



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



⑪ Número de publicación: **2 310 434**

⑫ Número de solicitud: 200600119

⑤① Int. Cl.:
C07K 14/45 (2006.01)
G01N 33/50 (2006.01)
C12Q 1/68 (2006.01)

⑫

PATENTE DE INVENCION

B1

⑫② Fecha de presentación: **19.01.2006**

⑫③ Fecha de publicación de la solicitud: **01.01.2009**

Fecha de la concesión: **28.10.2009**

⑫⑤ Fecha de anuncio de la concesión: **12.11.2009**

⑫⑤ Fecha de publicación del folleto de la patente:
12.11.2009

⑦③ Titular/es:
**Consejo Superior de Investigaciones Científicas
c/ Serrano, 117
28006 Madrid, ES
Universidad Miguel Hernández**

⑦② Inventor/es: **Nieto Toledano, María Ángela;
Boutet, Agnès y
Álvarez de Frutos, Cristina**

⑦④ Agente: **No consta**

⑤④ Título: **Un procedimiento de identificación de un proceso de fibrosis renal, procedimiento de identificación de compuestos inhibidores, uso de los compuestos inhibidores de la expresión del gen del factor de transcripción Snail en la elaboración de composiciones farmacéuticas, dichas composiciones farmacéuticas y sus aplicaciones en la fibrosis renal.**

⑤⑦ Resumen:

Un procedimiento de identificación de un proceso de fibrosis renal, procedimiento de identificación de compuestos inhibidores, uso de los compuestos inhibidores de la expresión del gen del factor de transcripción Snail en la elaboración de composiciones farmacéuticas, dichas composiciones farmacéuticas y sus aplicaciones en la fibrosis renal.

Snail es una proteína directamente implicada en la etiopatogenia de la fibrosis renal, además de un marcador de esta enfermedad. Por lo tanto, puede utilizarse su identificación como diagnóstico de fibrosis renal; y por otro lado, la proteína Snail puede ser de gran utilidad en la identificación de nuevos fármacos para el tratamiento de la fibrosis renal, y su inhibición génica como una forma de tratamiento.

ES 2 310 434 B1

Aviso: Se puede realizar consulta prevista por el art. 37.3.8 LP.

DESCRIPCIÓN

Un procedimiento de identificación de un proceso de fibrosis renal, procedimiento de identificación de compuestos inhibidores, uso de los compuestos inhibidores de la expresión del gen del factor de transcripción Snail en la elaboración de composiciones farmacéuticas, dichas composiciones farmacéuticas y sus aplicaciones en la fibrosis renal.

Sector de la técnica

La presente invención se enmarca en el campo de la biomedicina, y más concretamente en la aplicación de herramientas biotecnológicas para el diagnóstico y tratamiento de enfermedades humanas, y más concretamente de la fibrosis renal.

Estado de la técnica

El epitelio renal se origina a partir de células que sufren una transición mesénquima-epitelio (TME). El proceso inverso, la transición epitelio mesénquima (TEM), se ha implicado en la progresión de tumores epiteliales y en la fibrosis que desencadena en último término un fallo renal. Los factores de transcripción Snail inducen TEMs tanto fisiológicas como patológicas por medio de la represión de la transcripción de la Cadherina E, (entre otras dianas (Cano y col., 2000; Batlle y col., 2000; Bolos y col., 2003). Se ha determinado que Snail suprime también la expresión de la cadherina específica de riñón, Cadherina 16 (Thompson y col., 1995), por medio de la represión de la transcripción de su activador, HNF-1beta (Factor nuclear hepático-1 beta; Bai y col., 2002). Esta represión está activa durante el desarrollo embrionario temprano y se ha observado que la desaparición de Snail ocurre concomitante con la aparición de HNF-1beta y subsecuentemente de Cadherina 16, identificados como signos de diferenciación del epitelio renal (Dressler, 2002). La activación de Snail en el riñón maduro puede considerarse un proceso de retorno a las propiedades embriogénicas y se ha identificado como suficiente para inducir TEM y fibrosis renal en ratones.

La fibrosis renal progresiva es una enfermedad devastadora que desencadena fallo renal en pacientes aquejados de distintas enfermedades como glomerulonefritis, nefropatía IgA, diabetes, daño renal inducido por toxicidad, obstrucción urinaria o deterioro de trasplantes renales entre otras (Liu, 2004; Kalluri y Neilson, 2003, Zeisberg y Kalluri, 2004; Vongwiwatana y col., 2005). Se pensaba que la fibrosis renal procedía de la activación de fibroblastos intersticiales, pero hay datos concluyentes de que también proceden del resultado de una TEM sufrida por las células epiteliales de los túbulos renales (Iwano y col., 2002). Se han observado signos de TEM tubular en los riñones de pacientes con fibrosis renal (Jinde y col, 2001; Rastaldi y col, 2002) y en modelos animales se ha calculado que alrededor del 36% de la población fibroblástica procede de una TEM local de las células epiteliales (Kalluri y Neilson, 2003).

Por otro lado, la expresión de Snail aparece concomitante con la TEM sufrida en el riñón tras obstrucción uretral unilateral que causa fibrosis renal (Sato y col., 2003), aunque no se estableció una causa-efecto, ya que la causa de la fibrosis renal fue la obstrucción uretral. Además, la expresión de Snail aparece concomitante con la TEM sufrida por células mesoteliales, que constituye una fibrosis mesotelial (Yañez-Mo y col., 2003) en dializados de pacientes sometidos diálisis peritoneal y en células en cultivo tratadas con TGF-beta.

Está patentado el uso de BMP-7 como agente inhibidor y con capacidad de reversión de fibrosis renal BMP-7 (proteína formadora de hueso numero 7) ejerce este efecto por su capacidad inhibidora de TGF-beta, agente inductor de fibrosis renal y conocido inductor de Snail (revisado en Barrallo-Gimeno y Nieto, 2005; United States Patent Application 20020173453, Method of treating renal injury). Tanto TGF-beta como BMP-7 son moléculas señalizadoras extracelulares que inician una cascada compleja de eventos. Si la sola inducción de Snail reproduce la fibrosis renal es de esperar que la inhibición específica de Snail sea una terapia mucho más específica que la inhibición de toda la cascada de señalización de TGF-beta.

Finalmente, si la sola actividad de Snail en el riñón maduro es capaz de inducir TEM y fibrosis renal, la presencia de Snail podría considerarse un marcador de fibrosis renal, su inhibición una forma de terapia anti-fibrótica y Snail podría ser de gran utilidad en la identificación de nuevos fármacos antifibróticos.

Descripción de la invención

Descripción breve

Un objeto de la presente invención lo constituye un procedimiento de identificación de un proceso de fibrosis renal, en adelante procedimiento de identificación de un proceso de fibrosis renal de la invención, basado en la identificación de la presencia de Snail en una muestra biológica y que comprende las siguientes etapas:

- a) identificación de la presencia de Snail, en una muestra biológica de origen renal, y
- b) comparación de la presencia de observada en a) con su ausencia en una muestra control, y donde su presencia es indicativa de la existencia de fibrosis renal.

ES 2 310 434 B1

Un objeto particular de la invención lo constituye el procedimiento de identificación de la invención en el que la identificación de Snail de a) se refiere a las formas humanas de Snail1 (hSnail1, SEQ ID NO 5 y 6) y (hSnail2, SEQ ID NO 7 y 8), ya sea la identificación en forma de un transcrito génico (RNAm) o de la forma proteica de ambos genes.

5 Otro objeto de la presente invención lo constituye un procedimiento de identificación y evaluación de la actividad de compuestos inhibidores de la proteína Snail útiles para el tratamiento de la fibrosis renal, en adelante procedimiento de identificación de compuestos de la presente invención, que comprende los siguientes pasos:

- 10 a) Puesta en contacto de un sistema biológico donde exista una expresión de Snail que produzca fibrosis renal con el compuesto candidato objeto de este procedimiento, e incubación en las condiciones adecuadas,
- b) determinación de un parámetro indicativo del proceso de fibrosis renal, e
- 15 c) identificación de un compuesto inhibidor de la actividad de la proteína Snail cuando se observa una disminución de dicho parámetro de fibrosis renal.

Otro objeto particular de la presente invención lo constituye el procedimiento de identificación de la invención donde el sistema biológico del punto a) es un animal transgénico donde la expresión de la proteína Snail es inducible, de forma constante o condicionada, y donde su expresión provoca fibrosis renal. Una realización particular es aquella
20 donde el animal transgénico es el ratón transgénico de la presente invención (Ejemplo 2, ratón transgSnail1-ER).

Otro objeto de la presente invención lo constituye el uso de un compuesto o agente inhibidor de la actividad de la proteína Snail, en adelante uso de un compuesto de la presente invención, en la elaboración de medicamentos o composiciones farmacéuticas para el tratamiento de la fibrosis renal, preferentemente humana.

25 Por tanto, en otra realización particular de la invención dicho uso de un compuesto se basa en que el compuesto inhibidor es un ácido nucleico o polinucleótido que impide o disminuye la expresión del gen codificante de la proteína Snail humana y que incluye una secuencia de nucleótidos seleccionada entre:

- 30 a) una secuencia de nucleótidos antisentido específica de la secuencia del gen o del mRNA de la proteína Snail,
- b) una ribozima específica del mRNA de la proteína Snail,
- c) un aptámero específico del mRNA de la proteína Snail, y
- 35 d) un RNA de interferencia (iRNA) específico del mRNA de la proteína Snail

Una realización particular de la invención lo constituye el uso de un RNAi que se une preferentemente a la secuencia fragmento de RNAm de Snail gatgcacatccgaagccac (SEQ ID NO 9) o a otro fragmento que comprenda a
40 esta.

Otro objeto de la presente invención lo constituye una composición farmacéutica o un medicamento para el tratamiento de la fibrosis renal, en adelante composición farmacéutica de la presente invención, que comprende una cantidad terapéuticamente efectiva de un compuesto o agente inhibidor de la proteína Snail, junto con, opcionalmente,
45 uno o más adyuvantes y/o vehículos farmacéuticamente aceptables.

Una realización particular de la presente invención lo constituye una composición farmacéutica en la que el compuesto inhibidor es un ácido nucleico o polinucleótido que impide o disminuye la expresión del gen codificante de la proteína Snail humana y que incluye una secuencia de nucleótidos seleccionada entre:

- 50 a) una secuencia de nucleótidos antisentido específica de la secuencia del gen o del mRNA de la proteína Snail,
- b) una ribozima específica del mRNA de la proteína Snail,
- 55 c) un aptámero específico del mRNA de la proteína Snail, y
- d) un RNA de interferencia (iRNA) específico del mRNA de la proteína Snail

Otro objeto de la presente invención lo constituye el uso de la composición farmacéutica de la invención en un
60 método de tratamiento de un mamífero, preferentemente un ser humano, afectado por fibrosis renal, en adelante uso de la composición farmacéutica de la presente invención, consistente en la administración de dicha composición terapéutica que inhibe el proceso de fibrosis.

Un objeto particular de la presente invención lo constituye el uso de la composición farmacéutica de esta invención
65 en el que la fibrosis renal está provocada por una enfermedad, desorden o patología perteneciente, a título ilustrativo y sin que limite el alcance de la invención, al siguiente grupo: glomerulonefritis, neuropatía IgA, diabetes, daño renal inducido por toxicidad, obstrucción urinaria y deterioro de trasplantes renales.

Descripción detallada

La presente invención se basa en que los inventores han observado que los genes Snail reprimen la expresión *in vivo* de cadherina-16 por la represión indirecta de la transcripción del gen de su activador, HNF1-beta, tanto en modelos celulares como animales. Para determinar si ambos genes Snail pueden ser represores de la cadherina-16 *in vivo*, se estudiaron sus patrones de expresión relativos durante el desarrollo embrionario en ratones, cuando ocurren distintos procesos de TEM y TME que dan lugar a la formación del riñón maduro (Ejemplo 1) y en ratones transgénicos con expresión inducible de los genes Snail (Ejemplo 2).

Los datos muestran que los patrones de expresión son complementarios en los distintos estadios embrionarios y que la cadherina-16 sólo aparece a partir de mesénquima tras la desaparición de la expresión de los genes Snail1 y Snail2 (Ejemplo 1). Estos datos son compatibles con que Snail reprime la expresión del gen de la cadherina-16 *in vivo* de forma indirecta (Figura 2v), a través de la represión de HNF-1beta, y más concretamente a través de la acción directa sobre su promotor (unión a caja E consenso conservada identificada en la presente invención) induciendo una completa TEM (Figura 4a y 4c).

Además, para determinar si los genes Snail pueden reprimir la transcripción de HNF-1beta y consecuentemente la expresión de Cadherina-16 se generaron ratones transgénicos con actividad inducible de Snail1 (Ejemplo 2). Así, se observó que Snail1 reprime HNF-1beta *in vivo*, lo cual induce la represión de cadherina-16, e induce la pérdida de las características epiteliales de las células, que parecen adquirir una morfología similar a la fibroblástica que tiene lugar en una TEM completa (Figura 5b, e, h, k, insertos). Estos cambios aquí descritos son reminiscentes de los observados tras la inducción experimental de fibrosis renal en distintas condiciones (Liu, 2003).

En resumen, estos datos indican que los genes Snail 1 y 2 actúan como represores del fenotipo epitelial en el riñón maduro y, además, que solamente su activación es suficiente para inducir todas las características de TEM y de fibrosis renal, es decir, que existe una relación directa -no sólo una asociación temporal- entre la actividad de los genes Snail y la etiopatogenia de esta enfermedad. De esta forma, la presencia de Snail puede considerarse un marcador de fibrosis renal y, por tanto, utilizarse su identificación como diagnóstico de fibrosis renal; y por otro lado, la proteína Snail puede ser de gran utilidad en la identificación de nuevos fármacos para el tratamiento de la fibrosis renal, y su inhibición génica como una forma de terapia. Estas aproximaciones terapéuticas de la fibrosis renal se basan en el uso de compuestos o agentes inhibidores de la actividad de dicha proteína Snail.

Por lo tanto, un objeto de la presente invención lo constituye un procedimiento de identificación de un proceso de fibrosis renal, en adelante procedimiento de identificación de un proceso de fibrosis renal de la invención, basado en la identificación de la presencia de Snail en una muestra biológica y que comprende las siguientes etapas:

- a) identificación de la presencia de Snail, en una muestra biológica de origen renal, y
- b) comparación de la presencia de observada en a) con su ausencia en una muestra control, y donde su presencia es indicativa de la existencia de fibrosis renal.

Tal como se utiliza en la presente invención el término “genes Snail” o “proteínas Snail” se refiere tanto al gen o proteína Snail1 (SEQ ID NO 1 y 2, respectivamente) como al gen o proteína Snail2 (SEQ ID NO 3 y 4, respectivamente), así como a cualquier secuencia de nucleótidos o de aminoácidos (aás.) análoga a éstas de otras especies, respectivamente. En el sentido utilizado en esta descripción, el término “análoga” pretende incluir cualquier secuencia de nucleótidos o aminoácidos que pueda ser aislada o construida en base a las secuencias de nucleótidos o aás. mostradas en la presente memoria, por ejemplo, mediante la introducción de sustituciones de nucleótidos o aás. conservativas o no conservativas, incluyendo la inserción de uno o más nucleótidos o aás, la adición de uno o más nucleótidos o aás. en cualquiera de los extremos de la molécula o la delección de uno o más nucleótidos o aás. en cualquier extremo o en el interior de la secuencia, y que constituya una secuencia codificante o péptido con actividad similar a las secuencias de la invención, es decir, sea capaz de inducir fibrosis renal.

En general, una secuencia de nucleótidos o de aminoácidos análoga es sustancialmente homóloga a la secuencia de aminoácidos comentada anteriormente. En el sentido utilizado en esta descripción, la expresión “sustancialmente homóloga” significa que las secuencias de nucleótidos o aás. en cuestión tienen un grado de identidad de, al menos, un 40%, preferentemente de, al menos, un 85%, o más preferentemente de, al menos, un 95%.

