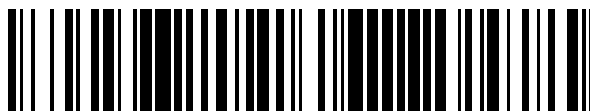


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 629 747**

51 Int. Cl.:

C12N 15/113 (2010.01)

A61K 31/7088 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **21.09.2001 E 14176300 (3)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **19.04.2017 EP 2801618**

54 Título: **Inducción de la omisión de exones en células eucarióticas**

30 Prioridad:

21.09.2000 EP 00203283

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

14.08.2017

73 Titular/es:

**ACADEMISCH ZIEKENHUIS LEIDEN (100.0%)
Albinusdreef 2
2333 ZA Leiden, NL**

72 Inventor/es:

**VAN OMMEN, GARRIT-JAN BOUDEWIJN;
VAN DEUTEKOM, JUDITH CHRISTINA
THEODORA y
DEN DUNNEN, JOHANNES THEODORUS**

74 Agente/Representante:

ELZABURU, S.L.P

ES 2 629 747 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

Inducción de la omisión de exones en células eucarióticas

5 Considerando los rápidos avances de la investigación del genoma humano, los profesionales y la sociedad esperan que el futuro próximo nos traerá - además de la comprensión de mecanismos de enfermedad y diagnósticos afinados y confiables - también terapias para muchas enfermedades genéticas devastadoras.

Aunque se espera que para algunas enfermedades (por ejemplo, metabólicas) el avance en los conocimientos traerá terapias de pequeñas moléculas fácilmente administrables, es probable que en la mayor parte de los casos será por último requerida una u otra forma de terapia génica, es decir la corrección, adición o el reemplazo del producto génico defectuoso.

10 En los últimos años, la investigación y el desarrollo en este campo ha destacado varias dificultades técnicas que tienen que ser superadas, por ejemplo, lo relacionado con el gran tamaño de muchos genes implicados en enfermedades genéticas (limitando la elección de sistemas convenientes para administrar el gen terapéutico), la accesibilidad del tejido en el cual el gen terapéutico debe funcionar (requiriendo el diseño de técnicas de reconocimiento específicas, físicamente por inyección restringida o biológicamente, desarrollando sistemas con afinidades específicas de tejido) y la seguridad frente al paciente del sistema de administración. Estos problemas están hasta cierto punto interrelacionados y puede ser concluido de forma general que cuanto más pequeño sea el agente terapéutico, más fácil será desarrollar sistemas de administración eficientes, dirigibles y seguros.

20 La presente invención se refiere a este problema mediante la inducción de las llamadas omisiones de exón en las células. Las omisiones de exón dan como resultado un mARN maduro que no contiene el exón omitido y así, cuando dicho exón codifica para aminoácidos puede conducir a la expresión de un producto modificado. La tecnología de omisión de exón se dirige actualmente hacia el uso de los denominados 'oligonucleótidos antisentido' (ONA). La mayor parte de este trabajo se hace en el modelo de ratón mdx para la distrofia muscular de Duchenne (DMD). El ratón mdx, que lleva una mutación sin sentido en el exón 23 del gen de la distrofina, ha sido usado como un modelo animal de la distrofia muscular de Duchenne (DMD). A pesar de la mutación mdx, que debería impedir la síntesis de una proteína de distrofina funcional, rara y que se da naturalmente, se han observado fibras con niveles positivos de distrofina en el tejido muscular mdx. Se piensa que estas fibras distrofina-positivas se han generado de un mecanismo de omisión de exon aparentemente natural, debido a mutaciones somáticas o por empalme alternativo. Los ONA dirigidos, respectivamente, a los sitios de empalme 3' y 5' de los intrones 22 y 23 en pre-mARN de distrofina, se ha demostrado que interfieren con factores normalmente implicados en la eliminación del intron 23 de modo que también el exón 23 fue eliminado del mARN (Wilton, 1999). En un estudio similar, Dunckley *et al.* (1998) mostraron que la omisión de exón usando ONA dirigidos a los sitios de empalme 3' y 5' puede tener resultados inesperados. Ellos observaron la falta de no sólo el exón 23 sino también de los exones 24-29 causando así un mARN que contenía una unión del 30 exón - exón 22. No se conoce el mecanismo subyacente para la aparición de la variante de empalme 22-30 inesperada. Podría ser debido a que los sitios de empalme contienen secuencias consenso que conducen a una hibridación promiscua del oligo usado para dirigir la omisión de exón. La hibridación del oligo a otros sitios de empalme que los sitios del exón que se omite podría interferir fácilmente por supuesto con la exactitud del proceso de empalme. Por otra parte, podría carecerse de exactitud debido a que tienen que ser usados los dos oligos (para el sitio de empalme 5' y 3'). El pre-mARN que contiene uno pero no el otro oligo podría tender a variantes de empalme inesperadas. Para superar estos y otros problemas la presente descripción proporciona un método para dirigir el empalme de un pre-mARN en un sistema capaz de realizar una operación de empalme que comprende poner en contacto dicho pre-mARN en dicho sistema con un agente capaz de inhibir expresamente una señal de inclusión de exón de al menos un exón en dicho pre-mARN, comprendiendo además dicho método permitir el empalme de dicho pre-mARN. La interferencia con una señal de inclusión de exón (SIE) tiene la ventaja de que tales elementos se localizan dentro del exón. Proporcionando un oligo antisentido para el interior del exón que se omite, es posible interferir con la señal de inclusión de exón enmascarando así con eficacia el exón del aparato de empalme. El fallo del aparato de empalme para reconocer al exón que falta conduce así a la exclusión del exón del mARN final. La presente descripción no interfiere directamente con el proceso enzimático de la maquinaria de empalme (la unión de los exones). Se piensa que esto permite que el método sea más robusto y fiable. Se piensa que una SIE es una estructura particular de un exón que permite empalmar al aceptador y al donador para asumir una conformación espacial particular. En este concepto, es la conformación espacial particular la que permite que la maquinaria de empalme reconozca el exón. Sin embargo, la descripción no se limita ciertamente a este modelo. Se ha encontrado que los agentes capaces de unirse a un exón pueden inhibir a una SIE. Pueden ponerse en contacto expresamente agentes con dicho exón en cualquier punto y ser capaces todavía de inhibir expresamente dicha SIE. Dicho mARN puede ser útil por sí mismo. Por ejemplo, la producción de una proteína no deseada puede ser, al menos en parte, reducida inhibiendo la inclusión de un exón requerido en el mARN. Preferentemente, un método de la invención comprende además permitir la traducción del mARN producido a partir del empalme de dicho pre-mARN. Preferentemente, dicho mARN codifica una proteína funcional. En una realización preferida, dicha proteína comprende dos o más dominios, en la que al menos uno de dichos dominios es codificado por dicho mARN como resultado de omitir al menos parte de un exón en dicho pre-mARN. La omisión del exón típicamente, aunque no sea necesariamente de importancia para las proteínas en la configuración tipo silvestre, teniendo al menos dos dominios funcionales que cada uno realiza una función, en el que dichos dominios

se generan a partir de partes distintas de la secuencia de aminoácidos primaria. Un ejemplo es, por ejemplo, los factores de transcripción. Típicamente, estos factores comprenden un dominio de unión de DNA y un dominio que se relaciona con otras proteínas en la célula. La omisión de un exón que codifica una parte de la secuencia de aminoácidos primaria que está entre estos dos dominios puede conducir a una proteína más corta que comprenda la misma función, al menos en parte. Así, las mutaciones perjudiciales en esta región intermediaria (por ejemplo, mutaciones de cambio de marco o de terminación) pueden ser, al menos en parte, reparadas induciendo la omisión de exón para permitir la síntesis de la proteína funcional más corta (en parte). Usando un método de la invención también es posible inducir la omisión parcial del exón. En esta realización, dicha puesta en contacto causa la activación de un sitio de empalme críptico en un exón puesto en contacto. Esta realización aumenta el potencial para la manipulación del pre-mARN conduciendo a una proteína funcional. Preferentemente, dicho sistema comprende una célula. Preferentemente, dicha célula es cultivada *in vitro* o en el organismo *in vivo*, típicamente aunque no necesariamente dicho organismo comprende a un ser humano o a un ratón.

En una realización preferida, la descripción proporciona un método para, al menos en parte, disminuir la producción de una proteína aberrante en una célula, comprendiendo dicha célula pre-ARNm que comprende exones que codifican dicha proteína, comprendiendo el método proporcionar a dicha célula un agente capaz de inhibir específicamente una señal de inclusión de exón de al menos uno de dichos exones, comprendiendo además el método permitir la traducción de ARNm producido por el empalme de dicho pre-ARNm.

Puede usarse para la presente descripción cualquier agente capaz de inhibir específicamente una señal de exclusión de exón. Preferiblemente dicho agente comprende un ácido nucleico o su equivalente funcional. Preferiblemente, pero no necesariamente, dicho ácido nucleico está en una forma de cadena sencilla. El ácido nucleico peptídico y otras moléculas que comprenden las mismas características de unión del ácido nucleico en tipo, no necesariamente en cantidad, son equivalentes adecuados. El ácido nucleico o su equivalente puede comprender modificaciones que proporcionen una funcionalidad adicional. Por ejemplo, pueden usarse 2'-O-metil-oligonucleótidos. Estos ribonucleótidos son más resistentes frente a la acción de RNAsa que los oligonucleótidos convencionales.

En una realización preferida de la invención, dicha señal de inclusión del exón es interferida por un ácido nucleico anti-sentido dirigido a una secuencia de reconocimiento de exón (SRE). Estas secuencias son relativamente ricas en purina y pueden ser distinguidas escudriñando la información de la secuencia del exón que se omite (Tanaka *et al.*, 1994 *Mol Cell Biol.* **14**: p. 1347-1354). Se piensa que las secuencias de reconocimiento de exón ayudan a la inclusión en el mARN de los llamados exones débiles (Achsel *et al.*, 1996; *J. Biochem.* **120**: p. 53-60). Estos exones débiles comprenden, por ejemplo, sitios de empalme 5' y/o 3' que son menos eficazmente reconocidos por la maquinaria de empalme. En la presente invención se ha encontrado que la omisión del exón también puede ser inducida en los llamados exones fuertes, es decir, exones que son normalmente reconocidos eficazmente por la maquinaria de empalme de la célula. A partir de cualquier secuencia dada es (casi) siempre posible predecir si la secuencia comprende supuestos exones y determinar si estos exones son fuertes o débiles. Existen varios algoritmos para determinar la fuerza de un exón. Un algoritmo útil puede ser encontrado en el servidor de predicción de sitios de empalme NetGene2 (Brunak, *et al.*, 1991; *J Mol Biol* **220**: p. 49-65). La omisión del exón por los medios de la invención puede ser inducida en (casi) todo exón, independiente de si dicho exón es un exón débil o un exón fuerte y también independientemente de si dicho exón comprende una SRE. En una realización preferida, un exón que es reconocido para la omisión es un exón fuerte. En otra realización preferida, un exón reconocido para la omisión no comprende a una SRE.

