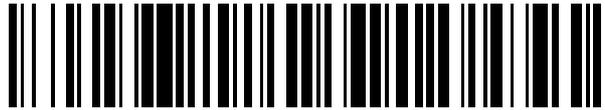


19



OFICINA ESPAÑOLA DE  
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 443 541**

51 Int. Cl.:

**G01N 33/574** (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **18.09.2008 E 08806315 (1)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **06.11.2013 EP 2176664**

54 Título: **CCR4 como marcador de cáncer**

30 Prioridad:

**18.09.2007 GB 0718167**

45 Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:

**19.02.2014**

73 Titular/es:

**CANCER RESEARCH TECHNOLOGY LIMITED  
(100.0%)**

**Angel Building 407 St John Street London  
London EC1V 4AD , GB**

72 Inventor/es:

**BALKWILL, FRANCES;  
SLETTENAAR, VIOLET;  
WILSON, JULIA;  
WANG, YAOHE y  
SCHIOPPA, TIZIANA**

74 Agente/Representante:

**DE ELZABURU MÁRQUEZ, Alberto**

**ES 2 443 541 T3**

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

## DESCRIPCIÓN

CCR4 como marcador de cáncer

**Campo de la invención**

5 La invención se refiere a la oncología y los métodos de diagnóstico del cáncer. El campo de la invención por lo tanto se refiere a marcadores de valor predictivo o clínico en el diagnóstico y el tratamiento del cáncer.

**Antecedentes de la invención**

10 Los receptores de quimiocinas y sus ligandos dirigen el tráfico de células en la homeostasis del tejido normal y en la enfermedad, influyendo en la motilidad, la invasividad y la supervivencia celular [1]. En la inflamación y en el cáncer, las quimiocinas en los tejidos enfermos contribuyen a la rodadura, la inmovilización y la invasión de leucocitos desde los vasos sanguíneos a través de la membrana basal de las células endoteliales y al parénquima [2].

CCR4 es uno de los 18 receptores de quimiocinas conocidos. Los receptores de quimiocinas se expresan generalmente en las células inmunes y en el microentorno del tumor están presentes varios receptores y sus ligandos en el producto infiltrado de células inmunes.

15 En muchos tipos de cáncer, las células malignas también expresan ciertos receptores de quimiocina, receptores que no se encuentran usualmente en sus contrapartes normales. Se cree que las células cancerosas metastásicas obtienen características de los leucocitos que expresan el receptor de quimiocinas, utilizando las quimiocinas para ayudar a su migración hacia, y a su supervivencia en, sitios distantes del tumor original [3, 4, 5]. La presencia inapropiada en las células cancerosas de receptores de quimiocina que normalmente tienen un patrón muy restringido de expresión también apoya la hipótesis de que los receptores de quimiocina específicas pueden ayudar a las células a propagarse hacia, y/o sobrevivir en, diferentes sitios de metástasis [8]. En los carcinomas, melanomas y tumores malignos hematológicos, la expresión de los receptores de quimiocina, especialmente CXCR4 y CCR7, en las células malignas en una enfermedad avanzada, se correlaciona con el aumento de metástasis en los ganglios linfáticos, una mayor diseminación de la enfermedad, una supervivencia sin enfermedad y/o supervivencia general más bajas [6, 7, 8]. CXCR5 normalmente se restringe a las células B y algunos subtipos de células T, pero que también es expresado por las células de cáncer de páncreas en las que está implicado en el establecimiento de las metástasis hepáticas; siendo el hígado el un sitio de producción del ligando de CXCR45, CXCL13 [9]. Las células de melanoma que se han metastatizado en el intestino expresan CCR9 [10]. En la homeostasis, el ligando de CCR9 CCL25 recluta subconjuntos de células T raras al intestino. En el cáncer de páncreas, se ha observado la expresión de CCR6 [38] [39]. También se ha informado sobre la expresión de CCR6 en el carcinoma renal humano, junto con CCR3 y CXCR2 [40].

Esto demuestra que unos pocos receptores de quimiocina son conocidos por estar regulados al alza en células epiteliales tumorales en la carcinogénesis de fase avanzada, incluyendo el CXCR4, y se piensa que desempeñan un papel en la invasión y la metástasis. En contraste, solamente se ha informado previamente de que CCR4 está regulado al alza en algunos cánceres de la sangre, concretamente en linfomas de células T.

35 Como se describió anteriormente, CXCR4 se encuentra comúnmente en células malignas en muchos cánceres humanos avanzados. Además, Woerner et al. encontraron que CXCR4 también estaba presente en las fases tempranas de la enfermedad en el glioblastoma [20]. Sin embargo, utilizando un anticuerpo anti-CXCR4 específico del grupo fosfo, encontraron que en las lesiones de Grado 1 menos malignas, el nivel de activación del receptor era mucho menor.

40 Aunque en general se ha informado de que la expresión del receptor de quimiocinas en células malignas se asocia con la enfermedad avanzada, también existen algunos otros informes en la técnica sobre la expresión de un receptor de quimiocinas en las células malignas en las fases tempranas y preinvasivas de cáncer, pero todos estos están relacionados con CXCR4. En un gran estudio de matrices de tejidos (más de 2000 muestras) de cáncer de mama, se informó de la expresión en citoplasma/membrana de CXCR4 en 67% de carcinomas ductales *in situ*, DCIS [21]. Esto fue confirmado en un estudio de Schmid et al. que demostró que tanto CXCR4 como su ligando CXCL12 era expresados en DCIS [22]. Los autores de la presente invención también han encontrado CXCR4 en las células epiteliales de los tumores de cáncer de ovario no invasivos de bajo potencial (Kulbe et al., Manuscrito en preparación) y esto también ha sido referido por Pils et al. [23].

50 No se encuentran disponibles datos sobre la expresión de otros receptores de quimiocinas en células epiteliales en cánceres tempranos, pero existe evidencia de que las rutas oncogénicas pueden inducir a expresión de receptores de quimiocinas en células epiteliales. El oncogén RET/PTC1 es necesario y suficiente para la transformación maligna de tirocitos primarios [24]. Este oncogén induce un programa pro-inflamatorio en los tirocitos que incluye la inducción de CXCR4 funcional. El rhabdomioma alveolar es un tumor muy agresivo que se caracteriza por fusiones de genes PAX3 y PAX7-FKHR recurrentes. La transferencia de PAX3-FKHR a células de rhabdomioma embrionario también activa la expresión de CXCR4 [Libura, 2002 Núm. 9346].

En todos estos estudios la conclusión es que la adquisición de ciertos receptores de quimiocinas por las células malignas parece ser un evento relativamente tardío en la progresión del tumor maligno, y en el caso de CCR4, no se ha informado sobre la expresión en ninguna fase de desarrollo del tumor sólido

5 La expresión de CCR4 se restringe generalmente al sistema inmune, y es conocido como un marcador de células Th2 y T reguladoras. En el entorno del tumor, estas células actúan suprimiendo las células T citotóxicas y la maduración de células dendríticas, suprimiendo por lo tanto las respuestas inmunitarias antitumorales. Además, se ha demostrado que CCR4 es expresado en tumores malignos hematológicos, incluyendo una alta proporción de linfomas de células T adultas (ATL), y fue un factor pronóstico significativo asociado con la metástasis en la piel [35], [41]. Como tal, CCR4 tiene de interés como diana terapéutica en ATL [37], [42]. La expresión de CCR4 por la leucemia de células T del adulto está asociada con metástasis en la piel; sus ligandos CCL17 y CCL22 son producidos tanto por las células malignas como por el microentorno de tumor de piel [36]. Ishida et al. han desarrollado un anticuerpo monoclonal terapéutico anti-CCR4 para el tratamiento de linfoma de células T del adulto que induce la actividad ADCC contra las células tumorales y también puede actuar sobre las células Treg malignas inmunosupresoras encontradas en esta enfermedad [37].

15 El único informe en la bibliografía académica sobre una línea celular de tumor sólido positiva para CCR4 es la línea celular de cáncer de pulmón humano SBC-5 [34]. Estas células migraban hacia gradientes de CCL22 y en xenoinjertos SBC-5 metastásicos en hueso hubo una estrecha localización simultánea de osteoclastos que expresaban CCL22 y células SBC-5 que expresaban CCR4. No hay informes sobre la expresión de CCR4 en células de tumores humanos primarios.

20 El documento WO 02/067771 (EOS BIOTECHNOLOGY INC) describe *un método para detectar una célula cancerosa en un paciente, comprendiendo el método poner en contacto una muestra biológica del paciente con un nucleótido que hibrida selectivamente con un polinucleótido del receptor de quimiocina (reivindicación 1)... (..) o con un anticuerpo anti-receptor de quimiocina (reivindicación 14)*". En realizaciones preferidas se menciona CCR4 como receptor de quimiocina. Las células de cáncer de ovario, las células de cáncer de cabeza y cuello, las células de cáncer renal, las células de cáncer de estómago, las células de cáncer uterino, glioblastoma o células de cáncer colorrectal son especificadas como células cancerosas. Las alegaciones se basan solamente en la *identificación del aumento de expresión* de CCR4 en dichos cánceres (pág. 3, líneas 29 - 33; Tabla 1). No existe especificación sobre si el aumento de expresión de CCR4 tiene que ver con células no inmunitarias. No existe descripción sobre el uso de CCR4 expresado por células de tumores epiteliales en muestras de tumores sólidos o en un tumor celular no hematológico como diana de diagnóstico.

35 El documento WO 05106471(BAYER HEALTH CARE AG) describe métodos de escrutinio para agentes de uso potencial en el tratamiento de una amplia gama de enfermedades; que consisten específicamente en trastornos cardiovasculares, enfermedades gastrointestinales y del hígado, enfermedades inflamatorias, enfermedades metabólicas, trastornos hematológicos, trastornos por cáncer, trastornos neurológicos, enfermedades respiratorias y trastornos de la reproducción en un mamífero. El método de escrutinio determina el grado de unión, o por lo demás de agentes candidato, a CCR4. También existe una descripción del escrutinio de una amplia gama de células y tejidos humanos para determinar su nivel de expresión de CCR4 con respecto a la expresión de un gen constitutivo. Las células y los tejidos se obtuvieron de fuentes dispares y solo unos pocos aislados fueron células/tejidos cancerosos; p. ej., células de cáncer de tiroides, íleon, HeLa, Jurkat, pulmón y mama. Los resultados de la expresión relativa de CCR4 no muestran ningún patrón distinguible asociado con ninguna enfermedad en particular. De hecho, entre las células tumorales sometidas a ensayo, p. ej., tiroides e íleon, hubo bajos niveles de expresión relativa de CCR4 y otras células no tumorales mostraron mayores niveles de expresión relativa de CCR4.

45 El documento WO 962306 (GLAXO GROUP LIMITED) describe un receptor de quimiocina capaz de unirse a la Proteína Quimiotáctica de Monocitos 1 (MCP-1/CCL2), proteína inflamatoria de macrófagos 1 $\alpha$  (MIP1 $\alpha$ /CCL3) y/o 'RANTES' (Regulador de la Activación de Células t Normalmente Secretadas y Expresadas/CCL5). Se describen una secuencia de nucleótidos y una de aminoácidos para CCR4 (CC-CKR-4/K5.5. K5.5 y CC-CKR-4 son nombres alternativos para CCR4). La expresión de CCR4 se descubrió en un intervalo relativamente limitado de tejidos humanos normales y en una gama de muestras de células T. También existe una descripción general de análisis de escrutinio para agentes capaces de activar los linfocitos T o bloquear la unión de ligandos MCP-1, MIP-1 $\alpha$  y/o RANTES al receptor de quimiocinas. Hay alguna sugerencia de que los agentes activos obtenidos a través de escrutinio pueden ser útiles en el tratamiento de alergias, por ejemplo.

55 El documento WO 0041724A1 (LELAN STANFORD/LEUKOSITE) propone la modulación del tráfico de células T de la memoria sistémica por medio de la administración de agentes moduladores de CCR4. Esto está pensado como un tratamiento para enfermedades inflamatorias de la piel. Se utilizan sustancias capaces de modular la unión de CCR4 a sus ligandos en ensayos *in vitro* para demostrar cómo se ve afectada la migración de las células T.

Se conocen anticuerpos reactivos contra CCR4. El documento W00164754 (Kyowa Hakko Kogyo) describe un anticuerpo recombinante o un fragmento del mismo supuestamente reactivos específicamente con el dominio extracelular de CCR4. También se describe una secuencia de polipéptido de tal anticuerpo. También se describe un anticuerpo que reacciona con una célula positiva para CCR4 y que es citotóxico o provoca la citotoxicidad mediada

por células dependiente de anticuerpos (ADCC). Estos anticuerpos se proponen para su uso en el tratamiento de enfermedades inmunitarias mediadas por Th2 o cáncer de la sangre, específicamente leucemia.

5 El documento WO 05035582 (Kyowa Hakko Kogyo) describe un anticuerpo capaz de unirse específicamente a CCR4 y también describe un anticuerpo para CCR4 que tiene una glicosilación unida a N compleja en la región Fc. También se describen anticuerpos para los dominios extracelulares de CCR4.

El documento WO 03018635 (Kyowa Hakko Kogyo) Describe 'anticuerpos y fragmentos injertados con CDR humanas'. Se describe una CDR (región determinante de complementariedad) específica que se une específicamente a CCR4. Se proponen los anticuerpos para su uso en el diagnóstico o el tratamiento de enfermedades inmunitarias mediadas por Th2 o cánceres, tales como cánceres de la sangre.

10 El documento WO 05053741(Kyowa Hakko Kogyo) describe un medicamento que comprende un anticuerpo recombinante, que se une específicamente a CCR4, combinado con al menos otro agente. Se propone el anticuerpo para el tratamiento de tumores, específicamente tumores de órganos hematopoyéticos.

15 El documento WO 0042074 (MILLENIUM PHARMACEUTICALS) describe anticuerpos para CCR4 y anticuerpos que pueden competir con su unión. No se describen aplicaciones de diagnóstico específicas. Se propone la terapia de trastornos inflamatorios.

También se conoce en la técnica una variedad de moléculas pequeñas que se unen al receptor CCR4.

El documento WO 04007472 (ONO PHARMACEUTICAL CO.) describe un compuesto tricíclico de molécula pequeña con actividad anti-CCR4.

20 El documento WO 05023771 (ONO PHARMACEUTICAL CO.) describe compuestos heterocíclicos que contienen nitrógeno de molécula pequeña con actividad anti-CCR4.

El documento WO 02094264 (TULARIK INC.) describe compuestos específicos con actividades inhibitoras de CCR4.

El documento WO 023035 (TULARIK/ChemoCentryx) describe diversos compuestos que se unen a CCR4 y sus usos para el tratamiento de diversas enfermedades, pero que no incluyen el cáncer.

25 El documento WO 0230357 (CHEMOCENTRYX) describe compuestos que son antagonistas de CCR4. Esta solicitud describe usos para el tratamiento de enfermedades y afecciones inflamatorias.

El documento WO 051236976 (ASTELLAS PHARMA INC.) describe derivados de quinazolina como reguladores de CCR4.

30 El documento WO 05085212 (YAMANOUCHI PHARMACEUTICAL CO., LTD.) describe derivados de pirimidina como moduladores de CCR4.

El documento WO 05082865 (YAMANOUCHI PHARMACEUTICAL CO., LTD.) describe derivados de pirimidina bicíclicos fusionados como agentes controladores de la función de CCR4.

El documento WO 04108717 (ASTRAZENECA AB) describe compuestos de sulfonamida que modulan la actividad de los receptores de quimiocinas (especialmente CCR4).

35 El documento EP 1633729 (ASTRAZENECA AB) describe compuestos de sulfonamida que modulan la actividad de los receptores de quimiocinas (especialmente CCR4).

El documento WO 03014153 (TOPIGEN PHARMACEUTIQUE INC) describe otra tecnología en la técnica, un método de modulación de la infección viral de una célula mediante la modulación de la interacción entre los receptores de quimiocinas (incluidos CCR4) y un virus.

40 El documento WO 2004/045526 (Morehouse School of Medicine) describe anticuerpos para quimiocinas y receptores de quimiocinas concretos y su uso en la inhibición del crecimiento y la metástasis de las células cancerosas. Los anticuerpos se originaron contra receptores de quimiocinas concretos y sus ligandos, que no incluyen CCR4. También se describen los métodos para someter a ensayo la expresión en exceso de quimiocinas concretas en un tumor y la sugerencia de que tales tumores pueden ser tratados por medio de la administración de anticuerpos contra la quimiocina o receptor de quimiocinas expresados en exceso concretos.

45 El documento WO 99/15666 (Icos Corporation) describe secuencias de nucleótidos y secuencias de polipéptidos de una quimiocina CC derivada de macrófagos denominada 'Quimiocina Derivada de Macrófagos' (MDC). MDC aparece como sinónimo de CCL22. TARC aparece como sinónimo de CCL17. Se describen métodos para la producción recombinante o sintética de la proteína MDC o fragmentos de polipéptidos. También se describen anticuerpos reactivos con MDC, así como los análisis para la identificación de moduladores de la actividad de las quimiocinas MDC y TARC.

El cáncer de cuello de útero es el segundo tipo más común de cáncer en mujeres en todo el mundo. Los síntomas a menudo están ausentes hasta que el cáncer está en una fase avanzada y por lo tanto el cáncer de cuello de útero, ha sido objeto de un intenso programa de escrutinio poblacional utilizando un frotis de Pap, que puede detectar cambios pre-malignos mediante histopatología. Aunque un frotis de Pao anómalo indica una posible neoplasia cervical, éste no es suficiente para el diagnóstico, se lleva a cabo con posterioridad por medio de biopsia y procedimientos invasivos adicionales ('colposcopia'). En total, se ha informado de 24.000 mujeres en el Reino Unido cada año con frotis de Pap anómalos. El frotis de Pap tiene solo 70% de sensibilidad, por lo tanto, una proporción significativa de las mujeres con cáncer de cuello de útero o lesiones pre-invasivas permanece sin diagnosticar. Por lo tanto, se requieren métodos de escrutinio más precisos para i) permitir que el escrutinio sea más automatizado y menos subjetivo ii) para mejorar la sensibilidad del escrutinio.

Ishida T. et al. (2006) *Cancer Science* 97(11): 1139-1146 (Referencia 36) describen el uso de CCR4 como diana terapéutica para el tratamiento de la leucemia/linfoma de células T del adulto.

Cabioglu N. et al. (2005) *Clinical and experimental metastasis* 22(1): 39-46 describen un estudio que correlaciona la expresión de biomarcadores en pacientes con cáncer de mama para observar si podrían predecir la metástasis en médula ósea. Los autores midieron en receptor de quimiocina CXCR4 y HER2-neu y EGFR en células tumorales primarias y células positivas para citoqueratina (CK) en médula ósea. Se sugiere CXCR4 como marcador potencial para pronosticar células positivas para CK en médula ósea.

La Infección por el VPH (Virus del Papiloma Humano) se encuentra en la mayor parte de los carcinomas de cuello de útero invasivos, una estrategia consiste en el escrutinio para determinar de la presencia de marcadores de VPH, tales como E6 y E7 en concierto con el frotis de Pap. Sin embargo, debido al alto nivel de infección por VPH en la población sexualmente activa (hasta 80% de historias de infección), esto también da como resultado la identificación de un gran número de falsos positivos y hace que la exactitud de la prueba dependa de la prevalencia del VPH. Como tal, la identificación de nuevos biomarcadores para el cáncer de cuello de útero sigue siendo un área de interés activo.

Además se requieren biomarcadores nuevos o alternativos para otras formas de cáncer, incluyendo, pero no limitados a, los siguientes tipos de cáncer: bronquial, nasofaríngeo, de laringe, de pulmón de células pequeñas y de células no pequeñas, de piel (p. ej., melanoma o carcinoma de células basales), de cerebro, pancreático, de cuello, de pulmón, de riñón, de hígado, de mama, de colon, de vejiga, de esófago, de estómago, cervical, de ovario, de células germinales y de próstata. Un biomarcador característico de un tipo de cáncer puede ser compartido con otros tipos de cáncer, por lo tanto el uso de un biomarcador puede extenderse más allá del tipo de cáncer original al que se encontró que estaba asociado.

Existe una necesidad de biomarcadores mejorados para una variedad de cánceres que permiten para la estratificación de pacientes que necesitan tratamiento anti-canceroso.

