caatgccagc attgtcacct cctttgtaga gctccctctg 960

gtcagcaatg tctccctgag ggccctccagc tgccgggtg tgttccagac caccctgca	1020
cccgttgtga ccacacctcc caaggacaca tgcagccccg tgctactcat gtccctgatc	1080
cagccaaagt gtggcaatca ggtcatgact ctggcactca ataaaaaaca cgtgcagact	1140
ctccagtgca ccatcacagg cctgactttc tgggactcca gctgccaggc tgaagacact	1200
gacgaccatc ttgtcctgag tagcgcttac tccagctgctg gcatgaaaagt gacagccat	1260
gtggtcagca atgaggtgat catcagttc ccgtcaggct caccaccact tcggaaaaag	1320
gtacagtgca tcgacatgga cagcctctcc ttccagctgg gcctctaccc cagccgcac	1380
ttcctccagg catccaacac catcgaaacta ggccagcagg cttcgtaa ggtgagcgtg	1440
tctccattga cctctgaggt cacagtccag ctagatact gccatctgga cttggggccc	1500
gaaggggaca tggtggaact catccagagc cgaacagcca agggcagctg tgtgaccttg	1560
ctgtctccaa gccctgaagg tgacccacgc ttccagttcc tcctccgggt ctacatggtg	1620
cccacaccca ccgctggcac cctcagttgc aacttagctc tgcccccac cacctgtcc	1680
caggaagtct acaagacagt ctccatgcgc ctgaacatcg tcagccctga cctgtctgg	1740
aaaggccttg tcctgccctc tgtactgggt atcaccttg gtgccttcct gattggggcc	1800
ctgctcacag ctgcactctg gtacatctat tctcacacac gtgagtatcc caagcctcca	1860
ccccattccc acagcaagcg ctcaaggccc gtccacacca ccccgaaaaa caccagtg	1920
agcctctga	1929

<210> 9  
 <211> 561  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

<400> 9

Glu Thr Val His Cys Asp Leu Gln Pro Val Gly Pro Glu Arg Gly Glu			
1	5	10	15

Val Thr Tyr Thr Ser Gln Val Ser Lys Gly Cys Val Ala Gln Ala			
20	25	30	

Pro Asn Ala Ile Leu Glu Val His Val Leu Phe Leu Glu Phe Pro Thr			
35	40	45	

Gly Pro Ser Gln Leu Glu Leu Thr Leu Gln Ala Ser Lys Gln Asn Gly			
50	55	60	

Thr Trp Pro Arg Glu Val Leu Leu Val Leu Ser Val Asn Ser Ser Val			
65	70	75	80

Phe Leu His Leu Gln Ala Leu Gly Ile Pro Leu His Leu Ala Tyr Asn

85

90

95

Ser Ser Leu Val Thr Phe Gln Glu Pro Pro Gly Val Asn Thr Thr Glu  
100 105 110

Leu Pro Ser Phe Pro Lys Thr Gln Ile Leu Glu Trp Ala Ala Glu Arg  
115 120 125

Gly Pro Ile Thr Ser Ala Ala Glu Leu Asn Asp Pro Gln Ser Ile Leu  
130 135 140

Leu Arg Leu Gly Gln Ala Gln Gly Ser Leu Ser Phe Cys Met Leu Glu  
145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Met Gly Arg Thr Leu Glu Trp Arg Pro Arg Thr Pro  
165 170 175

Ala Leu Val Arg Gly Cys His Leu Glu Gly Val Ala Gly His Lys Glu  
180 185 190

Ala His Ile Leu Arg Val Leu Pro Gly His Ser Ala Gly Pro Arg Thr  
195 200 205

Val Thr Val Lys Val Glu Leu Ser Cys Ala Pro Gly Asp Leu Asp Ala  
210 215 220

Val Leu Ile Leu Gln Gly Pro Pro Tyr Val Ser Trp Leu Ile Asp Ala  
225 230 235 240

Asn His Asn Met Gln Ile Trp Thr Thr Gly Glu Tyr Ser Phe Lys Ile  
245 250 255

Phe Pro Glu Lys Asn Ile Arg Gly Phe Lys Leu Pro Asp Thr Pro Gln  
260 265 270

Gly Leu Leu Gly Glu Ala Arg Met Leu Asn Ala Ser Ile Val Ala Ser  
275 280 285

Phe Val Glu Leu Pro Leu Ala Ser Ile Val Ser Leu His Ala Ser Ser  
290 295 300

Cys Gly Gly Arg Leu Gln Thr Ser Pro Ala Pro Ile Gln Thr Thr Pro  
305 310 315 320

Pro Lys Asp Thr Cys Ser Pro Glu Leu Leu Met Ser Leu Ile Gln Thr  
325 330 335

Lys Cys Ala Asp Asp Ala Met Thr Leu Val Leu Lys Lys Glu Leu Val

340

345

350

Ala His Leu Lys Cys Thr Ile Thr Gly Leu Thr Phe Trp Asp Pro Ser  
355 360 365

Cys Glu Ala Glu Asp Arg Gly Asp Lys Phe Val Leu Arg Ser Ala Tyr  
370 375 380

Ser Ser Cys Gly Met Gln Val Ser Ala Ser Met Ile Ser Asn Glu Ala  
385 390 395 400

Val Val Asn Ile Leu Ser Ser Ser Pro Gln Arg Lys Lys Val His  
405 410 415

Cys Leu Asn Met Asp Ser Leu Ser Phe Gln Leu Gly Leu Tyr Leu Ser  
420 425 430

Pro His Phe Leu Gln Ala Ser Asn Thr Ile Glu Pro Gly Gln Gln Ser  
435 440 445

Phe Val Gln Val Arg Val Ser Pro Ser Val Ser Glu Phe Leu Leu Gln  
450 455 460

Leu Asp Ser Cys His Leu Asp Leu Gly Pro Glu Gly Gly Thr Val Glu  
465 470 475 480

Leu Ile Gln Gly Arg Ala Ala Lys Gly Asn Cys Val Ser Leu Leu Ser  
485 490 495

Pro Ser Pro Glu Gly Asp Pro Arg Phe Ser Phe Leu Leu His Phe Tyr  
500 505 510

Thr Val Pro Ile Pro Lys Thr Gly Thr Leu Ser Cys Thr Val Ala Leu  
515 520 525

Arg Pro Lys Thr Gly Ser Gln Asp Gln Glu Val His Arg Thr Val Phe  
530 535 540

Met Arg Leu Asn Ile Ile Ser Pro Asp Leu Ser Gly Cys Thr Ser Lys  
545 550 555 560

Gly

<210> 10  
<211> 555  
<212> PRT  
<213> Mus musculus

<400> 10

Glu Arg Val Gly Cys Asp Leu Gln Pro Val Asp Pro Thr Arg Gly Glu  
1 5 10 15

Val Thr Phe Thr Thr Ser Gln Val Ser Glu Gly Cys Val Ala Gln Ala  
20 25 30

Ala Asn Ala Val Arg Glu Val His Val Leu Phe Leu Asp Phe Pro Gly  
35 40 45

Met Leu Ser His Leu Glu Leu Thr Leu Gln Ala Ser Lys Gln Asn Gly  
50 55 60

Thr Glu Thr Arg Glu Val Phe Leu Val Leu Val Ser Asn Lys Asn Val  
65 70 75 80

Phe Val Lys Phe Gln Ala Pro Glu Ile Pro Leu His Leu Ala Tyr Asp  
85 90 95

Ser Ser Leu Val Ile Phe Gln Gly Gln Pro Arg Val Asn Ile Thr Val  
100 105 110

Leu Pro Ser Leu Thr Ser Arg Lys Gln Ile Leu Asp Trp Ala Ala Thr  
115 120 125

Lys Gly Ala Ile Thr Ser Ile Ala Ala Leu Asp Asp Pro Gln Ser Ile  
130 135 140

Val Leu Gln Leu Gly Gln Asp Pro Lys Ala Pro Phe Leu Cys Leu Pro  
145 150 155 160

Glu Ala His Lys Asp Met Gly Ala Thr Leu Glu Trp Gln Pro Arg Ala  
165 170 175

Gln Thr Pro Val Gln Ser Cys Arg Leu Glu Gly Val Ser Gly His Lys  
180 185 190

Glu Ala Tyr Ile Leu Arg Ile Leu Pro Gly Ser Glu Ala Gly Pro Arg  
195 200 205

Thr Val Thr Val Met Met Glu Leu Ser Cys Thr Ser Gly Asp Ala Ile  
210 215 220

Leu Ile Leu His Gly Pro Pro Tyr Val Ser Trp Phe Ile Asp Ile Asn  
225 230 235 240

His Ser Met Gln Ile Leu Thr Thr Gly Glu Tyr Ser Val Lys Ile Phe  
245 250 255

Pro Gly Ser Lys Val Lys Gly Val Glu Leu Pro Asp Thr Pro Gln Gly  
260 265 270

Leu Ile Ala Glu Ala Arg Lys Leu Asn Ala Ser Ile Val Thr Ser Phe  
275 280 285

Val Glu Leu Pro Leu Val Ser Asn Val Ser Leu Arg Ala Ser Ser Cys  
290 295 300

Gly Gly Val Phe Gln Thr Thr Pro Ala Pro Val Val Thr Thr Pro Pro  
305 310 315 320

Lys Asp Thr Cys Ser Pro Val Leu Leu Met Ser Leu Ile Gln Pro Lys  
325 330 335

Cys Gly Asn Gln Val Met Thr Leu Ala Leu Asn Lys Lys His Val Gln  
340 345 350

Thr Leu Gln Cys Thr Ile Thr Gly Leu Thr Phe Trp Asp Ser Ser Cys  
355 360 365

Gln Ala Glu Asp Thr Asp Asp His Leu Val Leu Ser Ser Ala Tyr Ser  
370 375 380

Ser Cys Gly Met Lys Val Thr Ala His Val Val Ser Asn Glu Val Ile  
385 390 395 400

Ile Ser Phe Pro Ser Gly Ser Pro Pro Leu Arg Lys Lys Val Gln Cys  
405 410 415

Ile Asp Met Asp Ser Leu Ser Phe Gln Leu Gly Leu Tyr Leu Ser Pro  
420 425 430

His Phe Leu Gln Ala Ser Asn Thr Ile Glu Leu Gly Gln Gln Ala Phe  
435 440 445

Val Gln Val Ser Val Ser Pro Leu Thr Ser Glu Val Thr Val Gln Leu  
450 455 460

Asp Ser Cys His Leu Asp Leu Gly Pro Glu Gly Asp Met Val Glu Leu  
465 470 475 480

Ile Gln Ser Arg Thr Ala Lys Gly Ser Cys Val Thr Leu Leu Ser Pro  
485 490 495

Ser Pro Glu Gly Asp Pro Arg Phe Ser Phe Leu Leu Arg Val Tyr Met  
500 505 510

Val Pro Thr Pro Thr Ala Gly Thr Leu Ser Cys Asn Leu Ala Leu Arg  
515 520 525

Pro Ser Thr Leu Ser Gln Glu Val Tyr Lys Thr Val Ser Met Arg Leu  
530 535 540

Asn Val Val Ser Pro Asp Leu Ser Gly Lys Gly  
545 550 555

<210> 11  
<211> 233  
<212> PRT  
<213> Homo sapiens

<400> 11

Gly Gly Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro  
1 5 10 15

Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys  
20 25 30

Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val  
35 40 45

Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr  
50 55 60

Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu  
65 70 75 80

Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His  
85 90 95

Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys  
100 105 110

Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln  
115 120 125

Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met  
130 135 140

Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro  
145 150 155 160

Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn  
165 170 175

Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu  
180 185 190

Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val  
195 200 205

Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln  
210 215 220

Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
225 230

<210> 12  
<211> 225  
<212> PRT  
<213> Homo sapiens

<400> 12

Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro  
1 5 10 15

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser  
20 25 30

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp  
35 40 45

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn  
50 55 60

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val  
65 70 75 80

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu  
85 90 95

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys  
100 105 110

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr  
115 120 125

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr  
130 135 140

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu  
145 150 155 160

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu  
165 170 175

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys  
180 185 190

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu  
195 200 205

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
210 215 220

Lys  
225

<210> 13  
<211> 21  
<212> PRT  
<213> Apis mellifera

<400> 13

Met Lys Phe Leu Val Asn Val Ala Leu Val Phe Met Val Val Tyr Ile  
1 5 10 15

Ser Tyr Ile Tyr Ala  
20

<210> 14  
<211> 22  
<212> PRT  
<213> Искусственная последовательность

<220>  
<223> Синтетический полипептид

<400> 14

Met Asp Ala Met Lys Arg Gly Leu Cys Cys Val Leu Leu Leu Cys Gly  
1 5 10 15

Ala Val Phe Val Ser Pro  
20

<210> 15  
<211> 25  
<212> PRT  
<213> Homo sapiens

<400> 15

Met Asp Arg Gly Thr Leu Pro Leu Ala Val Ala Leu Leu Leu Ala Ser  
1 5 10 15

Cys Ser Leu Ser Pro Thr Ser Leu Ala  
20 25

<210> 16  
<211> 820  
<212> PRT  
<213> Homo sapiens

<400> 16

Met Asp Ala Met Lys Arg Gly Leu Cys Cys Val Leu Leu Leu Cys Gly  
1 5 10 15

Ala Val Phe Val Ser Pro Gly Ala Glu Thr Val His Cys Asp Leu Gln  
20 25 30

Pro Val Gly Pro Glu Arg Asp Glu Val Thr Tyr Thr Thr Ser Gln Val  
35 40 45

Ser Lys Gly Cys Val Ala Gln Ala Pro Asn Ala Ile Leu Glu Val His  
50 55 60

Val Leu Phe Leu Glu Phe Pro Thr Gly Pro Ser Gln Leu Glu Leu Thr  
65 70 75 80

Leu Gln Ala Ser Lys Gln Asn Gly Thr Trp Pro Arg Glu Val Leu Leu  
85 90 95

Val Leu Ser Val Asn Ser Ser Val Phe Leu His Leu Gln Ala Leu Gly  
100 105 110

Ile Pro Leu His Leu Ala Tyr Asn Ser Ser Leu Val Thr Phe Gln Glu  
115 120 125

Pro Pro Gly Val Asn Thr Thr Glu Leu Pro Ser Phe Pro Lys Thr Gln  
130 135 140

Ile Leu Glu Trp Ala Ala Glu Arg Gly Pro Ile Thr Ser Ala Ala Glu  
145 150 155 160

Leu Asn Asp Pro Gln Ser Ile Leu Leu Arg Leu Gly Gln Ala Gln Gly  
165 170 175

Ser Leu Ser Phe Cys Met Leu Glu Ala Ser Gln Asp Met Gly Arg Thr  
180 185 190

Leu Glu Trp Arg Pro Arg Thr Pro Ala Leu Val Arg Gly Cys His Leu  
195 200 205

Glu Gly Val Ala Gly His Lys Glu Ala His Ile Leu Arg Val Leu Pro  
210 215 220

Gly His Ser Ala Gly Pro Arg Thr Val Thr Val Lys Val Glu Leu Ser  
225 230 235 240

Cys Ala Pro Gly Asp Leu Asp Ala Val Leu Ile Leu Gln Gly Pro Pro  
245 250 255

Tyr Val Ser Trp Leu Ile Asp Ala Asn His Asn Met Gln Ile Trp Thr  
260 265 270

Thr Gly Glu Tyr Ser Phe Lys Ile Phe Pro Glu Lys Asn Ile Arg Gly  
275 280 285

Phe Lys Leu Pro Asp Thr Pro Gln Gly Leu Leu Gly Glu Ala Arg Met  
290 295 300

Leu Asn Ala Ser Ile Val Ala Ser Phe Val Glu Leu Pro Leu Ala Ser  
305 310 315 320

Ile Val Ser Leu His Ala Ser Ser Cys Gly Gly Arg Leu Gln Thr Ser  
325 330 335

Pro Ala Pro Ile Gln Thr Thr Pro Pro Lys Asp Thr Cys Ser Pro Glu  
340 345 350

Leu Leu Met Ser Leu Ile Gln Thr Lys Cys Ala Asp Asp Ala Met Thr  
355 360 365

Leu Val Leu Lys Lys Glu Leu Val Ala His Leu Lys Cys Thr Ile Thr  
370 375 380

Gly Leu Thr Phe Trp Asp Pro Ser Cys Glu Ala Glu Asp Arg Gly Asp  
385 390 395 400

Lys Phe Val Leu Arg Ser Ala Tyr Ser Ser Cys Gly Met Gln Val Ser  
405 410 415

Ala Ser Met Ile Ser Asn Glu Ala Val Val Asn Ile Leu Ser Ser Ser  
420 425 430

Ser Pro Gln Arg Lys Lys Val His Cys Leu Asn Met Asp Ser Leu Ser  
435 440 445

Phe Gln Leu Gly Leu Tyr Leu Ser Pro His Phe Leu Gln Ala Ser Asn  
450 455 460

Thr Ile Glu Pro Gly Gln Gln Ser Phe Val Gln Val Arg Val Ser Pro  
465 470 475 480

Ser Val Ser Glu Phe Leu Leu Gln Leu Asp Ser Cys His Leu Asp Leu  
485 490 495

Gly Pro Glu Gly Gly Thr Val Glu Leu Ile Gln Gly Arg Ala Ala Lys  
500 505 510

Gly Asn Cys Val Ser Leu Leu Ser Pro Ser Pro Glu Gly Asp Pro Arg  
515 520 525

Phe Ser Phe Leu Leu His Phe Tyr Thr Val Pro Ile Pro Lys Thr Gly  
530 535 540

Thr Leu Ser Cys Thr Val Ala Leu Arg Pro Lys Thr Gly Ser Gln Asp  
545 550 555 560

Gln Glu Val His Arg Thr Val Phe Met Arg Leu Asn Ile Ile Ser Pro  
565 570 575

Asp Leu Ser Gly Cys Thr Ser Lys Gly Thr Gly Gly Pro Lys Ser  
580 585 590

Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu  
595 600 605

Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu  
610 615 620

Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser  
625 630 635 640

His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu  
645 650 655

Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr  
660 665 670

Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn  
675 680 685

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro  
690 695 700

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln  
705 710 715 720

Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val  
725 730 735

Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val  
740 745 750

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro  
755 760 765

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr  
770 775 780

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val  
785 790 795 800

Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu  
805 810 815

Ser Pro Gly Lys  
820

<210> 17  
<211> 2463  
<212> ДНК  
<213> Homo sapiens

<400> 17  
atggatcaa tgaagagagg gctctgctgt gtgctgctgc tgtgtggagc agtcttcgtt 60  
tcgccccggcg ccgaaaacagt ccatttgtac ctccagcctg tgggccccga gagggacgag 120  
gtgacatata ccactagcca ggtctcgaag ggctgcgtgg ctcaggcccc caatgccatc 180  
cttgaagtcc atgtcctctt cctggagttc ccaacgggcc cgtcacagct ggagctgact 240  
ctccaggcat ccaagcaaaa tggcacctgg ccccgagagg tgcttctggt cctcagtgt 300  
aacagcagtg tcttcctgca tctccaggcc ctgggaatcc cactgcactt ggcctacaat 360  
tccagcctgg tcaccttcca agagcccccg ggggtcaaca ccacagagct gccatccttc 420  
cccaagaccc agatccttga gtgggcagct gagaggggcc ccatcacctc tgctgctgag 480  
ctgaatgacc cccagagcat cctcctccga ctgggccaag cccaggggtc actgtccttc 540  
tgcatgctgg aagccagcca ggacatgggc cgcacgctcg agtggcggcc gcgtactcca 600  
gccttggtcc ggggctgcca ctttggaaaggc gtggccggcc acaaggagggc gcacatcctg 660  
agggtcctgc cgggcccactc ggccggggccc cggacggta cggtgaaggt ggaactgagc 720  
tgcgaccccg gggatctcga tgccgtcctc atcctgcagg gtccccccta cgtgtcctgg 780  
ctcatcgacg ccaaccacaa catgcagatc tggaccactg gagaatactc cttcaagatc 840  
tttccagaga aaaacattcg tggcttcaag ctcccgacaca cacctcaagg cctcctgggg 900

gaggcccgga	tgctcaatgc	cagcattgtg	gcatccttcg	tggagctacc	gctggccagc	960
attgtctcac	ttcatgcctc	cagctgcggt	ggtaggctgc	agacctcacc	cgcaccgatc	1020
cagaccactc	ctcccaagga	cactttagc	ccggagctgc	tcatgtcctt	gatccagaca	1080
aagtgtgccg	acgacgccc	gaccctggta	ctaaagaaag	agcttgttgc	gcatttgaag	1140
tgcaccatca	cgggcctgac	cttctggac	cccagctgtg	aggcagagga	caggggtgac	1200
aagtttgtct	tgcgcagtgc	ttactccagc	tgtggcatgc	aggtgtcagc	aagtatgatc	1260
agcaatgagg	cggtgtcaa	tatcctgtcg	agctcatcac	cacagcggaa	aaaggtgcac	1320
tgcctcaaca	tggacagcct	ctcttccag	ctgggcctct	acctcagccc	acacttcctc	1380
caggcctcca	acaccatcga	gccggggcag	cagagcttg	tgcaggtcag	agtgtcccc	1440
tccgtctccg	agttcctgct	ccagtttagac	agctgccacc	tggacttggg	gcctgaggga	1500
ggcacccgtgg	aactcatcca	gggcggggcg	gccaaggga	actgtgtgag	cctgctgtcc	1560
ccaagccccg	agggtgaccc	gcgcctcagc	ttcctcctcc	acttctacac	agtaccata	1620
cccaaaaaccg	gcaccctcag	ctgcacggta	gccctgcgtc	ccaagaccgg	gtctcaagac	1680
caggaagtcc	ataggactgt	cttcatgcgc	ttgaacatca	tcagccctga	cctgtctgg	1740
tgcacaagca	aaggcacccg	tggtgaccc	aaatcttgc	acaaaactca	cacatgccca	1800
ccgtgcccag	cacctgaact	cctgggggg	ccgtcagtct	tcctcttccc	cccaaaaaccc	1860
aaggacaccc	tcatgatctc	ccggacccct	gaggtcacat	gcgtgggtggt	ggacgtgagc	1920
cacgaagacc	ctgaggtcaa	gttcaactgg	tacgtggacg	gcgtggaggt	gcataatgcc	1980
aagacaaagc	cgcgggagga	gcagtacaac	agcacgtacc	gtgtggtcag	cgtcctcacc	2040
gtcctgcacc	aggactggct	aatggcaag	gagtacaagt	gcaaggctctc	caacaaagcc	2100
ctcccagccc	ccatcgagaa	aaccatctcc	aaagccaaag	ggcagccccg	agaaccacag	2160
gtgtacaccc	tgccccatc	ccgggaggag	atgaccaaga	accaggtcag	cctgacactgc	2220
ctggtcaaag	gcttctatcc	cagcgacatc	gccgtggagt	gggagagcaa	tggcagccg	2280
gagaacaact	acaagaccac	gcctcccgtg	ctggactccg	acggctcctt	cttcctctat	2340
agcaagctca	ccgtggacaa	gagcaggtgg	cagcagggga	acgttctctc	atgctccgtg	2400
atgcatgagg	ctctgcacaa	ccactacacg	cagaagagcc	tctccctgtc	cccggtaaa	2460
tga						2463

<210> 18  
 <211> 814  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

<400> 18

Met	Asp	Ala	Met	Lys	Arg	Gly	Leu	Cys	Cys	Val	Leu	Leu	Leu	Cys	Gly
1				5				10						15	

Ala Val Phe Val Ser Pro Gly Ala Glu Thr Val His Cys Asp Leu Gln  
20 25 30

Pro Val Gly Pro Glu Arg Asp Glu Val Thr Tyr Thr Ser Gln Val  
35 40 45

Ser Lys Gly Cys Val Ala Gln Ala Pro Asn Ala Ile Leu Glu Val His  
50 55 60

Val Leu Phe Leu Glu Phe Pro Thr Gly Pro Ser Gln Leu Glu Leu Thr  
65 70 75 80

Leu Gln Ala Ser Lys Gln Asn Gly Thr Trp Pro Arg Glu Val Leu Leu  
85 90 95

Val Leu Ser Val Asn Ser Ser Val Phe Leu His Leu Gln Ala Leu Gly  
100 105 110

Ile Pro Leu His Leu Ala Tyr Asn Ser Ser Leu Val Thr Phe Gln Glu  
115 120 125

Pro Pro Gly Val Asn Thr Thr Glu Leu Pro Ser Phe Pro Lys Thr Gln  
130 135 140

Ile Leu Glu Trp Ala Ala Glu Arg Gly Pro Ile Thr Ser Ala Ala Glu  
145 150 155 160

Leu Asn Asp Pro Gln Ser Ile Leu Leu Arg Leu Gly Gln Ala Gln Gly  
165 170 175

Ser Leu Ser Phe Cys Met Leu Glu Ala Ser Gln Asp Met Gly Arg Thr  
180 185 190

Leu Glu Trp Arg Pro Arg Thr Pro Ala Leu Val Arg Gly Cys His Leu  
195 200 205

Glu Gly Val Ala Gly His Lys Glu Ala His Ile Leu Arg Val Leu Pro  
210 215 220

Gly His Ser Ala Gly Pro Arg Thr Val Thr Val Lys Val Glu Leu Ser  
225 230 235 240

Cys Ala Pro Gly Asp Leu Asp Ala Val Leu Ile Leu Gln Gly Pro Pro  
245 250 255

Tyr Val Ser Trp Leu Ile Asp Ala Asn His Asn Met Gln Ile Trp Thr  
260 265 270

Thr Gly Glu Tyr Ser Phe Lys Ile Phe Pro Glu Lys Asn Ile Arg Gly  
275 280 285

Phe Lys Leu Pro Asp Thr Pro Gln Gly Leu Leu Gly Glu Ala Arg Met  
290 295 300

Leu Asn Ala Ser Ile Val Ala Ser Phe Val Glu Leu Pro Leu Ala Ser  
305 310 315 320

Ile Val Ser Leu His Ala Ser Ser Cys Gly Gly Arg Leu Gln Thr Ser  
325 330 335

Pro Ala Pro Ile Gln Thr Thr Pro Pro Lys Asp Thr Cys Ser Pro Glu  
340 345 350

Leu Leu Met Ser Leu Ile Gln Thr Lys Cys Ala Asp Asp Ala Met Thr  
355 360 365

Leu Val Leu Lys Lys Glu Leu Val Ala His Leu Lys Cys Thr Ile Thr  
370 375 380

Gly Leu Thr Phe Trp Asp Pro Ser Cys Glu Ala Glu Asp Arg Gly Asp  
385 390 395 400

Lys Phe Val Leu Arg Ser Ala Tyr Ser Ser Cys Gly Met Gln Val Ser  
405 410 415

Ala Ser Met Ile Ser Asn Glu Ala Val Val Asn Ile Leu Ser Ser Ser  
420 425 430

Ser Pro Gln Arg Lys Lys Val His Cys Leu Asn Met Asp Ser Leu Ser  
435 440 445

Phe Gln Leu Gly Leu Tyr Leu Ser Pro His Phe Leu Gln Ala Ser Asn  
450 455 460

Thr Ile Glu Pro Gly Gln Gln Ser Phe Val Gln Val Arg Val Ser Pro  
465 470 475 480

Ser Val Ser Glu Phe Leu Leu Gln Leu Asp Ser Cys His Leu Asp Leu  
485 490 495

Gly Pro Glu Gly Gly Thr Val Glu Leu Ile Gln Gly Arg Ala Ala Lys  
500 505 510

Gly Asn Cys Val Ser Leu Leu Ser Pro Ser Pro Glu Gly Asp Pro Arg  
515 520 525

Phe Ser Phe Leu Leu His Phe Tyr Thr Val Pro Ile Pro Lys Thr Gly  
530 535 540

Thr Leu Ser Cys Thr Val Ala Leu Arg Pro Lys Thr Gly Ser Gln Asp  
545 550 555 560

Gln Glu Val His Arg Thr Val Phe Met Arg Leu Asn Ile Ile Ser Pro  
565 570 575

Asp Leu Ser Gly Cys Thr Ser Lys Gly Thr Gly Gly Thr His Thr  
580 585 590

Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe  
595 600 605

Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro  
610 615 620

Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val  
625 630 635 640

Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr  
645 650 655

Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val  
660 665 670

Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys  
675 680 685

Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser  
690 695 700

Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro  
705 710 715 720

Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val  
725 730 735

Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly  
740 745 750

Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp  
755 760 765

Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp  
770 775 780

Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His  
785 790 795 800

Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
805 810

<210> 19  
<211> 821  
<212> PRT  
<213> Mus musculus

<400> 19

Met Asp Ala Met Lys Arg Gly Leu Cys Cys Val Leu Leu Leu Cys Gly  
1 5 10 15

Ala Val Phe Val Ser Pro Gly Gly Glu Arg Val Gly Cys Asp Leu Gln  
20 25 30

Pro Val Asp Pro Thr Arg Gly Glu Val Thr Phe Thr Thr Ser Gln Val  
35 40 45

Ser Glu Gly Cys Val Ala Gln Ala Ala Asn Ala Val Arg Glu Val His  
50 55 60

Val Leu Phe Leu Asp Phe Pro Gly Met Leu Ser His Leu Glu Leu Thr  
65 70 75 80

Leu Gln Ala Ser Lys Gln Asn Gly Thr Glu Thr Gln Glu Val Phe Leu  
85 90 95

Val Leu Val Ser Asn Lys Asn Val Phe Val Lys Phe Gln Ala Pro Glu  
100 105 110

Ile Pro Leu His Leu Ala Tyr Asp Ser Ser Leu Val Ile Phe Gln Gly  
115 120 125

Gln Pro Arg Val Asn Ile Thr Val Leu Pro Ser Leu Thr Ser Arg Lys  
130 135 140

Gln Ile Leu Asp Trp Ala Ala Thr Lys Gly Ala Ile Thr Ser Ile Ala  
145 150 155 160