Los métodos de la descripción pueden ser usados desde muchos puntos de vista. En una realización, se usa un método de la descripción para disminuir, al menos en parte, la producción de una proteína aberrante. Tales proteínas pueden ser, por ejemplo, onco-proteínas o proteínas virales. En muchos tumores no sólo la presencia de una onco-proteína sino también el nivel relativo de expresión han sido asociados al fenotipo de la célula tumoral. Del mismo modo, no sólo la presencia de proteínas virales sino también la cantidad de la proteína viral en una célula determinan la virulencia de un virus particular. Además, para una multiplicación eficiente y extendida de un virus el tiempo de respuesta de expresión en el ciclo vital y el balance en la cantidad de ciertas proteínas virales en una célula determina si los virus son eficazmente o ineficazmente producidos. Utilizando un método de la descripción es posible reducir la cantidad de proteína aberrante en una célula tal que, por ejemplo, una célula tumoral se hace menos tumorigénica (metastásica) y/o una célula infectada de un virus produce menos virus.

En una realización preferida, se usa un método de la descripción para modificar dicha proteína aberrante en una proteína funcional. En una realización, dicha proteína funcional es capaz de realizar una función de una proteína normalmente presente en una célula, pero ausente en las células que se tratan. Muy a menudo incluso la restauración parcial de la función causa un comportamiento considerablemente mejor de la célula así tratada. Debido al mejor comportamiento, tales células también pueden tener una ventaja selectiva respecto a células no modificadas ayudando así a la efectividad del tratamiento.

Este aspecto de la descripción es, en particular, adecuado para la restauración de la expresión de genes defectuosos. Esto se consigue causando la omisión específica de exones reconocidos, para así evitar o corregir

mutaciones deletéreas (típicamente mutaciones de terminación o mutaciones de punto de desplazamiento de marco, deleciones de exón simple o múltiple o inserciones que conducen a la terminación de la traducción).

Comparado con las estrategias de introducción de genes, esta nueva forma de terapia génica de la modulación del empalme requiere la administración de reactivos terapéuticos mucho más pequeños, típicamente, pero no limitado a, 14-40 nucleótidos. En una realización preferida, son usadas moléculas de 14-25 nucleótidos ya que estas moléculas son más fáciles de producir y de entrar en la célula con más eficacia. Los métodos de la invención permiten mucho más flexibilidad en el diseño subsecuente de sistemas de administración eficaces y seguros. Una ventaja adicional importante de este aspecto de la invención consiste en que restaura (al menos algo de) la actividad del gen endógeno, que todavía posee la mayor parte o toda su circuitería génica reguladora, asegurando así niveles de expresión apropiados y la síntesis de isoformas específicas de tejido.

Este aspecto de la descripción puede ser, en principio, aplicado a cualquier enfermedad genética o predisposición genética a la enfermedad, en la que la omisión reconocida de exones específicos restauraría el marco de lectura translacional cuando éste haya sido interrumpido por la mutación original, a condición de que la traducción de una proteína interna ligeramente más corta sea todavía totalmente o parcialmente funcional. Las realizaciones preferidas para las cuales esta aplicación puede tener valor terapéutico son: la predisposición a segundas mutaciones de golpe en genes supresores de tumores, por ejemplo, las implicadas en el cáncer de mama, cáncer de colon, esclerosis tuberosa, neurofibromatosis etc., - donde la restauración (parcial) de la actividad impediría la manifestación de nulosomía por segundas mutaciones de golpe y así protegería contra la tumorigenesis. Otra realización preferida implica la restauración (parcial) de productos génicos defectuosos que tienen un efecto directo que causa una enfermedad, por ejemplo, la hemofilia A (deficiencia del factor VIII de coagulación, algunas formas de hipotiroidismo congénito (debido a la deficiencia de la síntesis de tiroglobulina) y la Distrofia Muscular de Duchenne (DMD), en la cual las deleciones de desplazamiento de marco, mutaciones de copias y de terminación en el gen de distrofina ligado a X causan una degradación del músculo severa y progresiva. La DMD es típicamente letal en la adolescencia tardía o en la adultez temprana, mientras que las deleciones de no desplazamiento de marco o las copias en el mismo gen causan la distrofia muscular de Becker (DMB) de mucha menor intensidad, compatible con una esperanza de vida de entre 35-40 y normal. En la realización según se aplica a DMD, la presente invención permite la omisión del exón para ampliar una deleción existente (o cambiar el producto de mRNA de una copia existente) por tantos exones adyacentes como se requiera para restaurar el marco de lectura y generar una proteína ligeramente acortada internamente, pero todavía funcional. Basado en síntomas clínicos de mucha menor intensidad de pacientes con DMB con el equivalente de esta deleción inducida, la enfermedad en los pacientes con DMD tendría un curso de mucha menor intensidad después de la terapia con ONA.

Muchas mutaciones diferentes en el gen de distrofina pueden conducir a una proteína disfuncional. (Para un inventario completo véase <http://www.dmd.nl>, la base de datos internacionalmente aceptada para la DMD y desórdenes relacionados.) El exón preciso que se omita para generar una proteína de distrofina funcional varía de mutación a mutación. La tabla 1 comprende una lista no restrictiva de exones que puede ser omitidos y enumerados para los exones mencionados algunas mutaciones del gen de distrofina que se dan con más frecuencia que han sido observadas en seres humanos y que pueden ser tratadas con un método de la invención. La omisión del exón mencionado conduce a un mutante de la proteína distrofina que comprende al menos la funcionalidad de un mutante de Becker. Así, en una realización, la descripción proporciona un método de la descripción en el que dicha señal de inclusión de exón está presente en los números de exón 2, 8, 19, 29, 43, 44, 45, 46, 50, 51, 52 ó 53 del gen de distrofina humano. La aparición de ciertas variaciones de deleción/inserción es más frecuente que otras. En la presente descripción se encontró que induciendo la omisión del exón 46 con un medio o un método de la invención aproximadamente pueden ser tratados el 7 % de pacientes que contienen la deleción de DMD, causando que dichos pacientes tengan fibras musculares positivas de distrofina. Induciendo la omisión del exón 51, pueden ser tratados aproximadamente el 15 % de pacientes que contienen la deleción de DMD con un medio o método de la invención. Tal tratamiento causará que el paciente tenga al menos algunas fibras positivas de distrofina. Así, con la omisión del exón 46 ó 51 aproximadamente usando un método de la invención aproximadamente pueden ser tratados el 22 % de los pacientes que contienen una deleción en el gen de distrofina. Así, en una realización preferida de la invención dicha señal de exclusión de exón está presente en el exón 46 o el exón 51. En una realización preferida y particular dicho agente comprende una secuencia de ácidos nucleicos según hONA N° 4, hONA N° 6, hONA N° 8, hONA N° 9, hONA N° 11 y/o uno o varios de hONA N° 21-30 o una parte funcional, derivado y/o análogo de dicho hONA N°. Una parte funcional, derivada y/o análoga de dichos hONA N° comprenden la misma actividad de omisión del exón en clase, en un método de la invención, no necesariamente en cantidad.

Puede ser ventajoso inducir la omisión del exón de más de un exón en el pre-mARN. Por ejemplo, considerando la amplia variedad de mutaciones y la naturaleza fija de las longitudes del exón y la secuencia de aminoácidos flanqueante a tales mutaciones, puede darse la situación de que para la restauración de la función más de un exón tenga que ser omitido. Un ejemplo, preferido pero no limitante, de tal caso en la base de datos de deleción de DMD es una deleción 46-50. Los pacientes que comprenden una deleción 46-50 no producen distrofina funcional. Sin embargo, puede ser generada una distrofina funcional, al menos parcialmente, induciendo la omisión tanto del exón 45 como del exón 51. Otro ejemplo preferido pero no restrictivo es en pacientes que comprenden una copia del exón 2. Proporcionando un agente capaz de inhibir una SIE del exón 2, es posible omitir en parte uno o ambos exones dos, regenerando así la proteína tipo silvestre, cerca de la proteína omitido el exón dos truncado o doble. Otro

ejemplo preferido pero no restrictivo es omitir los exones del 45 al 50. Esto genera una variante en marco tipo Becker. Esta variante tipo Becker puede ser generada para curar cualquier mutación localizada en los exones 45, 46, 47, 48, 49, y/o 50 o sus combinaciones. En un aspecto la invención proporciona por lo tanto un método de la invención que comprende además proveer dicha célula con otro agente capaz de inhibir una señal de inclusión del exón en otro exón de dicho pre-mARN. Por supuesto, está completamente dentro del ámbito de la invención usar a dos o más agentes para la inducción de la omisión del exón en pre-mARN de dos o más genes diferentes.

En otro aspecto, la descripción proporciona un método para seleccionar a los agentes convenientes para la terapia de empalme y su validación como agentes de omisión de exón específicos en experimentos pilotos. Se proporciona un método para determinar si un agente es capaz de inhibir expresamente una señal de inclusión del exón de un exón, que comprende proporcionar una célula que tiene un pre-mARN que contiene dicho exón, con dicho agente, cultivar dicha célula para permitir la formación de un mARN a partir de dicho pre-mARN y determinar si dicho exón está ausente en dicho mARN. En una realización preferida, dicho agente comprende el ácido nucleico o su equivalente funcional, comprendiendo dicho ácido nucleico la complementariedad a una parte de dicho exón. Los agentes capaces de inducir la omisión del exón específica pueden ser identificados con un método de la descripción. Es posible incluir una preantalla para agentes para la primera identificación si dicho agente es capaz de unirse con una afinidad relativamente alta al ácido nucleico que contiene el exón, preferentemente al ARN. Para este fin, se proporciona un método para determinar si un agente es capaz de inhibir expresamente una señal de inclusión del exón de un exón, que comprende además primero determinar *in vitro* la afinidad de unión relativa de dicho ácido nucleico o su equivalente funcional a una molécula de ARN que comprende dicho exón.

En otro aspecto más, se proporciona un agente que es obtenible por un método de la descripción. En una realización preferida dicho agente comprende el ácido nucleico o su equivalente funcional. Preferentemente dicho agente, cuando se usa para inducir la omisión del exón en una célula, es capaz de al menos reducir en parte la cantidad de proteína aberrante en dicha célula. Más preferentemente, dicha omisión del exón causa un mARN que codifica una proteína que es capaz de realizar una función en dicha célula. En una realización, en particular preferida, dicho pre-mARN es derivado de un gen de distrofina. Preferentemente, dicha proteína funcional comprende a una proteína de distrofina mutante o normal. Preferentemente, dicha proteína de distrofina mutante comprende al menos la funcionalidad de una proteína de distrofina en un paciente de Becker. En una realización, en particular preferida, dicho agente comprende la secuencia de ácidos nucleicos de hONA N° 4, hONA N° 6, hONA N° 8, hONA N° 9, hONA N° 11 y/o uno o varios de hONA N° 21-30 o una parte funcional, derivada y/o análoga de dicho hONA N°. Una parte funcional, derivada y/o análoga de dichos hONA N° comprende la misma actividad de omisión de exón en clase, en un método de la invención, no necesariamente en cantidad.