Un objeto particular de la invención lo constituye el procedimiento de identificación de la invención en el que la identificación de Snail de a) se refiere a las formas humanas de Snail1 (hSnail1, SEQ ID NO 5 y 6) y (hSnail2, SEQ ID NO 7 y 8), ya sea la identificación en forma de un transcrito génico (RNAm) o de la forma proteica de ambos genes. La realización de estos análisis de identificación de los niveles de expresión de Snail puede ser llevado a cabo por un experto medio del área de la biomedicina gracias a la información descrita en la presente invención y en el estado de la técnica por distintas técnicas (Sambrook, J., Fritsch, E.F., and Maniatis, T. (1989). Molecular cloning: a laboratory manual, 2nd ed. Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, N.Y.).

Otro objeto particular de la invención lo constituye el procedimiento de identificación de un proceso de fibrosis renal en el que la identificación de Snail se lleva a cabo mediante el uso de anticuerpos específicos de Snail. Los anticuerpos pueden ser monoclonales o policlonales.

Otro objeto particular de la invención lo constituye el procedimiento de identificación de un proceso de fibrosis renal en el que la identificación de Snail se lleva a cabo mediante hibridación *in situ* con un precursor de Snail

Otro objeto particular de la invención lo constituye el procedimiento de identificación de un proceso de fibrosis renal en el que la identificación de Snail se lleva a cabo mediante RT-PCR de un precursor génico de Snail Este procedimiento está basado en la extracción de RNA polyA+ de una muestra biológica de origen renal y de un tejido control y la amplificación de la secuencia codificante de Snail con adecuados oligonucleótidos cebadores.

Por otro lado, este procedimiento de diagnóstico de fibrosis renal puede realizarse utilizándose a Snail como único marcador o de forma conjunta con otros marcadores de fibrosis renal, por ejemplo formando parte de un microarray de expresión biológica, ya sea en forma génica -a partir de RNAm- o en forma de proteína, que defina una huella o perfil diagnóstico de fibrosis pulmonar.

Otro objeto de la presente invención lo constituye un procedimiento de identificación y evaluación de la actividad de compuestos inhibidores de la proteína Snail útiles para el tratamiento de la fibrosis renal, en adelante procedimiento de identificación de compuestos de la presente invención, que comprende los siguientes pasos:

- d) Puesta en contacto de un sistema biológico donde exista una expresión de Snail que produzca fibrosis renal con el compuesto candidato objeto de este procedimiento, e incubación en las condiciones adecuadas,
- e) determinación de un parámetro indicativo del proceso de fibrosis renal, e
- f) identificación de un compuesto inhibidor de la actividad de la proteína Snail cuando se observa una disminución de dicho parámetro de fibrosis renal.

Otro objeto particular de la presente invención lo constituye el procedimiento de identificación de la invención donde el sistema biológico del punto a) es un animal transgénico donde la expresión de la proteína Snail es inducible, de forma constante o condicionada, y donde su expresión provoca fibrosis renal. Una realización particular es aquella donde el animal transgénico es el ratón transgénico de la presente invención (Ejemplo 2, ratón transgSnail1-ER).

Otro objeto particular de la presente invención lo constituye el procedimiento de identificación de la invención en el que el parámetro relacionado con el proceso de fibrosis renal de a) pertenece, a título ilustrativo y sin limitar el alcance de la presente invención, al siguiente grupo: un cambio morfológico característico de una TEM, nivel de vimentina, transcripción del gen Colágeno I y deposición de fibras de colágeno (Figura 6, Ejemplo 2).

Otro objeto de la presente invención lo constituye el uso de un compuesto o agente inhibidor de la actividad de la proteína Snail, en adelante uso de un compuesto de la presente invención, en la elaboración de medicamentos o composiciones farmacéuticas para el tratamiento de la fibrosis renal, preferentemente humana.

Tal como se utiliza en la presente invención el término “compuesto/agente inhibidor o antagonista” se refiere a una molécula que cuando se une o interactúa con la proteína Snail (por ejemplo, SEQ ID NO 2, SEQ ID NO 4, SEQ ID NO 6 y SEQ ID NO 8), o con fragmentos funcionales de la misma, disminuye o elimina la intensidad o la duración de la actividad biológica de dicha proteína. En esta definición se incluye además aquellos compuestos que impiden o disminuyen la expresión del gen codificante de la proteína Snail, es decir, que impiden o disminuyen la transcripción del gen, la maduración del RNAm, la traducción del RNAm y la modificación post-traducciona. Un agente inhibidor puede estar constituido por un péptido, una proteína, un ácido nucleico o polinucleótido, un carbohidrato, un anticuerpo, un compuesto químico o cualquier otro tipo de molécula que disminuya o elimina el efecto y/o la función de la proteína Snail

A modo ilustrativo, dicho polinucleótido puede ser un polinucleótido que codifica una secuencia de nucleótidos antisentido específica de la secuencia del gen o del mRNA de la proteína Snail, o bien un polinucleótido que codifica una ribozima específica del mRNA de la proteína Snail, o bien un polinucleótido que codifica un aptámero específico del mRNA de la proteína Snail, o bien polinucleótido que codifica un RNA de interferencia (“small interference RNA” o siRNA) específico del mRNA de la proteína Snail

Estos polinucleótidos mencionados pueden ser utilizados en un proceso de terapia génica en el que mediante cualquier técnica o procedimiento se permita la integración de los mismos en las células de un paciente humano. Este objetivo puede conseguirse mediante la administración a estas células renales de una construcción génica que comprende uno de los polinucleótidos mencionados con el fin de transformar dichas células permitiendo su expresión en el interior de las mismas de manera que se inhiba la expresión de la proteína Snail Ventajosamente, dicha construcción génica puede estar incluida dentro de un vector, tal como, por ejemplo, un vector de expresión o un vector de transferencia.

Tal como se utiliza en la presente invención el término “vector” se refiere a sistemas utilizados en el proceso de transferencia de un gen exógeno o de una construcción génica exógena al interior de una célula, permitiendo de este modo la vehiculación de genes y construcciones génicas exógenas. Dichos vectores pueden ser vectores no virales o vectores virales (Pfeifer A, Verma IM (2001) Gene therapy: promises and problems. Annu Rev Genomics Hum Genet

ES 2 310 434 B1

2: 177-211) y su administración puede ser preparada por un experto en la materia en función de las necesidades y especificidades de cada caso.

Por tanto, en otra realización particular de la invención dicho uso de un compuesto se basa en que el compuesto
5 inhibidor es un ácido nucleico o polinucleótido que impide o disminuye la expresión del gen codificante de la proteína Snail humana y que incluye una secuencia de nucleótidos seleccionada entre:

a) una secuencia de nucleótidos antisentido específica de la secuencia del gen o del mRNA de la proteína Snail,

10 b) una ribozima específica del mRNA de la proteína Snail,

c) un aptámero específico del mRNA de la proteína Snail, y

15 d) un RNA de interferencia (iRNA) específico del mRNA de la proteína Snail

Con anterioridad se han descrito e incluso protegido mediante patente oligonucleótidos antisentido (US20060003956, Materials and methods for the derepression of the E-cadherin promoter; Kajita M, McClinic KN, Wade PA. Aberrant expression of the transcription factors snail and slug alters the response to genotoxic stress. Mol Cell Biol. 2004, 24(17): 7559-66) y siRNAs que inhiben su expresión (Peinado H, Del Carmen Iglesias-de la Cruz M, Olmeda D, Csiszar K, Fong KS, Vega S, Nieto MA, Cano A, Portillo F. A molecular role for lysyl oxidase-like 2 enzyme in snail regulation and tumor progression. EMBO J. 2005, 24(19): 3446-58; Tripathi MK, Misra S, Chaudhuri G. Negative regulation of the expressions of cytokeratins 8 and 19 by SLUG repressor protein in human breast cells. Biochem Biophys Res Commun. 2005, 329(2): 508-15). Por otro lado, estas técnicas de inhibición génica, y más concretamente la vehiculización de los compuestos -oligonucleótidos antisentido, iRNA, ribozimas o aptámeros- puede llevarse a cabo mediante el uso de nanopartículas que incrementan el éxito de dicha transferencia (Lu PV and Woodle MC, Adv Genet 54: 117-42, 2005; Hawker CJ and Wooley KL, Science 19 (309): 1200-5, 2005).

Así, una realización particular de la invención lo constituye el uso de un RNAi que se une preferentemente a la
30 secuencia fragmento de RNAm de Snail gatgcacatccgaagccac (SEQ ID NO 9) o a otro fragmento que comprenda a esta.

Las secuencias de nucleótidos a)-d) mencionadas previamente impiden la expresión del gen en mRNA o del mRNA en la proteína Snail, y, por tanto, anulan su función biológica, y pueden ser desarrolladas por un experto en el sector de ingeniería genética en función del conocimiento existente en el estado del arte sobre transgénesis y anulación de la expresión génica (Clarke, A.R. (2002) Transgenesis Techniques. Principles and Protocols, 2a Ed. Humana Press, Cardiff University; Patente US20020128220. Gleave, Martin. TRPM-2 antisense therapy; Puerta-Fernández E *et al.* (2003) Ribozymes: recent advances in the development of RNA tools. FEMS Microbiology Reviews 27: 75-97; Kikuchi, *et al.*, 2003. RNA aptamers targeted to domain II of Hepatitis C virus IRES that bind to its apical loop region. J. Biochem. 133, 263-270; Reynolds A. *et al.*, 2004. Rational siRNA design for RNA interference. Nature Biotechnology 22 (3): 326-330).

Por otro lado, el origen de estos compuestos inhibidores de la actividad de las proteínas Snail puede ser variado, de tal forma que pueden ser origen natural (por ejemplo, de origen vegetal, bacteriano, vírico, animales o microorganismos eucariotas) o sintético.

Otro objeto de la presente invención lo constituye una composición farmacéutica o un medicamento para el tratamiento de la fibrosis renal, en adelante composición farmacéutica de la presente invención, que comprende una cantidad terapéuticamente efectiva de un compuesto o agente inhibidor de la proteína Snail, junto con, opcionalmente, uno o más adyuvantes y/o vehículos farmacéuticamente aceptables.

Una realización particular de la presente invención lo constituye una composición farmacéutica en la que el compuesto inhibidor es un ácido nucleico o polinucleótido que impide o disminuye la expresión del gen codificante de la proteína Snail humana y que incluye una secuencia de nucleótidos seleccionada entre:

55 a) una secuencia de nucleótidos antisentido específica de la secuencia del gen o del mRNA de la proteína Snail,

b) una ribozima específica del mRNA de la proteína Snail,

60 c) un aptámero específico del mRNA de la proteína Snail, y

d) un RNA de interferencia (iRNA) específico del mRNA de la proteína Snail

Al igual que lo comentado anteriormente, una realización particular de la invención lo constituye la composición farmacéutica de la invención en la que el inhibidor de Snail es un RNAi que se une preferentemente a la secuencia fragmento de RNAm de Snail gatgcacatccgaagccac (SEQ ID NO 5) o a otro fragmento que comprenda a esta.

Los adyuvantes y vehículos farmacéuticamente aceptables que pueden ser utilizados en dichas composiciones son los adyuvantes y vehículos conocidos por los técnicos en la materia y utilizados habitualmente en la elaboración de composiciones terapéuticas.

5 En el sentido utilizado en esta descripción, la expresión “cantidad terapéuticamente efectiva” se refiere a la cantidad del agente o compuesto inhibidor de la actividad de la proteína Snail, calculada para producir el efecto deseado y, en general, vendrá determinada, entre otras causas, por las características propias de los compuestos, incluyendo la edad, estado del paciente, la severidad de la alteración o trastorno, y de la ruta y frecuencia de administración.

10 En una realización particular, dicha composición terapéutica se prepara en forma de una forma sólida o suspensión acuosa, en un diluyente farmacéuticamente aceptable. La composición terapéutica proporcionada por esta invención puede ser administrada por cualquier vía de administración apropiada, para lo cual dicha composición se formulará en la forma farmacéutica adecuada a la vía de administración elegida. En una realización particular, la administración de la composición terapéutica proporcionada por esta invención se efectúa por vía parenteral, por vía oral, por vía
15 intraperitoneal, subcutánea, etc. Una revisión de las distintas formas farmacéuticas de administración de medicamentos y de los excipientes necesarios para la obtención de las mismas puede encontrarse, por ejemplo, en el “Tratado de Farmacia Galénica”, C. Faulí i Trillo, 1993, Luzán 5, S.A. Ediciones, Madrid.

Otro objeto de la presente invención lo constituye el uso de la composición farmacéutica de la invención en un
20 método de tratamiento de un mamífero, preferentemente un ser humano, afectado por fibrosis renal, en adelante uso de la composición farmacéutica de la presente invención, consistente en la administración de dicha composición terapéutica que inhibe el proceso de fibrosis.

Un objeto particular de la presente invención lo constituye el uso de la composición farmacéutica de esta invención
25 en el que la fibrosis renal está provocada por una enfermedad, desorden o patología perteneciente, a título ilustrativo y sin que limite el alcance de la invención, al siguiente grupo: nefropatía IgA, glomerulonefritis, diabetes, daño renal inducido por toxicidad, obstrucción urinaria y deterioro de trasplantes renales.

Descripción de las figuras

30 Figura 1. *Snail induce TEM en células NMuMG concomitante con la represión de Cadherina-16*. Imágenes de contraste de fases (a, b), expresión de Cadherina E (c, d) y F-actina (e, f) en células transfectadas con el vector vacío (Mock) o transfectadas con Snail1 (Snail). La motilidad se determinó por un ensayo de herida en cultivo (g, h). Las propiedades invasivas se analizaron por la capacidad de las células de traspasar geles de colágeno IV. (k) Expresión de Cadherina E, cadherina-16 y Snail1 por RT PCR en células Mock y Snail. Las células que expresan Snail han perdido la Cadherina E, reorganizado las fibras de actina y adquirido una morfología fibroblástica, todo ello indicativo de una TEM. Adicionalmente, son capaces de cerrar la herida en 24 horas y de invadir los geles de colágeno. Barras de escala
35 50 μm .

40 Figura 2. *Los epitelios renales que expresan Cadherina-16 se originan de mesénquima positivo para los genes Snail*. Hibridación *in situ* para Cadherina-16, Snail 1 y Snail 2 en distintos días del desarrollo embrionario del ratón: 10.5 (a-i), 13.5 (j-o) y 17.5 (p-u). La Cadherina-16 se expresa en el epitelio recién formado del ducto néfrico (nd, b) que ya no expresa Snail (e, h, insertos). Snail se observa en el mesénquima metanefrico indiferenciado (mm). Los sistemas urogenitales disecados (ver inserto en j) o sus secciones (j-o) se hibridaron con sondas para detectar
45 Cadherina-16 y los genes Snail. La Cadherina-16 se expresa también en los túmulos en formación (j, k) junto con los ductos sexuales (sd) y los túmulos epiteliales del mesonefros transitorio (ms) como se ve en el inserto en j. Los genes Snail se siguen expresan en el mesénquima remanente (mm, l-o). El epitelio de las nefronas y los túbulos colectores expresan niveles altos de Cadherina-16 cuando todo el mesénquima se ha diferenciado a epitelio y la expresión de los genes Snail ha desaparecido (r-u). Esta expresión se mantiene en el riñón adulto. Barras de escala 100 μm . v, Los factores de transcripción Snail inhiben la actividad del promotor del gen de la Cadherina-16. Snail 1 y Snail 2 siguen reprimiendo la actividad del promotor cuando los sitios de unión de Snail han sido eliminados.

Figura 3.- *La expresión de HNF-1beta precede la de Cadherina-16 en los componentes epiteliales del riñón en desarrollo*. Hibridación *in situ* de embriones de 10.5, 13.5 y 17.5 días de desarrollo y sus secciones correspondientes.
55 La expresión de HNF-1beta se observa tan pronto como aparecen epitelios derivados de mesénquima. A 10.5 días de desarrollo, la expresión se observa en el conducto nefrítico (b) y en el mesénquima que se está condensando en regiones donde aun no ha aparecido la expresión de Cadherina-16 (Figura 2c). A 13.5 días de desarrollo, además del conducto nefrítico, se observan muchos lugares de expresión de HNF-1beta (d), algunos de los cuales ya expresan Cadherina-16. Snail2 se expresa en el mesénquima metanefrítico. Barras de escala 100 μm .