Ala Leu Asp Asp Pro Gln Ser Ile Val Leu Gln Leu Gly Gln Asp Pro  
165 170 175

Lys Ala Pro Phe Leu Cys Leu Pro Glu Ala His Lys Asp Met Gly Ala  
180 185 190

Thr Leu Glu Trp Gln Pro Arg Ala Gln Thr Pro Val Gln Ser Cys Arg  
195 200 205

Leu Glu Gly Val Ser Gly His Lys Glu Ala Tyr Ile Leu Arg Ile Leu  
210 215 220

Pro Gly Ser Glu Ala Gly Pro Arg Thr Val Thr Val Met Met Glu Leu  
225 230 235 240

Ser Cys Thr Ser Gly Asp Ala Ile Leu Ile Leu His Gly Pro Pro Tyr  
245 250 255

Val Ser Trp Phe Ile Asp Ile Asn His Ser Met Gln Ile Leu Thr Thr  
260 265 270

Gly Glu Tyr Ser Val Lys Ile Phe Pro Gly Ser Lys Val Lys Gly Val  
275 280 285

Glu Leu Pro Asp Thr Pro Gln Gly Leu Ile Ala Glu Ala Arg Lys Leu  
290 295 300

Asn Ala Ser Ile Val Thr Ser Phe Val Glu Leu Pro Leu Val Ser Asn  
305 310 315 320

Val Ser Leu Arg Ala Ser Ser Cys Gly Gly Val Phe Gln Thr Thr Pro  
325 330 335

Ala Pro Val Val Thr Thr Pro Pro Lys Asp Thr Cys Ser Pro Val Leu  
340 345 350

Leu Met Ser Leu Ile Gln Pro Lys Cys Gly Asn Gln Val Met Thr Leu  
355 360 365

Ala Leu Asn Lys Lys His Val Gln Thr Leu Gln Cys Thr Ile Thr Gly  
370 375 380

Leu Thr Phe Trp Asp Ser Ser Cys Gln Ala Glu Asp Thr Asp Asp His  
385 390 395 400

Leu Val Leu Ser Ser Ala Tyr Ser Ser Cys Gly Met Lys Val Thr Ala  
405 410 415

His Val Val Ser Asn Glu Val Ile Ile Ser Phe Pro Ser Gly Ser Pro  
420 425 430

Pro Leu Arg Lys Lys Val Gln Cys Ile Asp Met Asp Ser Leu Ser Phe  
435 440 445

Gln Leu Gly Leu Tyr Leu Ser Pro His Phe Leu Gln Ala Ser Asn Thr  
450 455 460

Ile Glu Leu Gly Gln Gln Ala Phe Val Gln Val Ser Val Ser Pro Leu  
465 470 475 480

Thr Ser Glu Val Thr Val Gln Leu Asp Ser Cys His Leu Asp Leu Gly  
485 490 495

Pro Glu Gly Asp Met Val Glu Leu Ile Gln Ser Arg Thr Ala Lys Gly  
500 505 510

Ser Cys Val Thr Leu Leu Ser Pro Ser Pro Glu Gly Asp Pro Arg Phe  
515 520 525

Ser Phe Leu Leu Arg Val Tyr Met Val Pro Thr Pro Thr Ala Gly Thr  
530 535 540

Leu Ser Cys Asn Leu Ala Leu Arg Pro Ser Thr Leu Ser Gln Glu Val  
545 550 555 560

Tyr Lys Thr Val Ser Met Arg Leu Asn Ile Val Ser Pro Asp Leu Ser  
565 570 575

Gly Lys Gly Thr Gly Gly Glu Pro Arg Val Pro Ile Thr Gln Asn  
580 585 590

Pro Cys Pro Pro Leu Lys Glu Cys Pro Pro Cys Ala Ala Pro Asp Leu  
595 600 605

Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Lys Ile Lys Asp Val  
610 615 620 640

Leu Met Ile Ser Leu Ser Pro Met Val Thr Cys Val Val Val Asp Val  
625 630 635 640

Ser Glu Asp Asp Pro Asp Val Gln Ile Ser Trp Phe Val Asn Asn Val  
645 650 655

Glu Val His Thr Ala Gln Thr Gln Thr His Arg Glu Asp Tyr Asn Ser  
660 665 670

Thr Leu Arg Val Val Ser Ala Leu Pro Ile Gln His Gln Asp Trp Met  
675 680 685

Ser Gly Lys Glu Phe Lys Cys Lys Val Asn Asn Arg Ala Leu Pro Ser  
690 695 700

Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Pro Arg Gly Pro Val Arg Ala Pro  
705 710 715 720

Gln Val Tyr Val Leu Pro Pro Ala Glu Glu Met Thr Lys Lys Glu  
725 730 735

Phe Ser Leu Thr Cys Met Ile Thr Gly Phe Leu Pro Ala Glu Ile Ala  
740 745 750

Val Asp Trp Thr Ser Asn Gly Arg Thr Glu Gln Asn Tyr Lys Asn Thr  
755 760 765

Ala Thr Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Tyr Phe Met Tyr Ser Lys Leu  
770 775 780

Arg Val Gln Lys Ser Thr Trp Glu Arg Gly Ser Leu Phe Ala Cys Ser  
785 790 795 800

Val Val His Glu Gly Leu His Asn His Leu Thr Thr Lys Thr Ile Ser  
805 810 815

Arg Ser Leu Gly Lys  
820

<210> 20  
<211> 2466  
<212> ДНК  
<213> Mus musculus

<400> 20  
atggatgcaa tgaagagagg gctctgctgt gtgctgctgc tgtgtggagc agtcttcgtt 60  
tcgcccggcg gggaaagagt cggctgttat ctacagcctg tggaccccac aaggggtgag 120  
gtgacgttta ccaccagcca ggtctccgag ggctgttag ctcaggctgc caatgctgt 180  
cgtgaagtcc acgttctttt cctggatttt cccggaatgc tgtcacatct ggagctgact 240  
cttcaggcat ccaagcaaaa tggcacggag acccaggagg tggcctggg cctcggttcg 300  
aacaaaaatg tcttcgtgaa gttccaggcc ccggaaatcc cattgcactt ggcctacgac 360  
tccagcctgg tcatcttcca aggacagcca agagtcaaca tcacagtgc accatccctt 420  
acctccagga aacagatcct cgactggca gccaccaagg gcgccatcac ctcgatagca 480  
gcactggatg acccccaaag catcgtcctc cagttggcc aagacccaaa ggcaccattc 540  
ttgtgcttgc cagaagctca caaggacatg ggcgccacac ttgaatggca accacgagcc 600  
cagaccccaag tccaaagctg tcgcttgaa ggtgtgtctg gccacaagga ggcctacatc 660  
ctgaggatcc tgccaggttc tgaggccggg cccggacgg tgaccgtaat gatggaactg 720  
agttgcacat ctggggacgc cattctcatc ctgcattgtc ctccatatgt ctcctggttc 780

atcgacatca	accacagcat	gcagatcttg	accacaggtg	aataactccgt	caagatcttt	840
ccaggaagca	aggtaaaagg	cgtggagctc	ccagacacac	cccaaggcct	gatagcggag	900
gcccccaagc	tcaatgccag	cattgtcacc	tcctttgtag	agctccctct	ggtcagcaat	960
gtctccctga	gggcctccag	ctgcggtggt	gtgttccaga	ccacccctgc	accgcgttg	1020
accacaccc	ccaaggacac	atgcagcccc	gtgctactca	tgtccctgat	ccagccaaag	1080
tgtggcaatc	aggtcatgac	tctggcactc	aataaaaaac	acgtgcagac	tctccagtgc	1140
accatcacag	gcctgacttt	ctgggactcc	agctgccagg	ctgaagacac	tgacgaccat	1200
cttgcctga	gtagcgcccta	ctccagctgc	ggcatgaaag	tgacagccc	tgtggtcagc	1260
aatgaggtga	tcatcagttt	ccgtcaggc	tcaccaccac	ttcggaaaaa	gtacagtgc	1320
atcgacatgg	acagcctctc	cttccagctg	ggcctctacc	tcagcccgca	cttcctccag	1380
gcatccaaca	ccatcgaaact	aggccagcag	gccttcgtac	aggtgagcgt	gtctccattg	1440
acctctgagg	tcacagtcca	gctagatagc	tgccatctgg	acttggggcc	cgaaggggac	1500
atggtggAAC	tcatccagAG	ccgaacAGCC	aagggcagCT	gtgtgacCtt	gctgtctCCA	1560
agccctgaag	gtgacccacG	cttcagCTC	ctcctccGGG	tctacatGGT	gcccacacCC	1620
accgctggca	ccctcagTTG	caacttagCT	ctgcgcCTA	gcacCTGTC	ccagGAAGTC	1680
tacaagacag	tctccatGCG	cctgaacATC	gtcagCCtG	acctgtCTGG	taaaggcacc	1740
ggtgtgggtg	agcccagAGT	gcccataACA	cagaACCCt	gtcctCCACT	caaagagtGT	1800
ccccatgcg	cagtcCAGA	cctttGGGT	ggaccatCCG	tcttcatCTT	ccctccAAAG	1860
atcaaggatg	tactcatgat	ctccctgAGC	cccatggTC	catgtgtGGT	ggtgatgtG	1920
agcgaggatg	acccagacGT	ccagatcAGC	tggTTTGTA	acaacgtGGA	agtacacaca	1980
gctcagacac	aaACCCATAG	agaggattAC	aacagtACTC	tccgggtGGT	cagtGCCCTC	2040
cccatccAGC	accaggACTG	gatgagtGGC	aaggAGTTCA	aatgcaAGGT	caacaacAGA	2100
gccctccCAT	ccccatGGA	gaaaACCATC	tcaAAACCCA	gaggGGCCAGT	aagagCTCCA	2160
caggtatatg	tcttgCCTCC	accagcAGAA	gagatgACTA	agaaAGAGTT	cagtCTGACC	2220
tgcatgatca	caggCTTCTT	actgCCGAA	attgCTGTGG	actggaccAG	caatGGGCGT	2280
acagagcaaa	actacaAGAA	caccGCAACA	gtcctggACT	ctgatggTTc	ttacttcatG	2340
tacagcaAGC	tcagagtACA	aaagAGCCT	tgggAAAGAG	gaagtCTTTT	cgcctgCTCA	2400
gtggTCCACG	agggtCTGCA	caatCACCTT	acgactaAGA	ccatCTCCCG	gtctCTGGGT	2460
aaatga						2466

<210> 21  
 <211> 671  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

<400> 21

Met Asp Ala Met Lys Arg Gly Leu Cys Cys Val Leu Leu Leu Cys Gly  
1 5 10 15

Ala Val Phe Val Ser Pro Gly Ala Glu Thr Val His Cys Asp Leu Gln  
20 25 30

Pro Val Gly Pro Glu Arg Asp Glu Val Thr Tyr Thr Ser Gln Val  
35 40 45

Ser Lys Gly Cys Val Ala Gln Ala Pro Asn Ala Ile Leu Glu Val His  
50 55 60

Val Leu Phe Leu Glu Phe Pro Thr Gly Pro Ser Gln Leu Glu Leu Thr  
65 70 75 80

Leu Gln Ala Ser Lys Gln Asn Gly Thr Trp Pro Arg Glu Val Leu Leu  
85 90 95

Val Leu Ser Val Asn Ser Ser Val Phe Leu His Leu Gln Ala Leu Gly  
100 105 110

Ile Pro Leu His Leu Ala Tyr Asn Ser Ser Leu Val Thr Phe Gln Glu  
115 120 125

Pro Pro Gly Val Asn Thr Thr Glu Leu Pro Ser Phe Pro Lys Thr Gln  
130 135 140

Ile Leu Glu Trp Ala Ala Glu Arg Gly Pro Ile Thr Ser Ala Ala Glu  
145 150 155 160

Leu Asn Asp Pro Gln Ser Ile Leu Leu Arg Leu Gly Gln Ala Gln Gly  
165 170 175

Ser Leu Ser Phe Cys Met Leu Glu Ala Ser Gln Asp Met Gly Arg Thr  
180 185 190

Leu Glu Trp Arg Pro Arg Thr Pro Ala Leu Val Arg Gly Cys His Leu  
195 200 205

Glu Gly Val Ala Gly His Lys Glu Ala His Ile Leu Arg Val Leu Pro  
210 215 220

Gly His Ser Ala Gly Pro Arg Thr Val Thr Val Lys Val Glu Leu Ser  
225 230 235 240

Cys Ala Pro Gly Asp Leu Asp Ala Val Leu Ile Leu Gln Gly Pro Pro

245                    250                    255

Tyr Val Ser Trp Leu Ile Asp Ala Asn His Asn Met Gln Ile Trp Thr  
260                    265                    270

Thr Gly Glu Tyr Ser Phe Lys Ile Phe Pro Glu Lys Asn Ile Arg Gly  
275                    280                    285

Phe Lys Leu Pro Asp Thr Pro Gln Gly Leu Leu Gly Glu Ala Arg Met  
290                    295                    300

Leu Asn Ala Ser Ile Val Ala Ser Phe Val Glu Leu Pro Leu Ala Ser  
305                    310                    320

Ile Val Ser Leu His Ala Ser Ser Cys Gly Gly Arg Leu Gln Thr Ser  
325                    330                    335

Pro Ala Pro Ile Gln Thr Thr Pro Pro Lys Asp Thr Cys Ser Pro Glu  
340                    345                    350

Leu Leu Met Ser Leu Ile Gln Thr Lys Cys Ala Asp Asp Ala Met Thr  
355                    360                    365

Leu Val Leu Lys Lys Glu Leu Val Ala His Leu Lys Cys Thr Ile Thr  
370                    375                    380

Gly Leu Thr Phe Trp Asp Pro Ser Cys Glu Ala Glu Asp Arg Gly Asp  
385                    390                    395                    400

Lys Phe Val Leu Arg Ser Ala Tyr Ser Ser Cys Gly Met Gln Val Ser  
405                    410                    415

Ala Ser Met Ile Ser Asn Glu Ala Val Val Asn Ile Leu Ser Ser Ser  
420                    425                    430

Ser Pro Gln Arg Thr Gly Gly Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His  
435                    440                    445

Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val  
450                    455                    460

Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr  
465                    470                    475                    480

Pro Glu Val Thr Cys Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu  
485                    490                    495

Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys

500	505	510				
Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser						
515	520	525				
Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys						
530	535	540				
Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile						
545	550	555				
Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro						
565	570	575				
Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu						
580	585	590				
Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn						
595	600	605				
Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser						
610	615	620				
Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg						
625	630	635				
Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu						
645	650	655				
His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys						
660	665	670				
<210> 22						
<211> 2016						
<212> ДНК						
<213> Homo sapiens						
<400> 22						
atggatgcaa	tgaagagagg	gctctgctgt	gtgctgctgc	tgtgtggagc	agtcttcgtt	60
tcgcccggcg	ccgaaacagt	ccattgtgac	cttcagcctg	tgggccccga	gagggacgag	120
gtgacatata	ccactagcca	ggtctcgaag	ggctgcgtgg	ctcaggcccc	caatgccatc	180
cttgaagtcc	atgtcctttt	cctggagttc	ccaacgggcc	cgtcacagct	ggagctgact	240
ctccaggcat	ccaagcaaaa	tggcacctgg	ccccgagagg	tgttctgggt	cctcagtgtta	300
aacagcagtg	tcttcctgca	tctccaggcc	ctgggaatcc	cactgcactt	ggcctacaat	360
tccagcctgg	tcaccttcca	agagccccc	ggggtaaca	ccacagagct	gccatccttc	420
cccaagaccc	agatccttga	gtggcagct	gagagggggcc	ccatcacctc	tgctgctgag	480

ctgaatgacc	cccagagcat	cctcctccga	ctgggc当地	cccaggggtc	actgtc当地	540
tgc当地	aagccagcca	ggacatgggc	cgc当地	agtggc当地	gc当地	600
gc当地	ggggctgcca	ctt当地	gtggcc当地	acaaggaggc	gc当地	660
agggtc当地	cgggccc当地	ggcc当地	c当地	cggt当地	ggaactg当地	720
tgc当地	gggatctc当地	tgcc当地	atc当地	gtcccc当地	c当地	780
ctc当地	ccaacc当地	catc当地	t当地	gaga当地	ctt当地	840
ttt当地	aaaacattc当地	t当地	ctccc当地	c当地	c当地	900
gaggccc当地	tgctcaatgc当地	c当地	gc当地	t当地	gctggcc当地	960
attgtctc当地	ttcatgc当地	c当地	ggt当地	agac当地	c当地	1020
c当地	ctccc当地	c当地	ccgg当地	t当地	gatcc当地	1080
aagtgtcc当地	acgacgccc当地	gacc当地	ctaa当地	agctt当地	gc当地	1140
tgc当地	cggglocal	ctt当地	ccc当地	aggc当地	c当地	1200
aagtttgtct当地	tgc当地	ttactcc当地	t当地	aggtgt当地	aagtat当地	1260
agcaatgagg当地	c当地	t当地	agctcat当地	c当地	c当地	1320
cccaaata当地	gtgaca当地	tc当地	ccacc当地	c当地	actc当地	1380
ggaccgtc当地	t当地	cccc当地	ccca当地	ccct当地	ctccc当地	1440
c当地	catgc当地	gt当地	ggt当地	agcc当地	accct当地	1500
tggta当地	acggc当地	ggt当地	gc当地	agcc当地	gaggt当地	1560
aacagcac当地	accgt当地	c当地	accgt当地	accaggact当地	gct当地	1620
aaggagta当地	agt当地	ctcca当地	gccc当地	ccccat当地	gaaaacc当地	1680
tccaaagcca当地	aagggc当地	ccgaga当地	c当地	ccctg当地	atccc当地	1740
gagatgacca当地	agaacc当地	c当地	t当地	aaggctt当地	tccc当地	1800
atc当地	gtggagag当地	caatgg当地	ccgg当地	actaca当地	cacgc当地	1860
gtgctggact当地	ccgacgg当地	ctt当地	t当地	tcaccgt当地	caagag当地	1920
tggc当地	ggaacgt当地	ctcatg当地	gtgatg当地	aggct当地	t当地	1980
acgc当地	agaaga当地	gc当地	gtcccc当地	gggt当地	aaat当地	2016

<210> 23  
<211> 606  
<212> PRT  
<213> Homo sapiens

<400> 23

Met	Asp	Ala	Met	Lys	Arg	Gly	Leu	Cys	Cys	Val	Leu	Leu	Cys	Gly
1							5				10			15

Ala Val Phe Val Ser Pro Gly Ala Glu Thr Val His Cys Asp Leu Gln  
20 25 30

Pro Val Gly Pro Glu Arg Asp Glu Val Thr Tyr Thr Ser Gln Val  
35 40 45

Ser Lys Gly Cys Val Ala Gln Ala Pro Asn Ala Ile Leu Glu Val His  
50 55 60

Val Leu Phe Leu Glu Phe Pro Thr Gly Pro Ser Gln Leu Glu Leu Thr  
65 70 75 80

Leu Gln Ala Ser Lys Gln Asn Gly Thr Trp Pro Arg Glu Val Leu Leu  
85 90 95

Val Leu Ser Val Asn Ser Ser Val Phe Leu His Leu Gln Ala Leu Gly  
100 105 110

Ile Pro Leu His Leu Ala Tyr Asn Ser Ser Leu Val Thr Phe Gln Glu  
115 120 125

Pro Pro Gly Val Asn Thr Thr Glu Leu Pro Ser Phe Pro Lys Thr Gln  
130 135 140

Ile Leu Glu Trp Ala Ala Glu Arg Gly Pro Ile Thr Ser Ala Ala Glu  
145 150 155 160

Leu Asn Asp Pro Gln Ser Ile Leu Leu Arg Leu Gly Gln Ala Gln Gly  
165 170 175

Ser Leu Ser Phe Cys Met Leu Glu Ala Ser Gln Asp Met Gly Arg Thr  
180 185 190

Leu Glu Trp Arg Pro Arg Thr Pro Ala Leu Val Arg Gly Cys His Leu  
195 200 205

Glu Gly Val Ala Gly His Lys Glu Ala His Ile Leu Arg Val Leu Pro  
210 215 220

Gly His Ser Ala Gly Pro Arg Thr Val Thr Val Lys Val Glu Leu Ser  
225 230 235 240

Cys Ala Pro Gly Asp Leu Asp Ala Val Leu Ile Leu Gln Gly Pro Pro  
245 250 255

Tyr Val Ser Trp Leu Ile Asp Ala Asn His Asn Met Gln Ile Trp Thr  
260 265 270

Thr Gly Glu Tyr Ser Phe Lys Ile Phe Pro Glu Lys Asn Ile Arg Gly  
275 280 285

Phe Lys Leu Pro Asp Thr Pro Gln Gly Leu Leu Gly Glu Ala Arg Met  
290 295 300

Leu Asn Ala Ser Ile Val Ala Ser Phe Val Glu Leu Pro Leu Ala Ser  
305 310 315 320

Ile Val Ser Leu His Ala Ser Ser Cys Gly Gly Arg Leu Gln Thr Ser  
325 330 335

Pro Ala Pro Ile Gln Thr Thr Pro Pro Lys Asp Thr Cys Ser Pro Glu  
340 345 350

Leu Leu Met Ser Leu Ile Gln Thr Lys Cys Ala Asp Asp Ala Met Thr  
355 360 365

Leu Val Leu Lys Lys Glu Leu Val Ala Thr Gly Gly Thr His Thr  
370 375 380

Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe  
385 390 395 400

Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro  
405 410 415

Glu Val Thr Cys Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val  
420 425 430

Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr  
435 440 445

Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val  
450 455 460

Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys  
465 470 475 480

Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser  
485 490 495

Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro  
500 505 510

Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val  
515 520 525

Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly  
530 535 540

Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp  
545 550 555 560

Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp  
565 570 575

Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His  
580 585 590

Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
595 600 605

<210> 24

<211> 1821

<212> ДНК

<213> Homo sapiens

<400> 24

atggatgcaa tgaagagagg gctctgctgt gtgctgctgc tgtgtggagc agtcttcgtt 60  
tcgccccggcg ccgaaacagt ccattgtgac cttcagcctg tggggcccccga gagggacgag 120  
gtgacatata ccactagcca ggtctcgaag ggctgcgtgg ctcaggcccc caatgccatc 180  
cttgaagtcc atgtcctctt cctggagttc ccaacgggcc cgtcacagct ggagctgact 240  
ctccaggcat ccaagcaaaa tggcacctgg ccccgagagg tgcttctggg cctcagtgtta 300  
aacagcagtg tcttcctgca tctccaggcc ctgggaatcc cactgcactt ggcctacaat 360  
tccagcctgg tcaccttcca agagcccccg ggggtcaaca ccacagagct gccatccttc 420  
cccaagaccc agatccttga gtgggcagct gagagggggcc ccatcacctc tgctgctgag 480  
ctgaatgacc cccagagcat ctcctccga ctgggccaag cccaggggtc actgtccttc 540  
tgcatgctgg aagccagcca ggacatgggc cgcacgctg agtggcggcc gcgtactcca 600  
gccttggtcc ggggctgcca cttggaaggc gtggccggcc acaaggaggc gcacatcctg 660  
agggtcctgc cggccactc ggccggggccc cggacggta cggtgaaggt ggaactgagc 720  
tgcgcacccg gggatctcga tgccgtcctc atcctgcagg gtccccctta cgtgtcctgg 780  
ctcatcgacg ccaaccacaa catcgagatc tggaccactg gagaatactc cttcaagatc 840  
tttccagaga aaaacattcg tggcttcaag ctcccagaca cacctaagg cctcctgggg 900  
gaggccccga tgctcaatgc cagcattgtg gcatcctcg tggagctacc gctggccagc 960  
attgtctcac ttcatgcctc cagctgcgtt ggtaggctgc agacctcacc cgcaccgatc 1020  
cagaccactc ctcccaagga cactttagc ccggagctgc tcatgtcctt gatccagaca 1080  
aagtgtgccg acgacgcccatt gaccctggta ctaaagaaag agcttgttgc gaccgggtgg 1140

ggaactcaca	catgccacc	gtgcccagca	cctgaactcc	tggggggacc	gtcagtcttc	1200
ctcttcccc	caaaacccaa	ggacaccctc	atgatctccc	ggaccctga	ggtcacatgc	1260
gtggtgtgg	acgtgagcca	cgaagaccct	gaggtcaagt	tcaactggta	cgtggacggc	1320
gtggagggtgc	ataatgccaa	gacaaagccg	cgggaggagc	agtacaacag	cacgtaccgt	1380
gtggtcagcg	tcctcaccgt	cctgcaccag	gactggctga	atggcaagga	gtacaagtgc	1440
aaggctcca	acaaagccct	cccagccccc	atcgagaaaa	ccatctccaa	agccaaaggg	1500
cagccccgag	aaccacaggt	gtacaccctg	ccccatccc	gggaggagat	gaccaagaac	1560
caggtcagcc	tgacctgcct	ggtcaaaggc	ttctatccca	gcgacatcgc	cgtggagtgg	1620
gagagcaatg	ggcagccgga	gaacaactac	aagaccacgc	ctcccgtgct	ggactccgac	1680
ggctccttct	tcctctatag	caagctcacc	gtggacaaga	gcaggtggca	gcagggaaac	1740
gtcttctcat	gctccgtgat	gcatgaggct	ctgcacaacc	actacacgca	gaagagcctc	1800
tccctgtccc	cggtaaatg	a				1821

<210> 25  
 <211> 593  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

<400> 25

Met	Asp	Ala	Met	Lys	Arg	Gly	Leu	Cys	Cys	Val	Leu	Leu	Leu	Cys	Gly
1				5				10					15		

Ala	Val	Phe	Val	Ser	Pro	Gly	Ala	Glu	Thr	Val	His	Cys	Asp	Leu	Gln
				20				25				30			

Pro	Val	Gly	Pro	Glu	Arg	Asp	Glu	Val	Thr	Tyr	Thr	Thr	Ser	Gln	Val
					35			40				45			

Ser	Lys	Gly	Cys	Val	Ala	Gln	Ala	Pro	Asn	Ala	Ile	Leu	Glu	Val	His
	50					55					60				

Val	Leu	Phe	Leu	Glu	Phe	Pro	Thr	Gly	Pro	Ser	Gln	Leu	Glu	Leu	Thr
65					70				75			80			

Leu	Gln	Ala	Ser	Lys	Gln	Asn	Gly	Thr	Trp	Pro	Arg	Glu	Val	Leu	Leu
				85				90				95			

Val	Leu	Ser	Val	Asn	Ser	Ser	Val	Phe	Leu	His	Leu	Gln	Ala	Leu	Gly
				100				105				110			

Ile	Pro	Leu	His	Leu	Ala	Tyr	Asn	Ser	Ser	Leu	Val	Thr	Phe	Gln	Glu
					115			120				125			

Pro Pro Gly Val Asn Thr Thr Glu Leu Pro Ser Phe Pro Lys Thr Gln  
130 135 140

Ile Leu Glu Trp Ala Ala Glu Arg Gly Pro Ile Thr Ser Ala Ala Glu  
145 150 155 160

Leu Asn Asp Pro Gln Ser Ile Leu Leu Arg Leu Gly Gln Ala Gln Gly  
165 170 175

Ser Leu Ser Phe Cys Met Leu Glu Ala Ser Gln Asp Met Gly Arg Thr  
180 185 190

Leu Glu Trp Arg Pro Arg Thr Pro Ala Leu Val Arg Gly Cys His Leu  
195 200 205

Glu Gly Val Ala Gly His Lys Glu Ala His Ile Leu Arg Val Leu Pro  
210 215 220

Gly His Ser Ala Gly Pro Arg Thr Val Thr Val Lys Val Glu Leu Ser  
225 230 235 240

Cys Ala Pro Gly Asp Leu Asp Ala Val Leu Ile Leu Gln Gly Pro Pro  
245 250 255

Tyr Val Ser Trp Leu Ile Asp Ala Asn His Asn Met Gln Ile Trp Thr  
260 265 270

Thr Gly Glu Tyr Ser Phe Lys Ile Phe Pro Glu Lys Asn Ile Arg Gly  
275 280 285

Phe Lys Leu Pro Asp Thr Pro Gln Gly Leu Leu Gly Glu Ala Arg Met  
290 295 300

Leu Asn Ala Ser Ile Val Ala Ser Phe Val Glu Leu Pro Leu Ala Ser  
305 310 315 320