La técnica describe muchos modos para administrar agentes a células. En particular, se han desarrollado extensamente métodos para administrar ácidos nucleicos. El experto en la técnica es muy capaz de determinar si un método de administración es conveniente para realizar la presente invención. En un ejemplo no restrictivo dicho método incluye la introducción de un agente de la invención en liposomas, siendo proporcionados dichos liposomas a células que comprenden un pre-mARN diana. Los liposomas son en particular adecuados para la administración de ácidos nucleicos a células. Las moléculas antisentido capaces de inducir la omisión del exón pueden ser producidas en una célula bajo la administración del ácido nucleico que contiene una unidad de transcripción que produce el ARN antisentido. Los ejemplos no restrictivos de unidades de transcripción convenientes son ARN nuclear pequeño (SNRP) o unidades de transcripción tARN. La invención por lo tanto proporciona además un vehículo de suministro de ácidos nucleicos que comprende un ácido nucleico o su equivalente funcional de la invención capaz de inhibir una señal de inclusión de exón. En una realización, dicho vehículo de suministro es capaz de expresar dicho ácido nucleico de la invención. Por supuesto, en el caso de que, por ejemplo, sean usados virus monocatenarios como vehículo, está completamente dentro del ámbito de la invención cuando tal virus comprende sólo la secuencia antisentido de un agente de la invención. En otra realización de ONA de virus monocatenarios de la invención son codificados por ARN nuclear pequeño o unidades de transcripción tARN en nucleico viral encapsulado por el virus como vehículo. Un virus monocatenario preferido es el virus adeno-asociado.

En otra realización más, la invención proporciona el uso de un ácido nucleico o un vehículo de suministro de ácidos nucleicos de la invención para la preparación de un medicamento. En una realización preferida dicho medicamento es usado para el tratamiento de una enfermedad heredada. Más preferentemente, dicho medicamento es usado para el tratamiento de la Distrofia Muscular de Duchenne.

Breve descripción de los dibujos

Figura 1. La delección del exón 45 es una de las mutaciones DMD más frecuentes. Debido a esta delección el exón 44 es empalmado al exón 46, el marco de lectura de translación es interrumpido, y un codon de terminación es creado en el exón 46 conduciendo a una deficiencia de distrofina. El objetivo de los inventores es inducir artificialmente la omisión de un exón adicional, el exón 46, a fin de restablecer el marco de lectura y restaurar la síntesis de una proteína de distrofina, ligeramente más corta, pero en gran parte funcional, como se encuentra en los pacientes afectados de distrofia muscular de Becker de mucho de menor intensidad afectados por una delección tanto de los exones 45 y 46.

Figura 2. El exón 46 contiene una región rica en purina que se supone que tiene un papel potencial en la regulación de su empalme en el pre-mARN. Una serie de oligo-ribonucleótidos antisentido (ONA) de 2'O-metil-fosforotioato sobrelapantes fue diseñada dirigida a esta región rica en purina en el exón 46 de distrofina de ratón. Los ONA difieren tanto en su longitud como en su secuencia. Las modificaciones químicas dan ONA resistentes a endonucleasas y RNAsaH dentro de las células musculares. Para determinar la eficacia de la transfección en los estudios *in vitro* de los inventores, los ONA contenían un grupo 5'fluoresceína que permitía la identificación de células ONA-positivas.

Figura 3. Para determinar la afinidad de unión de los diferentes ONA al ARN del exón 46 diana, los inventores realizaron ensayos de cambio de movilidad de gel. En esta figura, son mostrados los cinco mONA (mONA N° 4, 6, 8, 9 y 11) con afinidad más alta para el ARN diana. En la unión de los ONA al ARN, se forma un complejo que muestra una movilidad de gel retrasada como puede ser determinado por el desplazamiento de la banda. La unión de los ONA a la diana fue específica a la secuencia. Un mONA aleatorio, es decir, no específico para el exón 46, no generó un desplazamiento de la banda.

Figura 4. Los ONA específicos de ratón y humano que mostraron la afinidad de unión más alta en los ensayos de cambio de movilidad de gel fueron transfectados en cultivos de miotubo de ratón y humano. (A) El análisis RT-PCR mostró un producto truncado, cuyo tamaño correspondió al exón 45 directamente empalmado al exón 47, en los cultivos celulares de ratón en la transfección con los diferentes mONA N° 4, 6, 9, y 11. Ninguna omisión del exón 46 fue detectada después de la transfección con un ONA aleatorio. (B) El análisis RT-PCR en los cultivos de célula de músculo humano derivados de un individuo no afectado (C) y dos pacientes con DMD no relacionados (P1 y P2) reveló productos truncados en la transfección con hONA N° 4 y hONA N° 8. En el control este producto correspondió al exón 45 empalmado al exón 47, mientras que en los pacientes el tamaño del fragmento correspondió al exón 44 empalmado al exón 47. No fue detectada ninguna omisión del exón 46 en los cultivos de célula no transfectadas o después de la transfección con hONA aleatorio. Las eficiencias más altas de omisión del exón 46 fueron obtenidas con hONA N° 8.

Figura 5. Datos de secuencia de los productos RT-PCR obtenidos de pacientes DL279.1 (correspondientes a P1 en la Figura 4), que confirmaron la delección del exón 45 en este paciente (panel superior), y la omisión adicional del exón 46 después de la transfección con hONA N° 8 (panel inferior). La falta del exón 46 fue específica, y el exón 44 fue exactamente empalmado al exón 47 lo que restablece el marco de lectura de translación.

Figura 6. Análisis inmunohistoquímico del cultivo de célula de músculo del paciente DL279.1 bajo la transfección con hONA N° 8. Las células fueron sometidas a dos anticuerpos de distrofina diferentes generados contra diferentes regiones de la proteína, localizadas próximas (ManDys-1, ex. -31-32) y distales (Dys-2, ex. 77-79) del exón 46 diana. El panel inferior muestra la ausencia de una proteína de distrofina en los miotubos, mientras que la omisión inducida de hONA N° 8 del exón 46 restauró claramente la síntesis de una proteína de distrofina como se detecta por ambos anticuerpos (panel superior).

Figura 7:

(A) Análisis RT-PCR del ARN aislado de cultivos de célula de músculo de control humanas tratadas con hONA N° 23, N° 24, N° 27, N° 28 o N° 29. Un producto truncado, con un tamaño correspondiente al exón 50 empalmado al exón 52 fue detectado en células tratadas con hONA N° 23 y N° 28. El análisis de secuencia de estos productos confirmó la omisión precisa del exón 51 (B). Un producto de empalme aberrante adicional fue obtenido en células tratadas con hONA N° 28 y N° 29. El análisis de secuencia reveló la utilización de un sitio de empalme críptico en marco dentro del exón 51 que se usa en una frecuencia baja bajo el tratamiento de ONA. El producto generado, incluyó un exón 51 parcial que también tenía un marco de lectura restaurado, confirmando así además el valor terapéutico.

Figura 8

(A) Los ensayos de cambio de movilidad de gel fueron realizados para determinar la afinidad de unión de los diferentes h29ONA N° para el ARN diana del exón 29. Cuando se comparaba al ARN no hibridado (ninguno), h29ONA N° 1, N° 2, N° 4, N° 6, N° 9, N° 10 y N° 11 generaban complejos con movilidades de gel inferiores, indicando su unión al ARN. Un ONA aleatorio derivado del exón 19 de distrofina no generó un complejo. (B) El análisis RT-PCR del ARN aislado de cultivos de célula de músculo control humanos tratadas con h29ONA N° 1, N° 2, N° 4, N° 6, N° 9, N° 10 o N° 11 reveló un producto truncado cuyo tamaño correspondió al exón 28 empalmado al exón 30. Estos resultados indican que el exón 29 puede ser omitido expresamente usando los ONA dirigidos a secuencias dentro (h29ONA N° 1, N° 2, N° 4 o N° 6) o fuera (h29ONA N° 9, N° 10 o N° 11) de la SRE supuesta en el exón 29. Un producto de empalme aberrante adicional fue observado que resultó de omitir tanto el exón 28 como el exón 29 (confirmado por datos de secuencia no mostrados). Aunque este producto estuviera también presente en células no tratadas, sugiriendo que este acontecimiento de omisión alternativo pueda ocurrir naturalmente, fue realizado por el tratamiento de ONA. El ONA 19, derivado del exón 19 de distrofina, no indujo la omisión del exón 29 (C). La omisión específica del exón 29 fue confirmada por datos de secuencia de los fragmentos RT-PCR truncados. Aquí se muestra la secuencia obtenida del producto de omisión del exón 29 en células tratadas con h29ONA N° 1.

Figura 9

(A) Análisis de RT-PCR del ARN aislado de músculos gemelos de la pierna de ratón dos días después de la inyección de 5, 10 ó 20 μ g de mONA N° 4, N° 6 o N° 11. Los productos truncados, con un tamaño correspondiente al exón 45 empalmado al exón 47, fueron detectados en todos los músculos tratados. Las muestras -RT, -ARN, AD-1, y AD-2 fueron analizadas como controles negativos para las reacciones RT-PCR. (B) El análisis de secuencia de los productos truncados generados por mONA N° 4 y N° 6 (y N° 11, no mostrado) confirmó la precisa omisión del exón 46.

EJEMPLOS

Ejemplo de referencia 1

Ya que el exón 45 es uno de los exones que son delecionados con más frecuencia en DMD, al principio los inventores se dirigieron a la inducción de la omisión específica del exón 46 (Fig. 1). Esto produciría una distrofina, en gran parte funcional, más corta encontrada en pacientes con DMB que llevan una deleción de los exones 45 y 46. El sistema fue al principio establecido para la modulación del empalme de pre-mARN de distrofina del gen de distrofina de ratón. Más tarde, los inventores aspiraron a trabajar con el gen de distrofina humano con la intención de restaurar el marco de lectura de translación y la síntesis de distrofina en células de músculo de pacientes afectados con DMD por una deleción del exón 45.

Diseño de los mONA y hONA

Fue diseñada una serie de ONA específicos de ratón y humano (mONA y hONA), dirigida a una parte interna del exón 46 que contiene una extensión de secuencias ricas en purina y que se supone que tienen un supuesto papel regulador en el proceso de empalme del exón 46 (Fig. 2). Para el rastreo inicial de los ONA en los ensayos de cambio de movilidad de gel (véase más abajo), los inventores usaron oligonucleótidos de DNA no modificados (sintetizados por EuroGentec, Bélgica). Para los experimentos de transfección real en células de músculo, los inventores usaron oligo-ribonucleótidos de 2'-O-metilo-fosforotioato (también sintetizado por EuroGentec, Bélgica). Estos oligonucleótidos de ARN modificados son conocidos por ser resistentes a las endonucleasas y RNasaH, y por unirse al ARN con afinidad alta. Las secuencias de aquellos ONA que fueron eficaces finalmente y que fueron aplicados en células de músculo *in vitro* son mostradas más abajo. Los ONA correspondientes específicos de ratón y humano son muy homólogos, pero no completamente idénticos.

El listado de más abajo se refiere a la forma desoxi usada para las pruebas, en los ribonucleótidos 2-O-metilo usados finalmente todas las T deberían ser leídas como U.