Figura 4.- *Snail1 y Snail2 reprimen la expresión de Cadherina-16 por la represión de la transcripción de su activador, HNF-1beta*. a) La activación de Snail1 reprime la expresión de Cadherina-16 y HNF-1beta. Las células NMuMG transfectadas establemente con una versión activable de Snail1 cambian su morfología 24 horas después de la inducción. b) Expresión del transgén por RT PCR. c) RT PCR a tiempo real de Cadherina-16 y HNF-1beta 24 horas
65 después de la administración del inductor, 4-OH-tamoxifeno. y d) Diagrama de la región de 1 kb por delante del lugar de iniciación de la traducción del gen del HNF-1beta de ratón mostrando una región muy conservada con humanos. Los dos sitios de unión de Snail están indicados con cajas negras. Snail1 y Snail2 reprimen la actividad del promotor nativo de HNF-1beta, pero no afectaron la de un promotor con el sitio conservado eliminado.

Figura 5.- *Snail1 reprime la expresión de HNF-1beta y cadherina-16 in vivo*. a, b) La proteína Snail exógena se traslocó al núcleo tras la administración de tamoxifeno, como se observa por medio del anticuerpo anti-receptor de estrógenos humano. c) RT-PCR a tiempo real de Snail1 en ratones normales y transgénicos en ausencia o presencia de tamoxifeno. Expresión de *HNF-1beta* (d, e), *cadherina-16* (g, h) y *Snail2* (j, k) en secciones de la médula de riñones transgénicos de dos semanas y sus valores correspondientes de expresión por RT-PCR a tiempo real (f, i y l, respectivamente). Barras de escala 25 μ m. Aunque no se muestra, también desaparece la Cadherina E, diana directa de Snail mostrada en tejidos de distinta etiología (revisado en Barrallo-Gimeno y Nieto, 2005).

Figura 6.- *La activación de Snail es suficiente para inducir fibrosis renales en ratones transgénicos*. La activación de Snail induce un cambio morfológico característico de una TEM (a, b); una activación del marcador mesenquimático vimentina (c, d); activación de la transcripción del gen del Colágeno I (e, f) y deposición de fibras de colágeno como se observa con la tinción de Trichome-Masson (g, h).

Figura 7.- *La activación de Snail también produce fibrosis en la corteza renal*. Se observan los mismos cambios morfológicos que en la médula, indicativos de TEM, así como la desaparición de Cadherina-16 y Cadherina E y la aparición de Snail2 y de depósitos de Colágeno I.

Ejemplos de la invención

Ejemplo 1

Los genes Snail reprimen la expresión de cadherina-16 por la represión de la transcripción del gen de su activador, HNF1-beta

La expresión ectópica de Snail1 en la línea celular NMuMG indujo una TEM como se ha descrito previamente en otras líneas celulares epiteliales (Cano y col., 2000; Batlle y col., 2000) con la adquisición de características mesenquimales como la pérdida de la expresión de cadherina E (Figura 1d), la reorganización del citoesqueleto de actina F (Figura 1f) y, además, adquieren movilidad (Figura 1g y 1h) y propiedades invasivas (Figura 1i y 1j). Además de reprimir marcadores epiteliales conocidos, también reprimió la expresión de la Cadherina-16 (Figura 1k), una cadherina específica del riñón. Ya que la mama de ratón y otras líneas celulares procedentes de mama humana no expresaban Cadherina-16, se concluyó que esta expresión es una peculiaridad de la línea celular NMuMG, pero indujo a estudiar si Snail puede reprimir a la Cadherina-16 en el riñón.

Para determinar si ambos genes Snail pueden ser represores de la Cadherina-16 *in vivo*, se estudió los patrones de expresión relativos durante el desarrollo embrionario en ratones, cuando ocurren distintos procesos de TEM y TME que dan lugar a la formación del riñón maduro. Tan pronto como los conductos nefríticos se epitelizan la expresión de Snail2 se reprime y la cadherina-16 aparece claramente, observándose que la diferenciación en gradiente anteroposterior de los conductos se correlaciona con la expresión complementaria de los genes cadherina-16 y Snail (Figura 2a-2i). Los conductos colectores inducen al mesénquima nefrítico a condensarse y a diferenciarse en estructuras tubulares las cuales van a dar lugar a las nefronas. El mesénquima nefrítico expresa ambos genes Snail1 y Snail2 (Figura 2f y 2i) y, de nuevo, su epitelización se correlaciona con su represión y el inicio de la expresión de cadherina-16 (Figura 2j-2o). En el día 17.5 dpc, además de lo mencionado para los conductos colectores, se observa una fuerte expresión de cadherina-16 en la neurona. (Figura 2p-2u). Los genes Snail se encuentran en este momento completamente reprimidos en el riñón sin que se observe mesénquima desdiferenciado, situación que se mantiene durante la vida adulta. Los datos muestran que los patrones de expresión son complementarios en los distintos estadios embrionarios y que la Cadherina-16 sólo aparece a partir de mesénquima tras la desaparición de la expresión de los genes Snail1 y Snail2. Estos datos son compatibles con que Snail reprime la expresión del gen de la Cadherina-16 *in vivo*.

Para determinar si Snail reprime directamente la transcripción del gen de la cadherina-16, se analizó su promotor, donde se encontraron dos cajas E, consenso de unión del factor de transcripción Snail, localizadas en posición en las posiciones -581 y -746 (Figura 2v). Cuando se transfectó Snail1 o Snail2 junto a una construcción génica conteniendo estas dos cajas y capaz de reproducir el patrón de expresión de Cadherina-16 (Whyte DA y col 1999; Shao X y col 2002), se observó una disminución en la actividad del promotor del 61% y 56%, respectivamente. Para confirmar si las cajas de unión de Snail eran necesarias para producir este efecto, se co-transfectaron con Snail1 o Snail2 construcciones con esas cajas mutadas o eliminadas. Estos experimentos produjeron el mismo resultado, lo que indica que Snail reprime la actividad del promotor de la Cadherina-16 de forma indirecta (Figura 2v).

Debido a que los genes *Snail* están caracterizados como represores, se investigó si su efecto represor lo realizaba por medio de la represión de un activador de Cadherina-16. HNF-1beta es un potente activador conocido de Cadherina-16 (Bai y col, 2002) y porque además presenta un patrón de expresión durante el desarrollo renal muy interesante. Así, se estudió su patrón de expresión relativo al de los genes Snail y la Cadherina-16 durante el desarrollo del riñón y se observó que muestra una expresión complementaria a la de los genes Snail, que aparece cuando los genes Snail desaparecen y que su expresión ocurre antes que la de Cadherina-16 y en los mismos territorios. De esta forma a los 10 dpc, HNF-1beta se expresa en la diferenciación de los ductos nefríticos en la región posterior (Figura 3c) donde los genes Snail han sido reprimidos y la cadherina-16 no está expresada (Figura 2c). En el 13.5 dpc el mesénquima metanefrítico expresa Snail1 y Snail2, mientras que los transcritos de HNF-1beta son detectados en algunas áreas de mesénquima epitelializado las cuales son todavía negativas a la cadherina-16 (Figura 3d-f). Las nefronas que se

diferencian desde ese mesénquima para dar lugar a las estructuras epiteliales funcionales del riñón maduro expresan tanto HNF-1beta y cadherina (Figura 2). Estos datos son compatibles con que Snail reprime a HNF-1beta y que esta represión impide la aparición de cadherina-16.

Para determinar si la activación aguda de Snail es capaz de reprimir HNF-1beta y cadherina-16, se ha utilizado una construcción inducible que activa Snail1 por la administración de 4-OH-Tamoxifeno (semejante a la utilizada en Locascio y col., 2002) en células NMuMG. Este procedimiento se utiliza para la activación rápida de factores de transcripción, ya que la proteína se encuentra sintetizada de forma inactiva y el agente inductor simplemente la transporta al núcleo de la célula para que actúe como factor de transcripción regulando la expresión de otros genes. Estos experimentos permitieron afirmar que la sola activación de la proteína Snail1 fue capaz de reprimir la transcripción de HNF-1beta y cadherina-16 en 24 h induciendo una completa TEM (Figura 4a y 4c). Interesantemente, 6 horas tras la activación de Snail se observó una represión de los niveles de HNF-1beta del 20% y unos valores de cadherina-16 sin alterar. Estos datos indican que Snail induce la represión secuencial de HNF-1beta y cadherina-16, es decir, que Snail inhibe la expresión de cadherina-16 a través de la represión de HNF-1beta.

Para determinar si la represión HNF-1beta por Snail es directa sobre el promotor, se realizaron experimentos semejantes a los descritos sobre el promotor de la Cadherina-16 con Snail1 y Snail2. Se identificaron dos cajas E consenso de unión de Snail, una de ellas conservada en el promotor de ratón y humano (Figura 4d). Los experimentos de cotransfección con la construcción de este promotor intacto de HNF-1beta mostraron que ambos genes Snail 1 y 2 -tal como se describieron anteriormente para el promotor de la cadherina-16- reprimen la actividad del promotor (Figura 4d), pero no así de aquellos en los que se habían eliminado las dos cajas, o simplemente la caja conservada (Figura 5d). Estos datos muestran que Snail es un represor directo de la transcripción del gen de HNF-1beta a través de su unión a la caja conservada.

Ejemplo 2

Snail induce fibrosis renal en ratones transgénicos

Para determinar si los genes Snail pueden reprimir la transcripción de HNF-1beta y consecuentemente la expresión de Cadherina-16 y también la de Cadherina E (su diana conocida en otros tejidos (revisado en Barrallo-Gimerno y Nieto, 2005) en el riñón, se generaron ratones transgénicos con actividad inducible de Snail1 (ratón transgSnail1-ER). Se utilizó el mismo sistema que para la expresión inducible en líneas celulares. Ratones normales y transgénicos se trataron con una inyección de excipiente o con tamoxifeno tras el nacimiento durante dos semanas, momento en que fueron sacrificados y se analizó la expresión (Figura 5c) y localización de la proteína transgénica (Figura 5a y 5b). El análisis de los riñones correspondientes mostró la traslocación de la proteína exógena al núcleo (Figura 5b) y la represión de la expresión de los genes de la Cadherina E, la Cadherina-16 y HNF-1beta sólo en los ratones transgénicos tratados con tamoxifeno (Figura 5d-5i; suplementaria figura 5 online). Se observó también la inducción de la expresión de Snail2, el miembro de la familia con expresión prominente durante el desarrollo renal (Figura 5j-5l; suplementaria figura 5 online) y mostrado como funcionalmente equivalente a Snail1 en líneas celulares y en embriones como inductor de TEM (Bolós y col., 2003; del Barrio y Nieto, 2002). En resumen, se observó que Snail1 reprime HNF-1beta *in vivo*, lo cual induce la represión de cadherina-16. Conjuntamente con esta represión de la cadherina-E la expresión de Snail1 presente un alto impacto en la pérdida de las características epiteliales, de tal forma que las células de los conductos colectores de la médula parecen adquirir una morfología similar a la fibroblástica reminiscente de la TEM (Figura 5b, e, h, k, insertos).

Para verificar que la expresión de los genes Snail indujo no sólo la represión de los genes citados, sino una TEM completa, se analizó el fenotipo histológico de los riñones de estos animales transgénicos y se observó que en la médula renal la activación de Snail1 indujo un cambio morfológico compatible con TEM, activación del marcador mesenquimático vimentina y activación de la transcripción de Colágeno I (Figura 6e-f) junto con sus depósitos (Figura 6g-h), marcador prototípico de fibrosis renal (Alexakis y col., 2005). Estos cambios también aparecieron en la corteza renal (Figura 7). Los cambios aquí descritos son reminiscentes de los observados tras la inducción experimental de fibrosis renal en distintas condiciones (Liu, 2003). Estos datos indican que los genes Snail1 y Snail2 actúan como represores del fenotipo epitelial en el riñón y, además, que solamente su activación es suficiente para inducir todas las características de la fibrosis renal.

Materiales y Métodos

Plásmidos y anticuerpos. Plásmidos de expresión. pcDNA3-Snail1 corresponde a la secuencia completa del cDNA de Snail1 de ratón insertada en el plásmido pcDNA3 (Invitrogen; Cano *et al.*, 2000). pcDNA3-Snail-ER corresponde a la secuencia codificante de Snail1 unida a una versión mutada del dominio de unión al agonista del receptor de estrógeno humano que reconoce el ligando sintético 4'-OH-Tamoxifeno (Locascio *et al.*, 2002). La secuencia completa del cDNA de Snail2 de ratón fue también clonada en pcDNA3 (pcDNA3-Snail2). Plásmidos reporteros. La construcción reportera del promotor de cadherina-16 de ratón pKsp(1268F)-Luc ha sido amablemente proporcionada por el Doctor Peter Igarashi (Universidad de Tejas, Southwestern Medical Center, Dallas, TX). La secuencia del promotor de HNF-1β de ratón conteniendo 1072 pb desde el ATG ha sido amplificada por PCR a partir del DNA genómico de las células NMuMG utilizando una DNA polimerasa de alta fidelidad (*PfuTurbo*, Stratagene). Los oligonucleótidos iniciadores utilizados para la amplificación fueron 5'-gggtaccATCTACACATTCACTACTAGA-3' (SEQ ID NO 10)

y 5'-acgcgtTTTCCAAGGACGGAAAAAGAA-3' (SEQ ID NO 11) correspondiendo a la secuencia del GenBank™ X55842 y conteniendo los sitios de restricción *KpnI* y *MluI* en los extremos 5', respectivamente. El producto de PCR purificado ha sido subclonado en el vector pGL3-basic (Promega). El kit Quickchange Site Directed Mutagenesis (Stratagene) ha sido utilizado para introducir mutaciones dentro de las cajas E presentes en el promotor de *cadherina-16* de ratón. La secuencia 5'-CA(G/C)(G/C)TG-3' ha sido mutada por 5'-AA(G/C)(G/C)TA-3'. Las secuencias de los oligonucleótidos utilizados para eliminar las cajas E en los promotores de *cadherina-16* y de *HNF-1β* están disponibles si se requieren. Anticuerpos: Anti-*cadherina-E* (ECCD2, 1:200, Takara), anti-vimentina (MO725, 1:200, Dako). La proteína de fusión *Snail1-ER* ha sido detectada por inmunoblots o inmunohistoquímica utilizando un anticuerpo anti- α receptor de estrógeno humano (1:100, Santa-Cruz). La F-actina ha sido detectada usando la faloidina-FITC (1:10, Sigma).

Cultivo celular y generación de células establemente transfectadas con Snail1 o Snail1-ER. La línea celular NMuMG procede del epitelio de la glándula mamaria de ratón. Esta línea celular epitelial expresa altos niveles de *cadherina-E* y es muy sensible a la transición epitelio-mesénquima inducida por TGF β (Miettinen *et al.*, 1994). Para la transfección, las células NMuMG se sembraron en placas de 6 pocillos (5x10⁴ células por pocillo de 3.5 cm) en una mezcla 1:1 de medio Ham's F12 y de medio Dulbecco's Modified Eagle's complementada con 100 IU/ml de penicilina, 0.1 mg/ml de estreptomina, 2 mM de glutamina y 2.5 μ g/ml de anfotericina B, 10% de suero bovino fetal y 10 μ g/ml de insulina. 24 horas después de sembrar las células, se añadieron 500 ng de DNA en presencia de LIPOFECTAMINA (Roche) y las células se incubaron con el DNA toda la noche. Un día después, se empezó la selección de las células transfectadas resistentes a la neomicina utilizando el análogo de neomicina G-418 (Calbiochem, 400 μ g/ml). Se aislaron dos clones independientes transfectados con *Snail1* o *Snail1-ER*.

Ensayos de migración y de invasión. Las células se sembraron en placas de 6 pocillos a una densidad de 3x10⁵ células por pocillo. A las 24 horas, se realizó una herida en la zona central del cultivo confluyente y las células se incubaron por un periodo adicional de 24 horas tras lavar el cultivo y añadirle medio fresco. Los cultivos se observaron a varios tiempos y se tomaron fotografías de la zona herida utilizando un microscopio invertido Zeiss Axiovert. Los ensayos de invasión en geles de colágeno de tipo IV se realizaron en cámaras de Boyden como se describe en Cano *et al.*, 2000. Las células del compartimiento de abajo fueron recogidas y contadas después de 24 horas. En paralelo los núcleos de las células presentes en la parte inferior del filtro se tiñeron con DAPI después de una fijación en metanol y de haber quitado todas las células de la parte superior del filtro.