Ile Val Ser Leu His Ala Ser Ser Cys Gly Gly Arg Leu Gln Thr Ser  
325 330 335

Pro Ala Pro Ile Gln Thr Thr Pro Pro Lys Asp Thr Cys Ser Pro Glu  
340 345 350

Leu Leu Met Ser Leu Ile Thr Gly Gly Pro Lys Ser Cys Asp Lys  
355 360 365

Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro  
370 375 380

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser  
385 390 395 400

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp  
405 410 415

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn  
420 425 430

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val  
435 440 445

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu  
450 455 460

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys  
465 470 475 480

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr  
485 490 495

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr  
500 505 510

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu  
515 520 525

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu  
530 535 540

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys  
545 550 555 560

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu  
565 570 575

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
580 585 590

Lys

<210> 26  
<211> 1782  
<212> ДНК  
<213> Homo sapiens

<400> 26  
atggatgcaa tgaagagagg gctctgctgt gtgctgctgc tgtgtggagc agtcttcgtt 60

tcgcccggcg	ccgaaacagt	ccattgtgac	cttcagcctg	tgggccccga	gagggacgag	120		
gtgacatata	ccactagcca	ggtctcgaag	ggctgcgtgg	ctcaggcccc	caatgccatc	180		
cttgaagtcc	atgtcctttt	cctggagttc	ccaacgggcc	cgtcacagct	ggagctgact	240		
ctccaggcat	ccaagcaaaa	tggcacctgg	ccccgagagg	tgcttctgg	cctcagtgta	300		
aacagcagt	tc	ctccaggcc	ctgggaatcc	ca	tgactggact	360		
tccagcctgg	tcac	ttcca	agagcccccg	gggg	taaca	ccacagagct	420	
cccaagaccc	agat	cctg	gtggcagct	gagaggggcc	ccatcac	tc tgctgctgag	480	
ctgaatgacc	ccc	agagcat	cctcc	ctggccaag	ccc	aggggtc actgtccttc	540	
tgcatgctgg	aagcc	cagcca	ggacatgggc	cgcacgctg	agtggcggcc	gcgtactcca	600	
gccttggtcc	gggg	ctgcca	cttggaaaggc	gtggccggcc	acaaggaggc	gcacatcctg	660	
aggg	tcctgc	cggg	ccactc	ggccgggccc	cggac	cggtgaaggt	720	
tg	cgccacccg	gggat	ctcg	tgccgtc	c	tc atc	780	
ctcatcgac	cc	accacaa	catcg	tg	gaccact	gagaataactc	840	
tttccagaga	aa	acattcg	tgg	cttcaag	ctcc	ca	aggctgggg	900
gagg	ccc	gga	tg	ctcaat	gc	agcttgc	960	
attgtctc	ac	ttcat	gc	c	ag	ac	tc acc	1020
cagacc	actc	ct	cc	aa	g	ct	ccgt	1080
ggtggac	cc	aat	ttgt	ga	ca	aa	actc	1140
ctgggggac	cgt	cag	tct	ttccc	cc	aaa	accc	1200
cggacc	cc	agg	tc	acat	g	gt	gggt	1260
ttcaact	gg	ac	gt	gg	ca	at	gcca	1320
cagtaca	aca	gc	ac	gt	t	ct	gac	1380
aatggca	agg	ag	tac	aa	gt	ca	gt	1440
accatct	cc	a	ag	ccaa	gg	ac	cc	1500
cggagg	ga	tg	acca	aa	cc	ca	ttctat	1560
agcgac	atcg	cc	gtgg	gag	tg	gt	caaagg	1620
cctccgt	gc	tgg	actcc	cc	tc	tc	ata	1680
agcagg	tg	ac	tttct	ca	tg	ccgt	ga	1740
cactacac	gc	ag	aa	gag	cc	tc	acaac	1782

<210> 27  
 <211> 587  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

<400> 27

Met Asp Ala Met Lys Arg Gly Leu Cys Cys Val Leu Leu Leu Cys Gly  
1 5 10 15

Ala Val Phe Val Ser Pro Gly Ala Glu Thr Val His Cys Asp Leu Gln  
20 25 30

Pro Val Gly Pro Glu Arg Asp Glu Val Thr Tyr Thr Ser Gln Val  
35 40 45

Ser Lys Gly Cys Val Ala Gln Ala Pro Asn Ala Ile Leu Glu Val His  
50 55 60

Val Leu Phe Leu Glu Phe Pro Thr Gly Pro Ser Gln Leu Glu Leu Thr  
65 70 75 80

Leu Gln Ala Ser Lys Gln Asn Gly Thr Trp Pro Arg Glu Val Leu Leu  
85 90 95

Val Leu Ser Val Asn Ser Ser Val Phe Leu His Leu Gln Ala Leu Gly  
100 105 110

Ile Pro Leu His Leu Ala Tyr Asn Ser Ser Leu Val Thr Phe Gln Glu  
115 120 125

Pro Pro Gly Val Asn Thr Thr Glu Leu Pro Ser Phe Pro Lys Thr Gln  
130 135 140

Ile Leu Glu Trp Ala Ala Glu Arg Gly Pro Ile Thr Ser Ala Ala Glu  
145 150 155 160

Leu Asn Asp Pro Gln Ser Ile Leu Leu Arg Leu Gly Gln Ala Gln Gly  
165 170 175

Ser Leu Ser Phe Cys Met Leu Glu Ala Ser Gln Asp Met Gly Arg Thr  
180 185 190

Leu Glu Trp Arg Pro Arg Thr Pro Ala Leu Val Arg Gly Cys His Leu  
195 200 205

Glu Gly Val Ala Gly His Lys Glu Ala His Ile Leu Arg Val Leu Pro  
210 215 220

Gly His Ser Ala Gly Pro Arg Thr Val Thr Val Lys Val Glu Leu Ser  
225 230 235 240

Cys Ala Pro Gly Asp Leu Asp Ala Val Leu Ile Leu Gln Gly Pro Pro

245                    250                    255

Tyr Val Ser Trp Leu Ile Asp Ala Asn His Asn Met Gln Ile Trp Thr  
260                    265                    270

Thr Gly Glu Tyr Ser Phe Lys Ile Phe Pro Glu Lys Asn Ile Arg Gly  
275                    280                    285

Phe Lys Leu Pro Asp Thr Pro Gln Gly Leu Leu Gly Glu Ala Arg Met  
290                    295                    300

Leu Asn Ala Ser Ile Val Ala Ser Phe Val Glu Leu Pro Leu Ala Ser  
305                    310                    320

Ile Val Ser Leu His Ala Ser Ser Cys Gly Gly Arg Leu Gln Thr Ser  
325                    330                    335

Pro Ala Pro Ile Gln Thr Thr Pro Pro Lys Asp Thr Cys Ser Pro Glu  
340                    345                    350

Leu Leu Met Ser Leu Ile Thr Gly Gly Gly Thr His Thr Cys Pro Pro  
355                    360                    365

Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro  
370                    375                    380

Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr  
385                    390                    395                    400

Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn  
405                    410                    415

Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg  
420                    425                    430

Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val  
435                    440                    445

Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser  
450                    455                    460

Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys  
465                    470                    475                    480

Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu  
485                    490                    495

Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe

	500	505	510
Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu			
515	520	525	
Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe			
530	535	540	
Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly			
545	550	555	560
Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr			
565	570	575	
Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys			
580	585		
<210> 28			
<211> 1764			
<212> ДНК			
<213> Homo sapiens			
<400> 28			
atggatcaa tgaagagagg gctctgctgt gtgctgctgc tgtgtggagc agtcttcgtt	60		
tcgcccggcg ccgaaacagt ccattgtgac cttcagccctg tgggccccga gaggacgag	120		
gtgacatata ccactagcca ggtctcgaag ggctgcgtgg ctcaggcccc caatgccatc	180		
cttgaagtcc atgtcctctt cctggagtcc ccaacggggcc cgtcacagct ggagctgact	240		
ctccaggcat ccaagcaaaa tggcacctgg ccccgagagg tgcttctggt cctcagtgt	300		
aacagcagtg tttccctgca tctccaggcc ctgggaatcc cactgcactt ggcctacaat	360		
tccagcctgg tcaccttcca agagcccccg ggggtcaaca ccacagagct gccatccttc	420		
cccaagaccc agatcctga gtggcagct gagaggggccc ccatcacctc tgctgctgag	480		
ctgaatgacc cccagagcat ctcctccga ctgggccaag cccaggggtc actgtccttc	540		
tgcattgtgg aagccagcca ggacatgggc cgcacgctcg agtggcggcc gcgtactcca	600		
gccttggtcc gggctgcca ctttggaggc gtggccggcc acaaggaggc gcacatcctg	660		
agggtcctgc cggccactc ggccggggccc cggacggtga cggtaaggt ggaactgagc	720		
tgcgcacccg gggatctcga tgccgtcctc atcctgcagg gtccccccta cgtgtcctgg	780		
ctcatcgacg ccaaccacaa catcgagatc tggaccactg gagaatactc cttcaagatc	840		
tttccagaga aaaacattcg tggcttcaag ctcccagaca cacctcaagg cttccctgggg	900		
gaggcccgga tgctcaatgc cagcattgtg gcatcctcg tggagctacc gctggccagc	960		
attgtctcac ttcatgcctc cagctgcgtt ggtaggctgc agacctcacc cgcaccgatc	1020		
cagaccactc ctcccaagga cactttagc ccggagctgc tcatgtcctt gatcaccgggt	1080		

ggtggaaactc acacatgccc accgtgccc gcacctgaac tcctgggggg accgtcagtc	1140
ttccctttcc ccccaaaacc caaggacacc ctcatgatct cccggacccc tgaggtcaca	1200
tgcgtggtagg tggacgtgag ccacgaagac cctgaggtca agttcaactg gtacgtggac	1260
ggcgtggagg tgcataatgc caagacaaag ccgcgggagg agcagtacaa cagcacgtac	1320
cgtgtggta gcgtcctcac cgccctgcac caggactggc tgaatggcaa ggagtacaag	1380
tgcaaggtct ccaacaaggc cctccagcc cccatcgaga aaaccatctc caaagccaaa	1440
gggcagcccc gagaaccaca ggtgtacacc ctgccccat cccgggagga gatgaccaag	1500
aaccaggta gcctgacctg cctggtaaaa ggcttctatc ccagcgacat cgccgtggag	1560
tgggagagca atgggcagcc ggagaacaac tacaagacca cgcccccgt gctggactcc	1620
gacggctcct tcttcctcta tagcaagctc accgtggaca agagcaggtg gcagcagggg	1680
aacgtttct catgctccgt gatgcatgag gctctgcaca accactacac gcagaagagc	1740
ctctccctgt ccccggtaa atga	1764

<210> 29  
<211> 574  
<212> PRT  
<213> Homo sapiens

<400> 29

Met Asp Ala Met Lys Arg Gly Leu Cys Cys Val Leu Leu Leu Cys Gly			
1	5	10	15

Ala Val Phe Val Ser Pro Gly Ala Glu Thr Val His Cys Asp Leu Gln			
20	25	30	

Pro Val Gly Pro Glu Arg Asp Glu Val Thr Tyr Thr Ser Gln Val			
35	40	45	

Ser Lys Gly Cys Val Ala Gln Ala Pro Asn Ala Ile Leu Glu Val His			
50	55	60	

Val Leu Phe Leu Glu Phe Pro Thr Gly Pro Ser Gln Leu Glu Leu Thr			
65	70	75	80

Leu Gln Ala Ser Lys Gln Asn Gly Thr Trp Pro Arg Glu Val Leu Leu			
85	90	95	

Val Leu Ser Val Asn Ser Ser Val Phe Leu His Leu Gln Ala Leu Gly			
100	105	110	

Ile Pro Leu His Leu Ala Tyr Asn Ser Ser Leu Val Thr Phe Gln Glu			
115	120	125	

Pro Pro Gly Val Asn Thr Thr Glu Leu Pro Ser Phe Pro Lys Thr Gln  
130 135 140

Ile Leu Glu Trp Ala Ala Glu Arg Gly Pro Ile Thr Ser Ala Ala Glu  
145 150 155 160

Leu Asn Asp Pro Gln Ser Ile Leu Leu Arg Leu Gly Gln Ala Gln Gly  
165 170 175

Ser Leu Ser Phe Cys Met Leu Glu Ala Ser Gln Asp Met Gly Arg Thr  
180 185 190

Leu Glu Trp Arg Pro Arg Thr Pro Ala Leu Val Arg Gly Cys His Leu  
195 200 205

Glu Gly Val Ala Gly His Lys Glu Ala His Ile Leu Arg Val Leu Pro  
210 215 220

Gly His Ser Ala Gly Pro Arg Thr Val Thr Val Lys Val Glu Leu Ser  
225 230 235 240

Cys Ala Pro Gly Asp Leu Asp Ala Val Leu Ile Leu Gln Gly Pro Pro  
245 250 255

Tyr Val Ser Trp Leu Ile Asp Ala Asn His Asn Met Gln Ile Trp Thr  
260 265 270

Thr Gly Glu Tyr Ser Phe Lys Ile Phe Pro Glu Lys Asn Ile Arg Gly  
275 280 285

Phe Lys Leu Pro Asp Thr Pro Gln Gly Leu Leu Gly Glu Ala Arg Met  
290 295 300 320

Leu Asn Ala Ser Ile Val Ala Ser Phe Val Glu Leu Pro Leu Ala Ser  
305 310 315 320

Ile Val Ser Leu His Ala Ser Ser Cys Gly Gly Arg Leu Gln Thr Ser  
325 330 335

Pro Ala Pro Ile Gln Thr Thr Pro Pro Thr Gly Gly Gly Thr His Thr  
340 345 350

Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe  
355 360 365

Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro  
370 375 380

Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val  
385 390 395 400

Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr  
405 410 415

Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val  
420 425 430

Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys  
435 440 445

Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser  
450 455 460

Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro  
465 470 475 480

Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val  
485 490 495

Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly  
500 505 510

Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp  
515 520 525

Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp  
530 535 540

Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His  
545 550 555 560

Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
565 570

<210> 30  
<211> 1725  
<212> ДНК  
<213> Homo sapiens

<400> 30  
atggatcaa tgaagagagg gctctgctgt gtgctgctgc tgtgtggagc agtcttcgtt 60  
tcgcccggcg ccgaaacagt ccattgtgac cttcagccctg tgggccccga gaggacgag 120  
gtgacatata ccactagcca ggtctcgaag ggctgcgtgg ctcaggcccc caatgccatc 180  
cttgaagtcc atgtcctctt cctggagttc ccaacgggcc cgtcacagct ggagctgact 240  
ctccaggcat ccaagcaaaa tggcacctgg ccccgagagg tgcttctggt cctcagtgt 300

aacagcagtg tcttcctgca tctccaggcc ctgggaatcc cactgcactt ggcctacaat	360
tccagcctgg tcaccttcca agagcccccg ggggtcaaca ccacagagct gccatccttc	420
cccaagaccc agatccttga gtggcagct gagaggggccc ccatcacctc tgctgctgag	480
ctgaatgacc cccagagcat ctcctccga ctgggccaag cccaggggtc actgtccttc	540
tgcattgtgg aagccagcca ggacatgggc cgacgctcg agtggcggcc gcgtactcca	600
gccttggtcc ggggctgcca ctggaaaggc gtggccggcc acaaggaggc gcacatcctg	660
agggtcctgc cgggcccactc ggcggggccc cggacggta cggtaaggt ggaactgagc	720
tgcgcacccg gggatctcga tgccgtcctc atcctgcagg gtcccccta cgtgtcctgg	780
ctcatcgacg ccaaccacaa catcgacatc tggaccactg gagaatactc cttcaagatc	840
tttccagaga aaaacattcg tggttcaag ctcccagaca cacctcaagg ctcctgggg	900
gaggcccgga tgctcaatgc cagcatttg cgcatttcg tggagctacc gctggccagc	960
attgtctcac ttcatgcctc cagctgcggc ggtaggctgc agacctcacc cgacccgatc	1020
cagaccactc ctcccacccg tggtaact cacacatgcc caccgtgccc agcacctgaa	1080
ctcctgggg gaccgtcagt cttccttc cccccaaaac ccaaggacac cctcatgatc	1140
tcccgaccc ctgaggtcac atgcgtggc gtggacgtga gccacgaaga ccctgaggc	1200
aagttcaact ggtacgtgga cggcgtggag gtgcataatg ccaagacaaa gccgcgggag	1260
gagcagtaca acagcacgta ccgtgtggc agcgtcctca ccgtcctgca ccaggactgg	1320
ctgaatggca aggagtacaa gtgcacggc tccaacaaag ccctcccagc ccccatcgag	1380
aaaaccatct ccaaagccaa agggcagccc cgagaaccac aggtgtacac cctgccccca	1440
tccccggagg agatgaccaa gaaccaggc agcctgaccc gcctggtcaa aggcttctat	1500
cccaagcgaca tcgcccgtgga gtggagagc aatggcagc cggagaacaa ctacaagacc	1560
acgcctcccg tgctggactc cgacggctcc ttcttcctct atagcaagct caccgtggac	1620
aagagcaggt ggcagcaggg gaacgtcttc tcatgctccg tgatgcac ggctctgcac	1680
aaccactaca cgcagaagag cctcccttg tccccggta aatga	1725

<210> 31

<211> 4

<212> PRT

<213> Искусственная последовательность

<220>

<223> Синтетический полипептид

<400> 31

Thr Gly Gly Gly

1

<210> 32  
<211> 3  
<212> PRT  
<213> Искусственная последовательность

<220>  
<223> Синтетический полипептид

<400> 32

Gly Gly Gly  
1

<210> 33  
<211> 582  
<212> PRT  
<213> Homo sapiens

<400> 33

Glu Thr Val His Cys Asp Leu Gln Pro Val Gly Pro Glu Arg Asp Glu  
1 5 10 15

Val Thr Tyr Thr Ser Gln Val Ser Lys Gly Cys Val Ala Gln Ala  
20 25 30

Pro Asn Ala Ile Leu Glu Val His Val Leu Phe Leu Glu Phe Pro Thr  
35 40 45

Gly Pro Ser Gln Leu Glu Leu Thr Leu Gln Ala Ser Lys Gln Asn Gly  
50 55 60

Thr Trp Pro Arg Glu Val Leu Leu Val Leu Ser Val Asn Ser Ser Val  
65 70 75 80

Phe Leu His Leu Gln Ala Leu Gly Ile Pro Leu His Leu Ala Tyr Asn  
85 90 95

Ser Ser Leu Val Thr Phe Gln Glu Pro Pro Gly Val Asn Thr Thr Glu  
100 105 110

Leu Pro Ser Phe Pro Lys Thr Gln Ile Leu Glu Trp Ala Ala Glu Arg  
115 120 125

Gly Pro Ile Thr Ser Ala Ala Glu Leu Asn Asp Pro Gln Ser Ile Leu  
130 135 140

Leu Arg Leu Gly Gln Ala Gln Gly Ser Leu Ser Phe Cys Met Leu Glu  
145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Met Gly Arg Thr Leu Glu Trp Arg Pro Arg Thr Pro

165                    170                    175

Ala Leu Val Arg Gly Cys His Leu Glu Gly Val Ala Gly His Lys Glu  
180                    185                    190

Ala His Ile Leu Arg Val Leu Pro Gly His Ser Ala Gly Pro Arg Thr  
195                    200                    205

Val Thr Val Lys Val Glu Leu Ser Cys Ala Pro Gly Asp Leu Asp Ala  
210                    215                    220

Val Leu Ile Leu Gln Gly Pro Pro Tyr Val Ser Trp Leu Ile Asp Ala  
225                    230                    235                    240

Asn His Asn Met Gln Ile Trp Thr Thr Gly Glu Tyr Ser Phe Lys Ile  
245                    250                    255

Phe Pro Glu Lys Asn Ile Arg Gly Phe Lys Leu Pro Asp Thr Pro Gln  
260                    265                    270

Gly Leu Leu Gly Glu Ala Arg Met Leu Asn Ala Ser Ile Val Ala Ser  
275                    280                    285

Phe Val Glu Leu Pro Leu Ala Ser Ile Val Ser Leu His Ala Ser Ser  
290                    295                    300

Cys Gly Gly Arg Leu Gln Thr Ser Pro Ala Pro Ile Gln Thr Thr Pro  
305                    310                    315                    320

Pro Lys Asp Thr Cys Ser Pro Glu Leu Leu Met Ser Leu Ile Gln Thr  
325                    330                    335

Lys Cys Ala Asp Asp Ala Met Thr Leu Val Leu Lys Lys Glu Leu Val  
340                    345                    350

Ala Thr Gly Gly Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu  
355                    360                    365

Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp  
370                    375                    380

Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp  
385                    390                    395                    400

Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly  
405                    410                    415

Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn

420

425

430

Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp  
435 440 445

Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro  
450 455 460

Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu  
465 470 475 480

Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn  
485 490 495

Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile  
500 505 510

Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr  
515 520 525

Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys  
530 535 540

Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys  
545 550 555 560

Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu  
565 570 575

Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
580

<210> 34

<211> 569

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 34

Glu Thr Val His Cys Asp Leu Gln Pro Val Gly Pro Glu Arg Asp Glu  
1 5 10 15

Val Thr Tyr Thr Ser Gln Val Ser Lys Gly Cys Val Ala Gln Ala  
20 25 30

Pro Asn Ala Ile Leu Glu Val His Val Leu Phe Leu Glu Phe Pro Thr  
35 40 45

Gly Pro Ser Gln Leu Glu Leu Thr Leu Gln Ala Ser Lys Gln Asn Gly  
50 55 60

Thr Trp Pro Arg Glu Val Leu Leu Val Leu Ser Val Asn Ser Ser Val  
65 70 75 80

Phe Leu His Leu Gln Ala Leu Gly Ile Pro Leu His Leu Ala Tyr Asn  
85 90 95

Ser Ser Leu Val Thr Phe Gln Glu Pro Pro Gly Val Asn Thr Thr Glu  
100 105 110

Leu Pro Ser Phe Pro Lys Thr Gln Ile Leu Glu Trp Ala Ala Glu Arg  
115 120 125

Gly Pro Ile Thr Ser Ala Ala Glu Leu Asn Asp Pro Gln Ser Ile Leu  
130 135 140

Leu Arg Leu Gly Gln Ala Gln Gly Ser Leu Ser Phe Cys Met Leu Glu  
145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Met Gly Arg Thr Leu Glu Trp Arg Pro Arg Thr Pro  
165 170 175

Ala Leu Val Arg Gly Cys His Leu Glu Gly Val Ala Gly His Lys Glu  
180 185 190

Ala His Ile Leu Arg Val Leu Pro Gly His Ser Ala Gly Pro Arg Thr  
195 200 205

Val Thr Val Lys Val Glu Leu Ser Cys Ala Pro Gly Asp Leu Asp Ala  
210 215 220

Val Leu Ile Leu Gln Gly Pro Pro Tyr Val Ser Trp Leu Ile Asp Ala  
225 230 235 240

Asn His Asn Met Gln Ile Trp Thr Thr Gly Glu Tyr Ser Phe Lys Ile  
245 250 255

Phe Pro Glu Lys Asn Ile Arg Gly Phe Lys Leu Pro Asp Thr Pro Gln  
260 265 270

Gly Leu Leu Gly Glu Ala Arg Met Leu Asn Ala Ser Ile Val Ala Ser  
275 280 285

Phe Val Glu Leu Pro Leu Ala Ser Ile Val Ser Leu His Ala Ser Ser  
290 295 300

Cys Gly Gly Arg Leu Gln Thr Ser Pro Ala Pro Ile Gln Thr Thr Pro  
305 310 315 320

Pro Lys Asp Thr Cys Ser Pro Glu Leu Leu Met Ser Leu Ile Thr Gly  
325 330 335

Gly Gly Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro  
340 345 350

Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys  
355 360 365

Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val  
370 375 380

Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr  
385 390 395 400

Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu  
405 410 415

Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His  
420 425 430

Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys  
435 440 445

Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln  
450 455 460

Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met  
465 470 475 480

Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro  
485 490 495

Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn  
500 505 510

Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu  
515 520 525

Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val  
530 535 540

Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln  
545 550 555 560

Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
565

<210> 35  
<211> 563  
<212> PRT  
<213> Homo sapiens

<400> 35

Glu Thr Val His Cys Asp Leu Gln Pro Val Gly Pro Glu Arg Asp Glu  
1 5 10 15

Val Thr Tyr Thr Ser Gln Val Ser Lys Gly Cys Val Ala Gln Ala  
20 25 30

Pro Asn Ala Ile Leu Glu Val His Val Leu Phe Leu Glu Phe Pro Thr  
35 40 45

Gly Pro Ser Gln Leu Glu Leu Thr Leu Gln Ala Ser Lys Gln Asn Gly  
50 55 60

Thr Trp Pro Arg Glu Val Leu Leu Val Leu Ser Val Asn Ser Ser Val  
65 70 75 80

Phe Leu His Leu Gln Ala Leu Gly Ile Pro Leu His Leu Ala Tyr Asn  
85 90 95

Ser Ser Leu Val Thr Phe Gln Glu Pro Pro Gly Val Asn Thr Thr Glu  
100 105 110

Leu Pro Ser Phe Pro Lys Thr Gln Ile Leu Glu Trp Ala Ala Glu Arg  
115 120 125

Gly Pro Ile Thr Ser Ala Ala Glu Leu Asn Asp Pro Gln Ser Ile Leu  
130 135 140 145

Leu Arg Leu Gly Gln Ala Gln Gly Ser Leu Ser Phe Cys Met Leu Glu  
145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Met Gly Arg Thr Leu Glu Trp Arg Pro Arg Thr Pro  
165 170 175

Ala Leu Val Arg Gly Cys His Leu Glu Gly Val Ala Gly His Lys Glu  
180 185 190

Ala His Ile Leu Arg Val Leu Pro Gly His Ser Ala Gly Pro Arg Thr  
195 200 205

Val Thr Val Lys Val Glu Leu Ser Cys Ala Pro Gly Asp Leu Asp Ala  
210 215 220

Val Leu Ile Leu Gln Gly Pro Pro Tyr Val Ser Trp Leu Ile Asp Ala  
225 230 235 240

Asn His Asn Met Gln Ile Trp Thr Thr Gly Glu Tyr Ser Phe Lys Ile  
245 250 255

Phe Pro Glu Lys Asn Ile Arg Gly Phe Lys Leu Pro Asp Thr Pro Gln  
260 265 270

Gly Leu Leu Gly Glu Ala Arg Met Leu Asn Ala Ser Ile Val Ala Ser  
275 280 285

Phe Val Glu Leu Pro Leu Ala Ser Ile Val Ser Leu His Ala Ser Ser  
290 295 300

Cys Gly Gly Arg Leu Gln Thr Ser Pro Ala Pro Ile Gln Thr Thr Pro  
305 310 315 320

Pro Lys Asp Thr Cys Ser Pro Glu Leu Leu Met Ser Leu Ile Thr Gly  
325 330 335

Gly Gly Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly  
340 345 350

Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met  
355 360 365

Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His  
370 375 380

Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val  
385 390 395 400

His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr  
405 410 415

Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly  
420 425 430

Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile  
435 440 445

Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val  
450 455 460

Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser  
465 470 475 480

Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu  
485 490 495

Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro  
500 505 510

Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val  
515 520 525

Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met  
530 535 540

His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser  
545 550 555 560

Pro Gly Lys

<210> 36  
<211> 550  
<212> PRT  
<213> Homo sapiens

<400> 36

Glu Thr Val His Cys Asp Leu Gln Pro Val Gly Pro Glu Arg Asp Glu  
1 5 10 15

Val Thr Tyr Thr Thr Ser Gln Val Ser Lys Gly Cys Val Ala Gln Ala  
20 25 30

Pro Asn Ala Ile Leu Glu Val His Val Leu Phe Leu Glu Phe Pro Thr  
35 40 45

Gly Pro Ser Gln Leu Glu Leu Thr Leu Gln Ala Ser Lys Gln Asn Gly  
50 55 60

Thr Trp Pro Arg Glu Val Leu Leu Val Leu Ser Val Asn Ser Ser Val  
65 70 75 80

Phe Leu His Leu Gln Ala Leu Gly Ile Pro Leu His Leu Ala Tyr Asn  
85 90 95

Ser Ser Leu Val Thr Phe Gln Glu Pro Pro Gly Val Asn Thr Thr Glu  
100 105 110

Leu Pro Ser Phe Pro Lys Thr Gln Ile Leu Glu Trp Ala Ala Glu Arg  
115 120 125

Gly Pro Ile Thr Ser Ala Ala Glu Leu Asn Asp Pro Gln Ser Ile Leu  
130 135 140

Leu Arg Leu Gly Gln Ala Gln Gly Ser Leu Ser Phe Cys Met Leu Glu  
145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Met Gly Arg Thr Leu Glu Trp Arg Pro Arg Thr Pro  
165 170 175

Ala Leu Val Arg Gly Cys His Leu Glu Gly Val Ala Gly His Lys Glu  
180 185 190

Ala His Ile Leu Arg Val Leu Pro Gly His Ser Ala Gly Pro Arg Thr  
195 200 205

Val Thr Val Lys Val Glu Leu Ser Cys Ala Pro Gly Asp Leu Asp Ala  
210 215 220

Val Leu Ile Leu Gln Gly Pro Pro Tyr Val Ser Trp Leu Ile Asp Ala  
225 230 235 240

Asn His Asn Met Gln Ile Trp Thr Thr Gly Glu Tyr Ser Phe Lys Ile  
245 250 255

Phe Pro Glu Lys Asn Ile Arg Gly Phe Lys Leu Pro Asp Thr Pro Gln  
260 265 270

Gly Leu Leu Gly Glu Ala Arg Met Leu Asn Ala Ser Ile Val Ala Ser  
275 280 285

Phe Val Glu Leu Pro Leu Ala Ser Ile Val Ser Leu His Ala Ser Ser  
290 295 300

Cys Gly Gly Arg Leu Gln Thr Ser Pro Ala Pro Ile Gln Thr Thr Pro  
305 310 315 320

Pro Thr Gly Gly Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu  
325 330 335

Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp  
340 345 350

Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp  
355 360 365

Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly  
370 375 380

Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn  
385 390 395 400

Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp  
405 410 415

Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro  
420 425 430

Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu  
435 440 445

Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn  
450 455 460

Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile  
465 470 475 480

Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr  
485 490 495

Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys  
500 505 510

Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys  
515 520 525

Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu  
530 535 540

Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
545 550

### ФОРМУЛА ИЗОБРЕТЕНИЯ

1. Способ лечения или профилактики фиброзного нарушения у нуждающегося в этом пациента, включающий введение пациенту эффективного количества эндоглинового полипептида, содержащего аминокислотную последовательность, по меньшей мере на 95% идентичную аминокислотам 42-333 SEQ ID NO: 1.