30 mONA N° 2: 5'GCAATGTTATCTGCTT
 mONA N° 3: 5'GTTATCTGCTTCTTCC
 mONA N° 4: 5'CTGCTTCTTCCAGCC
 mONA N° 5: 5'TCTGCTTCTTCCAGC
 mONA N° 6: 5'GTTATCTGCTTCTTCCAGCC
 35 mONA N° 7: 5'CTTTTAGCTGCTGCTC
 mONA N° 8: 5'GTTGTTCTTTTAGCTGCTGC
 mONA N° 9: 5'TTAGCTGCTGCTCAT
 mONA N° 10: 5'TTTAGCTGCTGCTCATCTCC
 mONA N° 11: 5'CTGCTGCTCATCTCC
 40
 hONA N° 4: 5'CTGCTTCTTCCAACC
 hONA N° 6: 5'GTTATCTGCTTCTTCCAACC
 hONA N° 8: 5'GCTTTTCTTTTAGTTGCTGC
 hONA N° 9: 5'TTAGTTGCTGCTCTT
 45 hONA N° 11: 5'TTGCTGCTCTTTTCC

Ensayos de cambio de movilidad de gel

La eficacia de los ONA es determinada por su afinidad de unión a la secuencia diana. No obstante, sin las recientes mejoras de los programas de simulación informática para la predicción del plegado del ARN, es difícil especular cuál de los ONA diseñados sería capaz de unirse a la secuencia diana con una afinidad relativamente alta. Por lo tanto, los inventores realizaron ensayos de cambio de movilidad de gel (según los protocolos descritos por Bruice *et al.*, 1997). El fragmento de ARN diana del exón 46 fue generado por la T7-transcripción *in vitro* a partir de un fragmento de la PCR (amplificado a partir de mRNA de músculo murino o humano utilizando un cebador sentido que contiene la secuencia del promotor T7) en presencia de 32P-CTP. La afinidad de unión de los ONA individuales (0,5 pmol) para los fragmentos de transcripción diana fue determinada por hibridación a 37°C durante 30 minutos y la subsecuente electroforesis con gel de poliacrilamida (del 8 %). Los inventores realizaron estos ensayos para el rastreo de los ONA específicos tanto de ratón como de humano (Fig. 3). Al menos 5 ONA específicos de ratón diferentes (mONA N° 4, 6, 8, 9 y 11) y cuatro ONA específicos de humano correspondientes (hONA N° 4, 6, 8 y 9) generaron un cambio de movilidad, demostrando su afinidad de unión para el ARN diana.

15 Transfección en cultivos de célula de músculo

Fueron seleccionados los ONA específicos del exón 46 que mostraron la afinidad de unión diana más alta en ensayos de cambio de movilidad de gel para el análisis de su eficacia en la inducción de la omisión en células de músculo *in vitro*. En todos los experimentos de transfección, los inventores incluyeron un ONA no específico como un control negativo para la omisión específica del exón 46. Como se menciona, el sistema se construyó primero en células de músculo de ratón. Los inventores usaron tanto cultivos de mioblastos proliferantes como de miotubos postmitóticos (expresión de niveles más altos de distrofina) derivados de la línea celular de músculo de ratón C2C12. Para los experimentos subsecuentes en cultivos de célula de músculo derivadas de humano, los inventores usaron cultivos de célula de músculo primarios aislados de biopsias de músculo de un individuo no afectado y dos pacientes con DMD no relacionados que llevaban una delección del exón 45. Estos cultivos heterogéneos contenían aproximadamente el 20-40 % de células miogénicas. Fueron transfectados los diferentes ONA (a una concentración de 1 μ M) en las células usando el polímero catiónico PEI (MBI Fermentas) a una proporción equivalente de 3. Los ONA transfectados en estos experimentos contenían un grupo 5'-fluoresceína lo que permitió a los inventores determinar las eficiencias de la transfección contando el número de núcleos fluorescentes. Típicamente, más del 60 % de células mostraron un consumo nuclear específico de los ONA. Para facilitar el análisis RT-PCR, el ARN fue aislado 24 horas después de la transfección usando ARNzol B (CamPro Scientific, Países Bajos).

RT-PCR y análisis de secuencia

El ARN fue retro-transcrito usando la polimerasa de *C. therm.* (Roche) y un cebador inverso específico del exón 48. Para facilitar la detección de la omisión del exón 46 de distrofina, el cDNA fue amplificado por dos rondas de la PCR, incluyendo una amplificación anidada usando cebadores en los exones 44 y 47 (para el sistema humano), o los exones 45 y 47 (para el sistema de ratón). En los cultivos de células de mioblasto y miotubo de ratón, los inventores detectaron un producto truncado del cual el tamaño correspondió al exón 45 directamente empalmado al exón 47 (Fig. 4). El análisis de secuencia subsecuente confirmó la omisión específica del exón 46 de éstos transcritos de distrofina de ratón. La eficacia de la omisión del exón fue diferente para los ONA individuales, mostrando mONA N° 4 y N° 11 las eficiencias más altas. Siguiendo estos resultados prometedores, los inventores se concentraron en la inducción de una modulación similar del empalme de distrofina en los cultivos de célula de músculo derivadas de humano. En consecuencia, los inventores detectaron un producto truncado en las células de músculo control, correspondiente al exón 45 empalmado al exón 47. De forma interesante, en las células de músculo derivadas del paciente fue detectado un fragmento más corto que consistía en el exón 44 empalmado al exón 47. La omisión específica del exón 46 de las transcripciones de distrofina humanas fue confirmada por los datos de secuencia. Esta modulación de empalme tanto del transcrito de distrofina de ratón y humano no fue ni observada en los cultivos de célula no transfectadas, ni en los cultivos transfectados con un ONA no específico.

Análisis inmunohistoquímico

Los inventores intentaron inducir la omisión del exón 46 en células de músculo de pacientes que llevaban una delección del exón 45, a fin de restaurar la traducción y la síntesis de una proteína de distrofina. Para detectar un producto de distrofina en la transfección con hONA N° 8, los dos cultivos de célula de músculo derivadas del paciente fueron sometidos a inmunocitoquímica usando dos anticuerpos monoclonales de distrofina diferentes (Mandys-1 y Dys2) generados contra los dominios de la proteína de distrofina localizados cerca y lejos de la región diana respectivamente. El análisis fluorescente reveló la restauración de la síntesis de distrofina en ambos cultivos de célula derivadas del paciente (Fig. 5). Aproximadamente al menos el 80 % de las fibras se tiñeron positivamente con distrofina en las muestras tratadas.

Los resultados de los inventores muestran, por primera vez, la restauración de la síntesis de distrofina del gen de DMD endógeno en células de músculo de pacientes con DMD. Esto es una prueba del principio de viabilidad de la modulación de reconocimiento del empalme de pre-mARN de distrofina con objetivos terapéuticos.

La omisión de reconocimiento del exón 51**Omisión simultánea de exones de distrofina**

5 La omisión de reconocimiento del exón 51. Los inventores demostraron la viabilidad de la modulación mediada por ONA del empalme del exón 46 de distrofina, en células de músculo de ratón y humanas *in vitro*. Estas conclusiones garantizaron otros estudios para evaluar los ONA como agentes terapéuticos para DMD. Ya que la mayor parte de las deleciones que causan DMD están agrupadas en dos puntos calientes de mutación, la omisión de reconocimiento de un exón particular puede restaurar el marco de lectura en serie de pacientes con mutaciones diferentes (véase la tabla 1). El exón 51 es un interesante exón diana. La omisión de este exón es terapéuticamente aplicable en pacientes que llevan deleciones que atraviesan el exón 50, los exones 45-50, exones 48-50, exones 49-50, exón 52, y los exones 52-63, que incluye un total del 15 % de pacientes de la base de datos de los inventores de Leiden.

15 Los inventores diseñaron una serie de diez ONA específicos humanos (hONA N° 21-30, véase más abajo) dirigidos a diferentes regiones ricas en purina dentro del exón 51 de distrofina. Estas extensiones ricas en purina sugirieron la presencia de un supuesto elemento regulador del empalme del exón que los inventores pretendieron bloquear a fin de inducir la eliminación de tal exón durante el proceso de empalme. Todos los experimentos fueron realizados según los protocolos que se describen para omitir el exón 46 (véase más arriba). Los ensayos de cambio de movilidad de gel fueron realizados para identificar a aquellos hONA con una afinidad de unión alta para el ARN diana. Los inventores seleccionaron cinco hONA que mostraron la afinidad más alta. Estos hONA fueron transfectados en cultivos de célula de músculo control humanas a fin de probar la viabilidad de la omisión del exón 51 *in vitro*. El ARN fue aislado 24 horas después de la transfección, y el cDNA fue generado usando un cebador inverso específico del exón 53 ó 65. La amplificación PCR de la región diana fue realizada usando diferentes combinaciones del cebador flanqueante al exón 51. La RT-PCR y el análisis de secuencia revelaron que los inventores fueron capaces de inducir la omisión específica del exón 51 de la transcripción de distrofina humana. Posteriormente los inventores transfectaron dos hONA (N° 23 en 29) que se mostraron que eran capaces de inducir la omisión del exón en seis cultivos de célula de músculo diferentes derivados de pacientes con DMD que llevaban una de las mutaciones mencionadas anteriormente. La omisión del exón 51 en estos cultivos fue confirmada por RT-PCR y análisis de secuencia (Fig. 7). Lo que es más importante, el análisis inmunohistoquímico, usando anticuerpos múltiples generados contra diferentes partes de la proteína distrofina, mostró en todos los casos que, debido a la omisión del exón 51, la síntesis de una proteína de distrofina fue restaurada.

hONA específicos del exón 51:

hONA N° 21: 5'CCACAGGTTGTGTCACCCAG

hONA N° 22: 5'TTTCCTTAGTAACCCACAGGTT

hONA N° 23: 5'TGGCATTCTAGTTTGG

35 hONA N° 24: 5'CCAGAGCAGGTACCTCCAACATC

hONA N° 25: 5'GGTAAGTTCTGTCCAAGCCC

hONA N° 26: 5'TCACCTCTGTGATTTTAT

hONA N° 27: 5'CCCTCTGTGATTTT

hONA N° 28: 5'TCACCCACCATCACCT

40 hONA N° 29: 5'TGATATCCTCAAGGTCACCC

hONA N° 30: 5'CTGCTTGATGATCATCTCGTT

Omisión simultánea de exones de distrofina múltiples.

45 La omisión de un exón adicional, tal como el exón 46 o el exón 51, restaura el marco de lectura para un número considerable de diferentes mutaciones de DMD. El rango de mutaciones para las cuales esta estrategia es aplicable puede ser ampliado por la omisión simultánea de más de un exón. Por ejemplo, en pacientes con DMD con una deleción del exón 46 al exón 50, sólo la omisión tanto de los exones flanqueantes de deleción 45 y 51 permite el reestablecimiento del marco de lectura de translación.