Análisis genético por microarray. Se utilizó el Chip U74Av2 para genoma murino de Affymetrix para definir el perfil de expresión génica de las células transfectadas con *Snail1* (*Snail1*-transfectantes). Este perfil fue comparado con el de las células transfectadas con el vector vacío (mock-transfectantes). Los RNA biotinilados se analizaron e hibridaron al Chip. A continuación, el Chip se tiñó con estreptavidina-ficoeritrina y se escaneó. Los chips se analizaron usando el programa Affymetrix® Microarray Suite 5.0.

Análisis de los transcritos. Los mRNAs Poly(A)+ se extrajeron de las células NMuMG utilizando el kit Microfast Track (Invitrogen). Para el análisis por Northern blots, alícuotas de 1.5 μ g de mRNAs Poly(A)+ purificados con celuloosa oligo(dT) fueron transferidos a membranas de nylon que se hibridaron con sondas radiomarcadas con [α -³²P]dCTP (rediprime II, Amersham Biosciences). Las sondas de DNA de *Snail1*, *cadherina-E*, *cadherina-16* y *GAPDH* fueron amplificadas por RT-PCR a partir de 25 ng de los cDNAs purificados correspondientes y sus hibridaciones se visualizaron por autoradiografía utilizando un Hyperfilm MP (Amersham Biosciences). La RT-PCR para *Snail1* y *GAPDH* se describió en Cano *et al.*, 2000. La RT-PCR en tiempo real se realizó utilizando el sistema de detección de secuencia ABI PRISM® 7000 y las sondas TagMan®. Los oligonucleótidos y las sondas se obtuvieron de Applied Biosystems Assays-on-Demand como sigue: Mm-99999915-g1 (*GAPDH*), Mm-00441533-g1 (*Snail1*), Mm00483196-m1 (*Cadherina-16*) y Mm-00447452-m1 (*HNF-1β*). La expresión de RNA se calculó utilizando el método comparativo Ct normalizado con *GAPDH*. Los resultados finales se expresan relativos a un calibrador (células mock o ratones silvestres) utilizando la fórmula 2^{-($\Delta\Delta$ Ct)} $\pm$ SD. El RNA fue extraído y el cDNA sintetizado a partir de las células transfectadas con *Snail1-ER* o con el vector vacío a varios tiempos después del tratamiento con 4'-OH-Tamoxifeno y a partir de los riñones de los animales normales o transgénicos neonatales o después de dos semanas de administración de tamoxifeno o excipiente.

Hibridación in situ. Los embriones de ratón proceden de la cepa Balb-C y sus edades, establecidas en días *post-coitum* (dpc) se determinaron considerando el día en el cual se ve el tapón vaginal como el día 0.5. Los sistemas urogenitales o los riñones se disecaron a estadios 13.5 dpc y 17.5 dpc respectivamente, se fijaron en paraformaldehído a 4 en PBS/DEPC toda la noche. A continuación se procesaron directamente para la hibridación *in situ* (ISH) o se embebieron en gelatina y cortaron con un vibratomo para obtener secciones de 50 μ m. Las ISH en secciones de gelatina o en embriones enteros se realizaron como se describe en Blanco *et al.*, 20002 utilizando las sondas de RNA marcadas con DIG-11-UTP de *Snail1*, *Snail2* y *cadherina-E* de ratón (Cano *et al.*, 2000; Sefton *et al.*, 1998). Las sondas para *Cadherina-16* y *HNF-1β* de ratón fueron obtenidas por RT-PCR a partir del cDNA de las células NMuMG utilizando los oligonucleótidos descritos arriba. Después de la hibridación, los embriones o las secciones de riñones se procesaron como descrito en Cano *et al.* 2000.

Análisis de promotor. Las actividades de los promotores de *cadherina-16* y *HNF-1β* se determinaron co-transfectando las células NMuMG con 50 ng de pcDNA3-Snail, pcDNA3-mSnail2 o el vector vacío y con 300 ng de pKsp (1268F)-Luc ó 400 ng de pmHNF-1 β -Luc. Un plásmido con el gen *Renilla reniformis luciferase* (phRL-CMV-Luc, Promega) SE co-transfectó como control de eficiencia. 24 horas después de la transfección, las actividades de las

luciferasas de luciérnaga (Luc) y de *renilla* se determinaron utilizando el sistema Dual Luciferase Reporter Assay (Promega) siguiendo las instrucciones del proveedor. La actividad Luc fue normalizada a la de la luciferasa de *renilla*. En todos los experimentos, la cantidad total de DNA transfectado fue estandarizada añadiendo el vector vacío. Los resultados se representan como el porcentaje de la actividad de luciferasa relativa a los controles (valores de luciferasa en células co-transfectadas con el vector vacío).

Ratones transgénicos. El transgén Snail1-ER fue diseñado como descrito anteriormente (Locascio *et al.*, 2002) y un ratón transgénico (ratón transgSnail1-ER) para esta construcción se generó según los procedimientos estándares (Hogan, B., Beddington, R. & Lacy, F. Manipulating the mouse embryo. A laboratory manual. Cold Spring Harbor Laboratory Press (1994). Para este estudio, seleccionamos una línea de animales cuya expresión de la proteína transgénica es muy alta en el riñón. En este modelo, aunque la proteína Snail1-ER esté expresada constitutivamente, su función como factor de transcripción se desarrolla únicamente cuando se trasloca la proteína en el núcleo después del tratamiento con el tamoxifeno. El transgén se detecta a partir del DNA procediendo de la cola de los animales por PCR (los detalles respecto a los oligonucleótidos utilizados están disponibles si se requiere). La localización subcelular de la proteína fue analizada por inmunohistoquímica utilizando un anticuerpo anti-receptor de estrógeno humano. El mismo anticuerpo sirvió para valorar la cantidad de la proteína Snail1-ER en los distintos tejidos obtenidos de los ratones transgénicos por Western Blots. El tamoxifeno (Sigma) fue disuelto primero en etanol (10% del volumen final) y luego en aceite de maíz (Sigma) para tener una concentración final de 30 mg/ml. La solución fue sonicada para mejorar su solubilidad y se administraron 3 mg de Tamoxifeno subcutáneamente por cada 20 gramos de peso corporal en los animales neonatales cada tres días durante dos semanas. Una vez finalizado el tratamiento, los animales se sacrificaron y los riñones obtenidos se embebieron en gelatina, se cortaron con un vibratomo para la ISH o la inmunohistoquímica o fueron procesados para la extracción de RNAs.

Referencias

- Bai, Y., Pontoglio, M., Hiesberger, T., Sinclair, A.M. & Igarashi, P. Regulation of kidney-specific Kspcadherin gene promoter by hepatocyte nuclear factor-1beta. *Am. J. Physiol. Renal Physiol.* 283, F839-51 (2002).
- Barrallo-Gimeno, A. & Nieto, M.A. The Snail genes as inducers of cell movement and survival: implications in development and cancer. *Development* 132, 3151-61 (2005).
- Battle, E. *et al.* The transcription factor snail is a I repressor of E-cadherin gene expression in epithelial tumour cells. *Nat. Cell Biol.* 2, 84-9 (2000).
- Bolos, V. *et al.* The transcription factor Slug represses E-cadherin expression and induces epithelial to mesenchymal transitions: a comparison with Snail and E47 repressors. *J. Cell Sci.* 116, 499-511 (2003).
- Cano, A. *et al.* The transcription factor snail controls epithelial-mesenchymal transitions by repressing Ecadherin expression. *Nat. Cell Biol.* 2, 76-83 (2000).
- Chilosí *et al.*, 2003.
- del Barrio, M.G. & Nieto, M.A. Overexpression of Snail family members highlights their ability to promote chick neural crest formation. *Development* 129, 1583-93 (2002).
- Dressler 2002. *Book*.
- Hawker CJ and Wooley KL. The convergence of synthetic organic and polymer chemistries. *Science* 19 (309): 1200-5, 2005.
- Huber *et al* *Current Op Cell Biol* 2005.
- Iwano, M. *et al.* Evidence that fibroblasts derive from epithelium during tissue fibrosis. *J. Clin. Invest.* 110, 341-50 (2002).
- Jinde *et al.*
- Kalluri and Neilson 2003.
- Li *et al*, 2005.
- Locascio, A., Vega, S., de Frutos, C.A., Manzanares, M. & Nieto, M.A. Biological potential of a functional human SNAIL retrogene. *J. Biol. Chem.* 277, 38803-9 (2002).
- Rastaldi *et al* 2002.
- Lu PV and Woodle MC. *In vivo* application of RNA interference: from functional genomics to therapeutics. *Adv Genet* 54: 117-42, 2005.

ES 2 310 434 B1

- **Sato, M., Muragaki, Y., Saika, S., Roberts, A.B. & Ooshima, A.** Targeted disruption of TGF-beta1/Smad3 signaling protects against renal tubulointerstitial fibrosis induced by unilateral ureteral obstruction. *J. Clin. Invest.* 112, 1486-94 (2003).

5 - **Shao, X., Johnson, J.E., Richardson, J.A., Hiesberger, T. & Igarashi, P.** A minimal Ksp-cadherin promoter linked to a green fluorescent protein reporter gene exhibits tissue-specific expression in the developing kidney and genitourinary tract. *J. Am. Soc. Nephrol.* 13, 1824-36 (2002).

10 - **Thompson, R.B. et al.** Isolation and cDNA cloning of Ksp-cadherin, a novel kidney-specific member of the cadherin multigene family. *J. Biol. Chem.* 270, 17594-601 (1995).

 - **Vongwiwatana et al., 2005.**

15 - **Whyte, D.A. et al.** Ksp-cadherin gene promoter. I. Characterization and renal epithelial cell-specific activity. *Am. J. Physiol.* 277, F587-98 (1999).

 - **Yañez-Mo et al., 2002.**

20 - **Zeisberg, M. & Kalluri, R.** The role of epithelial-to-mesenchymal transition in renal fibrosis. *J. Mol. Med.* 82, 175-181 (2004).

25

30

35

40

45

50

55

60

65

REIVINDICACIONES

1. Un procedimiento de identificación de un proceso de fibrosis renal **caracterizado** porque se basa en la identificación de la presencia del factor de transcripción SNAIL en una muestra biológica y que comprende las siguientes etapas:

a) identificación de la presencia del factor de transcripción SNAIL, en una muestra biológica de origen renal, y

b) comparación de la presencia de observada en a) con su ausencia en una muestra control, y donde su presencia es indicativa de la existencia de fibrosis renal.

2. Un procedimiento según la reivindicación 1 **caracterizado** porque el factor de transcripción Snail de a) se refiere a la identificación de un transcrito del gen Snail1 humano (SEQ ID NO 5) o del gen Snail2 (SEQ ID NO 7).

3. Un procedimiento según la reivindicación 1 **caracterizado** porque el factor de transcripción Snail de a) se refiere a la identificación del factor de transcripción Snail1 humano (SEQ ID NO 6) o del factor de transcripción Snail2 humano (SEQ ID NO 8).

4. Un procedimiento según la reivindicación 1 **caracterizado** porque la identificación del factor de transcripción Snail de a) se lleva a cabo mediante el uso de anticuerpos específicos, monoclonales o policlonales, frente al factor de transcripción SNAIL.

5. Un procedimiento según la reivindicación 1 **caracterizado** porque la identificación del factor de transcripción Snail de a) se lleva a cabo mediante hibridación *in situ* con un precursor del factor de transcripción SNAIL.

6. Un procedimiento según la reivindicación 1 **caracterizado** porque la identificación del factor de transcripción Snail de a) se lleva a cabo mediante la amplificación RT-PCR de un precursor génico del factor de transcripción SNAIL.

7. Procedimiento de identificación y evaluación de la actividad de compuestos inhibidores del factor de transcripción Snail útiles para el tratamiento de la fibrosis renal **caracterizado** porque comprende los siguientes pasos:

a) Puesta en contacto de un sistema biológico donde exista una expresión del factor de transcripción SNAIL que produzca fibrosis renal con el compuesto candidato objeto de este procedimiento, e incubación en las condiciones adecuadas,

b) determinación de un parámetro indicativo del proceso de fibrosis renal, e

c) identificación de un compuesto inhibidor de la actividad de la proteína Snail cuando se observa una disminución de dicho parámetro de fibrosis renal.

8. Procedimiento de identificación según la reivindicación 7 **caracterizado** porque el sistema biológico del punto a) es un animal transgénico donde la expresión del factor de transcripción Snail es inducible, de forma constante o condicionada, y donde su expresión provoca fibrosis renal.

9. Procedimiento de identificación según la reivindicación 8 **caracterizado** porque el animal transgénico es el ratón transgSnail1-ER.

10. Procedimiento de identificación según la reivindicación 7 **caracterizado** porque el parámetro relacionado con el proceso de fibrosis renal de b) pertenece al siguiente grupo: un cambio morfológico característico de una TEM, nivel de vimentina, transcripción del gen Colágeno I y deposición de fibras de colágeno.

11. Uso de un compuesto o agente inhibidor de la actividad del factor de transcripción Snail en la elaboración de medicamentos o composiciones farmacéuticas para el tratamiento de la fibrosis renal, preferentemente humana **caracterizado** porque el compuesto es un ácido nucleico o polinucleótido que impide o disminuye la expresión del gen codificante del factor de transcripción Snail humano, ya sea Snail1 o Snail2, y que incluye una secuencia de nucleótidos seleccionada entre:

a) una secuencia de nucleótidos antisentido específica de la secuencia del gen o del mRNA del factor de transcripción Snail,

b) una ribozima específica del mRNA del factor de transcripción Snail,

c) un aptámero específico del mRNA del factor de transcripción Snail, y

d) un RNA de interferencia (iRNA) específico del mRNA de la proteína Snail.

12. Uso de un compuesto según la reivindicación 11 **caracterizado** porque el iRNA de d) se une preferentemente a la secuencia fragmento de RNAm del factor de transcripción Snail (SEQ ID NO 9) o a otro fragmento que comprenda a esta.

13. Composición farmacéutica o un medicamento para el tratamiento de la fibrosis renal **caracterizado** porque comprende una cantidad terapéuticamente efectiva de un ácido nucleico o polinucleótido que impide o disminuye la expresión del gen codificante del factor de transcripción Snail humano, ya sea Snail1 o Snail2, y que incluye una secuencia de nucleótidos seleccionada entre:

a) una secuencia de nucleótidos antisentido específica de la secuencia del gen o del mRNA del factor de transcripción Snail,

b) una ribozima específica del mRNA del factor de transcripción Snail,

c) un aptámero específico del mRNA del factor de transcripción Snail, y

d) un RNA de interferencia (iRNA) específico del mRNA del factor de transcripción Snail.

14. Composición farmacéutica según la reivindicación 13 **caracterizado** porque el iRNA de d) se une preferentemente a la secuencia fragmento de RNAm del factor de transcripción Snail (SEQ ID NO 9) o a otro fragmento que comprenda a esta.

15. Uso de la composición farmacéutica según las reivindicaciones 13 a la 14 en un método de tratamiento de un mamífero, preferentemente un ser humano, afectado por fibrosis renal, y consistente en la administración de dicha composición terapéutica que inhibe el proceso de fibrosis.

16. Uso de la composición farmacéutica según la reivindicación 15 **caracterizado** porque la fibrosis renal está provocada por una enfermedad, desorden o patología perteneciente al siguiente grupo: glomerulonefritis, nefropatía IgA, diabetes, daño renal inducido por toxicidad, obstrucción urinaria y deterioro de transplantes renales.