2. Способ по п. 1, где фиброзное нарушение является фиброзом печени.

3. Способ по п. 2, где фиброз печени является циррозом печени, алкогольным фиброзом печени, повреждением желчных протоков, первичным биллиарным циррозом, инфекционным фиброзом печени, врожденным фиброзом печени или аутоиммунным гепатитом.

4. Способ по п. 4, где инфекционный фиброз печени является бактериально-индуцированным или вирусно-индуцированным.

5. Способ по любому из пп. 1-4, где эндоглиновый полипептид не включает последовательность, состоящую из аминокислот 379-430 SEQ ID NO: 1.

6. Способ по любому из пп. 1-5, где эндоглиновый полипептид содержит аминокислотную последовательность, по меньшей мере на 95% идентичную последовательности, начинающейся с аминокислоты, соответствующей любому из положений 26-42 SEQ ID NO: 1, и заканчивающейся аминокислотой, соответствующей любому из положений 333-378 SEQ ID NO: 1.

7. Способ по любому из пп. 1-6, где эндоглиновый полипептид содержит аминокислотную последовательность, по меньшей мере на 95% идентичную последовательности, выбранной из группы, состоящей из:

- a. аминокислот 26-346 SEQ ID NO: 1,
- b. аминокислот 26-359 SEQ ID NO: 1, и
- c. аминокислот 26-378 SEQ ID NO: 1.

8. Способ по любому из пп. 1-7, где эндоглиновый полипептид состоит из первой части, состоящей из аминокислотной последовательности, по меньшей мере на 95% идентичной последовательности, выбранной из группы, состоящей из:

- a. аминокислот 26-346 SEQ ID NO: 1,
- b. аминокислот 26-359 SEQ ID NO: 1, и

с. аминокислот 26-378 SEQ ID NO: 1

и второй части, являющейся гетерологичной SEQ ID NO: 1.

9. Способ по п. 8, где вторая часть эндоглинового полипептида содержит Fc-часть IgG.

10. Способ по любому из пп. 1-9, где эндоглиновый полипептид является димером.

11. Способ по любому из пп. 1-10, где эндоглиновый полипептид является гомодимером.

12. Способ по любому из пп. 1-11, где эндоглиновый полипептид не включает более 50 последовательных аминокислот из последовательности, состоящей из аминокислот 379-586 SEQ ID NO: 1.

13. Способ по любому из пп. 1-12, где эндоглиновый полипептид связывается с BMP-9 человека с равновесной константой диссоциации (KD) менее  $1 \times 10^{-9}$  М или константой скорости диссоциации (kd) менее  $1 \times 10^{-3}$  с<sup>-1</sup>.

14. Способ по любому из пп. 1-13, где эндоглиновый полипептид связывается с BMP-9 человека с равновесной константой диссоциации (KD) менее  $1 \times 10^{-9}$  М или константой скорости диссоциации (kd) менее  $5 \times 10^{-4}$  с<sup>-1</sup>.

15. Способ по любому из пп. 1-14, где эндоглиновый полипептид связывается с BMP-10 человека с равновесной константой диссоциации (KD) менее  $1 \times 10^{-9}$  М или константой скорости диссоциации (kd) менее  $5 \times 10^{-3}$  с<sup>-1</sup>.

16. Способ по любому из пп. 1-15, где эндоглиновый полипептид связывается с BMP-10 человека с равновесной константой диссоциации (KD) менее  $1 \times 10^{-9}$  М или константой скорости диссоциации (kd) менее  $2,5 \times 10^{-3}$  с<sup>-1</sup>.

17. Способ по любому из пп. 1-16, где эндоглиновый полипептид не связывается с TGF-β1 человека, TGF-β3 человека, VEGF человека или основным фактором роста фибробластов человека (FGF-2).

18. Способ по любому из пп. 1-17, где эндоглиновый полипептид является слитым белком, включающим, помимо части,

содержащей аминокислотную последовательность эндоглина, одну или несколько полипептидных частей, повышающих одно или несколько: стабильность *in vivo*, время полужизни *in vivo*, захват/введение, локализацию или распределение в тканях, образование белковых комплексов и/или очистку.

19. Способ по любому из пп. 1-18, где эндоглиновый полипептид включает часть, выбранную из группы, состоящей из: константного домена иммуноглобулина и сывороточного альбумина.

20. Способ по любому из пп. 1-19, где эндоглиновый полипептид содержит домен Fc иммуноглобулина.

21. Способ по п. 20, где домен Fc иммуноглобулина соединяют с частью полипептида ENG посредством линкера.

22. Способ по п. 21, где линкер состоит из аминокислотной последовательности, состоящей из SEQ ID NO: 31 (TGGG) или GGG.

23. Способ по любому из пп. 1-22, где эндоглиновый полипептид включает один или несколько модифицированных аминокислотных остатков, выбранных из: гликозилированной аминокислоты, пегилированной аминокислоты, фарнезилированной аминокислоты, ацетилированной аминокислоты, биотинилированной аминокислоты, аминокислоты, конъюгированной с остатком липида, и аминокислоты, конъюгированной с органическим дериватизирующим средством.

24. Способ по любому из пп. 1-23, где эндоглиновый полипептид вводят внутривенно, внутримышечно, внутриартериально, подкожно или перорально.

По доверенности

**Аминокислотная последовательность ENG человека, изоформа 1 (L-ENG)  
(GenBank NM\_001114753)**

1 MDRGTLPLAV ALLLASCSLS PTSLAETVHC DLQPVGPERG EVTYTTSQVS KGCVAQAPNA  
61 ILEVHVLFLE FPTGPSQLEL TLQASKQNGT WPREVLLVLS VNSSVFLHLQ ALGIPLHLAY  
121 NSSLVTFQEP PGVNTTELPS FPKTQILEWA AERGPITSAA ELNDPQSILL RLGQAQGSLS  
181 FOMLEASQDM GRTLEWRPRT PALVRGCHLE GVAGHKEAHI LRVLPGHSAG PRTVTVKVEL  
241 SCAPGDLDLAV LILQGPPYVS WLIDANHHNMQ IWTTGEYSFK IFPEKNIRGF KLPDTPQGLL  
301 GEARMLNASI VASFVELPLA SIVSLHASSC GGRLQTSPAP IQTTPPKDTC SPELLMSLIQ  
361 TKCADDAMTL VLKKELVAHL KCTITGLTFW DPSCEAEDRG DKFVLRSAWS SCGMQVSASM  
421 ISNEAVVNIL SSSSPQRKKV HCLNMDSLSF QLGLYLSPHF LQASNTIEPG QQSFVQVRVS  
481 PSVSEFLLQL DSCHLDLGPE GGTVELIQGR AAKGNCVSSL SPSPEGDPRF SFLLHFYTVP  
541 IPKTGTLSC VALRPKTGSQ DQEvhRTVFM RLNIISPDLS GCTSKGLVLP AVLGITFGAF  
601 LIGALLTAAL WYIYSHTRSP SKREPVVAVA APASSESST NHSIGSTQST PCSTSSMA  
(SEQ ID NO: 1)

**ФИГ.1**

**Нуклеотидная последовательность, кодирующая ENG человека, изоформу 1 (L-ENG)  
(GenBank NM\_001114753)**

361 CCTGCCACTG GACACAGGAT AAGGCCAGC GCACAGGCC CCACGTGGAC AGCATGGACC  
 421 GCGGCACGCT CCCTCTGGCT GTTGCCTGTC TGCTGGCCAG CTGCAGCCTC AGCCCCACAA  
 481 GTCTTGAGA AACAGTCCAT TGTGACCTTC AGCCTGTGGG CCCCAGAGGG GGCGAGGTGA  
 541 CATATACCAC TAGCCAGGTC TCGAAGGGCT GCGTGGCTCA GGCCCCAAT GCCATCCTG  
 601 AAGTCCATGT CCTCTTCCTG GAGTTCCCAA CGGGCCCGTC ACAGCTGGAG CTGACTCTCC  
 661 AGGCATCCAA GCAAAATGGC ACCTGCCCGC GAGAGGTGCT TCTGGTCCTC AGTGTAAACA  
 721 GCAGTGTCTT CCTGCATCTC CAGGCCCTGG GAATCCCAC GCACCTGGCC TACAATTCCA  
 781 GCCTGGTCAC CTTCCAAGAG CCCCCGGGGG TCAACACCCAC AGAGCTGCCA TCCTTCCCCA  
 841 AGACCCAGAT CCTTGAGTGG GCAGCTGAGA GGGGCCCCAT CACCTCTGCT GCTGAGCTGA  
 901 ATGACCCCCA GAGCATCCTC CTCCGACTGG GCCAAGCCCA GGGGTCACTG TCCTTCTGCA  
 961 TGCTGGAAGC CAGCCAGGAC ATGGGCCCA CGCTCGAGTG ECGGCCGCGT ACTCCACCC  
 1021 TGGTCCGGGG CTGCCACTTG GAAGGCGTGG CGGGCCACAA GGAGGCGCAC ATCCTGAGGG  
 1081 TCCTGCCGGG CCACTCGGCC GGGCCCCGGA CGGTGACGGT GAAGGTGGAA CTGAGCTGCG  
 1141 CACCCGGGA TCTCGATGCC GTCTCATCC TGCAGGCTCC CCCCTACGTG TCCTGGCTCA  
 1201 TCGACGCCAA CCACAAACATG CAGATCTGGA CCACTGGAGA ATACTCCTTC AAGATCTTC  
 1261 CAGAGAAAAA CATTCGTGGC TTCAAGCTCC CAGACACACC TCAAGGCCCTC CTGGGGGAGG  
 1321 CCCGGATGCT CAATGCCAGC ATTGTGGCAT CCTTCGTGGA GCTACCGCTG GCCAGCATTG  
 1381 TCTCACTTCA TGCCCTCCAGC TGGGGTGTCA CGCTGCAGAC CTCACCCGCA CCGATCCAGA  
 1441 CCACTCCCTCC CAAGGACACT TGTAGCCCGG AGCTGCTCAT GTCTTGATC CAGACAAAGT  
 1501 GTGCCGACGA CGCCATGACC CTGGTACTAA AGAAACAGCT TGTGCGCAT TTGAAGTGCA  
 1561 CCATCACGGG CCTGACCTTC TGGGACCCCA GCTGTGAGGC AGAGGACAGG GGTGACAAGT  
 1621 TTGTCTTGCG CAGTGCTTAC TCCAGCTGTG CCATGCCAGGT GTCAGCAAGT ATGATCAGCA  
 1681 ATGAGGGCGGT GGTCAATATC CTGTCGAGCT CATCACCACA ECGGAAAAAG GTGCACTGCC  
 1741 TCAACATGGA CAGCCTCTCT TTCCAGCTGG CCCTCTACCT CAGCCCCACAC TTCCCTCCAGG  
 1801 CCTCCAACAC CATCCAGCCG GGGCAGCAGA GCTTTGTGCA GGTCAAGACTG TCCCCATCCG  
 1861 TCTCCGAGTT CCTGCTCCAG TTAGACAGCT GCCACCTGGA CTTGGGGCCT GAGGGAGGCA  
 1921 CCGTGGAACT CATCCAGGGC CGGGGGGCCA AGGGCAACTG TGTGAGCCTG CTGTCCCCAA  
 1981 GCCCCGAGGG TGACCCGGCG TTCAGCTTCC TCCTCCACTT CTACACAGTA CCCATACCA  
 2041 AAACCGGCAC CCTCAGCTGC ACGGTAGCCC TGCCTCCCAA GACCGGGTCT CAAGACCAGG  
 2101 AAGTCCATAG GACTGTCTTC ATGCCCTGAG ACATCATCAG CCCTGACCTG TCTGGTTGCA  
 2161 CAAGCAAAGG CCTCGTCCTG CCCGCCGTGC TGGGCATCAC CTTGGTGCC TTCTCATCG  
 2221 GGGCCCTGCT CACTGCTGCA CTCTGGTACA TCTACTCGCA CACCGCGTCC CCCAGCAAGC  
 2281 GGGAGCCCGT GGTGGCCGTG GCTCCCCCGG CCTCCTCGGA GAGCACCAGC ACCAACCCACA  
 2341 GCATCGGGAG CACCCAGAGC ACCCCCTGCT CCACCCAGGAG CATGGCATAG

(SEQ ID NO: 2)

**Аминокислотная последовательность ENG человека, изоформа 2 (S-ENG)  
(GenBank NM\_000118)**

1 MDRGTLPLAV ALLIASCSLS PTSLAETVHC DLQPVGPERG EVTYTTSQVS KGCVAQAPNA  
61 ILEVHVLFILE FPTGPSQLEL TLQASKQNGT WPREVLLVLS VNSSVFLHLQ ALGIPLHLAY  
121 NSSLVTFQEP PGVNNTTELPS FPKTQILEWA AERGPITSAA ELNDPQSILL RLGQAQGSLS  
181 FCMLEASQDM GRTLEWRPRT PALVRGCHLE GVAGHKEAHI LRVLPGHSAG PRTVTVKVEL  
241 SCAPGDLDLAV LILQGPPYVS WLIDANHNMQ IWTTGEYSFK IFPEKNIRGF KLPDTPQGLL  
301 GEARMLNASI VASFVELFLA SIVSLHASSC GGRLQTSPAF IQTTPPKDTC SPELLMSLIQ  
361 TKCADDAMTL VLKKELVAHL KCTITGLTFW DPSCEAEDRG DKFVLRSAYS SCGMQVSASM  
421 ISNEAVVNIL SSSSPQRKKV HCLNMDSLSF QLGLYLSPHF LQASNTIEPG QOSFVQVRVS  
481 PSVSEFLLQL DSCHLDLGPE GGTVELIQGR AAKGNCVSSL SPSPEGDPRF SFLLHFYTVP  
541 IPKTGTLSC VALRPKTGSQ DQEvhRTVFM RLNIISPDLS GCTSKGLVLP AVLGITFGAF  
601 LIGALLTAAL WYIYSHREY PRPPQ

(SEQ ID NO: 3)

**ФИГ.3**

**Нуклеотидная последовательность, кодирующая ENG человека, изоформу 2 (S-ENG)  
(GenBank NM\_000118)**

```

361 CCTGCCACTG GACACAGGAT AAGGCCAGC GCACAGGCC CCACGTGGAC AGCATGGACC
421 GCGGCACGCT CCCTCTGGCT GTTGCCCTGC TGCTGGCCAG CTGCAGCCTC AGCCCCACAA
481 GTCTTGCAGA AACAGTCCAT TGTGACCTTC AGCCTGTGGG CCCCAGAGGG GGCGAGGTGA
541 CATATAACCAC TAGCCAGGTC TCGAAGGGCT GCGTGGCTCA GGGCCCCAAT GCCATCCTTG
601 AAGTCCATGT CCTCTTCCTG GAGTTCCCAA CGGGCCCGTC ACAGCTGGAG CTGACTCTCC
661 AGGCATCCAA GCAAAATGGC ACCTGGCCCC GAGAGGTGCT TCTGGTCCTC ACTGTAAACA
721 GCAGTGTCTT CCTGCATCTC CAGGCCCTGG GAATCCCAC GCACCTGGCC TACAATTCCA
781 GCCTGGTCAC CTTCCAAGAG CCCCCGGGGG TCAACACCCAC AGAGCTGCCA TCCTCCCCA
841 AGACCCAGAT CCTTGAGTGG GCAGCTGACA GGGGCCCCAT CACCTCTGCT GCTGAGCTGA
901 ATGACCCCCA GAGCATCCTC CTCCGACTGG GCCAAGCCCCA GGGGTCACTG TCCTCTGCA
961 TGCTGGAAGC CACCCAGGAC ATGGGCCCCA CGCTCGAGTG GCGGCCGCGT ACTCCACCCCT
1021 TGGTCCGGGG CTGCCACTTG GAAGGCCTGG CGGGCCACAA GGAGGCGCAC ATCCGTAGGG
1081 TCCTGCCGGG CCACTCGGCC GGGCCCCGGG CGGTGACGGT GAAGGTGGAA CTGAGCTGCC
1141 CACCCGGGGG TCTCGATGCC GTCTCATCC TGCAGGGTCC CCCCTACGTG TCCTGGCTCA
1201 TCGACGCCAA CCACAACATG CAGATCTGGA CCACGGAGA ATACTCCTTC AAGATCTTTC
1261 CAGAGAAAAA CATTCTGTGGC TTCAAGCTCC CAGACACACC TCAAGGCCTC CTGGGGGAGG
1321 CCCGGATGCT CAATGCCAGC ATTGTGGCAT CCTTCGTGGA CCTACCGCTG GCCAGCATTG
1381 TCTCACTTCA TGCCCTCCAGC TGCGGTGGTA GGCTGCAGAC CTCACCCGCA CCGATCCAGA
1441 CCACTCCTCC CAAGGACACT TCTAGCCCCG AGCTGCTCAT GTCTTGATC CAGACAAAGT
1501 GTGCCGACGA CGCCATGACC CTGGTACTAA AGAAAGAGCT TGTGCGCAT TTGAAGTGCA
1561 CCATCACGGG CCTGACCTTC TGGGACCCCCA GCTGTGAGGC AGAGGACAGG GGTGACAAGT
1621 TTGTCTTGCCTG CACTGCTTAC TCCAGCTGTG GCATCCAGGT GTCAGCAAGT ATGATCAGCA
1681 ATGAGGGCGGT GGTCAATATC CTGTCGAGCT CATCACCACA CGGGAAAAAG GTGCACTGCC
1741 TCAACATGGA CAGCCTCTCT TTCCAGCTGG GCCTCTACCT CAGCCCCACAC TTCCCTCCAGG
1801 CCTCCAACAC CATCGAGCCG GGGCAGCAGA CCTTTGTGCA GGTCAAGACTG TCCCCATCCG
1861 TCTCCGAGTT CCTGCTCCAG TTAGACAGCT GCCACCTGGG CTTGGGGCCT GAGGGAGGCA
1921 CGGTGGAACT CATCCAGGGC CGGGCGGCCA AGGGCAACTG TGTGAGCCTG CTGCCCCCAA
1981 GCCCCGAGGG TGACCCGGCGC TTCAGCTTCC TCCTCCACTT CTACACAGTA CCCATACCCA
2041 AAACCGGCAC CCTCAGCTGC ACGGTAGCCC TGGGTCCCAA GACCGGGCT CAAGACCAGG
2101 AAGTCCATAG GACTGTCTTC ATGCCCTTGA ACATCATCAG CCCTGACCTG TCTGGTTGCA
2161 CAAGCAAAGG CCTCGTCTG CCCGCCGTGC TGGGCATCAC CTTGGTGCCT TTCCCTCATCG
2221 GGGCCCTGCT CACTGCTGCA CTCTGGTACA TCTACTCGCA CACGCGTGAG TACCCCAAGGC
2281 CCCCCACAGTG A

```

(SEQ ID NO: 4)

**Аминокислотная последовательность ENG мыши, изоформа 1 (L-ENG)  
(GenBank NM\_007932)**

1 MDRGVVLPLPI TLLFVIYSFV PTTIGLAERVG CDLQPVDPTR GEVTFTTSQV SEGCVAQAA  
61 AVREVHVLFL DFPGMLSHLE LTLQASKQNG TETQEVFVVL VSNKNVFVKF QAPEIPLHLA  
121 YDSSLVIFQG QPRVNITVLP SLT5RKQILD WAATKGAITS IAALDDPQSI VLQLGQDPKA  
181 PFLCLPEAK DMGATLEWQP RAQTPVQSCR LEGVSGHKEA YILRILPGSE AGPRTVTVM  
241 ELSCTSGDAI LILHGPPYVS WFIDINHSMQ ILTTGEYSVK IFPGSKVKGV ELPDTPQGLI  
301 AEARKLNASI VTSFVELPLV SNVSLRASSC GGVFQTPAP VVTTPPKDTC SFVLLMSLIQ  
361 PKCGNQVMTL ALNKKHVQTL QCTITGLTFW DSSCQAEDTD DHVLSSAYS SCGMKVTAHV  
421 VSNEVIISFP SGSPPLRKKV QCIDMDSL SF QLGLYLSPHF LQASNTIELG QQAFVQSVS  
481 PLTSEVTVQL DSCHLDLGPE GDMVELIQSR TAKGSCVTLL SPSPEGDPRF SFLLRVYMVP  
541 TPTAGTLSCN LALRPSTLSQ EVYKTVSMRL NIVSPDLSGK GLVLPSVLGI TFGAFLIGAL  
601 LTAALWYIYS HTRGPSKREP VVAVAAPASS ESSSTNHSIG STQSTPCSTS SMA  
(SEQ ID NO: 5)

**ФИГ.5**

**Нуклеотидная последовательность, кодирующая ENG мыши, изоформу 1 (L-ENG)  
(GenBank NM\_007932)**

```

361 AGCATGGACC GTGGCGTGCT CCCTCTGCC ATTACCCCTGC TGTTTGTCA CTATAGCTTT
421 GTACCCACAA CAGGTCTCGC AGAAAGAGTC GGCTGTGATC TACAGCCTGT GGACCCCACA
481 AGGGGTGAGG TGACGTTTAC CACCAGCCAG CTCTCCGAGG GCTCTGTAGC TCAGGCTGCC
541 AATGCTGTGC GTGAAGTCCA CGTTCTCTTC CTGGATTTC CCAGAATGCT GTCACATCTG
601 GAGCTGACTC TTCAGGCATC CAAGAAAAAT GGCACGGAGA CCCAGGAGGT GTTCCTCGTC
661 CTCGTTTCGA ACAAAAATGT CTTCGTGAAG TTCCAGGCC CGGAAATCCC ATTGCACTTG
721 GCCTACGACT CCAGCCTGGT CATCTCCAA GGACAGCCAA GAGTCAACAT CACAGTGCTA
781 CCATCCCTTA CCTCCAGGAA ACAGATCCTC GACTGGGCAG CCACCAAACGG CGCCATCACC
841 TCGATAGCAG CACTGGATGA CCCCCAAAGC ATCGTCCCTCC AGTTGGGCCA AGACCCAAAG
901 GCACCATTCT TGTGCTTGCC AGAACGTCAC AAGGACATGG GCQCCACACT TGAATGGCAA
961 CCACGAGCCC AGACCCCAGT CCAAAGCTGT CGCTTGGAAAG GTGTGTCTGG CCACAAACGAG
1021 GCCTACATCC TGAGGATCCT GCCAGGTTCT GAGGCCGGGC CCCGGACGGT GACCGTAATG
1081 ATGGAACTGA GTTGCACATC TGGGGACGCC ATTCTCATCC TGCATGGTCC TCCATATGTC
1141 TCCTGGTTCA TCGACATCAA CCACAGCATG CAGATCTTGA CCACAGGTGA ATACTCCGTC
1201 AAGATCTTC CAGGAAGCAA GGTCAAAGGC GTGGAGCTCC CAGACACACC CCAAGGCCTG
1261 ATAGCGGAGG CCCGCAAGCT CAATGCCAGC ATTGTCACCT CCTTTGTAGA GCTCCCTCTG
1321 GTCAGCAATG TCTCCCTGAG GGCCCTCCAGC TGGGGTGGTG TGTCCAGAC CACCCCTGCA
1381 CCCGGTGTGA CCACACCTCC CAAGGACACA TGCAGCCCCG TGCTACTCAT GTCCCTGATC
1441 CAGCCAAAGT GTGGCAATCA GGTCACTGACT CTGGCACTCA ATAAAAAAACA CGTGCAGACT
1501 CTCCAGTGCA CCATCACAGG CCTGACTTTC TGGGACTCCA GCTGCCAGGC TGAAGACACT
1561 GACGACCATC TTGTCCTGAG TAGGCCCTAC TCCAGCTGCG GCATGAAAGT GACAGCCCAT
1621 GTGGTCAGCA ATGAGGTGAT CATCAGTTTC CCGTCAGGCT CACCACCACT TCGGAAAAAAG
1681 GTACACTGCA TCGACATGGA CAGCCCTCTCC TTCCAGCTGG CCCTCTACCT CAGCCCCCAC
1741 TTCCCTCCAGG CATCCAACAC CATCGAAACTA GGCCAGCAGG CCTTCGTACA GGTGAGCGTG
1801 TCTCCATTGA CCTCTGAGGT CACAGTCCAG CTAGATAGCT GCCATCTGGA CTTGGGGCCC
1861 GAAGGGGACA TGGTGGAACT CATCCAGAGC CGAACAGCCA AGGGCAGCTG TGTGACCTTG
1921 CTGTCTCCAA GCCCTGAAGG TGACCCACAGC TTCAGCTTCC TCCCTCCGGT CTACATGGTG
1981 CCCACACCCA CGCCTGGCAC CCTCAGTTGC AACTTAGCTC TGCGCCCTAG CACCTTGTCC
2041 CAGGAAGTCT ACAAGACAGT CTCCATGCGC CTGAACATCG TCAGCCCTGA CCTGTCTGGT
2101 AAAGGCCTTG TCCTGCCCTC TGTACTGGGT ATCACCTTG GTGCCCTCC GATTGGGGCC
2161 CTGCTCACAG CTGCACTCTG GTACATCTAT TCTCACACAC GTGGCCCCAG CAAGGGGAG
2221 CCCGTGGTGG CAGTGGCTGC CCCGGCCCTCC TCTGAGAGCA GCAGTACCAA CCACAGCATE
2281 GGGAGCACCC AGAGCACCCC CTGCTCCACC AGCACCATGG CGTAG

```

(SEQ ID NO: 6)

**Аминокислотная последовательность ENG мыши, изоформа 2 (S-ENG)  
(GenBank NM\_001146350)**

1 MDRGVLPLPI TLLFVIYSFV PTTGLAERVG CDLQPVDPTR GEVTFTTSQV SEGCVAQAAN  
61 AVREVHVLFL DFPGMLSHLE LTLQASKQNG TETQEVFVVL VSNKNVFVKF QAPEIPLHLA  
121 YDSSLVIFQG QPRVNITVLP SLTSRKQILD WAATKGAITS IAALDDPQSI VLQLGQDPKA  
181 PFLCLPEAHK DMGATLEWQP RAQTPVQSCR LEGVSGHKEA YILRILPGSE AGPRTVTVM  
241 ELSCTSGDAI LILHGPPYVS WFIDINHSMQ ILTTGEYSVK IFPGSKVKGV ELPDTPQGLI  
301 AEARKLNASI VTSFVELFLV SNVSLRASSC GGVFQTPAP VVTTPPKDTC SPVLLMSLIQ  
361 PKCGNQVMTL ALNKKHVQTL QCTITGLTFW DSSCQAEDTD DHVLVSSAYS SCGMKVTAHV  
421 VSNEVIISFP SGSPPLRKKV QCIDMDSLSF QLGLYLSPHF LQASNTIELG QQAFVQVSVS  
481 PLTSEVTVQL DSCHLDLGPE GDMVELIQSR TAKGSCVTLL SPSPEGDPRF SFLLRVYMVP  
541 TPTAGTLSQN LALRPSTLSQ EVYKTVSMRL NIVSPDLSGK GLVLPSVLGI TFGAFLIGAL  
601 LTAALWYIYS HTREYPKPPP HSHSKRSGPV HTTPGHTQWS L  
(SEQ ID NO: 7)

**ФИГ.7**

**Нуклеотидная последовательность, кодирующая ENG мыши, изоформу 2 (S-ENG)  
(GenBank NM\_001146350)**

```

361 AGCATGGACC GTGGCGTGCT CCCTCTGCC ATTACCCCTGC TGTTTGTCA CTATAGCTTT
421 GTACCCACAA CAGGTCTCGC AGAAAGAGTC GGCTGTGATC TACAGCCTGT GGACCCCACA
481 AGGGGTGAGG TGACGTTTAC CACCAGCCAG GTCTCCGAGG GCTGTGTAGC TCAGGCTGCC
541 AATGCTGTGC GTGAAGTCCA CGTTCTCTTC CTGGATTTC CGGAAATGCT GTCACATCTG
601 GAGCTGACTC TTCAGGCATC CAAGCAAAAT GGCACGGAGA CCCAGGAGGT GTTCCCTGGTC
661 CTCGTTCGA ACAAAAATGT CTTCGTGAAG TTCCAGGCC CGGAAATCCC ATTGCACATTG
721 GCCTACGACT CCAGCCTGGT CATCTCCAA GGACAGCCAA GAGTCAACAT CACAGTGCTA
781 CCATCCCTTA CCTCCAGGAA ACAGATCCTC GACTGGGCAG CCACCAAGGG CGCCATCACCC
841 TCGATAGCAG CACTGGATGA CCCCCAAAGC ATCGTCCTCC AGTGGGCCA AGACCAAAG
901 GCACCATTCT TGTGCTTGCC AGAAGCTCAC AAGGACATGG GCGCCACACT TGAATGGCAA
961 CCACGAGCCC AGACCCCAGT CCAAAGCTGT CGCTTGGAAAG GTGTGTCTGG CCACAAAGGAG
1021 GCCTACATCC TGAGGATCCT GCCAGGTTCT GAGGCCGGGC CCCGGACGGT GACCGTAATG
1081 ATGGAACTGA GTTGCACATC TGGGGACGCC ATTCTCATCC TGCATGGTCC TCCATATGTC
1141 TCCTGGTTCA TCGACATCAA CCACAGCATG CAGATCTTGA CCACAGGTGA ATACTCCGTC
1201 AAGATCTTC CAGGAAGCAA GGTCAAAGGC GTGGAGCTCC CAGACACACC CCAAGGCCTG
1261 ATAGCGGAGG CCCGCAAGCT CAATGCCAGC ATTGTACACT CCTTTGTAGA GCTCCCTCTG
1321 GTCAGCAATG TCTCCCTGAG GGCCTCCAGC TGGCGTGGTG TGTTCAGAC CACCCCTGCA
1381 CCCGTTGTGA CCACACCTCC CAAGGACACA TGCAGCCCCG TGCTACTCAT GTCCCTGATC
1441 CAGCCAAAGT GTGGCAATCA GGTCACTGACT CTGGCACTCA ATAAAAAAACA CGTGCAGACT
1501 CTCCAGTGCA CCATCACAGG CCTGACTTTC TGGGACTCCA GCTGCCAGGC TGAAGACACT
1561 GACGACCATC TTGTCCTGAG TAGGCCCTAC TCCAGCTGCG GCATGAAAGT GACAGCCCAT
1621 GTGGTCAGCA ATGAGGTGAT CATCAGTTTC CCGTCAGGCT CACCACCACT TCGGAAAAAG
1681 CTACAGTGCA TCGACATGGA CAGCCCTCTCC TTCCAGCTGG CCCTCTACCT CAGCCCCCAC
1741 TTCCCTCCAGG CATCCAACAC CATCGAACTA GGCCAGCAGG CCTTCGTACA GGTGAGCGTG
1801 TCTCCATTGA CCTCTGAGCT CACAGTCCAG CTAGATAGCT GCCATCTGGA CTTGGGGCC
1861 GAAGGGGACA TGGTGGAACT CATCCAGAGC CGAACAGCCA AGGGCAGCTG TGTGACCTTG
1921 CTGTCTCCAA GCCCTGAAGG TGACCCACGC TTCAGCTTCC TCCCTCCGGT CTACATGGTG
1981 CCCACACCCA CGCCTGGCAC CCTCAGTTGC AACTTAGCTC TGGCCCTAG CACCTGTCC
2041 CAGGAAGTCT ACAAGACAGT CTCCATGCGC CTGAACATCG TCAGCCCTGA CCTGTCTGGT
2101 AAAGGCCTTG TCCTGCCCTC TGTACTGGGT ATCACCTTG GTGCCCTCCT GATTGGGGCC
2161 CTGCTCACAG CTGCACTCTG GTACATCTAT TCTCACACAC GTGAGTATCC CAAGCCTCCA
2221 CCCCCATTCCC ACAGCAAGCG CTCAGGGCCC GTCCACACCA CCCCCGGGGCA CACCCACTGG
2281 AGCCTCTGA