Omisión del exón independiente de SER, de referencia

Una mutación en el exón 29 conduce a la omisión de este exón en dos pacientes con distrofia muscular de Becker (Ginjaar *et al.*, 2000; *EJHG*, volumen 8, p. 793-796). Los inventores estudiaron la viabilidad de dirigir la omisión del exón 29 por el reconocimiento del sitio de la mutación por los ONA. La mutación se localiza en una extensión rica en purina que podría estar asociada a la actividad de SRE. Los inventores diseñaron una serie de ONA (véase más abajo) dirigidos a secuencias ambas dentro (de h29ONA N° 1 a h29ONA N° 6) y fuera (de h29ONA N° 7 a h29ONA N° 11) de la supuesta SRE. Los ensayos de cambio de movilidad de gel fueron realizados (como se describe) para identificar a los ONA con afinidad más alta para el ARN diana (Fig. 8). Posteriormente, fueron transfectados h29ONA N° 1, N° 2, N° 4, N° 6, N° 9, N° 10 y N° 11 en cultivos de miotubo humano control usando el reactivo de transfección PEI. El ARN fue aislado 24 horas después de la transfección, y el cDNA fue generado usando un cebador inverso específico del exón 31. La amplificación PCR de la región diana fue realizada usando diferentes combinaciones de cebador flanqueante al exón 29. Esta RT-PCR y el análisis de secuencia subsecuente (Fig. 8 B, C) revelaron que los inventores eran capaces de inducir la omisión del exón 29 del transcrito de distrofina humana. Sin embargo, los ONA que facilitaron esta omisión fueron dirigidos a secuencias tanto dentro como fuera de las supuestas SRE (h29ONA N° 1, N° 2, N° 4, N° 6, N° 9 y N° 11). Estos resultados sugieren que la omisión del exón 29 ocurre independientemente de si el exón 29 contiene una SRE y que por lo tanto la unión de los ONA al exón 29 inactivaba lo más probablemente una señal de inclusión del exón que una SRE. Esta prueba de la omisión del exón independiente de SRE puede ampliar la aplicabilidad global de esta terapia a exones sin las SRE.

h29ONA N° 1: 5'TATCCTCTGAATGTGCGCATC

h29ONA N° 2: 5'GGTTATCCTCTGAATGTGCGC

20 h29ONA N° 3: 5'TCTGTTAGGGTCTGTGCC

h29ONA N° 4: 5'CCATCTGTTAGGGTCTGTG

h29ONA N° 5: 5'GTCTGTGCCAATATGCG

h29ONA N° 6: 5'TCTGTGCCAATATGCGAATC

25 h29ONA N° 7: 5'TGTCTCAAGTTCCTC

h29ONA N° 8: 5'GAATTAATGTCTCAAGTTC

h29ONA N° 9: 5'TTAAATGTCTCAAGTTCC

h29ONA N° 10: 5'GTAGTTCCTCCAACG

h29ONA N° 11: 5'CATGTAGTTCCTCC

30 **Omisión del exón 46 inducido por ONA *in vivo* en tejido de músculo murino.**

Después de los prometedores resultados en células de músculo cultivadas, los inventores probaron los diferentes ONA específicos del exón 46 de distrofina de ratón *in vivo* inyectándolos, unidos a polietilenimina (PEI), en los músculos gemelos de la pierna de ratones control. Con mONA N° 4, N° 6 y N° 11, previamente se mostró que eran eficaces en células de músculo de ratón *in vitro*, los inventores fueron capaces de inducir la omisión del exón 46 en el tejido de músculo *in vivo* como se determina tanto por RT-PCR como por análisis de secuencia (Fig. 9). La omisión del exón 46 *in vivo* era dependiente de la dosis siendo la eficiencia más alta (hasta el 10 %) después de la inyección de 20 μ g por músculo por día durante dos días subsecuentes.

Referencias

Achsel *et al.*, 1996; *J. Biochem.* **120**; p. 53-60.

Bruice T. W. y Lima, W. F. (1997) *Biochemistry* **36** (16): páginas 5004-5019.

5 Brunak *et al.*, 1991; *J Mol Biol* **220**: p. 49-65.

Dunckley, MG. *et al.* (1998) *Human molecular genetics* **7**: páginas 1083-1090.

Ginjaar *et al.*, 2000; *EJHG*, volumen 8, p. 793-796

Mann *et al.*, 2001; *PNAS*, volumen **98**, páginas 42-47

Tanaka *et al.*, 1994 *Mol Cell Biol.* **14**: p. 1347-1354.

10 Wilton SD *et al.* (1999) *Neuromuscular disorders* **9**: páginas 330-338.

Los detalles y antecedentes de la Distrofia Muscular de Duchenne y las enfermedades relacionadas pueden ser encontrados en el sitio Web <http://www.dmd.nl>

Tabla 1

Exón que se omite	Terapéutica para deleciones de DMD-(exones)	Frecuencia en http://www.dmd.nl (%)
2	3-7	2
8	3-7	4
	4-7	
	5-7	
	6-7	
43	44	5
	44-47	
44	35-43	8
	45	
	45-54	
45	18-44	13
	46-47	
	44	
	46-48	
	46-49	
	46-51	
	46-53	
46	45	7
50	51	5
	51-55	

Exón que se omite	Terapéutica para deleciones de DMD-(exones)	Frecuencia en http://www.dmd.nl (%)
51	50	15
	45-50	
	48-50	
	49-50	
	52	
	52-63	
52	51	3
	53	
	53-55	
53	45-52	9
	48-52	
	49-52	
	50-52	
	52	

Aspectos y realizaciones de la descripción

5 En un primer aspecto se proporciona un método para dirigir el empalme de un pre-ARNm en un sistema capaz de realizar una operación de empalme que comprende poner en contacto dicho pre-ARNm en dicho sistema con un agente capaz de inhibir específicamente una señal de inclusión de exón de al menos un exón en dicho pre-ARNm, comprendiendo dicho método además permitir el empalme de dicho pre-ARNm.

Un método preferido, comprende además permitir la traducción de ARNm producido por el empalme de dicho pre-ARNm.

Un método preferido es en el que dicho ARNm codifica una proteína funcional.

10 Un método preferido es en el que dicha proteína comprende dos o más dominios, en donde al menos uno de dichos dominios está codificado por dicho ARNm como resultado de saltar al menos parte de un exón en dicho pre-ARNm.

Un método preferido es en el que dicho contacto da como resultado la activación de un sitio de empalme crítico en un exón contactado.

15 En un segundo aspecto, se proporciona un método para, al menos en parte, disminuir la producción de una proteína aberrante en una célula,

comprendiendo dicha célula pre-ARNm que comprende exones que codifican dicha proteína,

comprendiendo el método

proporcionar a dicha célula un agente capaz de inhibir específicamente una señal de inclusión de exón de al menos uno de dichos exones,

20 comprendiendo además el método permitir la traducción de ARNm producido por el empalme de dicho pre-ARNm.

Los métodos del primer y segundo aspecto son preferiblemente tales que dicha señal de inclusión de exón comprende una secuencia de reconocimiento de exón.

25 Los métodos del primer y segundo aspecto son preferiblemente tales que dicha señal de inclusión de exón está presente en un exón que comprende un par donador / aceptor de empalme fuerte.

Los métodos del primer y segundo aspecto son preferiblemente tales que la traducción da como resultado una proteína de distrofina mutante o normal, más preferiblemente en la que dicha proteína de distrofina mutante es equivalente a una proteína de distrofina de un paciente de Becker. En este método preferido, dicha señal de inclusión de exón está presente en el exón número 2, 8, 43, 44, 45, 46, 50, 51, 52 ó 53.

- 5 Los métodos del primer y segundo aspecto son preferiblemente tales que dicho agente comprende ácido nucleico o un equivalente funcional del mismo. Más preferiblemente, dicho ácido nucleico contiene entre 15-25 nucleótidos o un equivalente funcional de los mismos.

Los métodos del primer y segundo aspecto son preferiblemente tales que comprenden además proporcionar dicha célula con otro agente capaz de inhibir una señal de inclusión de exón presente en otro exón de dicho pre-ARNm.

- 10 En un tercer aspecto, se proporciona un método para determinar si un ácido nucleico o equivalente funcional del mismo, que comprende complementariedad con una parte de un exón, es capaz de inhibir específicamente una señal de inclusión de exón de dicho exón, que comprende

- 15 proporcionar una célula que tiene un pre-ARNm que contiene dicho exón, con dicho ácido nucleico, cultivar dicha célula para permitir la formación de un ARNm a partir de dicho pre-ARNm y determinar si dicho exón está ausente de dicho ARNm.

Un método preferido del tercer aspecto comprende además determinar in vitro la afinidad de unión relativa de dicho ácido nucleico o equivalente funcional del mismo a una molécula de ARN que comprende dicho exón.

En un cuarto aspecto, se proporciona un ácido nucleico o equivalente funcional obtenible por un método del tercer aspecto.

- 20 En un quinto aspecto, se proporciona un vehículo de suministro de ácido nucleico que comprende un ácido nucleico del cuarto aspecto, o su complemento.

En un sexto aspecto, se proporciona un vehículo de suministro de ácido nucleico capaz de expresar un ácido nucleico del cuarto aspecto.

- 25 En un séptimo aspecto, se proporciona un uso de un ácido nucleico del cuarto aspecto o un vehículo de suministro de ácido nucleico del quinto o sexto aspecto, para la preparación de un medicamento.

En un octavo aspecto, se proporciona un uso de un ácido nucleico del cuarto aspecto o un vehículo de suministro de ácido nucleico del quinto o sexto aspecto, para la preparación de un medicamento para el tratamiento de una enfermedad heredada o predisposición a una enfermedad.

- 30 En un noveno aspecto, se proporciona un uso de un ácido nucleico o un equivalente del mismo, que comprende la propiedad de inhibir la señal de inclusión de exón para la preparación de un medicamento.

- 35 En un décimo aspecto, se proporciona un animal no humano provisto de un ácido nucleico del cuarto aspecto. Preferiblemente, el animal no humano del décimo aspecto comprende además un ácido nucleico que codifica una proteína humana o un equivalente funcional de la misma. Aún más preferiblemente, este animal no humano comprende además una mutación silenciadora en el gen que codifica un homólogo animal de dicha proteína humana.