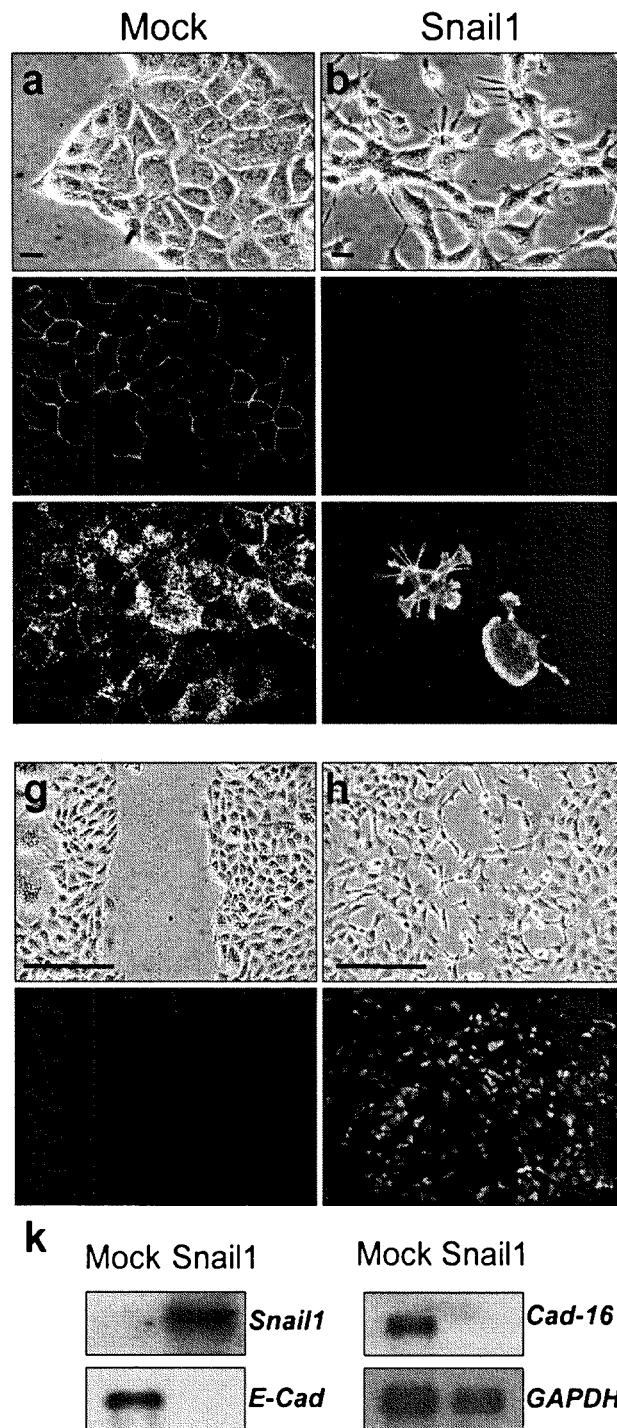


Figura 1

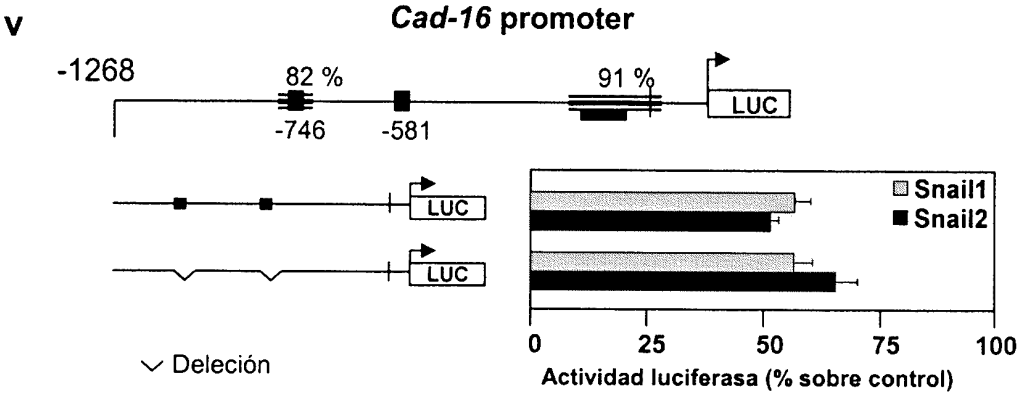
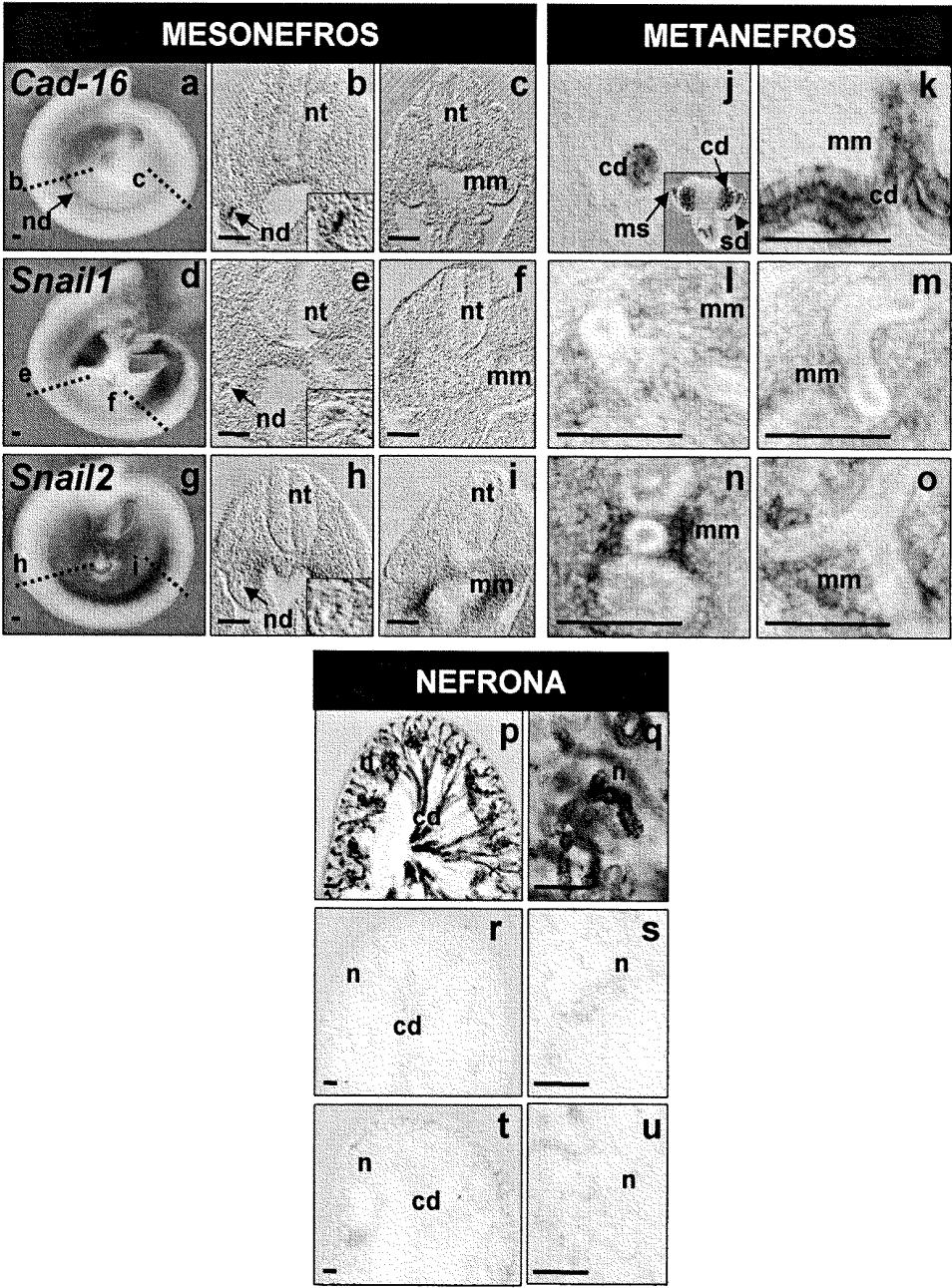