```

(SEQ ID NO: 8)

**Аминокислотная последовательность внеклеточного домена ENG человека**

ETVHC DLQPVGPERG EVTYTTSQVS KGCVAQAPNA  
ILEVHVLFLE FPTGPSQLEL TLQASKQNGT WPREVLLVLS VNSSVFLHLQ ALGIPLHLAY  
NSSLVTFQEP PGVNTTELPS FPKTQILEWA AERGRITSAA ELNDPQSILL RLGQAQGSLS  
PCMLEASQDM GRTLEWRPRT PALVRGCHLE GVAGHKEAHI LRVLPGHSAG PRTVTVKVEL  
SCAPGDLDLV LILQGPPYVS WLIDANHNMQ IWTTGEYSFK IFPEKNIRGF KLPDTPQGLL  
GEARMLNASI VASFVELPLA SIVSLHASSC GGRLQTSPAP IQTTPPKDTG SPELLMSLIQ  
TKCADDAMTL VLKKELVAHL KCTITGLTFW DPSCEAEDRG DKFVLRSAYS SCGMQVSASM  
ISNEAVVNIL SSSSPQRKKV HCLNMDSLSF QLGLYLSPHF LQASNTIEPG QOSFVQVRVS  
PSVSEFLLQL DSCHLDLGPE GGTVELIQGR AAKGNCVSLL SPSPEGDPRF SFLLHFYTVP  
IPKTGTLSCT VALRPKTGSQ DQEvhRTVFM RLNIISPDLs GCTSKG (SEQ ID NO: 9)

**ФИГ.9**

## Аминокислотная последовательность внеклеточного домена ENG мыши

ERVG CDLQPVDPTR GEVTFTTSQV SEGCVAQAAN  
AVREVHVLFL DPPGMLSHLE LTLOASKONG TETREVFLVL VSNKNVFVKF QAPEIPLHLA  
YDSSLVIFQG QPRVNITVLP SLTSRKQILD WAATKGAITS IAALDDPQSI VLQLGQDPKA  
PFLCLPEAHK DMGATLEWQP RAQTPVQSCR LEGVSGBKEA YILRILPGSE AGPRTVTVM  
ELSCTSGDAI LILHGPPYVS WFIDINHSMQ ILTTGEYSVK IFPGSKVKGV ELPDTPQGLI  
AEARKLNASI VTSFVELPLV SNVSLRASSC GGVFQTTPAP VVTTPPKDTG SPVLLMSLIQ  
PKCGNQVNTL ALNKKHVQTL QCTITGLTFW DSSCQAEDTD DHLVLSSAYS SCGMKVTARV  
VSNEVIISFP SGSPPLRKKV QCIDMDSLSF QLGLYLSPHF LQASNTIELG QQAFVQVSVS  
PLTSEVTVQL DSCHLDLGPE GDMVELIQSR TAKGSCVTLL SPSPEGDPRF SFLLRVYMVP  
TPTAGTLSQN LALRPSTLSD EVYKTVSMRL NVVSPDLSGK G (SEQ ID NO: 10)

ФИГ.10

**Аминокислотная последовательность домена Fc IgG1 человека**

1 GGPKSCDKTH TCPPCPAPEL LGGPSVFLFP PKPKDTLMIS RTPEVTCVVV DVSHEDPEVK  
61 FNWYVDGVEV HNAKTKPREE QYNSTYRVVS VLTVLHQDWL NGKEYKCKVS NKALPAPIEK  
121 TISKAKGQPR EPQVYTLPPS REEMTKNQVS LTCLVKGFYP SDIAVEWESN QOPENNYXTT  
181 PPVLDSDGSF FLYSKLTVDK SRWQQGNVFS CSVMHEALH HYTQKSLSLS PGK  
(SEQ ID NO: 11)

**ФИГ.11**

**Аминокислотная последовательность домена Fc IgG1 человека,  
укороченного с N-конца**

1 THTCPAP ELLGGPSVFL PPPKPDTLM ISRTPEVTCV VVDVSHEDPE VKFNWYVDGV  
61 EVHNAKTKPR EEQYNSTYRV VSVLTVLHQD WLNGKEYKC VSNKALPAPI EKTISKAKGQ  
121 PREPQVYTLF PSREEMTKNQ VSLTCLVKGF YPSDIAVEWE SNGOPENNYK TPPVLDSDG  
181 SF~~FLYSKLTV~~ DKSRWQQGNV FSCSVMHEAL H HYTQKSLSLS LSPGK  
(SEQ ID NO: 12)

**ФИГ.12**

### Аминокислотная последовательность hENG(26-586)-hFc

1 MDAMKRLGCC VLLLGA<sup>V</sup>FV S<sup>P</sup>GAETVHCD LQPVGPERDE VTYTTSQVSK  
 51 GCVAQAPNAI LEVHVLFLEF PTGPSOLELT LQASKQNGTW PREVLLVLSV  
 101 NSSVFLHLQA LGIPLHLAYN SSLVTFQEPP GVNTTELP<sup>S</sup>F PKTQILEWAA  
 151 ERGPITSAAE LNDPQSILLR LGQAQGSLSF CMLEASQDMG RTLEWRPRTP  
 201 ALVRGCHLEG VAGHKEAHIL RVLPGHSAGP RTVTVKVELS CAPGDLDAVL  
 251 ILOQPPYVSW LIDANHNMQI WTTGEYSFKI FPEKNIRGFK LPDTPQGLLG  
 301 EARMLNASIV ASFVELPLAS IVSLHASSCG GRLQTSPAPI QTTPPKDTCS  
 351 PELLMSLIQT KCADDAMTLV LKKELVAHLK CTITGLTFWD PSCEAEDRGD  
 401 KFVLR<sup>S</sup>A<sup>Y</sup>SS CGMQVSASMI SNEAVVNILS SSSPQRKKVH CLNMDSLSFQ  
 451 LGLYLSPHFL QASNTIEPGQ QSFVQVRVSP SVSEFLLQLD SCHLDLGPEG  
 501 GTVELI<sup>Q</sup>GRA AKGN<sup>C</sup>V<sup>S</sup>LLS PSPEGDPRFS FLLKFYT<sup>V</sup>P<sup>I</sup> P<sup>K</sup>TGTL<sup>S</sup>CTV  
 551 ALRPKTGSQD QEVHRTVFMR LNIIISPDL<sup>S</sup>G CTSKGTGGP KSCDKTHTCP  
 601 PCPAPELLGG PSVFLFPPKP KDTLMISRT<sup>P</sup> EVTCVVVDVS HEDPEVKFNW  
 651 YVDGV<sup>E</sup>VHNA KTKPREEQYN STYRVVSVLT VLHQDWLNGK EYKCKVSNKA  
 701 LPAPIEKTIS KAKGQP<sup>R</sup>E<sup>P</sup>Q VYTLPPSREE NTKNQVSLTC LVKG<sup>F</sup>YPSDI  
 751 AVEWESNGQP ENNYK<sup>T</sup>TPPV LDSDG<sup>S</sup>FFLY SKLTVDKSRW QQGNVFSCSV  
 801 MHEALHNHYT QKSLSLSPGK  
 (SEQ ID NO: 16)

**ФИГ.13**

### Нуклеотидная последовательность, кодирующая hENG(26-586)-hFc

1 ATGGATGCAA TGAAGAGAGG CCTCTGCTGT CTGCTGCTGC TGTGTGGAGC  
 AGTCTTCGTT TCGCCCCGGCG CGGAAACAGT CCATTGTGAC CTTCAAGCCTG  
 101 TGGGCCCGA GAGGGACGAG GTGACATATA CCACTAGCCA GGTCTCGAAG  
 GGCTGCGTGG CTCAGGCCCG CAATGCCATC CTTGAAGTCC ATGTCTCTT  
 201 CCTGGAGTTC CCAACGGGCC CGTCACAGCT GGAGCTGACT CTCCAGGCAT  
 CCAAGCAAAA TGGCACCTGG CCCCGAGAGG TGCTTCTGGT CCTCACTGTA  
 301 AACAGCAGTG TCTTCCTGCA TCTCCAGGCC CTGGGAATCC CACTGCACTT  
 GGCCTACAAT TCCAGCCTGG TCACCTTCCA AGAGCCCCG GGGGTCAACA  
 401 CCACAGAGCT GCCATCCTTC CCCAAGACCC AGATCCTTGA GTGGGCAGCT  
 GAGAGGGGCC CCATCACCTC TGCTGCTGAG CTGAATGACC CCCAGAGCAT  
 501 CCTCCTCCGA CTGGGCCAAG CCCAGGGGTC ACTGTCTTC TGCAATGCTGG  
 AAGCCAGCCA GGACATGGC CGCACGCTCG AGTGGCGGCC GCGTACTCCA  
 601 GCCTTGGTCC GGGGCTGCCA CTTGGAAGGC GTGGCCGGCC ACAAGGAGGC  
 GCACATCCTG AGGGTCTGC CGGGCCACTC GGCCGGGCC CGGACGGTGA  
 701 CGGTGAAGGT GGAACTGAGC TGGCACCCG GGGATCTCGA TGCCGTCTC  
 ATCCTGCAGG GTCCCCCTA CGTGTCTGG CTCATCGACG CCAACCACAA  
 801 CATGCAGATC TGGACCAC TGAGAATACTC CTTCAAGATC TTTCCAGAGA  
 AAAACATTG TGCTTCAAG CTCCCAGACA CACCTCAAGG CCTCCTGGGG  
 901 GAGGCCCGGA TGCTCAATGC CACCATTTG GCATCCTTC TGAGCTTAC  
 GCTGGCCAGC ATTGTCTCAC TTCATGCCCTC CAGCTGCGGT GGTAGGCTGC  
 1001 AGACCTCACCGC CAGACCAC TGCTCCAGGA CACTTGTAGC  
 CCGGAGCTGC TCATGTCTT GATCCAGACA AAGTGTGCCG ACGACGCCAT  
 1101 GACCTGGTA CTAAAGAAAG AGCTTGTGC GCATTGAAAG TGCACCATCA  
 CGGGCCTGAC CTTCTGGAC CCCAGCTGTG AGGCAGAGGA CAGGGGTGAC  
 1201 AAGTTTGTCT TGCGCAGTGC TTACTCCACC TGTGGCATGC AGGTGTCA  
 AAGTATGATC ACCAATGAGG CGGTGGTCAA TATCCTGTG AGCTCATCAC  
 1301 CACAGCGGAA AAAGGTGCAC TGCCTCAACA TGGACAGCCT CTCTTCCAG  
 CTGGGCCTCT ACCTCAGCCC ACACCTCCTC CAGGCCTCCA ACACCATCGA  
 1401 GCCGGGGCAG CAGAGCTTG TGCAAGTCAG AGTGTCCCCA TCCGTCTCCG  
 AGTTCTGCT CCAGTTAGAC AGCTGCCACC TGGACTTGGG GCCTGAGGGA  
 1501 GGCACCGTGG AACTCATCCA GGGCCGGGCG GCCAAGGGCA ACTGTGTGAG  
 CCTGCTGTCC CCAAGCCCC AGGGTGACCC GCGCTTCAGC TTCTCTCC  
 1601 ACFTCTACAC AGTACCCATA CCCAAAACCG GCACCCCTCAG CTGCACGGTA  
 GCCCTGCGTC CCAAGACCGG GTCTCAAGAC CAGGAAGTCC ATAGGACTGT  
 1701 CTTCATGCCG TTGAACATCA TCAGCCCTGA CCTGTCTGGT TGCACAAGCA  
 AAGGCACCGG TGGTGGACCC AAATCTTGTG ACAAAACTCA CACATGCCCA  
 1801 CCGTGCCAG CACCTGAAC TCTGGGGGCA CCGTCAGTCT TCCTCTTCCC  
 CCCAAAACCC AAGGACACCC TCATGATCTC CCGGACCCCT GAGGTCAACAT

1901 GCGTGGTGGT GGACGTGAGC CACGAAGACC CTGAGGTCAA GTTCAACTGG  
TACGTGGACG GCGTGGAGGT GCATAATGCC AAGACAAAGC CGCGGGAGGA  
2001 GCAGTACAAC AGCACGTACC GTGTGGTCAG CGTCCTCACC GTCCCTGCACC  
AGGACTGGCT GAATGGCAAG GAGTACAAGT GCAAGGTCTC CAACAAAGCC  
2101 CTCCCAGCCC CCATCGAGAA AACCATCTCC AAAGCCAAAG GGCAGCCCCG  
AGAACACACAG GTGTACACCC TGCCCCCATC CCGGGAGGAG ATGACCAAGA  
2201 ACCAGGTCAG CCTGACCTGC CTGGTCAAAG GCTTCTATCC CAGCGACATC  
GCCGTGGAGT GGGAGAGCAA TGGGCAGCCG GAGAACAACT ACAAGACCAC  
2301 GCCTCCCGTG CTGGACTCCG ACGGCTCCCTT CTTCCCTCTAT AGCAAGCTCA  
CCGTGGACAA GAGCAGGTGG CAGCAGGGGA ACGTCTTCTC ATGCTCCGTG  
2401 ATGCATGAGG CTCTGCACAA CCACTACACG CAGAAGAGCC TCTCCCTGTC  
CCCGGGTAAA TGA

(SEQ ID NO: 17)

ФИГ.14  
продолжение

**Аминокислотная последовательность hENG(26-586)-hFc с укороченным  
с N-конца доменом Fc**

```

1 MDAMKRGLCC VLLLCGAVFV SPGAETVHCD LQPVGPERDE VTYTTSQVSK
51 GCVAQAPNAI LEVHVLFLF PTGPSQLELT LQASKQNGTW PREVLLVLSV
101 NSSVFLMLQA LGIPLHLAYN SSLVTFOEPP GVNTTELPSF PKTQILEWAA
151 ERGPITSAAE LNDPQSIIRR LGOAQGSLSF CMLEASQDMG RTLEWRPRTP
201 ALVRGCCHLEG VAGHKEAHIL RVLPGHSAGP RTVTVKVELS CAPGDLDAVL
251 ILOGPPYVSW LIDANHNMOI WTTGEYSFKI FPEKNIRGFK LPDTPQCLLG
301 EARMLNASIV ASFVELPLAS IVSILHASSCG GRLQTSPAPI QTTPPKDTCS
351 PELLMSLIQT KCADDAMTLV LKKELVAHLK CTITGLTFWD PSCEAEDRGD
401 KFVLRSAVSS CGMQVSASMI SNEAVVNILS SSSPORKKVN CLNMDSLSFQ
451 LGLYLSPHFL QASNTIEPGQ QSFVQVRVSP SVSEFLLQLD SCHLDLGPEG
501 GTVELIOPGRA AKGNCVSLLS PSPEGDPRFS FLLHFYTVPPI PKTGTLSCTV
551 ALRPXTGSQD QEVHRTVFMR LNIISPDLSG CTSKGTGGGT HTCPPCPAPE
601 LLGGPSVFLF PPKPKDTLMI SRTPEVTCVV VDVSHEDPEV KFNWYVDGVE
651 VHNAKTKPRE EQYNSTYRVV SVLTVLHQDW LNGKEYKCKV SNKALPAPIE
701 KTISKAKGQP REPQVYTLPP SREEMTKNQV SLTCLVKGFY PSDIAVWES
751 NCQOPENNYKT TPPVLDSDGS FFLYSKLTVD KSRWQQGNVF SCSVMHEALH
801 NHYTQKSLSL SPGK
(SEQ ID NO: 18)

```

**ФИГ.15**

### Аминокислотная последовательность mENG(27-581)-mFc

1 MDAMKRLGCC VLLLCAVVFV SPGGGERVGCD LQPVDPTRGE VTFTTSOVSE  
 51 GCVAQAAANAV REVHVLFLDF PGMLSHLELT LQASKQNGTE TQEVLFLVLVS  
 101 NKNVFVKFQA PEIPLHLAYD SSLVIFQGQP RVNITVLPSL TSRKQILDWA  
 151 ATKGAIITSIA ALDDPQSIVL QLGQDPKAFF LCLPEAHKDM GATLEWOPRA  
 201 QTPVQSCRLE GVSGHKEAYI LRILPGSEAG PRTVTVMMEI SCTSGDAILI  
 251 LHGPPYVSWF IDINHSMQIL TTGEYSVKIF PGSKVKGVEL PDTPOGLIAE  
 301 ARKLNASIYT SFVELPLVSN VSLRASSCGG VFQTTPAPVV TPPPKDTCS  
 351 VLLMSLIQPK CGNQVMTLAL NKKHVQTLQC TITGLTFWDS SCQAEDTDDH  
 401 LVLSSAYSSC GMKVTAHVVS NEVIISFPMSG SPPLRKKVQC IDMDSLSFQL  
 451 GLYLSPHFLQ ASNTIELGQQ AFVQVSVSPL TSEVTVQLDs CHLDLGPRGD  
 501 MVELIQSRTA KGSCVTLLSP SPEGDPRFSF LLRVYMVPTP TAGTLSCNLA  
 551 LRPSTLSQEV YKTVSMRLNI VSPDLGKGT GGGEPRVPIt QNPCCPLKEC  
 601 PPCAAPDLLG GPSVFIFPPK IKDVLMISLS PMVTCVVVDV SEDDPDVQIS  
 651 WFVNNNEVHT AQTQTHREDY NSTLRVVSAL PIQHQDWMSG KEFKCKVNNR  
 701 ALPSPIEKTI SKPRGPVRAP QVYVLPPPAA EMTKKEFSLT CMITGFLPAE  
 751 IAVDWTSNGR TEQNYKNTAT VLSDSDGSYFM YSKLRVQKST WERGSLFACS  
 801 VVHEGLHNHL TTKTISRSLG K  
 (SEQ ID NO: 19)

**ФИГ.16**

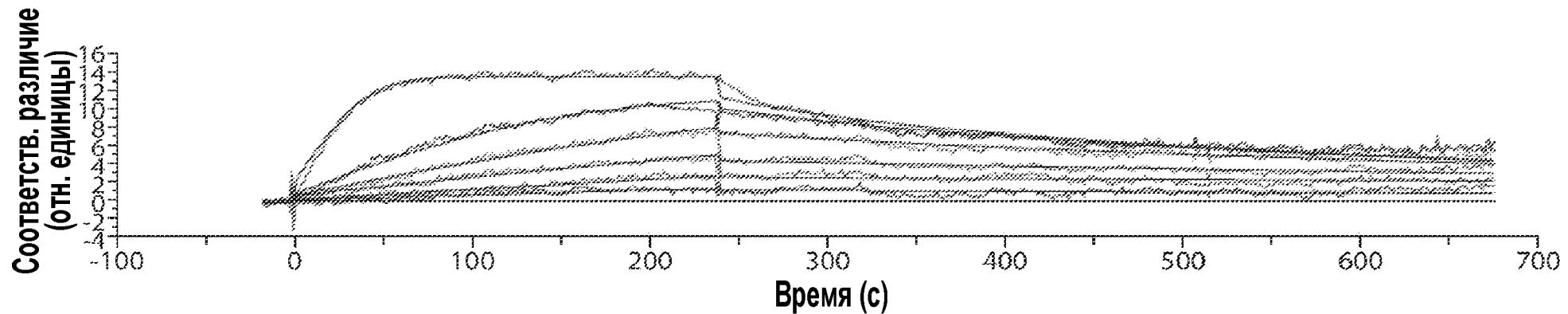
## Нуклеотидная последовательность, кодирующая mENG(27-581)-mFc

1 ATGGATGCAA TGAAGAGAGG GCTCTGCTGT GTGCTGCTGC TGTGTGGAGC  
 AGTCTTCGTT TCGCCCCGGCG GGGAAAGAGT CGGCTGTGAT CTACAGCCTG  
 101 TGGACCCCAC AAGGGGTGAG GTGACGTTA CCACCAGCCA GGTCTCCGAG  
 GGCTGTGTAG CTCAGGCTGC CAATGCTGTG CGTGAAGTCC ACGTTCTCTT  
 201 CCTGGATTTC CCCGGAAATGC TGTCACATCT GGAGCTGACT CTFCAAGGCAT  
 CCAAGCAAAA TGGCACGGAG ACCCAGGAGG TGTTCCCTGGT CCTCGTTTCG  
 301 AACAAAAATG TCTTCGTGAA GTTCCAGGCC CCGGAAATCC CATTGCACTT  
 GCCCTACGAC TCCAGCCTGG TCATCTTCCA AGGACAGCCA AGAGTCAACA  
 401 TCACAGTGCT ACCATCCCT ACCTCCAGGA AACAGATCCT CGACTGGGCA  
 GCCACCAAGG GCGCCATCAC CTCGATAGCA GCACTGGATG ACCCCCCAAAG  
 501 CATCGTCCTC CAGTTGGGCC AAGACCCAAA GGCACCATTC TTGTGCTTGC  
 CAGAAGCTCA CAAGGACATG GGCGCCACAC TTGAATGGCA ACCACGAGCC  
 601 CAGACCCCAG TCCAAAGCTG TCGCTTGGAA GGTGTGTCTG GCCACAAGGA  
 GCCCTACATC CTGAGGATCC TGCCAGGTTTC TGAGGCCGGG CCCCCGACGG  
 701 TGACCGTAAT GATGGAAC TG AGTTGCACAT CTGGGGACGC CATTCTCATC  
 CTGCATGGTC CTCCATATGT CTCCCTGGTTC ATCGACATCA ACCACAGGCAT  
 801 GCAGATCTG ACCACAGGTG AATACTCCGT CAAGATCTT CCAGGAAGCA  
 AGGTCAAAGG CGTGGAGCTC CCAGACACAC CCCAAGGCCT GAFAGCGGAG  
 901 GCCCGCAAGC TCAATGCCAG CATTGTCACC TCCFTTGTAG AGCTCCCTCT  
 GGTCAGCAAT GTCTCCCTGA GGGCCTCCAG CTGCGGTGGT GTGTTCCAGA  
 1001 CCACCCCTGC ACCCGTGTG ACCACACCTC CCAAGGACAC ATGCAGCCCC  
 GTGCTACTCA TGTCCCTGAT CCAGCCAAAG TGTGGCAATC AGGTCATGAC  
 1101 TCTGGCACTC AATAAAAAAC ACCTGGAGAC TCTCCAGTGC ACCATCACAG  
 GCCTGACTTT CTGGGACTCC AGCTGCCAGG CTGAAGACAC TGACGACCAT  
 1201 CTTGTCCCTGA GTAGCCGCTA CTCCAGCTGC GGCATGAAAG TGACAGCCCA  
 TGTGGTCAGC AATGAGGTGA TCATCAGTTT CCCGTCAAGGC TCACCAACCAC  
 1301 TTTCGAAAAAA GGTACAGTGC ATCGACATGG ACAGCCTCTC CTTCCAGCTG  
 GGCCTCTACC TCAGCCCGCA CTTCCCTCCAG GCATCCAACA CCATCGAACT  
 1401 AGGCCAGCAG GCCTTCGTAC AGGTGAGCGT GTCTCCATTG ACCTCTGAGG  
 TCACAGTCCA GCTAGATAGC TGCCATCTGG ACTTGGGGCC CGAAGGGGAC  
 1501 ATGGTGGAAC TCATCCAGAG CGAACAGCC AAGGGCAGCT GTGTGACCTT  
 GCTGTCTCCA AGCCCTGAAG GTGACCCACG CTTCAGCTTC CTCCTCCGGG  
 1601 TCTACATGGT GCCCACACCC ACCGCTGGCA CCCFCAGTTG CAACTTAGCT  
 CTGCGCCCTA GCACCTGTGTC CCAGGAAGTC TACAAGACAG TCTCCATGCG  
 1701 CCTGAACATC GTCAGCCCTG ACCTGTCTGG TAAAGGCACC GGTGGGGGTG  
 AGCCCCAGAGT GCCCATAACA CAGAACCCCT GTCCTCCACT CAAAGAGTGT  
 1801 CCCCCATGCG CAGCTCCAGA CCTCTTGGGT GGACCCATCCG TCTTCATCTT  
 CCCTCCAAAG ATCAAGGATG TACTCATGAT CTCCCTGAGC CCCATGGTCA

1901 CATGTGTGGT GGTGGATGTG AGCGAGGATG ACCCAGACGT CCAGATCAGC  
TGGTTTGTGA ACAACGTGGA AGTACACACA GCTCAGACAC AAACCCATAG  
2001 AGAGCGATTAC AACAGTACTC TCCGGGTGGT CAGTGCCCTC CCCATCCAGC  
ACCAGGACTG GATGAGTGGC AAGGAGTTCA AATGCAAGGT CAACAAACAGA  
2101 GCCCTCCCCAT CCCCCATCGA GAAAACCACFC TCAAAACCCA GAGGGCCAGT  
AACAGCTCCA CAGCTATATG TCTTGCCTCC ACCAGCAGAA GAGATGACTA  
2201 AGAAAGAGTT CAGTCTGACC TGCGATGATCA CAGGCTTCTT ACCTGCCGAA  
ATTGCTGTGG ACTGGACCAAG CAATGGCGT ACAGAGCAA ACTACAAGAA  
2301 CACCGCAACA GTCCTGGACT CTGATGGPTC TTACTTCATG TACAGCAAGC  
TCACAGTACA AAAGAGCACT TCGGAAAGAG GAAGTCTTT CGCCTGCTCA  
2401 GTGGTCCACG AGGGTCTGCA CAATCACCTT ACGACTAAGA CCATCTCCCG  
GTCTCTGGGT AAATGAA  
(SEQ ID NO: 20)

ФИГ.17  
продолжение

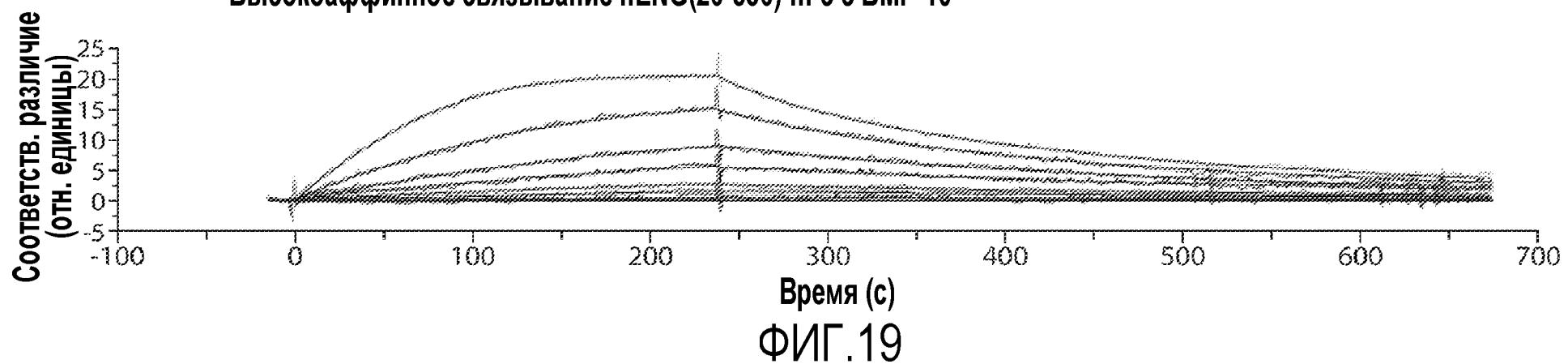
**Высокоаффинное связывание hENG(26-586)-hFc с BMP-9**