LISTA DE SECUENCIAS

- 5 <110> Academisch Ziekenhuis Leiden
 <120> Inducción de la omisión de exones en células eucarióticas
 <130> P6027580PCT
- 10 <150> PCT/NL01/00697
 <151> 2001-09-21
 <150> EP 00203283.7
 <151> 21-09-2000
 <160> 41
 <170> PatentIn versión 3.1
- 20 <210> 1
 <211> 16
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
- 25 <220>
 <223> ONA específico de ratón mONA N°2
 <400> 1
- 30 gcaatgttat ctgctt 16
 <210> 2
 <211> 16
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
- 35 <220>
 <223> ONA específico de ratón mONA N°3
- 40 <400> 2
 gttatctgct tcttcc 16
 <210> 3
 <211> 15
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
- 45 <220>
 <223> ONA específico de ratón mONA N°4
- 50 <400> 3
 ctgcttcttc cagcc 15
 <210> 4
 <211> 15
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
- 55 <220>
 <223> ONA específico de ratón mONA N°5
- 60

<400> 4
 tctgcttctt ccagc 15

5 <210> 5
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

10 <220>
 <223> ONA específico de ratón mONA N°6

<400> 5
 gttatctgct tctccagcc 20

15 <210> 6
 <211> 16
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

20 <220>
 <223> ONA específico de ratón mONA N°7

<400> 6
 cttttagctg ctgctc 16

25 <210> 7
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

30 <220>
 <223> ONA específico de ratón mONA N°8

<400> 7
 gttgttcttt tagctgctgc 20

35 <210> 8
 <211> 15
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

40 <220>
 <223> ONA específico de ratón mONA N°9

45 <400> 8
 ttagctgctg ctcac 15

<210> 9
 <211> 20
 50 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

<220>
 <223> ONA específico de ratón mONA N°10

55 <400> 9
 tttagctgct gctcatctcc 20

60 <210> 10
 <211> 15
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

65 <220>
 <223> ONA específico de ratón mONA N°11

<400> 10
 ctgctgctca tctcc 15

5 <210> 11
 <211> 15
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

10 <220>
 <223> ONA específico de humano hONA N°4

<400> 11
 ctgcttctc caacc 15

15 <210> 12
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

20 <220>
 <223> ONA específico de humano hONA N°6

<400> 12
 gttatctgct tcctcaacc 20

25 <210> 13
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

30 <220>
 <223> ONA específico de humano hONA N°8

35 <400> 13
 gcttttctt tagtgctgc 20

40 <210> 14
 <211> 15
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

45 <220>
 <223> ONA específico de humano hONA N°9

<400> 14
 ttagtgctg ctctt 15

50 <210> 15
 <211> 15
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

55 <220>
 <223> ONA específico de humano hONA N°11

<400> 15
 ttgctgctct ttcc 15

60 <210> 16
 <211> 19
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

65 <220>
 <223> hONA N°21 específico del exón 51

<400> 16
 ccacaggttg tgcaccag 19

5 <210> 17
 <211> 21
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

10 <220>
 <223> hONA N°22 específico del exón 51

<400> 17
 ttccttagt aaccacaggt t 21

15 <210> 18
 <211> 17
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

20 <220>
 <223> hONA N°23 específico del exón 51

<400> 18
 25 tggcattct agttgg 17

<210> 19
 <211> 23
 <212> ADN
 30 <213> Secuencia Artificial

<220>
 <223> hONA N°24 específico del exón 51

35 <400> 19
 ccagagcagg tacctcaac atc 23

<210> 20
 <211> 20
 40 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

<220>
 <223> hONA N°25 específico del exón 51

45 <400> 20
 ggtaagtct gtccaagccc 20

<210> 21
 <211> 19
 50 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

<220>
 55 <223> hONA N°26 específico del exón 51

<400> 21
 tcacctctg tgatttat 19

60 <210> 22
 <211> 14
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

65 <220>

<223> hONA N°27 específico del exón 51
 <400> 22
 ccctctgtga tttt 14
 5
 <210> 23
 <211> 17
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 10
 <220>
 <223> hONA N°28 específico del exón 51
 <400> 23
 15 tcaccaccca tcaccct 17
 <210> 24
 <211> 20
 <212> ADN
 20 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> hONA N°29 específico del exón 51
 25 <400> 24
 tgatatacctc aaggtcaccc 20
 <210> 25
 <211> 21
 30 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> hONA N°30 específico del exón 51
 35 <400> 25
 ctgcttgatg atcatctcgt t 21
 <210> 26
 40 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 45 <223> ONA específico de humano h29ONA N°1
 <400> 26
 tatcctctga atgctgcatc 20
 50 <210> 27
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 55 <220>
 <223> ONA específico de humano h29ONA N°2
 <400> 27
 60 ggtatcctc tgaatgctgc 20
 <210> 28
 <211> 18
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 65

<220>
 <223> ONA específico de humano h29ONA N°3

 <400> 28
 5 tctgttaggg tctgtgcc 18

 <210> 29
 <211> 19
 <212> ADN
 10 <213> Secuencia Artificial

 <220>
 <223> ONA específico de humano h29ONA N°4

 <400> 29
 15 ccatctgta gggctctgtg 19

 <210> 30
 <211> 17
 20 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

 <220>
 <223> ONA específico de humano h29ONA N°5
 25
 <400> 30
 gtctgtgcca atatgcg 17

 <210> 31
 30 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

 <220>
 35 <223> ONA específico de humano h29ONA N°6

 <400> 31
 tctgtgccaa tatgccaatc 20

 <210> 32
 40 <211> 15
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

 <220>
 45 <223> ONA específico de humano h29ONA N°7

 <400> 32
 50 tgtctcaagt tcctc 15

 <210> 33
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 55
 <220>
 <223> ONA específico de humano h29ONA N°8

 <400> 33
 60 gaattaaatg tctcaagttc 20

 <210> 34
 <211> 18
 <212> ADN
 65 <213> Secuencia Artificial

<220>
 <223> ONA específico de humano h29ONA N°9

5 <400> 34
 ttaaagtct caagtcc 18

<210> 35
 <211> 16
 10 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

<220>
 <223> ONA específico de humano h29ONA N°10

15 <400> 35
 gtagtccct ccaacg 16

<210> 36
 <211> 15
 20 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

<220>
 <223> ONA específico de humano h29ONA N°11

25 <400> 36
 catgtagtcc cctcc 15

30 <210> 37
 <211> 34
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

35 <220>
 <223> producto RT-PCR

<400> 37
 40 acaaatggta tcttaaggct agaagaacaa aaga 34

<210> 38
 <211> 33
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

45 <220>
 <223> producto RT-PCR

<400> 38
 50 acaaatggta tcttaagta ctggtggaag agt 33

<210> 39
 <211> 24
 <212> ADN
 55 <213> Secuencia Artificial

<220>
 <223> producto RT-PCR

<400> 39
 60 ctattggagc ctgcaacaat gcag 24

<210> 40
 <211> 24
 65 <212> ADN

<213> Secuencia Artificial
<220>
<223> producto RT-PCR
5
<400> 40
gaggtgctag atgctgtaag gagg 24
10
<210> 41
<211> 30
<212> ADN
<213> Secuencia Artificial
15
<220>
<223> producto RT-PCR
<400> 41
agaaaggaga aaaagtact ggcagaagag 30
20

REIVINDICACIONES

- 5 1. Un oligonucleótido antisentido de 14 a 40 nucleótidos que comprende una parte de hONA N° 23: 5'-TGGCATTCTAGTTTGG-3' (SEC ID NO: 18), siendo dicho oligonucleótido capaz de inducir la omisión del exón 51 del pre-ARNm de la distrofina en una célula, en donde dicho oligonucleótido es complementario con una parte del exón 51 y en el que dicho oligonucleótido es capaz de interferir específicamente con una secuencia de reconocimiento de exón en dicho exón.
- 10 2. Un oligonucleótido según la reivindicación 1, en donde el oligonucleótido induce la producción de una proteína de distrofina que comprende al menos la funcionalidad de un mutante de Becker cuando dicho oligonucleótido está presente en una célula que tiene un pre-ARNm de distrofina.
3. Un oligonucleótido según la reivindicación 1 ó 2, en donde dicho oligonucleótido comprende una secuencia complementaria a dicha secuencia de reconocimiento de exón.
4. Un oligonucleótido de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1 - 3, que es un ácido nucleico peptídico (PNA).
- 15 5. Un oligonucleótido de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1 - 3, en el que dicho oligonucleótido es un 2'-O-metil oligonucleótido, preferiblemente en el que dicho oligonucleótido es un 2'-O-metil fosforotioato oligoribonucleótido.
6. Un vehículo de suministro de ácido nucleico que comprende una unidad de transcripción que expresa un oligonucleótido como se define en una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 3.
- 20 7. Una composición que comprende el oligonucleótido de una cualquiera de las reivindicaciones 1-5 o el vehículo de suministro de ácido nucleico de la reivindicación 6.
8. Una composición según la reivindicación 7, que es una composición farmacéutica que comprende además un vehículo farmacéuticamente aceptable.
- 25 9. Uso del oligonucleótido según una cualquiera de las reivindicaciones 1 – 5, o el vehículo de suministro de ácido nucleico según la reivindicación 6, o la composición según la reivindicación 7 u 8, para la preparación de un medicamento, preferiblemente para el tratamiento de la Distrofia Muscular de Duchenne.

Fig. 1

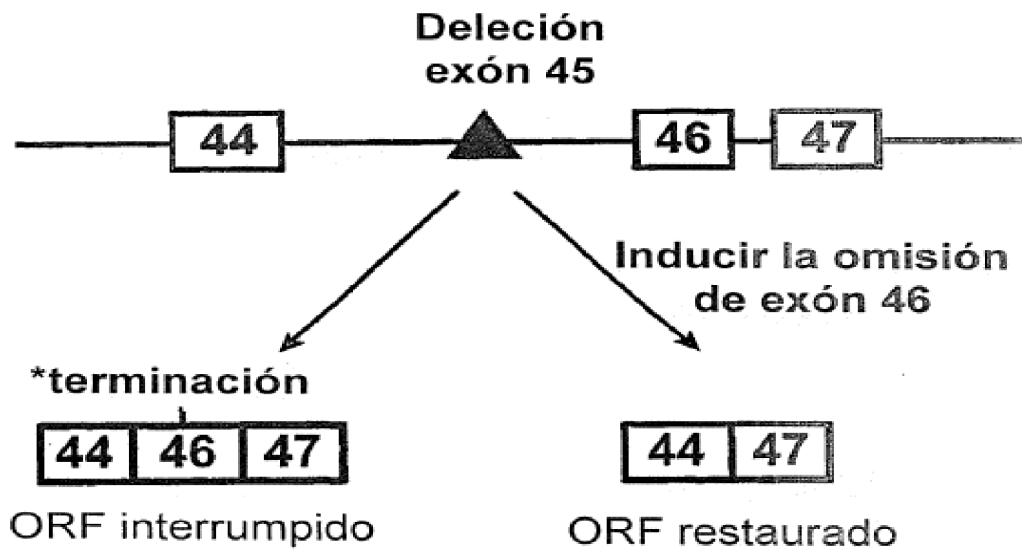
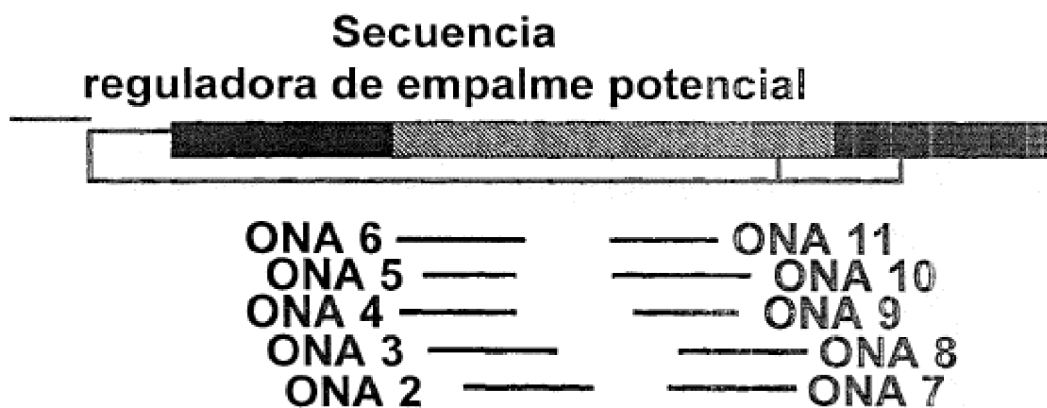