Figura 2

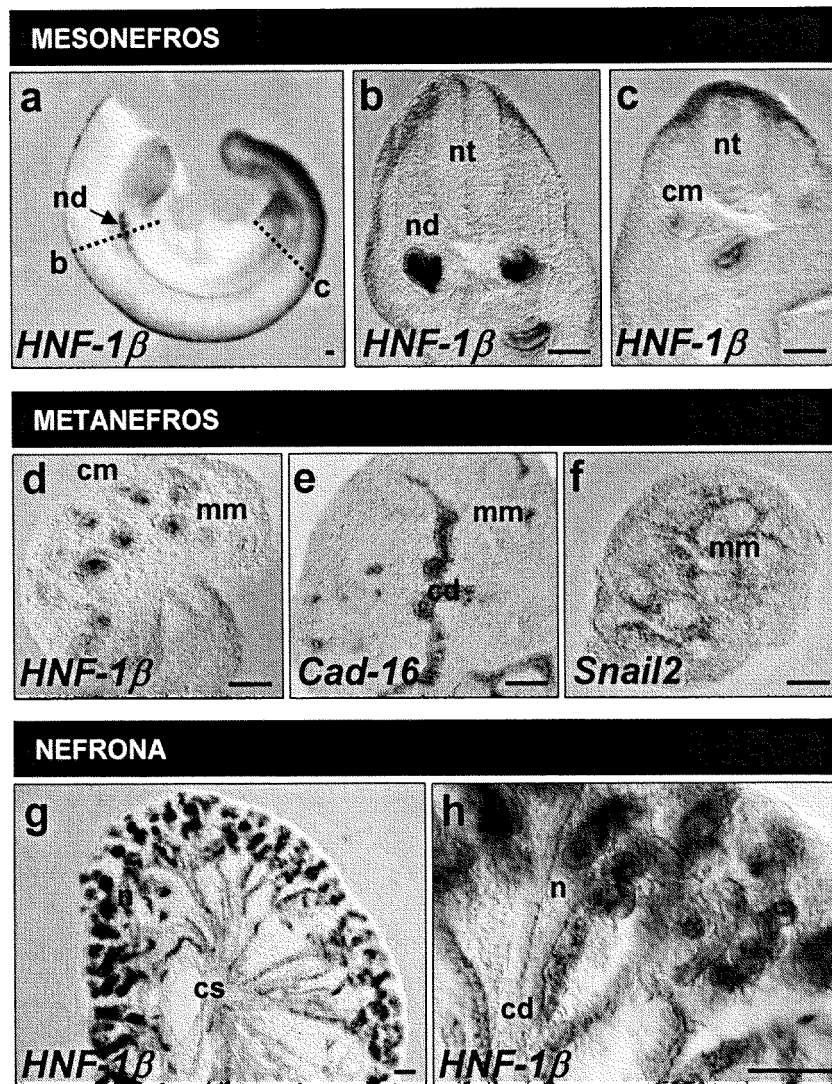


Figura 3

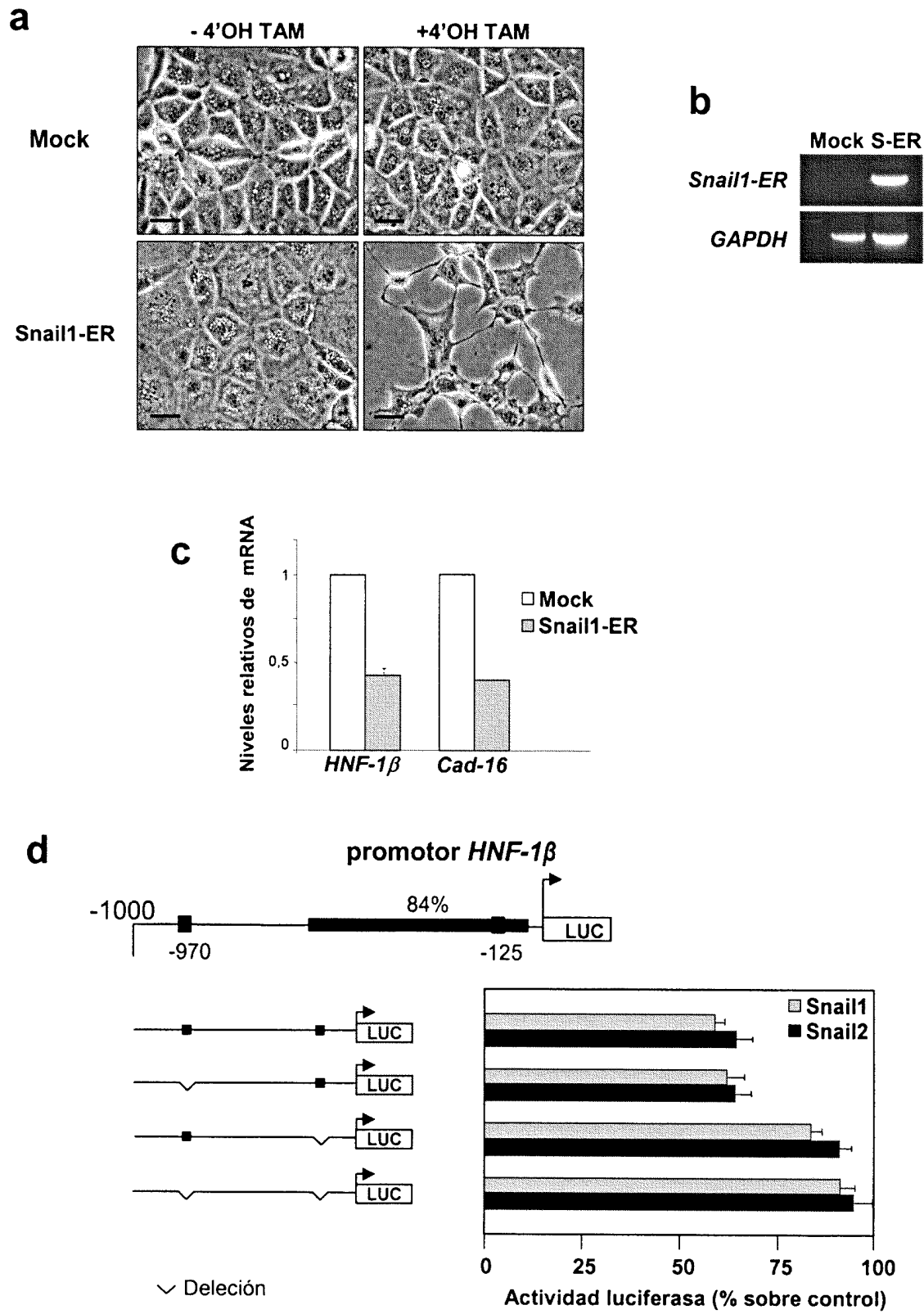


Figura 4

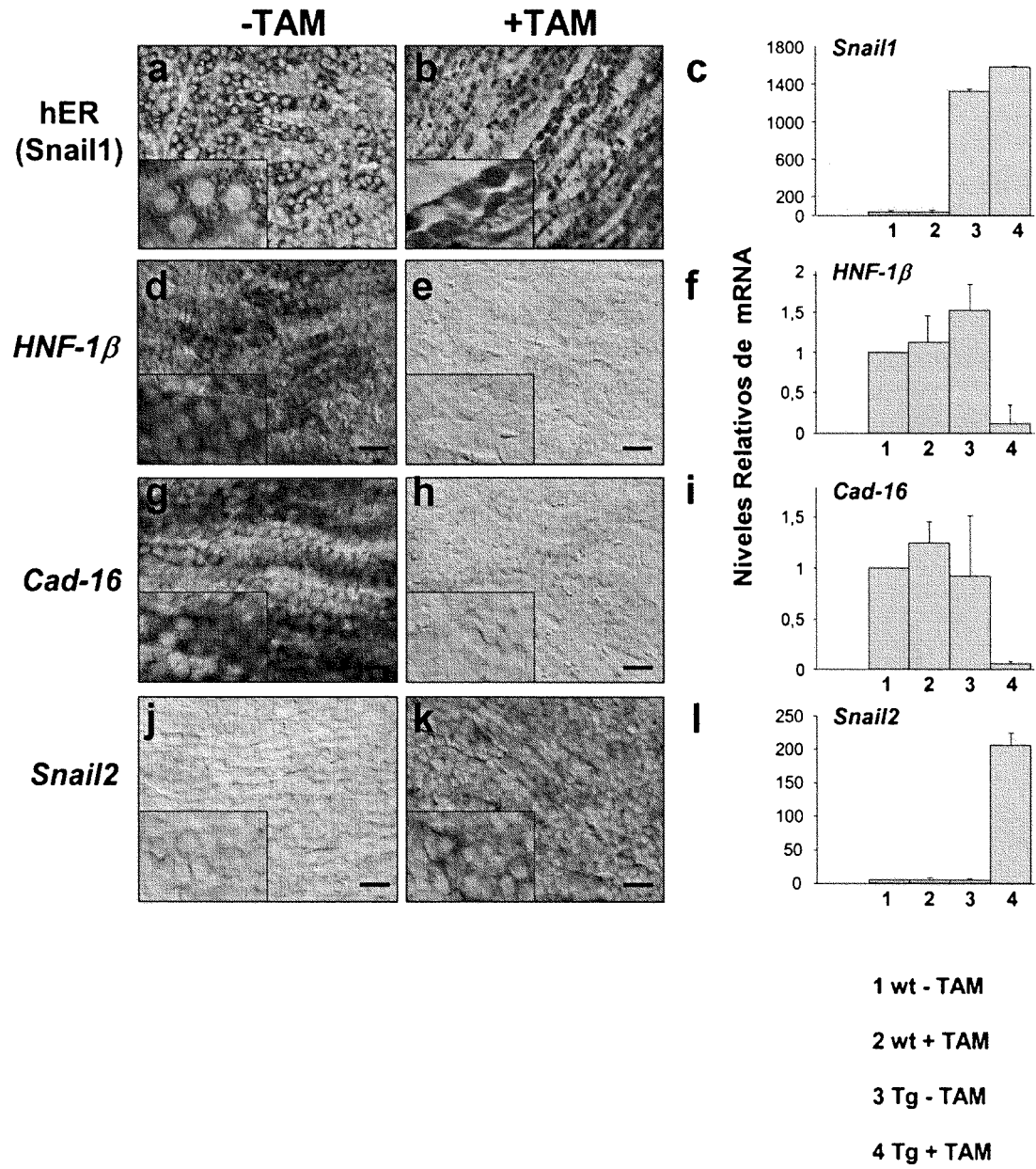


Figura 5

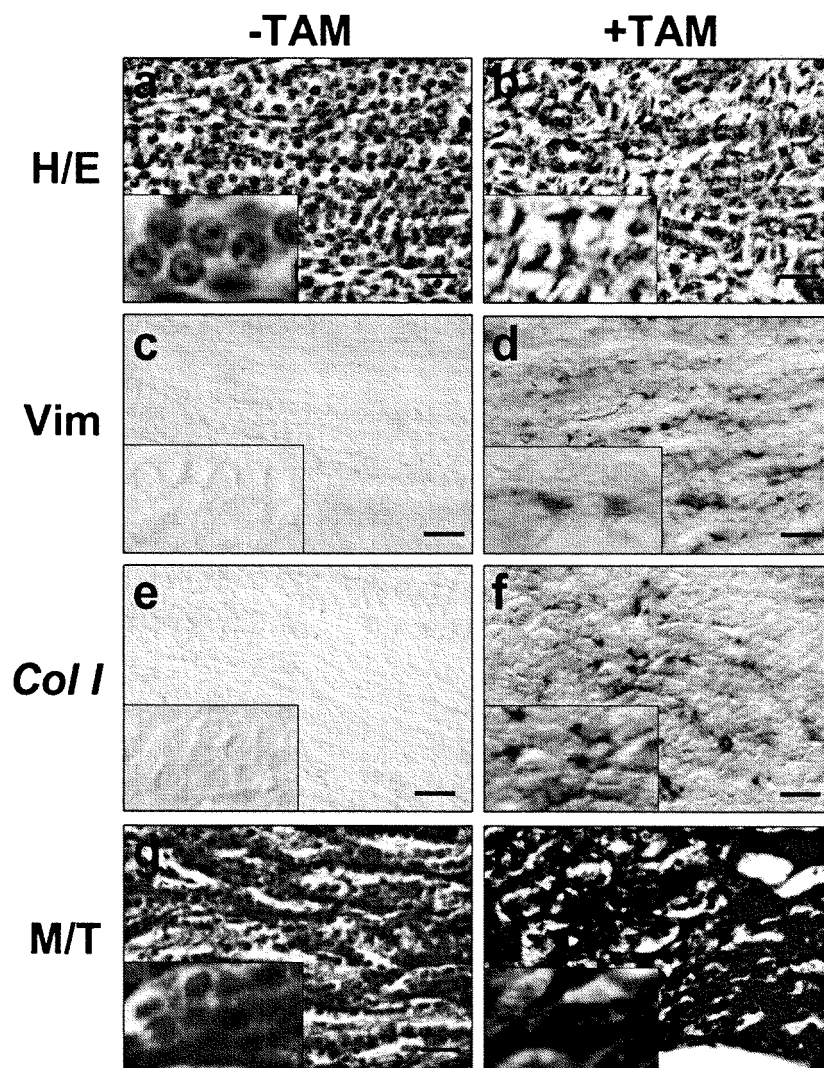


Figura 6

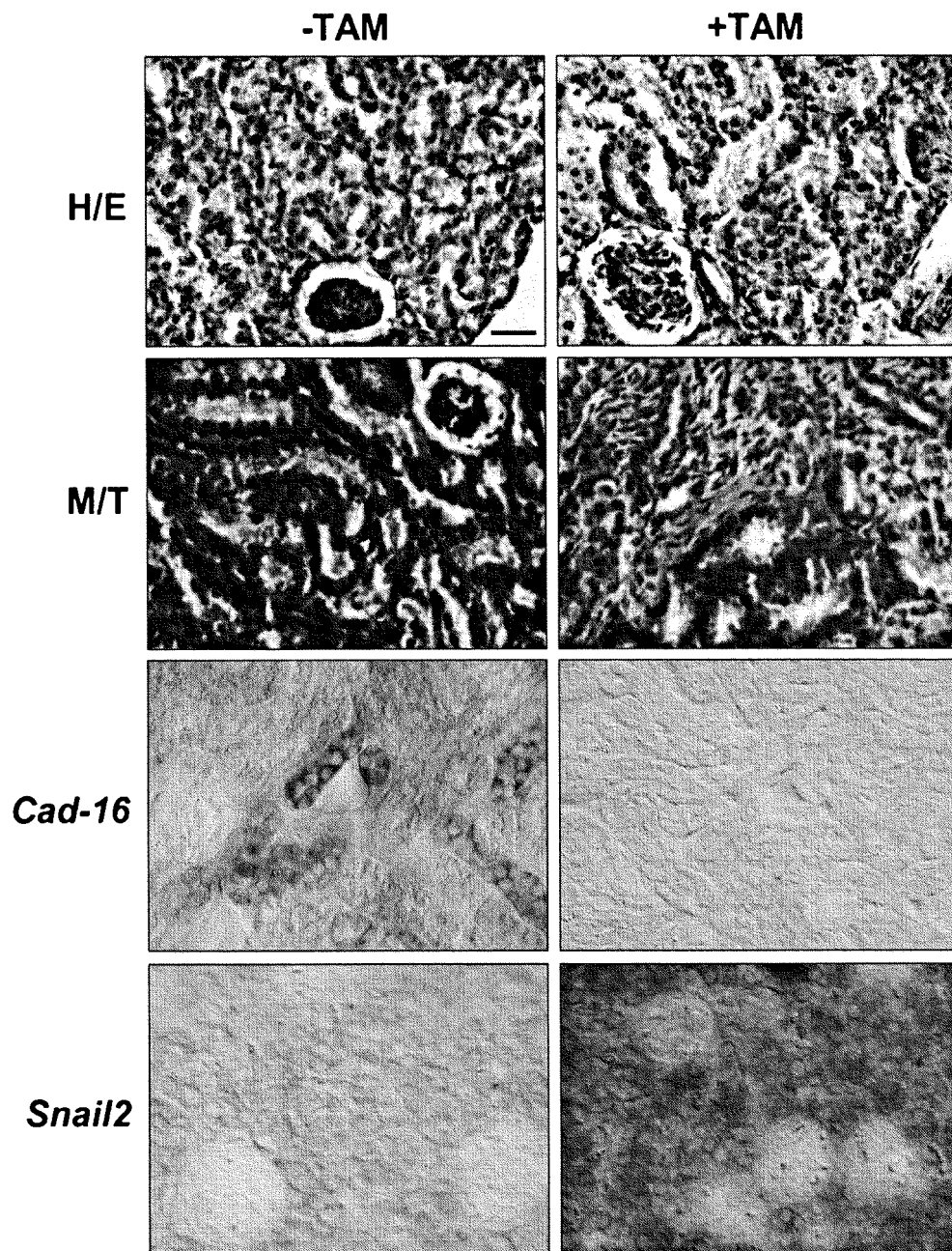


Figura 7

ES 2 310 434 B1

LISTA DE SECUENCIAS

<110> CONSEJO SUPERIOR DE INVESTIGACIONES CIENTÍFICAS UNIVERSIDAD MIGUEL HERNANDEZ

5 <120> UN PROCEDIMIENTO DE IDENTIFICACIÓN DE UN PROCESO DE FIBROSIS RENAL, USO DE LOS
COMPUESTOS INHIBIDORES DE LA ACTIVIDAD DE SNAIL EN LA ELABORACIÓN DE COMPO-
SICIONES FARMACÉUTICAS, PROCEDIMIENTO DE IDENTIFICACIÓN DE DICHOS COMPUESTOS
10 INHIBIDORES, DICHAS COMPOSICIONES FARMACÉUTICAS Y SUS APLICACIONES EN LA FI-
BROSIS RENAL

<130> Snail

<160> 11

15 <170> PatentIn version 3.3

<210> 1

20 <211> 1613

<212> DNA

<213> Mouse

25 <220>

<221> CDS

<222> (64)..(858)

30 <223> Secuencia codificante de Snail1 de ratón

<400> 1

cggagttgac taccgacctt ggcgcgacccg gtgacccccga ctacctaggt cgctctggcc 60

35 aac atg ccg cgc tcc ttc ctg gtc agg aag ccg tcc gac ccc cgc cgg 108
Met Pro Arg Ser Phe Leu Val Arg Lys Pro Ser Asp Pro Arg Arg
1 5 10 15

40 aag ccc aac tat agc gag ctg cag gac gcg tgt gtg gag ttc acc ttc 156
Lys Pro Asn Tyr Ser Glu Leu Gln Asp Ala Cys Val Glu Phe Thr Phe
20 25 30

45 cag cag ccc tac gac cag gcc cac ctg ctg gcc gcc atc cct ccg ccc 204
Gln Gln Pro Tyr Asp Gln Ala His Leu Leu Ala Ala Ile Pro Pro Pro
35 40 45

50 gag gtc ctc aac ccc gcc gct tcg ctg ccc acc ctc atc tgg gac tct 252
Glu Val Leu Asn Pro Ala Ala Ser Leu Pro Thr Leu Ile Trp Asp Ser
50 55 60

55 ctc ctg gta ccc caa gtg cgg ccg gtt gcc tgg gcc acc ctc ccg ctg 300
Leu Leu Val Pro Gln Val Arg Pro Val Ala Trp Ala Thr Leu Pro Leu
65 70 75

60 cgg gag agc ccc aag gcc gta gag ctg acc tcg ctg tcc gat gag gac 348
Arg Glu Ser Pro Lys Ala Val Glu Leu Thr Ser Leu Ser Asp Glu Asp
80 85 90 95

65 agt ggc aaa agc tcc cag ccg ccc agc ccg ccc tcg ccg gcg ccg tcg 396
Ser Gly Lys Ser Ser Gln Pro Pro Ser Pro Pro Ser Pro Ala Pro Ser
100 105 110

ES 2 310 434 B1

tcc ttc tcg tcc acc tcg gcc tcg tcc ctg gag gcc gag gcc ttc atc 444
 Ser Phe Ser Ser Thr Ser Ala Ser Ser Leu Glu Ala Glu Ala Phe Ile
 115 120 125

5

gcc ttc cct ggc ttg ggc caa ctt ccc aag cag ctg gcc agg ctc tcg 492
 Ala Phe Pro Gly Leu Gly Gln Leu Pro Lys Gln Leu Ala Arg Leu Ser
 130 135 140

10

gtg gcc aag gac ccc cag tcg cgg aag atc ttc aac tgc aaa tat tgt 540
 Val Ala Lys Asp Pro Gln Ser Arg Lys Ile Phe Asn Cys Lys Tyr Cys
 145 150 155

15

aac aag gag tac ctc agc ctg ggc gct ctg aag atg cac atc cga agc 588
 Asn Lys Glu Tyr Leu Ser Leu Gly Ala Leu Lys Met His Ile Arg Ser
 160 165 170 175

20

cac acg ctg cct tgt gtc tgc acg acc tgt gga aag gcc ttc tct agg 636
 His Thr Leu Pro Cys Val Cys Thr Thr Cys Gly Lys Ala Phe Ser Arg
 180 185 190

25

ccc tgg ctg ctt cag ggc cac gtc cgc acc cac act ggt gag aag cca 684
 Pro Trp Leu Leu Gln Gly His Val Arg Thr His Thr Gly Glu Lys Pro
 195 200 205

30

ttc tcc tgc tcc cac tgc aac cgt gct ttt gct gac cgc tcc aac ctg 732
 Phe Ser Cys Ser His Cys Asn Arg Ala Phe Ala Asp Arg Ser Asn Leu
 210 215 220

35

cgt gcc cac ctc caa acc cac tcg gat gtg aag aga tac cag tgc cag 780
 Arg Ala His Leu Gln Thr His Ser Asp Val Lys Arg Tyr Gln Cys Gln
 225 230 235

40

gcc tgt gcc cga acc ttc tcc cgc atg tcc ttg ctc cac aag cac caa 828
 Ala Cys Ala Arg Thr Phe Ser Arg Met Ser Leu Leu His Lys His Gln
 240 245 250 255

45

gag tct ggc tgc tcc gga ggc cct cgc tga cccgtgctacc tccccatcct 878
 Glu Ser Gly Cys Ser Gly Gly Pro Arg
 260

50

cgtgtggcacc ttcccgaggc tcaccctcct cctcaactgcc aggactcctt ccagccttgg 938
 tccgggggacc tgtggcgctcc atgtctggac ctgggttctg cttgggtctc ttgggtggcct 998
 ttgcgcgagg tggctgatgg agtgcctttg taccgcgcca gagcctccta cccctcagta 1058
 ttcattgaggt gtagcctctg gacacagctg cttcgagcca tagaactaaa gccaaaccac 1118
 55
 tggctgggaa gcttgaaccc cgctcagggg accccacttc cctacctccc tcaaggaccc 1178
 ttcaggccac cttctttgag gtacaacaga ctatgcaata gttccccctcc cccccacccc 1238
 60
 gtccagctgt aaccatgcct cagcaggggtg gttactggac acatgtccag gtgccccctgg 1298
 gcctgggcaa ctgtttcagc ccccgcccc atttgtcctg gtgacacctg tttcacagca 1358
 65
 gtttaactgt ctccagaagg accatgaata atggccatca cttgttaggg gccaaagtggg 1418
 gtgcttcagc ctggccaatg tgtctcccag aactattttg gggcccaaca ggtggccccg 1478