**ФИГ.18**

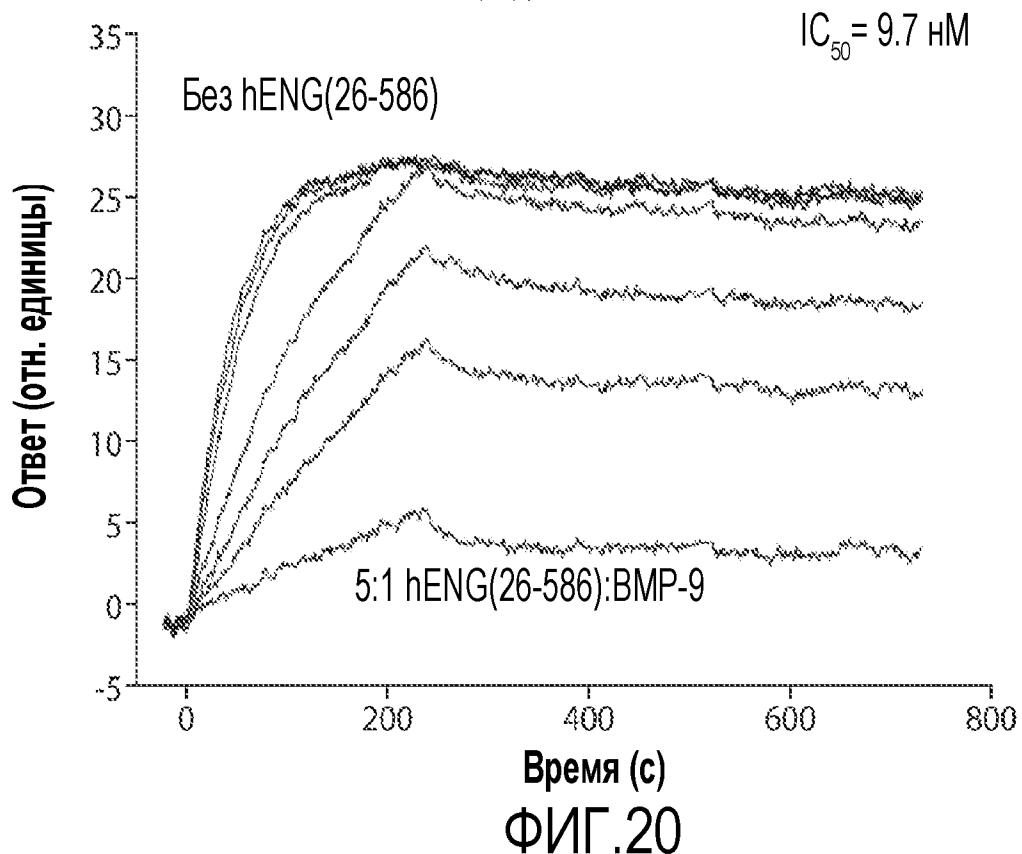
19/43

**Высокоаффинное связывание hENG(26-586)-hFc с BMP-10**



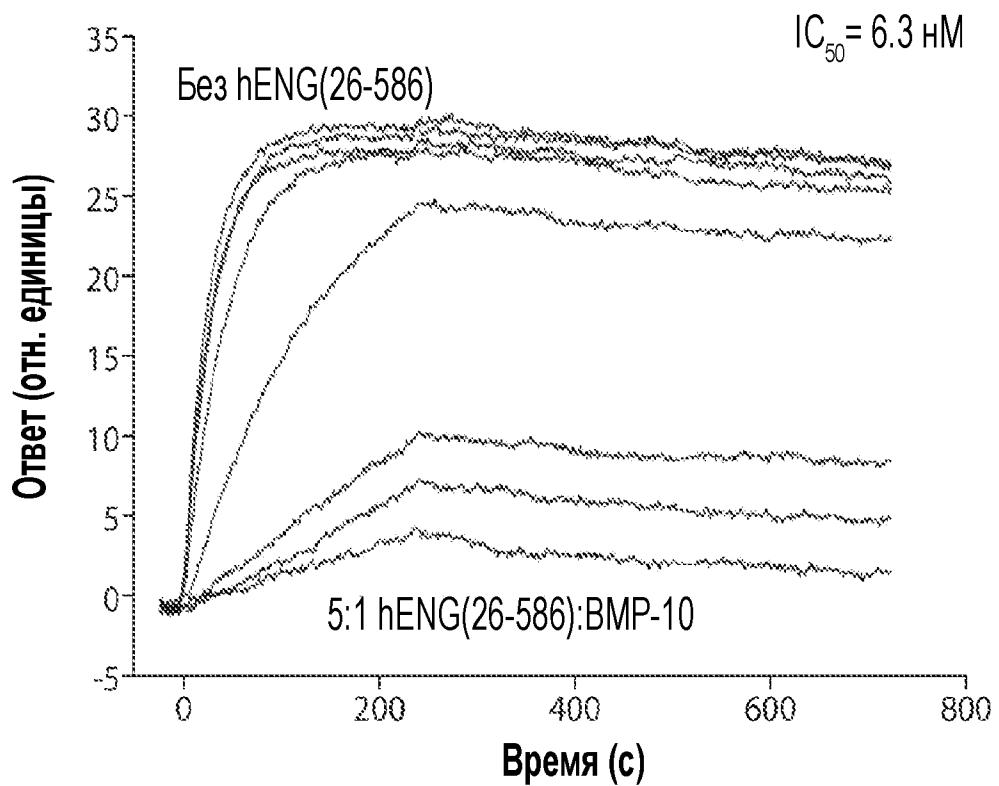
**ФИГ.19**

**Эффект растворимого внеклеточного домена ENG человека, hENG(26-586),  
в отношении связывания BMP-9 с ALK1**



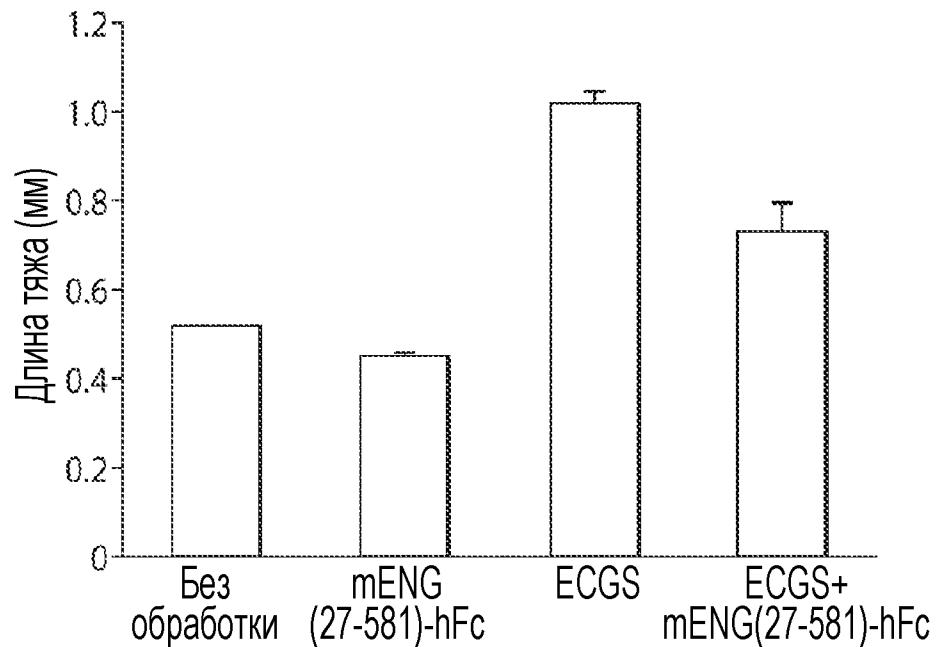
ФИГ.20

**Эффект растворимого внеклеточного домена ENG человека, hENG(26-586),  
в отношении связывания BMP-10 с ALK1**



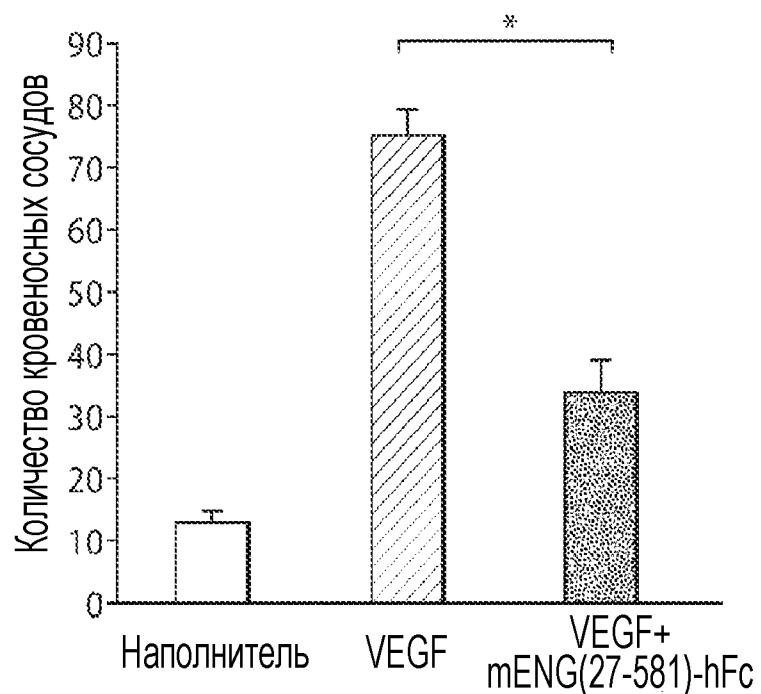
ФИГ.21

**Эффект mENG(27-581)-hFc в отношении образования тяжа эндотелиальными клетками пупочной вены человека (HUVEC) в культуре**



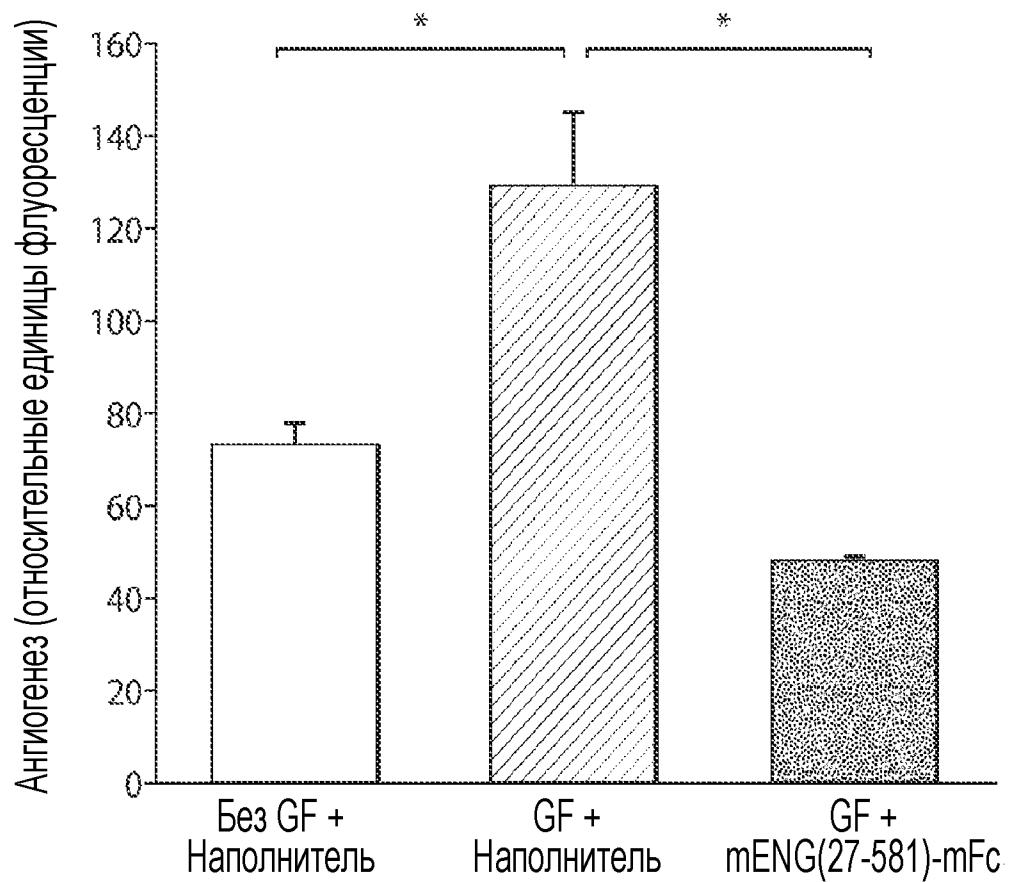
ФИГ.22

**mENG(27-581)-hFc ингибирует ангиогенез, стимулируемого VEGF, в анализе CAM**



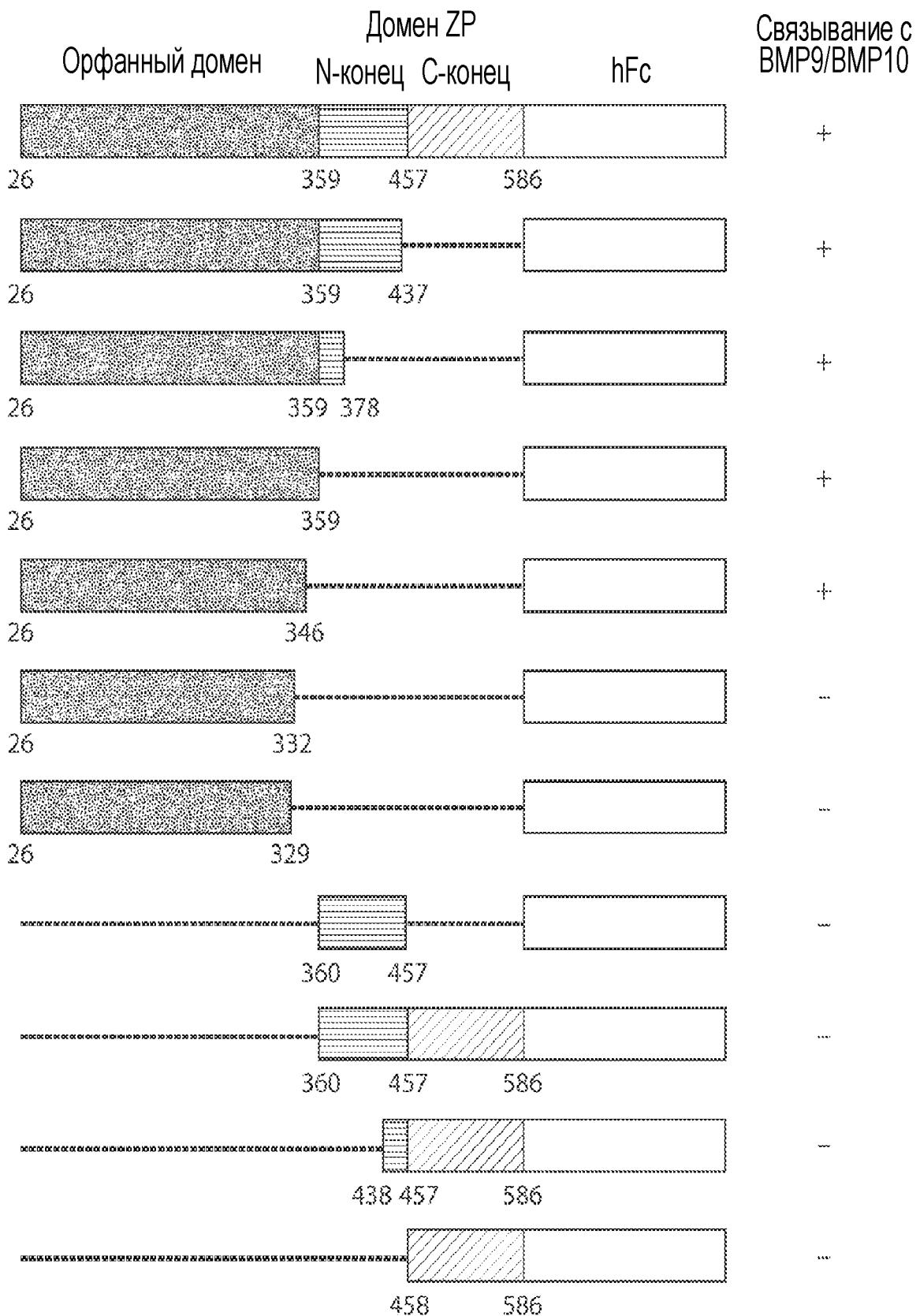
ФИГ.23

**Эффект mENG(27-581)-hFc в отношении ангиогенеза, стимулируемого факторами роста, в анализе ангиореактора мыши**



ФИГ.24

### Схематическое сравнение выбранных укороченных конструкций hENG



ФИГ.25

**Аминокислотная последовательность hENG(26-437)-hFc**

1 MDAMKRGGLCC VLLLCGAVFV SPGAETVHCD LQPVGPERDE VTYTTSQVSK  
51 GCVAQAPNAI LEVHVLFLRF PTGPSOLELT LQASKQNGTW PREVLLVLSV  
101 NSSVFLHLQA LGIPLHLAYN SSLVTFOEPP GVNTTELPSF PKTQILEWAA  
151 ERGPITSAAE LNDPQSIILR LGQAQGSLSF CMLEASQDMG RTLEWRPRTP  
201 ALVRGCHLEG VAGHKEARHIL RVLPGHSAGP RTVTVKVELS CAPGDLDAVL  
251 ILOQGPPYVSW LIDANHNMQI WTTGEYSFKI FPEKNIRGFK LPDTPQQLLG  
301 EARMILNASIV ASFVELPLAS IVSLHASSCG GRLQTSPAPI QTTPPPDKTCS  
351 PELIMSLIQT KCADDAMTLV LKKELVAHLK CTITGLTFWD PSCEAEDRGD  
401 KFVLRSAYSS CGMQVSASMI SNEAVVNILS SSSPORT~~GGG~~ PKSCDKTHTC  
451 PPCPAPELLG GPSVFLFPPK PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN  
501 WYVDGVEVHN AKTKPREEQY NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK  
551 ALPAPIEKTI SKAKGQPREP QVYTLPPSRE EMTKNQVSLT CLVKGFYPSD  
601 IAVEWESNCQ PENNYKTTPP VLDSDGSSFL YSKLTVDKSR WQQGNVFSCS  
651 VMHEALHNHY TQKSLSLSPG K  
(SEQ ID NO: 21)

**ФИГ.26**

**Нуклеотидная последовательность, кодирующая hENG(26-437)-hFc**

1 ATGGATGCAA TGAAGAGAGG CCTCTGCTGT GTGCTGCTGC TGTGTGGAGC  
 AGTCTTCGTT TCGCCCGGCG CC~~GAAACAGT~~ CCATTGTGAC CTTCAGCCTG  
 101 TGGGCCCGA GAGGGACGAG GTGACATATA CCACTAGCCA GGTCTCGAAG  
 GGCTGCGTGG CTCAGGCCCC CAATGCCATC CTTGAAGTCC ATGTCTCTT  
 201 CCTGGAGTTC CCAACGGGCC CGTCACAGCT QGAGCTGACT CTCCAGGCAT  
 CCAAGCAAAA TGGCACCTGG CCCCGAGAGG TGCTTCTGGT CCTCAGTGT  
 301 AACAGCAGTG TCTTCCTGCA TCTCCAGGCC CTGGGAATCC CACTGCACCT  
 GGCCTACAAT TCCAGCCTGG TCACCTTCCA AGAGCCCCCG GGGGTCAACA  
 401 CCACAGAGCT GCCATCCTTC CCCAAGACCC AGATCCTTGA GTGGGCAGCT  
 GAGAGGGGCC CCATCACCTC TGCTGCTGAG CTGAATGACC CCCAGAGCAT  
 501 CCTCCTCCGA CTGGGCCAAG CCCAGGGCTC ACTGTCCPTC TGCATGCTGG  
 AAGCCAGCCA GGACATGGC CGCACGCTCG ACTGGCGGCC GCGTACTCCA  
 601 GCCTTGGTCC GGGGCTGCCA CTTGGAAGGC GTGGCCGGCC ACAAGGAGGC  
 GCACATCCTG AGGGTCTGAG CGGGCCACTC GGCCGGGCC CGGACGGTGA  
 701 CGGTGAAGGT GGAACGTGAGC TGCACCCCG GGGATCTCGA TGCCTGCCTC  
 ATCCTGCAGG GTCCCCCTTA CGTGTCTGG CTCATCGACG CCAACCACAA  
 801 CATGCAGATC TGGACCACTG GAGAATACTC CTTCAAGATC TTTCCAGAGA  
 AAAACATTG TGGCTTCAAG CTCCCAGACA CACCTCAAGG CCTCCTGGG  
 901 GAGGCCCGGA TGCTCAATGC CAGCAATTGTG QCATCCTCG TGGAGCTACC  
 GCTGGCCAGC ATTGTCTCAC TTCAATGCCCTC CAGCTGGGT GGTAGGCTGC  
 1001 AGACCTCACC CGCACCGATC CAGACCACTC CTCCCCAAGGA CACTTGTAGC  
 CCGGAGCTGC TCATGTCCFT GATCCAGACA AAGTGTGCCG ACGACGCCAT  
 1101 GACCTGGTA CTAAAGAAAG AGCTTGTGC GCAATTGAAG TGCACCATCA  
 CGGGCCTGAC CTTCTGGGAC CCCAGCTGTG AGGCAGAGGA CAGGGGTGAC  
 1201 AAGTTTGTCT TGGCAGTGC TTACTCCAGC TGTGGCATGC AGGTGTCAAGC  
 AAGTATGATC AGCAATGAGG CGGTGGTCAA TATCCTGTG AGCTCATCAC  
 1301 CACAGCGGAC CGGTGGTGA CCCAAATCTT GTGACAAAC TCACACATGC  
 CCACCGTGC CAGCACCTGA ACTCCTGGG GGACCGTCAG TCTTCCTCTT  
 1401 CCCCCAAAAA CCCAAGGACA CCCTCATGAT CTCCCCGACC CCTGAGGTCA  
 CATGCGTGGT GGTGGACGTG AGCCACGAAG ACCCTGAGGT CAAGTTCAAC  
 1501 TGGTACGTGG ACGGCGTGG A GTGCATAAT GCCAAGACAA AGCCGCGGGA  
 GGAGCAGTAC AACAGCACGT ACCGTGTGGT CAGCGTCCCTC ACCGTCTGC  
 1601 ACCAGGACTG GCTGAATGGC AAGGAGTACA AGTGCAGGT CTCCAACAAA  
 GCCCCTCCAG CCCCCATCGA GAAAACCATC TCCAAAGCCA AAGGGCAGCC  
 1701 CCGAGAACCA CAGGTGTACA CCCTGCCCTC ATCCCCGGAG GAGATGACCA  
 AGAACCAAGGT CAGCGTGCAC TGCCTGGTCA AAGGCTTCTA TCCCAGCGAC  
 1801 ATCGCCGTGG AGTGGGAGAG CAATGGGCAG CGGGAGAACAA ACTACAAGAC  
 CACGCCCTCCC GTGCTGGACT CGCACGGCTC CTTCTTCCTC TATAGCAAGC  
 1901 TCACCGTGG A CAAGAGCAGG TGGCAGCAGG GGAACGTCTT CTCATGCTCC  
 GTGATGCATG AGGCTCTGCA CAACCACTAC ACGCAGAACAGA GCCTCTCCCT  
 2001 GTCCCCGGGT AAATGA

(SEQ ID NO: 22)

### Аминокислотная последовательность hENG(26-378)-hFc

1 MDAMKRLGCC VLLLCGAVFV SPGAETVHCD LOPVGPERDE VTYTTSQVSK  
51 CCVAQAPNAT LEVBVLFLEF PTGPSOLELT LOASKQNGTW PREVLLVLSV  
101 NSSVFLHLQA LGIPLHLAYN SSLVTFOEPP GVNTTELPNF PKTQILEWAA  
151 ERGPITSAAE LNDPQSIILR LGQAQGSLSF CMLEASQDMG RTLEWRPRTP  
201 ALVRGCHLEG VAGRKEAHIL RVLPGHSAGP RTVTVKVELS CAPGDLDAVL  
251 ILQGPPYVSW LIDANHNMQI WTTGEYSFKI FPEKNIRGFK LPDTPQGLLG  
301 EARMILNASIV ASFVELPLAS IVSLHASSCG GRLOTSPAPI QTTPPKDTCS  
351 PELLMSLIQT KCADDAMTLV LKKELVATGG GTHTCPPCPA PELLGGPSVF  
401 LFPPPKKDYL MISRTPEVTC VVVDVSHEDP EVKFNWYVDG VEVHNAKTKP  
451 REEQYNSTYR VVSVLTVLHQ DWLNGKEYKC KVSNKALPAP IEKTISKAKG  
501 QPREPQVYTL PPSREEMTKN QVSLTCLVKKG FYPSDIAVEW ESNGQPENNY  
551 KTTPPVLDSD GSFFFLYSKLT VDKSRWQQGN VFSCSVMHEA LMNHYTQKSL  
601 SLSPGK

(SEQ ID NO: 23)

ФИГ.28

### Нуклеотидная последовательность, кодирующая hENG(26-378)-hFc

1 ATGGATGCAA TGAAGAGAGG GCTCTGCTGT GTGCTGCTGC TGTGTGGAGC AGTCCTCGTT  
 61 TCGCCC**GGCG** CC**GAAACAGT** CCATTGTGAC CTTCAGCCTG TGGGCCCGA GAGGGACGAG  
 121 GTGACATATA CCACTAGCCA GGTCTCGAAG GGCTGCGTGG CTCAGGCCCC CAATGCCATC  
 181 CTTGAAGTCC ATGTCCTCTT CCTGGAGTTC CCAACGGGCC CGTCACAGCT GGAGCTGACT  
 241 CTCCAGGCAT CCAAGAAAA TGGCACCTGG CCCCGAGAGG TGCTCTGGT CCTCAGTGTAA  
 301 AACAGCACTG TCTTCCTGCA TCTCCAGGCC CTGGGAATCC CACTGCACCTT GGCCTACAAT  
 361 TCCAGCCTGG TCACCTTCCA AGAGCCCCCG GGGTCAACA CCACAGAGCT GCCATCCTTC  
 421 CCCAAGACCC AGATCCTTGA GTGGCAGCT GAGAGGGGCC CCATCACCTC TGCTGCTGAG  
 481 CTGAATGACC CCCAGAGCAT CCTCCTCCGA CTGGGCCAAG CCCAGGGTC ACTGTCCTTC  
 541 TGCATGCTGG AAGCCAGCCA GGACATGGGC CGCACGCTCG ACTGGCGGCC GCGTACTCCA  
 601 GCCTTGGTCC GGGGCTGCCA CTTGGAAGGC GTGGCCGGCC ACAAGGAGGC GCACATCCTG  
 661 AGGGTCTCGC CGGGCCACTC GGCGGGGCC CGGACGGTGA CGGTGAAGGT GGAAGTGAGC  
 721 TCGGCACCCG GGGATCTCGA TGCCGTCTC ATCCTGCAGG GTCCCCCTTA CGTGTCTGG  
 781 CTCATCGACG CCAACCACAA CATGCAGATC TGGACCACGT GAGAATACTC CTTCAAGATC  
 841 TTTCCAGAGA AAAACATTG TGGCTCAAG CTCCCAGACA CACCTCAAGG CCTCCTGGGG  
 901 GAGGCCCGGA TGCTCAATGC CAGCATTGTG CCATCCTTCG TGAGCTTACCC GCTGGCCAGC  
 961 ATTGTCTCAC TTGATGCCTC CAGCTGCGGT GGTAGGCTGC AGACCTCACC CGCACCGATC  
 1021 CAGACCACTC CTCCCAAGGA CACTTGTAGC CCGGAGCTGC TCATGTCCTT GATCCAGACA  
 1081 AAGTGTGCCG ACGACGCCAT GACCTGGTA CTAAAGAAAG AGCTTGTGTC GACCGGTGGT  
 1141 **GGA**ACTCACA CATGCCACC GTGCCAGCA CCTGAACCTCC TGGGGGGACC GTCAGTCTTC  
 1201 CTCTTCCCCC CAAAACCCAA GGACACCCCTC ATGATCTCCC GGACCCCTGA GGTACATGC  
 1261 GTGGTGGTGG ACCTGAGCCA CGAACACCCCT GAGGTCAAGT TCAACTGGTA CGTGGACGGC  
 1321 GTGGAGGTGC ATAATGCCAA GACAAAGCCG CGGGAGGAGC AGTACAACAG CACGTACCGT  
 1381 GTGGTCACCG TCCTCACCGT CCTGCACCAAG GACTGGCTGA ATGGCAAGGA GTACAAGTGC  
 1441 AAGGTCTCCA ACAAAAGCCCT CCCAGCCCCC ATCGAGAAAA CCATCTCCAA AGCCAAAGGG  
 1501 CAGCCCCGAG AACCAACAGGT GTACACCCCTG CCCCCATCCC GGGAGGAGAT GACCAAGAAC  
 1561 CAGGTCAACCC TGACCTGCCT GCTCAAAGGC TTCTATCCCA GCGACATCGC CGTGGAGTGG  
 1621 GAGAGCAATG GGCAGCCGGA GAACAACTAC AAGACCACCC CTCCCGTGCT GGACTCCGAC  
 1681 GGCTCCTCTC TTCTCTATAG CAAGCTCACC GTGGACAAGA GCAGGTGGCA GCAGGGGAAC  
 1741 GTCTTCTCAT CCTCCGTGAT GCATGAGGCT CTGCACAAACC ACTACACGCA GAAGAGCCTC  
 1801 TCCCTGTCCC CGGGTAAATG A

(SEQ ID NO: 24)