Fig. 1

Fig. 2

Exón 46 de distrofina



ONA: oligo-ribonucleótido antisentido
 1) ARN de 2' O-metil-fosforotioato
 2) grupo 5' fluoresceina

Fig. 3

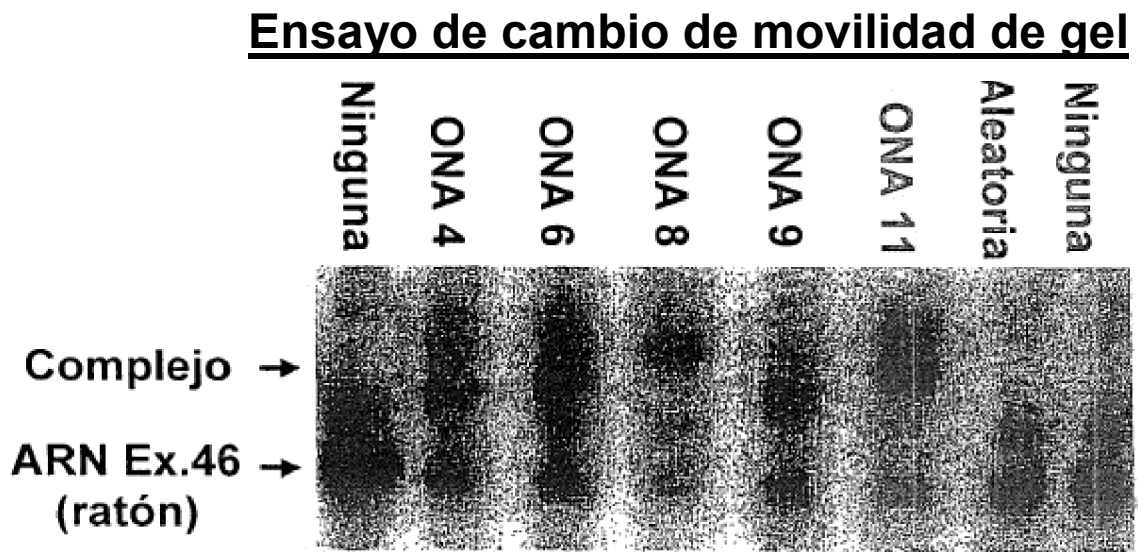


Fig. 4a

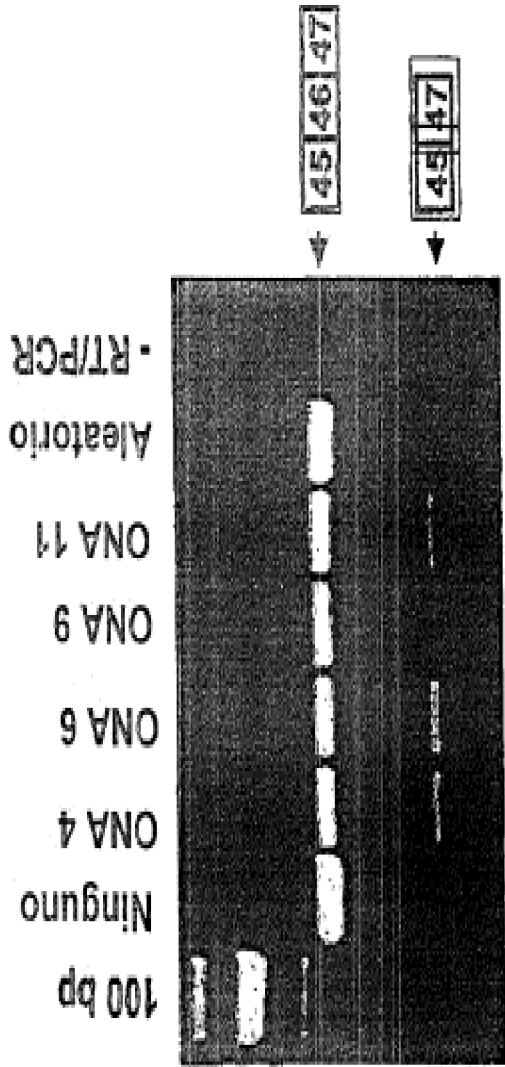


Fig. 4b

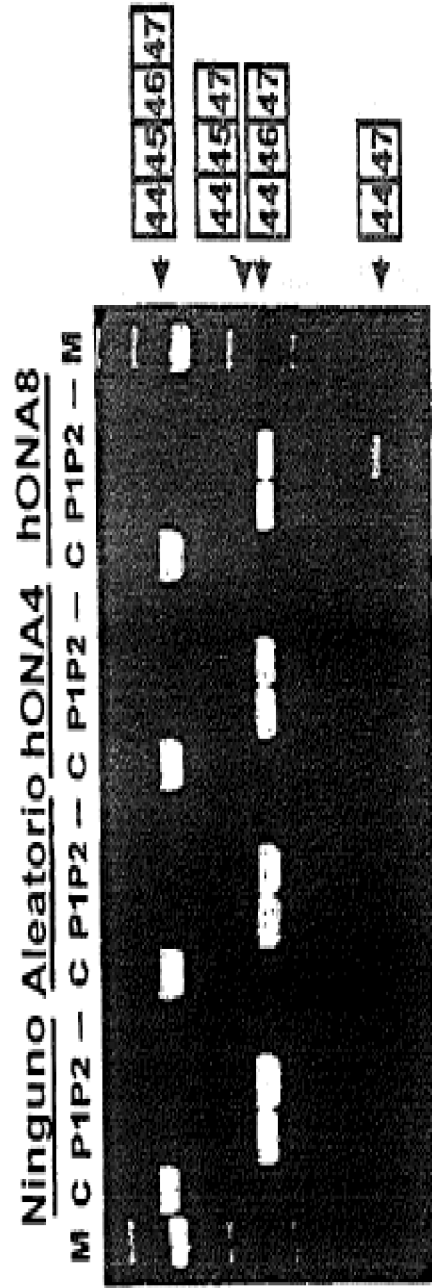


Fig. 5

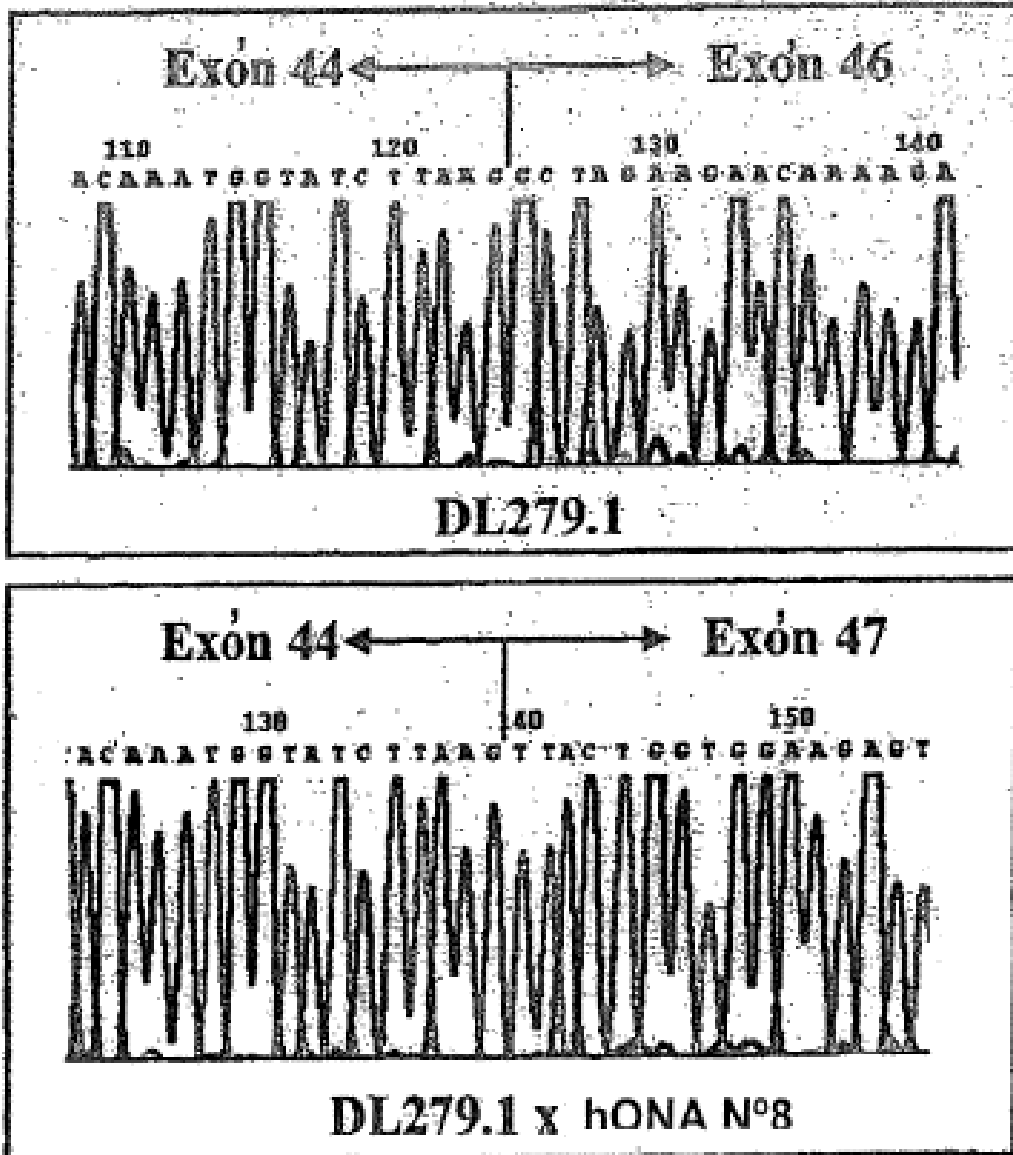
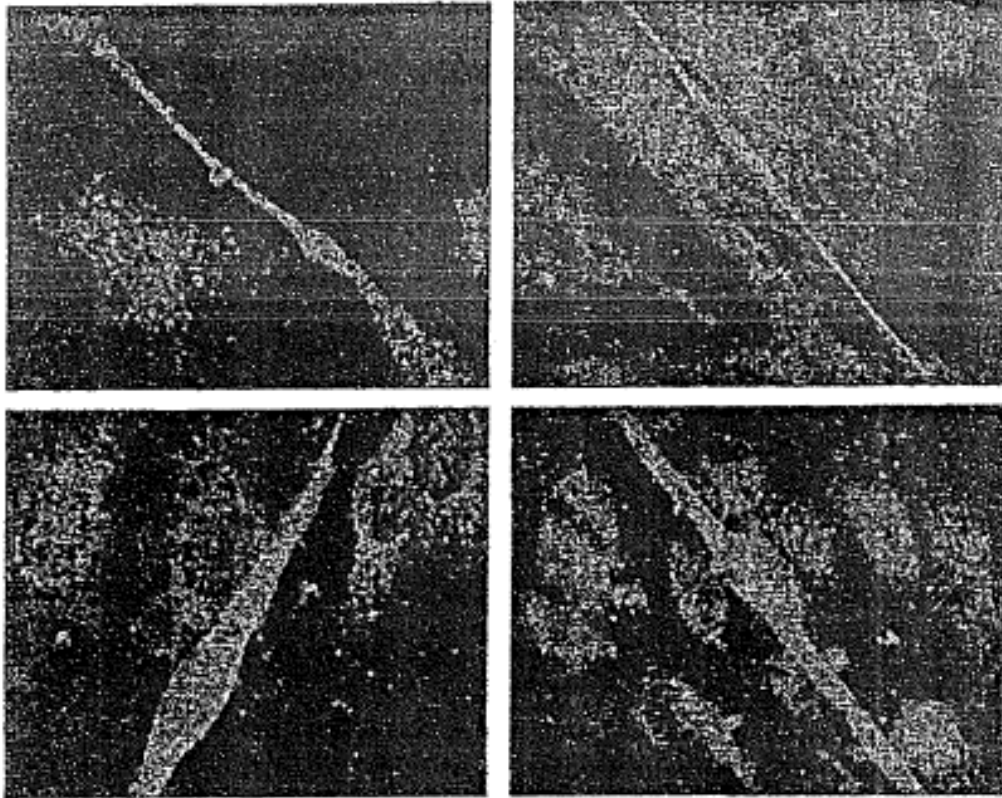