La fase de un cáncer es un descriptor (por lo general los números I a IV), de cuánto se ha diseminado el cáncer. La fase a menudo tiene en cuenta el tamaño de un tumor, cuán profundamente ha penetrado, si ha invadido órganos adyacentes, si ha habido metástasis en los ganglios linfáticos y en cuántos, y si se ha propagado a órganos distantes. La estadificación del cáncer es importante porque la fase de diagnóstico es el predictor de supervivencia más potente, y los tratamientos a menudo se cambian basándose en la fase.

La estadificación correcta es crítica ya que el tratamiento está directamente relacionado con la fase de la enfermedad. De este modo, una estadificación incorrecta podría conducir a un tratamiento inadecuado, y a una disminución material de la supervivencia del paciente. La estadificación correcta, sin embargo, puede ser difícil de lograr. La estadificación patológica, en la que un patólogo examina secciones de tejido, puede ser particularmente problemática por dos razones específicas: la discreción visual y muestreo aleatorio de los tejidos. "Discreción Visual" significa ser capaz de identificar las células cancerosas individuales entremezcladas con células sanas en una diapositiva. La supervisión de una célula puede significar una estadificación errónea y conducir a una propagación inesperada, grave del cáncer. "Muestreo aleatorio" se refiere al hecho de que las muestras se eligen al azar entre los ganglios linfáticos de los pacientes y se examinan. Si sucede que las células cancerosas presentes en el ganglio linfático no están presentes en las secciones de tejido visualizadas, se puede producir una estadificación incorrecta y un tratamiento inadecuado.

Existe una necesidad continua de nuevos tratamientos contra el cáncer, impliquen éstos la mejora de las formas de administración de los agentes anticancerosos, o impliquen éstos la identificación, el análisis ensayo y la verificación de nuevos agentes anticancerígenos eficaces. También existe una necesidad continua de métodos mejorados para la vigilancia de la eficacia de los agentes anticancerosos existentes y cualquiera nuevo en el curso de un régimen de tratamiento dado. Se necesitan métodos mejorados de generación de datos de valor predictivo. La dosificación y frecuencia de tratamientos con agentes anticancerosos es un factor importante. Además, el momento del inicio de un tratamiento anticanceroso con respecto a la fase de progresión de un cáncer, o respecto a un grupo de pacientes, son factores importantes. Se requieren métodos mejorados de control con el fin de buscar tratamientos óptimos para los pacientes, ya sea como individuos o clasificados en grupos, en virtud de las características genéticas, fenotípicas y otras.

Un ejemplo de la función de pronóstico de un biomarcador en la elección del tratamiento para un paciente es el uso del fármaco anticanceroso Herceptin (Trastumuzab). El gen HER2/neu es un proto-oncogen localizado en el brazo largo del cromosoma humano 17 (17q11.2-q12) y la amplificación de HER2/neu se produce en 25-30% de los cánceres de mama en fase temprana. En el cáncer, las señales que promueven el crecimiento de HER2/neu son transmitidas de forma constitutiva, promoviendo la invasión, la supervivencia y la angiogénesis de las células. Además la expresión en exceso también puede conferir resistencia terapéutica a terapias contra el cáncer. Herceptin (Trastumuzab) es un anticuerpo monoclonal humanizado que se une al segmento extracelular del receptor HER2/neu, (también conocido como ErbB-2) y solo es eficaz en el tratamiento de cáncer de mama, en el que se expresa en exceso el receptor HER2/neu. Debido a su papel pronóstico, así como su capacidad para predecir la respuesta de un paciente a Herceptin, los tumores de mama se comprueban rutinariamente para determinar la expresión en exceso de HER2/neu por medio de una variedad de técnicas que incluyen inmunohistoquímica (IHC), hibridación in situ cromogénica y fluorescente (CISH y FISH, respectivamente) .

También existe la necesidad de métodos más precisos y fiables de diagnóstico/estadificación de los cánceres.

### **Compendio de la invención**

Los autores de la presente invención han descubierto sorprendentemente que en ciertos tumores sólidos, la expresión del receptor de quimiocina CCR4 es un evento temprano en la carcinogénesis. Además los autores de la presente invención han descubierto que la expresión de dos ligandos de CCR4, CCL17 y CCL22, aumenta durante la progresión del tumor.

La presente invención proporciona un método de obtención de información de carácter predictivo o diagnóstico para un paciente de cáncer, que comprende la etapa de medir la cantidad y/o la actividad del receptor de quimiocina CCR4 expresado por las células tumorales epiteliales en una muestra de tumor sólido o en una muestra de tumor celular no hematológico tomada del paciente, proporcionando la cantidad y/o la actividad de CCR4 la información de carácter predictivo o diagnóstico.

Los tumores hematológicos derivan de células sanguíneas, incluyendo las células inmunitarias e incluyen leucemias y linfomas de varios tipos. La invención, no está relacionada por tanto con los tumores hematológicos.

En los tumores sólidos o no hematológicos con los que tiene que ver la invención, CCR4 es expresado por las células del tumor. Los métodos de la invención tienen que ver por tanto con CCR4 expresado por muestras de las células tumorales del paciente (o células de referencia) y sustancialmente no por células del sistema inmunitario. En la medida en la que CCR4 se origina en cualquiera de las muestras tumorales de patentes a partir de una fuente no deseada, tal como células inmunitarias infiltrantes, la cantidad y/o actividad de CCR4 que se está midiendo de acuerdo con la invención es o bien no significativa o bien está controlada para cualquiera de las mediciones que se está realizando.

En realizaciones preferidas, la cantidad y/o nivel de actividad de referencia de CCR4 se pueden medir en una o más muestras no tumorales. Se puede tomar del paciente la, o al menos una, muestra no tumoral. Cuando se determinan una cantidad y/o nivel de actividad de referencia de CCR4 a partir de células no tumorales del paciente, se puede tomar del paciente una sola muestra de tejido no tumoral. Si se desea, se pueden tomar múltiples muestras no tumorales de diferentes localizaciones del mismo paciente. La cantidad de referencia, puede ser por lo tanto una cifra media determinada a partir de varias muestras tomadas del paciente.

En otras realizaciones, las una o más muestras no tumorales no se toman opcionalmente del paciente. Tales muestras se pueden tomar de otros pacientes y pueden incluir líneas de células tumorales cultivadas.

La información se puede utilizar para pronosticar si el tumor sólido o el tumor celular no hematológico del paciente serán susceptibles a un tratamiento anticanceroso. Este aspecto de la invención permite ventajosamente la estratificación de los pacientes de cáncer. Esto permite identificar un tratamiento o régimen contra el cáncer óptimos para un paciente individual dado.

En realizaciones preferidas, el paciente recibirá un tratamiento anticanceroso y las mediciones de la cantidad y/o la actividad de CCR4 en la muestra de tumor sólido o la muestra de tumor no hematológico del paciente se pueden realizar antes y después del inicio del tratamiento, y la información obtenida se utiliza a continuación para determinar si el tumor sólido o el tumor celular no hematológico del paciente ha respondido al tratamiento contra el cáncer. Este aspecto de la invención permite ventajosamente el seguimiento de los pacientes de cáncer para determinar cómo está progresando su tratamiento individual. Los ajustes del régimen de tratamiento se pueden realizar a la luz del progreso que está teniendo lugar.

La información se puede utilizar en el diagnóstico de un tumor sólido o de un tumor celular no hematológico .

La información se puede utilizar para determinar la fase de un tumor sólido o un tumor celular no hematológico .

En todos los aspectos de la invención, un tratamiento anticanceroso concreto puede comprender un agente que modula o inhibe la expresión o actividad de CCR4.

La invención también proporciona el uso de un anticuerpo reactivo contra el receptor de quimiocinas CCR4 para detectar la presencia o medir la cantidad de CCR4 expresado por un tumor sólido o un tumor no hematológico en un paciente de cáncer, la presencia o cantidad de CCR4 expresados por el tumor y cuando se detecta o se mide, proporcionar la información de carácter de diagnóstico.

5 La invención proporciona adicionalmente el uso de un cebador o sonda oligonucleotídicos capaces de hibridar en condiciones rigurosas con un ácido nucleico del SEQ ID NO: 1 para detectar o medir la cantidad de expresión de CCR4 por las células de un tumor sólido o un tumor no hematológico, proporcionando la presencia o cantidad de CCR4 expresado por el tumor detectado o medido la información de carácter de diagnóstico.

10 Los usos antes mencionados a los que se puede aplicar la información se han definido aquí anteriormente en relación con los aspectos del método de la invención.

15 El ácido nucleico del SEQ ID NO: 1 no se limita a la secuencia específica, sino que incluye variantes que todavía codifican la proteína CCR4 biológicamente activa. Tales variantes pueden incluir secuencias de nucleótidos que tienen al menos 99% de identidad con el SEQ ID NO: 1. Otras variantes pueden tener una identidad de al menos 95%, opcionalmente al menos 90%. El intervalo de identidades desde una identidad de al menos 65% a al menos 99% con el SEQ ID NO: 1 se describe en la presente memoria.

20 Una variedad de condiciones de hibridación rigurosas será familiar para el lector experto en el campo. La hibridación de una molécula de ácido nucleico se produce cuando dos moléculas de ácido nucleico complementarias experimentan una cantidad de enlaces de hidrógeno entre sí. El rigor de la hibridación puede variar de acuerdo con las condiciones ambientales que rodean a los ácidos nucleicos, la naturaleza del método de hibridación, y la composición y longitud de las moléculas de ácido nucleico utilizadas. Los cálculos relativos a las condiciones de hibridación requeridas para lograr grados determinados de rigor se comentan en Sambrook et al., Molecular Cloning: A Laboratory Manual (Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, Nueva York, 2001); y Tijssen, Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology - Hybridization with Nucleic Acid Probes Parte I, Capítulo 2 (Elsevier, Nueva York, 1993). La  $T_m$  es la temperatura a la que 50% de una cadena dada de una molécula de ácido nucleico hibrida con su cadena complementaria. Los siguiente es un conjunto ilustrativo de condiciones de hibridación y no es limitante:

Rigor muy elevado (permite que secuencias que comparten una identidad de al menos el 90% hibriden)

Hibridación: 5x SSC a 65°C durante 16 horas

Lavar dos veces: 2x SSC a temperatura ambiente (TA) durante 15 minutos cada una

30 Lavar dos veces: 0,5 x SSC a 65°C durante 20 minutos cada una

Rigor elevado (permite que las secuencias que comparten una identidad de al menos 80% hibriden)

Hibridación: 5x-6x SSC a 65°C-70°C durante 16-20 horas

Lavar dos veces: 2x SSC a TA durante 5-20 minutos cada una

Lavar dos veces: 1x SSC a 55°C-70°C durante 30 minutos cada una

35 Rigor bajo (permite que las secuencias que comparten una identidad de al menos el 50% hibriden)

Hibridación: 6x SSC a TA a 55°C durante 16-20 horas

Lavar al menos dos veces: 2x-3x SSC a TA a 55°C durante 20-30 minutos cada una.

40 También se describe en la presente memoria un método de tratamiento de un paciente de cáncer que tiene un tumor sólido o un tumor no hematológico que expresa CCR4, que comprende administrar una cantidad eficaz de un agente que modula o inhibe la expresión o actividad de CCR4.

45 El agente se puede administrar en forma de una formulación farmacéutica. Las formulaciones adecuadas incluyen soluciones suspensiones, y emulsiones estériles, acuosas o no acuosas. Las composiciones pueden comprender además agentes coadyuvantes o excipientes, como se conoce en la técnica, véanse, p. ej., Berkow et al., The Merck Manual, 16ª edición Merck & Co., Rahman, NJ (1992), Avery's Drug\_Treatment: Principles y Practice of Clinical Pharmacology and Therapeutics, 3ª edición, ADIS Press, Ltd., Williams y Wilkins, Baltimore, MD (1987) & Osol (ed.), Remington Pharmaceutical Sciences, Mack Publishing Co., Easton, PA 1324-1341 (1980). Las composiciones farmacéuticas se presentan preferiblemente en forma de dosis individuales (dosis unitarias).

50 Una composición o medicamento empleados en los métodos y usos descritos en la presente memoria pueden comprender adicionalmente sales, tampones, u otras sustancias que son deseables para mejorar la eficacia de la composición. La administración de la composición o el medicamento de acuerdo con la invención puede ser local o sistémica.

En todos los métodos y aspectos de uso anteriormente mencionados, el agente que modula o inhibe la expresión o actividad de CCR4 puede ser:

(i) un anticuerpo que se une a CCR4; opcionalmente un anticuerpo anti-CCR4 como se describe en cualquiera de los documentos WO 0041724, WO 0164754, WO 05035582, WO 03018635, WO 05053741, WO 0042074; o

5 (ii) un anticuerpo que se une a los ligandos de CCR4 CCL17 o CCL22; opcionalmente anticuerpos anti-CCL17 o anti-CCL22 como se describe en el documento WO 99/15666 o Ishida, T., et al (2004) Clin Cancer Res 10:7529-7539.

10 (iii) un antagonista de CCR4; opcionalmente un antagonista de CCR4 como se describe en cualquiera de los documentos WO 04007472, WO 05023771, WO 02094264, WO 0230358, WO 0230357, WO 051236976, WO 05085212, WO 05082865, WO 04108717, EP 1633729, WO 03014153.

Las composiciones y formulaciones adecuadas de agentes activos incluyen las descritas en las publicaciones anteriormente mencionadas.

15 La invención proporciona adicionalmente el uso de un kit para la obtención de la información de carácter predictivo o diagnóstico para un paciente de cáncer a partir de una muestra de tumor sólido o tumor no hematológico del paciente, en donde el kit comprende:

una sonda o cebador oligonucleotídico capaz de hibridar con el SEQ ID NO: 1 bajo condiciones rigurosas; y

20 indicaciones que dirigen al usuario del kit a aplicar el reactivo a una muestra de células tumorales epiteliales de un tumor sólido o un tumor no hematológico de un paciente con el fin de medir la cantidad y/o actividad de CCR4 en la muestra; y comprendiendo adicionalmente una muestra de referencia de una o más células no tumorales y las indicaciones son un conjunto de instrucciones y dirigen al usuario del kit a medir la cantidad y/o nivel de actividad de CCR4 tanto en la muestra del paciente como en la muestra de referencia. La muestra o muestras de referencia pueden comprender células tumorales cultivadas o extractos de células.

25 En otras realizaciones, las indicaciones pueden ser un conjunto de instrucciones e incluir valores de referencia para la cantidad y/o nivel de actividad de referencia de CCR4. Los valores de referencia se obtienen preferentemente mediante un trabajo previo llevado a cabo realizando mediciones de las cantidades y/o actividad de CCR4 en muestras no tumorales seleccionadas de individuos o pacientes, tengan o no tengan o hayan tenido una afección cancerosa. Tales mediciones anteriores pueden haber sido llevada a cabo sobre las líneas celulares no tumorales humanas cultivadas.

30 En todos los aspectos de invención, el tumor sólido o el tumor no hematológico puede ser un cáncer seleccionado entre cáncer de cuello del útero, esófago, riñón, cerebro, mama, ovario, próstata, estómago o páncreas. La invención puede tener una ventaja concreta en relación con los cánceres de cuello de útero, esófago, riñón, cerebro, mama y ovario.

35 Por consiguiente, la invención proporciona un método para determinar si un paciente con cáncer es adecuado para el tratamiento con un agente que modula la expresión de CCR4 y/o la actividad de CCR4, que comprende la determinación de la cantidad o la actividad de CCR4 en una muestra de células tumorales epiteliales del paciente como se ha descrito anteriormente.

La invención proporciona por lo tanto el uso de CCR4 como un biomarcador para la estratificación de pacientes con cáncer de acuerdo con su idoneidad para el tratamiento con agentes moduladores o inhibidores de CCR4, incluyendo los agentes descritos en la presente memoria.

40 La idoneidad de un paciente de cáncer para el tratamiento con un agente terapéutico concreto se rige por una multiplicidad de factores, algunos relacionados entre sí. La edad del paciente, el sexo, la fase del cáncer, el tipo de cáncer, la constitución genética del pacientes, los factores de estilo de vida, tales como la dieta o el hábito de fumar, pueden afectar todos al resultado potencial de un régimen de tratamiento dado. La estratificación se realiza por lo general con el fin de agrupar los pacientes basándose en una multiplicidad de parámetros seleccionados que pueda permitir realizar predicciones en términos de resultado clínico para un grupo de pacientes o un paciente individual que entre dentro de un grupo.

45 En general, un aumento del nivel o actividad de uno o más de CCR4 en una muestra de tumor del paciente es indicativo de un paciente para el cual resulta beneficioso el tratamiento con los agentes anti-cancerosos descritos en la presente memoria.

50 El método de la invención permite controlar la eficacia de un tratamiento anticanceroso en un paciente.

En los métodos antes mencionados, la toma de muestras de células tumorales puede tener lugar antes, durante y/o después de que se administre el agente anticanceroso.

- El método de la invención es adecuado para el diagnóstico de un tumor sólido en un individuo susceptible de tratamiento con agentes moduladores de CCR4, anticuerpos anti-CCR4 o antagonistas de CCR4. El aumento de los niveles de actividad y/o expresión de CCR4, ya sea en términos absolutos sobre una base normalizada con respecto a valores de referencia, ya sea sobre una base relativa (normalizada) entre (a) células tumorales/no tumorales o (b) células tumorales a lo largo del tiempo, generalmente es indicativo de un tumor susceptible de tratamiento con los agentes anti-CCR4 descritos en la presente memoria
- El método de la presente invención identificación o estadificar un cáncer en un individuo.
- Ventajosamente, los métodos de la invención proporcionan una forma más fiable y más exacta para identificar, o estadificar un cáncer en un individuo, o para estratificar individuos para la selección de tratamientos adecuados, concretamente en relación con tumores sólidos, más concretamente cánceres de cuello de útero y de esófago, pero también incluidos los cánceres seleccionados del grupo que consiste en cáncer bronquial, nasofaríngeo, laríngeo, pulmonar de células pequeñas y de células no pequeñas, de piel (p. ej., melanoma o carcinoma de células basales), de cerebro, de páncreas, de cuello, de pulmón, de riñón, de hígado, de mama, de colon, de vejiga, de esófago, de estómago, de cuello uterino, de ovario, de células germinales y de próstata.
- Las muestras obtenidas de pacientes son preferiblemente muestras de biopsia. Una biopsia es una prueba médica que implica la extracción de células o tejidos para su examen. El tejido generalmente se examina bajo el microscopio por un patólogo y/o puede ser analizado químicamente usando mecanismos bien conocidos en la técnica para evaluar los niveles de proteína o ARN. Cuando se extrae una muestra más pequeña de tejido, el procedimiento se denomina biopsia por incisión o biopsia con aguja gruesa. Cuando se extrae un bulto completo o una zona sospechosa, el procedimiento se llama biopsia por escisión. Cuando se extrae una muestra de tejido o líquido con una aguja, el procedimiento se llama biopsia por aspiración con aguja.
- En realizaciones alternativas se pueden obtener muestras de pacientes mediante otros métodos bien conocidos en la técnica, incluyendo, pero no limitados a, muestras de sangre, suero, orina, esputo, ascitis, fluidos intraperitoneales y muestras de células tomadas por un ensayo de 'frotis'.
- Las muestras de sangre se pueden extraer a través de la punción venosa, (p. ej., mediante un tubo o una jeringa de recogida a vacío), un catéter, una cánula, o por medio de un pinchazo en el dedo o pinchazo en el talón según sea apropiado para las necesidades del paciente y la cantidad de sangre necesaria. Una vez que se ha extraído una muestra de sangre ésta se puede tratar antes del análisis (p. ej., con citrato de sodio, EDTA, etanol o heparina) con el fin de conservar o con el fin de maximizar la exactitud y/o fiabilidad de la señal obtenida mediante el análisis de la muestra.
- Los métodos de procesamiento (por ejemplo, centrifugación y/o filtración) se pueden usar para separar una muestra de sangre en fracciones cada una de las cuales puede ser sometida a ensayo de forma independiente. Por ejemplo, se produce una muestra de suero sanguíneo al permitir que una muestra de sangre completa se coagule en contacto con el aire, donde la fracción coagulada se retira por centrifugación para dejar el suero como sobrenadante.
- Las muestras de orina se recogen preferiblemente mediante micción o la cateterización.
- Las muestras de esputo se pueden recoger del paciente mediante la tos y/o expectoración, o mediante la extracción de una muestra con un tubo de succión o una aguja que se insertan en las vías respiratorias. Preferiblemente muestras de esputo deben tener un mínimo contacto con la saliva para evitar la contaminación.
- Se puede utilizar una prueba de frotis (por ejemplo, una prueba de Papanicolaou, también denominada frotis de Pap o prueba de frotis cervical) para extraer muestras de células de un paciente. En el caso de una prueba de frotis cervical las células se recogen y se retiran de la superficie del tejido que está siendo sometido a ensayo por medio de contacto físico con una espátula de Aylesbury, una escobilla con ramificaciones de plástico u otro instrumento.
- Las células y/o el líquido recogidos en una muestra tomada de un paciente se pueden procesar inmediatamente o conservar en un medio de almacenamiento adecuado para su posterior procesamiento. Por ejemplo, en el caso de una prueba de frotis cervical las células a menudo se conservan en un medio de almacenamiento a base de etanol para su posterior procesamiento y análisis. La muestra se puede tratar con el fin de conservarla o para maximizar la exactitud y/o fiabilidad de la señal obtenida mediante el análisis de la muestra. Los métodos de procesamiento (p. ej., centrifugación y/o filtración) se pueden utilizar para separar una muestra en fracciones cada una de las cuales se puede someter a ensayo de forma independiente.
- En todos los métodos y usos de la invención se hayan definido o descrito aquí anteriormente o en lo sucesivo, los tipos de cáncer son aquellos que dan lugar a tumores sólidos. El cáncer es también preferiblemente uno seleccionado del grupo que consiste en cáncer bronquial, nasofaríngeo, de laringe, de pulmón de células pequeñas y de células no pequeñas, de piel (p. ej., melanoma o carcinoma de células basales), de cerebro, de páncreas, de cuello, de pulmón, de riñón, de hígado, de mama, de colon, de vejiga, de esófago, de estómago, de cuello de útero, de ovario, de células germinales y de próstata. Más preferiblemente, los cánceres son cánceres de cuello de útero, de esófago, de riñón, de cerebro, de mama y de ovario.