**Аминокислотная последовательность hENG(26-359)-hFc**

1 MDAMKRLGCC VLLLCAVVFV SPCGAETVHCD LQPVGPERDE VTYTTSOVSK  
51 GCVAQAPNAI LEVRVLFLEF PTGPSOLELT LOASKONGTW PREVLLVLSV  
101 NSSVFLHLQA LGIPLHLAYN SSLVTFOEPP GVNTTELPSF PKTOILEWAA  
151 ERGPITSAAE LNDPQSIILR LGQAAQGSLSF CMLEASQDMG RTLEWRPRTP  
201 ALVRGCLEG VAGHKEAHIL RVLPGHSAGP RTVTVKVELS CAPGDLDAVL  
251 ILOGPPYVSW LIDANHNMQI WTTGEYSFKI FPEKNIRGFK LPDTPQGLLG  
301 EARMILNASIV ASFVELPLAS IVSLHASSCG GRLQTSPAPI QTTPPKDTCS  
351 FELLMSLITG CGPKSCDKTH TCPPCPAPEL LGGGPSVPLFP PKPKDTLMIS  
401 RTPEVTCVVV DVSHEDPEVK FNWYVDGVEV HNAKTKPREE QYNSTYRVVS  
451 VLTVLHQDWL NGKEYKCKVS NKALPAPIEK TISKAKGQPR EPQVYTLPPS  
501 REEMTKNQVS LTCLVKGFYP SDIAVEWESN CQOPENNYKTT PPVLDSDGSF  
551 FLYSKLTVDK SRWQQGNVFS CSVNHEALHN HYTQKSLSLS PGK

(SEQ ID NO: 25)

**ФИГ.30**

**Нуклеотидная последовательность, кодирующая hENG(26-359)-hFc**

1 ATGGATGCAA TGAAGAGAGG GCTCTGCTGT GTGCTGCTGC TGTGTGGAGC  
 AGTCTTCGTT TCGCCCGGGCG CGGAAACAGT CCATGTGAC CTTCAAGCCTG  
 101 TGGGCCCGA GAGGGACGAG GTGACATATA CCACTAGCCA GGTCTCGAAG  
 GGCTGCGTGG CTCAGCCCC CAAATGCCATC CTTGAAGTCC ATGTCTCTT  
 201 CCTGGACTTC CCAACGGCC CGTCACAGCT GGAGCTGACT CTCCAGGCAT  
 CCAAGCAAAA TGGCACCTGG CCCCGAGAGG TGCTTCTGGT CCTCAGTGT  
 301 AACAGCAGTG TCTTCCTGCA TCTCCAGGCC CTGGGAATCC CACTCCACTT  
 GCCCTACAAT TCCAGCTGG TCACCTTCCA AGAGCCCCCG GGGGTCAACA  
 401 CCACAGAGCT GCCATCCTTC CCCAACACCC AGATCCTTGA GTGGCAGCT  
 GAGAGGGGCC CCATCACCTC TGCTGCTGAG CTGAATGACC CCCAGAGCAT  
 501 CCTCCCTCCGA CTGGGCCAAG CCCAGGGCTC ACTGTCCTTC TGCATGCTGG  
 AAGCCAGCCA GGACATGGGC CGCACGCTCG AGTGGGGGCC GCGTACTCCA  
 601 GCCTTGGTCC GGGGCTGCCA CTTGGAAAGGC GTGGCCGGCC ACAAGGAGGC  
 GCACATCCTG AGGGTCCCTGC CGGGCCACTC GGCGGGGCC CGGACGGTGA  
 701 CGGTGAAGGT GGAACTGAGC TGGCACCACCG GGGATCTCGA TGCGTCCCTC  
 ATCCTGCAGG GTCCCCCTA CGTGTCTGG CTCATCGACG CCAACCACAA  
 801 CATGCACATC TGGACCACTG GAGAATACTC CTTCAAGATC TTTCCAGAGA  
 AAAACATTG TGGCTCAAG CTCCCAGACA CACCTCAAGG CCTCCTGGGG  
 901 GAGGCCCGGA TGCTCAATGC CAGCATTGTG GCATCCTTCG TGGAGCTACC  
 GCTGGCCAGC ATTGTCTCAC TTCATGCCCTC CAGCTGCGGT GGTAGGCTGC  
 1001 AGACCTCACCC CGCACCGATC CAGACCACTC CTCCCAAGGA CACTTGTAGC  
 CGGGAGCTGC TCATGTCTT GATC~~ACCCGGT~~ GGTGGACCCA AATCTTGTGA  
 1101 CAAAACTCAC ACATGCCAC CGTGCCCAGC ACCTGAACTC CTGGGGGGAC  
 CGTCAGTCTT CCTCTTCCCC CCAAAACCCA AGGACACCCCT CATGATCTCC  
 1201 CGGACCCCTG AGGTACATG CGTGGTGGTG GACGTGAGCC ACGAAGACCC  
 TGAGGTCAAG TTCAACTGGT ACGTGGACCG CGTGGAGGTG CATAATGCCA  
 1301 AGACAAAGCC GCGGGAGGAG CAGTACAACA GCACGTACCG TGTGGTCAGC  
 GTCCTCACCG TCCTGCACCA GGACTGGCTG AATCGCAAGG AGTACAAGTG  
 1401 CAAGGTCTCC AACAAAGCCC TCCCAGCCCC CATCGAGAAA ACCATCTCCA  
 AAGCCAAAGG GCAGCCCCGA GAACCACAGG TGTACACCCCT GCCCCCATCC  
 1501 CGGGAGGGAGA TGACCAAGAA CCAGGTCAAGC CTGACCTGCC TGGTCAAAGG  
 CTTCTATCCC AGCGACATCG CGTGGAGTG GGAGAGCAAT GGGCAGCCGG  
 1601 AGAACAACTA CAAGACCAAG CCTCCCGTGC TGGACTCCGA CGGCTCCTTC  
 TTCCCTCTATA GCAAGCTCAC CGTGGACAAG AGCAGGTGGC AGCAGGGAA  
 1701 CGTCTCTCA TGCTCCGTGA TGCATGAGGC TCTGCACAAC CACTACACGC  
 AGAAGAGGCCT CTCCCTGTCC CCGGGTAAAT GA

(SEQ ID NO: 26)

**Аминокислотная последовательность hENG(26-359)-hFc  
с укороченным с N-конца доменом Fc**

1 MDANKRGLCC VLLLCAVVFV SPGAETVHCD LOPVGPERDE VTYTTSQVSK

51 CCVAQAFNAI LEVHVLFLEF PTGPSOLELT LOASKONGTW PREVLLVLSV

101 NSSVFLHLQA LGIPLHLAYN SSLVTFOEPP GVNTTELPSE PKTQILEWAA

151 ERGPITSAAE LNDPQSIILR LGQAQGSLSF CMLEASQDMG RTLEWRPRTF

201 ALVRGCCHLEG VAGHKEAHIL RVLPGESAGP RTVTVKVELS CAPGDLDAVL

251 ILOQPPYVSW LIDANHNMQI WTTGEYSFKI FPEKNIRGPK LPDTPQGLLG

301 EARMLNASIV ASFVELPLAS IVSLHASSCG GRLQTSPAPI QTTEPKDTCS

351 PELLMSLITG GGTHTCPPCP APPELLGGPSV FLFPPKPKDT LMISRTPEVT

401 CVVVVDVSHED PEVKPNWYVD GVEVHNAKTK PREEQYNSTY RVVSVLTVLH

451 QDWLNGKEYK CKVSNKALPA PIEKTISKAK GQPREPQVYT LPPSREEMTK

501 NQVSLTCLVK GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTPPVLDs DGsFFLYSKL

551 TVDKSRWQQG NVFSCSVMHE ALHNHYTQKS LSLSPGK

(SEQ ID NO: 27)

**ФИГ.32**

**Нуклеотидная последовательность, кодирующая hENG(26-359)-hFc с укороченным с N-конца доменом Fc**

1 ATGGATGCAA TCAAGAGAGG GCTCTGCTGT GTGCTGCTGC TGTGTGGAGC  
 AGTCTTCGTT TCGCCCGGGCG CCGAAACAGT CCATTGTGAC CTTCAGCCTG  
 101 TGGGCCCGA GAGGGACGAG GTGACATATA CCACTAGCCA GGTCTCGAAG  
 GGCTGCGTGG CTCAGCCCC CAATGCCATC CTTGAAGTCC ATGTCCTCTT  
 201 CCTGGAGTTC CCAACGGGCC CGTCACAGCT GGAGCTGACT CTCCAGGCAT  
 CCAAGCAAAA TGGCACCTGG CCCCGAGAGG TGCTTCTGGT CCTCAGTGT  
 301 AACAGCAGTG TCTTCCTGCA TCTCCAGGCC CTGGGAATCC CACTGCACTT  
 GGCCTACAAT TCCAGCCTGG TCACCTTCCA AGAGCCCCCG GGGGTCACAA  
 401 CCACAGAGCT GCCATCCTTC CCCAAGACCC AGATCCTTGA GTGGGCAGCT  
 GAGAGGGGCC CCATCACCTC TGCTGCTGAG CTGAATGACC CCCAGAGCAT  
 501 CCTCCTCCGA CTGGGCCAAG CCCAGGGGTC ACTGTCCTTC TGCATGCTGG  
 AAGCCAGCCA GGACATGGGC CGCACGGCTCG AGTGGCGGCC GCGTACTCCA  
 601 GCCTTGGTCC GGGGCTGCCA CTTGGAAGGC GTGGCCGGCC ACAAGGAGGC  
 GCACATCCTG AGGGTCCTGC CGGGCCACTC GGCCGGGGCCC CGGACGGTGA  
 701 CGGTGAAGGT GGAACTGAGC TGCGCACCCG GGGATCTCGA TGCGTCCCTC  
 ATCCTGCAGG GTCCCCCTTA CGTGTCTGG CTCATCGACG CCAACCACAA  
 801 CATGCAGATC TGGACCACTG GAGAATACTC CTTCAAGATC TTTCCAGAGA  
 AAAACATTCTG TGGCTTCAAG CTCCCAGACA CACCTCAAGG CCTCCTGGGG  
 901 GAGGCCCGA TGCTCAATGC CAGCATTGTG GCATCCTTCG TGGAGCTACC  
 GCTGGCCAGC ATTGTCTCAC TTCATGCCTC CAGCTGCGGT GGTAGGCTGC  
 1001 AGACCTCACCC CGCACCGATC CAGACCACTC CTCCCAAGGA CACTTGTAGC  
 CGGGAGCTGC TCATGTCTT GATC ACCGGT GGTGGAACTC ACACATGCC  
 1101 ACCGTGCCCA GCACCTGAAC TCCTGGGGGG ACCGTCAGTC TTCCCTTTCC  
 CCCCCAAACCA CAAGGACACC CTCATGATCT CCCGGACCCC TGAGGTACACA  
 1201 TGCCTGGTGG TGGACGTGAG CCACGAAGAC CCTGAGGTCA AGTTCAACTG  
 GTACGTGGAC GGGGTGGAGG TGCATAATGC CAAGACAAAG CGCGGGGAGG  
 1301 AGCAGTACAA CAGCACGTAC CGTGTGGTCA GCGTCCTCAC CGTCCTGCAC  
 CAGGACTGGC TGAATGCCAA GGAGTACAAG TGCAAGGTCT CCAACAAAGC  
 1401 CCTCCCAGCC CCCATCGAGA AAACCATCTC CAAAGCCAAA GGGCAGCCCC  
 GAGAACACACA GGTGTACACC CTGCCCCCAT CCCGGGAGGA GATGACCAAG  
 1501 AACCAAGGTCA GCCTGACCTG CCTGGTCAAA GGCTTCTATC CCAGCGACAT  
 CGCCGTGGAG TGGGAGAGCA ATGGGCAGCC GGAGAACAAAC TACAAGACCA  
 1601 CGCCTCCCGT GCTGGACTCC GACGGCTCCT TCTTCCTCTA TAGCAAGCTC  
 ACCGTGGACA AGAGCAGGTG GCAGCAGGGG AACGTCTTCT CATGCTCCGT  
 1701 GATGCATGAG GCTCTGCACA ACCACTACAC GCAGAAGAGC CTCTCCCTGT  
 CCCCCGGTAA ATGA

(SEQ ID NO: 28)

**Аминокислотная последовательность hENG(26-346)-Fc с  
укороченным с N-конца доменом Fc**

1 MDAMKGLCC VLLLCGAVFV SPGAETVHCD LQPVGPERDE VTYTTSQVSK  
51 GCVAQAFNAI LEVHVLFLEF PTGPSOLELT LQASKONGTW PREVLLVLSV  
101 NSSVFLHLQA LGIPLHLAYN SSLVTFOEPP GVNTTELPSE PKTOILEWAA  
151 ERGPITSAAE LNDPQSIILR LGQAQGSLSF CMLEASQDMG RTLEWRPRTP  
201 ALVRGCHLEG VAGHKEAHIL RVLPGESAGP RTVTVKVELS CAPGDLDAVL  
251 ILOQGPPYVSW LIDANHNMQI WTTGEYSFKI FPEKNIRGFK LPDTPOGLLG  
301 EARMILNASIV ASFVELPLAS IVSLHASSCG GRLQTSPAPI QTTPFTGGGT  
351 HTCPPCPAPE LLGGPSVFLF PPKPKDTLMI SRTPEVTCVV VDVSHEDPEV  
401 KFNWYVDGVE VHNAKTKPRE EQYNSTYRVV SVLTVLHQDW LNGKEYKCKV  
451 SNKALPAPIE KTISKAKGQP REPQVYTLPP SREEMTKNQV SLTCLVKGFY  
501 PSDIAVEWES NGQPENNYKT TPPVLDSDGS FFLYSKLTVD KSRWQQGNVF  
551 SCSVMHEALN NHYTQKSLSL SPGK

(SEQ ID NO: 29)

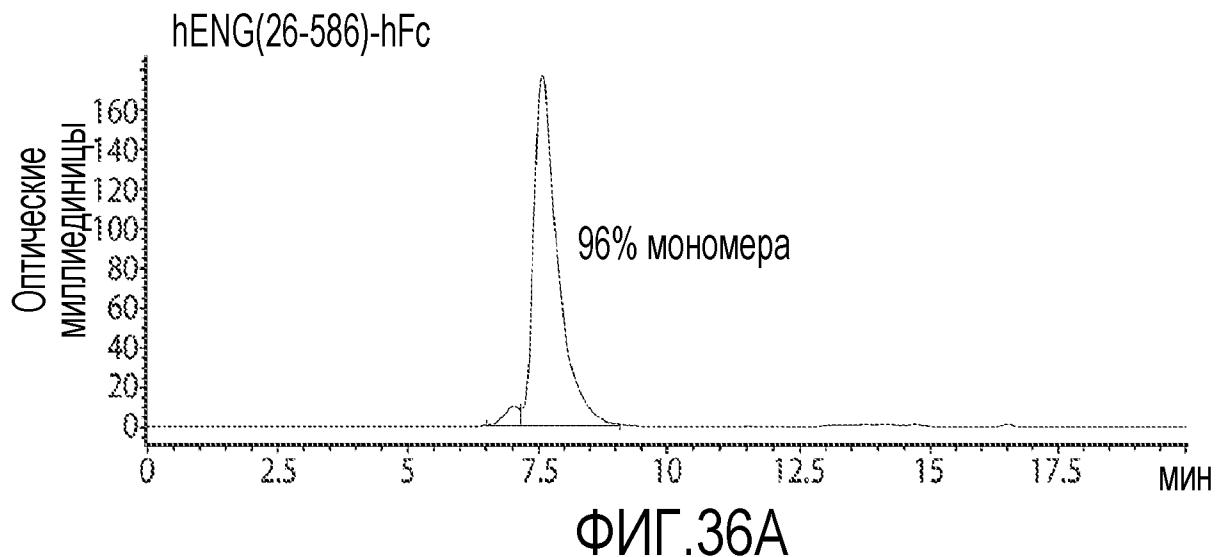
**ФИГ.34**

**Нуклеотидная последовательность, кодирующая hENG(26-346)-hFc с укороченным с N-конца доменом Fc**

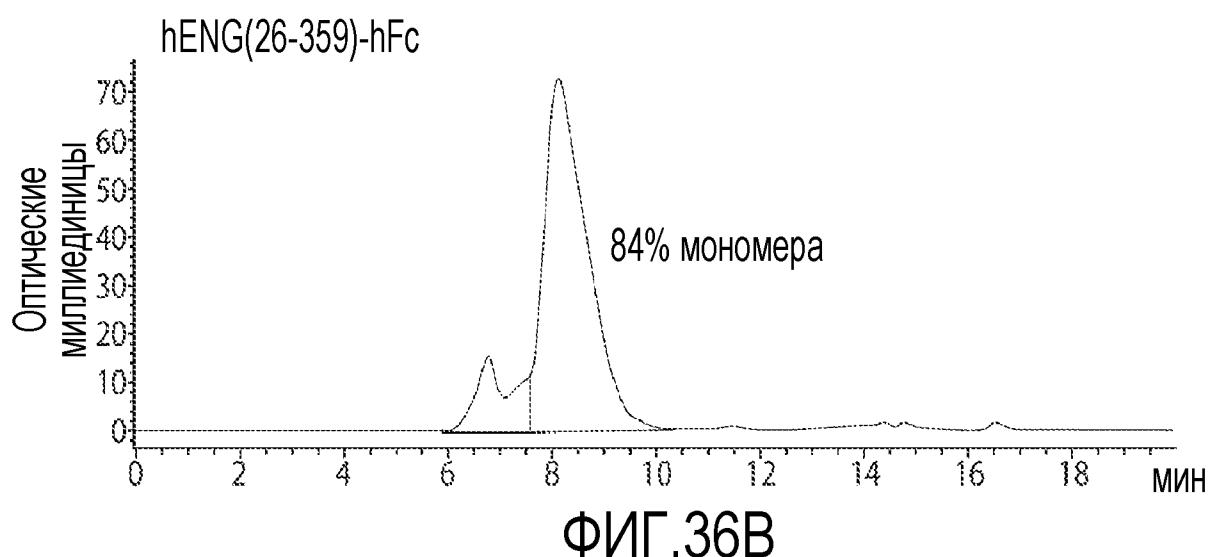
1 ATGGATGCAA TGAAGAGAGG CCTCTGCTGT GTGCTGCCTGC TGTGTGGAGC AGTCTTCGTT  
 61 TCGCCCGGCG CCGAAACAGT CCATTGTGAC CTTCAGCCTG TGGGCCCCGA GAGGGACGAG  
 121 GTGACATATA CCACTAGCCA GGTCTCGAAG GGCTGCCTGG CTCAGGCCCC CAATGCCATC  
 181 CTTGAAGTCC ATGTCCTCTT CCTGGAGTTC CCAACGGGCC CGTCACAGCT GGAGCTGACT  
 241 CTCCAGGCAT CCAAGCAAAA TGGCACCTGG CCCCAGAGAGG TGCTTCTGGT CCTCAGTGTAA  
 301 AACAGCAGTG TCTTCCTGCA TCTCCAGGCC CTGGGAATCC CACTGCACTT GGCTTACAAAT  
 361 TCCAGCCTGG TCACCTTCCA AGAGCCCCCG GGGGTCAACA CCACAGAGCT GCCATCCTTC  
 421 CCCAAGACCC AGATCCTGCA GTGGGCAGCT GAGAGGGGCC CCATCACCTC TGCTGCTGAG  
 481 CTGAATGACC CCCAGAGCAT CCTCCTCCGA CTGGGCCAAG CCCAGGGGTC ACTGTCCTTC  
 541 TGCATGCTGG AAGCCAGCCA GGACATGGGC CGCACGCTCG AGTGGGGGCC GCCTACTCCA  
 601 GCCTTGGTCC QGGGCTGCCA CTTGGAAGGC GTGGCCGGCC ACAAGGAAGGC GCACATCCTG  
 661 AGGGTCTGCG CGGGCCACTC GGCGGGGCC CGGACGGTGA CGGTGAAGGT GGAAGTGAGC  
 721 TGCGCACCCG GGGATCTGCA TGCGTCCTC ATCCTGCAGG GTCCCCCTTA CGTGTCTGG  
 781 CTCATCGACG CCAACCACAA CATGCAGATC TGGACCACTG GAGAATACTC CTTCAAGATC  
 841 TTTCCAGAGA AAAACATTG TGGCTTCAG CTCCCAGACA CACCTCAAGG CCTCCTGGGG  
 901 GAGGCCCGGA TGCTCAATGC CAGCATTGTG GCATCCTTCG TGGAGCTACC GCTGCCAGC  
 961 ATTGTCTCAC TTCATGCCCTC CAGCTGCCGT CCTAGCCCTGC AGACCTCACC CGCACCGATC  
 1021 CAGACCACTC CTCCCACCGG TGGTGGAACT CACACATGCC CACCGTGGCC AGCACCTGAA  
 1081 CTCCCTGGGG GACCCTCAGT CTTCCCTCTTC CCCCCAAAAC CCAAGGACAC CCTCATGATC  
 1141 TCCCGGACCC CTGAGGTACAC ATGCCTGGTG GTGCACGTGA CCCACGAAGA CCCTGAGGTC  
 1201 AAGTTCAACT GGTACGTGGA CGGCCTGGAG GTGCATAATG CCAAGACAAA GCGCGGGAG  
 1261 GAGCAGTACA ACAGCACGTA CCGTCTGGTC AGCGTCCCTCA CCGTCTGCA CCAGGACTGG  
 1321 CTGAATGGCA AGGACTACAA GTGCAAGGTC TCCAACAAAG CCCTCCCAGC CCCCATCGAG  
 1381 AAAACCACATCT CCAAAGCCAA AGGGCAGGCC CGAGAACACAC AGGTGTACAC CCTGCCCTCA  
 1441 TCCCCGGAGG AGATGACCAA GAACCAGGTC AGCCTGACCT GCCTGGTCAA AGGCTTCTAT  
 1501 CCCAGCGACA TCGCCGTGGA GTGGGAGAGC AATGGGCAGC CGGAGAACAA CTACAAGACC  
 1561 ACGCCTCCCG TGCTGGACTC CGACGGCTCC TTCTTCCCT ATAGCAAGCT CACCGTGGAC  
 1621 AAGAGCAGGT GGCAGCAGGG GAACGTCTTC TCATGCTCCG TGATGCATGA GGCTCTGCAC  
 1681 AACCACTACA CGCAGAAGAG CCTCTCCCTG TCCCCGGGTA AATGA

(SEQ ID NO: 30)

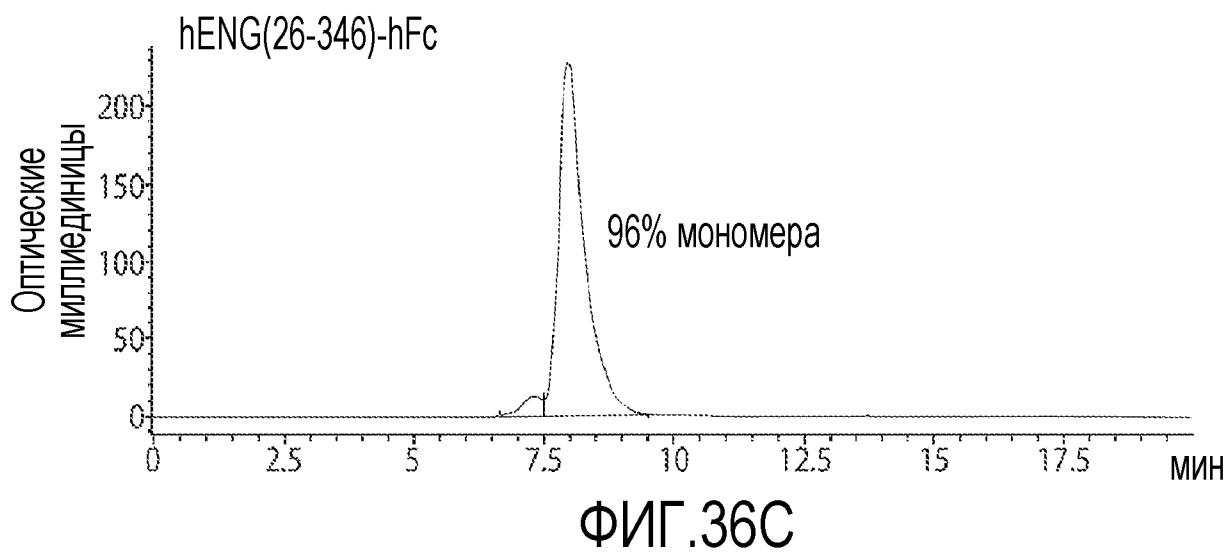
**Эксклюзионная хроматограмма белков hENG-hFc после начальной очистки**



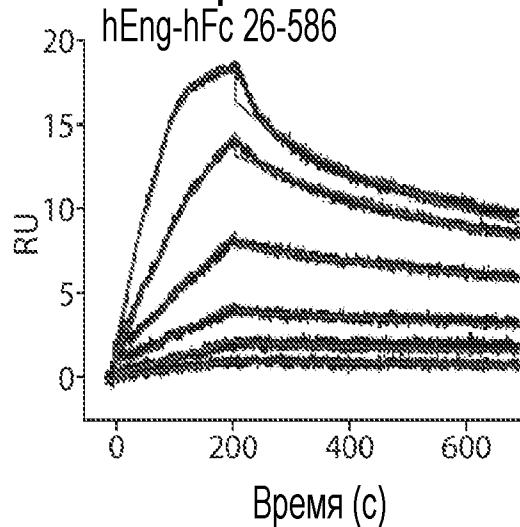
**Эксклюзионная хроматограмма белков hENG-hFc после начальной очистки**