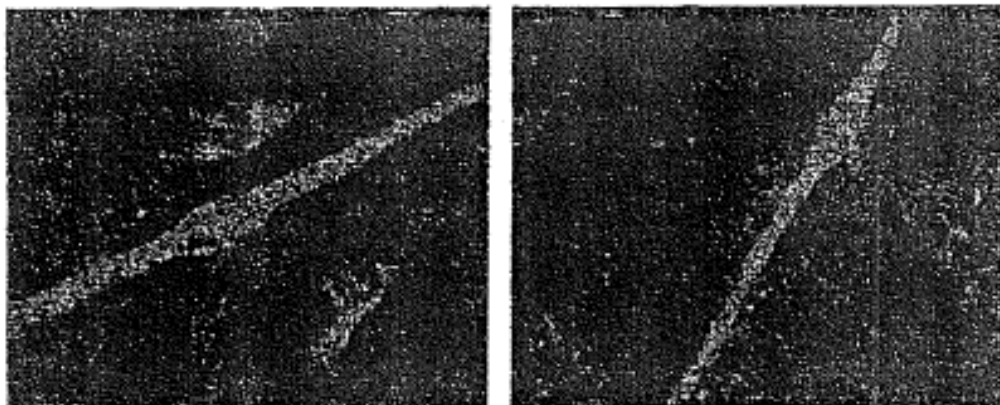
Fig. 6

distrofina
(ex.31-32)

distrofina
(ex.77-79)



DL279.1 x ONA N°8



DL279.1

Fig. 7a

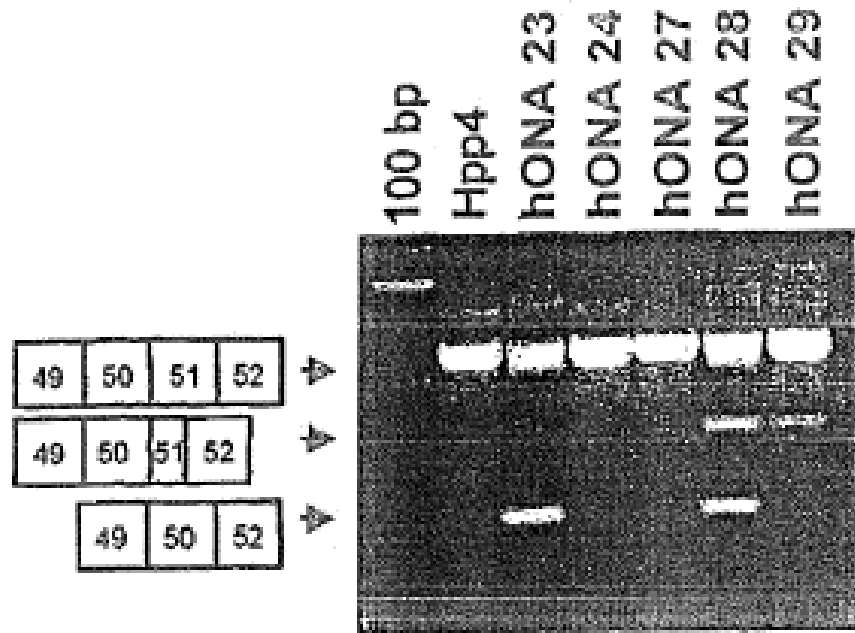


Fig. 7b

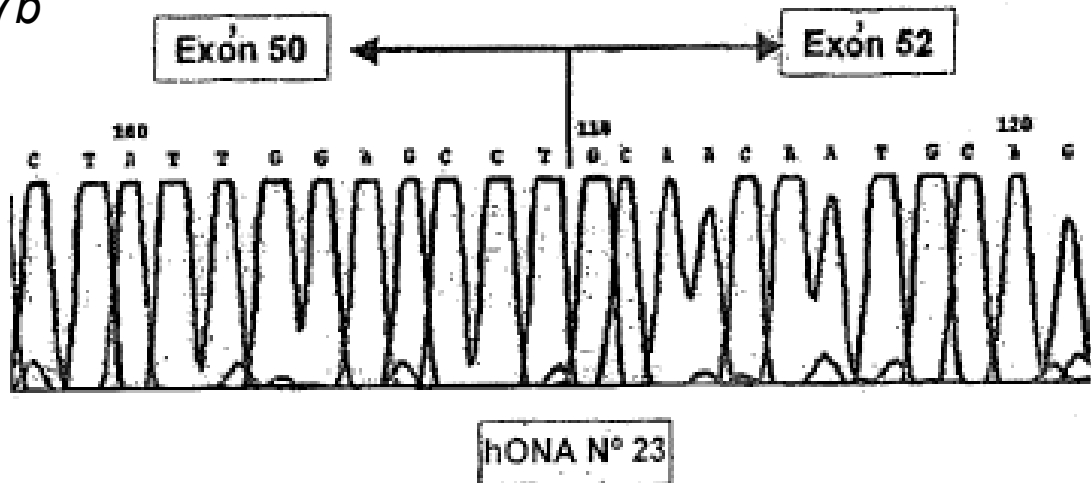


Fig. 8A

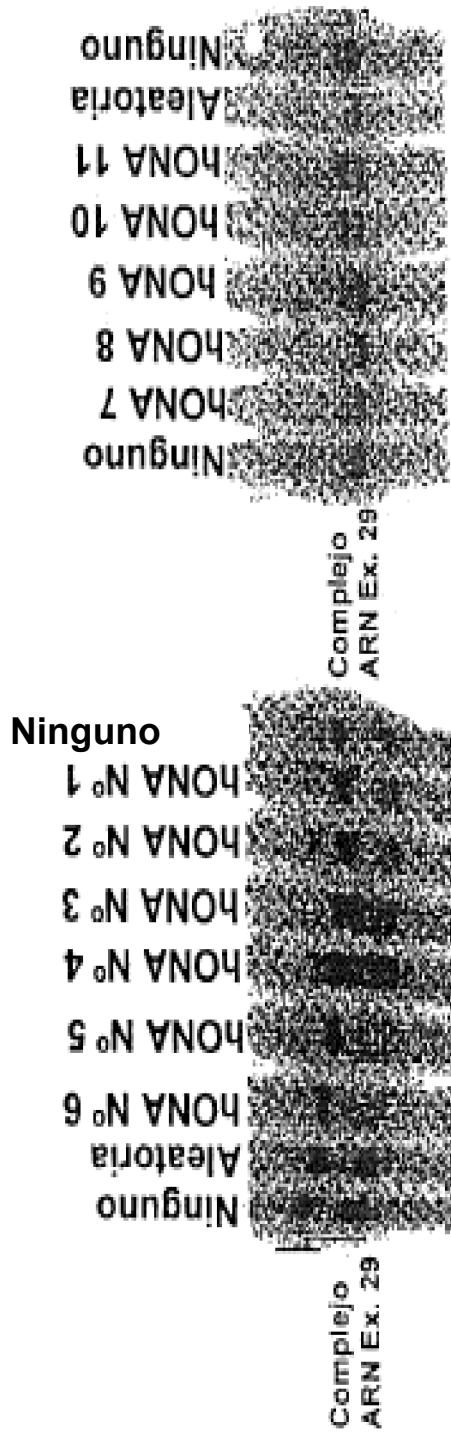


Fig. 8B

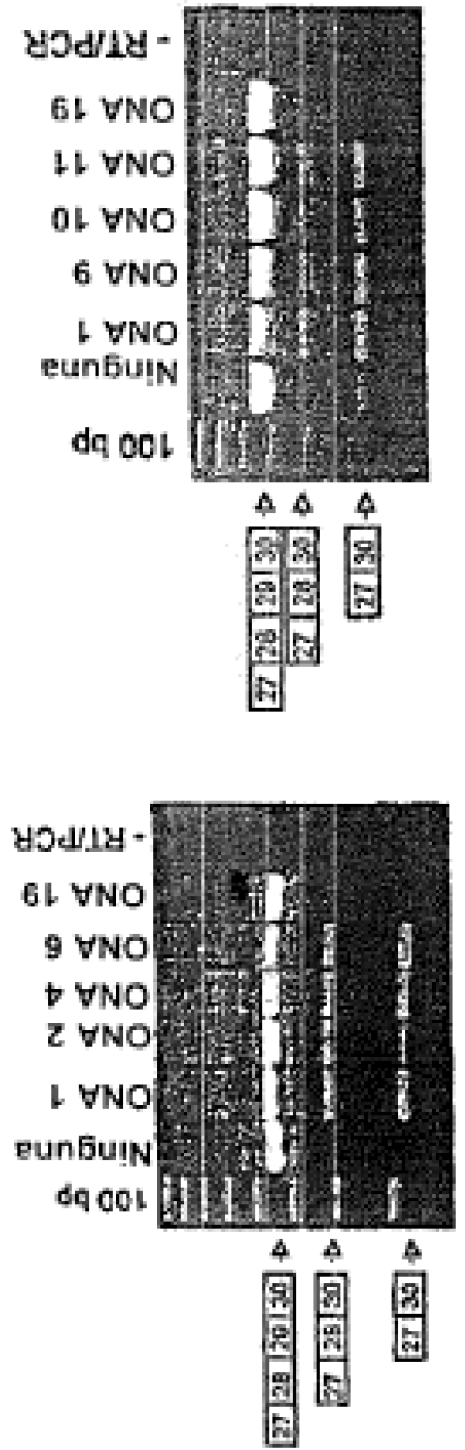


Fig. 8C