En otras realizaciones, el cáncer puede ser un carcinoma, preferiblemente un carcinoma de células escamosas (SCC) o un adenocarcinoma, preferiblemente seleccionado entre los cánceres del cuello de útero, de esófago, de riñón, de cerebro, de mama y de ovario.

5 En realizaciones preferidas, un mayor nivel de CCR4 producido por las células tumorales identifica un cáncer maligno o un cáncer potencialmente maligno.

Se puede determinar el nivel de CCR4 producido en células no tumorales y comparar el nivel en células tumorales y no tumorales.

10 El nivel de CCR4 en las células tumorales se puede comparar con niveles predeterminados. Los niveles predeterminados pueden derivar de tejido no canceroso normal, tejido canceroso de una fase anterior, de datos obtenidos de bases de datos o directamente de material o muestras biológicas disponibles.

Se pueden emplear varias maneras para determinar el nivel de CCR4 en los métodos de la invención. Preferiblemente, el nivel de proteína y/o actividad de CCR4 se pueden utilizar como una medida de los productos génicos de CCR4 en la muestra.

15 En una realización preferida adicional, el nivel de proteína de CCR4 se mide utilizando un anticuerpo reactivo contra CCR4, preferiblemente un anticuerpo específico, p. ej. un anticuerpo monoclonal.

La ubicación y la cantidad de las proteínas específicas se pueden detectar por medio de microscopía y técnicas histológicas. Utilizando mecanismos de preparación, tinción y sondeo de la muestra bien conocidos en la técnica, se puede mostrar la estructura de las células y se pueden detectar las proteínas específicas asociadas con ellas y su ubicación dentro de la muestra encontrada.

20 Las tinciones histoquímicas son bien conocidos en la técnica y se pueden utilizar para mostrar la morfología de la célula y/o componentes celulares más específicos. Las tinciones comúnmente utilizadas incluyen hematoxilina (que tiñe los ácidos nucleicos y el ergastoplasma, de color azul) y la eosina (que tiñe las fibras elásticas y reticulares, de color rosa).

25 La inmunohistoquímica es una técnica mediante la cual se utilizan anticuerpos para proteínas específicas para la detección de dichas proteínas en las muestras. La unión del anticuerpo al antígeno en la muestra se puede detectar de varias maneras.

30 El método más convencional consiste en conjugar una enzima que cataliza una reacción de cambio de color (p. ej., fosfatasa alcalina, peroxidasa de rábano picante) con el anticuerpo, de ese modo el uso de un sustrato cromogénico adecuado permite la visualización de la localización del antígeno bajo el microscopio óptico. Una variación sobre este método es la inmunofluorescencia por medio de la cual el anticuerpo se conjuga con un fluoróforo (p. ej., FITC, rodamina, Rojo Texas) que emite una señal detectable cuando es excitado por una fuente adecuada de energía. Normalmente ésta es luz de una longitud de onda específica. La inmunofluorescencia es ventajosa debido a que el uso de múltiples fluoróforos unidos a diferentes anticuerpos permite la detección de múltiples dianas dentro de una muestra y es particularmente adecuado para la microscopía de barrido láser confocal, que es altamente sensible y también se puede utilizar para visualizar las interacciones entre múltiples proteínas. A menudo, la detección del antígeno específico se lleva a cabo por medio de un método indirecto, de múltiples fases. Se utiliza un anticuerpo "primario" no marcado o no conjugado, originado contra el antígeno está siendo sometido a ensayo para unir dicho antígeno. Este anticuerpo "primario" puede ser detectado a continuación por un anticuerpo "secundario" conjugado con un marcador detectable y originado de manera que reaccionará con la inmunoglobulina de la especie que originó el anticuerpo "primario".

35 40 La medición de los niveles de proteína utilizando anticuerpos puede emplear técnicas tales como ELISA (análisis de inmunoabsorción ligado a enzimas), RIA (radioinmunoanálisis), EMIT (Técnica de Inmunoensayo Enzimático Múltiple), análisis de micromatrices de proteínas, citometría de flujo, transferencia Western, transferencia puntual o transferencia en ranura, preferentemente la metodología es cuantitativa.

45 La citometría de flujo es una técnica para contar, examinar, y clasificar partículas microscópicas suspendidas en una corriente de fluido. Permite el análisis multiparamétrico simultáneo de las características físicas y/o químicas de las células individuales que fluyen a través de un aparato de detección óptica y/o electrónico.

50 La clasificación celular activada por fluorescencia (FACS) es un tipo especializado de la citometría de flujo. Proporciona un método para la clasificación de una mezcla heterogénea de células biológicas en dos o más recipientes, una célula cada vez, basándose en las características de dispersión de luz y fluorescencia específicas de cada célula. Es un instrumento científico útil, ya que proporciona un registro rápido, objetivo y cuantitativo de las señales fluorescentes procedentes de células individuales, así como la separación física de las células de interés particular.

55 La población de células en una muestra es normalmente heterogénea. Con el fin de detectar las diferencias entre las células, éstas se tratan con técnicas químicas e inmunoquímicas similares a las de la histoquímica. La detección

- 5 inmunoquímica de antígenos se puede realizar utilizando anticuerpos marcados con fluoróforos tales como FITC, Cy5 y GFP. La tinción de las células con colorantes (como los colorantes de unión a ADN SYBR-Green y DAPI) se puede utilizar para detectar diferencias tales como el tamaño celular o fase del ciclo celular dentro de y entre las muestras. La utilización de estas técnicas combinadas permite asignar perfiles de fluorescencia específicos a diferentes células dentro de la heterogeneidad que se pueden distinguir mediante el citómetro de flujo. De esta manera se pueden detectar células que expresan antígenos concretos o asociados a perfiles de dispersión de luz concretos y medir su prevalencia dentro de la población de la muestra.
- Alternativamente, el nivel de CCR4 se puede determinar midiendo el nivel de ARNm que codifica CCR4 como una medida del nivel del producto génico de CCR4 en la muestra.
- 10 En realizaciones preferidas adicionales de la invención, el nivel de ARNm se mide por medio de un método de reacción en cadena de la polimerasa cuantitativo (qPCR), preferiblemente un método de qPCR donde el molde es el producto de una reacción con transcriptasa inversa (RT-qPCR).
- En realizaciones preferidas el ARNm se extrae de la muestra y se somete a transcripción inversa para producir ADNc antes de la qPCR.
- 15 En otras realizaciones preferidas, el nivel de transcripción de CCR4 se mide utilizando un análisis de protección de nucleasa, preferiblemente la sonda utilizada es específica para CCR4 .
- En otras realizaciones preferidas de la invención, el nivel de ARNm se mide utilizando una micromatriz de ADN.
- Una micromatriz de ADN (también conocida como gen o chip de genoma, chip de ADN, o la matriz génica) es una colección de puntos de ADN microscópicos, que representan comúnmente genes individuales, dispuestos sobre una superficie sólida mediante unión covalente a matrices químicamente adecuadas. Las mediciones cualitativas o cuantitativas con micromatrices de ADN utilizan la naturaleza selectiva de la hibridación ADN-ADN o ADN-ARN en condiciones muy rigurosas. La detección basada en fluoróforos se puede utilizar para determinar el grado de hibridación a partir del cual se puede calcular una medición cuantitativa.
- 20 En realizaciones preferidas, el cáncer es un cáncer maligno. Alternativamente, el cáncer puede ser un cáncer de premaligno. El método de la invención puede identificar de forma ventajosa la fase hasta la cual ha progresado el cáncer en un paciente, permitiendo de este modo la identificación del curso de tratamiento más apropiado. De acuerdo con el método de la invención antes descrito en la presente memoria, incluyendo todos los aspectos subsidiarios, la invención también proporciona el uso de un receptor CCR4 como marcador para la identificación y/o estadificación del cáncer. El receptor CCR4 se puede detectar por medio de un anticuerpo, preferiblemente un anticuerpo específico, p. ej., un anticuerpo monoclonal.
- 25 Las realizaciones de ciertos aspectos de la invención son, por ejemplo, los anticuerpos descritos en los documentos WO 0164754 (Kyowa Hakko Kogyo), WO 05035582 (Kyowa Hakko Kogyo), WO 03018635 (Kyowa Hakko Kogyo), WO 05053741 (Kyowa Hakko Kogyo) o WO 0042074 (Millenium Pharmaceuticals);
- 30 El anticuerpo puede ser un fragmento Fab en donde dicho fragmento Fab se puede seleccionar del grupo que consiste en: fragmentos scFv, F(ab')<sub>2</sub>, Fab, Fv y Fd, o regiones CDR3.
- El fragmento de unión a antígeno (fragmento Fab) es una región de un anticuerpo que se une a antígenos. Se compone de un dominio constante y uno variable de cada una de las cadenas pesada y ligera. Estos dominios conforman el paratopo - el sitio de unión al antígeno - en el extremo amino terminal del monómero. Los dos dominios variables se unen al epítipo en sus antígenos específicos.
- 40 Se pueden generar fragmentos Fc y Fab. Se puede utilizar la enzima papaína para escindir un monómero de inmunoglobulina en dos fragmentos Fab y un fragmento Fc. La enzima pepsina escinde por debajo de la región bisagra, de manera que se puede formar un fragmento F(ab')<sub>2</sub> y un fragmento Fc. Las regiones variables de las cadenas pesada y ligera se pueden fusionar entre sí para formar un fragmento variable de cadena sencilla (scFv), que tiene solo la mitad del tamaño del fragmento Fab aunque conserva la especificidad original de la inmunoglobulina parental.
- 45 Una región determinante de la complementariedad (CDR) es una secuencia corta de aminoácidos que se encuentra en los dominios variables de las proteínas receptoras de antígenos (p. ej., inmunoglobulina y receptor de células T), que complementa un antígeno y por lo tanto proporciona al receptor su especificidad para ese antígeno concreto. La mayor parte de la variación de secuencia asociada con las inmunoglobulinas y los receptores de células T se encuentra en las regiones CDR, estas regiones son referidas a veces dominios hipervariables. Entre éstos, CDR3 muestra la mayor variabilidad, ya que está codificada por una recombinación de las regiones VJ.
- 50 Los anticuerpos pueden ser anticuerpos humanizados o quiméricos.
- Los anticuerpos humanizados o los anticuerpos quiméricos son un tipo de anticuerpo monoclonal que se sintetizan utilizando la tecnología de ARN recombinante para eludir el problema clínico de la respuesta inmunitaria a los

antígenos foráneos. El procedimiento convencional de la producción de anticuerpos monoclonales produce anticuerpos de ratón. Aunque los anticuerpos murinos son muy similares a los anticuerpos humanos las diferencias son lo suficientemente significativas para que el sistema inmunitario humano reconozca los anticuerpos de ratón como foráneos, eliminándolos rápidamente de la circulación y ocasionando efectos inflamatorios sistémicos.

- 5 Los anticuerpos humanizados se pueden producir mediante la fusión del ADN que codifica la porción de unión de un anticuerpo monoclonal de ratón con el ADN productor de anticuerpo humano. A continuación se utilizan cultivos de células de mamíferos para expresar este ADN y producir estos anticuerpos con parte de ratón y parte humana que no son tan inmunogénico como la variedad puramente murina.

- 10 Se pueden realizar modificaciones en los anticuerpos monoclonales que se unen solamente a los antígenos específicos de la célula y preferiblemente inducen una respuesta inmunológica contra las células cancerosas diana. Tales anticuerpos monoclonales se modifican preferiblemente para la liberación de una toxina, radioisótopo, citocina u otro producto conjugado activo.

- 15 En otro aspecto de la tecnología de anticuerpos, se pueden diseñar anticuerpos biespecíficos que se pueden unir con sus regiones Fab tanto al antígeno diana como a un producto conjugado o célula efectora. Asimismo, todos los anticuerpos intactos se pueden unirse a los receptores celulares u otras proteínas con su región Fc.

- 20 La producción de anticuerpos monoclonales recombinantes también puede implicar tecnologías, referidas como clonación de repertorios o presentación en fagos/presentación en levadura. Éstas pueden implicar el uso de virus o levaduras para crear anticuerpos, en lugar de los ratones. Estas técnicas se basan en la rápida clonación de segmentos de genes de inmunoglobulina para crear bibliotecas de anticuerpos con secuencias de aminoácidos ligeramente diferentes a partir de las cuales se pueden seleccionar anticuerpos con las especificidades deseadas. Este proceso se puede utilizar para mejorar la especificidad con la cual los anticuerpos reconocen a los antígenos, alterar su estabilidad en diversas condiciones ambientales, aumentar su eficacia terapéutica, y modular su detectabilidad en aplicaciones de diagnóstico.

- 25 La invención se describirá ahora en detalle, incluyendo a modo de experimentación ejemplos y con referencia a los dibujos en los que:

### Breve descripción de los dibujos

Figura 1 - La expresión del ARNm de CCR4 se incrementa en biopsias de cuello de útero malignas en comparación con tejidos normales.

- 30 (A) Resumen del porcentaje de muestras que expresan ARNm del receptor de quimiocinas CC y CXCR4 en tejido de cuello de útero no neoplásico (barras de color blanco) y maligno (barras de color negro) después del análisis de protección de ribonucleasa (RPA) para la expresión de ARNm.

- 35 (B) RPA de muestras de tejido no neoplásico 1 a 14 y tejidos malignos: Biopsias de adenocarcinoma, muestras 1 a 4 y biopsias de carcinoma de células escamosas (SCC), muestras 1 a 11. Las fases de los tejidos de adenocarcinoma fueron: 1 a 3, 1B1; 4, 1B2. Las fases de SCC fueron: 1, 1A2; 2 a 8-11, 1B1; 9, 1B2 y 10, 2A.

- (C) Regulación al alza de la expresión del gen de CCR4 en compartimentos epiteliales y estromales cuando se comparan con sus contrapartes no neoplásicas. La expresión de ARNm en el tejido de cuello de útero no neoplásico se utilizó como un punto de partida para comparar el ARNm de tejido maligno y se representa como valor "1".

- 40 Figura 2 - Inmunohistoquímica para CCR4 durante la progresión maligno de cuello de útero.

- 45 Expresión de la proteína CCR4 en el estroma de (A) tejido de cuello de útero no neoplásico, 200x, (B) CIN 200x; (C) tejido de cuello de útero invasivo, 200x. Expresión de la proteína CD68+ en (D) normal, 400x; (E) CBSf, 200x; y (F) cáncer de cuello de útero invasivo, 400x. tinción de proteínas FoxP3+ en (G) del tejido de cuello de útero no neoplásico, 200x; (H) CIN, 400x; e (I) cáncer de cuello de útero invasivo, 400x. Expresión de proteína CCR4 epitelial en (J) no neoplásico, 200x; (K) CBSf, 400x y (L) cáncer de cuello de útero invasivo, 400x.

Figura 3 - Puntuación inmunohistoquímica para células positivas para CCR4, CD68 y FoxP3 durante la progresión maligna del cuello de útero

- 50 (A) Puntuación total para la tinción de células epiteliales (barras de color negro) y células del estroma (barras de color blanco) para CCR4, calculada por la "positividad" X "intensidad" en normal (n = 23), CIN (n = 63) y SCC (n = 45), cáncer recurrente (n = 15), metástasis de ganglios linfáticos (n = 10) y adenocarcinoma (n = 10). (B) Puntuación media de CD68+ (+ET) de la infiltración intra- y peritumoral de macrófagos en normal (n = 11), CIN (n = 16), adenocarcinomas (n = 16), cáncer recurrente (n = 24) y depósitos metastásicos en ganglios linfáticos (n = 11); \*\*p < 0,001, \*p < 0,005. (C) Puntuación media para FoxP3 + (+ET) de la infiltración intra- y peritumoral de células Treg en normal (n = 11), CIN (n = 16), SCC (n = 10); \*\*p < 0,001, \*p < 0,005.

= 44), adenocarcinomas (n = 16), cánceres recurrentes (n = 24) y depósitos metastásicos en ganglios linfáticos (n = 11), \*p < 0,01. (D) Puntuación total para CCR4 en células epiteliales (barras de color negro) y células del estroma (barras de color blanco) calculada por "positividad" X "intensidad" en CIN I (n = 26), CIN II (n = 19) y CIN III (n = 17).

5 Figura 4 - Expresión de ARNm y proteína del ligando de CCR4 CCL22 en cuello de útero normal, CIN y SCC

(A) Niveles de expresión de ARNm de CCL22 evaluados mediante RT-PCR cuantitativa en tiempo real en biopsias de cuello uterino normales (n = 14) y SCC (n = 11) (P = 0,43). Expresión de la proteína CCL22 en (B) tejidos normales no neoplásico, 200x; (C) CIN, 200x y (D) SCC, 200x. (E) Puntuación total de CCL22 de células epiteliales (barras de color negro) y células del estroma (barras de color blanco) calculada mediante "Positividad X Intensidad" en muestras del cuello de útero normal (n = 16), CIN (n = 17), SCC (n = 19) y adenocarcinomas (n = 5).

Figura 5 - Expresión ARNm y proteína del ligando de CCR4 CCL17 en cuello de útero normal, CIN y SCC

(A) Niveles de expresión de ARNm de CCL17 evaluados mediante RT-PCR cuantitativa en tiempo real en biopsias de cuello de útero normal (n = 7), en comparación con SCC (n = 11) (P = 0,02). Expresión de la proteína CCL17 en (B) no neoplásico, 200x; (C) CIN, 200x y (D) SCC, 200x.

(E) Puntuación total CCL17 de células epiteliales (barras de color negro) y células del estroma (barras de color blanco) calculada mediante "positividad X intensidad" en muestras del cuello de útero normal (n = 21), CIN (n = 33), SCC (n = 20) y adenocarcinomas (n = 4).