**Эксклюзионная хроматограмма белков hENG-hFc после начальной очистки**

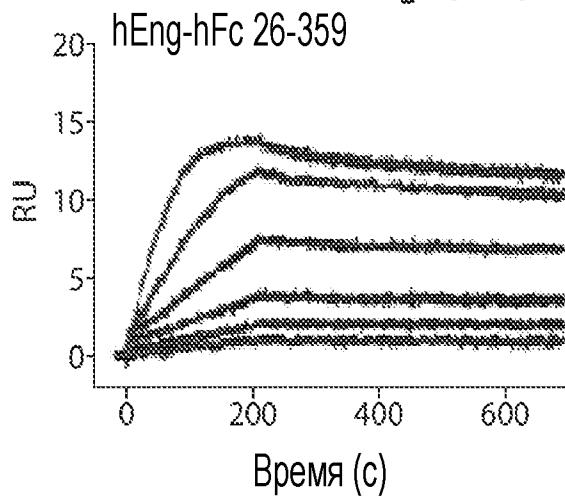


**Определение характеристик высокоаффинного связывания BMP-9 с вариантами hENG-hFc**



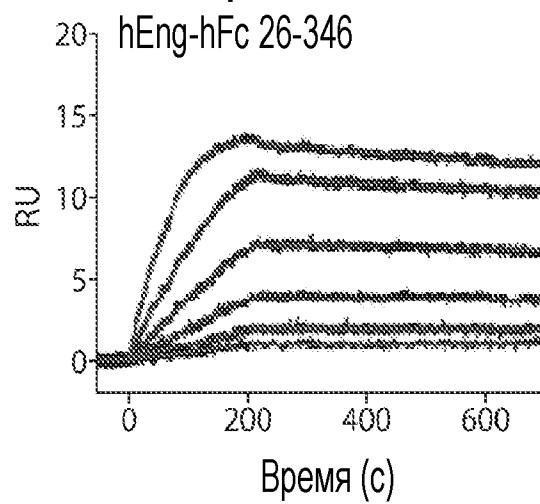
ФИГ.37А

**Определение характеристик высокоаффинного связывания BMP-9 с вариантами hENG-hFc**



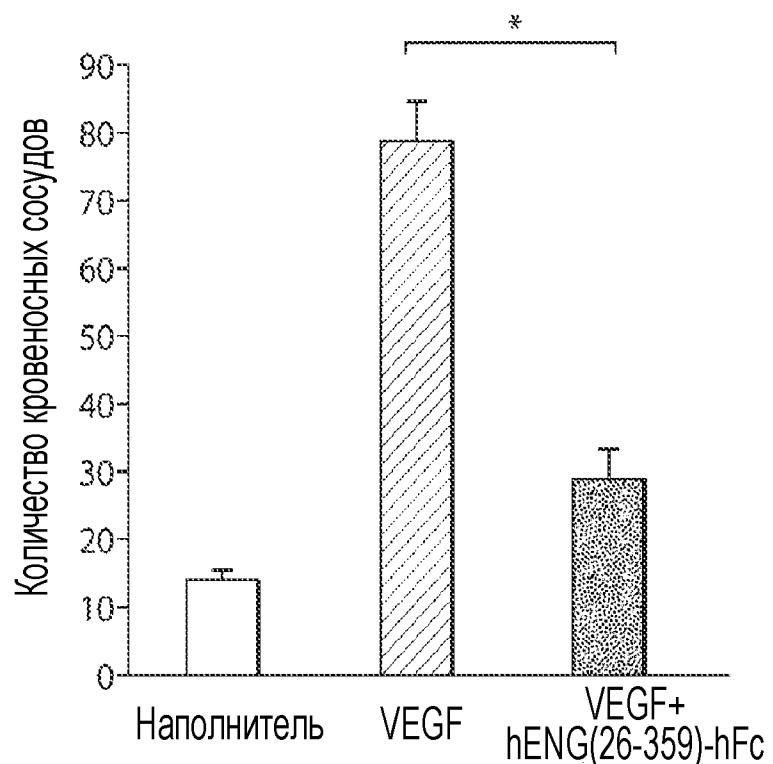
ФИГ.37В

**Определение характеристик высокоаффинного связывания BMP-9 с вариантами hENG-hFc**



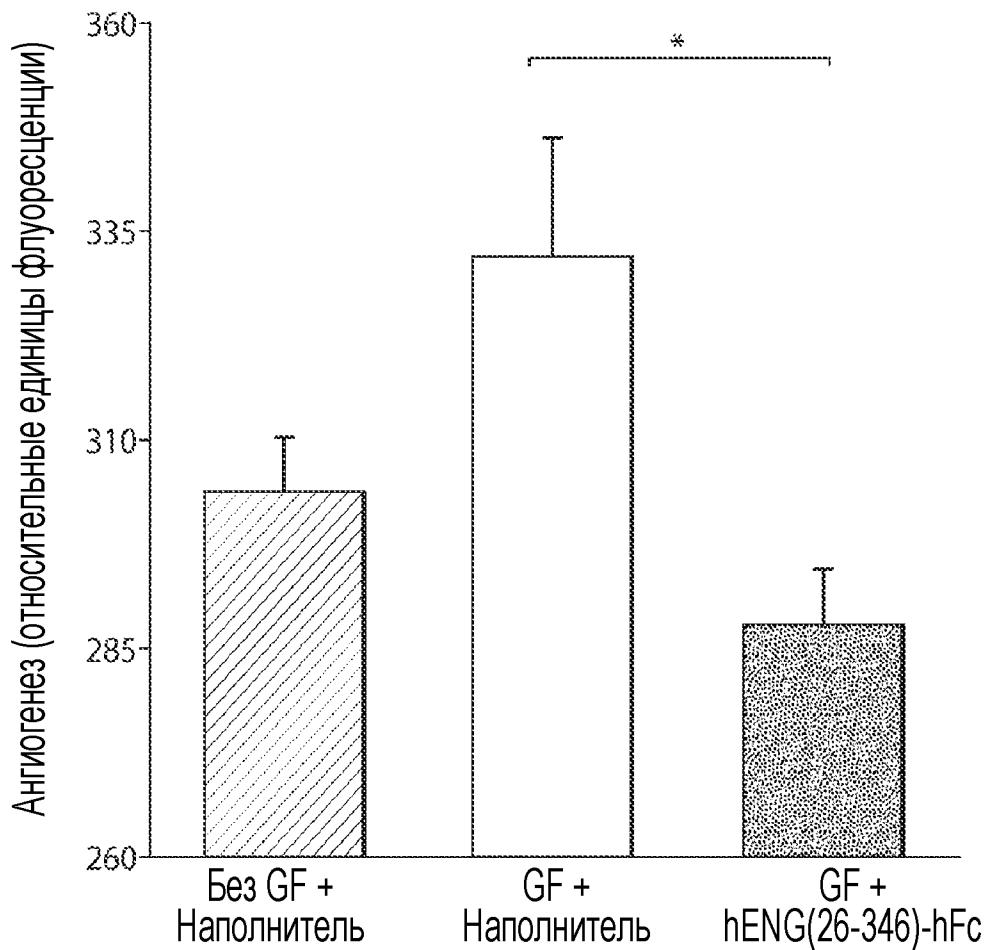
ФИГ.37С

**hENG(26-359)-hFc ингибирует ангиогенеза, стимулируемого VEGF, в анализе CAM**



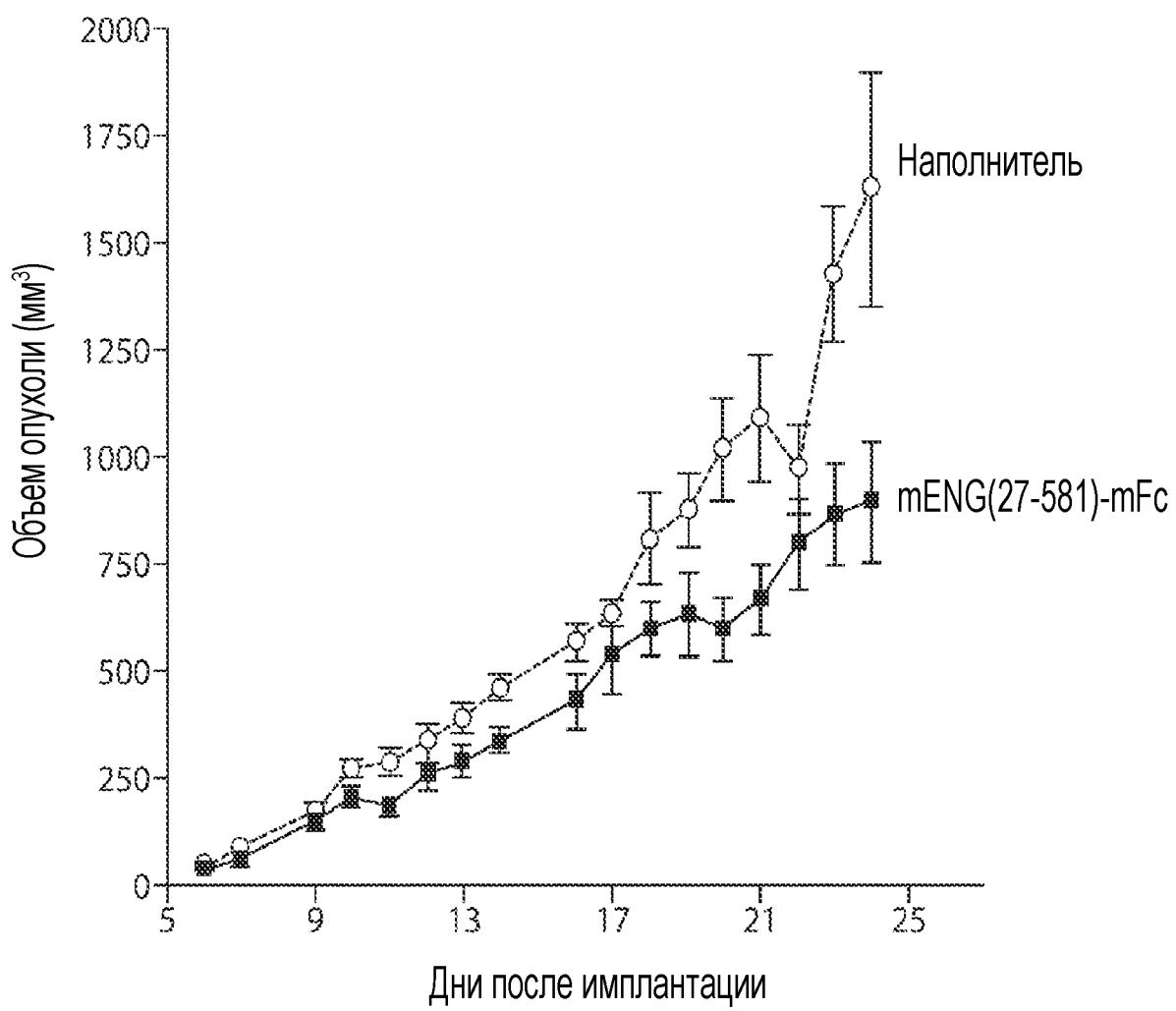
**ФИГ.38**

**Эффект hENG(26-346)-hFc в отношении ангиогенеза, стимулируемого факторами роста, в анализе ангиореактора мыши**



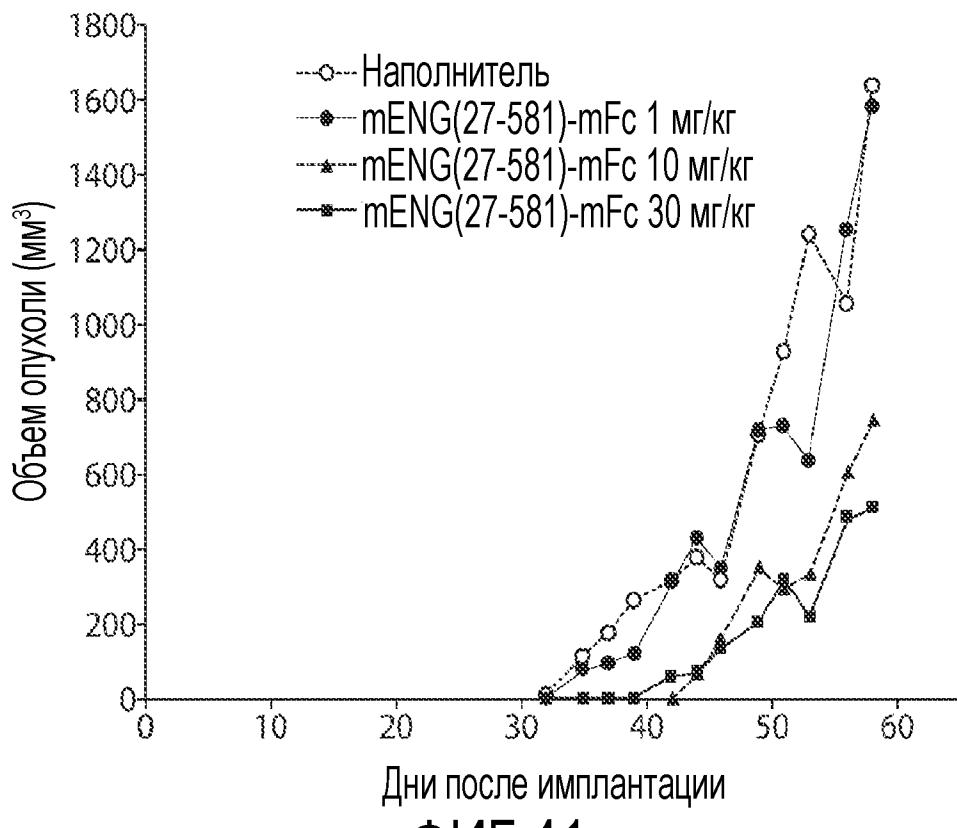
ФИГ.39

**Эффект mENG(27-581)-mFc в отношении роста опухолей  
молочной железы 4T1 у мышей**



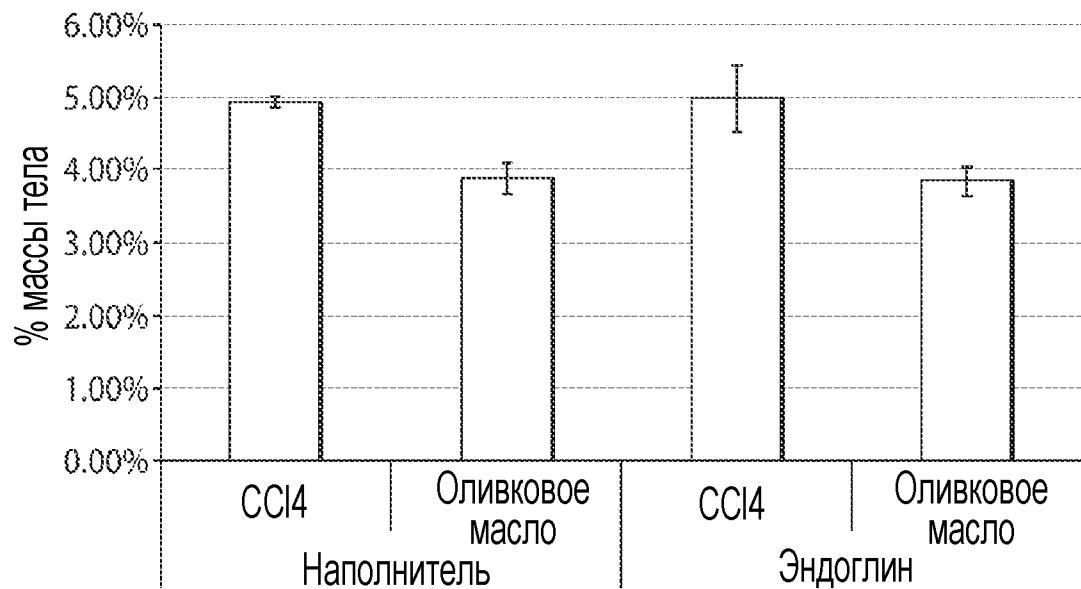
ФИГ.40

**Эффект mENG(27-581)-mFc в отношении роста опухолей Colon-26 у мышей**



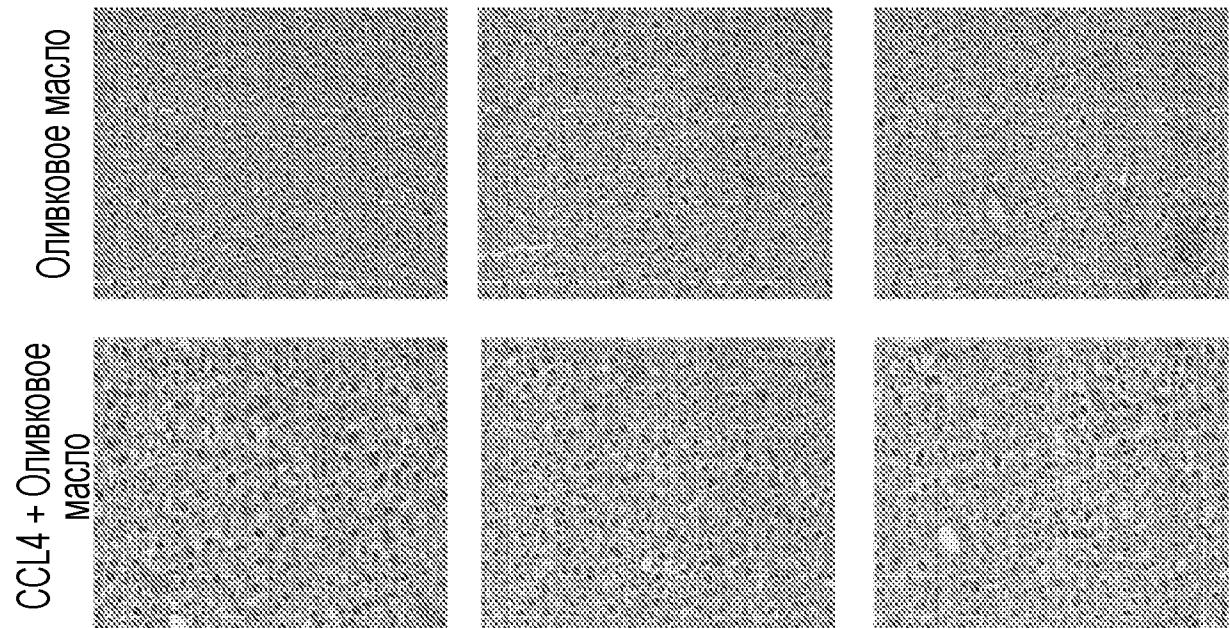
ФИГ.41

**Печень как % массы тела**

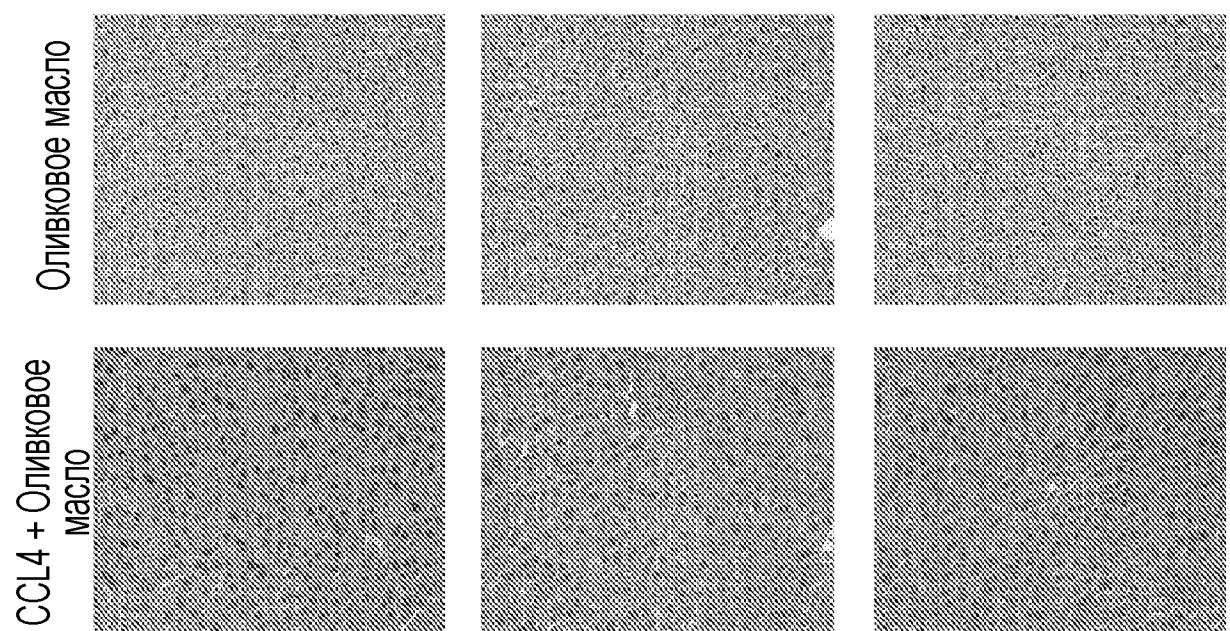


ФИГ.42

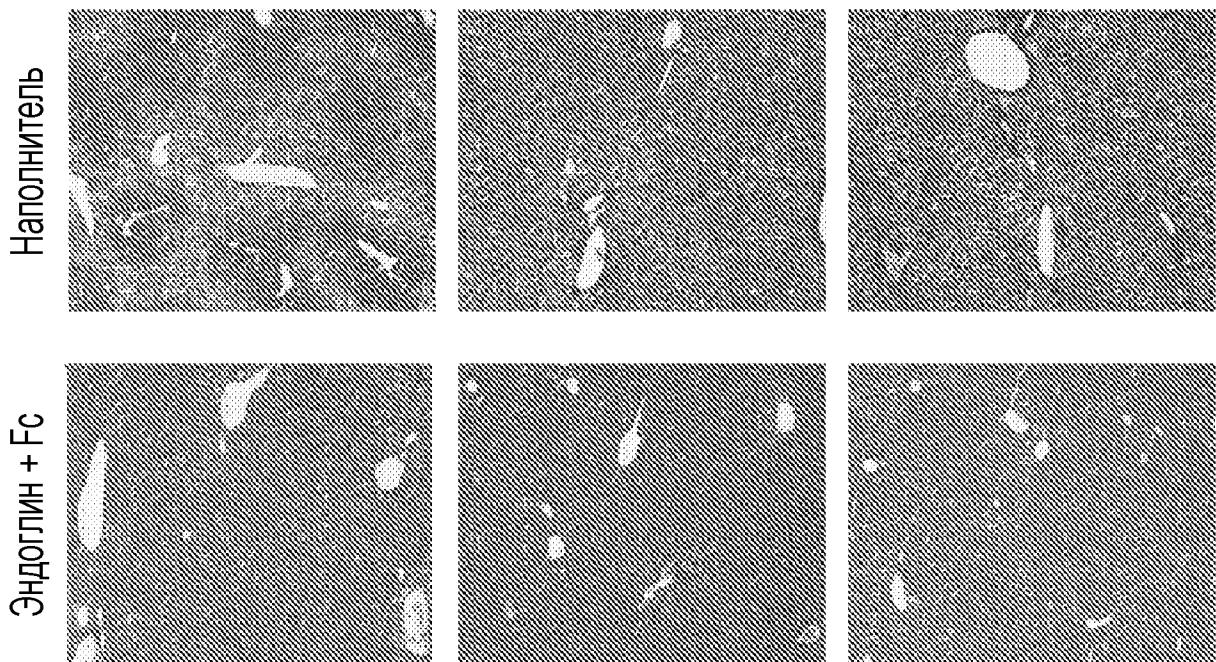
40/43



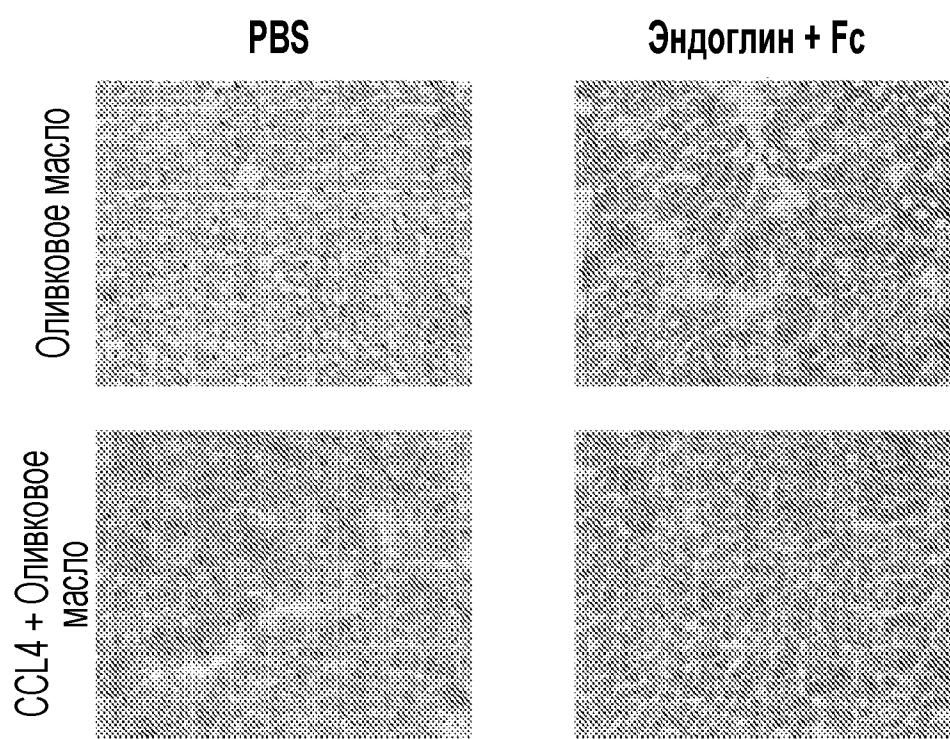
ФИГ.43



ФИГ.44

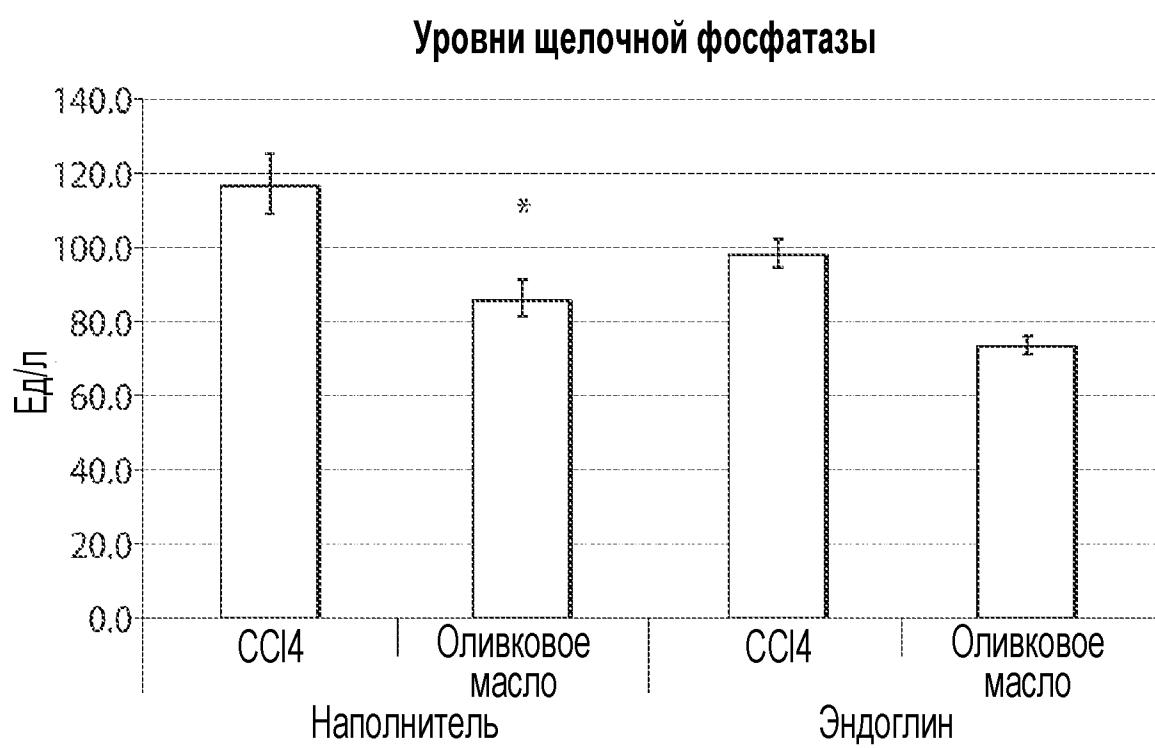


ФИГ.45



Животные, которым вводили эндоглин-Fc, имели наименьшую процентную долю печени с обширным положительным окрашиванием масляным красным О

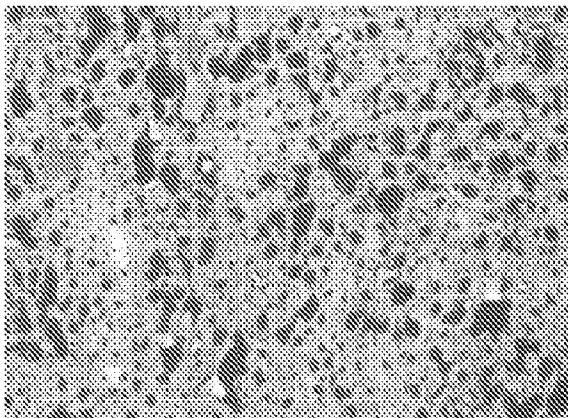
ФИГ.46



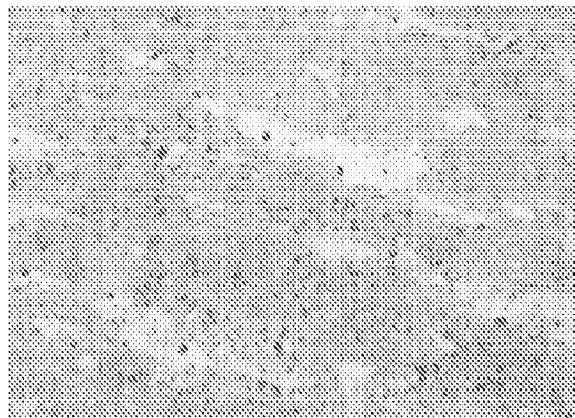
\* $p<0.05$  по сравнению с наполнителем+ССL4

ФИГ.47

Наполнитель

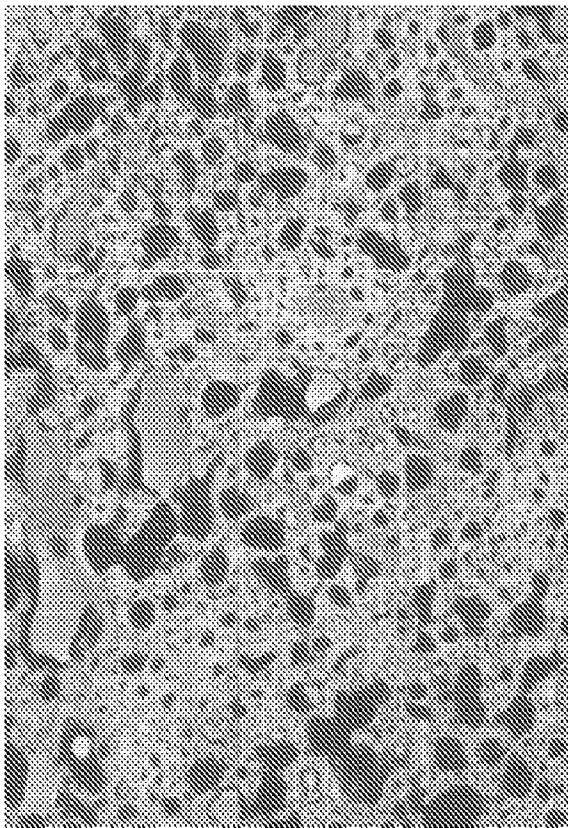


ENG-Fc



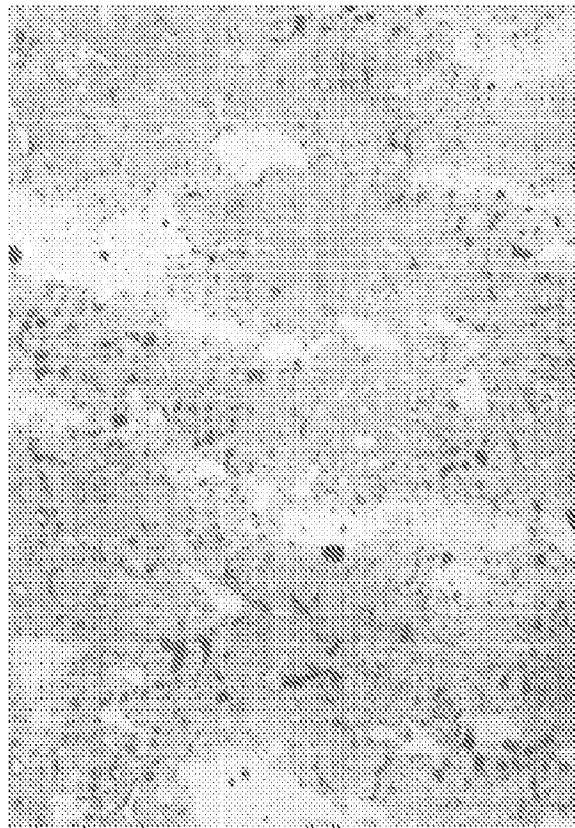
ФИГ.48А

Наполнитель



ФИГ.48В

ENG-Fc



ФИГ.48С

ФИГ.48Д