ES 2 310 434 B1

ggagaaagat gtttacattt taaaggtatt tatattgtaa gcagcatttt gtatagttaa 1538

tatgtacagt ttattgatat tcaataaaat ggtaattta tataactaaaa aaaaaaaaaa 1598

5 aaaaaaaaaa aaaaaa 1613

<210> 2

<211> 264

10 <212> PRT

<213> Mouse

<400> 2

15 Met Pro Arg Ser Phe Leu Val Arg Lys Pro Ser Asp Pro Arg Arg Lys
1 5 10 15

20 Pro Asn Tyr Ser Glu Leu Gln Asp Ala Cys Val Glu Phe Thr Phe Gln
20 25 30

25 Gln Pro Tyr Asp Gln Ala His Leu Leu Ala Ala Ile Pro Pro Pro Glu
35 40 45

30 Val Leu Asn Pro Ala Ala Ser Leu Pro Thr Leu Ile Trp Asp Ser Leu
50 55 60

35 Leu Val Pro Gln Val Arg Pro Val Ala Trp Ala Thr Leu Pro Leu Arg
65 70 75 80

40 Glu Ser Pro Lys Ala Val Glu Leu Thr Ser Leu Ser Asp Glu Asp Ser
85 90 95

45 Gly Lys Ser Ser Gln Pro Pro Ser Pro Pro Ser Pro Ala Pro Ser Ser
100 105 110

50 Phe Ser Ser Thr Ser Ala Ser Ser Leu Glu Ala Glu Ala Phe Ile Ala
115 120 125

55 Phe Pro Gly Leu Gly Gln Leu Pro Lys Gln Leu Ala Arg Leu Ser Val
130 135 140

Ala Lys Asp Pro Gln Ser Arg Lys Ile Phe Asn Cys Lys Tyr Cys Asn
145 150 155 160

60 Lys Glu Tyr Leu Ser Leu Gly Ala Leu Lys Met His Ile Arg Ser His
165 170 175

65 Thr Leu Pro Cys Val Cys Thr Thr Cys Gly Lys Ala Phe Ser Arg Pro
180 185 190

ES 2 310 434 B1

Trp Leu Leu Gln Gly His Val Arg Thr His Thr Gly Glu Lys Pro Phe
195 200 205

5

Ser Cys Ser His Cys Asn Arg Ala Phe Ala Asp Arg Ser Asn Leu Arg
210 215 220

10

Ala His Leu Gln Thr His Ser Asp Val Lys Arg Tyr Gln Cys Gln Ala
225 230 235 240

15

Cys Ala Arg Thr Phe Ser Arg Met Ser Leu Leu His Lys His Gln Glu
245 250 255

20

Ser Gly Cys Ser Gly Gly Pro Arg
260

<210> 3

<211> 2084

25

<212> DNA

<213> Mouse

<220>

30

<221> CDS

<222> (116)..(925)

<223> Secuencia codificante de Snail2 de ratón

35

<400> 3

cagggagccg ggtgacttca gagggcgctg cctgtccccc gccgcacctg agccaccgcg 60

40

atgctatagg accgccgcct ggaccgttat ccgcccgcgc ccgcccgcag ccacc atg 118
Met
1

45

ccg cgc tcc ttc ctg gtc aag aaa cat ttc aac gcc tcc aag aag ccc 166
Pro Arg Ser Phe Leu Val Lys Lys His Phe Asn Ala Ser Lys Lys Pro
5 10 15

50

aac tac agc gaa ctg gac aca cac aca gtt att att tcc oca tat ctc 214
Asn Tyr Ser Glu Leu Asp Thr His Thr Val Ile Ile Ser Pro Tyr Leu
20 25 30

55

tat gaa agt tac cct ata cct gtc ata cca aaa cca gag atc ctc acc 262
Tyr Glu Ser Tyr Pro Ile Pro Val Ile Pro Lys Pro Glu Ile Leu Thr
35 40 45

60

tcg gga gca tac agc cct att act gta tgg aca tcg tcg gca gct cca 310
Ser Gly Ala Tyr Ser Pro Ile Thr Val Trp Thr Ser Ser Ala Ala Pro
50 55 60 65

65

ctc cac tct cct tta ccc agt ggc ctt tct cct ctt act gga tac tcc 358
Leu His Ser Pro Leu Pro Ser Gly Leu Ser Pro Leu Thr Gly Tyr Ser
70 75 80

ES 2 310 434 B1

	tca tcc ttg ggg cgt gta agt ccc ccg cct tcc tct gac act tca tcc	406
	Ser Ser Leu Gly Arg Val Ser Pro Pro Pro Ser Ser Asp Thr Ser Ser	
	85 90 95	
5	aag gat cac agt ggt tca gaa agt ccc att agt gac gaa gag gag aga	454
	Lys Asp His Ser Gly Ser Glu Ser Pro Ile Ser Asp Glu Glu Glu Arg	
	100 105 110	
10	ctg cag ccc aag ctt tca gac ccc cat gcc atc gaa gct gag aag ttt	502
	Leu Gln Pro Lys Leu Ser Asp Pro His Ala Ile Glu Ala Glu Lys Phe	
	115 120 125	
15	cag tgc aat tta tgc aat aag acc tat tct acg ttc tct ggg ctg gcc	550
	Gln Cys Asn Leu Cys Asn Lys Thr Tyr Ser Thr Phe Ser Gly Leu Ala	
	130 135 140 145	
20	aaa cac aag cag ctg cac tgt gat gcc cag tct agg aaa tcg ttc agc	598
	Lys His Lys Gln Leu His Cys Asp Ala Gln Ser Arg Lys Ser Phe Ser	
	150 155 160	
25	tgc aag tac tgt gac aag gaa tat gtg agc ctg ggt gcc ctg aag atg	646
	Cys Lys Tyr Cys Asp Lys Glu Tyr Val Ser Leu Gly Ala Leu Lys Met	
	165 170 175	
30	cac att cga acc cac aca ttg cct tgt gtc tgc aag atc tgt ggc aag	694
	His Ile Arg Thr His Thr Leu Pro Cys Val Cys Lys Ile Cys Gly Lys	
	180 185 190	
35	gct ttc tcc aga ccc tgg ctg ctt caa gga cac att aga act cac act	742
	Ala Phe Ser Arg Pro Trp Leu Leu Gln Gly His Ile Arg Thr His Thr	
	195 200 205	
40	ggg gaa aag cct ttc tct tgc cct cac tgc aat agg gct ttt gca gac	790
	Gly Glu Lys Pro Phe Ser Cys Pro His Cys Asn Arg Ala Phe Ala Asp	
	210 215 220 225	
45	aga tca aac ctg agg gca cat ctg cag acc cac tct gat gta aag aaa	838
	Arg Ser Asn Leu Arg Ala His Leu Gln Thr His Ser Asp Val Lys Lys	
	230 235 240	
50	tac cag tgc aaa aac tgc tcc aaa acc ttc tcc aga atg tcg ctt ctg	886
	Tyr Gln Cys Lys Asn Cys Ser Lys Thr Phe Ser Arg Met Ser Leu Leu	
	245 250 255	
55	cat aaa cat gag gag tct ggc tgc tgt gtg gca cac tga gtggcgcaac	935
	His Lys His Glu Glu Ser Gly Cys Cys Val Ala His	
	260 265	
60	cagtgttttac tcaaacagaa tgcattttctt cactccaatg acaaatgaca aatgaaagtc	995
	caaagacatt ttctcatgtg ottaccaacc aaatagtatg tataaaacca caaaagagtc	1055
65	acacacacac acacacacac acacacacac acacacacag agagagagag agagagagag	1115
	agagagacag acagacagac agacagatac acacacacta cagaacagaa tctatgtact	1175
70	taaagttaat tcgttctatg tgaagtttaa aattatatatt actgacagct agattgaaag	1235
	gataaaagat aagaatcttt ctcttttaaag atgaagtga aagcacattg catcttttct	1295

ES 2 310 434 B1

tactaagaaa gaatacagag atttacactg ctgccaaacc atttcaacca aaggaacagt 1355
 atttcttctt aatagaattg taatagtgtt tccaagagga agagagtctg ccagacacta 1415
 5 tctcaggtgc cttataaagt actccaagtt tacttcttta aatgtatgat gcctggttgt 1475
 catcagtga tgcagcctt ttctggatta cctacaatgt tttaaaacta tattgttaag 1535
 10 agaaaaaaaa ccaaaaacaa gaaaaagaac agaacacaag agaatgtatt aaagtattct 1595
 tgttttattt ttgccatgtg tgccttgga gagggaggaa agacaaactt caaacattcc 1655
 15 tgggtgctgt cccatgtctt tcttttttaa aaagaatctt aatgttttat aatacaaagt 1715
 aatgaaaatg tgcaaaagaa tttcttagac attcagtaat gtacttagac ttttgaaaat 1775
 20 tcatgtgatg gatgcagtaa tacaatgcc ctccaagtgc ctgtcttaat gacttggtga 1835
 gttgatgaac tgatgtaaat ttgtgtttat ttttatacaa ctgaatgaac tctgtatgaa 1895
 agtgaggtac ggttaatagc cacgcctata ttcaaccaga atacttgtga aatcaatgtc 1955
 25 ctttttttaa aagtaacttt caaggtctct tttttacaat aaacattttt gagtaaaaaa 2015
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2075
 30 aaaaaaaaaa 2084

<210> 4

<211> 269

<212> PRT

<213> Mouse

<400> 4

Met	Pro	Arg	Ser	Phe	Leu	Val	Lys	Lys	His	Phe	Asn	Ala	Ser	Lys	Lys
1				5					10					15	
Pro	Asn	Tyr	Ser	Glu	Leu	Asp	Thr	His	Thr	Val	Ile	Ile	Ser	Pro	Tyr
			20					25					30		
Leu	Tyr	Glu	Ser	Tyr	Pro	Ile	Pro	Val	Ile	Pro	Lys	Pro	Glu	Ile	Leu
		35					40					45			
Thr	Ser	Gly	Ala	Tyr	Ser	Pro	Ile	Thr	Val	Trp	Thr	Ser	Ser	Ala	Ala
	50					55				60					
Pro	Leu	His	Ser	Pro	Leu	Pro	Ser	Gly	Leu	Ser	Pro	Leu	Thr	Gly	Tyr
65					70				75					80	
Ser	Ser	Ser	Leu	Gly	Arg	Val	Ser	Pro	Pro	Pro	Ser	Ser	Asp	Thr	Ser
			85					90					95		
Ser	Lys	Asp	His	Ser	Gly	Ser	Glu	Ser	Pro	Ile	Ser	Asp	Glu	Glu	Glu
			100					105					110		
Arg	Leu	Gln	Pro	Lys	Leu	Ser	Asp	Pro	His	Ala	Ile	Glu	Ala	Glu	Lys
		115					120					125			
Phe	Gln	Cys	Asn	Leu	Cys	Asn	Lys	Thr	Tyr	Ser	Thr	Phe	Ser	Gly	Leu
	130					135					140				
Ala	Lys	His	Lys	Gln	Leu	His	Cys	Asp	Ala	Gln	Ser	Arg	Lys	Ser	Phe
145					150				155						160
Ser	Cys	Lys	Tyr	Cys	Asp	Lys	Glu	Tyr	Val	Ser	Leu	Gly	Ala	Leu	Lys
			165					170						175	
Met	His	Ile	Arg	Thr	His	Thr	Leu	Pro	Cys	Val	Cys	Lys	Ile	Cys	Gly
			180					185					190		

ES 2 310 434 B1

	Lys	Ala	Phe	Ser	Arg	Pro	Trp	Leu	Leu	Gln	Gly	His	Ile	Arg	Thr	His	
			195					200					205				
5	Thr	Gly	Glu	Lys	Pro	Phe	Ser	Cys	Pro	His	Cys	Asn	Arg	Ala	Phe	Ala	
		210					215					220					
	Asp	Arg	Ser	Asn	Leu	Arg	Ala	His	Leu	Gln	Thr	His	Ser	Asp	Val	Lys	
	225					230						235				240	
	Lys	Tyr	Gln	Cys	Lys	Asn	Cys	Ser	Lys	Thr	Phe	Ser	Arg	Met	Ser	Leu	
10					245					250					255		
	Leu	His	Lys	His	Glu	Glu	Ser	Gly	Cys	Cys	Val	Ala	His				
				260					265								
15	<210> 5																
	<211> 1708																
	<212> DNA																
	<213> <i>Homo sapiens</i>																
20	<220>																
	<221> CDS																
	<222> (71)..(865)																
25	<223> Secuencia codificante de Snail1 humano																
	<400> 5																
30	ggcacggcct agcgagtggg tcttctgcgc tactgctgcg cgaatcggcg accccagtgc 60																
	ctcgaccact atg ccg cgc tct ttc ctc gtc agg aag ccc tcc gac ccc 109																
35																	
40																	
45																	
50																	
55																	
60																	
65																	

ES 2 310 434 B1

	Leu	Ser	Glu	Ala	Lys	Asp	Leu	Gln	Ala	Arg	Lys	Ala	Phe	Asn	Cys	Lys	
				145					150					155			
5	tac	tgc	aac	aag	gaa	tac	ctc	agc	ctg	ggc	gcc	ctc	aag	atg	cac	atc	589
	Tyr	Cys	Asn	Lys	Glu	Tyr	Leu	Ser	Leu	Gly	Ala	Leu	Lys	Met	His	Ile	
			160					165					170				
10	cga	agc	cac	acg	ctg	ccc	tgc	gtc	tgc	gga	acc	tgc	ggg	aag	gcc	ttc	637
	Arg	Ser	His	Thr	Leu	Pro	Cys	Val	Cys	Gly	Thr	Cys	Gly	Lys	Ala	Phe	
			175				180						185				
15	tct	agg	ccc	tgg	ctg	cta	caa	ggc	cat	gtc	cgg	acc	cac	act	ggc	gag	685
	Ser	Arg	Pro	Trp	Leu	Leu	Gln	Gly	His	Val	Arg	Thr	His	Thr	Gly	Glu	
	190					195				200					205		
20	aag	ccc	ttc	tcc	tgt	ccc	cac	tgc	agc	cgt	gcc	ttc	gct	gac	cgc	tcc	733
	Lys	Pro	Phe	Ser	Cys	Pro	His	Cys	Ser	Arg	Ala	Phe	Ala	Asp	Arg	Ser	
					210					215					220		
25	aac	ctg	cgg	gcc	cac	ctc	cag	acc	cac	tca	gat	gtc	aag	aag	tac	cag	781
	Asn	Leu	Arg	Ala	His	Leu	Gln	Thr	His	Ser	Asp	Val	Lys	Lys	Tyr	Gln	
				225					230						235		
30	tgc	cag	gcg	tgt	gct	cgg	acc	ttc	tcc	cga	atg	tcc	ctg	ctc	cac	aag	829
	Cys	Gln	Ala	Cys	Ala	Arg	Thr	Phe	Ser	Arg	Met	Ser	Leu	Leu	His	Lys	
			240					245					250				
35	cac	caa	gag	tcc	ggc	tgc	tca	gga	tgt	ccc	cgc	tga	ccctcgagggc				875
	His	Gln	Glu	Ser	Gly	Cys	Ser	Gly	Cys	Pro	Arg						
		255				260											
40	tccctcttcc	tctccataacc	tgccccctgcc	tgacagcctt	ccccagctcc	agcaggaagg											935
	acccacatc	cttctcactg	ccatggaatt	ccctcctgag	tgccccactt	ctggccacat											995
	cagccccaca	ggactttgat	gaagaccatt	ttctggttct	gtgtcctctg	cctgggctct											1055
	ggaagaggcc	ttcccatggc	catttctgtg	gagggagggc	agctggcccc	cagccctggg											1115
45	ggattcctga	gctggcctgt	ctgcgtgggt	ttttgtatcc	agagctgttt	ggatacagct											1175
	gctttgagct	acaggacaaa	ggctgacaga	ctcactggga	agctcccacc	ccactcaggg											1235
50	gacccactc	ccctcacaca	caccccccca	caaggaaccc	tcaggccacc	ctccacgagg											1295
	tgtgactaac	tatgcaataa	tccaccccc	ggtgcagccc	cagggcctgc	ggaggcgggtg											1355
55	gcagactaga	gtctgagatg	ccccgagccc	aggcagctat	ttcagcctcc	tgtttggtgg											1415
	ggtggcacct	gtttcccggg	caatttaaca	atgtctgaaa	agggactgtg	agtaatggct											1475
60	gtcacttgtc	gggggccc	gtgggggtgt	ctgggtctgac	cgatgtgtct	cccagaacta											1535
	ttctgggggc	ccgacaggtg	ggcctgggag	gaagatgttt	acatttttaa	aggtacactg											1595
	gtatttatat	ttcaaacatt	ttgtatcaag	gaaacgtttt	gtatagttat	atgtacagtt											1655
65	tattgatatt	caataaagca	gttaatttat	atattaaaaa	aaaaaaaaaa	aaa											1708