Figura 6 - CCR4 es funcional en la línea celular de cáncer de cuello de útero C-41

(A) Se midió la expresión de las proteínas CCR4, CCL17 y CCL22 (líneas de color azul) en la línea celular de cáncer de cuello de útero C-41 mediante el uso de citometría de flujo. Se examinó la expresión/internalización de CCR4 por C-41 después de la estimulación con 100 ng/ml de (B) CCL17 y (C) CCL22 (la línea de color azul representa el control de CCR4 a los 0 minutos; la línea de color naranja indica la expresión de la proteína CCR4 después de la estimulación con el ligando apropiado). (D) Migración de células de cáncer de cuello de útero C-41 en respuesta a CCL17 y CCL22. Los valores son la media  $\pm$  DT de 10 determinaciones, \* P < 0,05, \*\* P < 0,01. (E y F) crecimiento de C-41 en condiciones subóptimas después de la estimulación con 1 ng/ml, 10 ng/ml y 100 ng/ml de CCL17 y CCL22 durante 2, 4 y 6 días. Después de 6 días C-41 mostró un aumento significativo del crecimiento después de la estimulación con 10 ng/ml de CCL17; (P = 0,017) y 100 ng/ml de CCL17 (P = 0,044), pero no con 1 ng/ml de CCL17 (P = 0,383). La estimulación con 1 ng/ml de CCL22 y 100 ng/ml de CCL22 también mostró aumento significativo del crecimiento: 1 ng/ml de CCL22; (P = 0,026) y 100 ng/ml de CCL22 (p = 0,043), pero no con 10 ng/ml de CCL22 (P = 0,195).

Figura 7 - Expresión de CCR4 en carcinogénesis de esófago

Expresión de CCR4 en células epiteliales normales (A, x40, D, x40), hiperplásicas (B, x100), displásicas (C, x40, D, x40) de esófago y células cancerosas invasivas (H, x200). Expresión CCR4 en el estroma durante la carcinogénesis de esófago: E, esófago normal (x200); F, displasia I (x200); G, displasia III (x200); H, cáncer invasivo (x200).

Figura 8 - Resultados de la puntuación inmunohistoquímica de células del estroma positivas para CCR4 durante la progresión maligna del cuello de útero

La puntuación se evaluó mediante el número de células positivas para CCR4 y mediante la intensidad de la tinción de CCR4. El número de células se midió como la media de 15 HPF: 0 = sin expresión de proteína CCR4; +1 = 1-10 células positivas para CCR4 por HPF; +2 = 10-20 células positivas por HPF; +3 (21-30 células por HPF); +4 (>30 células). La intensidad se midió como: 0 = sin expresión; 1+ = expresión leve, 2++ = expresión moderada; 3+++ = expresión fuerte.

Figura 9 - Resultados de puntuación inmunohistoquímica de células epiteliales positivas para CCR4 durante la progresión maligna del cuello de útero

La puntuación se evaluó mediante el número de células positivas para CCR4 y mediante la intensidad de la tinción de CCR4. 0 = sin expresión de la proteína CCR4 en las células epiteliales; +1 = menos de 25% de la sección tiene expresión de CCR4; +2 = 26-50% de células positivas; +3 = 51-75% de células positivas; +4 más de 76% de células positivas para CCR4. La intensidad se mide como: 0 = sin expresión; 1+ = expresión leve, 2++ = expresión moderada; 3+++ = expresión fuerte.

Figura 10 - Resultados del escrutinio para determinar la expresión de CCR4 en una gama más amplia de tumores utilizando una biblioteca de ADNc derivada de tejidos humanos (Cancer Research UK). La biblioteca contiene ADNc generado a partir de ARN aislado de 5-10 muestras tumorales y 2-5 muestras normales de 11 tipos de tumores

diferentes: de pulmón, colon, vejiga, estómago, páncreas, piel, mama, cerebro, esófago, ovario y próstata. Los niveles de expresión de ARNm de CCR4 se midieron utilizando RT-PCR cuantitativa en tiempo real.

5 La Figura 11 muestra los resultados del análisis FACS para la expresión de CCR4 en líneas de células de cuello de útero (C41, C33A) y líneas celulares de cáncer renal (786, A498, CAKI). Línea discontinua: anticuerpo control de isotipo coincidente; línea de color gris: expresión de CCR4.

La Figura 12 muestra los resultados del análisis FACS de la expresión de CCR4 en células C41 después de 24 h de estimulación con IL-10, TGF- $\beta$  y FGF. Línea discontinua: control de isotipo; línea de color gris: expresión de CCR4; línea en negrita: expresión de CCR4 después de la estimulación de citocinas.

La Figura 13 muestra una secuencia de ADNc de CCR4. Éste es el SEQ ID NO: 1 referido en la presente memoria.

## 10 Descripción Detallada de la Invención

Los autores de la presente invención han descubierto que la expresión del receptor de quimiocinas CCR4 es un evento temprano en la carcinogénesis en ciertos tipos de tumores. La expresión epitelial de un receptor para las quimiocinas homeostáticas generalmente presentes en un tejido puede conferir una ventaja de supervivencia en la célula iniciada.

15 El receptor de quimiocinas CCR4 estuvo presente en las lesiones no invasivas displásicas del cuello de útero y el esófago. Esto fue particularmente sorprendente en algunas de las muestras de cáncer de esófago donde las zonas displásicas positivas para CCR4 se observaron claramente adyacentes a las zonas epiteliales normales en la misma sección (p. ej., Figura 7 C y D).

20 El receptor de quimiocina CCR4 aumentó con la progresión maligna del cuello de útero. Esto no solamente se debió al aumento de la infiltración de macrófagos positivos para CCR4 y las células Treg, sino también a la adquisición de la expresión de CCR4 por las células epiteliales. Un hallazgo inesperado fue que CCR4 se expresaba fuertemente en células epiteliales no invasivas en lesiones intraepiteliales (CIN) así como en células cancerosas invasivas. La progresión de CIN a enfermedad invasiva se asoció con un aumento de expresión en células del estroma de los ligandos de CCR4 CCL17 y 22 y estas quimiocinas estimularon el crecimiento y la migración de una línea celular de 25 cáncer de cuello de útero positiva para CCR4 (p. ej., Figura 4 y Figura 6). También se detectó CCR4 en células displásicas así como epiteliales invasivas en el cáncer de esófago, de nuevo con aumento de los niveles de CCL17 y CCL22 durante la progresión maligna. Los cambios en los gradientes de CCL17 y 22 ayudan a la transición de enfermedad pre-invasiva a invasiva y atraen leucocitos promotores de tumores que ayudan a las células iniciadas a evadir la vigilancia inmunitaria.

30 Las dos quimiocinas de unión a CCR4, CCL17 y CCL22, también se encontraron en la superficie de los vasos sanguíneos y linfáticos en las biopsias de tumores. No fue posible cuantificar esto, pero observaciones preliminares indican un aumento en la intensidad de la tinción con la progresión maligna.

Otro elemento del sistema de CCR4 es el receptor D6 de quimiocinas no señalizador que tiene una alta afinidad para 35 CCL17 y CCL22 [18]; se esperaría que su presencia en los tejidos influyera en los gradientes de estas quimiocinas [19].

40 La Figura 6 muestra que el receptor CCR4 es funcional en la línea celular de cáncer de cuello de útero C-41. CCR4 puede ser regulado al alza por el microambiente. Las células positivas y negativas para CCR4 se expusieron a varias citocinas (TNF- $\alpha$ , TGF- $\beta$ , IFN- $\gamma$ , IL-4 e IL-10) que se sabe que están presentes en el microambiente cervical y para las cuales era probable que estuvieran presentes los receptores en las células tumorales. Ninguna de estas influyó en la expresión de CCR4. Sin embargo, los niveles de ARNm de CCR4, pero no los niveles de proteína, fueron regulados al alza por medio del cultivo simultáneo de células C-41 con los macrófagos.

45 CCR4 y D6 se localizan en el cromosoma 3p cerca de donde se cree que se localizan los genes supresores de tumores de cáncer de cuello de útero críticos con aberraciones complejas (pérdida de heterocigosidad, homocigosidad y amplificación génica) referidas [25, 26, 27]. Aunque ni *CCR4* ni *D6* están implicados directamente en estos cambios [26], las alteraciones genéticas próximas pueden tener impacto en su regulación.

50 Las células B inmortalizadas con EBV secretan CCL22, así como CCL3 y CCL4 [28]. La expresión estable del oncogén de EBV LMP1 también indujo CCL17 y CCL22 en una línea de células B y la expresión de CCL17 y CCL22 inducida por LMP1 fue regulada por NF- $\kappa$ B. Se sugirió que la inducción de estas dos quimiocinas por EBV ayuda a las células malignas evadir la vigilancia inmunitaria mediante la atracción de las células Th2 y Treg. Otros cambios oncogénicos pueden inducir la producción de CCL17 y CCL22 por las células epiteliales.

55 Los autores de la presente invención llevaron a cabo la cuantificación detallada de dos componentes del producto infiltrado mononuclear en el cáncer de cuello de útero, específicamente macrófagos CD68 + y Treg FoxP3+. La densidad de células infiltrantes positivas para CCR4 aumenta en CIN en comparación con el cuello de útero normal y aumenta adicionalmente tanto en SCC como en adenocarcinomas. Los macrófagos CD68+ siguen el mismo patrón, y los autores de la presente memoria encontraron que estos eran positivos para CCR4. La intercomunicación entre

los macrófagos y las células malignas es fundamental en todas las fases de la progresión del cáncer, influyendo en la supervivencia de las células malignas, ayudando al interruptor angiogénico, polarizando leucocitos y ayudando a la invasión de células malignas [29,30,31]. En los cánceres de cuello de útero y de esófago, las quimiocinas CCL17 y CCL22 juegan un papel en el reclutamiento de macrófagos mientras que en otros tipos de cáncer, por ejemplo

5 cáncer de ovario, quimiocinas tales como CCL2 son críticas [32].

CCL17 y CCL22 también son importantes en el reclutamiento de Treg que aumentan de manera paralela a las células CD68+ en las biopsias de cuello de útero. El reclutamiento de las células Treg a las lesiones premalignas y malignas fomenta privilegio inmunitario. Por ejemplo, en el linfoma de Hodgkin, LH, las células malignas están rodeadas por un gran número de linfocitos CCR4+ FoxP3+ [33]. Estas células, reclutadas por las células LH

10 malignas, crean un ambiente favorable para que las células malignas escapen del sistema inmunitario del anfitrión. Los autores de la presente invención creen que éste es también el caso del cáncer de cuello de útero y de esófago. Por lo tanto no solamente los cambios en los gradientes de CCL17 y CCL22 fomentan directamente la supervivencia y diseminación de las células tumorales, sino que atraen a los leucocitos que también pueden proporcionar factores de supervivencia a las células del tumor y contribuir al privilegio inmunitario/inmunosupresión que impide respuestas

15 del anfitrión eficaces contra el tumor.

Estos datos demuestran que la presencia de CCR4 epitelial es a la vez un biomarcador altamente sensible y altamente específico para la neoplasia cervical tanto premaligna como maligna. El papel de la expresión de CCR4 en la progresión del cáncer de cuello de útero es, hasta ahora, no está claro aunque los datos de los autores de la presente invención sugieren que CCR4 puede ofrecer protección a las células contra los estímulos apoptóticos

20 dentro del entorno del tumor, además de ser necesario para la invasión por células tumorales de la membrana basal. Debido a su alta sensibilidad y selectividad, existe el potencial para que CCR4 sea utilizado como un biomarcador de diagnóstico para todas las etapas de cáncer de cuello de útero.

Posteriormente los autores de la presente invención también sometieron a ensayo la expresión de CCR4 en 31 muestras de tumores esofágicos, otro tipo de tumor que tiene un fuerte vinculación con la inflamación. Por medio de IHC encontraron que CCR4 no era detectable en cualquier tejido epitelial del esófago normal, pero estaba presente en las células epiteliales de todas las lesiones preinvasivas e invasivas. Debido a su alta sensibilidad y selectividad, existe el potencial para que CCR4 sea utilizado como un biomarcador de diagnóstico para todas las etapas de

25 cáncer de esófago.

En resumen, el receptor de quimiocina CCR4 y sus ligandos aumentan durante la progresión maligna de los cánceres de cuellos de útero, esófago, riñón, cerebro, ovario o mama. Los cambios en CCR4 y los gradientes de su ligando tienen varias implicaciones protumorales. En primer lugar la estimulación CCR4 aumenta el crecimiento y la supervivencia de las células de cáncer de iniciadas e invasivas; en segundo lugar, los cambios en los gradientes de quimiocinas ayudan a la invasión de la membrana basal y el movimiento subsiguiente de las células malignas en los vasos sanguíneos o el sistema linfático. Finalmente CCL17 y CCL22 atraen los tipos de células, incluyendo

30 macrófagos M2 y Treg FoxP3 que fomentan el crecimiento del tumor y permiten que las células iniciadas escapen a la vigilancia inmunitaria. CCR4 y sus ligandos pueden ser marcadores de diagnóstico y dianas terapéuticas útiles en las neoplasias epiteliales.

La invención se describe en parte a modo de trabajo experimental y ejemplos, en los que se emplearon los siguientes materiales y métodos:

#### 40 Ejemplos

##### *Muestras de tejido de cuello de útero y especímenes esofágicos*

Para los estudios del ARNm, se obtuvieron quince biopsias de tumores de pacientes con cáncer de cuello de útero (11 de carcinoma de células escamosas, S1-S11, y 4 adenocarcinomas, A1-A4) y 14 muestras de tejido de cuello de útero no neoplásico (N1-N14) durante la cirugía y se congelaron instantáneamente en nitrógeno líquido. El diagnóstico fue realizado por el departamento de patología de Barts y The London NHS Trust. Las muestras de

45 pacientes se dividieron de acuerdo con la clasificación de la FIGO (fase I, II, III, IV) y las biopsias de los tumores se clasificaron de acuerdo con el aumento del grado de atipia nuclear (1, 2, 3) o también, moderada o escasa diferenciación.

Para la inmunohistoquímica, se obtuvieron muestras incluidas en parafina (n = 166) de 150 pacientes diferentes de Barts y The London NHS Trust y el Centro Clínico de Serbia, Belgrado. El acceso a muestras humanas frescas e incluidas en parafina satisfizo los requisitos del East London and City Health Authority Research Ethics Subcommittee (LREC núm. T/02/046).

También se incluyeron en este trabajo especímenes resecados de treinta y un pacientes con carcinoma esofágico escamoso primario. Estos pacientes eran de una zona de alto riesgo de carcinoma esofágico en la ciudad de Anyang, provincia de Henan, China. Todos los pacientes recibieron tratamiento quirúrgico en el Departamento de Cirugía del Hospital Central de Anyang. Ninguno de estos pacientes había sido sometido a quimioterapia, radioterapia o terapia inmunomoduladora antes de la cirugía. Se tomaron muestras de zonas macroscópicamente

55

cancerosas y las zonas normales correspondientes del mismo paciente de cáncer. Los tejidos se fijaron en PBS que contenía 10% de formalina tamponada neutra.

#### *Extracción de ARN y Ensayo de protección contra ARNasa (RPA)*

5 Se homogeneizaron biopsias de tejido de cuello de útero utilizando un molino enfriado con nitrógeno líquido 6750 (Glen Creston Ltd., Stanmore) y se solubilizaron en el Tri Reagent™ (Sigma, Poole, Reino Unido). El ARN extraído se trató con 10 unidades de ADNasa (Pharmacia, St Albans, Reino Unido) siguiendo las instrucciones del fabricante. El RPA se realizó utilizando conjuntos de moldes hCR5 y hCR6 RiboQuant® (BD Pharmingen, Oxford, Reino Unido) y UTP[α<sup>32</sup>p] (Amersham International plc, Aylesbury, Reino Unido). Se hicieron correr fragmentos protegidos contra ARNasa en un gel de secuenciación de acrilamida-urea (BioRad Laboratories Ltd, Hemel Hempstead, Reino Unido), se adsorbieron sobre papel de filtro y se secaron a vacío. La autorradiografía se realizó utilizando película Kodak Biomax MS con una pantalla amplificadora Transcreen LE (Sigma).

#### *Microdissección y Matriz génica*

15 Se cortaron tejidos del cuello de útero incluidos en parafina en condiciones libres de ARNasa y se montaron en portas con membrana PALM® tratados con UV (PALM, Microlaser Technologies, Alemania). Estos se desparafinizaron a continuación en xileno y se rehidratan por medio de alcoholes graduados. Las muestras se tiñeron durante 1 min con una disolución de hematoxilina de Mayer, se deshidrataron y se secaron al aire antes de su procesamiento. Las secciones se microdisecaron con láser siguiendo el protocolo del fabricante. En resumen, las áreas de interés se microdisecaron con láser y se lanzaron a una tapa de microcentrífuga que contenía tampón de Proteína Quinasa (PK). Se lanzaron aproximadamente 500-5000 células en cada sesión. Las células microdisecadas por medio de láser se disolvieron en 100 µl de Tampón de PK mezclado con 5 µl de PK. A continuación, se extrajo el ARN total utilizando el kit de aislamiento de ARN en bloque de parafina (1902, Ambion, USA) de acuerdo con las instrucciones del fabricante. El ADNc se amplificó como se ha descrito anteriormente y se analizó utilizando tarjetas microfluídicas de matrices génicas diseñadas a medida (PE Applied Biosystems) de acuerdo con las instrucciones del fabricante.

25 El perfil de expresión génica de los genes individuales en siete muestras de tumor de cuello de útero se comparó con cinco muestras de cuello de útero normales. Los niveles de expresión génica en las muestras de células epiteliales o estromales normales se utilizaron como un valor inicial de "1" y se compararon con el valor medio de cualquiera de las células epiteliales tumorales o las células estromales tumorales, respectivamente. Las muestras de tumor microdisecadas por medio de láser se componían de una muestra de la fase 1A2 y 2B, y cinco de la fase 1B1.

#### *Inmunohistoquímica*

35 Se tiñeron secciones incluidas en parafina (4 µm) para determinar CCR4, CCL17 y CCL22. En resumen, las secciones se separaron de la cera en xileno y se deshidrataron a través de un gradiente de etanol. Tras el lavado con PBS el antígeno se expuso utilizando Disolución de Recuperación de la Diana por "Target Retrieval Solution" (S 1700, DAKO) a 95°C durante 20 min o Disolución Desmascaradora de Antígeno por "Antigen Unmasking Solution" (H-3300, Vector) durante 9 min en un microondas. Las secciones se bloquearon con suero de conejo o de cabra normal durante 30 min y se incubaron durante la noche a 4°C con el anticuerpo primario: CCR4 (1:300, ab1669, AbCam, Cambridge), CCL17 (01:50, ab9816-50, AbCam, Cambridge) y CCL22 (1:20, 500-P107, Peprotech). Después de la incubación con un anticuerpo secundario biotinilado (anti-IgG de cabra o conejo, 1:200, Vector) durante 30 min a temperatura ambiente, los antígenos se revelaron con 3,3'-diaminobencidina (DAB, Sigma). Los portas se contratiñeron a continuación con hematoxilina, se deshidrataron y se montaron. Se utilizó la omisión del anticuerpo primario como control negativo. Para comprobar la especificidad del anticuerpo contra CCR4, se transfectoron algunas células negativas para CCR4 con ADNc para este receptor de quimiocinas. El anticuerpo contra CCR4 detectó proteína de superficie solamente en las células transfectadas con éxito.

#### *Tinción doble, CD68, FoxP3, SR-A: Métodos de puntuación y categorías*

45 Para la evaluación de la expresión de CCR4, CCL17 y CCL22 en las células epiteliales no malignas y malignas, cada muestra se evaluó semi-cuantitativamente con el siguiente sistema de puntuación: 0 (sin expresión de la proteína positiva), +1 (<25% de la sección transversal de promedio tiene expresión positiva), +2 (26-50%), +3 (51-75%), +4 (>76%). La intensidad de las células positivas se analizó de la siguiente manera: 0 (sin expresión), 1 (expresión leve), 2 (expresión moderada), 3 (expresión fuerte). La puntuación de la expresión de CCR4, CCL17 y CCL22 en el estroma tumoral (células infiltrantes intratumorales) y la frontera invasiva del tumor (células infiltrantes peritumorales) se realizó basándose en el método de la 'media del recorrido' [43]. Se evitaron las áreas necróticas. Se contaron un total de 15 campos de alta potencia (aumento X400). Se establecieron cinco escalas de la siguiente manera: 0 = ninguna expresión de la proteína CCR4; +1 = 1-10 células positivas para CCR4 por HPF; +2 = 10-20 células positivas por HPF; +3 (21-30 células por HPF); +4 (>30 células). El resultado global de la tinción se obtuvo mediante el cálculo del "porcentaje" X "intensidad". La puntuación IHC en tumores y células infiltrantes fue realizada por un patólogo certificado por el colegio de médicos (YW).

#### *Cultivo de línea celular de cáncer de cuello de útero*

La línea celular de cáncer de cuello de útero C-41 (ATCC, Rockville, MD, USA) se cultivó en medio DMEM con un suplemento de FCS al 10%. En algunos experimentos las células se estimularon con 1, 10, 100, o 1000 ng/ml de CCL17 o CCL22 (PeproTech, Londres, Reino Unido). La proliferación y la migración se evaluaron utilizando los métodos descritos anteriormente [11].

## 5 *Análisis estadístico*

La significación estadística se evaluó utilizando la prueba t no pareada con la corrección de Welch (soporte lógico InStat, San Diego, CA). Un valor de  $p < 0,05$  se consideró significativo.

Experimento 1- Ensayo de protección contra ribonucleasa para receptores de quimiocinas

10 Se utilizaron ensayos de protección contra ribonucleasa (RPA) para escrutar 13 ARNm de receptores de quimiocinas en biopsias frescas congeladas de tejido de cuello de útero humano. Como se puede observar a partir del gráfico de resumen en la Figura 1A, se encontró una gama de ARNm de los receptores de quimiocinas en extractos de tejido de cuello de útero con algunas diferencias discretas entre biopsias no neoplásicas y malignas. De particular interés fue el receptor de quimiocinas CCR4, que estaba presente en el cuello de útero maligno pero no en extractos de biopsias no neoplásicas de cuello de útero (Figura 1B).

15 Puesto que se examinaba la expresión del receptor de quimiocinas en extractos de tejidos completos que contenían una población mixta de células del estroma y células epiteliales, los autores de la presente memoria investigaron a continuación la fuente celular del ARNm de CCR4. El ARNm se extrajo de zonas de células estromales y epiteliales de biopsias de cuello de útero normales y malignas microdisecadas con láser, y se utilizó RT-PCR semicuantitativa en Tiempo Real para analizar la expresión de CCR4 con ARNr 18S como control. Como se muestra en la Figura 1C, 20 el ARNm de CCR4 se reguló al alza en las zonas del estroma de tejidos malignos cuando estos se compararon con sus contrapartes no neoplásicas. Además, y de forma inesperada, el ARNm de CCR4 también se reguló al alza en extractos de las zonas de células epiteliales malignas en comparación con el epitelio normal.

25 Para investigar adicionalmente estas observaciones referentes al ARNm de CCR4, los autores de la presente memoria tiñeron una cohorte de biopsias para determinar CCR4 mediante inmunohistoquímica, IHC. Los autores de la presente memoria evaluaron la expresión de la proteína CCR4 en 166 muestras de tejidos de cuello de útero incluidos en parafina de 150 pacientes diferentes: no neoplásicas,  $n = 23$ ; CIN I,  $n = 30$ ; CIN II,  $n = 17$ ; CIN III,  $n = 16$ ; SCC,  $n = 45$ ; tumor recurrente,  $n = 15$ ; metástasis en ganglio linfático (mets GL),  $n = 10$ ; adenocarcinoma,  $n = 10$ . Tanto los leucocitos como las células epiteliales expresan la proteína CCR4. Para cuantificar los resultados de 30 los autores de la presente memoria, una puntuación IHC se calculó multiplicando la "positividad" e "intensidad" (véase la descripción de los métodos y las Figuras 8 y 9 para más detalles).

Experimento 2 - La proteína CCR4 se encuentra en leucocitos infiltrantes en biopsias de cuello de útero humanas.

35 Como se muestra en la Figura 2 (A-C), los leucocitos en las zonas del estroma de las biopsias se tiñeron positivas para CCR4. La puntuación IHC para la positividad de CCR4 en las zonas del estroma se resume en la Figura 3A (barras de color blanco). Los tejidos no neoplásicos fueron negativos para los leucocitos CCR4 (Figuras 2A, 3A). Hubo más células del estroma que expresaban CCR4 en las muestras de CIN (Figura 2b, 3a) y esto aumentó 40 adicionalmente en las muestras de cuello de útero neoplásicas invasivas (Figura 2C, 3A). La intensidad de la expresión de CCR4 en los leucocitos infiltrantes también aumentó con la progresión maligna. En los tejidos no neoplásicos ésta fue leve; la intensidad fue de moderada a fuerte en CIN y adenocarcinomas, y la intensidad fue fuerte en SCC invasivo, tumores recurrentes y metástasis en los ganglios linfáticos (Figura 8).

40 El estroma consiste en varios tipos de células, y se llevaron a cabo ensayos para determinar cuáles de las células infiltrantes contribuía a la expresión de CCR4. Puesto que los macrófagos y las células Treg expresan CCR4, la expresión de la proteína CCR4 se examinó en estos dos tipos de células y también se contó el número de macrófagos CD68+ y células Treg FoxP3+ en las biopsias de tejido.

Experimento 3 - Los macrófagos positivos para CCR4 y las células Treg aumentan con la progresión maligna.

45 El número de macrófagos CD68+ y Treg FoxP3+ aumentó con la progresión maligna del cuello de útero. Como se muestra en la Figura 2D-I hubo pocas células CD68 y FoxP3 en las biopsias de cuello de útero normal, pero el número aumentó en CIN y ambos tipos de células fueron prominentes en los cánceres invasivos.

50 El número de células CD68+ y FoxP3+ se contó a continuación en las biopsias 122 y 33 respectivamente. Como se muestra en la Figura 3B hubo un aumento significativo ( $p < 0,001$ ) de células CD68+ en las lesiones CIN en comparación con el cuello de útero normal. El número de células CD68+ en 13 se incrementó adicionalmente en SCC, adenocarcinoma, cánceres recurrentes y metástasis en ganglios linfáticos ( $p < 0,001$ , y para mets GL  $P < 0,05$ , en comparación con el cuello de útero normal). Se produjo un aumento similar en células FoxP3+ con progresión maligna mostrando el SCC, los adenocarcinomas y las metástasis en ganglios linfáticos aumentos significativos en el producto infiltrado de FoxP3+ en comparación con cuello de útero normal ( $p < 0,01$ ).

Para estudiar el fenotipo de las células que expresan CCR4 infiltrantes, se realizó una evaluación de la expresión en la superficie celular de CCR4 por los macrófagos y Treg utilizando tinción inmunohistoquímica doble para CD68 y FoxP3. Esto confirmó que las células CD68+ y FoxP3+ también expresan la proteína CCR4 (datos no mostrados). También se tiñó un subconjunto de 33 tejidos incluidos en parafina para determinar la proteína del receptor basurero A (SR-A) (no neoplásico = 10, CIN = 10, SCC = 10, adenocarcinoma = 3). El SR-A es un marcador de superficie celular para macrófagos activados alternativamente M2 [12]. El SR-A no se pudo detectar en las células del estroma en las lesiones no neoplásicas, pero en CIN y cáncer invasivo, una proporción de las células CD-68+ expresaron SR-A (datos no mostrados).

Estos estudios muestran, en primer lugar, que la progresión maligna del cuello de útero se asocia con un aumento en el número de macrófagos CD68+ y células Treg FoxP3+. Estas células podrían proporcionar los factores de crecimiento pro-tumorales para las células malignas y también ayudar a crear un microentorno inmunosupresor que ayudaría a las células transformadas a evadir la vigilancia inmunitaria. En segundo lugar, estos resultados mostraron que la observación original de un aumento del ARNm de CCR4 en cáncer de cuello de útero maligno en comparación con el normal fue debido, al menos en parte, a un aumento del producto infiltrado de leucocitos que expresan CCR4, incluyendo macrófagos y células Treg.

Sin embargo, el resultado de la microdissección por láser mostró que el ARNm de CCR4 también se incrementó en las zonas epiteliales de los tumores, y cuando se evaluó la proteína CCR4 en leucocitos infiltrantes, resultó evidente que el receptor de quimiocinas también estaba presente en algunas células epiteliales (véase la Figura 2B y C). Esto fue inesperado y justificó una investigación adicional.

Experimento 4 - Las células epiteliales en las biopsias de cuello de útero también expresan CCR4

En las biopsias de cuello de útero no neoplásicas, las células epiteliales normales no expresan CCR4 (Figura 2A). Sin embargo las células epiteliales en más de 90% de los casos de CIN expresaron CCR4 (Figura 2B y 2E). 96% de las muestras de SCC tenía células epiteliales positivas para CCR4 (Figura 2C y 2F) y las células epiteliales de 90% de las muestras de adenocarcinoma fueron positivas para CCR4 (Figura 2G). Las células epiteliales malignas en todos los tumores recurrentes y metástasis de ganglios linfáticos expresaron la proteína CCR4. Los detalles completos de los resultados de IHC para la proteína CCR4 sobre las células epiteliales se muestran en la figura 9 y se resumen en la Figura 2D (barras de color negro). La expresión de CCR4 no se limitó a una minoría de células epiteliales. Las Figuras 2E-G y 9 muestran que la mayoría de las células epiteliales malignas en las biopsias de cuello de útero de CIN y cáncer invasivo eran positivas para CCR4.

Se muestran más detalles referentes a la puntuación de IHC para las diferentes fases de CIN en la Figura 2H. Ésta muestra que la expresión de CCR4 epitelial permaneció esencialmente inalterable a través de la progresión de CIN I a III, pero que los niveles en estroma de CCR4 aumentaron de CIN I a III.

Experimento 5 - Análisis estadístico de la expresión de CCR4 durante la progresión del cáncer de cuello de útero

El análisis estadístico de los datos de las Figuras 8 y 9 mostró que las lesiones CIN mostraron una regulación al alza significativa de proteína CCR4 en los compartimentos tanto epitelial ( $P = 0,0001$ ) como estromal ( $P = 0,0001$ ) en comparación con los tejidos del cuello de útero no neoplásicos. La expresión de CCR4 en SCC invasivo también se incrementó significativamente en los compartimentos tanto epitelial ( $P = 0,0001$ ) como estromal ( $P = 0,0001$ ) en comparación con los tejidos no neoplásicos. También en muestras de adenocarcinoma, CCR4 fue regulado al alza 15 en células epiteliales ( $P = 0,0006$ ) y estromales ( $P = 0,0050$ ) en comparación con el tejido de cuello de útero no neoplásico.

Experimento 6 - Los niveles de ARNm y de proteína de CCL22 cambian con la expresión maligna (con fines ilustrativos; no parte de la presente invención)

En tejidos normales, CCL22 es un producto de los macrófagos, monocitos, células DC, B y T [13, 14]. También se encuentra en tejidos epiteliales; por ejemplo el epitelio intestinal produce constitutivamente CCL22 que puede ser regulado al alza por citocinas inflamatorias tales como TNF- $\alpha$  [15]. El ARNm fue aislado de 14 biopsias de cuello de útero normal, 11 SCC y 4 adenocarcinomas y los niveles de CCL22 evaluados mediante RT-PCR en tiempo real. Como se muestra en la Figura 4A los niveles de ARNm de CCL22 fueron más bajos en los tejidos malignos en comparación con las biopsias normales, pero esto no fue significativo ( $P = 0,43$ ). Se evaluaron un total de 52 muestras de tejidos incluidos en parafina de cuello de útero de 50 pacientes diferentes para determinar la proteína CCL22: no neoplásicos,  $n = 16$ ; CIN,  $n = 17$ ; SCC,  $n = 19$ . En todas las biopsias de cuello de útero, se detectó CCL22 en las células epiteliales (Figura 4B-D). Catorce de 16 muestras normales, 15/17 CIN, 14/19 SCC tuvieron células epiteliales positivas para CCL22. Los leucocitos infiltrantes en todas las biopsias contenían CCL22 (Figura 4C, D). La puntuación epitelial IHC disminuyó ligeramente entre las lesiones CIN y SCC (Figura 4E barras de color negro). Sin embargo, la puntuación estromal para CCL22 aumentó de normal a CIN y SCC (Figura 4E barras de color blanco).

Experimento 7- Los niveles de ARNm y de proteína de CCL17 cambian con la expresión maligna (con fines ilustrativos; no parte de la presente invención)

En los tejidos normales, CCL17 es expresado por células endoteliales vasculares y linfáticas, pero también es producido por los macrófagos, DC y queratinocitos [16, 17, 55]. Se aisló ARNm a partir de 14 biopsias de cuello de útero normal, 11 SCC y 4 adenocarcinomas y se evaluaron los niveles de CCL17 mediante RT-PCR en tiempo real. Como se muestra en la Figura 5<sup>a</sup> los niveles de ARNm de CCL17 fueron más altos en SCC en comparación con cuello de útero normal. Se evaluaron un total de 74 muestras de tejidos de cuello de útero incluidos en parafina de 70 pacientes diferentes para determinar la proteína CCL17: no neoplásico, n = 21; CIN, n = 33; SCC, n = 20. Las biopsias de cuello de útero normales tenían bajos niveles de CCL17 en una minoría de muestras tanto de epitelio como de estroma (Figura 5B). Solamente 2/19 muestras normales tenían células positivas para CCL17 en el epitelio en comparación con 23/33 muestras de CIN y 13/20 de SCC. El número de células estromales que eran positivas para CCL17 se incrementó en CIN (Figura 5C) y SCC (Figura 5D) en comparación con las muestras normales. Seis de 21 biopsias normales tenían células estromales positivas para CCL17 en comparación con 25/33 de CIN y 15/20 de SCC. La puntuación IHC para CCL17 epitelial y estromal se incrementó en CIN y SCC en comparación con biopsias normales (Figura 5E). Cuando se analizaron las puntuaciones IHC de biopsias individuales, hubo una diferencia estadísticamente significativa en la puntuación IHC de CCL17 en el estroma de CIN (P = 0,001) y SCC (P = 0,002) en comparación con las biopsias normales. Hubo también una diferencia en las puntuaciones IHC en las zonas epiteliales de CIN (P = 0,001) y SCC (P = 0,009) en comparación con las normales. Estos datos muestran que los gradientes de quimiocinas cambiaron con la transición de la neoplasia intraepitelial a enfermedad invasiva.

#### Experimento 8 - CCR4 es funcional en células de cáncer de cuello de útero

Para investigar la importancia biológica de la expresión de CCR4 en células de cáncer de cuello de útero se escrutaron una serie de líneas celulares de cáncer de cuello de útero (CaSki, ME180, Hela-Ohio, Hela-S3, Siha, C33A, C41-1) para determinar la expresión de CCR4. La línea celular C-41 expresó CCR4 de la superficie celular de una manera constitutiva (Figura 6A). Utilizando el análisis FACS se demostró que las células C-41 expresan CCR4 en la superficie de la célula. Esta línea celular también tuvo proteína CCL22 intracelular pero el otro ligando de CCR4 CCL17 no estuvo presente (Figura 6A). Después de la estimulación con 100 ng/ml de CCL22, la proteína CCR4 de la superficie celular se internalizó en células C-41 después de 2 horas y volvió de nuevo a la superficie después de 3 horas (Figura 6B). Después de la estimulación con 100 ng/ml de CCL17, la proteína CCR4 de la superficie celular también se internalizó en células C-41 después de 2 horas y volvió de nuevo a la superficie después de 3 horas (Figura 6C). Las células C-41 mostraron una respuesta quimiotáctica en forma de campana típica tanto hacia CCL17 como hacia CCL22, en los ensayos de migración transpocillo (Figura 6D). A 10 ng/ml, CCL17 indujo una migración significativa (P = 0,036) y también a 100 ng/ml y 1000 ng/ml (P = 0,0006 y P = 0,0004, respectivamente). Se observaron resultados similares con CCL22 a 10 ng/ml (P = 0,0081), 10 ng/ml (p = 0,0009) y a 1000 ng/ml (P = 0,0348). Las células C-41 mostraron aumento de la proliferación después de la estimulación con 10 ng/ml (P = 0,017) o 100 ng/ml (P = 0,044) de CCL17. 1 ng/ml de CCL22; (P = 0,026), 100 ng/ml de CCL22 (P = 0,043), pero no 10 ng/ml de CCL22 (P = 0,195), también estimularon el crecimiento de células C-41 (Figura 5C y D). CCR4 fue por lo tanto funcional en esta línea celular de cáncer de cuello de útero, lo que sugiere que también puede ser funcional *in vivo*.

#### Experimento 9 - CCR4 se expresa en células epiteliales y estromales durante la progresión maligna del esófago

No se sabía si la expresión de CCR4 y los cambios en el ligando de quimiocina eran específicos del cáncer de cuello de útero o si se observaron en algunos otros tumores malignos epiteliales que tuvieran un vínculo con la inflamación. El cáncer de esófago es un cáncer epitelial en el que los ejemplos de todas las fases de la progresión neoplásica se pueden obtener fácilmente, a menudo de forma simultánea a partir del mismo paciente. La expresión de CCR4 fue examinada en 31 muestras de pacientes con cáncer de esófago. En 27 de los casos, todas las fases de la carcinogénesis del esófago: normal, hiperplasia, displasia, carcinoma *in situ* y cáncer invasivo, estaban presentes en las biopsias del mismo paciente. Cuatro de los 31 casos tenían lesiones pre-invasivas, sin zonas de cáncer invasivo. Como se muestra en la Figura 7A, no hubo expresión de CCR4 detectable en células epiteliales normales de esófago, aparte de unas pocas células positivas para CCR4 alrededor de la capa basal del epitelio hiperplásico (Figura 7B). En 30 de 31 casos la proteína CCR4 estuvo presente en las células epiteliales en todas las fases de las lesiones pre-invasivas (Figura 7C, D), la intensidad y el porcentaje de células que expresan CCR4 en lesiones displásicas fue mucho mayor que en las células epiteliales hiperplásicas. Las células epiteliales en el cáncer invasivo fueron también positivas para CCR4 (Figura 7H). En algunos lugares, hubo una transición abrupta entre la mucosa normal y anormal Fig. 7C, D). Lo más interesante, hubo altos niveles de expresión de CCR4 en las células displásicas, pero las células en las capas superficiales, y la mucosa normal adyacente fueron negativas. Las células positivas para CCR4 también estuvieron presentes en el estroma, siendo el patrón el mismo que en el cáncer de cuello de útero. Como se muestra en la Figura 7E, hubo pocas células positivas para CCR4 en la submucosa normal; con la progresión maligna, hubo más células positivas para CCR4 que infiltraban el estroma (Figura 7F-H).

#### Experimento 10 - CCL17 y CCL22 en biopsias esofágicas (con fines ilustrativos; no parte de la presente invención)

Se utilizó IHC para evaluar la expresión de CCL17 y CCL22 en 23 de las muestras de esófago en las que estaban presentes todas las etapas de la carcinogénesis en cada muestra. CCL17 estuvo generalmente ausente tanto en las zonas epiteliales como estromales de los tejidos normales, aunque hubo unas pocas células positivas para CCL17 en el estroma y una minoría de áreas hiperplásicas. El número de muestras que continúan siendo células epiteliales o estromales positivas para CCL17 aumentó en la displasia y fue más alto en zonas invasivas mostrando 10/23 de

éstas alguna positividad para CCL17. De particular interés fue la fuerte inmunorreactividad de CCL17 en las células endoteliales o los vasos sanguíneos/linfáticos en la submucosa del epitelio displásico pero no normal.

De manera similar a lo observado en el cáncer de cuello de útero, los niveles de positividad estromal para CCL22 también aumentó con la progresión maligna. Solo 1/23 muestras mostraron células positivas para CCL22 en el estroma de las zonas normales, pero en las zonas displásicas y las zonas invasivas 20/23 y 18/23 muestras contenían respectivamente células positivas para CCL22 en el estroma. La positividad para CCL22 de las células del estroma aumentó con el grado de displasia. Ocho de cada 23 muestras de displasia I tenían células positivas para CCL22 en el estroma, lo que aumentó a 19 de 23 muestras de displasia II y 20/23 muestras de displasia III. Hubo una diferencia entre el epitelio de cuello de útero y de esófago ya que CCL22 no se detectó en el epitelio normal aunque se ha informado de que está presente en el epitelio intestinal normal [15]. La expresión de CCL22 epitelial aumentó con la progresión maligna del esófago; 0/23 muestras fueron positivas en las zonas normales, 2/23 hiperplasias, 7/23 displasias y 14/23 zonas invasivas tenían células epiteliales positivas para CCL22. Finalmente, más células endoteliales de los vasos sanguíneos dentro del estroma de los tejidos de cáncer invasivos fueron positivas para la tinción de CCL22 en comparación con el epitelio normal y displásico.