ES 2 310 434 B1

<210> 6

<211> 264

<212> PRT

5 <213> *Homo sapiens*

<400> 6

10	Met	Pro	Arg	Ser	Phe	Leu	Val	Arg	Lys	Pro	Ser	Asp	Pro	Asn	Arg	Lys
	1				5				10					15		
	Pro	Asn	Tyr	Ser	Glu	Leu	Gln	Asp	Ser	Asn	Pro	Glu	Phe	Thr	Phe	Gln
				20					25					30		
15	Gln	Pro	Tyr	Asp	Gln	Ala	His	Leu	Leu	Ala	Ala	Ile	Pro	Pro	Pro	Glu
			35					40					45			
20	Ile	Leu	Asn	Pro	Thr	Ala	Ser	Leu	Pro	Met	Leu	Ile	Trp	Asp	Ser	Val
		50					55					60				
	Leu	Ala	Pro	Gln	Ala	Gln	Pro	Ile	Ala	Trp	Ala	Ser	Leu	Arg	Leu	Gln
	65					70				75						80
25	Glu	Ser	Pro	Arg	Val	Ala	Glu	Leu	Thr	Ser	Leu	Ser	Asp	Glu	Asp	Ser
					85					90					95	
30	Gly	Lys	Gly	Ser	Gln	Pro	Pro	Ser	Pro	Pro	Ser	Pro	Ala	Pro	Ser	Ser
				100					105					110		
	Phe	Ser	Ser	Thr	Ser	Val	Ser	Ser	Leu	Glu	Ala	Glu	Ala	Tyr	Ala	Ala
			115					120					125			
35	Phe	Pro	Gly	Leu	Gly	Gln	Val	Pro	Lys	Gln	Leu	Ala	Gln	Leu	Ser	Glu
		130					135					140				
40	Ala	Lys	Asp	Leu	Gln	Ala	Arg	Lys	Ala	Phe	Asn	Cys	Lys	Tyr	Cys	Asn
	145					150					155					160
	Lys	Glu	Tyr	Leu	Ser	Leu	Gly	Ala	Leu	Lys	Met	His	Ile	Arg	Ser	His
				165						170					175	
45	Thr	Leu	Pro	Cys	Val	Cys	Gly	Thr	Cys	Gly	Lys	Ala	Phe	Ser	Arg	Pro
				180					185					190		
	Trp	Leu	Leu	Gln	Gly	His	Val	Arg	Thr	His	Thr	Gly	Glu	Lys	Pro	Phe
		195						200					205			
50	Ser	Cys	Pro	His	Cys	Ser	Arg	Ala	Phe	Ala	Asp	Arg	Ser	Asn	Leu	Arg
		210					215					220				
	Ala	His	Leu	Gln	Thr	His	Ser	Asp	Val	Lys	Lys	Tyr	Gln	Cys	Gln	Ala
	225					230					235					240
55	Cys	Ala	Arg	Thr	Phe	Ser	Arg	Met	Ser	Leu	Leu	His	Lys	His	Gln	Glu
					245					250					255	
60	Ser	Gly	Cys	Ser	Gly	Cys	Pro	Arg								
				260												

<210> 7

<211> 2101

<212> DNA

65 <213> *Homo sapiens*

ES 2 310 434 B1

<220>

<221> CDS

<222> (165)..(971)

5 <223> Secuencia codificante de Snail2 humano

<400> 7

10	agttcgtaaa ggagccgggt gacttcagag gcgcgggcc gtcggtctgc cgcacctgag	60
	cacggccccct gcccgagcct ggcccgccgc gatgctgtag ggaccgccgt gtccctccgc	120
15	cggaccgtta tccgcgccgg gcgcccgcc gaccgcgtgg caag atg ccg cgc tcc	176
	Met Pro Arg Ser	
	1	
20	ttc ctg gtc aag aag cat ttc aac gcc tcc aaa aag cca aac tac agc	224
	Phe Leu Val Lys Lys His Phe Asn Ala Ser Lys Lys Pro Asn Tyr Ser	
	5 10 15 20	
25	gaa ctg gac aca cat aca gtg att att tcc ccg tat ctc tat gag agt	272
	Glu Leu Asp Thr His Thr Val Ile Ile Ser Pro Tyr Leu Tyr Glu Ser	
	25 30 35	
30	tac tcc atg cct gtc ata cca caa cca gag atc ctc agc tca gga gca	320
	Tyr Ser Met Pro Val Ile Pro Gln Pro Glu Ile Leu Ser Ser Gly Ala	
	40 45 50	
35	tac agc ccc atc act gtg tgg act acc gct gct cca ttc cac gcc cag	368
	Tyr Ser Pro Ile Thr Val Trp Thr Thr Ala Ala Pro Phe His Ala Gln	
	55 60 65	
40	cta ccc aat ggc ctc tct cct ctt tcc gga tac tcc tca tct ttg ggg	416
	Leu Pro Asn Gly Leu Ser Pro Leu Ser Gly Tyr Ser Ser Ser Leu Gly	
	70 75 80	
45	cga gtg agt ccc cct cct cca tct gac acc tcc tcc aag gac cac agt	464
	Arg Val Ser Pro Pro Pro Pro Ser Asp Thr Ser Ser Lys Asp His Ser	
	85 90 95 100	
50	ggc tca gaa agc ccc att agt gat gaa gag gaa aga cta cag tcc aag	512
	Gly Ser Glu Ser Pro Ile Ser Asp Glu Glu Glu Arg Leu Gln Ser Lys	
	105 110 115	
55	ctt tca gac ccc cat gcc att gaa gct gaa aag ttt cag tgc aat tta	560
	Leu Ser Asp Pro His Ala Ile Glu Ala Glu Lys Phe Gln Cys Asn Leu	
	120 125 130	
60	tgc aat aag acc tat tca act ttt tct ggg ctg gcc aaa cat aag cag	608
	Cys Asn Lys Thr Tyr Ser Thr Phe Ser Gly Leu Ala Lys His Lys Gln	
	135 140 145	
65	ctg cac tgc gat gcc cag tct aga aaa tct ttc agc tgt aaa tac tgt	656
	Leu His Cys Asp Ala Gln Ser Arg Lys Ser Phe Ser Cys Lys Tyr Cys	
	150 155 160	
70	gac aag gaa tat gtg agc ctg ggc gcc ctg aag atg cat att cgg acc	704
	Asp Lys Glu Tyr Val Ser Leu Gly Ala Leu Lys Met His Ile Arg Thr	

ES 2 310 434 B1

	165		170		175		180	
5	cac aca tta cct tgt gtt tgc aag atc tgc ggc aag gcg ttt tcc aga							752
	His Thr Leu Pro Cys Val Cys Lys Ile Cys Gly Lys Ala Phe Ser Arg							
		185			190		195	
10	ccc tgg ttg ctt caa gga cac att aga act cac acg ggg gag aag cct							800
	Pro Trp Leu Leu Gln Gly His Ile Arg Thr His Thr Gly Glu Lys Pro							
		200			205		210	
15	ttt tct tgc cct cac tgc aac aga gca ttt gca gac agg tca aat ctg							848
	Phe Ser Cys Pro His Cys Asn Arg Ala Phe Ala Asp Arg Ser Asn Leu							
		215			220		225	
20	agg gct cat ctg cag acc cat tct gat gta aag aaa tac cag tgc aaa							896
	Arg Ala His Leu Gln Thr His Ser Asp Val Lys Lys Tyr Gln Cys Lys							
		230			235		240	
25	aac tgc tcc aaa acc ttc tcc aga atg tct ctc ctg cac aaa cat gag							944
	Asn Cys Ser Lys Thr Phe Ser Arg Met Ser Leu Leu His Lys His Glu							
		245			250		255	260
30	gaa tct ggc tgc tgt gta gca cac tga gtgacgcaat caatgtttac							991
	Glu Ser Gly Cys Cys Val Ala His							
		265						
35	tcgaacagaa tgcattttctt cactccgaag ccaaattgaca aataaagtcc aaaggcattt							1051
	tctcctgtgc tgaccaacca aataatatgt atagacacac acacatatgc acacacacac							1111
40	acacacaccc acagagagag agctgcaaga gcatggaatt catgtgttta aagataatcc							1171
	tttccatgtg aagtttataaa ttactatata tttgctgatg gctagattga gagaataaaa							1231
45	gacagtaacc tttctcttca aagataaaat gaaaagcaca ttgcatcttt tcttcctaaa							1291
	aaaatgcaaa gattttacatt gctgccaaat catttcaact gaaaagaaca gtattgcttt							1351
50	gtaatagagt ctgtaatagg atttcccata ggaagagatc tgccagacgc gaactcaggt							1411
	gccttaaaaa gtattccaag ttactccat tacatgtcgg ttgtctgggt gccattgttg							1471
55	aactaaagcc tttttttgat tacctgtagt gctttaaagt atatttttaa aagggaggaa							1531
	aaaaataaca agaacaaaac acaggagaat gtattaaaag tattttttgtt ttgttttgtt							1591
60	tttgccaatt aacagtatgt gccttggggg aggagggaaa gattagcttt gaacattcct							1651
	ggcgcattgct ccattgtctt actattttta aacattttta taatttttga aaattaatta							1711
65	aagatgggaa taagtgcaaa agaggattct taaaaattca ttaatgtact taaactattt							1771
	caaatgcata ccacaaatgc aataatacaa tacccttcc aagtgccttt ttaaattgta							1831
	tagttgatga gtcaatgtaa atttgtgttt atttttatat gattgaatga gttctgtatg							1891
	aaactgagat gttgtctata gctatgtcta taaacaacct gaagacttgt gaaatcaatg							1951
	tttctttttt aaaaaacaat tttcaagttt tttttacaat aaacagtttt gattttaa							2011

ES 2 310 434 B1

ctcgttttgta tactatatttc agagacttta cttgcttcat gattagtacc aaaccactgt 2071

acaaagaatt gtttggttaac aagaaaaaaa 2101

5 <210> 8

<211> 268

<212> PRT

10 <213> *Homo sapiens*

<400> 8

15	Met	Pro	Arg	Ser	Phe	Leu	Val	Lys	Lys	His	Phe	Asn	Ala	Ser	Lys	Lys
	1				5					10					15	
	Pro	Asn	Tyr	Ser	Glu	Leu	Asp	Thr	His	Thr	Val	Ile	Ile	Ser	Pro	Tyr
				20					25					30		
20	Leu	Tyr	Glu	Ser	Tyr	Ser	Met	Pro	Val	Ile	Pro	Gln	Pro	Glu	Ile	Leu
			35					40					45			
	Ser	Ser	Gly	Ala	Tyr	Ser	Pro	Ile	Thr	Val	Trp	Thr	Thr	Ala	Ala	Pro
25		50					55					60				
	Phe	His	Ala	Gln	Leu	Pro	Asn	Gly	Leu	Ser	Pro	Leu	Ser	Gly	Tyr	Ser
	65				70					75						80
30	Ser	Ser	Leu	Gly	Arg	Val	Ser	Pro	Pro	Pro	Pro	Ser	Asp	Thr	Ser	Ser
					85					90					95	
	Lys	Asp	His	Ser	Gly	Ser	Glu	Ser	Pro	Ile	Ser	Asp	Glu	Glu	Glu	Arg
35				100					105					110		
	Leu	Gln	Ser	Lys	Leu	Ser	Asp	Pro	His	Ala	Ile	Glu	Ala	Glu	Lys	Phe
			115					120					125			
40	Gln	Cys	Asn	Leu	Cys	Asn	Lys	Thr	Tyr	Ser	Thr	Phe	Ser	Gly	Leu	Ala
		130					135						140			
	Lys	His	Lys	Gln	Leu	His	Cys	Asp	Ala	Gln	Ser	Arg	Lys	Ser	Phe	Ser
45		145				150					155					160
	Cys	Lys	Tyr	Cys	Asp	Lys	Glu	Tyr	Val	Ser	Leu	Gly	Ala	Leu	Lys	Met
					165				170						175	
50	His	Ile	Arg	Thr	His	Thr	Leu	Pro	Cys	Val	Cys	Lys	Ile	Cys	Gly	Lys
				180					185					190		
	Ala	Phe	Ser	Arg	Pro	Trp	Leu	Leu	Gln	Gly	His	Ile	Arg	Thr	His	Thr
55			195					200					205			
	Gly	Glu	Lys	Pro	Phe	Ser	Cys	Pro	His	Cys	Asn	Arg	Ala	Phe	Ala	Asp
		210					215					220				
60	Arg	Ser	Asn	Leu	Arg	Ala	His	Leu	Gln	Thr	His	Ser	Asp	Val	Lys	Lys
		225				230					235					240
	Tyr	Gln	Cys	Lys	Asn	Cys	Ser	Lys	Thr	Phe	Ser	Arg	Met	Ser	Leu	Leu
65					245					250					255	

ES 2 310 434 B1

His Lys His Glu Glu Ser Gly Cys Cys Val Ala His
260 265

5 <210> 9
 <211> 19
 <212> DNA
 <213> *Homo sapiens*
 10
 <400> 9

 gatgcacatc cgaagccac
 15 19

 <210> 10
 <211> 27
 20 <212> DNA
 <213> Artificial sequence

 <220>
 25 <223> Oligo A

 <400> 10

 30 ggtaccatct acacattcac tactaga 27

 <210> 11
 35 <211> 27
 <212> DNA
 <213> Artificial sequence

 40 <220>
 <223> Oligo B

 <400> 11
 45 acgcgttttc caaggacgga aaaagaa 27

 50

 55

 60

 65



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA

⑪ ES 2 310 434

⑫ Nº de solicitud: 200600119

⑬ Fecha de presentación de la solicitud: 19.01.2006

⑭ Fecha de prioridad:

INFORME SOBRE EL ESTADO DE LA TÉCNICA

⑮ Int. Cl.: Ver hoja adicional

DOCUMENTOS RELEVANTES

Categoría	⑯ Documentos citados	Reivindicaciones afectadas
X	WO 2005039635 A2 (NOVARTIS AG) 06.05.2005, SEQ ID NO:1, reivindicaciones 17-22; SEQ ID NO 2, reivindicación 1 & Base de datos EMBL [Online], "Secuencias 1 y 2; de la patente WO2005039635"; recuperado de EBI nº de acceso CS084086, ADZ8	7-10 774.
X	KALLURI R. et al. "Epithelial-mesenchymal transition and its implications for fibrosis". J Clin Invest. Dic. 2003; Vol. 112, Nº 12, páginas 1776-1784.	1-6
X	PEINADO H. et al. "Transforming growth factor beta-1 induces snail transcription factor in epithelial cell lines: mechanisms for epithelial mesenchymal transitions". J Biol Chem. Jun 2003; Vol. 278, Nº 23, páginas 21113-21123.	1-6
A	WO 2004065602 A1 (UNIVERSIDAD AUTONOMA DE MADRID) 05.08.2004, ejemplo 4; reivindicaciones 1,2,7,8.	1-10
A	LIU Y. et al. "Epithelial to mesenchymal transition in renal fibrogenesis: pathologic significance, molecular mechanism, and therapeutic intervention". J.Am. Soc. Nephrol. Enero 2004; Vol. 15, Nº 1, páginas 1-12.	1-10
A	ZEISBERG M. et al. "The role of epithelial-to-mesenchymal transition in renal fibrosis". JOURNAL OF MOLECULAR MEDICINE-JMM. Marzo 2004; Vol. 82, Nº 3, páginas 175-181.	1-10
A	CANO A. et al. "The transcription factor snail controls epithelial-mesenchymal transitions by repressing E-cadherin expression". Nat Cell Biol. 2000 Feb; 2(2):76-83.	1-10

Categoría de los documentos citados

X: de particular relevancia

Y: de particular relevancia combinado con otro/s de la misma categoría

A: refleja el estado de la técnica

O: referido a divulgación no escrita

P: publicado entre la fecha de prioridad y la de presentación de la solicitud

E: documento anterior, pero publicado después de la fecha de presentación de la solicitud

El presente informe ha sido realizado

☒ para todas las reivindicaciones

☐ para las reivindicaciones nº:

Fecha de realización del informe

10.12.2008

Examinador

J. Manso Tomico

Página

1/2

CLASIFICACIÓN DEL OBJETO DE LA SOLICITUD

C07K 14/45 (2006.01)

G01N 33/50 (2006.01)

C12Q 1/68 (2006.01)