Experimento 11 - Resultados de un escrutinio para determinar la expresión de CCR4 en una gama más amplia de tumores

Se utilizó una biblioteca de ADNc tumoral (Cancer Research UK) que contenía los ADNc generados a partir de ARN aislado de 5-10 muestras de tumor y 2-5 muestras normales para 11 tipos de tumores diferentes: pulmón, colon, vejiga, estómago, páncreas, piel, mama, cerebro, esófago, ovario y próstata. Los niveles de expresión de ARNm de CCR4 se midieron utilizando RT-PCR cuantitativa en tiempo real.

Los niveles de ARNm de CCR4 fueron significativamente elevados en los cánceres de cuello de útero, esófago, riñón, cerebro, mama y ovario.

Experimento 12 - Análisis de la expresión de CCR4 en líneas celulares de cáncer de cuello de útero y renales

La Figura 11 muestra los resultados del Análisis de Clasificación Celular Activado por Fluorescencia de "Fluorescence Activated Cell Scanning" (FACS) de líneas celulares de cuello de útero (C41, C33A) y de cáncer renal utilizando un anticuerpo anti-CCR4 para detectar la expresión de CCR4. Todas las líneas celulares expresaron CCR4. Las líneas discontinuas en la Figura 11 muestran los datos para un anticuerpo de control de isotipo coincidente.

Experimento 13 - Efectos de citocinas comunes sobre la expresión de CCR4 por las células tumorales

Las citocinas más comunes presentes en un tumor son IL-10, TGF- $\beta$ , FGF, TNF- $\alpha$ . La línea celular de cáncer de cuello de útero C41 se estimuló en cultivo con diferentes citocinas (IL-10, TNF- $\alpha$ , TGF- $\beta$ , FGF; 20 ng/ml) durante 24 h. A continuación se determinó la expresión de CCR4 por medio de análisis FACS. Como se muestra en la Figura 12, CCR4 fue regulado al alza en términos de porcentaje de células positivas después de la estimulación con IL-10, TGF- $\beta$  y FGF (línea de color azul) en comparación con las células no estimuladas (línea de color negro). La línea discontinua muestra los datos de un control de isotipo. La línea en negrita muestra la expresión de CCR4 después de la estimulación. Los resultados indican que el microentorno del tumor puede inducir la expresión de CCR4 en las células tumorales.

## Referencias

- Allen, S.J., Crown, S.E., and Handel, T.M. 2006. Chemokine: receptor structure, interactions, and antagonism. *Annu Rev Immunol* 25:787-820.
- Balkwill, F.R. 2004. Cancer and the chemokine network. *Nature Reviews Cancer* 4:540-550.
- Muller, A., Homey, B., Soto, H., Ge, N., Catron, D., Buchanan, M.E., McClanahan, T., Murphy, E., Yuan, W., Wagner, S.N., et al. 2001. Involvement of chemokine receptors in breast cancer metastasis. *Nature* 410:50-56.
- Scotton, C.J., Wilson, J.L., Milliken, D., Stamp, G., and Balkwill, F.R. 2001. Epithelial cancer cell migration: a role for chemokine receptors? *Cancer Res* 61:4961-4965.
- Zeelenberg, I.S., Ruuls-Van Stalle, L., and Roos, E. 2003. The chemokine receptor CXCR4 is required for outgrowth of colon carcinoma micrometastases. *Cancer Res* 63:3833-3839.
- Balkwill, F. 2004. The significance of cancer cell expression of CXCR4. *Seminars in Cancer Biology* 14:171-179.
- Burger, J.A., and Kipps, T.J. 2006. CXCR4: a key receptor in the crosstalk between tumor cells and their microenvironment. *Blood* 107:1761-1767.
- Zlotnik, A. 2006. Chemokines and cancer. *Int J Cancer* 119:2026-2029.

9. Meijer, J., Zeelenberg, I.S., Sipos, B., and Roos, E. 2006. The CXCR5 chemokine receptor is expressed by carcinoma cells and promotes growth of colon carcinoma in the liver. *Cancer Res* 66:9576-9582.
10. Letsch, A., Keilholz, U., Schadendorf, D., G., A., Asemissen, A.M., Thiel, E., and Scheibenbogen, C. 2004. Functional CCR9 expression is associated with small intestinal metastasis. *J Invest Dermatol* 122:685-690.
- 5 11. Scotton, C.J., Wilson, J.L., Scott, K., Stamp, G., Wilbanks, G.D., Fricker, S., Bridger, G., and Balkwill, F.R. 2002. Multiple actions of the chemokine CXCL12 on epithelial tumor cells in human ovarian cancer. *Cancer Research* 62:5930-5938.
12. Gordon, S. 2003. Alternative activation of macrophages. *Nature Reviews Immunol* 3:23-35.
- 10 13. Godiska, R., Chantry, D., Raport, C.J., Sozzani, S., Allavena, P., Leviten, D., Mantovani, A., and Gray, P.W. 1997. Human macrophage-derived chemokine (MDC), a novel chemoattractant for monocytes, monocyte-derived dendritic cells, and natural killer cells. *J Exp Med* 185:1595-1604.
14. Mantovani, A., Gray, P.A., Van Damme, J., and Sozzani, S. 2000. Macrophage-derived chemokine (MDC). *J Leukoc Biol* 68:400-404.
- 15 15. Berin, M.C., Dwinell, M.B., Eckmann, L., and Kagnoff, M.F. 2001. Production of MDC/CCL22 by human intestinal epithelial cells. *Am J Physiol Gastrointest Liver Physiol* 280:G1217-G1226.
16. Imai, K., Kobayashi, M., Wang, J., Shinobu, N., Yoshida, H., Hamada, J., Shindo, M., Higashino, F., Tanaka, J., Asaka, M., et al. 1999. Selective secretion of chemoattractants for haemopoietic progenitor cells by bone marrow endothelial cells: a possible role in homing of haemopoietic progenitor cells to bone marrow. *Br J Haematol* 106:905-911.
- 20 17. Sallusto, F., Palermo, B., Lenig, D., Miettinen, M., Matikainen, S., Julkunen, I., Forster, R., Burgstahler, R., Lipp, M., and Lanzavecchia, A. 1999. Distinct patterns and kinetics of chemokine production regulate dendritic cell function. *Eur J Immunol* 29:1617-1625.
- 25 18. Fra, A.M., Locati, M., Otero, K., Sironi, M., Signorelli, P., Massardi, M.L., Gobbi, M., Vecchi, A., Sozzani, S., and Mantovani, A. 2003. Cutting Edge: Scavenging of inflammatory CC chemokines by the promiscuous putatively silent chemokine receptor D6. *J Immunol* 170:2279-2282.
19. Graham, G.J., and McKimmie, C.S. 2006. Chemokine scavenging by D6: a movable feast? *Trends in Immunol* 27:381-386.
- 20 20. Woerner, B.M., Warrington, N.M., Kung, A.L., Perry, A., and Rubin, J.B. 2005. Widespread CXCR4 activation in astrocytomas revealed by phospho-CXCR4-specific antibodies. *Cancer Res* 65:11392-11399.
- 30 21. Salvucci, O., Bouchard, A., Baccarelli, A., Deschenes, J., Sauter, G., Simon, R., Bianchi, R., and Basik, M. 2006. The role of CXCR4 receptor expression in breast cancer: a large tissue microarray study. *Br Ca Res & Treat* 97:275-283.
22. Schmid, B.C., Rudas, M., Rezniczek, G.A., Leodolter, S., and Zeillinger, R. 2004. CXCR4 is expressed in ductal carcinoma in situ of the breast and in atypical ductal hyperplasia. *Br Ca Res & Treat* 84:247-250.
- 35 23. Pils, D., Pinter, A., Reibenwein, J., Alfan, A., Horak, P., Schmid, B.C., Hefler, L., Horvat, R., Reinhaller, A., Zeillinger, R., et al. 2007. In ovarian cancer the prognostic influence of HER2/neu is not dependent on the CXCR4/SDF-1 signalling pathway. *Br J Cancer* 96:485-491.
- 40 24. Borrello, M.G., Alberti, L., Fischer, A., Degl'innocenti, D., Ferrario, C., Gariboldi, M., Marchesi, F., Allavena, P., Greco, A., Collini, P., et al. 2005. Induction of a proinflammatory program in normal human thyrocytes by the RET/PTC1 oncogene. *PNAS* 102:14825-14830.
25. Braga, E., Senchenko, V., Bazov, I., Loginov, W., Liu, J., Ermilova, V., Kuzubskaya, T., Garkavtseva, R., Mazurenko, N., Kisseljov, F.L., et al. 2002. Critical tumor-suppressor gene regions on chromosome 3p in major human epithelial malignancies: allelotyping and quantitative real-time per. *Int J Cancer* 100:534-541.
- 45 26. Senchenko, V., Liu, J., Braga, E., Mazurenko, N., Loginov, W., Seryogin, Y., Bazov, I., Protopopov, A., Kisseljov, F.L., Kashuba, V., et al. 2003. Deletion mapping using quantitative real-time PCR identifies two distinct 3-21.3 regions affected in most cervical carcinomas. *Oncogene* 22:2984-2992.
27. Acevedo, C.M., Henriquez, M., Emmert-Buck, M.R., and Chuaqui, R.F. 2002. Loss of heterozygosity on chromosome arms 3p and 6q in microdissected 33 adenocarcinomas of the uterine cervix and adenocarcinoma in situ. *Cancer* 94:793-802.

28. Nakayama, T., Hieshima, K., Nagakubo, D., Sato, E., Kakayama, M., Kawa, K., and Yoshie, O. 2004. Selective induction of Th2-attracting chemokines CCL17 and CCL22 in human B cells by latent membrane protein 1 of Epstein-Barr virus. *J Virol* 78:1665-1674.
- 5 29. Balkwill, F., Charles, K.A., and Mantovani, A. 2005. Smoldering and polarized inflammation in the initiation and promotion of malignant disease. *Cancer Cell* 7:211-217.
30. Hagemann, T., Wilson, J., Burke, F., Kulbe, H., Li, N.F., Pluddemann, A., Charles, K., Gordon, S., and Balkwill, F.R. 2006. Ovarian cancer cells polarize macrophages toward a tumor-associated phenotype. *J Immunol* 176:5023-5032.
- 10 31. Condeelis, J., and Pollard, J.W. 2006. Macrophages: obligate partners for tumor cell migration, invasion, and metastasis. *Cell* 124:263-266.
32. Negus, R.P.M., Stamp, G.W.H., Relf, M.G., Burke, F., Malik, S.T.A., Bernasconi, S., Allavena, P., Sozzani, S., Mantovani, A., and Balkwill, F.R. 1995. The detection and localization of monocyte chemoattractant protein-1 (MCP-1) in human ovarian cancer. *J Clin Invest* 95:2391-2396.
- 15 33. Ishida, T., Ishii, T., Inagaki, A., Yano, H., Komatsu, H., Iida, S., Inagaki, H., and Ueda, R. 2006. Specific recruitment of CC chemokine receptor 4-positive regulatory T cells in Hodgkin lymphoma fosters immune privilege. *Cancer Res* 66:5716-5722.
34. Nakamura, E.S., Koizumi, K., Kobayashi, R., Saitoh, Y., Arita, Y., Nakayama, T., Sakurai, H., Yoshie, O., and Saiki, I. 2006. RANKL-induced CCL22/macrophage-derived chemokine produced from osteoclasts potentially promotes the bone metastasis of lung cancer expressing its receptor CCR4. *Clin Exp Metastasis* July 5.
- 20 35. Ishida, T., Inagaki, H., Utsunomiya, A., Takatsuka, Y., Komatsu, H., Iida, S., Takeuchi, G., Eimoto, T., Nakamura, S., and Ueda, R. 2004. CXC chemokine receptor 3 and CC chemokine receptor 4 expression in T-cell and NK-cell lymphomas with special reference to clinicopathological significance for peripheral T-cell lymphoma, unspecified. *Clin Cancer Res* 10:5494-5500.
- 25 36. Ishida, T., and Ueda, R. 2006. CCR4 as a novel molecular target for immunotherapy of cancer. *Cancer Sci* 97:1139-1146.
37. Ishida, T., Iida, S., Akatsuka, Y., Ishii, T., Miyazaki, M., Komatsu, H., Inagaki, H., Okada, N., Fujita, T., Shitara, K., et al. 2004. The CC chemokine receptor 4 as a novel specific molecular target for immunotherapy in adult T-cell leukemia/lymphoma. *Clin Cancer Res* 10:7529-7539.
- 30 38. Kleeff J, Kusama T, Rossi DL, Ishiwata T, Maruyama H, Friess H, Büchler MW, Zlotnik A, Korc M. Detection and localization of Mip-3 $\alpha$ /LARC/Exodus, a macrophage proinflammatory chemokine, and its CCR6 receptor in human pancreatic cancer. *Int J Cancer*. 1999 May 17;81(4):650-7.
39. Kimsey TF, Campbell AS, Albo D, Wilson M, Wang TN. Co-localization of macrophage inflammatory protein-3 $\alpha$  (Mip-3  $\alpha$ ) and its receptor, CCR6, promotes pancreatic cancer cell invasion. *Cancer J*. 2004 Nov-Dec;10(6):374-80.
- 35 40. Jöhner K, Zelle-Rieser C, Perathoner A, Moser P, Hager M, Ramoner R, Gander H, Höftl L, Bartsch G, Greil R, Thurnher M. Up-regulation of functional chemokine receptor CCR3 in human renal cell carcinoma. *Clin Cancer Res*. 2005 Apr 1;11(7):2459-65.
41. Ferenczi, K., Fuhlbrigge, R.C., Pinkus, J.L., Pinkus, G.S. & Kupper, T.S. Increased CCR4 expression in cutaneous T cell lymphoma. *J Invest Dermatol* 119, 1405-1410 (2002).
- 40 42. Baatar, D., Olkhanud, P., Newton, D., Sumitomo, K. & Biragyn, A. CCR4-expressing T cell tumors can be specifically controlled via delivery of toxins to chemokine receptors. *J Immunol* 179, 1996-2004 (2007).
43. Nagtegaal ID, Marijnen CA, Kranenbarg EK, Mulder-Stapel A, Hermans J, van de Velde CJ, van Krieken JH. Local and distant recurrences in rectal cancer patients are predicted by the nonspecific immune response; specific immune response has only a systemic effect--a histopathological and immunohistochemical study. *BMC Ital Cancer*. 2001;1:7. Epub 2001 Jul 16.
- 45 44. Libura J, Drukala J, Majka M, Tomescu O, Navenot JM, Kucia M, Marquez L, Peiper SC, Barr FG, Janowska-Wieczorek A, Ratajczak MZ. "CXCR4-SDF-1 signalling is active in rhabdomyosarcoma cells and regulates locomotion, chemotaxis, and adhesion." *Blood*. 2002 Oct 1;100(7):2597-606.
- 50 45. Bange, J; Zwick E, Ullrich A. (2001). "Molecular targets for breast cancer therapy and prevention". *Nature Medicine* 7: 548 - 552

- 46.** Ménard, S; Pupa SM, Campiglio M, Tagliabue E (2003). "Biologic and therapeutic role ofHER2 in cancer". *Oncogene* 22: 6570 - 6578
- 47.** Kute, T; Lack CM, Willingham M, Bishwokama B, Williams H, Barrutt K, Mitchell T, Vaughn JP (2004). "Development of herceptin resistance in breast cancer cells". *Cytometry* 57A: 86-93.
- 5 **48.** Vestergaard C, Bang K, Gesser B, Yoneyama H, Matsushima K, Larsen CG. A Th2 chemokine, TARC, produced by keratinocytes may recruit CLA+CCR4+ lymphocytes into lesional atopic dermatitis skin. *J Invest Dermatol.* 2000 Oct;115(4):640-6.

**REIVINDICACIONES**

- 5 1. Un método de obtención de información de carácter predictivo o diagnóstico para un paciente de cáncer, que comprende la etapa de medir la cantidad y/o la actividad del receptor de quimiocina CCR4 expresado por células tumorales epiteliales en una muestra de tumor sólido o en una muestra de tumor celular no hematológico tomada del paciente, proporcionando la cantidad y/o actividad de CCR4 la información de carácter predictivo o diagnóstico.
- 10 2. Un método como se reivindica en la reivindicación 1, en donde la información de carácter predictivo o diagnóstico se obtiene mediante la comparación de la cantidad y/o actividad de CCR4 expresado por las células tumorales epiteliales en la muestra de tumor sólido o la muestra de tumor celular no hematológico, con una cantidad y/o nivel de la actividad de CCR4 de referencia.
3. Un método como se reivindica en la reivindicación 1 o la reivindicación 2, en donde la cantidad y/o nivel de actividad de CCR4 de referencia se mide en una o más muestras no tumorales; opcionalmente en donde la, o al menos una, muestra no tumoral se toma del paciente, o en donde las una o más muestras no tumorales no se toman del paciente.
- 15 4. Un método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 3, en donde la información se utiliza para predecir si el tumor sólido o el tumor celular no hematológico del paciente serán susceptibles de tratamiento anticanceroso.
- 20 5. Un método como se reivindica en cualquiera de las reivindicaciones 1 a 3, en donde el paciente ha recibido un tratamiento anticanceroso y las mediciones de la cantidad y/o actividad de CCR4 expresado por las células tumorales epiteliales en la muestra de tumor sólido, o la muestra de tumor no hematológico del paciente se realizan antes y después del inicio del tratamiento, y la información obtenida se utiliza para determinar si el tumor sólido o el tumor celular no hematológico del paciente han respondido al tratamiento contra el cáncer.
- 25 6. Un método como se reivindica en cualquiera de las reivindicaciones 1 a 3, en donde la información se utiliza en el diagnóstico de un tumor sólido o un tumor celular no hematológico, o en donde la información se utiliza para estadificar un tumor sólido o un tumor celular no hematológico.
7. Un método como se reivindica en cualquiera de la reivindicación 4 o la reivindicación 5, en donde el tratamiento contra el cáncer comprende un agente que modula o inhibe la expresión o actividad de CCR4.
- 30 8. Un método como se reivindica en la reivindicación 7, en donde dicho agente que modula o inhibe la expresión o actividad de CCR4 es un anticuerpo que se une a CCR4 o un anticuerpo que se une a los ligandos de CCR4 CCL17 o CCL22.
9. Un método como se reivindica en cualquier realización anterior, en donde el tumor sólido o el tumor no hematológico es cáncer de cuello del útero.
10. Un método como se reivindica en una cualquiera de las reivindicaciones 1-8, en donde el tumor sólido o el tumor no hematológico es cáncer de esófago.
- 35 11. Un método como se reivindica en una cualquiera de las reivindicaciones 1-8, en donde el tumor sólido o el tumor no hematológico es cáncer de riñón.
12. Un método como se reivindica en una cualquiera de las reivindicaciones 1-8, en donde el tumor sólido o el tumor no hematológico es cáncer de cerebro.
- 40 13. Un método como se reivindica en una cualquiera de las reivindicaciones 1-8, en donde el tumor sólido o el tumor no hematológico es cáncer de mama.
14. Un método como se reivindica en una cualquiera de las reivindicaciones 1-8, en donde el tumor sólido o el tumor no hematológico es cáncer de ovario.
15. Un método como se reivindica en una cualquiera de las reivindicaciones 1-8, en donde el tumor sólido o el tumor no hematológico es cáncer de próstata.
- 45 16. Un método como se reivindica en una cualquiera de las reivindicaciones 1-8, en donde el tumor sólido o el tumor no hematológico es cáncer de estómago.
17. Un método como se reivindica en una cualquiera de las reivindicaciones 1-8, en donde el tumor sólido o el tumor no hematológico es cáncer de páncreas.
- 50 18. Un método como se reivindica en una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 17, en donde se utiliza un anticuerpo reactivo contra CCR4 para medir la cantidad y/o actividad del receptor de quimiocina CCR4 expresado

por las células tumorales epiteliales en una muestra de tumor sólido o en una muestra de tumor celular no hematológico tomadas del paciente.

5 19. Un método como se reivindica en una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 17, en donde se utiliza un cebador o sonda oligonucleotídicos capaz de hibridar en condiciones rigurosas con el SEQ ID NO: 1 para medir la cantidad y/o actividad del receptor de quimiocina CCR4 expresado por células tumorales epiteliales en una muestra de tumor sólido o una muestra de tumor celular no hematológico tomadas del paciente.

10 20. Un anticuerpo reactivo contra el receptor de quimiocinas CCR4 para su uso en la detección in vivo de la presencia o la medición de la cantidad de CCR4 expresado por células tumorales epiteliales de un tumor sólido o un tumor no hematológico en un paciente con cáncer, proporcionando la presencia o cantidad de CCR4 expresado por las células tumorales epiteliales cuando es detectado o medido la información de carácter diagnóstico.

21. Un anticuerpo de acuerdo con la reivindicación 20 para su uso de acuerdo con la reivindicación 20, en donde la información se utiliza para pronosticar si el tumor sólido o el tumor celular no hematológico del paciente serán susceptibles de tratamiento contra el cáncer o

15 en donde el paciente ha recibido un tratamiento anticanceroso y las mediciones de la cantidad y/o actividad de CCR4 se realizan antes y después del inicio del tratamiento y la información obtenida se utiliza para determinar si el tumor sólido o el tumor celular no hematológico del paciente ha respondido al tratamiento contra el cáncer; o

en donde la información se utiliza para la diagnosis de un tumor sólido o un tumor celular no hematológico; o

20 en donde la información se utiliza para estadificar el tumor sólido o el tumor celular no hematológico.

22. El uso de un kit para obtener información de carácter predictivo o diagnóstico para un paciente con cáncer a partir de una muestra de tumor sólido o de tumor no hematológico del paciente, en donde el kit comprende:

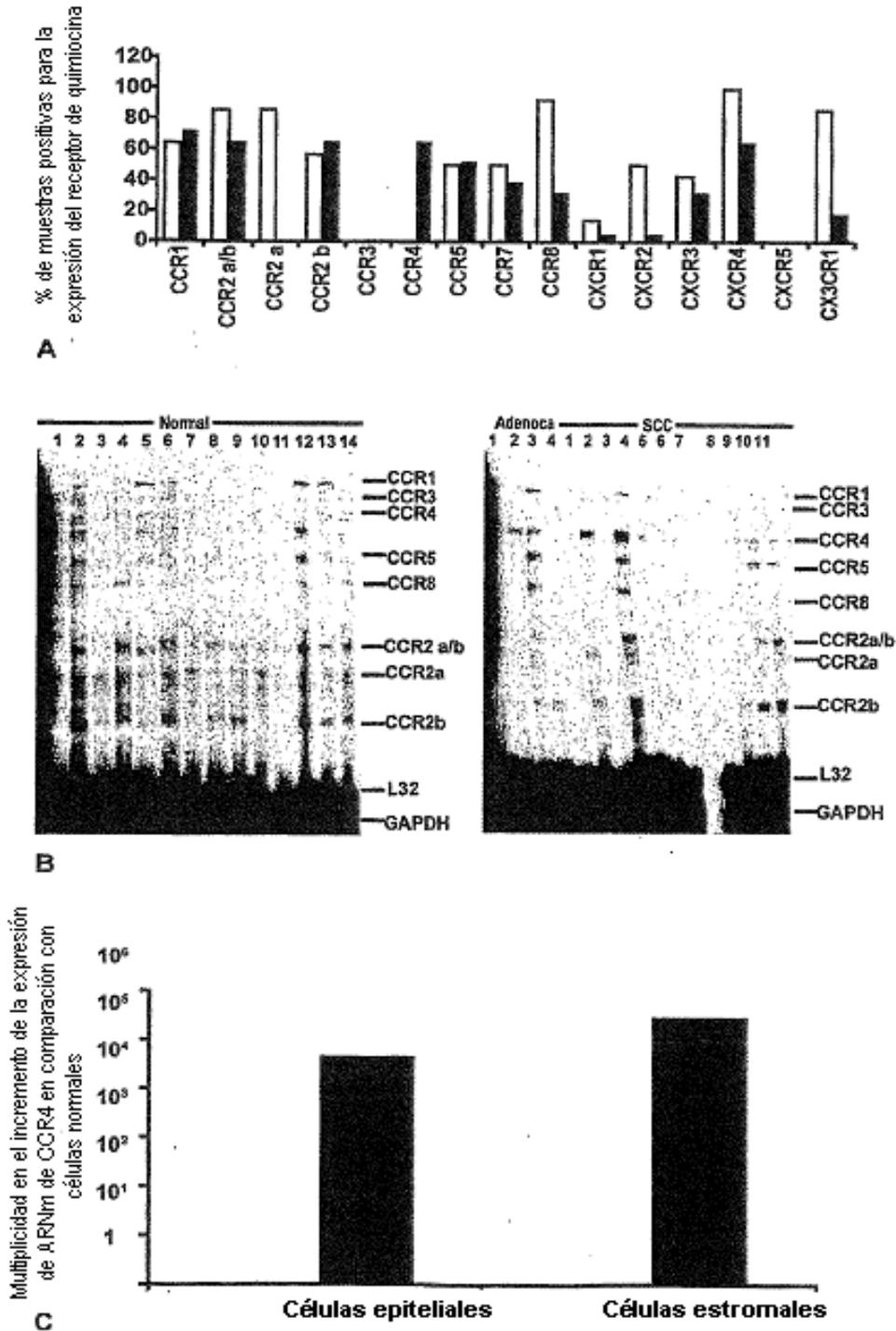
una sonda o cebador oligonucleotídicos capaces de hibridar con el SEQ ID NO: 1 en condiciones restrictivas; e

25 indicaciones que dirigen al usuario del kit a aplicar el reactivo a una muestra de células tumorales epiteliales de un tumor sólido o un tumor no hematológico de un paciente con el fin de medir la cantidad y/o actividad de CCR4, en la muestra; y

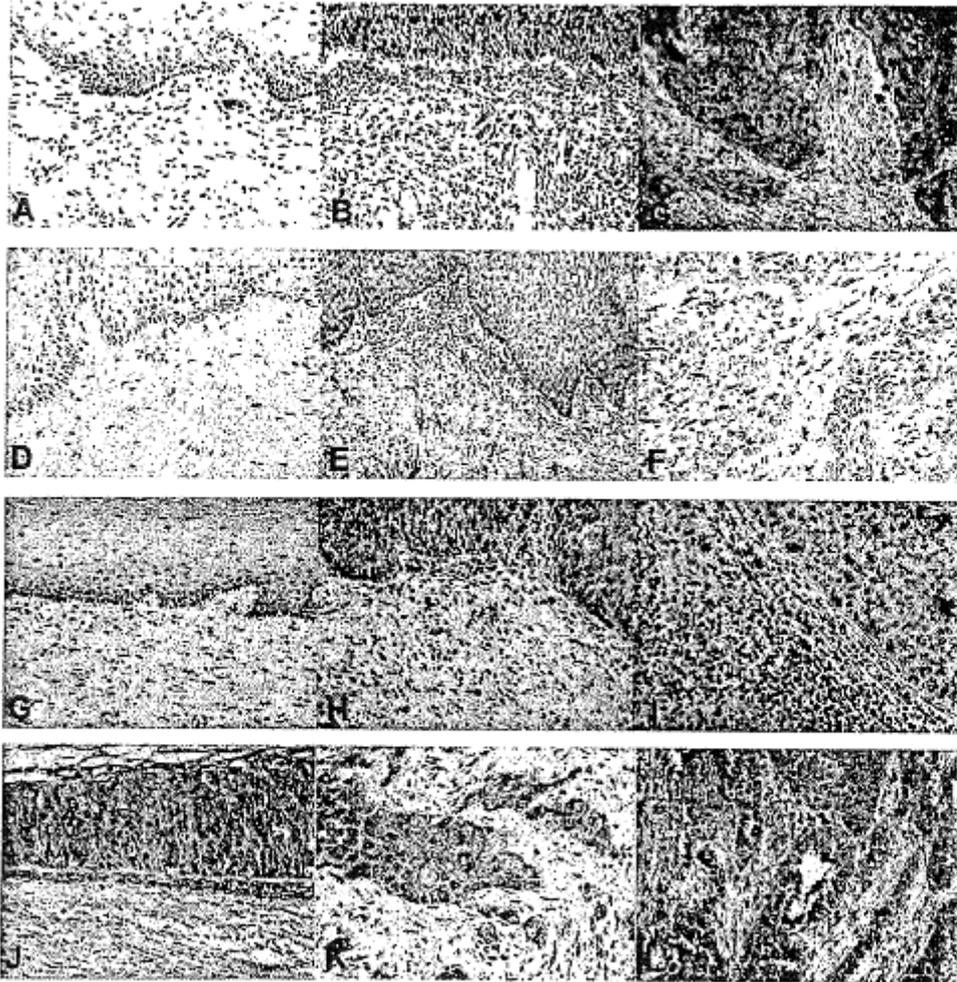
30 comprendiendo adicionalmente una muestra de referencia de una o más células no tumorales y las indicaciones son instrucciones y dirigen al usuario del kit para medir la cantidad y/o nivel de actividad de CCR4, tanto en la muestra del paciente como en la muestra de referencia.

23. El uso del kit reivindicado en la reivindicación 22, en donde las indicaciones son instrucciones e incluyen valores de referencia para una cantidad y/o nivel de actividad de CCR4 de referencia.

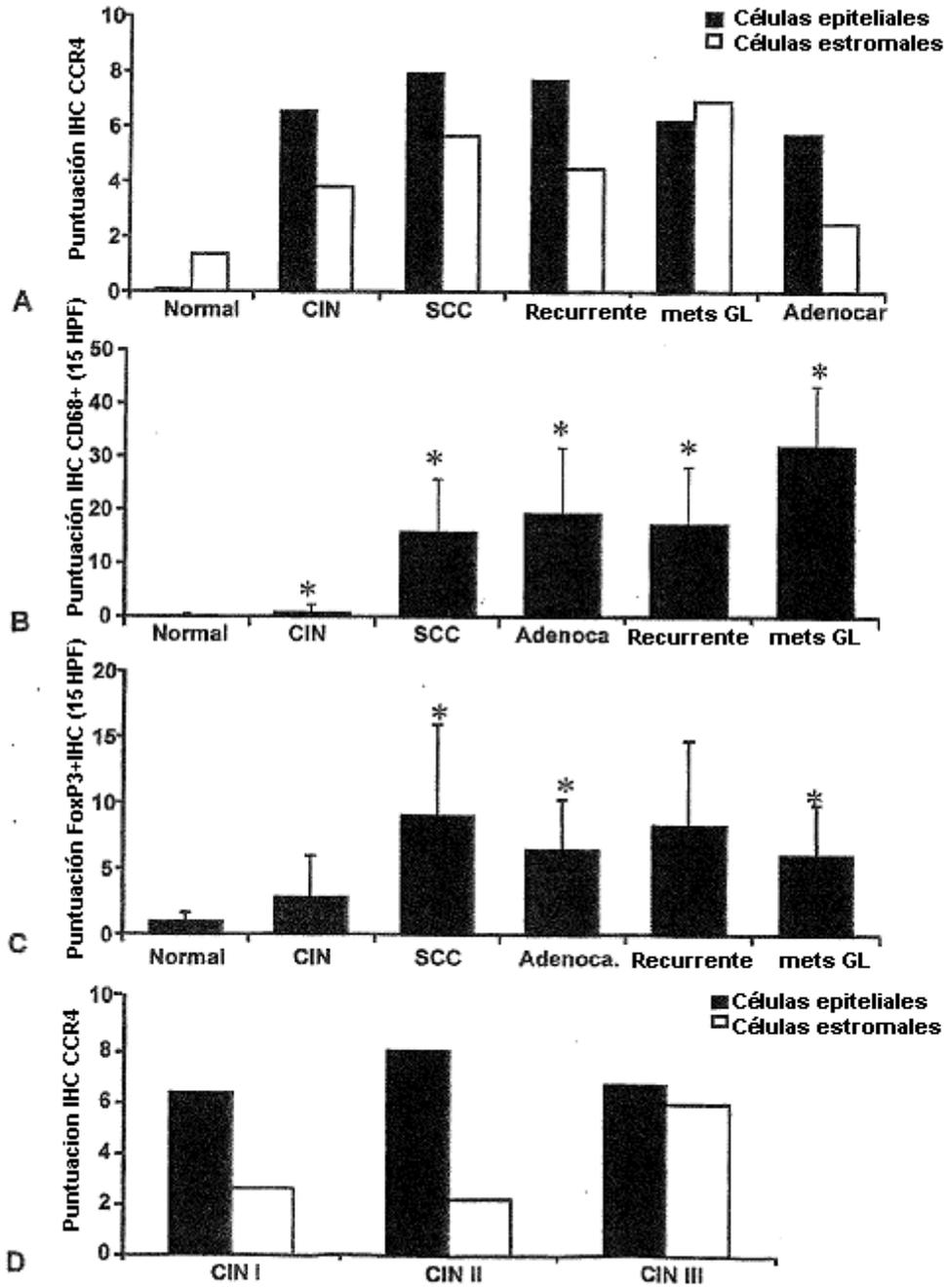
**Figura 1**



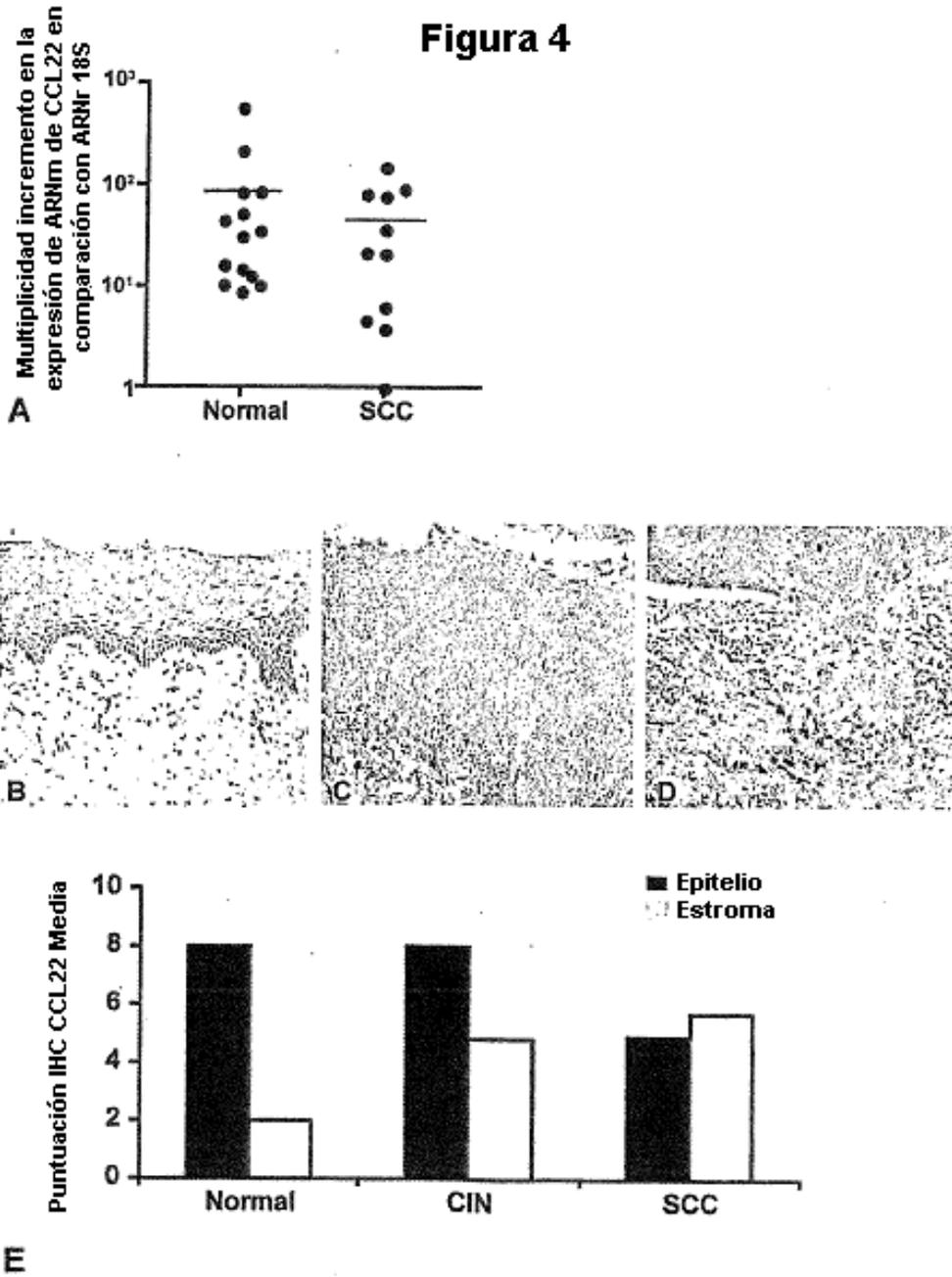
**Figura 2**



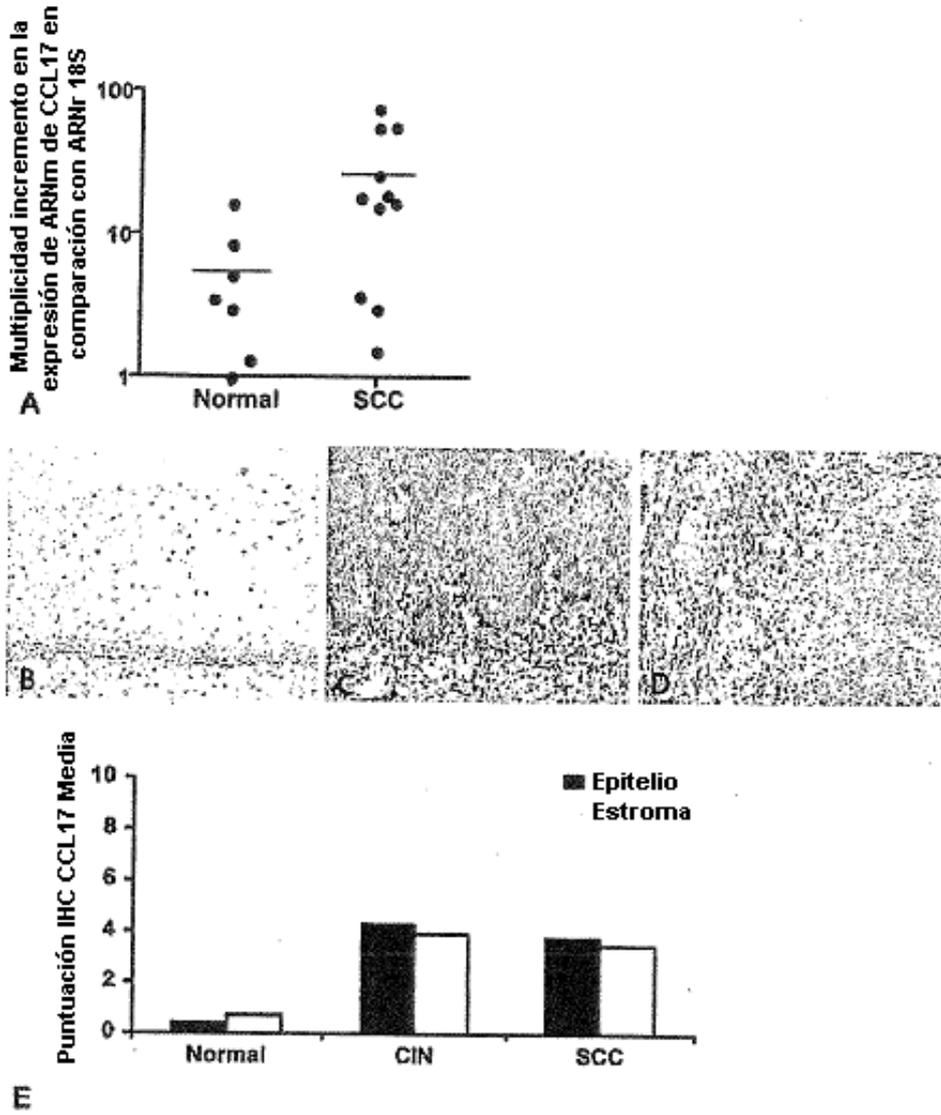
**Figura 3**



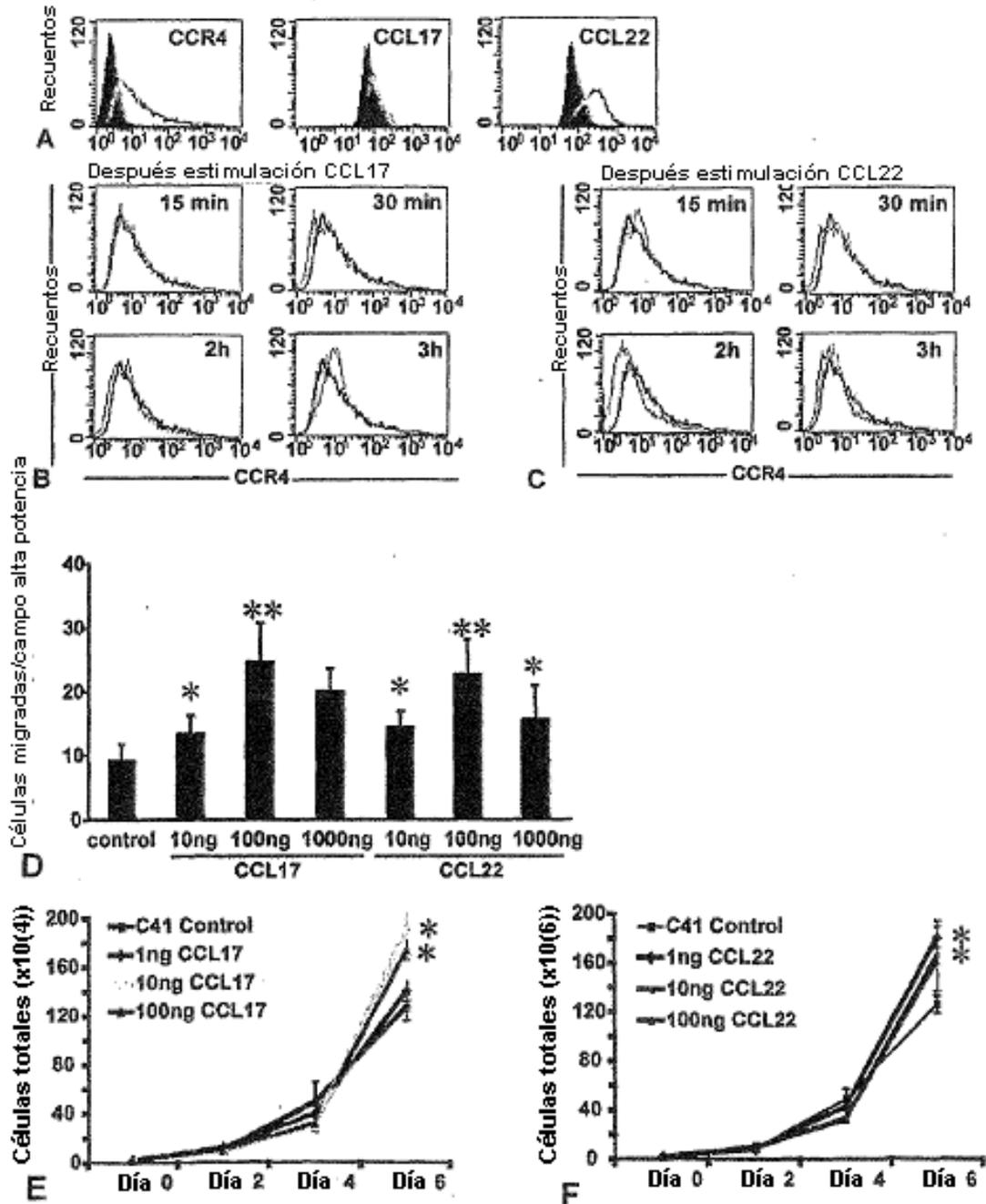
**Figura 4**



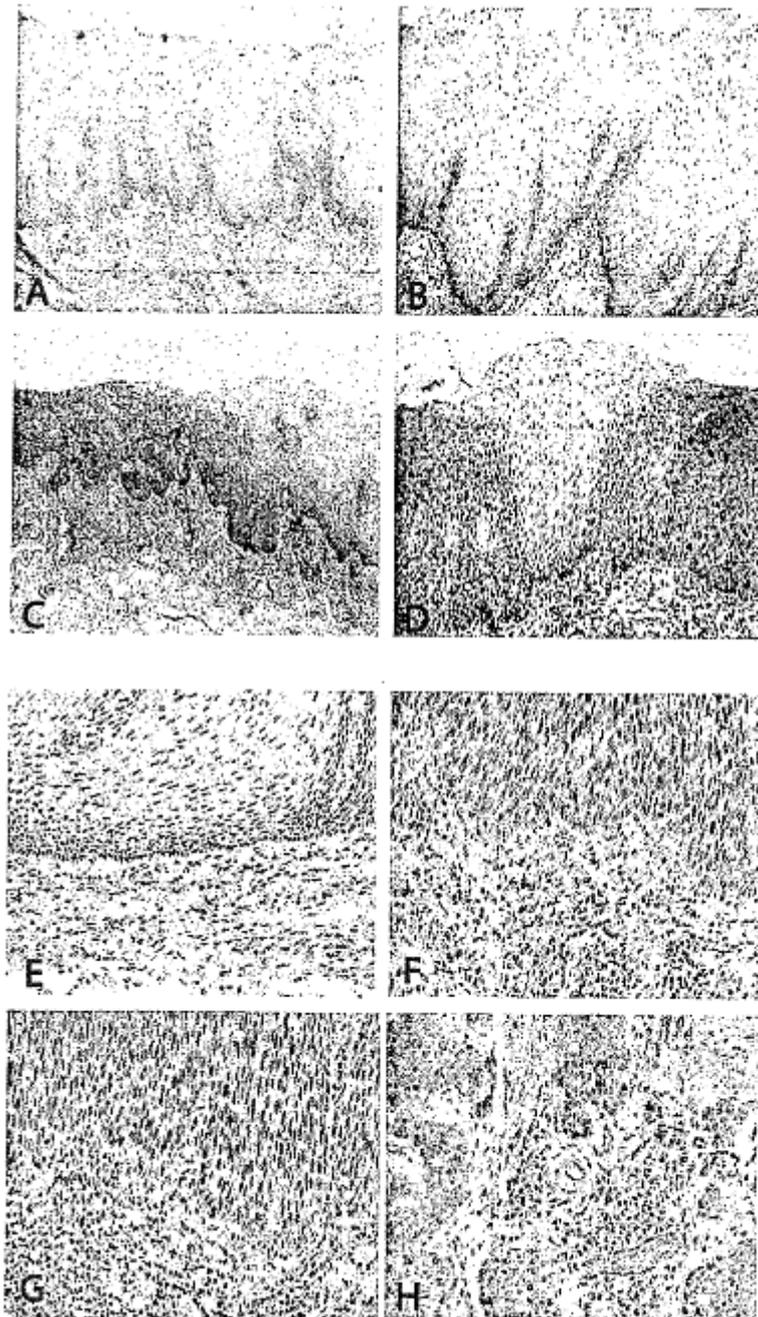
**Figura 5**



**Figura 6**



**Figura 7**



**Figura 8**

**Panel A: Positividad/Porcentaje de células**

Fase	n=	+0 (0)	+1 (0-10)	+2 (10-20)	+3 (21-30)	+4 (>30)
Normal	23	13,00% (3/23)	86,96% (20/23)	0	0	0
CIN I	30	3,33% (1/30)	40,00% (12/30)	43,33% (13/30)	10,00% (3/30)	3,33% (1/30)
CIN II	17	5,88% (1/17)	41,18% (7/17)	41,18% (7/17)	5,88% (1/17)	5,88% (1/17)
CIN III	14	0	50,00% (7/14)	42,86% (6/14)	0	7,14% (1/14)
SCC	41	2,44% (2/41)	14,63% (6/41)	41,46% (17/41)	31,71% (13/41)	9,76% (4/41)
RECUR.	15	0	53,33% (8/15)	26,67% (4/15)	13,33% (2/15)	6,67% (1/15)
METS GL	10	0	10,00% (1/10)	30,00% (3/10)	50,00% (5/10)	10,00% (1/10)
ADENOCA	10	10,00% (1/10)	60,00% (6/10)	30,00% (3/10)	0	0

**Panel B: Intensidad de tinción**

Fase	n=	0 (ninguno)	1(+)	2 (**)	3 (+++)
Normal	23	13,04% (3/23)	52,17 (12/23)	21,73% (5/23)	13,04% (3/23)
CIN I	30	3,33% (1/30)	6,66% (2/30)	50,00% (15/30)	40,00% (12/30)
CIN II	17	5,88% (1/17)	17,65 (3/17)	47,06% (8/17)	29,41% (5/17)
CIN III	14	0	21,43% (3/14)	42,86% (6/14)	35,71% (5/14)
SCC	41	2,43% (1/41)	7,31% (3/41)	34,15% (14/41)	56,10% (23/41)
RECUR.	15	0	13,33% (2/15)	33,33% (5/15)	53,33% (8/15)
METS GL	10	0	0	20,00% (2/10)	80,00% (8/10)
ADENOCA	10	10,00% (1/10)	20,00% (2/10)	50,00% (5/10)	20,00% (2/10)

Panel A: Positividad/Porcentaje de células

FASE	n=	+0 (0%)	+1 (<25%)	+2 (26-50%)	+3 (51-75%)	+4 (>76%)
Normal	23	95,65% (22/23)	0	4,34% (1/23)	0	0
CIN I	30	3,33% (1/30)	13,33% (4/30)	16,66% (5/30)	6,66% (2/30)	60,00% (18/30)
CIN II	17	5,88% (1/17)	11,76% (2/17)	5,88% (1/17)	17,75% (3/17)	58,82% (10/17)
CIN III	16	6,25% (1/16)	6,25% (1/16)	12,50% (2/16)	25,00% (4/16)	50,00% (8/16)
SCC	45	4,44% (2/45)	2,22% (2/45)	0	11,11% (5/45)	82,22% (37/45)
RECUR.	15	0	6,67% (1/15)	13,33% (2/15)	0	80,00% (12/15)
METS GL	10	0	10,00% (1/10)	0	20,00% (2/10)	70,00% (7/10)
ADENOCA	10	10,00% (1/10)	10,00% (1/10)	20,00% (2/10)	20,00% (2/10)	40,00% (4/10)

Panel B: Intensidad de tinción

FASE	n=	0 (ninguno)	1(+)	2 (++)	3 (+++)
Normal	23	95,65% (22/23)	4,34% (1/20)	0	0
CIN I	30	3,33% (1/30)	16,66% (5/30)	30,00% (9/30)	50,00% (15/30)
CIN II	17	5,88% (1/17)	29,41% (5/17)	35,29% (6/17)	29,41% (5/17)
CIN III	16	6,25% (1/16)	25,00% (4/16)	50,00% (8/16)	18,75% (3/16)
SCC	45	4,44% (2/45)	22,22% (10/45)	37,78% (17/45)	35,56% (16/45)
RECUR.	15	0	26,66% (4/15)	26,66% (4/15)	46,67% (7/15)
METS GL	10	0	40,00% (4/10)	20,00% (2/10)	40,00% (4/10)
ADENOCA	10	10,00% (1/10)	30,00% (3/10)	30,00% (3/10)	30,00% (3/10)

Figura 9

Figura 10a

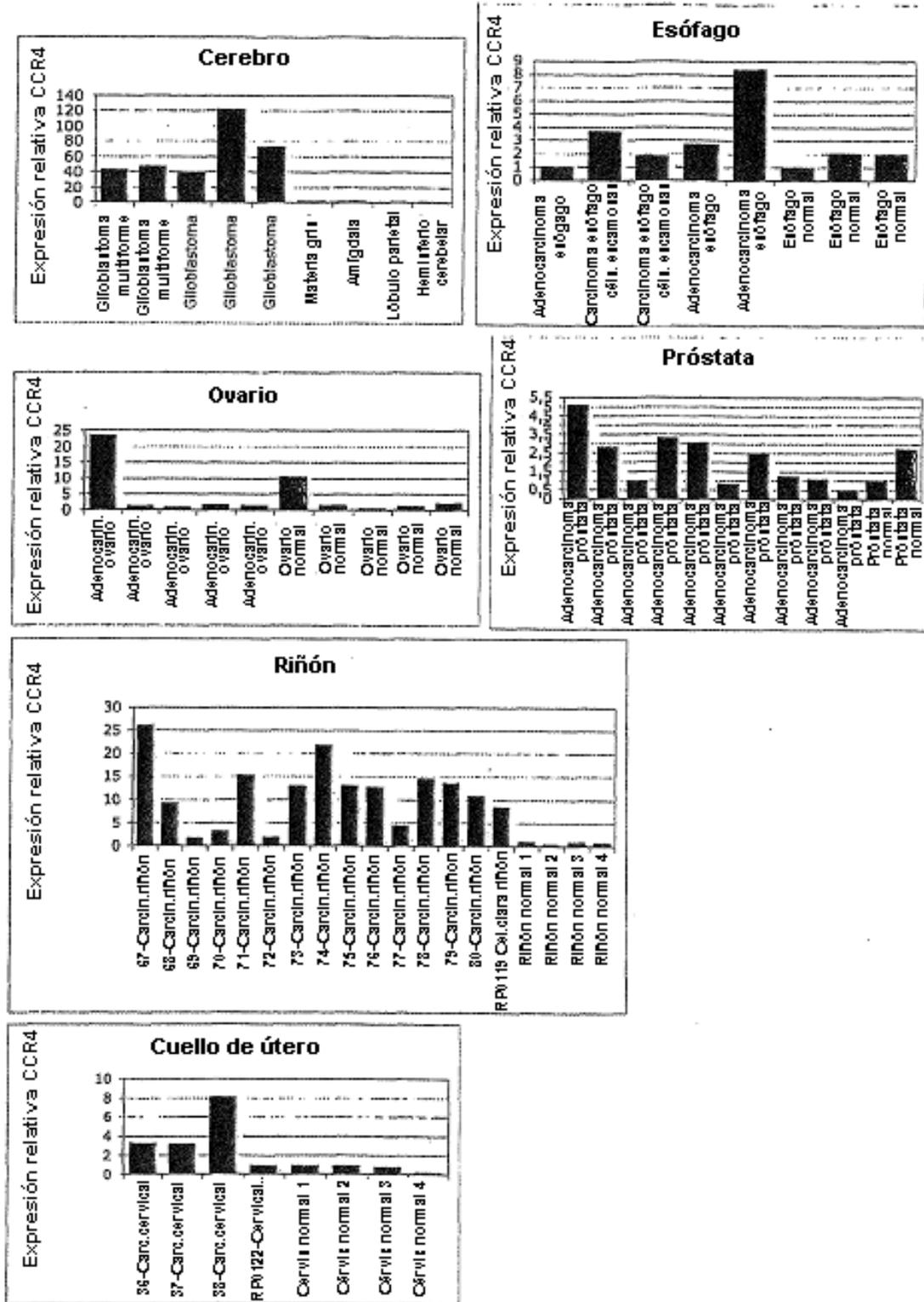
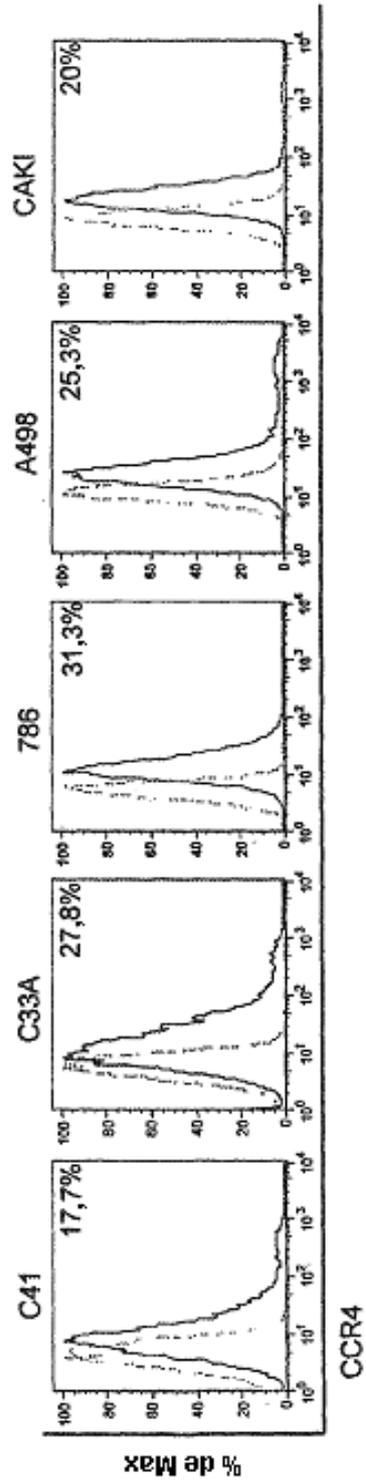
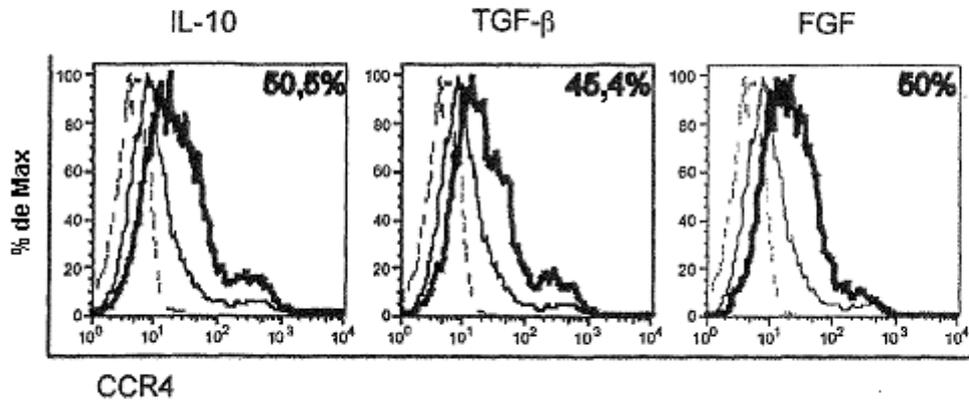




Figura 11



**Figura 12**



**Figura 13**

```

<400> 1
atgsaaccoca cggatatagc agataccaacc ctogatgaaa gcatatacag caattactat      60
ctgtatgaaa gtatccoccaa gccttgcacc aaagaaggca tcaaggcatt tggggagctc     120
ttctgcccc cactgtattc ettggttttt gtatttggtc tgcttgaaa ttctgtggtg     180
gtctggtcc tgttcaaata caagcggctc aggtccatga ctgatgtgta cctgctcaac     240
cttgccatct cggatctgct ctctgtgtt tccctccctt ttggggcta ctatgcagca     300
gaccagtggg tttttgggct aggtctgtgc aagatgattt cctggatgta cttggtgggc     360
ttttacagtg gcatattctt tgtcatgctc atgagcattg atagatacct ggcgatagtg     420
cacgcggtgt tttccttgag ggcaaggacc ttgacttatg ggtcactcac cagtttggct     480
acatggtcag tggctgtgtt cgcctccctt cctggctttc tgttcagcac ttgttatact     540
gagcgcaacc atacctactg caaaaccaag tactctctca actccacgac gtggaagctt     600
ctcagctccc tggaaatcaa cattctcgga ttggtgatcc ccttagggat catgctgttt     660
tgotactcca tgatcatcag gaccttgccg cattgtaaaa atgagaaga gacsaaggcg     720
gtgaagatga tctttgcogt ggtggtctc ttccttgggt tctggacacc ttacaacata     780
gtgctcttcc tagagaccct ggtggagcta gaagtccttc aggactgca ctttgaaga     840
tacttggact atgcatcca ggccacagaa actctggctt ttgttcactg ctgccttaat     900
cccatcatct acttttttct gggggagaaa ttctgcaagt acatcctaca gctcttcaa     960
aactgcaggg gcctttttgt gctctgcaa tactgtgggc tctccaaat ttactctgct    1020
gacaccccca gctcatctta cagcagctc accatggatc atgatcttca tgatgctctg    1080
tag                                                                 1083

```